



HAL
open science

Segmentation des vaisseaux sanguins par approche variationnelle et apprentissage profond

Sophie Carneiro Esteves

► **To cite this version:**

Sophie Carneiro Esteves. Segmentation des vaisseaux sanguins par approche variationnelle et apprentissage profond. Bio-informatique [q-bio.QM]. Université Clermont Auvergne, 2024. Français. NNT : 2024UCFA0034 . tel-04685156

HAL Id: tel-04685156

<https://theses.hal.science/tel-04685156>

Submitted on 3 Sep 2024

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.



**THESE de DOCTORAT DE L'Université
Clermont Auvergne**

**Ecole Doctorale N° 70
Sciences pour l'Ingénieur**

Spécialité/ discipline de doctorat :
Traitement du signal et de l'image

Soutenue publiquement le 07/05/2024, par:
Sophie Carneiro Esteves

**Segmentation des vaisseaux sanguins
par approche variationnelle et
apprentissage profond**

Devant le jury composé de :

Géraud, Thierry	PR	Epita Paris
Pustelnik, Nelly	DR	ENS Lyon
Debroux, Noémie	MCU	Université Clermont Auvergne
Petitjean, Caroline	PR	Université de Rouen
Merveille, Odysée	MCU	INSA de Lyon
Vacavant, Antoine	PR	Université Clermont Auvergne

Rapporteur
Rapporteuse
Examinatrice
Présidente
Co-directrice de thèse
Co-directeur de thèse

« La bonne recherche, c'est celle qui amène à plus de questions que de réponses. »

Pierre Rougé, le 25 août 2023

Abstract

Accurate segmentation of blood vessels from medical images plays a crucial role in various clinical applications, such as surgical planning, disease diagnosis, and treatment monitoring. However, the task is challenging due to the diversity of imaging modalities, the complex geometry, and the low contrast of biomedical images. Deep learning provides significant representation power to learn a function that enables precise segmentation. Nevertheless, even with the development of semi-supervised methods, this function remains dependent on the available annotated dataset. On the other hand, unsupervised methods tend to generalize better, but their performance in terms of segmentation is generally much lower, especially when it comes to preserving connectivity, which is crucial for clinical applications.

In this work, we propose novel methods for blood vessel segmentation that aim to preserve the connectivity of vascular networks across different imaging modalities in order to address both generalization and efficiency.

Taking advantage of deep learning, we first develop a model to reconnect fragmented binary vascular structures in 2D and in 3D. This model can be applied as a post-processing in an unsupervised or supervised context, depending on the availability of vascular annotations of the target dataset. Furthermore, we show the possibility of applying it to segmentations obtained by different methods.

However, the use of the reconnecting model as a post-processing does not allow to take advantage of the vascular structure prior present in medical images. Therefore, we propose to use our reconnecting model jointly with the segmentation task. To this end, we have integrated it into a variational segmentation scheme, that allows the detection of vascular networks in different datasets without the need for annotation. We tested our method on different datasets including 2D retinal fundus images, 3D liver CT volume scans and 3D brain TOF-MRA. We show that it better preserves the structure of vascular networks in real images compared to traditional unsupervised and semi-supervised methods, while improving the overall connectivity of the vascular tree.

Résumé

La segmentation des vaisseaux sanguins à partir d'images médicales est une étape cruciale dans diverses applications cliniques, telles que la planification chirurgicale, le diagnostic des maladies et le suivi des traitements. Cependant, elle reste un défi en raison de la diversité des modalités d'imagerie, de la géométrie complexe des structures et du faible contraste des images biomédicales. L'apprentissage profond fournit une puissance de représentation importante pour apprendre une fonction qui permet l'obtention d'une segmentation précise. Néanmoins, même avec le développement de méthodes semi-supervisées, cette fonction reste dépendante du jeu de données annoté disponible. En parallèle, les méthodes non supervisées tendent à mieux se généraliser, mais leurs performances en termes de segmentation sont généralement moindres, en particulier lorsqu'il s'agit de préserver la connectivité, qui est crucial pour les applications cliniques.

Dans ce travail, nous proposons de nouvelles méthodes de segmentation des vaisseaux sanguins qui visent à préserver la connectivité des réseaux vasculaires pour différentes modalités d'imagerie afin de concilier généralisation et performance.

Tirant parti de l'apprentissage profond, nous proposons tout d'abord un modèle pour reconnecter les structures vasculaires binaires fragmentées en 2D et en 3D. Ce modèle peut être appliqué comme post-traitement dans un contexte non supervisé ou supervisé, en fonction de la disponibilité des annotations vasculaires du jeu de données cible. En outre, nous montrons la possibilité de l'appliquer à des segmentations obtenues par différentes méthodes.

Cependant, l'utilisation du modèle de reconnexion en tant que post-traitement ne permet pas l'utilisation de *l'a priori* sur la structure vasculaire présent dans les images médicales. Nous proposons donc d'utiliser notre modèle de reconnexion conjointement avec la tâche de segmentation. À cette fin, nous l'avons intégré dans un schéma de segmentation variationnelle, qui permet la détection de réseaux vasculaires dans différents jeux de données sans nécessiter d'annotation. Nous avons testé notre méthode sur différents jeux de données, composés d'images de fond de rétines 2D, de volume tomodensitométriques de foie et d'angiographies par résonance magnétiques cérébrales 3D. Nous montrons que cette dernière préserve mieux la structure des réseaux vasculaires dans les images réelles que les méthodes non supervisées et semi-supervisées traditionnelles, tout en améliorant la connectivité globale de l'arbre vasculaire.

Remerciements

Dans un premier temps, j'aimerais remercier Nelly Pustelnik et Thierry Géraud pour leur lecture attentive de mon manuscrit. Je remercie également Caroline Petitjean et Noémie Debroux d'avoir accepté de faire partie de mon jury de thèse. Merci pour le temps que vous avez pris pour évaluer mon travail, mais aussi pour les échanges qui ont pu avoir lieu au cours de la soutenance.

J'aimerais remercier mes encadrant·e·s de thèse. Je vous remercie pour le cadre de travail que vous m'avez fourni. Je vous remercie pour vos conseils que vous m'avez donnés au cours de ces 4 ans ainsi que de m'avoir fait grandir scientifiquement.

Je remercie Antoine d'avoir été mon père de thèse. J'ai pu découvrir grâce à toi deux villes : Clermont-Ferrand et le Puy-en-Velay. J'ai aussi pu faire mes premiers pas dans la communauté scientifique à tes côtés en découvrant l'envers des décors des événements scientifiques. De quoi faire cuire un Goëland.

Je remercie Odyssee d'avoir vu en la personne timide que j'avais du potentiel lors de l'entretien pour le projet de fin d'étude. Je te remercie de m'avoir accompagné de près (et à distance) au cours de ces 4 longues années. J'ai beaucoup apprécié les échanges que nous avons eus tant professionnellement que personnellement. J'arrive enfin à apprécier le flot de commentaires effectué sur mes supports en admirant le rendu final de mon manuscrit et de mes slides de soutenance. Je m'excuse d'ailleurs pour tous les cheveux perdus au cours de la relecture de mon manuscrit, mais grâce à cette perte, le manuscrit est qualifié de "*clair*" et de "*facile à lire*". Enfin, je n'ai pas encore réussi à te former complètement sur la compréhension de mes blagues. Mais je garde cette mission pour une future collaboration;).

J'aimerais remercier spécialement les personnes ayant relu et aidé sur mon best-seller : Louise, Thierry, Jérémy, Laura, Lucie et Manon. Merci à Maman de m'avoir regardé faire mon abstract et supporté dans ces derniers instants de rédaction. Je remercie aussi les personnes ayant assisté à une de mes répétitions : Carole, Jérémy, Louise, Nicolas, Emile, Julia, Valentin², Séréna, Laura et Maman.

Faire ma thèse à Clermont-Ferrand m'a permis de rencontrer beaucoup de personnes exceptionnelles à Lyon au sein de laboratoire de CREATIS.

J'aimerais dans un premier temps remercier la merveilleuse équipe d'Odyssee, La team O. Cette équipe, c'est le sang de la veine. Je remercie Jonas, le grand frère de

la team, qui a su me faire découvrir le monde de conférence lors de ma première conférence à ORASIS. Malgré la distance entre Lyon 2 et la Doua, le contact a perduré et je suis content de pouvoir te compter parmi mes ami·e·s. Je remercie Charles, l'organisateur officiel des uniques Olympiades de CREATIS, un membre honorable du bureau 21, ainsi qu'un des fournisseurs officiels d'appartement pour les after-thèse. Morgane, la dernière recrue de la Dream Team, tu as su apporter un peu plus de tact en proposant d'adapter un peu le signe de la team O. Tu mets des paillettes dans nos vies et je t'en remercie! Enfin, Pierre, fils, tu es mon rocher. Merci de m'avoir abordé en salle de pause, même si j'avais l'air bizarre à cause de mes blagues. Je t'ai sûrement fait perdre quelques mois de travail effectif avec toutes nos discussions. Tu es vraiment une personne formidable avec qui on peut parler de tout.

La Team Smart 4A, je peux le dire maintenant, c'était vraiment la pire idée de vous rejoindre avec un ATER. Raoul, je te remercie pour tout. Merci pour ton soutien pour la rédaction et pour la panique de la soutenance. Pour te citer : "*T'inquiètes, à la fin, on est toustes docteur·e·s*". Merci pour toutes les discussions et les vanes qu'on a pu partager. Merci d'avoir été mon professeur de beauferie. Et merci de m'avoir permis d'avoir le plus beau date de ma vie avec Lucie (n'oublie pas, je suis une option si jamais). Nathan, je te remercie pour le demi-financement... Sans toi, je n'aurais pas pu rester à CREATIS et profiter de l'expérience grandiose qu'est de faire une thèse dans ce laboratoire. Je suis content d'avoir pu rencontrer le futur de la recherche française et d'avoir pu partager pleins de bons moments avec toi en passant par Bayonne et Rome! Enfin, je te remercie pour toute la mélasse que tu as pu mettre dans nos vies!

Je remercie maintenant les membres de la secte du bureau 21. La plupart sont très discrets et peu présent·e·s en salles de pause, mais ce sont des personnes vraiment superbes. Commençons par Louise, la doyenne, qui a su nous montrer le chemin jusqu'à la soutenance. Tout au long de la thèse, tu as été là dans les pires moments, à essayer de me remonter le moral au prix dur de câlins. Tu resteras le *rayon X* du bureau, mais aussi la contributrice majeure de ma culture musicale française! Merci pour tous les concerts / spectacles que l'on a pu faire ensemble... Hâte de réserver notre prochain concert en 2026! Je remercie les doctorants du même millésime que moi. Je remercie Cyril, le mâle α du bureau. Je suis content d'avoir été dans la team docto-lents avec toi. Merci pour toutes les clémentines à feuille ainsi que tous les conseils que tu as pu me donner. Alexandre, je te remercie d'avoir mis des bulles dans ma vie et dans le bureau pendant trois ans. Enfin, Mehdi et Samaneh, je vous remercie pour tout le vocabulaire que vous avez pu m'enseigner avec le fameux *Zéndegi Tokhmié*, mais aussi toutes les saveurs en passant du *mirza ghasemi* au *nokhidchi*! Passons maintenant à la relève du bureau. Je remercie Axel et Romain qui ont su continuer le travail de Louise en termes de culture musicale. À Axel d'être d'une si bonne écoute et d'être aussi ouvert à la discussion. Je remercie Romain, le gardien de mon téléphone, d'avoir mis tant de pains au chocolat dans le bureau. Je remercie Thomas, mon destresseur. Une journée commence mal si je n'entends pas ton "*ça pulse?*". Je te remercie Mashid pour ta gentillesse et de me faire profiter de l'accès à DOMUS. Enfin Séreña, la recrue la plus récente, tu as fait le bon choix de rejoindre ce bureau! Je te remercie pour ton soutien lors des événements concernant l'optimisation dans lesquels je ne me sentais

pas nécessairement à ma place.

Je remercie la team lève-tôt de m'avoir permis de faire un tour de bureaux autour de 8h pour ne pas avoir à me mettre à bosser dès 8h! Je remercie Juliette, ma meilleure voisine et de loin, mon modèle de pâtissière et d'inclusivité. Je te remercie Valentin M. pour ta gestion du café, tes danses cultes et tous les repas à Domus. Je te remercie Romain, pour tous les partages des stratégies d'où garer la voiture pour être le plus efficace le matin ET et l'après-midi! Merci à Valentin G. pour m'avoir fait la plus belle de mes frayeurs et su me guider dans l'expression de tous ces problèmes inverses!

Je remercie les personnes avec qui j'ai pu passer effectuer des repas culinaires de qualité. Cette fois encore, il y a redondance avec les personnes citées au dessus, tellement la cohésion à CREATIS est importante. Je remercie Gaspard, qui m'a fait découvrir le fameux restaurant *Chez Song* avec le Bar Royal. J'ai aussi pu lui enseigner l'art de la tarte citron meringuée et l'initier à la rénovation d'appartement. Je te remercie de m'avoir fait découvrir la photographie argentique, c'est devenu un must-have pour immortaliser les moments avec mes ami·e·s et ma famille! Je remercie Émile, pour toutes les soirées repas Disney avec entre autres, des raclettes, une fondue et du canard. Pour tous ces dimanches soir que l'on a pu passer ensemble après tes parties de tennis. Je te remercie aussi pour ce petit déjeuner crêpes à 6h. Gracias a Maria, mi profesora de espanol de america del sur. Es una cuchi persona, la major que yo conozco! También pude descubrir algunos platos colombianos. A Ludmilla, une des anciennes, mais surtout la fournisseuse officielle de punch et de cocktails! Merci pour ta motivation pour toutes les soirées, tes outfits desquels je m'inspire parfois. J'ai aussi pu peaufiner mon répertoire de recette de dessert sans chocolat grâce à toi. Thanks to Shushong to have make me discover the hot pot!

Je remercie mon public pour mes vannes. À celles et ceux qui ont toujours su rigoler au bon moment sans même se poser de question. Merci donc à Jùlia, ma partenaire de la *team fifille*, grâce à qui ma vie a pu s'éclairer avec notre playlist partagée spotify. J'ai pu sortir de ma phase dépressive avec la bonne humeur espagnole. J'ai hâte de découvrir Barcelone avec toi! À Maylis avec qui on se challenge sur le niveau et style de blagues et grâce à qui je me sens moins seul des fois. J'ai aussi trouvé mon homologue en termes de passion pour Hoshi. Merci de m'avoir fait découvrir le pays basque et les dunes blanches!

Je remercie Thierry, pour toutes ces lettres. Je te promets de t'écrire quand tu retourneras à Sherbrooke. Je remercie Robin, pour toutes ces surprises exceptionnelles, sa joie et sa gentillesse sans limites. Merci d'avoir d'aussi belles bouclettes. Merci à Matthis, l'oncologue officiel du laboratoire! Je remercie Nolann, pour toute l'aide computationnelle qu'il a pu m'apporter. Merci pour le tutoriel tableau de job, et la découverte de *i3*. Cela a vraiment changé le cours de ma thèse et mon empreinte carbone. Je remercie Marta avec qui j'ai pu avoir des discussions pertinentes et mesurées sur les desserts, et les bons deals à obtenir. Je remercie aussi Hang Jung grâce à qui j'ai pu observer mon cœur fonctionner. Je remercie Célestine pour les sorties qu'on a pu faire ensemble au L bar!

Je remercie mes contacts officiels avec le premier étage. Merci à Antoine, la première personne que j'ai croisée sur mon chemin pour atteindre la thèse à CREATIS. Tu es officiellement le représentant du premier étage lors de mon pot de thèse! Je remercie Laura avec qui j'ai pu aller voir Johnny Jane et échanger tout au long de ma thèse.

Je remercie la relève de CREATIS. Je peux voir que l'ambiance perdura encore longtemps. Merci Célia M. pour ta patience quand j'ai essayé de parler espagnol et de tout le vocabulaire que tu as pu m'enseigner dont *rodillo*. Merci à Célia G. pour tous tes conseils pour devenir *marrain*! Je remercie Thibaut pour ce verre que j'ai pu te piquer une fois à un pot de thèse. Une pensée pour Robin qui a sa place dans cette catégorie. Arnaud, tu appartiens à cette catégorie comme je suis sûr que tu reviendras à CREATIS pour une thèse;)

Enfin, je remercie les ancien-ne-s que je vais bientôt rejoindre! Merci à Audrey, une des premières doctorantes avec qui j'ai beaucoup échangé. Tu as été ma première confidente et nous avons partagé les meilleures pauses commérages (à mon goût). Merci d'avoir partagé tous tes bons plans dont la carte dino! Je remercie Maxime Dif' qui m'a fait voir le premier match de basket de ma vie! Tu étais clairement mon modèle de réussite issu de CPE! Je remercie aussi Anne-Lise, qui a su m'enseigner l'art du café! Tu as aussi su m'apprendre l'importance d'aller manger à 11h45 tous les jours, et ce, dès le premier jour de mon stage. Tu avais alors éclairé toutes mes journées pendant *2 semaines* avant le covid! On a pu ensuite participer à tout pleins d'événements gustatifs en passant par les galettes, les crêpes et les gaufres! Je remercie Frank d'avoir pu ramener tout d'abord l'art du goûter puis l'air de la montagne! Merci pour ce week-end à St Hilaire avec Pizzas au feu de bois et la sapinette! Je remercie aussi Benoît, qui a su critiquer adéquatement tous les plats gastronomiques de DOMUS. Merci de m'avoir fourni une résidence secondaire cet été pour pouvoir rédiger en bonne compagnie! Merci pour le puzzle qui sera un jour terminé! Je remercie aussi Suzanne d'avoir toujours su donner une réponse à toutes les questions que l'on pouvait se poser. Merci pour tes rires qui pouvaient en provoquer d'autres! Je remercie aussi Valentine qui a su me montrer la voie de l'ATER, et m'a donné tout pleins de conseils comme *comment obtenir la prime de précarité?*. Tu es mon modèle pour la suite de ma carrière. À PJ, le fournisseur officiel de petits déjeuners professionnels. Enfin, je remercie Nin de m'avoir aidé à me découvrir.

Je remercie aussi certain-e-s stagiaires avec qui j'ai pu passer de bons moments avec Garance, Lucas, Slim et Serge! Je remercie aussi les doctorants les plus discrets, mais avec qui j'ai aimé échanger tout au long de la thèse : Thibaut, JB, Sébastien.

Je remercie aussi les permanents avec qui j'ai pu échanger tout au long de ma thèse. Je remercie Hervé qui a pu lire en moi comme un livre ouvert. Je remercie Fabien pour avoir su me taquiner à la juste hauteur. Merci à Jérémy avec qui j'ai pu répondre à un premier appel à projet avec le projet MACAC! Je remercie aussi Nicolas Ducros qui a su me rappeler que "*le 7 mars, c'est demain!*". Je remercie aussi Mickaël Sdika, Carole Frindel, Carole Lartizien, Olivier Bernard et Emmanuel Roux. Enfin, je remercie aussi Nicolas Stouls pour ces précieux conseils pour les amphis de FIMI et comment cacher sa panique à l'oral.

Je remercie aussi le PDS et DOMUS pour avoir réussi à me nourrir, et qui sont officiellement mes fournisseurs de ma quotité de légumes au cours de la rédaction de ma thèse.

Je remercie aussi mes différents groupes de TDs que j'ai pu encadrer au cours de mes 4 ans de thèse. Une mention spéciale aux groupes ASINSA 92 et AMERINSA 82 mes deux classes préférées ex æquo!

Je remercie mes amies de lycées : Abigaëlle, Leslie et Lauriane. Je remercie aussi mes ami·e·s d'école : Adèle, Capucine, Coralie, Séverine, Justine, Saumon, Picault, Marlon et Gabriel. Je remercie également Meu, une rencontre fortuite au cours de mes études. Enfin, je remercie les personnes que j'ai pu rencontrer au cours de mes sorties durant la thèse : Morgane, Kevin et Maé. Merci spécial à Morgane pour toutes les soirées Scrabbles que je t'ai fait endurer durant la rédaction!

Je remercie également les personnes que j'ai oubliées dans cette liste sans fin! Je remercie tout le laboratoire en général d'avoir accepté d'être, durant ces quatre ans, mes cobayes concernant les desserts.

Enfin, je remercie tout particulièrement ma famille. Je remercie mes sœurs qui ont toujours su m'entourer. Je vous remercie d'avoir toujours essayé de comprendre mes blagues et d'avoir testé mes premiers desserts qui ont en partie mal tournés (une pensée pour le *Kloug*). Je remercie Marius et Astrid qui savent me rappeler à quel stade je suis dans le monde de la recherche. Je remercie aussi Charles, Simon et Ludovic qui viennent pimenter (et changer la saveur) des repas de famille. Enfin, je remercie mes parents. Je remercie Papa pour ta présence rassurante et tes encouragements. Merci pour la chantilly à la tarte tatin! Je remercie Doudou, qui a su me former sur de multitudes de disciplines, allant du dénudage de fils au décapage de portes. Je te remercie de m'accompagner dans toutes ces étapes de la vie. Enfin, je te remercie, Maman, de m'avoir toujours inspiré et montré l'exemple dans les sciences. J'ai eu cette chance de t'avoir comme modèle. Je te remercie d'avoir toujours été présente quoi qu'il arrive. Je vous aime.

Table des matières

Table des figures	xvii
Liste des tableaux	xxiii
Introduction	1
1 Segmentation des vaisseaux sanguins par minimisation d'énergie	5
1.1 Approche variationnelle : segmentation sans images annotées	6
1.1.1 Introduction au problème inverse	6
1.1.2 Approche variationnelle	7
1.1.3 Segmentation par approche variationnelle	7
1.1.4 Méthodes de résolution	12
1.2 Apprentissage profond supervisé : segmentation avec images annotées . .	17
1.2.1 Principe de l'apprentissage profond	17
1.2.2 Architectures pour la segmentation des vaisseaux sanguins	20
1.2.3 Fonctions de coûts	23
1.3 Conclusion	25
2 Jeux de données et métriques	27
2.1 Jeux de données	28
2.1.1 Jeux de données réelles	29
2.1.2 Données synthétiques	32
2.1.3 Résumé des datasets	33
2.2 Métriques	34
2.2.1 Matrice de confusion et ses métriques	34
2.2.2 Métriques géométriques	36
2.2.3 Métriques topologiques	38
2.3 Conclusion	38
3 Apprentissage d'un modèle reconnectant les segmentations vasculaires	41
3.1 Motivations	42
3.2 Méthode	43
3.2.1 Création du jeu de données	44
3.2.2 Apprentissage du modèle reconnecteur	48
3.2.3 Applications successives	49
3.3 Expériences	49
3.3.1 Jeux de données utilisés	50
3.3.2 Étude ablative	50

3.3.3 Applications	58
3.4 Conclusion	63
4 Approche <i>plug-and-play</i> pour la préservation de la connectivité des réseaux vasculaires	67
4.1 Approches hybrides	68
4.1.1 Approches <i>plug-and-play</i>	69
4.1.2 Approche <i>unrolled</i>	71
4.1.3 Approche <i>Deep equilibrium</i>	72
4.1.4 Choix de la stratégie	73
4.2 Modèle de segmentation variationnelle	74
4.2.1 Définition du modèle	75
4.2.2 Résolution du modèle de segmentation	76
4.3 Injection du terme reconnecteur	77
4.4 Expériences	78
4.4.1 Configuration expérimentale de notre approche	79
4.4.2 Étude ablative	79
4.4.3 Résultats et comparaisons	89
4.5 Conclusion	98
Conclusion	99
Liste des communications	103
Bibliographie	105

Table des figures

1	Annotations manuelles de différents réseaux vasculaires étudiés durant la thèse.	2
2	Représentation des différentes méthodes d’acquisitions étudiées au cours de la thèse.	2
1.1	Exemple de segmentation pouvant être obtenue soit via une approche par régions (a) soit par une approche par contours (b). L’approche par région est basée sur le modèle de Chan-Vese [8] et l’approche par contours [96] basée sur le modèle de Chan [9]. Dans cette dernière la segmentation est représentée par le contour rouge. Aucune des deux approches de segmentations ne présente des segmentations complètes et connectées.	8
1.2	Image segmentée avec le modèle de Mumford-Shah, issu de [57].	10
1.3	Différence de comportement entre (a) la TV, (b) la TV pondérée et (c) la TV directionnelle. La couleur bleu foncé (respectivement bleu clair) représente une régularisation élevée (respectivement faible) sans direction privilégiée. La couleur rouge indique une régularisation dite directionnelle. Contrairement à la TV classique qui régularise dans toutes les directions avec la même intensité, la TV pondérée applique une régularisation faible à l’intérieur des structures vasculaires et une régularisation forte ailleurs de manière isotropiques. La TV directionnelle, quant à elle, applique la même intensité de régularisation à l’intérieur et à l’extérieur des structures vasculaires. Cependant, à l’intérieur de ces structures, la régularisation ne s’applique que le long de la structure. Issue de [71].	11
1.4	Architecture du U-Net (tirée de [89])	21
1.5	Architecture d’un Vision Transformer (ViT) pour une tâche de classification. Issue de [21]	22
2.1	Exemples d’images issues des différents jeux de données. La première ligne correspond à une rétinophotographie issue de DRIVE ainsi que son annotation manuelle fournie. La deuxième ligne correspond à une image et son annotation provenant de STARE.	29
2.2	Exemple d’un volume issu du jeu de données Bullitt (première ligne) et de IXI (deuxième ligne). Les visualisation de la projection de l’intensité maximale (MIP) (a) et (c) ainsi que leurs annotations manuelles (b) et (d).	31
2.3	Exemple d’un volume de l’IRCAD avec visualisation de la projection de l’intensité maximale (a) ainsi que son annotation manuelle (b).	32
2.4	Exemple d’un arbre vasculaire généré (a) par OpenCCO [47] et modifié manuellement (b).	33
2.5	Exemple d’un arbre vasculaire 3D généré à l’aide de Vascusynth.	33

2.6	Représentation des éléments présents dans la matrice confusion sur un exemple de segmentation vasculaire	35
2.7	Différence entre CIDice et Overlap. Chaque élément de la matrice de confusion redéfinie pour chacune des méthodes est précisé pour un pixel donné. La flèche bleu foncé indique la différence cette redéfinition.	37
2.8	Représentation de la distance de Hausdorff. La distance de Hausdorff est la distance maximale entre $d_{\max}(S, GT)$ et $d_{\max}(GT, S)$	37
3.1	Exemples de déconnexions dans les réseaux vasculaires segmentés : les deux premiers provenant du jeu de données DRIVE, les deux suivants de Bullit, et le dernier de l'IRCAD.	42
3.2	<i>Framework</i> de notre méthode : tout d'abord, un jeu de données est généré avec des paires de structures vasculaires connectées/déconnectées. Ce jeu de données est ensuite utilisé pour entraîner un modèle G_{reco} avec une architecture U-Net résiduelle. Troisièmement, ce modèle est finalement appliqué itérativement sur des segmentations de structures vasculaires déconnectées.	43
3.3	Différentes étapes de l'algorithme proposé pour créer une déconnexion dans un arbre vasculaire binaire.	45
3.4	Exemple de déconnexions générées sur des arbres vasculaires binaires issus de jeu de données synthétiques produit à l'aide de OpenCCO [47].	47
3.5	Illustration des déconnexions et des artefacts simulés à l'aide de notre algorithme en 3D. Les deux premiers exemples sont des déconnexions effectuées sur des données Vascusynth. Le dernier exemple est issu d'une annotation manuelle de IXI.	48
3.6	Comparaison des résultats de l'application de G_{reco} sur une image de DRIVE (a), avec (c) ou sans (b) la fonction de coût Dice pondérée. Chaque modèle est appliqué sur une annotation manuelle de DRIVE déconnectée avec $s = 8$	51
3.7	Comparaison des résultats de l'application de G_{reco} sur une image de l'IRCAD (a), avec (c) ou sans (b) la fonction de coût Dice pondérée. Chaque modèle est appliqué sur une annotation manuelle de DRIVE déconnectée avec $s = 8$. Les VP sont représentées en blanc, les FP en bleu et les FN en rose.	52
3.8	Résultats qualitatifs de l'expérience sur l'influence de la taille de la déconnexion. G_{reco} a été entraîné avec une taille de déconnexion X (avec $X \in \{6, 8, 10, 12\}$), notée $G_{\text{reco},s=X}$, sur la base de données OpenCCO. L'image originale (a) a été déconnectée par notre algorithme avec une taille de déconnexion $s = 12$ (b), suivie d'une seule application de $G_{\text{reco},s=X}$ (c-f). Les flèches bleues indiquent des reconnections réussies, les flèches roses mettent en évidence des reconnections incorrectes, et les flèches vertes indiquent les différences entre les résultats.	54
3.9	Visualisation de l'application successive de notre modèle reconnecteur $G_{\text{reco},s=8}$ sur une image DRIVE déconnectée avec $s = 12$. Le zoom bleu permet d'observer une reconnexion progressive. Le zoom vert montre une reconnexion progressive erronée. Enfin, le zoom rose illustre une fausse création de vaisseau, dite hallucination.	55

3.10	Résultats de l'application de G_{reco} , entraîné sur OpenCCO, sur les annotations manuelles DRIVE artificiellement déconnectées avec plusieurs tailles ($s \in \{6, 8, 10, 12\}$). (a) courbes de convergence affichant la norme ℓ_2 de la différence entre les deux derniers résultats consécutifs. (b-d) résultats quantitatifs en fonction du nombre d'applications de nos modèles.	57
3.11	Exemple de segmentations obtenues par l'approche variationnelle et l'apprentissage profond en 2D (première ligne) et en 3D (deuxième ligne). . .	58
3.12	Résultats de notre post-traitement appliqué à un résultat de segmentation de l'approche variationnelle (ligne supérieure) et de l'approche d'apprentissage profond (ligne inférieure) sur une image de DRIVE. (b) et (f) représentent les résultats de segmentation des approches variationnelle et d'apprentissage profond avant le post-traitement. G_{reco} est entraîné soit sur le jeu de données synthétiques OpenCCO (c) et (g), soit sur le jeu de données réelles STARE (d) et (h). Les zooms bleus montrent des reconnections réussies par notre post traitement, alors que les zooms verts et roses montrent les différences de reconnections entre $G_{\text{reco,STARE}}$ et $G_{\text{reco,CCO}}$	61
3.13	Résultats de notre post-traitement appliqué à un résultat de segmentation de l'approche variationnelle (ligne supérieure) et de l'approche d'apprentissage profond (ligne inférieure) sur une image de Bullitt. (b) et (e) représentent les résultats de segmentation des approches variationnelle et d'apprentissage profond avant le post-traitement. (c) et (f) sont les images après l'application de G_{reco} entraîné sur le jeu de données IXI. Les flèches bleues pointent des reconnections réussies par notre post traitement alors que les flèches vertes pointent des reconnections incorrectes.	64
3.14	Résultats de notre post-traitement appliqué à un résultat de segmentation de l'approche variationnelle (ligne supérieure) et de l'approche d'apprentissage profond (ligne inférieure) sur une image de l'IRCAD. (b) et (e) représentent les résultats de segmentation des approches variationnelle et d'apprentissage profond avant le post-traitement. (c) et (f) sont les images après l'application de G_{reco} entraîné sur le jeu de données synthétique Vascsynth. Les flèches bleues pointent des reconnections réussies par notre post-traitement alors que les flèches roses pointent des reconnections incorrectes ou des hallucinations de structures vasculaires.	65
4.1	Résolution d'un problème inverse en utilisant la méthode <i>forward-backward</i> . Une descente de gradient avec un pas η est tout d'abord appliquée sur le terme d'attache aux données avant d'appliquer un pas de descente implicite sur le terme de régularisation R qui n'est pas dérivable grâce à l'opérateur proximal. Ce schéma d'optimisation est itéré n fois.	69
4.2	Approche <i>plug-and-play</i> . Un modèle débruiteur est tout d'abord appris. Il est ensuite injecté dans un schéma d'optimisation itératif (ici avec la méthode <i>forward-backward</i>) comme un opérateur proximal permettant ainsi de résoudre la tâche souhaitée.	70
4.3	Approche <i>unrolled</i> . Apprentissage de n itérations du schéma d'optimisation permettant la résolution d'un problème inverse. Un terme débruiteur peut être pré-entraîné au préalable et injecté comme opérateur proximal. Lors de l'entraînement, certains paramètres de la descente de gradient explicite, tel que η peuvent être aussi appris pour chaque itération.	72

4.4	Approche <i>deep equilibrium</i> . Apprentissage d'une itération d'un schéma d'optimisation avec un terme débruiteur appris au préalable, injecté comme opérateur proximal. Comme pour l'approche <i>unrolled</i> d'autres paramètres du schéma peuvent être appris. Cette itération pourra ainsi être appliquée jusqu'à convergence vers une solution pour la tâche souhaitée.	73
4.5	Pipeline de notre méthode de segmentation vasculaire non supervisée. Tout d'abord, un jeu de données d'images vasculaires connectées/déconnectées est généré. Ensuite, ce jeu de données est utilisé pour entraîner un modèle reconnecteur G_{reco} via une architecture U-Net résiduelle. Enfin ce modèle est injecté dans un schéma d'optimisation variationnel comme l'opérateur proximal de E_{reco}	75
4.6	Comparaison de l'impact des modèles G_{fill} , G_{remove} et G_{reco} dans la méthode <i>plug-and-play</i> sur une image de test de DRIVE.	81
4.7	Variation du MCC (a), de l'ASSD (b) et de ϵ_{β_0} (c) sur le jeu de données de test de DRIVE en fonction de l'itération α à partir de laquelle le modèle G_{reco} est injecté dans le schéma d'optimisation.	83
4.8	Evolution de l'entrée possible du modèle G_{reco} au cours des itérations du schéma variationnel	83
4.9	Variation du MCC, de l'ASSD et de ϵ_{β_0} des 20 patient-e-s du jeu de test DRIVE en fonction du coefficient de régularisation λ de la Variation Totale.	84
4.10	Variation du MCC de la segmentation d'un-e patient-e du jeu de données de DRIVE en fonction du coefficient de régularisation λ . Une illustration d'un zoom de la segmentation obtenue est fournie pour certaines valeurs de λ	84
4.11	Comparaison du modèle proposé avec le modèle variationnel pour un coefficient de régularisation $\lambda = 0.001$ (1 ^{ère} ligne) et pour $\lambda = 0.050$ (2 ^{ème} ligne).	85
4.12	Comparaison des segmentations <i>plug-and-play</i> obtenues avec les différents modèles reconnecteurs $G_{reco,s=X}$ ($X \in 6, 8, 10, 12$) pour un même coefficient de régularisation λ . La flèche bleue pointe une reconnexion reconnectée différemment selon le modèle G_{reco} utilisé. La flèche verte pointe vers un fragment vasculaire enlevé par $G_{reco, s = 8}$ mais pas par les autres modèles reconnecteurs. Enfin la flèche rose souligne une mauvaise reconnexion.	86
4.13	Représentation de l'énergie calculée au cours des itérations de l'algorithme itératif pour (a) les 20 patients avec leurs coefficients λ optimaux et (b) différents coefficients de régularisation λ pour une même image	89
4.14	Simulation d'une rétinographie (b) en utilisant une structure curviligne binaire (a) générée par l'algorithme OpenCCO et un arrière-plan d'image extrait de le jeu de données STARE [35].	91
4.15	Comparaison des segmentations obtenues sur un volume de l'IRCAD. Les flèches bleues pointent des exemples dans lesquels des fragments de vaisseaux sanguins ont été correctement reconnectés. Les flèches roses montrent des exemples de mauvaises reconnexions.	93
4.16	Comparaison des segmentations obtenues sur un volume de Bullitt. Les flèches bleues pointent des exemples dans lesquels des fragments de vaisseaux sanguins ont été correctement reconnectés. Les flèches roses montrent des exemples de mauvaises reconnexions ou la disparition de fragments vasculaires.	94

4.17	Comparaison des segmentations obtenues sur une image DRIVE. Les flèches bleues pointent des exemples dans lesquels des fragments de vaisseaux sanguins ont été correctement reconnectés. Les flèches roses montrent des exemples de mauvaises reconnections ou de portions de vaisseaux manquants.	95
4.18	Résultats obtenus après l'utilisation de G_{reco} comme post-traitement ou terme de régularisation d'une segmentation <i>plug-and-play</i> sur les différentes bases de données. Les flèches vertes indiquent les différences résultant de la différence d'utilisation du modèle reconnecteur.	96

Liste des tableaux

3.1	Résumé des expériences effectuées dans l'étude ablative	51
3.2	Résultats quantitatifs de l'influence de la fonction de coût après une étape d'inférence.	52
3.3	Résultats quantitatifs après l'application de $G_{\text{reco},s=X}$ entraîné sur OpenCCO déconnecté avec plusieurs tailles de déconnexions $X \in \{6, 8, 10, 12\}$ et testé sur DRIVE lui même déconnecté avec plusieurs tailles de déconnexions.	53
3.4	Résumé des modèles reconnecteurs entraînés.	59
3.5	Résultats de notre post-traitement entraîné sur CCO ou STARE sur la base de données DRIVE.	60
3.6	Résultats de notre post-traitement entraîné sur IXI et appliqué sur la base de données Bullitt.	60
3.7	Résultats de notre post-traitement entraîné sur VasculSynth et appliqué sur la base de données IRCAD.	60
4.1	Comparaison de l'impact des modèles G_{fill} , G_{remove} et G_{reco} dans la méthode <i>plug-and-play</i> sur la base de données test de DRIVE	80
4.2	Moyenne \pm écart-type de la valeur du poids de régularisation λ appliqué à la TV pour chaque modèle de segmentation de l'étude ablative. On rappelle que ce poids a été optimisé afin d'obtenir les meilleurs résultats de segmentation selon le MCC pour chaque méthode comparée.	82
4.3	Résultats des segmentations obtenues avec les différents termes reconnecteurs et le coefficient de régularisation λ optimisé selon le modèle reconnecteur $G_{\text{reco},s=8}$	87
4.4	Résultats de segmentation obtenus lors de l'optimisation de λ pour chacun des modèles.	88
4.5	Moyenne \pm écart-type des valeurs du coefficient de régularisation, λ qui ont été optimisées pour chaque terme de régularisation.	88
4.6	Résumé des modèles reconnecteurs entraînés dans le Chapitre 3 et qui vont être injectés à la place de la résolvante de E_{reco} dans le schéma d'optimisation variationnel	90
4.7	Résultats quantitatifs sur les jeux de données DRIVE, IRCAD et Bullitt.	92
4.8	Comparaison des segmentations obtenues via l'utilisation de G_{reco} en tant que post-traitement ou terme reconnecteur dans une segmentation <i>plug-and-play</i> sur les jeux de données DRIVE, IRCAD et Bullitt.	94
4.9	Moyenne \pm écart-type du coefficient de régularisation, λ , optimisé pour chaque approche.	97

Introduction

Contexte médical

Les vaisseaux sanguins jouent un rôle crucial dans le corps humain en assurant la distribution d'oxygène et de nutriments vers les organes, tout en éliminant les déchets métaboliques. Ils sont répartis dans le corps et peuvent subir des dommages, des maladies et des dysfonctionnements.

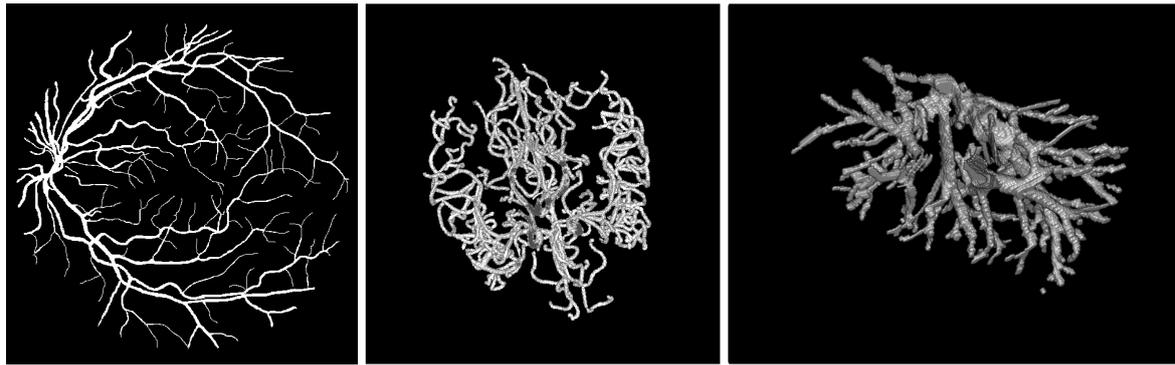
Leurs études peuvent permettre de mieux les connaître et les comprendre. Par exemple, la modélisation des vaisseaux sanguins ou la simulation du flux sanguin contribuent à une meilleure compréhension des maladies affectant leur structure, telles que les anévrismes et les sténoses. Ces modélisations peuvent également améliorer la connaissance du réseau vasculaire d'un patient spécifique, facilitant ainsi la planification de chirurgies.

Cependant, pour réaliser ces modélisations, il est nécessaire de définir précisément le réseau vasculaire examiné. Cette étape, connue sous le nom de segmentation, consiste généralement à extraire une image binaire (les pixels associés à l'arbre vasculaire sont à 1, et ceux du fond à 0) à partir d'une représentation de l'organe examiné.

Elle se doit de préserver les caractéristiques intrinsèques d'une structure vasculaire. En effet, ce sont des structures tubulaires interconnectées, caractérisées par leur finesse et leur distribution dispersée au sein de l'organe examiné. Elles peuvent présenter des formes sinueuses et tortueuses, s'adaptant ainsi à la configuration spécifique de l'organe (voir Figure 1). Par conséquent, la topologie de la structure, c'est-à-dire la manière dont les vaisseaux sanguins sont connectés entre eux et la structure spatiale globale, est importante pour des applications telles que la simulation de flux sanguins.

La segmentation des vaisseaux sanguins se fait généralement à partir d'une image angiographique, c'est à dire une modalité d'imagerie médicale permettant de visualiser les réseaux vasculaires. Plusieurs exemples d'images angiographiques sont présentés dans la Figure 2. Cependant, le contraste entre les vaisseaux et le fond peut être faible en particulier au niveau des structures les plus fines, les rendant plus sensibles aux bruits et aux artefacts lors de l'acquisition d'une image. La détection de ces éléments, en raison de leur sensibilité, rend complexe la préservation de la connectivité, entraînant ainsi une perte de la topologie de la structure.

D'autre part, la pluralité des méthodes d'angiographie entraîne une grande diversité d'images en raison des variations d'intensité, de contraste et de résolution, comme le montre la Figure 2. Cette diversité est accentuée par les variations des caractéristiques des réseaux vasculaires selon l'organe considéré, avec des degrés de tortuosité et de finesse variables (voir la Figure 1). Ces deux aspects rendent le développement

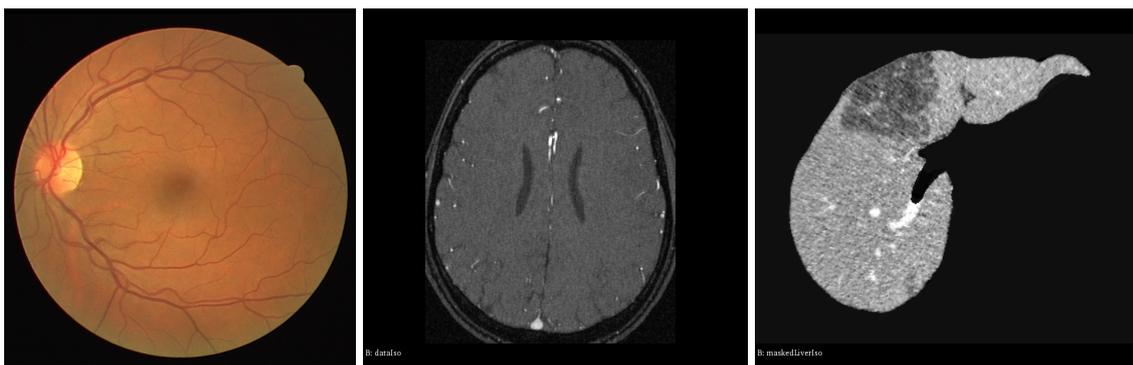


(a) Réseau vasculaire oculaire (b) Réseau vasculaire cérébral (c) Réseau vasculaire hépatique

FIGURE 1 – Annotations manuelles de différents réseaux vasculaires étudiés durant la thèse.

de méthodes de segmentations généralisables à tout type de données difficiles.

Pour répondre au mieux à ces problématiques, des jeux de données ont été constitués, comprenant des angiographies accompagnées d’annotations (aussi appelé vérité-terrain) indiquant la localisation des vaisseaux sanguins. L’accès à ce genre de données est limité du fait de la complexité de la tâche d’annotation ainsi que la nécessité d’accompagnement par une expertise médicale. Ces données peuvent être exploitées en étant utilisées comme jeu d’entraînement pour des modèles d’apprentissage supervisés. Ces méthodes permettent d’obtenir une segmentation précise et une bonne préservation de la topologie de la structure vasculaire. Néanmoins, elles ont du mal à généraliser au-delà des données utilisées pour l’entraînement. En revanche, les modèles non supervisés, qui ne nécessitent pas d’annotations, ont tendance à mieux se généraliser, mais leurs performances en termes de segmentation sont généralement bien inférieures, notamment en ce qui concerne la préservation de la connectivité.



(a) Rétinophotographie (b) Coupe d’une Angiographie par Résonance Magnétique cérébrale (c) Coupe d’une tomographie du foie

FIGURE 2 – Représentation des différentes méthodes d’acquisitions étudiées au cours de la thèse.

Dans cette thèse, nous voulons développer des outils pouvant être facilement ap-

pliqués sur différentes modalités d’images, et visant à préserver la topologie de la segmentation. Pour ce faire, nous nous sommes intéressés au développement d’un modèle entraîné de manière supervisée permettant de reconnecter les structures vasculaires fragmentées, améliorant ainsi la topologie des réseaux vasculaires. Ce modèle dit re-connecteur peut être utilisé de deux manières distinctes : en tant que post-traitement à appliquer après l’utilisation d’une méthode de segmentation, ou en tant que contrainte intégrée dans le processus de segmentation d’une structure vasculaire *via* une approche variationnelle. Cette dernière étant facilement applicable sur des données de différentes modalités, l’injection du modèle re-connecteur vise à améliorer la connectivité du réseau vasculaire segmenté par le *framework*.

Contexte de la thèse

Cette thèse a été financée par le Labex Primes ¹ et a débuté en octobre 2020. Elle s’est déroulée sous la supervision d’Antoine Vacavant et Odysée Merveille. J’ai effectué ma thèse au Centre de Recherche en Acquisition et Traitement de l’Image pour la Santé (CREATIS) à Villeurbanne ainsi qu’à l’Institut Pascal au Puy-en-Velay.

Au cours de ma thèse, j’ai pu m’intéresser à plusieurs projets liés à la segmentation de structures vasculaires avec la participation aux plénières de deux projets financés par l’Agence Nationale de Recherches : R-Vessel-X et PreSPIN. Ces projets mettent tous deux l’accent sur le développement de nouvelles méthodes de segmentation pour les systèmes vasculaires, que ce soit dans le foie pour R-VESSEL-X ou dans le cerveau pour PreSPIN, afin de fournir des bases précises pour les simulations et les interventions médicales.

Contributions et organisation du manuscrit

Dans le prochain chapitre, nous discuterons de l’état de l’art sur la segmentation des structures vasculaires en s’intéressant aux méthodes principales étudiées pendant la thèse : l’approche variationnelle et l’apprentissage profond supervisé.

Dans le chapitre 2, nous introduirons les bases de données de réseaux vasculaires que nous avons étudiées. Les métriques utilisées pour évaluer la segmentation et plus précisément sa topologie seront ensuite présentées.

Dans le chapitre 3, nous exposerons la méthode proposée pour l’apprentissage d’un modèle re-connecteur ainsi que son évaluation lors de son application en tant que post-traitement sur des segmentations de structures vasculaires.

Dans le chapitre 4, nous commencerons par présenter les différentes méthodes fusionnant apprentissage supervisé et approche variationnelle, puis nous présenterons la méthode proposée pour intégrer le modèle re-connecteur dans un schéma d’optimisation variationnel. Cette méthode est ensuite analysée et évaluée sur différents jeux de données 2D et 3D.

Enfin, une conclusion et les perspectives futures de ce travail seront présentées.

1. <https://primes.universite-lyon.fr/>

1 | Segmentation des vaisseaux sanguins par minimisation d'énergie

1.1	Approche variationnelle : segmentation sans images annotées	6
1.1.1	Introduction au problème inverse	6
1.1.2	Approche variationnelle	7
1.1.3	Segmentation par approche variationnelle	7
1.1.4	Méthodes de résolution	12
1.2	Apprentissage profond supervisé : segmentation avec images annotées	17
1.2.1	Principe de l'apprentissage profond	17
1.2.2	Architectures pour la segmentation des vaisseaux sanguins . .	20
1.2.3	Fonctions de coûts	23
1.3	Conclusion	25

Ce chapitre introduit deux grands types d’approches utilisées pour la segmentation des vaisseaux sanguins basées sur la minimisation d’une énergie : l’approche variationnelle et l’apprentissage profond supervisé. Dans une première partie, l’approche variationnelle est présentée comme la minimisation d’une fonction d’énergie explicite. Différents modèles d’énergies sont discutés ainsi que les méthodes de résolution associées. Dans la deuxième partie, l’apprentissage profond supervisé est exploré. Les principes de base de l’apprentissage profond sont rappelés, suivis par une discussion des architectures et des fonctions de coûts utilisées spécifiquement pour la segmentation des vaisseaux sanguins.

1.1 Approche variationnelle : segmentation sans images annotées

En traitement d’image, l’approche variationnelle est fréquemment employée pour résoudre des problèmes inverses, notamment pour la segmentation des vaisseaux sanguins, sans nécessiter d’annotations. Dans un premier temps, nous introduirons la définition d’un problème inverse. Ensuite, l’approche variationnelle sera présentée ainsi que les différents modèles proposés pour la segmentation des vaisseaux sanguins. Enfin, différents schémas itératifs pour résoudre les modèles de segmentations seront présentés. Pour simplifier les notations, ces notions seront définies seulement pour les images en 2D, bien que leurs extensions à la 3D existent.

1.1.1 Introduction au problème inverse

En traitement d’image, une image idéale u de taille $N \times M$ est altérée par un système donnant ainsi l’image observée f . Le problème dit direct consiste, à partir de l’image idéale et du modèle du système A , de simuler l’image observée f telle que :

$$f = Au + n, \tag{1.1}$$

avec $f \in \mathbb{R}^{N \times M}$, $u \in \mathbb{R}^{N \times M}$, $n \in \mathbb{R}^{N \times M}$ un bruit corrompant l’image, et A le modèle direct dépendant de la chaîne d’acquisition et de l’application souhaitée.

Cependant, de manière générale, nous n’avons accès qu’à l’image observée f ainsi qu’au modèle A . Nous pouvons alors déterminer la meilleure estimation de u , u^* , à partir de f : c’est le problème inverse.

Le problème inverse est bien posé, et donc résoluble, si et seulement si la solution u^* vérifie les trois conditions d’Hadamard :

- u^* existe,
- u^* est unique,
- L’équation (1.1) est stable, c’est-à-dire qu’une petite variation dans les données d’entrées A , n et f entraîne une petite variation dans la solution u^* .

Cependant, il arrive que A ne soit pas inversible, et même lorsqu’elle l’est, A est souvent trop grande pour être inversée de manière exacte dans un temps fini. En parallèle, l’équation (1.1) n’étant pas nécessairement stable, le manque de précision

lors de la définition de A peut alors provoquer des erreurs lors de la résolution du problème. Le problème est alors mal posé. Une possibilité de résolution est donnée par l'approche variationnelle.

1.1.2 Approche variationnelle

L'approche variationnelle est une méthode souvent utilisée en traitement d'images permettant de résoudre différents types de problèmes tels que l'*inpainting*, le *deblurring*, le débruitage ou encore la segmentation. Le problème de l'équation (1.1) est redéfini sous la forme de problème d'optimisation en introduisant des contraintes supplémentaires dans le processus de résolution afin de rendre la solution plus stable, fiable et robuste. Ce processus est défini par la minimisation de deux termes d'énergies :

$$u^* = \underset{u}{\operatorname{argmin}} D(u, f) + \lambda R(u), \quad (1.2)$$

avec $f \in \mathbb{R}^{N \times M}$ l'image observée, $u^* \in \mathbb{R}^{N \times M}$ l'image restaurée, D le terme de fidélité aux données, R le terme de régularisation et $\lambda \in \mathbb{R}$ un coefficient de régularisation permettant de donner plus ou moins de poids à la régularisation.

En redéfinissant ainsi le problème, D est dépendant du modèle direct A lié au type de problème que nous cherchons à résoudre. Le terme d'attache aux données D permet ainsi de choisir le traitement appliqué à une image comme une segmentation, un débruitage ou un *deblurring*. Dans le cas où il existe plus d'une solution au problème 1.1, il est nécessaire d'imposer des contraintes à l'aide du terme de régularisation R . Ce terme permet alors de sélectionner la solution possédant des caractéristiques désirées.

1.1.3 Segmentation par approche variationnelle

Plusieurs modèles ont été proposés pour mettre en œuvre la segmentation *via* l'approche variationnelle, et ils se regroupent en deux catégories principales :

- **La segmentation par contours** qui consiste à détecter les objets à partir de leurs frontières.
- **La segmentation par régions** qui consiste à détecter les objets en les considérant comme des structures homogènes dans l'image.

Ainsi, trois modèles sont disponibles pour la réalisation de segmentations : le modèle des contours actifs qui se prête à la segmentation par contour, le modèle de Mumford-Shah qui fusionne une approche basée à la fois sur les contours et les régions, et le modèle de Chan-Vese qui présente une approche axée sur la segmentation par région.

Modèle des contours actifs

L'un des premiers modèle de contours actifs proposés est le modèle *snake* proposé par Kass *et al.* [46]. Ce dernier consiste en une courbe paramétrée v qui a pour but d'épouser les contours de l'objet à détecter. Le modèle est caractérisé par deux termes d'énergie, communément désignés comme l'énergie interne et l'énergie externe. Nous

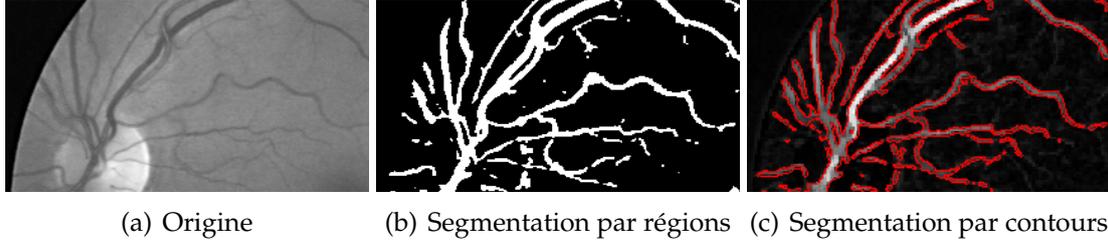


FIGURE 1.1 – Exemple de segmentation pouvant être obtenue soit via une approche par régions (a) soit par une approche par contours (b). L’approche par région est basée sur le modèle de Chan-Vese [8] et l’approche par contours [96] basée sur le modèle de Chan [9]. Dans cette dernière la segmentation est représentée par le contour rouge. Aucune des deux approches de segmentations ne présente des segmentations complètes et connectées.

avons formulé ces termes comme étant le terme d’attache aux données et le terme de régularisation, respectivement. Ainsi le modèle proposé est le suivant :

$$\begin{aligned}
 D(v, f) &= - \sum_{j=1}^M \sum_{i=1}^N |\nabla f \odot v|^2 \\
 R(v) &= \alpha \sum_{j=1}^M \sum_{i=1}^N |\nabla v|^2 + \beta \sum_{j=1}^M \sum_{i=1}^N |\Delta v|^2
 \end{aligned} \tag{1.3}$$

avec Δ le laplacien appliqué à la courbe paramétrée v . α et β sont les coefficients de régularisations, et f l’image observée. \odot est le produit de Hadamard défini tel que pour deux matrices de même dimension alors $(A \odot B)_{ij} = A_{ij}B_{ij}$.

Le terme d’attache aux données D permet à la courbe v de s’ajuster à ceux des objets présents dans une image f . Il est basé sur le gradient de f et est évalué le long de la courbe paramétrée v . Le contour des objets dans ∇f est alors représenté par des sauts d’énergies vers lesquels le contour actif doit tendre. Cette énergie doit être maximisée, ce qui équivaut à minimiser son opposée. Le terme de régularisation R permet de préciser l’objet à détecter, en précisant les caractéristiques de son contour. Dans le modèle du *snake*, le premier terme permet d’influencer la longueur de la courbe, alors que le second influence sa courbure.

Depuis l’introduction de ce modèle, de nombreuses extensions ont été proposées. Le Gradient Vector Flow (GVF) [112] a été proposé comme méthode de prétraitement de l’image, pour faciliter le déplacement du contour actif. Elle permet de calculer les directions de déplacement pour les contours actifs, améliorant ainsi leur capacité à suivre précisément les contours des objets, en particulier les objets aux formes concaves.

Enfin, Caselles *et al.* [6] ont proposé les contours actifs géodésiques. Ce modèle est basé sur l’utilisation de courbes de niveaux (*i.e level set*) [82] pour représenter implicitement les contours. Le *level-set* va alors s’ajuster selon des informations extraites de l’image, telles que l’intensité ou le gradient. Lorsque le processus de minimisation a convergé, le contour est obtenu en niveau 0 du *level set*.

Des méthodes [58, 75] basées sur la définition d’un contour actif paramétrique et géodésique ont été proposées pour la segmentation des vaisseaux sanguins. Par

exemple, [56] ont proposé d'appliquer la méthode du contour actif à chaque coupe d'un volume 3D, en commençant par la première coupe. Du fait de la connectivité de la structure, sa position dans la coupe suivante est généralement proche de celle détectée dans la précédente. En se basant donc sur les méthodes de *tracking*, Lee *et al.* proposent d'utiliser la détection de la coupe précédente pour initialiser la courbe paramétrée de la coupe suivante. Les contours obtenus sur les différentes coupes sont harmonisés grâce à un filtre de Kalman [44] qui assure une cohérence dans la position et les variations de formes de contours.

Modèle de Mumford-Shah

Contrairement au modèle des contours actifs où un contour est modélisé, le modèle de Mumford-Shah [79] prend en compte les contours des objets en imposant directement des contraintes sur leur définition. Le modèle est défini par les deux termes d'énergie suivants :

$$\begin{aligned}
 D(u, C, f) &= \sum_{(i,j) \notin C} (u_{ij} - f_{ij})^2 \\
 R(u, C) &= \lambda \sum_{(i,j) \notin C} \|\nabla u_{ij}\|^2 + \alpha \cdot \text{taille}(C)
 \end{aligned}
 \tag{1.4}$$

avec C le contour, u l'image solution, f l'image observée, λ et α les coefficients de régularisation des deux termes d'énergies. La fonction $\text{taille}(\cdot)$ sert à calculer la longueur du contour C .

Le modèle produit deux sorties : une version débruitée de l'image u^* et une représentation des contours de l'image idéale C^* (voir la Figure 1.2). Pour la segmentation, l'information des contours est primordiale. Le terme d'attaches aux données vise à garantir la similarité entre u^* et f en dehors des contours C^* . Le terme de régularisation permet une meilleure définition du contour et peut être décomposé en 2 parties. Le premier terme permet de préciser que la solution u^* doit avoir peu de variation d'intensité en dehors des contours. Il aura un effet de débruitage. Les contours étant des sauts d'énergie, ils sont exclus de ce terme. Ainsi, leur définition aura un impact direct sur l'énergie : plus elle est précise, plus l'énergie est minimale. Enfin, le dernier terme pénalise la longueur des contours C^* . Minimiser leur taille permet d'avoir une définition plus lisse de l'objet.

Le modèle de Mumford-Shah est cependant difficile à mettre en œuvre du fait de l'équilibre délicat entre les deux termes de régularisation, de sa non-convexité et des exigences computationnelles importantes associées à la minimisation de son énergie.

Plusieurs simplifications du modèle de Mumford-Shah ont été proposées pour en faciliter la résolution. L'une des approches employées consiste à résoudre une relaxation du modèle, ce qui permet de transformer le problème en un problème convexe [7, 86]. Une autre manière est de se placer dans le cadre du traitement d'une image constante par morceau. Le modèle de Mumford-Shah revient alors au modèle de Potts [100, 101].

Enfin, le modèle de Chan-Vese suppose que l'image est composée de 2 classes : l'objet à détecter présentant une intensité constante moyenne c_1 et le fond avec une intensité constante moyenne c_2 [9]. Le terme d'attache aux données D est simplifié pour prendre en compte cette nouvelle définition de l'image.



FIGURE 1.2 – Image segmentée avec le modèle de Mumford-Shah, issu de [57].

Ainsi le modèle devient :

$$D(u, c_1, c_2, C) = \sum_{(i,j) \in \text{inside}(C)} (c_1 - f_{ij})^2 + \sum_{(i,j) \in \text{outside}(C)} (c_2 - f_{ij})^2 \quad (1.5)$$

$$R(C) = \alpha \cdot \text{taille}(C)$$

Cette énergie n'étant toujours pas convexe, sa minimisation reste difficile. Chan *et al.* ont alors proposé une version convexe avec le modèle qui suit.

Modèle de Chan

Chan *et al.* [8] ont proposé d'utiliser le terme d'attache aux données proposé dans l'équation (1.5) pour faire une segmentation par région en gardant l'hypothèse que l'arrière-plan et la forme possèdent chacun des intensités homogènes. Ce terme est accompagné d'un terme de régularisation permettant d'effectuer un débruitage de l'image solution, la Variation Totale (TV) [91], définie dans l'équation (1.6) :

$$TV(u) = \|\nabla u\|_{2,1}, \quad (1.6)$$

Avec $\nabla u = (u_x, u_y)$ le gradient de u . u_x (respectivement u_y) représente le gradient discret de u dans la direction de x (respectivement y). $\|\cdot\|_{2,1}$ est la norme l_1 de la norme l_2 .

Tout comme le terme de régularisation utilisé dans le modèle de Mumford-Shah (voir l'équation (1.4)), la variation totale cherche à minimiser les variations de ∇u . Cependant, l'utilisation de la norme l_2 ne pénalisant pas suffisamment les petites variations de gradients, la norme l_1 est introduite. Celle-ci pénalise moins les grandes variations et permet ainsi de mieux préserver les contours. La variation totale tend alors à produire une image constante par morceaux dont les sauts de gradients correspondent aux bords des objets de l'image.

Le modèle de Chan pour la segmentation par région est alors défini par l'équation suivante :

$$E_{Chan}(u, c_1, c_2, f) = \sum_{(i,j)} u_{ij} \left((c_1 - f_{ij})^2 - (c_2 - f_{ij})^2 \right) + \lambda TV(u), \quad (1.7)$$

avec c_1 et c_2 des valeurs constantes correspondant respectivement aux intensités de la forme et de l'arrière-plan. f est l'image initiale qui est analysée.

Ce modèle est adapté pour les images naturelles, car elles peuvent être représentées par des fonctions constantes par morceaux. Cependant, les vaisseaux sanguins se distinguent des images naturelles par leur finesse et leur faible contraste, les rendant particulièrement sensibles aux bruits. Les structures fines peuvent alors avoir une intensité très proche des pixels du fond de l'image, provoquant peu de variations dans les gradients de l'image. Dans ce contexte, l'utilisation de la variation totale dégrade la segmentation des structures vasculaires qui sera généralement incomplète et fragmentée.

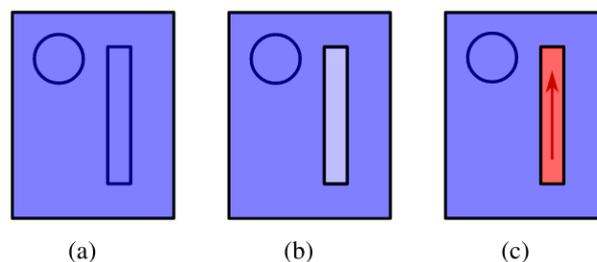


FIGURE 1.3 – Différence de comportement entre (a) la TV, (b) la TV pondérée et (c) la TV directionnelle. La couleur bleu foncé (respectivement bleu clair) représente une régularisation élevée (respectivement faible) sans direction privilégiée. La couleur rouge indique une régularisation dite directionnelle. Contrairement à la TV classique qui régularise dans toutes les directions avec la même intensité, la TV pondérée applique une régularisation faible à l'intérieur des structures vasculaires et une régularisation forte ailleurs de manière isotropiques. La TV directionnelle, quant à elle, applique la même intensité de régularisation à l'intérieur et à l'extérieur des structures vasculaires. Cependant, à l'intérieur de ces structures, la régularisation ne s'applique que le long de la structure. Issue de [71].

Ainsi, plusieurs travaux ont cherché à développer un modèle mieux adapté à la segmentation des vaisseaux sanguins en adaptant le terme de régularisation. Ces approches reposent sur l'introduction d'*a priori* sur les structures vasculaires pour améliorer leurs traitements.

Miraucourt *et al.* [74] ont proposé d'utiliser un *a priori* sur la position de la structure avec le résultat du filtre de Frangi. Le coefficient de régularisation λ est alors défini localement dans l'image en fonction de cet *a priori*. Celui-ci est inversement proportionnel au signal estimé par le filtre pour moins contraindre l'image au niveau des structures vasculaires probables (voir Figure 1.3 (b)), afin de moins les dégrader :

$$\lambda = \frac{1}{\alpha \lambda_{reg} + (1 - \alpha) \mathcal{V}_0(f)} \quad (1.8)$$

avec λ_{reg} le coefficient de régularisation appliqué lorsque aucune structure vasculaire n'est présente. $\mathcal{V}_0(f)$ est la réponse du filtre de réhaussement (ici Frangi) de l'image observée f . $\alpha \in [0, 1]$ est un hyperparamètre permettant de contrôler l'équilibre entre la prise en compte de l'a priori de la structure vasculaire et la régularisation. Même si baisser le coefficient de régularisation au niveau des structures vasculaires permet de mieux la préserver, cela ne permet pas de débruiter la structure vasculaire en elle-même.

Afin de répondre à ce problème, Merveille *et al.* [71] ont proposé de prendre en considération les directions de la structure vasculaire estimée. Les directions d de la structure vasculaire sont calculées à l'aide de la sortie du filtre de réhaussement RORPO [72] et intégrées dans la définition du gradient de l'image $\nabla_m f(\mathbf{x})$ (voir équation (1.9)). Ce gradient est ensuite utilisé pour définir une variation totale dite directionnelle pour favoriser le débruitage le long des structures. En prenant en compte la direction des structures vasculaires dans la définition du gradient, la TV peut être appliquée avec la même intensité dans les structures vasculaires et dans le reste de l'image,

$$\begin{aligned} R(u) &= \|\nabla_m u\|_{2,1}, \\ \nabla_m u &= \bar{\mathcal{V}}_0(f)\nabla_d u + (1 - \bar{\mathcal{V}}_0(f))\nabla u, \end{aligned} \tag{1.9}$$

avec $\bar{\mathcal{V}}_0$ le signal du filtre de réhaussement seuillé pour définir la position de la structure vasculaire et le gradient directionnel ∇_d calculant le gradient uniquement dans la direction d .

Ces deux adaptations de la variation totale permettent d'améliorer la préservation de la structure vasculaire dans le but de maintenir la connectivité vasculaire. Cependant, malgré leurs améliorations, ces méthodes présentent encore des limites, notamment concernant les grandes portions de vaisseaux difficiles à détecter entraînant une segmentation fragmentée. Notre objectif lors de cette thèse est d'approfondir cette idée de préserver la connectivité vasculaire par la définition d'un terme de régularisation.

Dans la suite du chapitre, nous nous intéresserons aux méthodes de résolution de ces modèles variationnels.

1.1.4 Méthodes de résolution

Soit $\Gamma_0(\mathbb{R}^N)$ l'ensemble des fonctions inférieurement semi-continues, convexes et propres, définies sur le domaine \mathbb{R}^N . Pour chaque modèle variationnel, nous pouvons définir une énergie $g(u, f) = D(u, f) + \lambda R(u)$ qui nécessite d'être minimisée pour obtenir la segmentation souhaitée. Considérons ainsi le problème de minimisation suivant :

$$\hat{u} \in \underset{u}{\text{Arg min}} g(u, f), \tag{1.10}$$

avec $g : \mathbb{R}^{N^2} \rightarrow]-\infty; +\infty]$ et $u, f \in \mathbb{R}^{N^2}$.

L'existence d'une solution à l'équation (1.10) repose sur deux conditions cruciales :

- La fonction g appartient à l'ensemble $\Gamma_0(\mathbb{R}^N)$.
- La fonction g est coercive, c'est-à-dire que pour toute valeur de x telle que $\|x\| \rightarrow \infty$, la valeur de la fonction doit également tendre vers l'infini.

Ces propriétés ne sont pas nécessairement vérifiées par certains modèles. Par exemple, le modèle basé sur les contours actifs (voir équation (1.3)) n'est pas convexe. Le fait que la fonction globale à minimiser ne soit pas convexe ne permet pas d'assurer que chaque minimum local soit un minimum global. La fonction peut ainsi avoir plusieurs minimas locaux et la solution dépend de l'initialisation du contour actif.

Nous nous intéresserons par la suite à la résolution de problèmes pour lesquels l'existence d'une solution est garantie, c'est-à-dire que $g \in \Gamma_0(\mathbb{R}^N)$ et coercive. Pour trouver une solution, une approche est d'utiliser des algorithmes d'optimisation afin de converger itérativement vers une solution \hat{u} . En traitement d'image, nous travaillerons toujours dans un espace de Hilbert à dimension finie. Ainsi la notion de convergence d'une image u vers une solution \hat{u} est définie telle que :

$$\lim_{n \rightarrow +\infty} \|u_n - \hat{u}\| = 0, \quad (1.11)$$

avec n l'itération dans un algorithme d'optimisation.

Résolution de la minimisation d'une énergie

Les propriétés présentées ci-dessus assurent l'existence d'une solution. Cependant, ces dernières n'assurent pas la convergence des algorithmes vers la solution. Une condition favorisant la convergence est basée sur la définition d'une fonction d'énergie g qui est de gradient k -Lipschitz :

Soit $g : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$, g est de gradient k -Lipschitz pour $k \in [0, +\infty[$ si :

$$\forall x, y \in \mathbb{R}^{n^2}, \quad \|g(x) - g(y)\| \leq k \|x - y\|. \quad (1.12)$$

La constante de Lipschitz k , est une mesure de la "pente" maximale de la fonction, c'est-à-dire à quel point la fonction peut varier rapidement. Ainsi, avoir une fonction d'énergie g dite de gradient k -Lipschitz signifie qu'elle ne peut pas présenter de variations locales supérieures à k . Cette propriété facilite la convergence vers une solution lors de sa minimisation.

Nous allons maintenant nous intéresser aux méthodes permettant de minimiser le problème défini dans l'équation (1.10). Trois grandes méthodes peuvent être utilisées en fonction des propriétés des fonctions impliquées :

- La descente du gradient
- La descente du sous-gradient
- La descente du sous-gradient implicite

Descente du gradient Si g est différentiable et de gradient k -Lipschitz avec $k > 0$, la descente du gradient est définie par le schéma itératif suivant :

$$u_{n+1} = u_n - \gamma_n \nabla g(u_n), \quad (1.13)$$

avec u_n l'image solution à la $n^{\text{ième}}$ itération et γ_n le pas de descente de gradient à la $n^{\text{ième}}$ itération.

La convergence de l'énergie est assurée quand :

$$\begin{aligned} \inf_{n \in \mathbb{N}} \gamma_n &> 0 \\ \sup_{n \in \mathbb{N}} \gamma_n &< 2k^{-1} \end{aligned} \quad (1.14)$$

Descente du sous-gradient Dans le cas où g n'est pas différentiable en un point, le gradient associé ne peut pas être défini. Une alternative est de définir l'ensemble des pentes qui minore la fonction au point non différentiable. L'ensemble de ces pentes, appelées sous-gradients, définit la sous-différentielle de Moreau.

La sous-différentielle ∂g est alors définie telle que :

$$\partial g(x) = \{x \in \mathbb{R}^n \mid \forall y \in \mathbb{R}^n, \langle y - u \mid x \rangle + g(u) \leq g(y)\}, \quad (1.15)$$

avec $\langle \cdot \mid \cdot \rangle$ le produit scalaire associé à l'ensemble \mathbb{R}^n , et x un sous-gradient.

Ainsi la méthode du sous-gradient dite explicite est définie par :

$$u_{n+1} = u_n - \gamma_n x_n, \quad (1.16)$$

avec $x_n \in \partial g(u_n)$, γ_n le pas de descente de sous-gradient à la $n^{\text{ième}}$ itération comprise sur l'intervalle $]0, +\infty[$.

La convergence est assurée lorsque $\sum_{n=0}^{+\infty} \gamma_n^2 < +\infty$ et $\sum_{n=0}^{+\infty} \gamma_n = +\infty$. Ainsi, pour converger γ_n doit être décrémente à chaque itération pour respecter ces conditions. Cependant, la convergence n'assure pas l'obtention du minimum de la fonction g . De ce fait, cette méthode est peu utilisée et la méthode du sous gradient implicite (ci-dessous) sera favorisée.

Descente du sous-gradient implicite Lorsque g n'est pas différentiable, et afin d'assurer la convergence vers la solution de l'équation (1.10), l'opérateur proximal est utilisé afin d'effectuer une descente de sous-gradient dite implicite. Cet opérateur est défini tel que :

$$\begin{aligned} \text{prox}_g : \mathbb{R}^N &\rightarrow \mathbb{R}^N \\ x &\rightarrow \arg \min_{y \in \mathbb{R}^N} g(y) + \frac{1}{2} \|y - x\|^2. \end{aligned} \quad (1.17)$$

L'opérateur proximal est utilisé comme une projection généralisée sur une fonction convexe qui n'est pas nécessairement différentiable.

Un lien avec la sous-différentielle de g peut être fait. En effet, d'après la règle de Fermat si $g \in \Gamma_0(\mathbb{R}^N)$, alors :

$$\forall x \in \mathbb{R}^N \quad p = \text{prox}_g(x) \Leftrightarrow x - p \in \partial g(p). \quad (1.18)$$

La méthode du sous gradient implicite est alors définie telle que :

$$u_{n+1} = \text{prox}_{\gamma_n g}(u_n), \quad (1.19)$$

avec u_n l'image solution à la $n^{\text{ième}}$ itération. Cette étape peut être interprétée comme un pas de descente de sous-gradient dit implicite, comme d'après l'équation (1.18), $u_n - u_{n+1} \in \partial g(u_{n+1})$ et ainsi, nous obtenons le schéma itératif suivant :

$$u_{n+1} = u_n - \gamma_n x_n, \quad (1.20)$$

avec $x_n \in \partial g(u_{n+1})$.

Cette méthode assure une convergence lorsque $\sum_{n=0}^{+\infty} \gamma_n = +\infty$.

Nous venons de voir comment résoudre l'optimisation d'une fonction g qui est soit :

- différentiable et de gradient k -Lipschitz par la méthode de la descente de gradient.
- non différentiable en un ou plusieurs points par la méthode de descente du sous-gradient implicite.

Or, nous avons vu que les méthodes de segmentation définies à l'aide de l'approche variationnelles sont composées de plusieurs termes. Ceux-ci n'ont pas nécessairement les mêmes propriétés mathématiques. En effet, dans le cas du modèle de Chan, le terme d'attache aux données est différentiable alors que la Variation Totale ne l'est pas en zéro. Ainsi, des algorithmes de résolutions ont été proposés afin de résoudre la minimisation d'une énergie en la décomposant en m fonctions. Le problème à résoudre devient donc :

$$\hat{u} \in \underset{u}{\text{Arg min}} g_1(u) + g_2(u) + \dots + g_m(u). \quad (1.21)$$

De nombreuses méthodes ont été proposées pour résoudre l'équation (1.21) [15]. Nous présenterons les méthodes les plus classiques dans la suite du chapitre.

Algorithmes de résolution

Plusieurs algorithmes ont été proposés pour résoudre l'équation (1.21) dans le cas $m = 2$:

$$\hat{u} \in \underset{u}{\text{Arg min}} g_1(u) + g_2(u). \quad (1.22)$$

L'algorithme de Douglas-Rachford [14] permet de résoudre l'équation (1.22) dans le cas où g_1 et g_2 sont non différentiables ou de gradient non k -Lipschitz. L'algorithme forward-backward [16] résout le problème lorsque l'une des fonctions est de gradient k -Lipschitz, et la seconde est non différentiable ou de gradient non k -Lipschitz.

Dans la suite, nous examinerons de manière approfondie la méthode forward-backward qui est utilisée dans le chapitre 4.

Méthode forward-backward La méthode forward-backward [16] permet de résoudre l'équation (1.22) avec g_2 avec $g_1, g_2 \in \Gamma_0(\mathbb{R}^n)$, g_1 de gradient k -Lipschitz et différentiable et g_2 non différentiable ou de gradient non k -Lipschitz.

Cette méthode est décrite comme un pas de descente de gradient explicite sur g_1 , puis un pas de descente de gradient implicite sur g_2 *via* son opérateur proximal. Son schéma itératif est décrit par l'équation (1.23) :

$$u_{n+1} = \text{prox}_{\gamma g_2}(u_n - \gamma \nabla g_1(u_n)), \quad (1.23)$$

avec γ le pas de la descente de gradient et u_n l'image solution à l'itération k .

Cependant, dans certains cas, l'opérateur proximal d'une fonction peut être difficile à exprimer ou à calculer pour certaines énergies comme pour la Variation Totale. Cela

rend l'utilisation des algorithmes décrits précédemment difficile. Il est alors possible de reformuler le problème variationnel (équation (1.2)) sous la forme primale suivante :

$$\hat{u} \in \underset{u \in \mathbb{R}^N}{\text{Arg min}} g_1(u) + g_2(Lu) \quad (1.24)$$

Avec $g_1 : \mathbb{R}^N \rightarrow]-\infty; +\infty]$, $g_2 : \mathbb{R}^K \rightarrow]-\infty; +\infty]$ et $L \in \mathbb{R}^{K \times N}$ un opérateur linéaire.

Le problème peut alors être exprimé sous la forme duale suivante [51] :

$$\hat{v} \in \underset{v \in \mathbb{R}^K}{\text{Arg min}} g_1^*(-L^T v) + g_2^*(v) \quad (1.25)$$

Avec $L^T \in \mathbb{R}^{N \times K}$ l'opérateur adjoint de L et $g^* : \mathbb{R}^N \rightarrow]-\infty; +\infty]$ la fonction conjuguée de g définie selon l'équation suivante :

$$\begin{aligned} g^* : \mathbb{R}^N &\rightarrow]-\infty; +\infty] : \\ u &\mapsto \sup_{x \in \mathbb{R}^N} (x^T u - g(x)). \end{aligned} \quad (1.26)$$

La résolution du problème dual permet de fournir une borne inférieure à la solution du problème primal (équation (1.24)). La somme des valeurs minimales des énergies du problème primal et dual, respectivement p_{primal} et p_{dual} , constitue la mesure de l'écart de dualité : $p_{\text{primal}} + p_{\text{dual}}$. D'après le théorème de la dualité de Fenchel-Rockafellar, si $f \in \Gamma_0(\mathbb{R}^N)$ et $g \in \Gamma_0(\mathbb{R}^K)$, alors sous certaines conditions, il existe une solution au problème dual, pour laquelle l'écart de dualité disparaît : c'est la **dualité forte**. Les minimas des problèmes primaux et duaux sont les mêmes. La résolution conjointe de ces deux problèmes permet alors de garantir la convergence vers la solution et facilite le processus de résolution.

Certains problèmes variationnels peuvent nécessiter la décomposition de l'énergie en trois termes d'énergies. À cette fin, nous pouvons exprimer le problème primal 1.24 en mettant en évidence trois termes d'énergie, comme illustré dans l'équation (1.27). Cette reformulation permet de répondre à un large éventail de problèmes d'optimisation convexe où g_1 , g_2 et g_3 sont des fonctions propres, convexes et semi-continues inférieurement.

$$\begin{aligned} \hat{u} &\in \underset{u \in \mathbb{R}^N}{\text{Arg min}} g_1(u) + g_2(Lu) + g_3(u) \\ \hat{v} &\in \underset{v \in \mathbb{R}^K}{\text{Arg min}} (g_1^* \square g_3^*)(-L^T v) + g_2^*(v), \end{aligned} \quad (1.27)$$

avec $g_1, \in \Gamma_0(\mathbb{R}^N)$, $g_2 \in \Gamma_0(\mathbb{R}^K)$, et $g_3 \in \Gamma_0(\mathbb{R}^N)$ différentiable et de gradient k -Lipschitz. $L \in \mathbb{R}^{K \times N}$ est un opérateur, \hat{u} la solution du problème primal et \hat{v} celle du problème dual. g^* est la fonction conjuguée de g , \square la convolution inférieure définie telle que $(f \square g)(x) = \inf_{y \in \mathbb{R}^N} f(y) + g(x - y)$.

De nombreux algorithmes proposés sont basés sur la formulation du problème primal-dual [51] comme l'algorithme ADMM (Alternating Direction Method of Multipliers) [27] ou encore l'algorithme forward-backward Primal-dual [109, 17]. De nombreuses extensions [102, 87, 53, 25] ont aussi été proposé. Nous nous intéresserons plus particulièrement à l'algorithme forward-backward Primal-dual, car il sera utilisé dans le cadre de la thèse.

Méthode forward-backward Primal-Dual Le schéma itératif de la méthode forward-backward Primal-Dual est présenté ci-dessous :

$$\begin{aligned} u_{n+1} &= \text{prox}_{\tau g_1} (u_n - \tau(\nabla g_3(u_n) + L^T v_n)), \\ v_{n+1} &= \text{prox}_{\sigma g_2^*} (v_n + \sigma L(2u_{n+1} - u_n)), \end{aligned} \quad (1.28)$$

avec $\tau \in \mathbb{R}^+$ et $\sigma \in \mathbb{R}^+$ des hyperparamètres scalaires. τ et σ doivent être fixés selon l'équation (1.29) pour assurer la convergence de l'algorithme.

$$\tau^{-1} - \sigma \|L\|_S^2 \geq \frac{k}{2}. \quad (1.29)$$

L'approche variationnelle offre la possibilité de modéliser un problème de manière explicite sous la forme d'une minimisation d'énergie. Cette méthode peut néanmoins se révéler limitante pour des tâches complexes, soit en raison de contraintes mathématiques, soit lors de la résolution une fois le modèle établi.

En revanche, l'apprentissage profond propose une approche plus flexible et puissante pour la segmentation d'images. Au lieu de modéliser explicitement le problème, cette approche apprend à partir d'exemples à minimiser une fonction d'erreur prédéfinie. Ainsi, elle permet de traiter des problèmes complexes difficilement modélisables explicitement.

Dans la section suivante, nous introduirons donc cette approche dans le cadre de la segmentation de structures vasculaires.

1.2 Apprentissage profond supervisé : segmentation avec images annotées

La résolution du problème inverse défini dans l'équation (1.1) peut aussi être faite de manière dite *aveugle*, en apprenant une fonction G_θ telle que :

$$u^\star = G_\theta(f), \quad (1.30)$$

avec θ les paramètres de la fonction G_θ .

1.2.1 Principe de l'apprentissage profond

L'apprentissage profond permet la modélisation d'une fonction complexe implicite. Cette fonction est définie à partir d'éléments visant à mimer le fonctionnement d'un neurone biologique par un modèle mathématique : le perceptron. Il reproduit le comportement du neurone en provoquant une impulsion ou non en sortie suite à la réception d'informations en entrée. Il est défini mathématiquement selon l'équation suivante :

$$\begin{aligned} P : \mathcal{H} &\rightarrow \mathbb{R} \\ x &\mapsto R(Wx + b), \end{aligned} \quad (1.31)$$

où \mathcal{H} représente un espace vectoriel de dimension équivalente au nombre d'entrées du perceptron P . P est défini par les poids $W : \mathcal{H} \rightarrow \mathbb{R}$, le biais $b \in \mathbb{R}$ et sa fonction d'activation $R : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$. La fonction d'activation permet la création ou non d'une impulsion en fonction des informations $Wx + b$ reçues.

À partir du perceptron, des réseaux de neurones sont créés dits "perceptron multicouches" (*i.e. Multilayer Perceptron MLP*), composés de plusieurs couches avec un nombre variable de neurones. Une couche peut être représentée par l'équation suivante :

$$\begin{aligned} C_i : \mathcal{H}_{i-1} &\rightarrow \mathcal{H}_i \\ x &\mapsto (P_1(x), \dots, P_n(x)), \end{aligned} \quad (1.32)$$

avec n le nombre de perceptrons défini dans la couche C_i . \mathcal{H}_{i-1} (respectivement \mathcal{H}_i) représente un espace vectoriel de dimension équivalente au nombre d'entrées (respectivement de sorties) de la couche C_i . Nous pouvons noter que $\mathcal{H}_i = \mathbb{R}^n$.

Le réseau de neurones G_θ peut alors être défini :

$$\begin{aligned} G_\theta : \mathcal{H}_1 &\rightarrow \mathcal{H}_m \\ x &\mapsto C_m \circ \dots \circ C_1(x) \end{aligned} \quad (1.33)$$

avec m le nombre de couches du réseau de neurones et $C_k : \mathcal{H}_k \rightarrow \mathcal{H}_{k+1}$ la $k^{\text{ème}}$ couche.

Cependant, l'utilisation des réseaux MLP n'est pas adaptée aux tâches liées au traitement d'image. En effet, dans un MLP, l'image d'entrée est vectorisée, perdant ainsi sa cohérence spatiale. De plus, un MLP requiert un nombre de neurones dans sa première couche égal au nombre de pixels dans l'image, ce qui entraîne une explosion du nombre de paramètres.

Les réseaux de neurones dits convolutifs ont été introduits pour palier ces problèmes. Chaque couche peut contenir n noyaux de convolution permettant d'extraire des cartes de caractéristiques (ou *feature maps*) associées aux entrées de la couche. Ces noyaux parcourant l'image donnée en entrée permettent de préserver sa cohérence spatiale. À noter que les équations (1.32) et 1.33 restent vraies pour un réseau de neurones convolutifs.

L'optimisation des paramètres θ de la fonction G_θ pour une certaine tâche se fait par apprentissage en présentant des données au réseau de neurones et en corrigeant ses paramètres selon la sortie obtenue. Cette étape peut se faire de différentes manières en fonction du type de données disponibles :

- **L'apprentissage supervisé** : le jeu de données est composé de l paires d'images $\{(x_i, y_i)\}_{i \in [1, l]}$: x_i représentant la donnée d'entrée et y_i la donnée de sortie attendue, dite l'annotation.
- **L'apprentissage semi-supervisé** : les données sont partiellement annotées avec un jeu de données composé de l paires d'images $\{(x_i, y_i)\}_{i \in [1, l]}$ et de $m - l$ images non annotées $\{x_j\}_{j \in [l+1, m]}$. L'apprentissage semi-supervisé permet de palier un manque de données annotées, en s'appuyant sur le peu de données annotées disponibles et en les complétant par des données non annotées [105].

- **L'apprentissage faiblement supervisé** : les données sont fournies avec des annotations bruitées : le jeu de données est composé de l paires d'images $\{(x_i, \tilde{y}_i)\}_{i \in [1, l]}$ avec $\tilde{y}_i = y_i + \epsilon_i$ l'annotation bruitée de x_i . Cela permet de demander moins de temps d'annotations aux experts. Par exemple, au lieu de segmenter toute une tumeur dans une image 3D de prostate, elle va seulement être indiquée par une annotation partielle tel qu'un gribouilli [24].
- **L'apprentissage non supervisé** : aucune annotation n'est disponible avec un jeu de données composé de l images $\{x_i\}_{i \in [1, l]}$. L'apprentissage non supervisé permet de classifier en plusieurs groupes les données vues par un réseau de neurones et a pour application la détection d'anomalies [85] entre autres.
- **L'apprentissage par renforcement** : L'apprentissage par renforcement concerne les agents qui interagissent avec un environnement pour prendre des décisions, en prenant en compte les récompenses reçues pour guider leur apprentissage. Les données consistent en des observations de l'environnement et des récompenses associées aux actions prises par l'agent.

En ce qui concerne la segmentation de structures vasculaires, l'apprentissage profond supervisé permet le développement de méthodes plus performantes [49, 50, 80] que les méthodes classiques non supervisées [58, 75]. En fournissant des données annotées, il permet aux modèles d'apprendre les caractéristiques spécifiques des vaisseaux sanguins, aboutissant ainsi à des segmentations plus précises et cohérentes. En parallèle, l'apprentissage semi-supervisé permet d'améliorer la généralisabilité des méthodes apprises [33, 36, 59], en tirant parti des données partiellement annotées pour étendre les connaissances du modèle à de nouvelles données non annotées.

Dans le cadre de l'étude de la thèse, nous nous concentrerons par la suite sur le fonctionnement de l'apprentissage profond supervisé.

L'apprentissage supervisé à partir d'un ensemble de données annotées consiste en 4 étapes clés pour former un modèle capable de réaliser des tâches spécifiques :

1. Propagation avant

Le modèle G_θ est utilisé pour prédire une annotation \hat{y}_i en utilisant l'image d'entrée x_i . Cette prédiction est réalisée en appliquant le modèle sur l'image et en obtenant ainsi une estimation $\hat{y}_i = G_\theta(x_i)$.

2. Estimation de l'erreur du modèle à l'aide d'une fonction de coût L

Pour évaluer la performance du modèle, une fonction de coût L est utilisée. Cette fonction mesure la disparité entre la prédiction \hat{y}_i et l'annotation y_i en calculant $L(\hat{y}_i, y_i)$.

3. Minimisation de la fonction de coût à l'aide d'un optimiseur

L'objectif est de minimiser la fonction de coût L afin de rapprocher les prédictions du modèle des annotations réelles et ainsi résoudre :

$$\arg \min_{\theta} L(G_\theta(x_i), y_i) \quad (1.34)$$

Ces optimiseurs sont conçus pour guider le processus d'optimisation en ajustant les paramètres du modèle de manière itérative.

4. Rétro-propagation de l'erreur à travers le réseau de neurones

La rétro-propagation de l'erreur est une étape cruciale dans l'apprentissage des réseaux de neurones. Elle implique la mise à jour des poids du modèle en fonction de l'erreur calculée. L'erreur calculée lors de la propagation avant est ensuite rétro-propagée à travers le réseau de neurones, permettant ainsi de déterminer comment chaque poids doit être ajusté pour minimiser la fonction de coût.

La recherche en segmentation de vaisseaux sanguins par apprentissage profond s'est concentrée sur deux aspects principaux : soit par la proposition d'architectures de réseaux G_θ , soit par la proposition de fonction de coût L . En ajustant l'architecture du modèle, on peut explorer différentes méthodes pour capturer les caractéristiques propres aux vaisseaux sanguins. La fonction de coût peut, elle, être adaptée pour refléter plus précisément les spécificités de la tâche de segmentation, ce qui peut conduire à de meilleurs résultats.

Dans les sections suivantes, nous allons détailler différents travaux qui ont été proposés sur ces deux aspects.

1.2.2 Architectures pour la segmentation des vaisseaux sanguins

De nombreuses architectures utilisées pour la segmentation des vaisseaux sanguins sont basées sur des modèles de segmentation classiques dits *backbone*. Deux modèles standards utilisés aujourd'hui sont le U-Net [89] et par extension le *framework* nn-UNet [39] ainsi que le Vision Transformer (ViT) [21]. Ces modèles seront tout d'abord présentés avant d'introduire les architectures dédiées à la segmentation de vaisseaux sanguins.

Architectures classiques pour la segmentation

U-Net et le nn-UNet Ronneberger *et al.* [89] ont proposé en 2015 un réseau de neurones nommé U-Net permettant d'apprendre une segmentation sur des images biomédicales 2D. Cette architecture est définie en 2 parties. La première partie dite *encodeur* est contractante et permet d'extraire les informations dans l'image traitée. Elle est caractérisée par une succession de blocs constitués de couches convolutives de noyaux 3×3 qui permet l'extraction de cartes caractéristiques. Ces cartes subissent ensuite un sous-échantillonnage des données grâce à la fonction *max pooling* qui effectue une opération de filtrage en ne sélectionnant que les valeurs maximales. Chaque bloc permet la définition de cartes de caractéristiques qui seront utilisées dans la partie suivante.

La deuxième partie, appelée *décodeur*, joue un rôle expansif en étant responsable de la reconstruction de l'image à l'aide des cartes de caractéristiques extraites et de *skip connections*. Ces dernières consistent en des connexions directes entre des couches non adjacentes dans un réseau de neurones profond. Elles permettent de transmettre des informations de manière plus efficace à travers le réseau. Dans le cadre du U-Net elles permettent la propagation des informations entre les couches de l'encodeur et du décodeur et ainsi d'apporter un contexte spatial à l'information décodée. Chaque bloc de décodage est constitué d'une convolution transposée pour effectuer un sur-échantillonnage, puis une succession de couches convolutives de noyaux 3×3 . Cette

architecture est illustrée à la figure 1.4. La voie contractante est située dans la partie gauche du réseau alors que la voie expansive est située dans la partie droite du réseau.

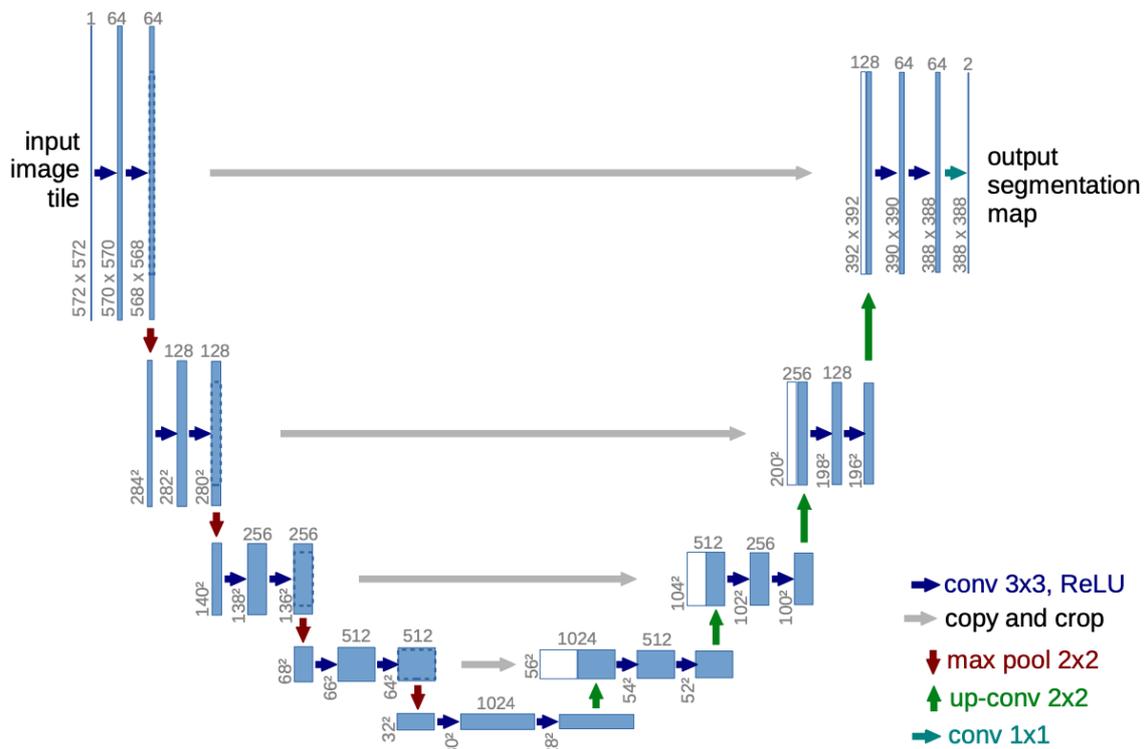


FIGURE 1.4 – Architecture du U-Net (tirée de [89])

Cette architecture est devenue le standard en imagerie médicale pour les tâches de segmentation. Elle a par la suite été adaptée en 3D [12]. Un *framework* a été proposé pour améliorer les performances du U-Net : le nn-Unet [39]. Dans ce *framework*, un prétraitement est appliqué pour homogénéiser le jeu de données d'entraînement (recadrage, isotropie...). Une fois prétraité, le jeu de données est utilisé pour entraîner trois réseaux de neurones différents. Les deux premières architectures sont classiques avec un U-Net 2D entraîné sur des coupes 2D, un U-Net 3D entraîné sur des patches. La dernière architecture est adaptée aux données de grandes tailles en prenant en entrée d'un U-Net 3D en cascade l'image sous-échantillonnée. Cela permet de garder le contexte global de l'image lors d'une première extraction d'information. La sortie du premier U-Net est ensuite échantillonnée à la résolution initiale pour être utilisée comme entrée d'un deuxième U-Net 3D entraîné à l'aide de patches.

Le *framework* propose en plus d'utiliser des augmentations de données adaptées aux données médicales telles que des transformations géométriques (rotations, mises à l'échelle et retournements) et des transformations sur les niveaux de gris (ajout de bruit, flou Gaussien, changements de contrastes ou simulation de basses résolutions). Enfin, l'architecture du réseau de neurones (nombre de couches, taille des noyaux de convolution...) est automatiquement adaptée au début de son entraînement pour obtenir le meilleur compromis entre la mémoire utilisée et les performances. Ce *framework* a été évalué sur la tâche de segmentation de vaisseaux sanguins hépatiques lors du

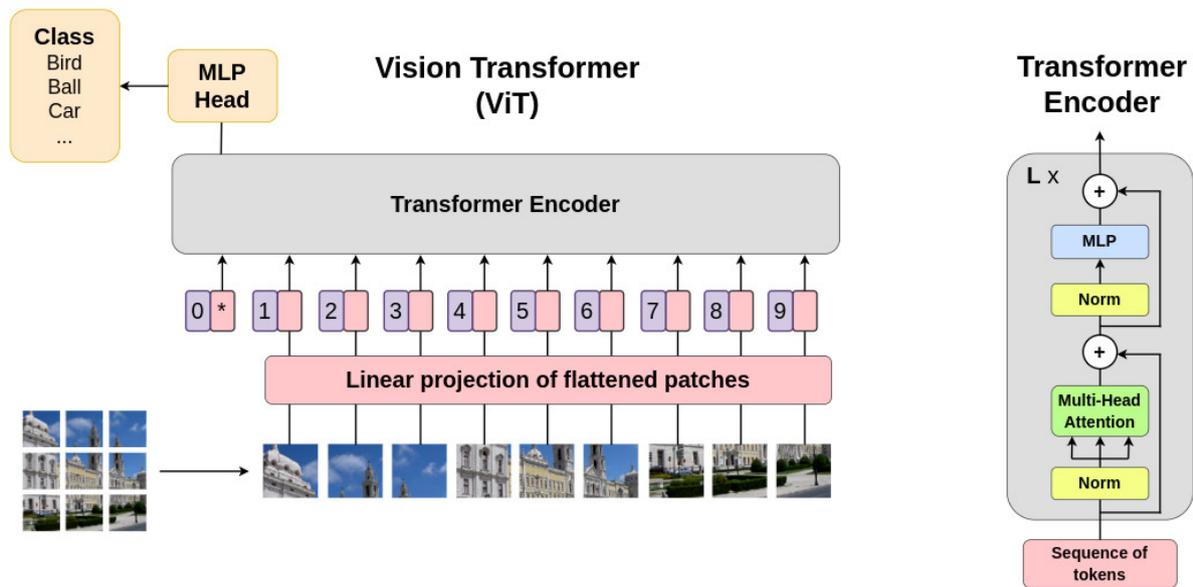


FIGURE 1.5 – Architecture d’un Vision Transformer (ViT) pour une tâche de classification. Issue de [21]

challenge Decathlon [2] et a obtenu la première position en 2018.

Vision Transformer Les Transformers ont été introduits initialement pour le traitement automatique du langage naturel [107], et adapté pour le traitement d’images avec ViT [21] pour la tâche de la classification. L’architecture se définit en 5 grandes phases comme représenté dans la figure 1.5 :

1. **Découpage en *patch*** puis vectorisation (*i.e tokenisation*).
2. **Encodage de la position spatial** dans un vecteur additionné à chacun de ces *tokens*.
3. **Traitement des *tokens* à travers des mécanismes d’attention** pour capturer les relations spatiales/sémantiques entre eux.
4. **Transformation des représentations résultantes** pour extraire les caractéristiques complexes des données.
5. **Classification des données** en fonction de leurs caractéristiques.

Cette architecture n’est pas adaptée pour des tâches de prédictions dites denses telles que la segmentation. Pour répondre à ce problème, des variantes ont été proposées tel que le SwinTransformer [65].

De nombreux travaux ont porté sur l’intégration des transformers dans différentes architectures pour des tâches de segmentation en imagerie médicale [111]. Parmi ces recherches, le transformer a pu être incorporé en tant qu’encodeur dans l’architecture du U-Net [32, 11], que décodeur [60], d’encodeur et décodeur [5], ou entre l’encodeur et le décodeur du U-Net [10].

Architectures adaptées aux vaisseaux sanguins

L'architecture du U-Net peut être adaptée pour prendre en compte les caractéristiques des structures curvilignes comme les vaisseaux sanguins. Des modules d'attention [107] sont ajoutés dans l'espace latent pour favoriser la connectivité [77]. Des architectures multitâches ont également été proposées, ajoutant une ou plusieurs tâches, dites *proxies*, telles que la détection de lignes centrales, afin de mieux prendre en compte la topologie des structures curvilignes [49]. Des architectures en cascade ont également été proposées, comme le travail de Lin *et al.* [63]. Ils ont proposé une succession de deux U-Net, le premier étant utilisé pour extraire les caractéristiques de texture, tandis que le second permet la correction de la topologie par apprentissage contrastif. De manière similaire, Rougé *et al.* [90] ont axé l'apprentissage du deuxième U-Net sur la détection des lignes centrales pour améliorer la topologie de la segmentation vasculaire issue du premier réseau.

De nombreux travaux ont porté sur l'utilisation des transformers pour la segmentation des vaisseaux sanguins en 2D. Par exemple, Li *et al.* et Shen *et al.* [62, 97] proposent d'utiliser un transformer afin d'extraire des informations globales d'une image. Ces informations sont ensuite ajoutées dans l'espace latent d'un U-Net pour détecter les relations longues distances entre les pixels de l'image afin de mieux préserver la connectivité des vaisseaux sanguins. Jiang *et al.* [41] ont introduit un modèle U-Net où chaque niveau de l'encodeur comporte une entrée pré-traitée par un transformer. Cette approche vise à améliorer l'extraction des détails locaux à partir des images.

Plusieurs travaux ont été effectués en 3D pour la segmentation de vaisseaux sanguins. Li *et al.* [61] ont travaillé sur la segmentation des vaisseaux de murins en utilisant un Swin Transformer comme encodeur d'un U-Net sur un jeu de données composé de plus de 250 volumes. Wu *et al.* [110] proposent d'utiliser deux blocs Transformer comme une couche d'un U-Net sur le jeu de données de vaisseaux sanguins hépatiques de l'IRCAD¹. Toutefois, l'intégration des transformers au sein d'une architecture U-Net entraîne une considérable augmentation du nombre de paramètres à optimiser. Cette augmentation accroît la nécessité d'avoir une quantité conséquente de données annotées pour obtenir un modèle performant. Cette exigence est particulièrement complexe à satisfaire dans le cas d'images 3D de vaisseaux sanguins.

1.2.3 Fonctions de coûts

Des fonctions de coûts adaptées à la segmentation des vaisseaux sanguins ont aussi été proposées. Afin de les comprendre, les fonctions de coûts classiques [67] seront tout d'abord présentées, avant de décrire celles dédiées à la segmentation des vaisseaux sanguins.

Fonctions de coût classiques pour la segmentation

Entropie croisée binaire Parmi les approches couramment utilisées, l'entropie croisée binaire évalue la disparité entre la distribution de probabilité résultant de la vérité terrain et celle issue de la prédiction d'un modèle.

1. <https://www.ircad.fr/research/data-sets/liver-segmentation-3d-ircadb-01/>

$$L(y_i, \hat{y}_i) = - (y_i \log(\hat{y}_i) + (1 - y_i) \log(1 - \hat{y}_i)) \quad (1.35)$$

où y_i représente la vérité terrain (0 ou 1 pour une classification binaire) et \hat{y}_i représente la probabilité estimée par le modèle pour la classe positive.

Cette fonction de coût est sensible aux déséquilibres des classes. Son utilisation lors de l'entraînement d'un modèle peut alors conduire à un biais dans la prédiction du modèle en faveur de la classe majoritaire, c'est-à-dire le fond. Néanmoins, des variantes spécifiques ont été développées pour atténuer ce problème et améliorer ses performances telles que la cross-entropie croisée pondérée.

Fonction de coût Dice La fonction de coût Dice [73] quantifie la similarité entre la segmentation issue d'un modèle et les annotations à partir de leur superposition. Cette fonction de coût est souvent privilégiée dans les cas de données avec des classes déséquilibrées.

$$L(y_i, \hat{y}_i) = 1 - \frac{2 \cdot (\sum y_i \cdot \hat{y}_i) + \epsilon}{(\sum y_i) + (\sum \hat{y}_i) + \epsilon} \quad (1.36)$$

y_i représente la vérité terrain (0 ou 1 pour une classification binaire), \hat{y}_i représente la probabilité estimée par le modèle pour la classe positive et ϵ une constante ajoutée pour éviter la division par zéro.

Fonctions de coûts adaptées à la segmentation des vaisseaux sanguins

L'une des difficultés rencontrées lors de la segmentation vasculaire est l'estimation de l'erreur du fait de la parcimonie de la structure dans l'image, provoquant un déséquilibre des classes. Des fonctions de coûts ont été proposées pour mieux définir l'erreur d'un modèle sur la tâche de segmentation lorsque les classes ne sont pas équilibrées comme les vaisseaux sanguins. Elles sont pour la plupart construites sur l'entropie croisée (équation (1.35)) ou la fonction de coût Dice (voir équation (1.36)).

En ce qui concerne l'entropie croisée binaire, il est possible de donner un poids à l'erreur associée à la classe de l'objet à segmenter. Ce poids vise à compenser le déséquilibre des classes présent dans les images [89]. L'utilisation de la fonction de coût focale [64] met l'accent sur l'erreur associée aux exemples difficiles en réduisant la perte attribuée aux exemples bien classés (généralement le fond de l'image). La fonction de coût Dice a aussi des variantes [38, 93], qui permettent de moduler la balance entre les faux positifs et les faux négatifs. Une limite de la fonction de coût Dice est l'estimation de l'erreur des *patches* où la structure vasculaire est peu ou pas détectée. Ce genre de cas peut apparaître lorsque les images d'entrées ne contiennent pas de structures vasculaires ou au début de l'entraînement alors que le modèle n'a pas encore appris à détecter efficacement ces structures. La fonction de coût Dice peut alors être combinée avec la cross-entropie croisée [39, 40, 104] pour résoudre ce problème.

Toutes ces fonctions de coût contribuent à une meilleure évaluation des erreurs présentes dans les structures vasculaires au niveau du pixel, mais n'évaluent pas la segmentation dans son ensemble, et en particulier sa géométrie et sa topologie. Comme nous l'avons vu, la préservation de la structure du réseau vasculaire est essentielle lors de sa segmentation pour obtenir des informations cliniquement pertinentes.

Ainsi, d'autres fonctions de coût basées sur les contours sont également explorées, notamment en utilisant des mesures de distance telles que la distance de Hausdorff [45]. Cette mesure évalue la plus grande distance possible entre un point de la segmentation prédite et le point le plus proche de la vérité terrain.

Une manière d'analyser topologiquement un objet est de calculer ses nombres de Betti. Ces derniers permettent d'évaluer le nombre de composantes connexe β_0 , le nombre de tunnels β_1 et le nombre de trous β_2 d'une structure. Ces derniers ont ainsi été utilisés pour évaluer des discordances topologiques entre une vérité terrain vasculaire et la segmentation prédite. En 2D, Hakim *et al.* [30] ont défini une fonction de coût basée sur la caractéristique d'Euler (un invariant topologique défini comme une combinaison linéaire des nombres de Betti) pour réduire le nombre d'objets isolés. De manière similaire, Hu *et al.* [37] ont proposé une fonction de coût basée sur le premier nombre de Betti correspondant au nombre de composants connexes. Clough *et al.* [13] ont étendu cette approche aux images en 3D et à tous les nombres de Betti. Une autre étude sur les images en 3D [29] a proposé de prédire l'homologie persistante ainsi que la segmentation pour estimer l'erreur topologique et ainsi améliorer le modèle.

D'autre part, des fonctions de coût basées sur des lignes centrales des structures curvilignes, telles que le CIDice [98], ont été proposées pour favoriser la connectivité. S'intéresser à l'erreur faite sur la ligne centrale permet de traiter chaque vaisseau de manière équitable, indépendamment de son épaisseur. Cependant, il a été montré que l'utilisation du CIDice en 3D donne des résultats sous optimaux à cause d'une mauvaise extraction des lignes centrales en 3D [70, 90]. Pour résoudre ce problème, un nouvel algorithme d'extraction de lignes centrales a été développé, améliorant la topologie des lignes centrales [70]. En parallèle, Rougé *et al.* [90] ont proposé un U-Net en cascade pour apprendre l'opération de squelettisation en plus de la segmentation et ainsi pouvoir utiliser le CIDice basé sur ces lignes centrales.

1.3 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons exposé les méthodes de segmentation des vaisseaux sanguins, qui reposent soit sur l'approche variationnelle, soit sur l'apprentissage profond. Chacune de ces approches présente ses propres avantages et inconvénients.

L'approche variationnelle est facilement généralisable : elle n'est pas dépendante d'un jeu de données annotées et le type d'application peut être facilement changé. Elle offre une plus grande interprétabilité que l'apprentissage profond, ce qui la rend attrayante dans de nombreux domaines, comme celui de l'imagerie médicale. Cependant, elle peut être difficile à définir et à paramétrer du fait de sa modélisation explicite.

D'autre part, les méthodes basées sur l'apprentissage profond supervisé offre de meilleures performances que l'approche variationnelle en capturant des caractéristiques complexes des structures vasculaires. En contrepartie, ces méthodes sont dépendantes d'un ensemble de données annotées, qui n'est pas toujours disponible.

En raison de leur complémentarité, des méthodes fusionnant les deux approches ont été proposées permettant de tirer parti des avantages respectifs de chacune, en raison de leur complémentarité. Ces méthodes hybrides seront examinées dans le Chapitre 4.

Dans le cadre de la thèse, nous avons développé des méthodes basées sur l'appren-

tissage profond supervisé, visant à préserver la topologie des réseaux vasculaires lors de leurs segmentations. Ces méthodes ont l'avantage d'être généralisables à la modalité d'imagerie. Pour ce faire, nous avons utilisé différents jeux de données annotées, soit pour entraîner les modèles, soit pour évaluer les méthodes.

Nous présenterons les jeux de données à disposition ainsi que les métriques permettant d'évaluer les segmentations des structures vasculaires dans le prochain chapitre.

2 | Jeux de données et métriques

2.1	Jeux de données	28
2.1.1	Jeux de données réelles	29
2.1.2	Données synthétiques	32
2.1.3	Résumé des datasets	33
2.2	Métriques	34
2.2.1	Matrice de confusion et ses métriques	34
2.2.2	Métriques géométriques	36
2.2.3	Métriques topologiques	38
2.3	Conclusion	38

Lors de nos travaux, nous avons développé un modèle dit reconnecteur et proposé plusieurs approches pour améliorer la segmentation vasculaire. Afin d’entraîner ce modèle et d’évaluer les différentes approches proposées, nous nous sommes appuyés sur plusieurs jeux de données publiques contenant des images angiographiques et leurs annotations, ainsi que des données synthétiques d’arbres vasculaires. De plus, différentes métriques ont été utilisées pour évaluer les segmentations résultantes d’un point de vue global, géométrique et topologique.

Ainsi, au sein de ce chapitre, nous présenterons les jeux de données et métriques que nous avons utilisés dans le cadre de nos expériences.

2.1 Jeux de données

Les images médicales peuvent être acquises grâce à différentes modalités basées sur plusieurs technologies :

- **L’imagerie par rayonnement de photons** : elle repose sur l’analyse des interactions des photons avec le corps telles que la radiologie et la tomодensitométrie (TDM).
- **L’imagerie par résonance magnétique (IRM)** : elle est fondée sur la réponse d’atomes du corps, notamment ceux d’hydrogènes, à des champs magnétiques.
- **L’imagerie par ondes** : elle est basée sur l’analyse de la propagation d’une onde soit ultra-sonore, comme dans le cas de l’échographie, ou d’une onde lumineuse, comme dans le cas de la tomographie en cohérence optique (OCT).

Plusieurs modalités sont spécialisées dans la visualisation des vaisseaux sanguins, produisant des images angiographiques. Parmi ces modalités, nous pouvons trouver la rétinophotographie et l’angiographie par OCT qui permettent la visualisation du réseau vasculaire oculaire. L’angiographie par Résonance Magnétique (ARM) et par TDM sont quant à elles utilisées pour explorer les vaisseaux sanguins dans d’autres parties du corps, telles que le cerveau, le foie ou encore les reins. Comme nous l’avons vu, chacune de ces méthodes génère des images présentant des caractéristiques distinctes en termes d’intensité, de contraste et de résolution (voir Figure 2).

Dans le cadre de la thèse, nous souhaitons développer des méthodes pouvant généraliser facilement à différentes modalités. Pour ce faire, nous avons évalué nos méthodes sur plusieurs jeux de données obtenus à partir de diverses méthodes d’angiographie :

- La rétinophotographie (2D).
- La TOF ARM (3D).
- L’angiographie par tomодensitométrie (3D).

En plus de ces jeux de données, de nombreux travaux ont porté sur la génération d’arbres vasculaires synthétiques pour répondre à l’absence de larges jeux de données. Nous débuterons par l’introduction des ensembles de données provenant d’images médicales, suivis des ensembles de données synthétiques utilisés dans cette thèse.

2.1.1 Jeux de données réelles

Rétinophotographies

La rétinophotographie est une modalité non invasive, qui consiste en une photographie du fond de l'œil pour observer la rétine et son réseau vasculaire. Plusieurs jeux de données sont disponibles publiquement dont les bases de données DRIVE [99] et STARE [35].

DRIVE est constitué de 40 rétinophotographies, chacune accompagnée d'annotations indiquant la position des vaisseaux sanguins. Le masque du champ de vision (*i.e* *Field Of View* (FOV)) est spécifié dans ce jeu de données pour permettre l'évaluation de métriques exclusivement à l'intérieur de cette zone.

STARE comprend 20 rétinophotographies, chacune accompagnée d'annotations indiquant la position des vaisseaux sanguins. Cependant, contrairement au jeu de données DRIVE, les masques du champ de vision ne sont pas fournis.

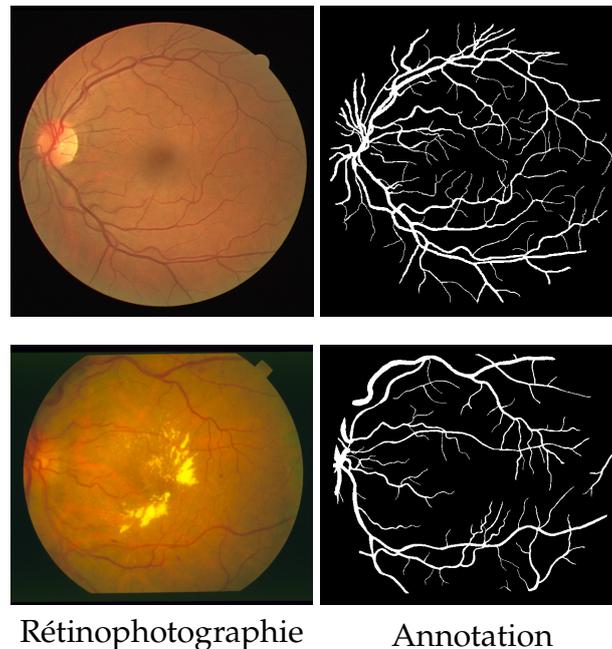


FIGURE 2.1 – Exemples d'images issues des différents jeux de données. La première ligne correspond à une rétinophotographie issue de DRIVE ainsi que son annotation manuelle fournie. La deuxième ligne correspond à une image et son annotation provenant de STARE.

L'ensemble de données DRIVE comprend 7 images présentant des anomalies résultant de pathologies oculaires, tandis que l'ensemble STARE en compte 10. La présence de ces pathologies peut avoir une incidence dans la détection de la structure vasculaire du fait des changements que cela implique soit sur le réseau en lui-même, soit sur les variations d'intensités dans l'image.

Angiographie par Résonance Magnétique du cerveau

L'imagerie par résonance magnétique repose sur la mesure du retour à l'équilibre des atomes d'hydrogène perturbés par un champ magnétique. Dans un premier temps, un champ magnétique initial est appliqué pour aligner les atomes d'hydrogène dans leurs axes longitudinaux. Ensuite, une perturbation du système est induite par l'application d'un deuxième champ magnétique orthogonal. Ce champ est ensuite arrêté, permettant l'observation du retour des atomes d'hydrogène à leur état d'équilibre initial. La mesure du temps de relaxation de ces atomes est effectuée, ce qui permettra par la suite la reconstruction de l'image. Plusieurs séquences d'IRM, appelées ARM (Angiographie par Résonance Magnétique) permettent de faire de l'imagerie angiographique, dont l'ARM *Time of Flight* (ARM-TOF). Elle repose sur la suppression du signal des tissus stationnaires au sein d'une coupe en appliquant successivement des champs magnétiques. Les protons de ces tissus sont empêchés de retrouver leur état d'équilibre : ils sont saturés. En revanche, les protons présents dans les flux sanguins n'ont pas été soumis aux mêmes impulsions magnétiques que les tissus environnants du fait de leurs mouvements. Le flux sanguin est alors mis en évidence par la différence d'états des protons.

Au cours de nos expériences, nous nous sommes intéressés à deux jeux de données d'ARM-TOF du cerveau disponibles publiquement.

IXI¹ est composée de 22 volumes dont l'annotation des artères cérébrales nous a été fournie par des collaborateurs [106]. Le jeu de données IXI regroupe des volumes ayant une résolution de $[0.26, 0.47]^2 \times 0.80 \text{ mm}^3$. Un exemple de données est illustré dans la Figure 2.2.

La deuxième base de données Bullitt [4] est composée de 34 volumes annotés de résolution $0.513^2 \times 0.800 \text{ mm}^3$. Les annotations fournies sont composées des lignes centrales du réseau artériel du cerveau avec leurs rayons associées. Les annotations vasculaires volumiques sont ainsi reconstruites à partir de ces informations, mais ont tendance à sous-estimer les vaisseaux. Une illustration de ces images est présentée dans la Figure 2.2.

Les annotations fournies pour les deux bases de données contiennent seulement le réseau cérébral artériel. Cependant, les méthodes basées sur les approches non supervisées vont détecter le réseau cérébral veineux situé à la surface du cerveau. De ce fait, nous avons utilisé le jeu de données pré-traitées utilisé dans le cadre du travail de Lamy *et al.* [52] pour le jeu de données de Bullitt². Dans ce jeu de données, les volumes sont fournis avec un masque du champ de vision du cerveau permettant d'omettre le réseau veineux. Les volumes ont été ré-échantillonnés pour être isotropes avec une résolution 0.513^3 mm^3 avec les annotations associées. Ainsi, nous effectuerons l'évaluation des différentes méthodes sur le jeu de données Bullitt prétraité.

Ce type de masques n'existant pas pour le jeu de données IXI, les volumes seront rééchantillonnés pour avoir la même résolution spatiale que Bullitt et seront utilisés lors de l'entraînement d'apprentissage supervisé.

1. <https://brain-development.org/ixi-dataset/>

2. <http://dionysos.univ-lyon2.fr/R-vessel-X/>

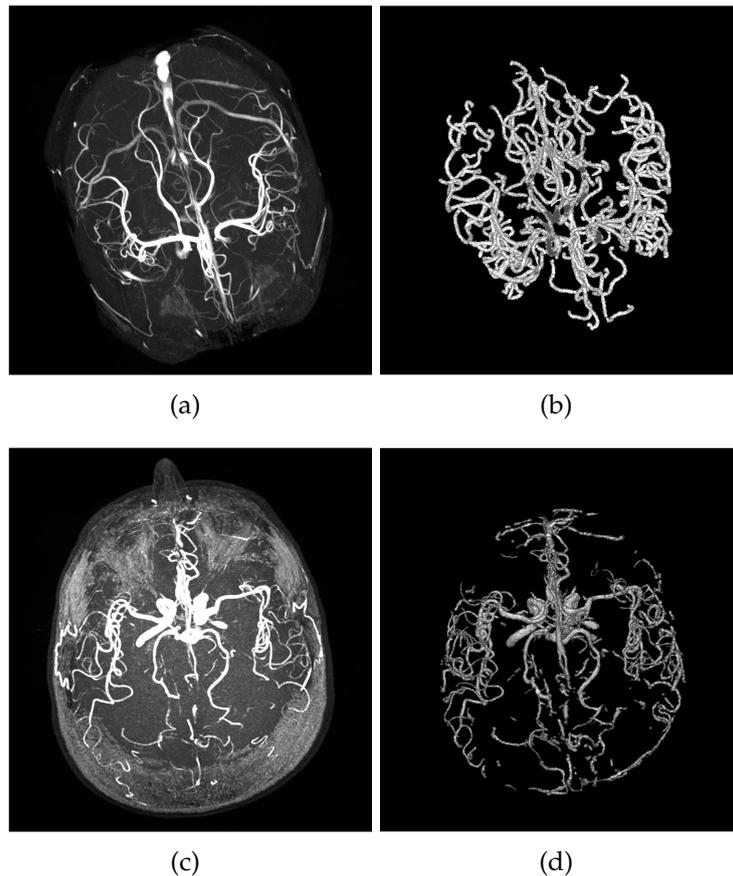


FIGURE 2.2 – Exemple d’un volume issu du jeu de données Bullitt (première ligne) et de IXI (deuxième ligne). Les visualisation de la projection de l’intensité maximale (MIP) (a) et (c) ainsi que leurs annotations manuelles (b) et (d).

Tomodensitométrie du foie

La tomodensitométrie est basée sur l’utilisation de rayons X émis en direction du corps à analyser. Ces rayons sont plus ou moins absorbés selon le tissu traversé. La mesure des rayons X traversant est mesurée par des détecteurs ce qui permet ainsi d’obtenir des informations sur le corps traversé, puis la reconstruction de l’image en coupe transversale du corps. Dans le cas d’une image angiographique, un produit de contraste est injecté au patient pour mettre en évidence les vaisseaux sanguins.

L’Institut de Recherche contre le cancer de l’appareil digestif de Strasbourg (IRCAD) a construit un jeu de données composé de 20 images de tomodensitométrie de l’abdomen : 3D-IRCADb-01 ¹. Chaque volume est fourni avec une segmentation manuelle des vaisseaux sanguins ainsi que le masque de plusieurs organes d’intérêt dont le foie.

La résolution des images de cette base de données peuvent aller de $0.57^2 \times 1 \text{ mm}^3$ à $0.87^2 \times 4 \text{ mm}^3$. Lamy *et al.* ² [52] a proposé un prétraitement permettant d’harmoniser les résolutions et de rendre les images isotropes.

1. <https://www.ircad.fr/research/3d-ircadb-01/>

2. <http://dionysos.univ-lyon2.fr/R-vessel-X/>

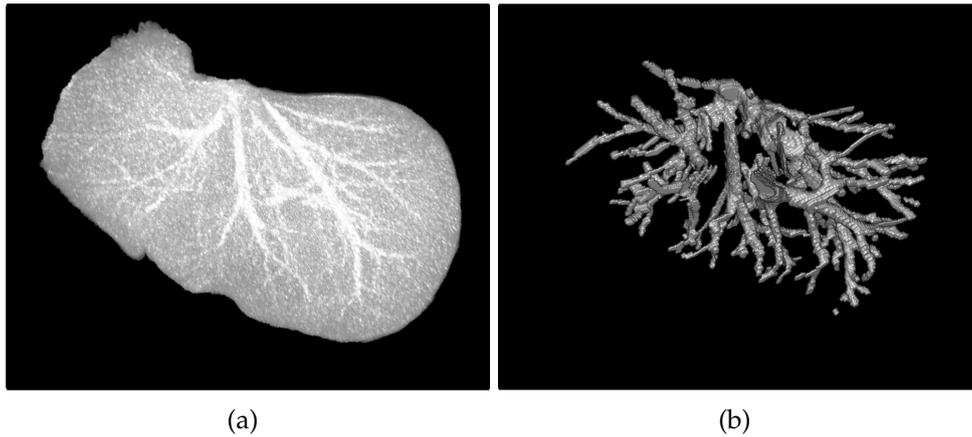


FIGURE 2.3 – Exemple d’un volume de l’IIRCAD avec visualisation de la projection de l’intensité maximale (a) ainsi que son annotation manuelle (b).

2.1.2 Données synthétiques

Divers algorithmes ont été suggérés pour créer des structures similaires aux vaisseaux sanguins. Une famille d’algorithmes se base sur l’optimisation de contraintes constructives [31] [47], tandis qu’une autre s’appuie sur la combinaison des contraintes constructives et destructives [95]. Enfin, une alternative consiste à explorer l’utilisation d’un algorithme de colonisation spatiale [92]. Dans le cadre de cette thèse, nous nous sommes intéressés aux algorithmes de contraintes constructives disponibles en open-source. L’algorithme repose sur la construction progressive d’un réseau vasculaire en établissant, à chaque itération, une liaison avec une nouvelle branche. Des contraintes physiologiques ont été ajoutées au modèle afin de mimer le plus fidèlement possible l’angiogénèse (la formation de nouveaux vaisseaux sanguins). Ces contraintes incluent le point de départ de l’arbre vasculaire ainsi que sa pression, la viscosité du liquide circulant à travers le réseau, le niveau d’oxygénation de l’environnement et le nombre de branches à développer.

En 2D, nous avons utilisé OpenCCO [47] pour générer 80 images contenant des arbres vasculaires à l’intérieur d’un disque. Comme le réseau vasculaire occupe tout le disque, nous avons supprimé certains vaisseaux manuellement pour varier la forme globale des réseaux vasculaires générés. Un exemple de ces données est fourni dans la Figure 2.4.

En 3D, nous avons généré 315 volumes contenant des arbres vasculaires binaires à l’aide du logiciel Vascusynth ¹ [31]. Un exemple d’arbre vasculaire créé à l’aide de Vascusynth est présenté dans la Figure 2.5.

Comme nous pouvons le constater, les branches tant en 2D qu’en 3D sont rectilignes. Cette caractéristique semble plus présente en 3D qu’en 2D. Cependant, même si certains réseaux vasculaires peuvent présenter des courbures et des tortuosités, nous pouvons retrouver des structures vasculaires assez rectilignes comme dans le foie (voir Figure 2.3).

1. <https://vascusynth.cs.sfu.ca/Welcome.html>

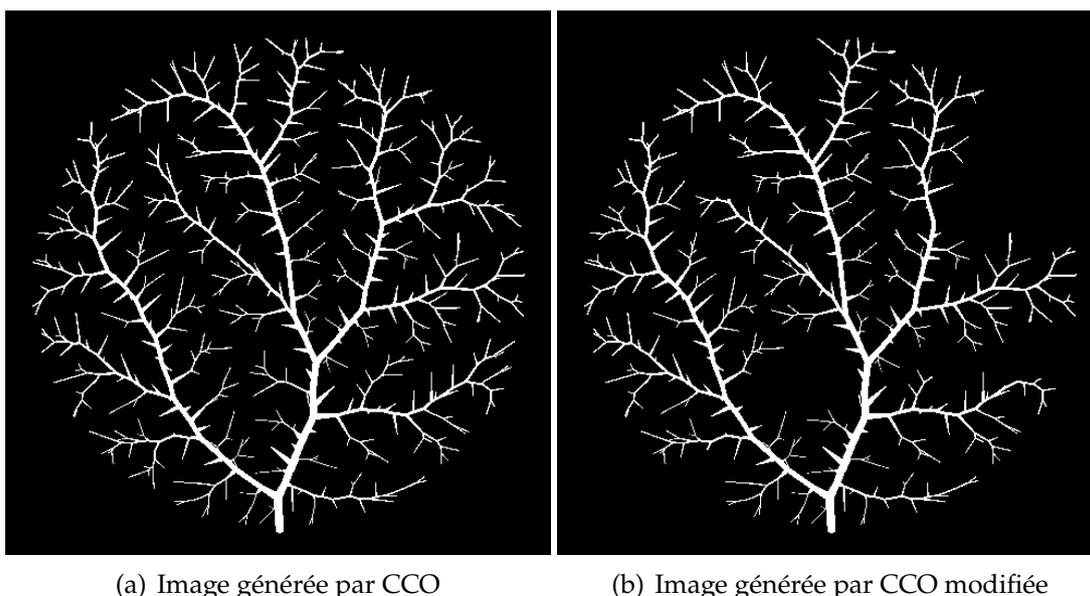


FIGURE 2.4 – Exemple d’un arbre vasculaire généré (a) par OpenCCO [47] et modifié manuellement (b).



FIGURE 2.5 – Exemple d’un arbre vasculaire 3D généré à l’aide de Vascusynth.

2.1.3 Résumé des datasets

En résumé, nous avons à disposition cinq jeux de données réels annotés. En 2D, nous avons utilisé deux bases composées de rétino-graphies. En 3D, nous avons utilisé trois jeux de données distincts, comprenant deux jeux d’angiographies acquises par résonance magnétique (ARM) du cerveau, un ensemble d’images de tomodensitométrie (TDM) du foie. En plus de ces cinq jeux de données, nous exploitons deux jeux de données comportant des arbres vasculaires synthétiques en 2D et en 3D.

Les jeux de données 2D réels utilisés au cours de nos travaux sont très semblables comme ils sont basés sur la même modalité et le même organe. Par conséquent, les réseaux vasculaires présentent des caractéristiques identiques, visualisées dans des

images aux variations d'intensité semblables. En 3D, nous avons travaillé sur deux organes différents, le cerveau et le foie, visualisés avec deux modalités différentes, rendant les intensités et leurs variations entre les deux types de jeu de données non comparables. Le réseau vasculaire cérébral se distingue également du réseau vasculaire hépatique en terme de diamètre des vaisseaux, ainsi qu'au niveau de leur structure physique. En effet, les vaisseaux cérébraux sont caractérisés par leur finesse et leurs courbes, tandis que le réseau hépatique présente une disposition rectiligne et dense. Les arbres vasculaires synthétiques en 2D et en 3D diffèrent des réseaux vasculaires analysés du fait de la complexité à simuler une structure vasculaire. Cependant, elles reflètent les propriétés des structures vasculaires qui peuvent nous intéresser.

L'utilisation de ces différents jeux de données qui sont très hétérogènes permet d'analyser la généralisabilité de nos approches tout en mettant en évidence les limites de nos travaux.

Après avoir présenté les jeux de données que nous avons utilisés dans nos recherches, nous aborderons à présent les métriques permettant d'évaluer la détection des structures vasculaires.

2.2 Métriques

Afin de pouvoir évaluer nos méthodes de segmentations des vaisseaux sanguins, nous avons systématiquement utilisé des jeux de données comprenant une vérité terrain. Elle correspond à la segmentation manuelle des vaisseaux sanguins réalisée ou validée par un-e spécialiste et contient P_{GT} pixels appartenant à la classe des vaisseaux sanguins, dits positifs, et N_{GT} pixels appartenant au fond de l'image, dits négatifs. Ces annotations sont généralement utilisées lors de l'évaluation quantitative à l'aide de métriques. Dans le cadre de l'évaluation de la segmentation, de nombreuses métriques existent. Une analyse détaillée de leur utilisation est proposée dans [68]. Dans cette thèse, nous avons sélectionné plusieurs métriques classées en trois groupes : des métriques basées sur la matrice de confusion, des métriques dites géométriques et des métriques dites topologiques. Par la suite, nous présenterons de manière détaillée les métriques utilisées.

2.2.1 Matrice de confusion et ses métriques

La matrice de confusion permet d'évaluer un problème de classification en comparant une prédiction avec la véritable étiquette d'une donnée. Dans le cadre d'une tâche de segmentation, chaque pixel / voxel sera classé soit en tant que vrai positif (VP), vrai négatif (VN), faux positif (FP) ou faux négatif (FN) (voir Figure 2.6).

Des métriques dérivées de la matrice de confusion sont définies pour évaluer une segmentation. Ces métriques, à savoir l'accuracy (ACC), la sensibilité (TPR), la précision (PPV), le coefficient de Dice et le coefficient de corrélation de Matthews (MCC) sont présentées dans l'équation (2.1).

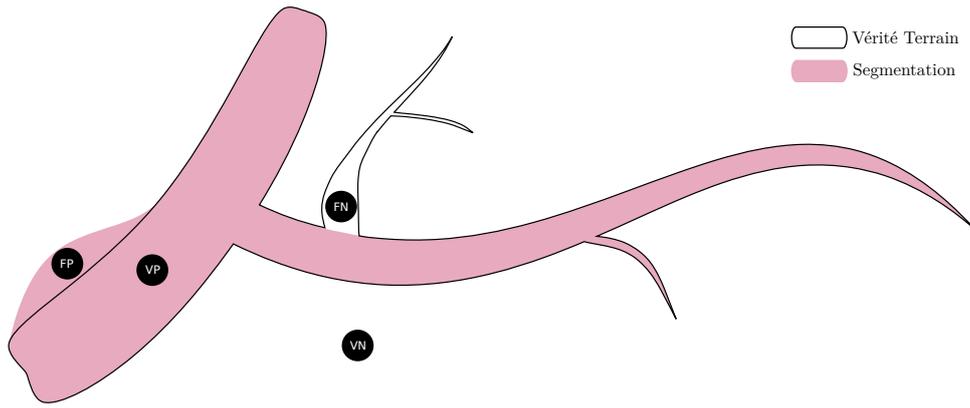


FIGURE 2.6 – Représentation des éléments présents dans la matrice confusion sur un exemple de segmentation vasculaire

$$\begin{aligned}
 \text{ACC} &= \frac{VP + VN}{VP + VN + FP + FN} \\
 \text{MCC} &= \frac{VP \times VN - FP \times FN}{\sqrt{(VP + FP)(VP + FN)(VN + FP)(VN + FN)}} \\
 \text{TPR} &= \frac{VP}{VP + FN} \\
 \text{PPV} &= \frac{VP}{VP + FP} \\
 \text{Dice} &= \frac{2VP}{2VP + FP + FN}
 \end{aligned} \tag{2.1}$$

Toutes les métriques présentées dans cette partie présentent des valeurs qui sont comprises entre 0 et 1. Plus la valeur se rapproche de 1, meilleur est le résultat.

L'accuracy est souvent utilisée et permet d'évaluer tant la prédiction de la classe positive que de la classe négative avec le même poids pour chaque pixel. Or, la segmentation de vaisseaux sanguins est un problème intrinsèquement déséquilibré du fait de la parcimonie et de la finesse des vaisseaux sanguins dans les images. Ainsi, $P_{GT} \gg N_{GT}$, ce qui rend l'évaluation d'une segmentation par l'accuracy biaisée en faveur de la classe négative et donc peu représentative de la performance réelle du modèle de segmentation. Pour répondre à ce problème, le MCC a été proposé afin d'évaluer les segmentations avec des classes déséquilibrées.

En complément, des métriques ont été proposées afin de permettre une analyse plus spécifique de certaines parties de la matrice de confusion. La TPR permet d'évaluer la capacité d'une méthode à prédire la classe d'intérêt par rapport à la totalité de cette classe. Parallèlement, le PPV mesure le pourcentage de structures vasculaires prédites correctement. Ces deux métriques sont pertinentes dans le cadre d'un problème déséquilibré comme la segmentation vasculaire, car les VN sont écartés de l'évaluation. Le coefficient de Dice permet de mesurer la similarité entre la vérité terrain et la segmentation en évaluant la superposition des deux structures.

Au cours des différentes expériences, nous nous intéresserons donc généralement au TPR, PPV, MCC et au Dice. Ces métriques nous permettent d'évaluer le volume de la structure vasculaire détectée. Les vaisseaux sanguins les plus fins ont alors moins

d'importance dans cette évaluation. Or, ces structures sont souvent plus difficiles à segmenter. Il est donc nécessaire d'avoir des métriques s'affranchissant du biais volumique pour pouvoir les évaluer. Pour cela, nous nous sommes intéressés à l'évaluation de la géométrie des réseaux vasculaires.

2.2.2 Métriques géométriques

Les métriques géométriques sont soit basées sur la comparaison des lignes centrales, soit basées sur l'évaluation de la distance entre la segmentation et son annotation.

Évaluation basée sur les lignes centrales

L'overlap [94] et le CIDice [98] ont été proposés pour s'affranchir du biais volumique du Dice en évaluant les lignes centrales des vaisseaux sanguins. Bien que partageant la même équation (voir l'équation 2.2), ces deux méthodes présentent des définitions distinctes des VP , FP , TP et TN . Concernant l'overlap, un pixel de la ligne centrale de la segmentation est considéré comme un VP s'il est inclus dans la vérité terrain, sinon il est considéré comme un FN . Pour évaluer la ligne centrale de l'annotation, un pixel est considéré comme un VP si au moins un élément du squelette de la segmentation se trouve dans le rayon du vaisseau, sinon il est considéré comme un FP . Le CIDice, lui va évaluer la bonne classification d'un pixel de ligne centrale de la segmentation (respectivement de la vérité terrain) s'il est inclus dans la vérité terrain (respectivement de la segmentation). L'illustration de la différence entre la définition d'un VP , d'un FP et d'un FN des deux métriques sont représentées dans la Figure 2.7.

$$\text{CIDice} / \text{Overlap} = \frac{VP}{VP + FP + FN} \quad (2.2)$$

Le calcul d'un squelette à partir d'une segmentation est sensible aux petites variations présentes dans cette segmentation. Ainsi, la prise en compte de la segmentation est essentielle pour l'estimation des VP , FP , TP et TN . Il est important de noter que ces métriques sont cependant biaisées lorsque la segmentation prédite est bruitée pouvant créer des VP superflu sur la ligne centrale de la segmentation. Le CIDice étant plus utilisé dans la littérature, nous utiliserons cette métrique pour évaluer les lignes centrales de nos segmentations.

Évaluation basée sur la distance

Calculer la distance entre deux volumes permet d'évaluer leurs variations géométriques. Une des métriques proposée pour fournir cette caractéristique est la distance de Hausdorff (HD). Cette dernière vise à estimer la distance maximale parmi les chemins les plus courts entre la segmentation et sa vérité terrain (voir Figure 2.8). Cette métrique est extrêmement sensible aux valeurs aberrantes dans la segmentation, c'est pour cela qu'on utilise en général le 95HD au lieu de HD, c'est-à-dire le 95^{me} percentile des distances de Hausdorff maximales. Ces deux métriques permettent d'évaluer l'erreur maximale de segmentation, mais ne donnent pas de mesure de l'erreur moyenne des distances entre la segmentation et sa vérité terrain. Pour cela, la Moyenne des Distances de Surface Symétriques (ASSD) a été proposée. Cette métrique évalue les

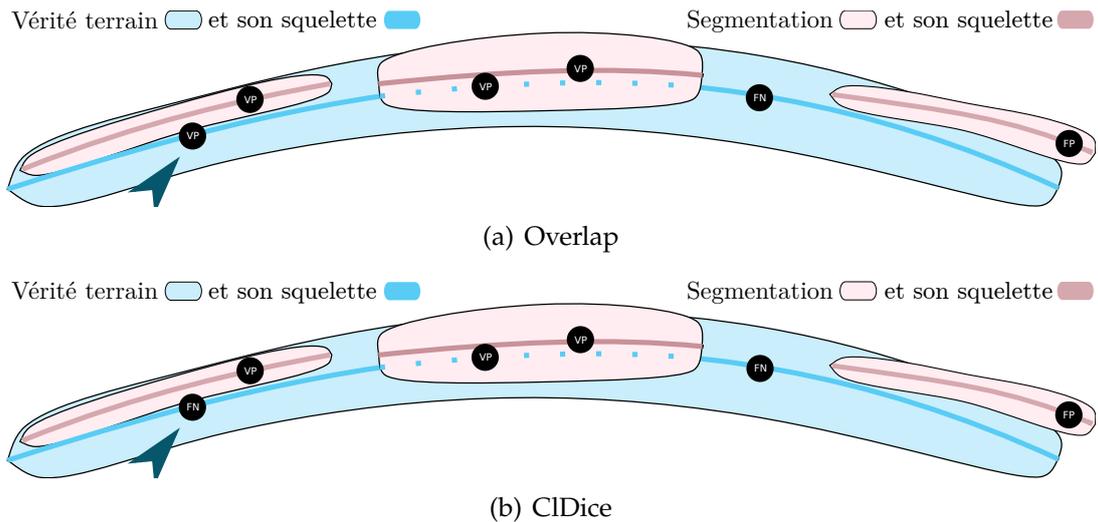


FIGURE 2.7 – Différence entre CIDice et Overlap. Chaque élément de la matrice de confusion redéfinie pour chacune des méthodes est précisé pour un pixel donné. La flèche bleu foncé indique la différence cette redéfinition.

distances entre chaque élément du contour d'une segmentation et son contour correspondant dans l'annotation, ainsi que les distances entre chaque élément du contour de l'annotation et son contour correspondant dans la segmentation. La moyenne de ces distances est calculée pour évaluer la qualité de la segmentation.

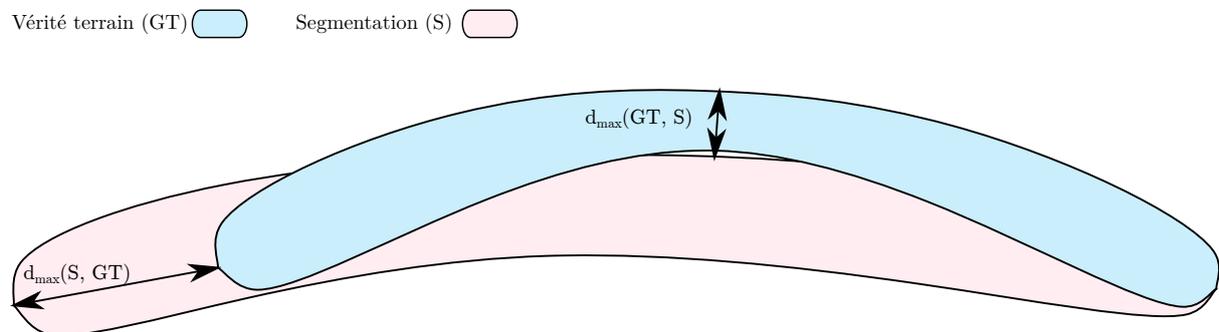


FIGURE 2.8 – Représentation de la distance de Hausdorff. La distance de Hausdorff est la distance maximale entre $d_{\max}(S, GT)$ et $d_{\max}(GT, S)$.

Les métriques axées sur la géométrie et celles fondées sur la matrice de confusion ne permettent pas d'évaluer la topologie des réseaux vasculaires. Par exemple, un résultat de segmentation présentant des déconnexions de quelques pixels/voxels de large aura des valeurs de ces métriques très proches d'un résultat entièrement connecté. Or, ces déconnexions réduisent considérablement la pertinence des résultats pour certaines tâches ultérieures, comme la simulation de flux. Ainsi, d'autres métriques pénalisant fortement les erreurs topologiques sont nécessaires.

2.2.3 Métriques topologiques

Les nombres de Betti sont des métriques classiques permettant d'analyser la topologie d'un objet. Ils sont utilisés pour décrire les propriétés topologiques des ensembles de pixels ou de voxels dans une image. Ils permettent de quantifier des caractéristiques telles que :

- Le nombre de composantes connexes β_0 : plus ce nombre est faible, moins le réseau est composé de fragments vasculaires, reflétant ainsi une plus grande connectivité de la structure vasculaire.
- Le nombre de tunnels β_1 : ce nombre représente le nombre de boucles formées par les structures vasculaires. Ce phénomène est plus observé dans le cas de la 2D (voir Figure 2.1).
- Le nombre de cavités β_2 : ce nombre représente les "trous" présents à l'intérieur d'une segmentation en 3D. Ce genre de phénomène est peu observé lors de la segmentation de structures vasculaires.

La caractéristique d'Euler, χ , permet d'avoir une vue d'ensemble des propriétés topologiques d'un objet. Elle est définie comme une combinaison linéaire des nombres de Betti :

$$\chi = \beta_0 - \beta_1 + \beta_2. \quad (2.3)$$

Les nombres de Betti sont calculés sur une image donnée et non par comparaison d'une segmentation et d'une vérité terrain, contrairement aux métriques présentées précédemment. Afin d'observer la variation des métriques topologiques par rapport aux images annotées, nous proposons de calculer le ratio d'erreur pour chacune d'entre elles :

$$\epsilon_M = \left| \frac{M - M_{gt}}{M_{gt}} \right|, \quad (2.4)$$

avec M une métrique topologique (β_0 , β_1 , β_2 ou χ) calculée sur une segmentation et M_{gt} la même métrique calculée sur son annotation associée.

2.3 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons examiné en détail les jeux de données synthétiques et réels utilisés dans le cadre de cette thèse. Nous avons également présenté les métriques permettant l'évaluation de la segmentation de réseaux vasculaires. Nous nous sommes intéressés notamment aux métriques associées à la matrice de confusion, aux métriques géométriques et aux métriques topologiques.

Les métriques topologiques ne sont pas définies en prenant en compte la superposition de la prédiction avec celle de la vérité-terrain. En effet, une segmentation peut contenir le même nombre de composantes connexes que la vérité terrain sans pour autant avoir de VP . Pour une analyse pertinente d'une segmentation, il est alors nécessaire d'accompagner les métriques topologiques de métriques basées sur la matrice de confusions et / ou sur la géométrie. Ainsi, au cours des différentes expériences, nous

avons évalué les structures *via* les métriques issues des trois catégories en calculant le TPR, le PPV, le MCC, le Dice, le CIDice, 95HD, l'ASSD, ϵ_{β_0} , ϵ_{β_1} et ϵ_{χ} .

Dans le prochain chapitre, nous présenterons notre première contribution, c'est-à-dire l'apprentissage d'un modèle permettant l'amélioration de la connectivité d'une structure vasculaire.

3 | Apprentissage d'un modèle reconnectant les segmentations vasculaires

3.1	Motivations	42
3.2	Méthode	43
3.2.1	Création du jeu de données	44
3.2.2	Apprentissage du modèle reconnecteur	48
3.2.3	Applications successives	49
3.3	Expériences	49
3.3.1	Jeux de données utilisés	50
3.3.2	Étude ablativ	50
3.3.3	Applications	58
3.4	Conclusion	63

L'apprentissage profond supervisé est un outil puissant pour résoudre des tâches de traitement d'image, comme la segmentation, lorsqu'un jeu de données annoté pour la tâche souhaitée est disponible (voir Chapitre 1). Cependant, en imagerie médicale, et spécifiquement pour la segmentation de réseaux vasculaires, l'annotation est une tâche laborieuse qui nécessite un médecin. De ce fait, peu de jeux de données annotés sont disponibles, ne permettant pas de résoudre le problème de segmentation vasculaire par ce type d'approche. Face à cette contrainte, les approches non supervisées sont souvent adoptées, bien que leurs segmentations demeurent incomplètes et généralement déconnectées.

Pour répondre à ce problème, nous proposons d'apprendre, avec ou sans jeu de données annotées, un modèle permettant reconnecter des fragments de structures vasculaires binaires. Il pourra être utilisé comme un post-traitement à appliquer sur les segmentations contenant des déconnexions.

3.1 Motivations

Les vaisseaux sanguins sont des structures fines organisées en réseau. Lors de leurs visualisations, les ramifications les plus fines sont généralement plus faiblement contrastées par rapport au fond les rendant plus sensibles aux artefacts induits par la méthode d'acquisition. L'application de méthodes de segmentations a alors tendance à altérer la représentation du réseau vasculaire, en entraînant une détection fragmentée des structures les plus fines comme observé dans la Figure 3.1.



FIGURE 3.1 – Exemples de déconnexions dans les réseaux vasculaires segmentés : les deux premiers provenant du jeu de données DRIVE, les deux suivants de Bullit, et le dernier de l'IRCAD.

Pour répondre à ce problème, des méthodes de post-traitement ont été proposées afin de reconnecter les structures vasculaires segmentées. Ces méthodes reposent soit sur les lignes centrales [23], soit sur des graphes [76, 43], soit sur les processus de complétion de contour [114]. Certains de ces travaux [23, 76] se sont concentrés spécifiquement sur le post-traitement des sorties de réseaux neurones entraînés sur des jeux de données annotés. Ces méthodes exploitent la carte de probabilité prédite par le réseau de neurones pour améliorer la précision de la reconnexion. Ces méthodes de post-traitement sont complexes et, dans certains cas, dépendantes de la prédiction réalisée par des modèles d'apprentissage profond. De plus, ces approches sont souvent limitées à la reconnexion des structures vasculaires 2D.

Pour résoudre ces problèmes, nous proposons un *framework* permettant l'apprentissage de modèles capables de reconnecter des structures vasculaires binaires fragmen-

tées 2D et 3D. À notre connaissance, aucun modèle n’a été proposé pour apprendre à reconnecter des structures vasculaires binaires.

3.2 Méthode

Apprendre un réseau de neurones reconnecteur nécessite un jeu de données annoté réaliste lui permettant d’apprendre la notion de reconnexion. Ce jeu de données doit donc contenir des paires d’images d’arbres vasculaires binaires contenant des déconnexions (entrée du réseau) et leur version connectée (l’annotation). À notre connaissance, aucun jeu de données ne propose ce type spécifique de paires d’images. Nous avons donc créé cette base de données à partir d’arbres vasculaires binaires existants, tels que des annotations manuelles ou des structures vasculaires synthétiques.

Notre première contribution est donc de proposer un algorithme capable de générer des versions déconnectées de ces arbres vasculaires en leur appliquant des dégradations artificielles.

Les images générées sont ensuite utilisées pour entraîner un modèle dit reconnecteur de manière non supervisée. En effet, nous pouvons entraîner notre terme reconnecteur sur un jeu d’entraînement différent du jeu de test sur lequel nous voulons l’appliquer par la suite. Une fois appris, il est possible d’appliquer le modèle sur les segmentations de structures vasculaires que nous souhaitons améliorer.

Ce *framework* est représenté dans la Figure 3.2.

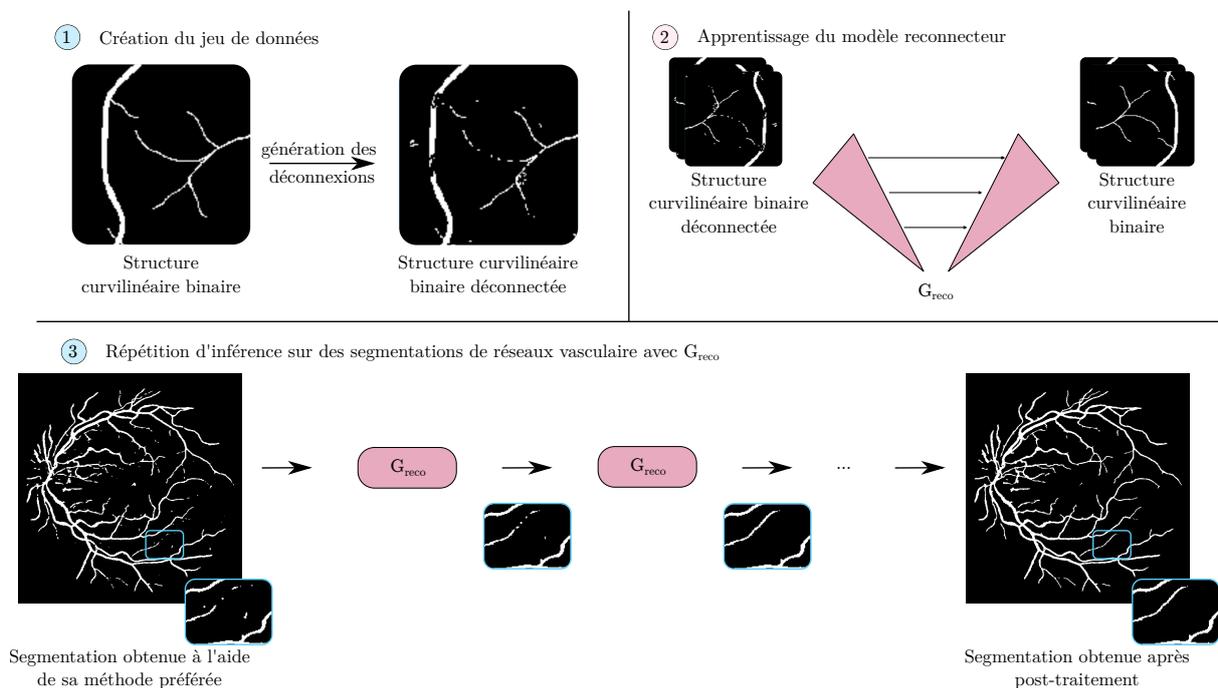


FIGURE 3.2 – *Framework* de notre méthode : tout d’abord, un jeu de données est généré avec des paires de structures vasculaires connectées/déconnectées. Ce jeu de données est ensuite utilisé pour entraîner un modèle G_{reco} avec une architecture U-Net résiduelle. Troisièmement, ce modèle est finalement appliqué itérativement sur des segmentations de structures vasculaires déconnectées.

Dans la suite de cette section, nous allons détailler ses trois étapes.

3.2.1 Création du jeu de données

Notre objectif est de développer un modèle reconnecteur capable de reconnecter des structures vasculaires déconnectées par les méthodes de segmentations. Le jeu de données généré doit donc refléter le type de déconnexions provoquées par ces méthodes. On souhaite donc proposer un algorithme qui vise à simuler des déconnexions réalistes dans des arbres binaires comme illustré dans la Figure 3.1.

Pour ce faire, nous avons analysé plusieurs résultats de segmentations vasculaires issus de différents algorithmes 2D et 3D, et avons formulé plusieurs observations communes :

- les déconnexions sont plus fréquentes et plus étendues sur les vaisseaux les plus fins,
- les résultats de segmentation présentent des petites composantes connexes, de formes variées, n'appartenant pas à des vaisseaux (des faux positifs) qu'on appellera dans la suite "artefacts".

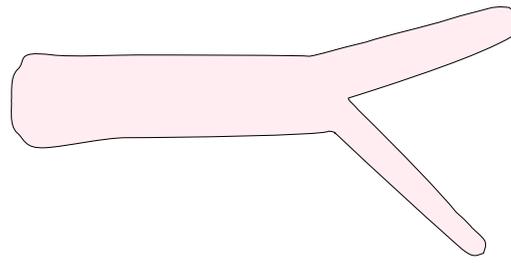
Suite à ces observations, nous avons proposé un algorithme qui :

- créé des déconnexions de position et taille aléatoire en fonction du diamètre du vaisseau ;
- créé des structures de petites tailles en dehors des vaisseaux sanguins pour mimer des artefacts.

Cependant, des différences sont observées dans la topologie des déconnexions et des artefacts. En 2D, nous pouvons observer dans la Figure 3.1 qu'une déconnexion peut ne pas être totale. En effet, elle est définie comme un ensemble de pixels manquants dispersés dans une zone donnée. Ces pixels manquants ne sont pas nécessairement voisins les uns des autres. De la même manière les artefacts peuvent être vus comme un amas de pixels regroupés autour d'un même point. En 3D, les déconnexions et les artefacts observés sont des volumes sans cavité.

Cette différence implique qu'une méthode unique pour créer des artefacts et des déconnexions en 2D et en 3D n'est pas possible. Nous avons donc proposé des algorithmes différents pour générer les objets d'intérêts.

Dans un premier temps, l'algorithme global permettant de générer les arbres vasculaires incluant des déconnexions et des artefacts va être développé. Il est résumé dans la Figure 3.3. Ensuite, nous détaillerons les variations dans la création de déconnexions et d'artefacts en 2D et en 3D.



Structure curvilinéaire binaire

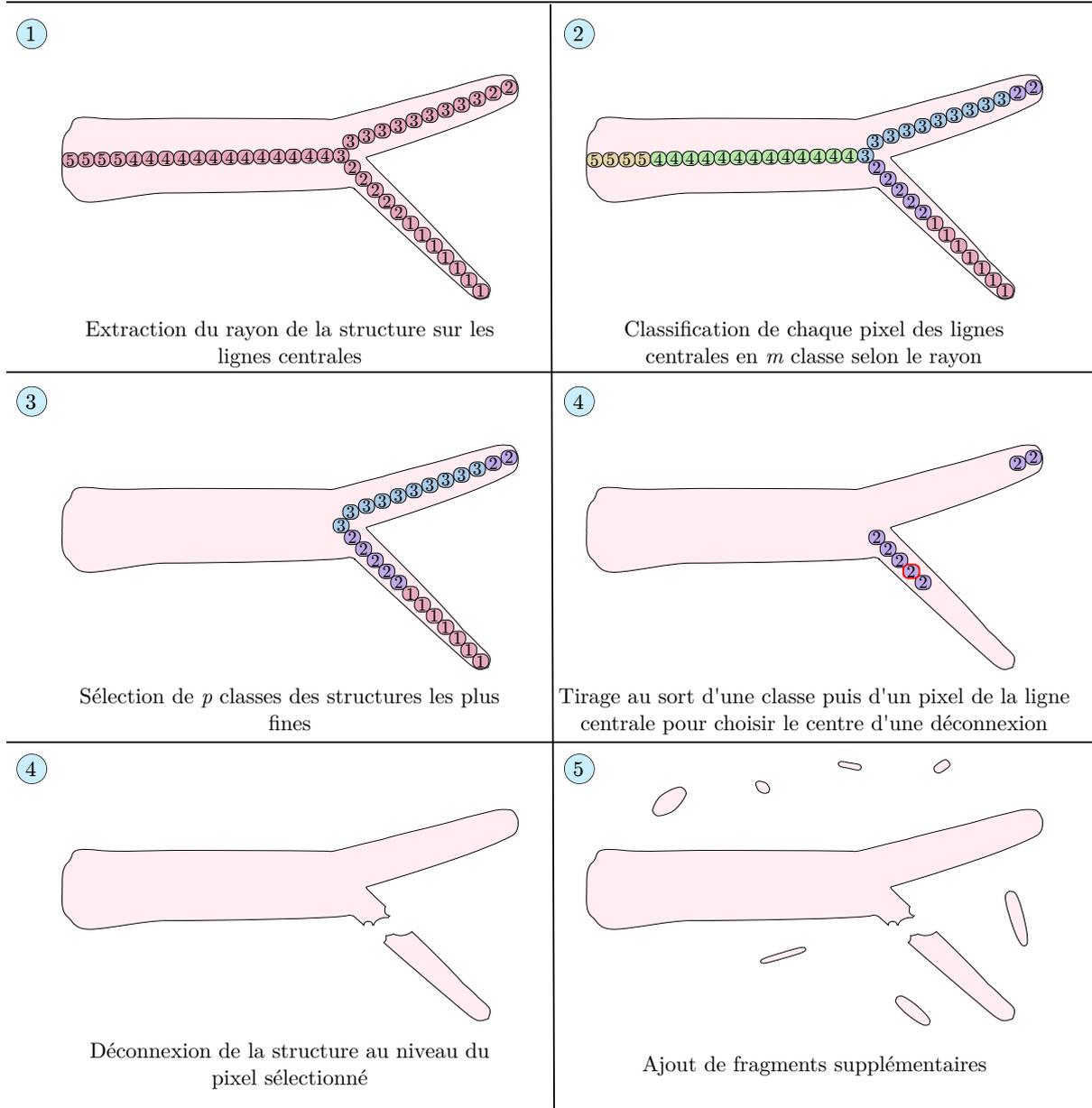


FIGURE 3.3 – Différentes étapes de l'algorithme proposé pour créer une déconnexion dans un arbre vasculaire binaire.

Algorithme global

L'algorithme pour générer des déconnexions et ajouter des artefacts dans une image peut être décrit en 5 grandes étapes :

1. Extraction des lignes centrales des structures vasculaires et de la carte de distance de l'image. La carte de distance est définie pour chaque pixel à l'intérieur des structures vasculaires et sa valeur est la distance minimum au fond de l'image. Les valeurs de la carte de distance évaluées au niveau de chaque pixel des lignes centrales d'une structure vasculaire représentent le rayon local du vaisseau au niveau de ce pixel.
2. Classification de chaque pixel de la ligne centrale en $m \in \mathbb{N}$ classes en fonction de leur rayon calculé.
3. Sélection des p ($p \leq m$) classes de rayon des structures curvilignes les plus fines pour éviter les déconnexions sur les plus grandes structures.
4. Pour chaque déconnexion à créer
 - 4.1. Détermination d'une classe $i \in [0, p]$ de rayon dans laquelle créer la déconnexion.
Cette classe est tirée à partir de la distribution de probabilité $P(i) = \frac{2^{p-i}}{2^p-1}$.
 - 4.2. Sélection aléatoire d'un pixel appartenant à une ligne centrale correspondant à la classe i . Ce point sera le centre de la déconnexion.
 - 4.3. Détermination de la taille de la déconnexion d tirée dans une distribution normale de moyenne de $\frac{s}{i+1}$, où $s \in \mathbb{N}$ est un paramètre de la méthode. La moyenne de la distribution normale est inversement proportionnelle au rayon du vaisseau à déconnecter. Ainsi, plus le vaisseau est fin, plus la déconnexion sera grande.
 - 4.4. Génération d'une déconnexion
5. Ajout de fragments supplémentaires dans l'image pour imiter les fragments non vasculaires. Ces fragments sont introduits en dehors de l'arbre vasculaire afin de permettre au réseau d'apprendre à différencier les fragments alignés avec les structures vasculaires, qui devraient probablement être reconnectés, du bruit et des structures non vasculaires qui ne devraient pas être reconnectés.

Les étapes 4.4. et 5. sont détaillées dans les sections suivantes en fonction des dimensions des objets d'intérêt.

Création de déconnexions et d'artefacts en 2D

Comme expliqué dans les observations, les déconnexions que nous voulons simuler sont plus ou moins partielles. Nous avons donc proposé un processus pour définir des formes aléatoires représentant les artefacts et les déconnexions.

Pour cela, nous générons la déconnexion dans un disque de rayon d utilisé comme masque pour limiter la taille de la déconnexion. Puis n pixels sont tirés aléatoirement à l'intérieur du disque. Si ces pixels appartiennent à un vaisseau, ils sont supprimés pour appartenir à la déconnexion.

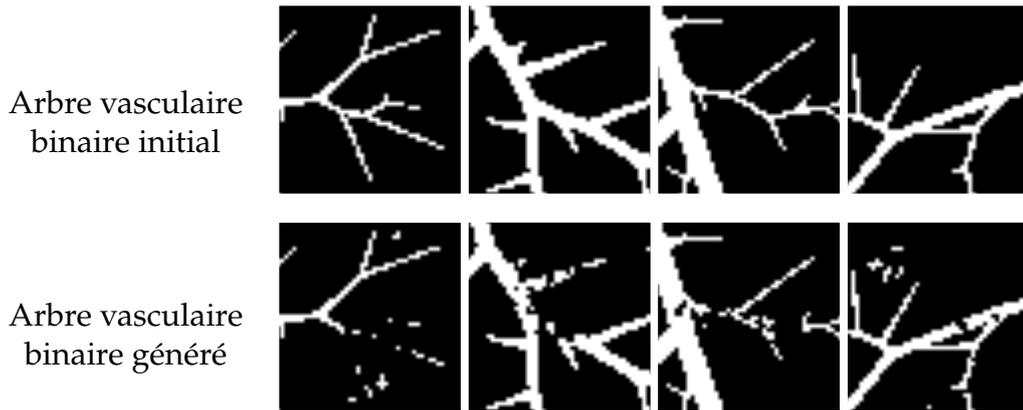


FIGURE 3.4 – Exemple de déconnexions générées sur des arbres vasculaires binaires issus de jeu de données synthétiques produit à l’aide de OpenCCO [47].

Afin de diversifier les formes des déconnexions, nous avons créé deux types de déconnexions : les déconnexions de type 1, dans lesquels un grand nombre de pixels est manquant (valeur de n élevée), et les déconnexions de type 2 : dans lesquels seul un petit nombre de pixels déconnecte le vaisseau (n faible).

Lors de la génération de la déconnexion, la valeur de n est tirée d’une loi normale de paramètre dépendant du type de déconnexion appliqué. Pour une déconnexion de type 1, la loi normale est définie par $\mu = \frac{N}{2}$ et $\sigma = \frac{N}{4}$, et pour une déconnexion de type 2, la loi normale est définie par $\mu = \frac{N}{4}$ et $\sigma = \frac{N}{8}$, avec N le nombre de pixels contenu dans le disque de rayon d .

Concernant les artefacts ajoutés à l’image à l’étape 5, chaque artefact est placé aléatoirement dans l’ensemble de l’image. Il est alors défini selon le même modèle qu’une déconnexion. Le rayon s est tiré aléatoirement suivant une loi normale avec $\mu = 3$ et $\sigma = 1$ pour créer un masque circulaire de N pixels. Le nombre de pixels n à l’intérieur de chaque masque est également tiré aléatoirement selon une loi normale avec $\mu = \frac{N}{4}$ et $\sigma = \frac{N}{8}$. Des exemples de déconnexions et d’artefacts générés à l’aide de notre algorithme sont disponibles dans la Figure 3.4.

Création de déconnexions et d’artefacts en 3D

Contrairement au cas précédent, les déconnexions et les artefacts observés en 3D sont des volumes sans cavité. Ainsi, déconnecter un vaisseau sanguin est facile comme il suffit d’enlever un fragment à l’aide d’un cube plus large que le vaisseau. L’application du cube sur la structure vasculaire ne se fait pas selon sa direction. De ce fait, les extrémités des fragments des vaisseaux obtenues sont soit concaves ou soit plates, ce qui ne s’apparente pas aux extrémités observées dans la Figure 3.1. Or, nous avons observé que ces dernières sont plutôt convexes avec une forme arrondie. Nous avons donc proposé d’ajouter une boule à l’extrémité de chaque fragment de rayon obtenu à l’étape 1.

Concernant les artefacts, ils doivent avoir des formes complexes sans cavité en dehors de la structure vasculaire connectée. Pour accomplir cette tâche, nous avons utilisé l’algorithme proposé par Douarre *et al.* [22]. Cet algorithme consiste à conserver les

basses fréquences d'un bruit gaussien afin d'obtenir une forme aléatoire en niveaux de gris. Pour cela, nous le filtrons dans l'espace de Fourier avant d'appliquer la transformée de Fourier inverse. L'image est ensuite seuillée à une valeur élevée pour obtenir des objets de tailles réduites semblables aux artefacts observés dans la Figure 3.1. Des exemples de déconnexions et d'artefacts générés à l'aide de notre algorithme sont disponibles dans la Figure 3.5.

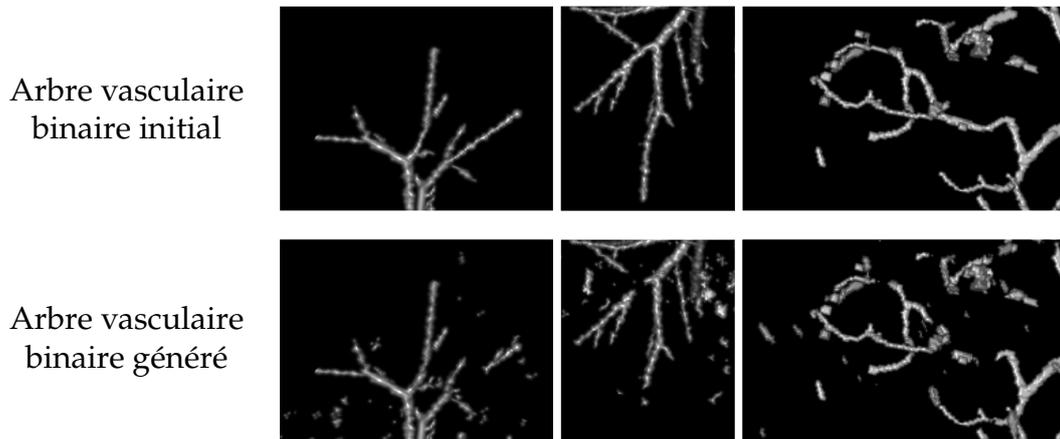


FIGURE 3.5 – Illustration des déconnexions et des artefacts simulés à l'aide de notre algorithme en 3D. Les deux premiers exemples sont des déconnexions effectuées sur des données Vascusynth. Le dernier exemple est issu d'une annotation manuelle de IXI.

L'algorithme global est conçu pour générer des déconnexions sur des structures vasculaires binaires, qu'elles soient des arbres vasculaires synthétiques ou des annotations manuelles, et ce, aussi bien en 2D qu'en 3D. Ainsi, si aucune annotation manuelle n'est disponible, il est possible de générer des jeux de données à partir de structures vasculaires synthétiques afin de pouvoir apprendre un modèle reconnecteur.

3.2.2 Apprentissage du modèle reconnecteur

Une fois le jeu de données généré, nous l'utilisons pour apprendre un modèle reconnecteur G_{reco} .

Pour apprendre cette tâche, nous avons choisi un U-Net nD ($n = 2$ ou $n = 3$ selon la dimension de l'image) dit résiduel [48]. Comme précisé dans le Chapitre 1, U-Net est la référence en matière de segmentation d'images médicales. L'ajout d'unités résiduelles améliore sa robustesse vis-à-vis des entrées différentes aux données d'entraînement. Cette propriété est essentielle, comme nous visons à apprendre un modèle générique qui peut être utilisé sur plusieurs bases de données différentes. Notre architecture U-Net est composée de 4 couches avec des *batch normalizations* et respectivement 16, 32, 64 et 128 canaux par couche.

La fonction de coût Dice [73] est couramment utilisée pour la segmentation dans des scénarios de classes déséquilibrées tant en 2D qu'en 3D. C'est le cas pour notre problème, où les structures vasculaires ne représentent qu'une petite partie des pixels

des images. Cependant, les fragments manquants constituent une infime fraction des structures vasculaires, déjà elles-mêmes en minorité. En minimisant la fonction de coût Dice, le réseau se concentrerait principalement sur la préservation globale des structures vasculaires, sans accorder une attention particulière à l’identification précise des zones de reconnexion des structures.

Pour remédier à ce problème, nous proposons d’utiliser une combinaison de deux fonctions de coût Dice. La première est un Dice classique \mathcal{D} sur l’image pour guider la reconstruction de l’ensemble des structures vasculaires. La deuxième fonction de coût Dice, appelée la fonction de coût Dice pondérée \mathcal{D}_w , est calculée uniquement à l’intérieur d’un masque M des fragments manquants et de leur voisinage proche. La fonction de coût totale \mathcal{L} est définie comme suit :

$$\mathcal{L}(x, y) = \mathcal{D}(x, y) + \mathcal{D}_w(x, y; M) \quad (3.1)$$

avec x l’image déconnectée et y son annotation. Le masque des fragments manquants M est généré par une dilatation des fragments manquants par un élément structurant de forme circulaire (ou sphérique en 3D) de rayon $r = 2$.

Nous avons entraîné le modèle avec des *patches* de taille 96^n pixels (respectivement voxels) et effectué une augmentation des données en temps réel avec des rotations et des retournements aléatoires. Le modèle est entraîné avec un taux d’apprentissage fixé à 10^{-3} pendant e *epochs* ($e \in [1000, 3000]$ en fonction de la taille du jeu de données d’entraînement) avec un optimiseur Adam. Le modèle présentant la plus faible fonction de coût de validation est conservé pour faire l’inférence.

3.2.3 Applications successives

Suite à l’entraînement du modèle reconnecteur, ce dernier peut être appliqué comme post-traitement de segmentations vasculaires. Nous proposons d’appliquer notre modèle de manière itérative pour reconnecter progressivement les vaisseaux plutôt que d’essayer de les reconnecter directement sur une longue distance. Notre intuition suggère que cette approche devrait limiter la création de fausses reconnexions et converger vers une image lorsque les fragments vasculaires sont majoritairement reconnectés. Suite à l’analyse de l’application successive du modèle lors d’une étude ablative (voir Section 3.3.2), nous avons fixé ce nombre d’itérations empiriquement à 10.

3.3 Expériences

Dans cette section, nous évaluons notre méthode afin de justifier de l’intérêt de chaque étape proposée. Dans un premier temps, nous présentons les jeux de données utilisés, puis nous analysons l’impact de chaque étape du *framework* avant de montrer son intérêt sur des segmentations issues de plusieurs méthodes.

3.3.1 Jeux de données utilisés

Afin d'évaluer notre méthode, nous avons testé notre *framework* en 2D sur le jeu de données de rétinophotographies DRIVE [99]. En 3D, nous avons testé notre *framework* sur les jeux de données contenant des tomodesitométries du foie de l'IRCAD et sur les angiographies par résonance magnétique cérébrales de Bullitt. Ces jeux de données sont décrits en détail dans le Chapitre 2.

Notre méthode pouvant être utilisée de manière non supervisée, c'est-à-dire sans annotations issues la base de données de test, nous avons entraîné notre terme reconnecteur sur un jeu d'entraînement différent du jeu de test sur lequel le *post-processing* est effectué.

En 2D, notre terme reconnecteur est appris sur les arbres vasculaires synthétiques générés par OpenCCO [47], ou sur les annotations manuelles de fond de rétines de STARE. STARE ne contenant que 20 annotations, chaque structure vasculaire subit 3 rotations pour obtenir 4 structures différentes. Chaque image est ensuite déconnectée à l'aide de notre algorithme, afin de créer un jeu de données de 80 paires d'images de structures vasculaires connectées / déconnectées.

En 3D, notre terme reconnecteur est appris sur les arbres vasculaires synthétiques générés par Vascusynth, ainsi que les annotations manuelles du jeu de données cérébrales IXI.

Notre algorithme de déconnexion a été appliqué aux jeux de données OpenCCO, STARE, Vascusynth et IXI pour générer des arbres vasculaires déconnectés avec différentes tailles de déconnexion moyennes $s = 8$. Nous avons expérimentalement fixé l'écart type $\sigma = 4$ pour OpenCCO et STARE et $\sigma = 2$ pour IXI et Vascusynth.

3.3.2 Étude ablative

Dans cette partie, nous proposons une analyse du fonctionnement de notre *framework* par une étude ablative à travers plusieurs paramètres :

- L'intérêt de la fonction de coût Dice pondérée
- L'influence de la taille des déconnexions du jeu d'entraînement
- Intérêt de l'application successive du terme reconnecteur

Nous analyserons donc ces trois éléments clés du *framework* dans la suite de la Section. L'ensemble des expériences effectuées est résumé dans le Tableau 3.1.

Pour cette étude, nous nous sommes intéressés aux modèles G_{reco} entraînés sur des données synthétiques (2D et 3D). Ils ont été évalués sur des annotations manuelles de vaisseaux sanguins déconnectés artificiellement à l'aide de notre algorithme. Ainsi, chaque modèle est évalué sur des données aux déconnexions semblables à celles sur lesquelles ils ont été entraînés.

Pour rendre la lecture des résultats plus claire, cette section se concentrera uniquement sur trois métriques. Le MCC qui évalue la segmentation globale, l'ASSD qui

évalue la géométrie de la segmentation et ϵ_{β_0} qui évalue la topologie de la structure vasculaire.

Expériences	Entraînement G_{reco}		Application de G_{reco}		
	Dataset	s	Dataset	s	Nombre d'itérations
Intérêt de \mathcal{D}_w	CCO	8	DRIVE	8	1
	Vascusynth	8	IRCAD	8	1
Influence de s	CCO	[6, 8, 10, 12]	DRIVE	[6, 8, 10, 12]	1
Étude de la convergence	CCO	[6, 8, 10, 12]	DRIVE	[6, 8, 10, 12]	10

TABLEAU 3.1 – Résumé des expériences effectuées dans l'étude ablative

Intérêt de la fonction de coût Dice pondérée

Comme décrit dans la Section 3.2.2, nous avons proposé une fonction de coût composée d'une fonction de coût Dice classique $\mathcal{D}(\cdot)$ et d'une fonction de coût Dice pondérée $\mathcal{D}_w(\cdot)$ pour entraîner notre réseau de neurones. Pour prouver l'intérêt de cette dernière, nous avons entraîné deux modèles avec et sans la fonction de coût Dice pondérée \mathcal{D}_w . Cette étude a été faite en 2D et en 3D en entraînant les modèles sur les images d'arbres vasculaires synthétiques (CCO en 2D et Vascusynth en 3D) déconnectées avec des tailles de déconnexion moyennes de $s = 8$.

Chacun des modèles a ensuite été appliqué une seule fois sur les annotations manuelles de DRIVE en 2D et d'IRCAD en 3D, déconnectées artificiellement avec $s = 8$. Les résultats qualitatifs sont représentés dans la Figure 3.6 en 2D et dans la Figure 3.7 en 3D. Les résultats quantitatifs sont fournis dans le Tableau 3.2.

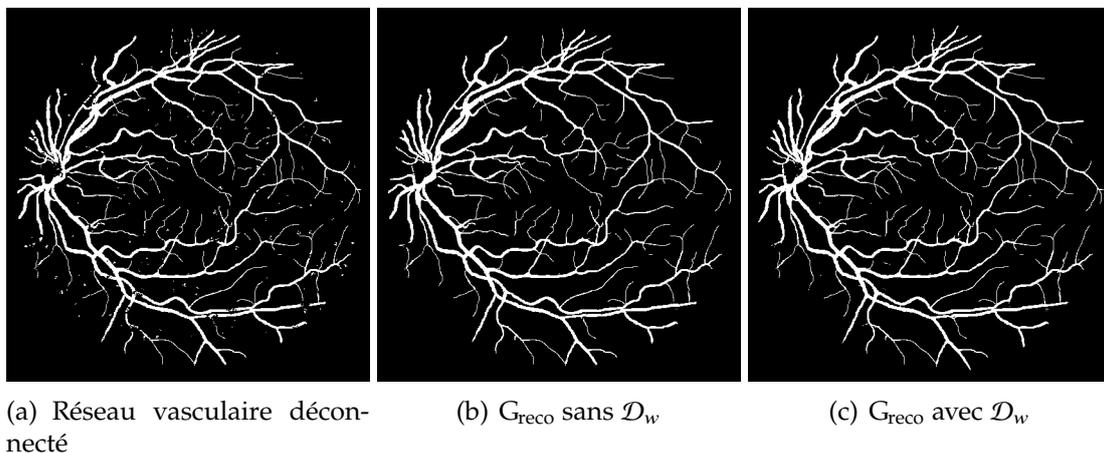


FIGURE 3.6 – Comparaison des résultats de l'application de G_{reco} sur une image de DRIVE (a), avec (c) ou sans (b) la fonction de coût Dice pondérée. Chaque modèle est appliqué sur une annotation manuelle de DRIVE déconnectée avec $s = 8$.

En 2D, l'application des deux modèles reconnecteurs entraînés à l'aide des différentes fonctions de coût permet d'améliorer la structure vasculaire. En effet, nous pouvons remarquer une hausse du MCC et de ϵ_{β_0} , qui se justifie par la suppression

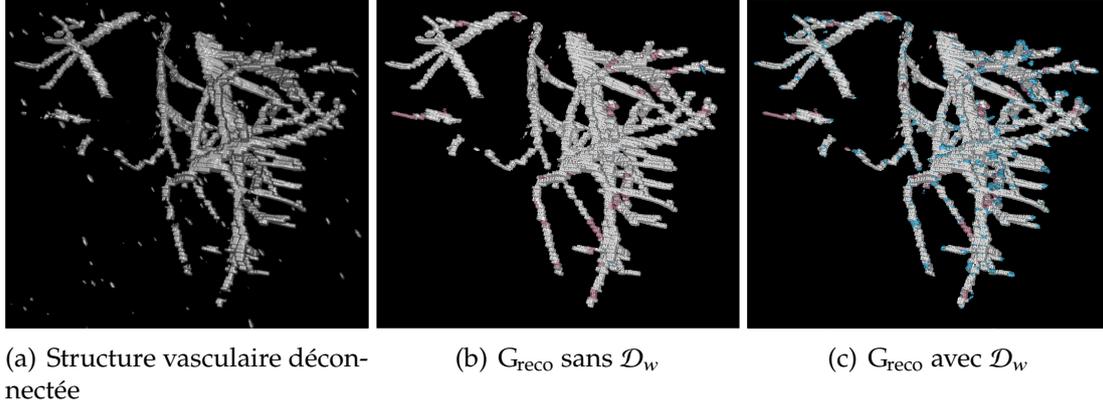


FIGURE 3.7 – Comparaison des résultats de l’application de G_{reco} sur une image de l’IRCAD (a), avec (c) ou sans (b) la fonction de coût Dice pondérée. Chaque modèle est appliqué sur une annotation manuelle de DRIVE déconnectée avec $s = 8$. Les VP sont représentées en blanc, les FP en bleu et les FN en rose.

	2D (DRIVE)			3D (IRCAD)		
	MCC \uparrow	ASSD \downarrow	ϵ_{β_0} \downarrow	MCC \uparrow	ASSD \downarrow	ϵ_{β_0} \downarrow
Avant G_{reco}	0.971 ± 0.004	0.220 ± 0.071	107 ± 72	0.953 ± 0.021	0.452 ± 0.333	11 ± 9
G_{reco} sans \mathcal{D}_w	0.986 ± 0.003	0.053 ± 0.012	15 ± 12	0.956 ± 0.018	0.325 ± 0.217	5 ± 4
G_{reco} avec \mathcal{D}_w	0.980 ± 0.003	0.077 ± 0.014	17 ± 13	0.929 ± 0.019	0.427 ± 0.208	4 ± 3

TABLEAU 3.2 – Résultats quantitatifs de l’influence de la fonction de coût après une étape d’inférence.

des artefacts et la reconnexion des structures, comme observé dans la Figure 3.6 (b) et (c). Cependant, l’entraînement sans la fonction de coût \mathcal{D}_w semble permettre d’obtenir des reconnexions sensiblement meilleures tant quantitativement que qualitativement.

En 3D, le modèle entraîné sans \mathcal{D}_w présente une amélioration du MCC, de l’ASSD et de ϵ_{β_0} . La baisse du nombre de composantes connexes est principalement due à la suppression d’artefacts effectuée par le modèle, et non à la reconnexion de structures vasculaires comme illustré dans la Figure 3.7(b). L’ajout de la fonction de coût \mathcal{D}_w permet d’obtenir une baisse ϵ_{β_0} due à la reconnexion de certaines structures vasculaires observables dans la Figure 3.7(c). Les structures vasculaires sont cependant sur-segmentées, en particulier au niveau des reconnexions (représentées en bleu) provoquant ainsi une baisse du MCC. La sur-segmentation obtenue semble être due à la modification de la géométrie des structures vasculaires. En effet, les vaisseaux sanguins paraissent plus tubulaires et ainsi plus ressemblants aux structures synthétiques du jeu de données d’entraînement Vascusynth. Le modèle appris avec \mathcal{D}_w a ainsi appris la géométrie des vaisseaux de Vascusynth et générera donc de faux positifs sans pour autant altérer la définition de la structure. En revanche, le modèle entraîné sans \mathcal{D}_w se limite à reproduire la structure vasculaire non connectée sans artefact. Cette différence

s'explique par l'attention particulière portée par la fonction de cout Dice pondérée \mathcal{D}_w sur les erreurs faites dans le voisinage des déconnexions.

L'ajout de la fonction de coût \mathcal{D}_w est donc primordial en 3D pour pouvoir entraîner un modèle G_{reco} performant. L'entraînement dépend cependant d'un autre facteur : le jeu de données. Ce dernier dépend de la taille de déconnexions moyenne s que nous pouvons faire varier. Nous allons donc par la suite nous intéresser l'influence à de ce paramètre sur le modèle obtenu.

Influence de la taille des déconnexions du jeu d'entraînement

L'objectif principal de cette section est d'analyser l'influence de la taille des déconnexions dans le jeu de données d'entraînement sur la reconstruction des fragments. Pour atteindre cet objectif, nous avons entraîné quatre modèles distincts $G_{\text{reco},s=X}$ en utilisant quatre jeux de données déconnectées différents, avec des tailles de déconnexions $s = X$ avec ($X \in \{6, 8, 10, 12\}$).

Nous avons choisi de mener cette analyse seulement en 2D pour faciliter les observations qualitatives. Nous avons testé les différents modèles sur les annotations de DRIVE déconnectées par notre algorithme avec les mêmes valeurs s que celles utilisées pour les jeux d'entraînements ($s \in \{6, 8, 10, 12\}$). Pour cette étude, $G_{\text{reco},s=X}$ est également appliqué qu'une seule fois sur les réseaux vasculaires déconnectés.

Nous avons illustré de manière qualitative les résultats obtenus par chacun de nos modèles sur une image déconnectée en utilisant $s = 12$ dans la Figure 3.8. Les résultats quantitatifs sont présentés dans le Tableau 3.3.

Entraînement \ Test	$s = 6$			$s = 8$			$s = 10$			$s = 12$		
	MCC ↑	ASSD ↓	ϵ_{β_0} ↓	MCC ↑	ASSD ↓	ϵ_{β_0} ↓	MCC ↑	ASSD ↓	ϵ_{β_0} ↓	MCC ↑	ASSD ↓	ϵ_{β_0} ↓
Avant G_{reco}	0.976 ± 0.004	0.202 ± 0.06	96.811 ± 67.065	0.971 ± 0.004	0.22 ± 0.071	107.367 ± 71.883	0.965 ± 0.006	0.232 ± 0.057	122.198 ± 83.665	0.958 ± 0.007	0.243 ± 0.054	132.617 ± 86.553
$G_{\text{reco},s=6}$	0.98 ± 0.003	0.074 ± 0.012	11.429 ± 8.783	0.977 ± 0.004	0.085 ± 0.015	14.095 ± 10.92	0.974 ± 0.004	0.101 ± 0.019	15.485 ± 10.758	0.971 ± 0.004	0.116 ± 0.022	17.619 ± 13.8
$G_{\text{reco},s=8}$	0.983 ± 0.003	0.067 ± 0.013	15.461 ± 11.256	0.98 ± 0.003	0.077 ± 0.014	17.301 ± 12.69	0.978 ± 0.004	0.09 ± 0.019	19.365 ± 14.269	0.974 ± 0.004	0.103 ± 0.02	23.039 ± 18.927
$G_{\text{reco},s=10}$	0.981 ± 0.003	0.078 ± 0.015	14.61 ± 11.223	0.979 ± 0.004	0.089 ± 0.016	16.829 ± 13.051	0.976 ± 0.004	0.101 ± 0.023	18.82 ± 14.516	0.972 ± 0.004	0.117 ± 0.017	22.056 ± 17.864
$G_{\text{reco},s=12}$	0.98 ± 0.003	0.089 ± 0.015	16.232 ± 12.213	0.977 ± 0.004	0.102 ± 0.017	18.561 ± 13.75	0.974 ± 0.005	0.118 ± 0.024	19.776 ± 14.034	0.97 ± 0.004	0.126 ± 0.019	20.612 ± 16.189

TABLEAU 3.3 – Résultats quantitatifs après l'application de $G_{\text{reco},s=X}$ entraîné sur OpenCCO déconnecté avec plusieurs tailles de déconnexions $X \in \{6, 8, 10, 12\}$ et testé sur DRIVE lui même déconnecté avec plusieurs tailles de déconnexions.

Dans l'ensemble, tous les modèles se comportent bien et il n'y a pas de chute significative des métriques lorsqu'ils sont appliqués à des données présentant des tailles de déconnexion différentes de celles vues lors de l'entraînement. De nouveau, le MCC ne montre pas d'amélioration significative après l'application de notre post-traitement. Cependant, ϵ_{β_0} et l'ASSD diminuent sensiblement, ce qui indique que notre post-traitement reconnecte avec succès les fragments de vaisseaux.

Nous observons également que la taille des déconnexions dans le jeu d'entraînement semble bien corrélée avec les reconnexions qui se produisent (voir les flèches vertes

sur la Figure 3.8). Comme attendu, les modèles entraînés sur des déconnexions plus grandes ont tendance à reconnecter des plus grandes déconnexions, et oublier les plus petites.

Nous pouvons également observer des défauts lors de la reconnexion des structures vasculaires connectées à l'aide des différents modèles (voir les flèches roses de la Figure 3.8). Certaines de ces erreurs sont dues à l'apprentissage de notre terme sur des données synthétiques. En effet, nous pouvons observer que certaines extrémités de vaisseaux sur les annotations DRIVE sont assez larges, ce qui n'est jamais observé sur les images générées par OpenCCO. Les extrémités de vaisseaux générées par OpenCCO sont toujours très fines (de l'ordre de un à deux pixels). Ainsi notre terme reconnector a tendance à vouloir "faire pousser" les extrémités trop larges des vaisseaux de DRIVE pour les faire finir sur des extrémités fines. Nous atteignons donc ici les limites de l'entraînement sur un jeu de données synthétiques.

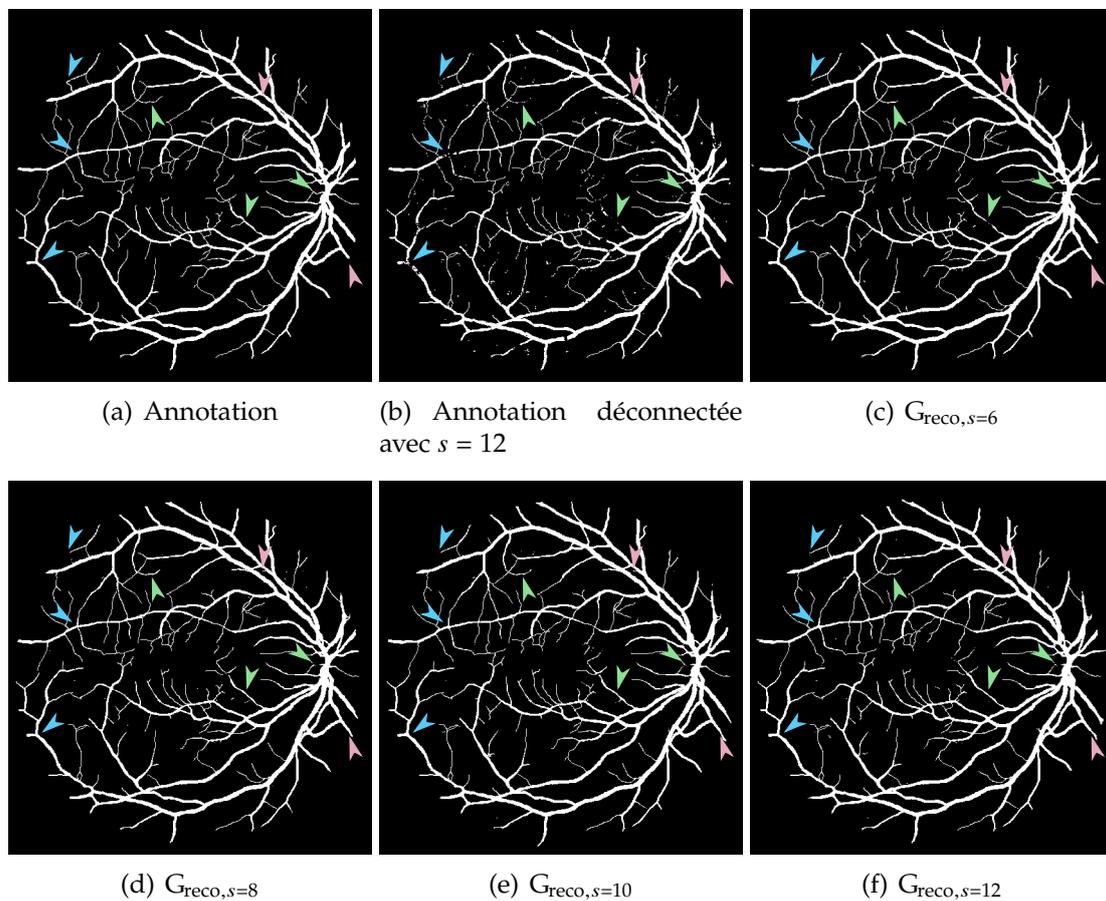


FIGURE 3.8 – Résultats qualitatifs de l'expérience sur l'influence de la taille de la déconnexion. G_{reco} a été entraîné avec une taille de déconnexion X (avec $X \in \{6, 8, 10, 12\}$), notée $G_{\text{reco},s=X}$, sur la base de données OpenCCO. L'image originale (a) a été déconnectée par notre algorithme avec une taille de déconnexion $s = 12$ (b), suivie d'une seule application de $G_{\text{reco},s=X}$ (c-f). Les flèches bleues indiquent des reconnexions réussies, les flèches roses mettent en évidence des reconnexions incorrectes, et les flèches vertes indiquent les différences entre les résultats.

D'autres erreurs viennent de la taille de déconnexion utilisée pour le jeu de données d'entraînement. En effet, avoir des grandes déconnexions dans les images d'entraînement pousse notre modèle à reconnecter sur de plus longues distances, ce qui peut générer plus facilement des fausses reconnections, comme nous pouvons l'observer avec le modèle $G_{\text{reco},s=12}$.

En conclusion, les modèles entraînés sur des données avec des déconnexions de tailles modérées semblent mieux adaptées pour éviter les mauvaises reconnections. Le modèle $G_{\text{reco},s=8}$ semble être le meilleur compromis entre la quantité de bonnes reconnections sans générer trop de fausses reconnections.

Cependant, certaines déconnexions semblent être partiellement reconnectées après une seule application de nos modèles. Appliquer notre modèle plusieurs fois permettrait donc de reconnecter progressivement les déconnexions les plus grandes et ainsi améliorer les segmentations obtenues. C'est la dernière étape de notre *framework*. Nous allons donc analyser l'influence de cette étape dans la prochaine section.

Intérêt de l'application successive du modèle reconnecteur

Dans cette expérience, notre premier objectif est de valider l'intérêt d'appliquer itérativement le modèle reconnecteur. Deuxièmement, compte tenu du nombre limité de déconnexions dans une image, nous anticipons que l'application itérative de G_{reco} devrait converger vers une image où toutes les déconnexions sont comblées. Dans cette section, nous explorons donc également la convergence expérimentale de notre *framework*.

Nous avons utilisé les 4 modèles reconnecteurs $G_{\text{reco},s=X}$ ($X \in \{6, 8, 10, 12\}$) entraînés pour les expériences de la section précédente. Chaque modèle est ensuite appliqué itérativement 10 fois sur le jeu de données DRIVE qui a été déconnecté avec plusieurs tailles moyennes de déconnexion ($s \in \{6, 8, 10, 12\}$). Nous avons enfin analysé les résultats obtenus au cours des applications successives. Cette évolution est représentée sur un exemple dans la Figure 3.9 et les résultats quantitatifs sont présentés dans la Figure 3.10.

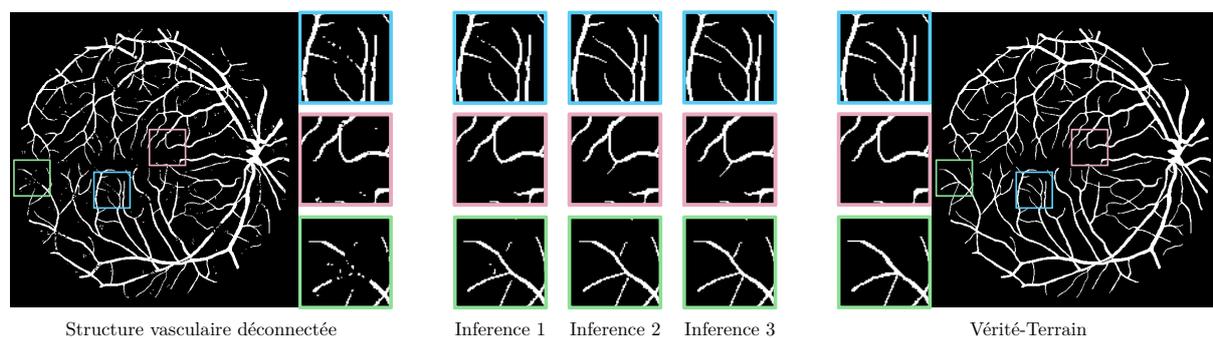


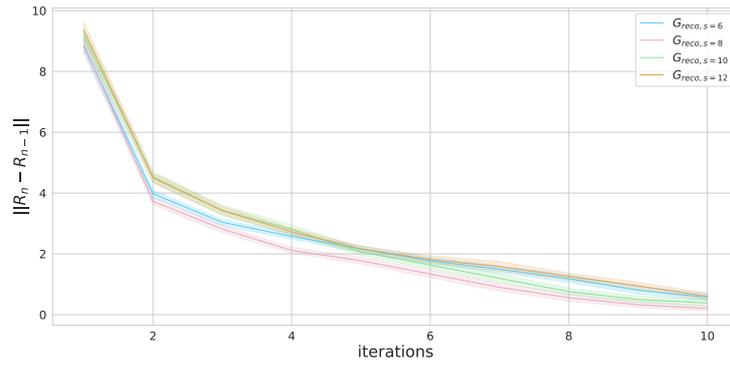
FIGURE 3.9 – Visualisation de l'application successive de notre modèle reconnecteur $G_{\text{reco},s=8}$ sur une image DRIVE déconnectée avec $s = 12$. Le zoom bleu permet d'observer une reconnexion progressive. Le zoom vert montre une reconnexion progressive erronée. Enfin, le zoom rose illustre une fausse création de vaisseau, dite hallucination.

Dans la Figure 3.9, nous pouvons observer que certaines déconnexions qui n’ont pas été reconnectées avec succès avec une seule itération sont progressivement reconnectées avec des itérations supplémentaires. Cependant, il est à noter que certaines fausses reconnexions peuvent encore se produire, comme le montrent les zooms vert et rose. L’erreur affichée dans le zoom vert est due à un bruit proche d’une structure vasculaire considéré comme un fragment de vaisseau. Il est alors progressivement connecté à la structure principale. Le zoom rose montre l’apparition d’un vaisseau sanguin dans une zone dépourvue de bruit. Cette hallucination se trouve à la jonction d’un vaisseau présentant une courbure prononcée. Ce genre de courbure n’étant présent qu’au niveau de bifurcations de structures vasculaires dans le jeu de données OpenCCO, le modèle appris tend à reproduire cette configuration en ajoutant une extrémité supplémentaire. La probabilité de telles hallucinations est réduite lorsque le jeu de données d’entraînement est généré à partir d’annotations manuelles de l’organe cible. Ces erreurs entraînent une diminution du MCC et une augmentation de l’ASSD, bien que les différences soient mineures par rapport aux résultats de la première inférence.

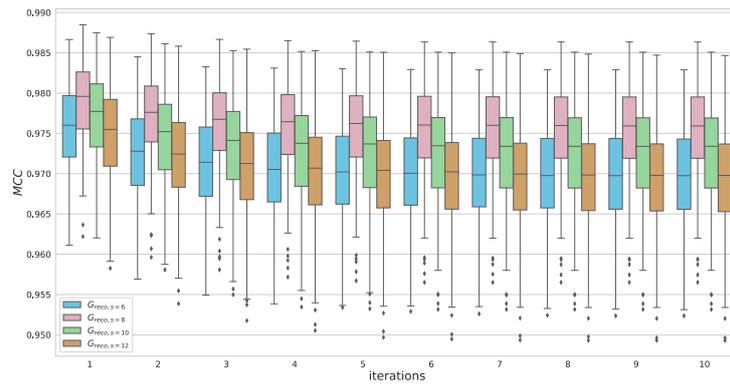
Les Figures 3.10 (b-d) confirment l’intérêt de l’application successive en montrant un gain de toutes les métriques au fil des itérations de notre terme reconnecteur. De plus, le modèle $G_{\text{reco},s=8}$ semble toujours être le meilleur compromis entre des reconnexions significatives (faible ϵ_{β_0}) et la limitation des fausses reconnexions (faible ASSD et MCC élevé) même après plusieurs applications.

Concernant la convergence de notre *framework*, nous observons que l’application itérative de n’importe quel modèle G_{reco} converge expérimentalement comme le montre la Figure 3.10(a). Il est intéressant de noter que cette convergence se produit même si G_{reco} est appliqué à des images avec des tailles de déconnexion différentes de celles sur lesquelles il a été entraîné. Cela met en évidence la robustesse de notre approche.

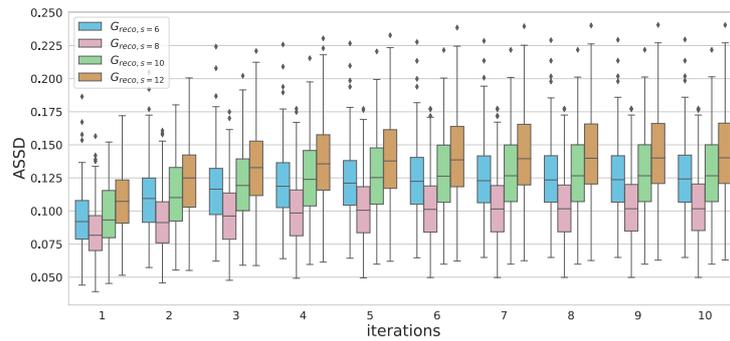
L’application de notre méthode sur des images artificiellement déconnectées nous a permis d’analyser précisément le comportement de notre modèle reconnecteur. Lors de cette étude, nous avons cependant introduit un biais comme nous avons utilisé le même algorithme pour générer les déconnexions dans les jeux de données d’entraînement et de test. La prochaine section explorera le comportement de notre méthode dans un scénario plus réaliste.



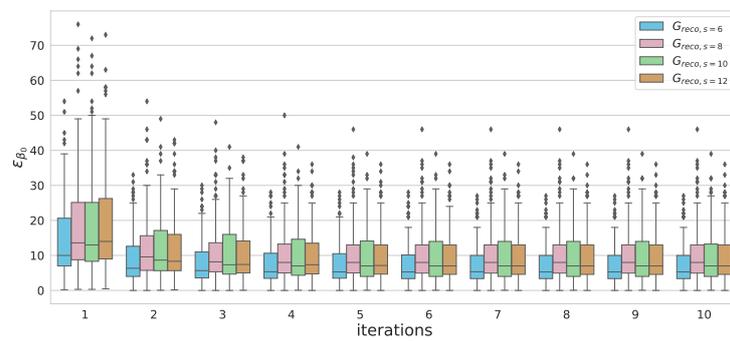
(a)



(b)



(c)



(d)

FIGURE 3.10 – Résultats de l'application de G_{reco} , entraîné sur OpenCCO, sur les annotations manuelles DRIVE artificiellement déconnectées avec plusieurs tailles ($s \in 6, 8, 10, 12$). (a) courbes de convergence affichant la norme ℓ_2 de la différence entre les deux derniers résultats consécutifs. (b-d) résultats quantitatifs en fonction du nombre d'applications de nos modèles.

3.3.3 Applications

Dans cette section, nous proposons d'appliquer notre post-traitement sur des résultats de segmentation issus de DRIVE (2D), IRCAD et Bullitt (3D). Afin d'analyser l'adaptabilité de notre approche à des méthodes de segmentations diverses, chaque image initiale a d'abord été segmentée soit par une approche variationnelle classique, soit un U-Net. Ces segmentations ont ensuite été post-traitées par notre *framework*.

La segmentation variationnelle a été choisie comme représentante d'approche non supervisée. Elle génère des segmentations très déconnectées et bruitées comme nous pouvons l'observer dans la première colonne de la Figure 3.11. En opposition, la segmentation par U-Net a été choisie comme une représentante des approches par apprentissage profond supervisé, générant des segmentations plus complètes et peu bruitées comme montré dans la deuxième colonne de la Figure 3.11.

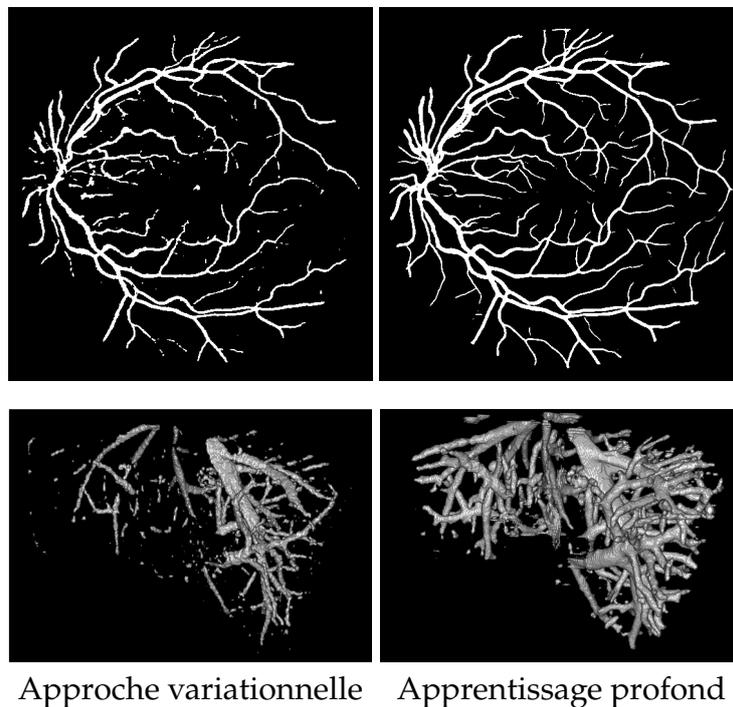


FIGURE 3.11 – Exemple de segmentations obtenues par l'approche variationnelle et l'apprentissage profond en 2D (première ligne) et en 3D (deuxième ligne).

Dans un premier temps, nous présenterons la configuration expérimentale proposée pour les différentes approches de segmentations utilisées ainsi que celle du *framework* proposé. Nous présenterons ensuite les résultats obtenus.

Méthodes de segmentations et configurations expérimentales

Apprentissage profond supervisé : Nous avons entraîné un 2D et 3D U-Net tel que présenté dans le papier original [89], avec une fonction de coût Dice. En 2D, le jeu de données DRIVE est divisé en un jeu d'entraînement et un jeu de test, chacun contenant 20 images. Une fois entraîné, ce réseau est appliqué sur les 20 images de test pour fournir les segmentations que seront post-traitées par notre *framework*.

	Modèle	Paramètre d'entraînement			
		Reconnecteur	Jeu de données	Type	s epochs
2D	$G_{\text{reco,CCO}}$	CCO	Synthétique	8	1000
	$G_{\text{reco,STARE}}$	STARE	Annotation	8	1000
3D	$G_{\text{reco,Vascusynth}}$	Vascusynth	Synthétique	8	1000
	$G_{\text{reco,IXI}}$	IXI	Annotation	8	3000

TABLEAU 3.4 – Résumé des modèles reconnecteurs entraînés.

En 3D, les jeux de données IRCAD et Bullitt sont utilisés. Pour chaque jeu de données, nous avons fait une validation croisée de *5-fold*, avec une fonction de coût composée de l'entropie croisée ainsi que la fonction de coût Dice. De plus, nous avons utilisé les processus d'augmentation de données proposés dans le *pipeline* du nnUNet [39].

Approche variationnelle : Afin d'obtenir les segmentations en 2D et en 3D, nous avons utilisé le modèle de Chan et la Variation Totale présentés dans la Section 4.2.2 et fixé ces hyperparamètres comme décrit dans la Section 4.4.1. Cette méthode est utilisée pour segmenter les structures vasculaires contenues dans le jeu de test de DRIVE, et les jeux de données de l'IRCAD et de Bullitt.

Configuration expérimentale : En 2D, nous avons entraîné notre modèle reconnecteur G_{reco} soit sur les données synthétiques OpenCCO, désigné comme $G_{\text{reco,CCO}}$, soit sur STARE, désigné comme $G_{\text{reco,STARE}}$, qui ont tous deux été déconnectés avec une taille moyenne de déconnexion fixée à $s = 8$. Nous avons ensuite utilisé nos deux modèles reconnecteurs sur les segmentations de DRIVE obtenues soit avec l'approche variationnelle, soit avec le UNet.

En 3D, nous avons entraîné notre modèle reconnecteur soit sur l'ensemble synthétique Vascusynth, désigné comme $G_{\text{reco,Vascusynth}}$, soit sur le jeu de données IXI, désigné comme $G_{\text{reco,IXI}}$. Comme en 2D, les structures vasculaires ont été déconnectées avec une taille moyenne de déconnexion fixée à $s = 8$.

Étant donné les différences de géométrie et de topologie entre le réseau vasculaire hépatique et celui du cerveau, nous avons choisi d'utiliser uniquement le modèle reconnecteur $G_{\text{reco,Vascusynth}}$ pour les segmentations de l'IRCAD. De même, nous avons opté pour l'utilisation exclusive de $G_{\text{reco,IXI}}$ pour les segmentations obtenues à partir du jeu de données Bullitt. Les différents modèles reconnecteurs proposés sont résumés dans le Tableau 3.4.

Résultats

Les résultats sur la base de donnée DRIVE sont présentés dans la Figure 3.12 et le Tableau 3.5. De manière similaire, les résultats sur la base de données IRCAD sont présentés dans la Figure 3.14 et le Tableau 3.7, tandis que ceux pour la base de données Bullitt sont présentés dans la Figure 3.13 et le Tableau 3.6.

De manière générale, l'application des modèles reconnecteurs implique une augmentation du TPR sur les résultats 2D et 3D. L'augmentation du nombre de *VP* est

		Méthode	Métriques Volumiques				Métriques Géométriques			Métriques Topologiques		
			TPR \uparrow	PPV \uparrow	MCC \uparrow	Dice \uparrow	CIDice \uparrow	95HD \downarrow	ASSD \downarrow	ϵ_{β_0} \downarrow	ϵ_{β_1} \downarrow	ϵ_{χ} \downarrow
Approche Variationnelle	Segmentation	0.697 ± 0.053	0.836 ± 0.041	0.732 ± 0.026	0.758 ± 0.025	0.739 ± 0.043	12.060 ± 3.323	2.017 ± 0.452	98.543 ± 91.876	0.756 ± 0.120	4.531 ± 2.149	
	$G_{\text{reco,CCO}}$	0.720 ± 0.053	0.826 ± 0.041	0.740 ± 0.024	0.767 ± 0.023	0.749 ± 0.042	15.611 ± 4.265	2.423 ± 0.582	9.003 ± 11.388	0.457 ± 0.194	0.790 ± 0.247	
	$G_{\text{reco,STARE}}$	0.724 ± 0.053	0.822 ± 0.042	0.740 ± 0.024	0.768 ± 0.023	0.756 ± 0.041	14.940 ± 3.918	2.332 ± 0.533	6.609 ± 5.817	0.593 ± 0.179	0.878 ± 0.131	
Apprentissage Profond	Segmentation	0.834 ± 0.051	0.793 ± 0.042	0.784 ± 0.016	0.811 ± 0.015	0.826 ± 0.035	4.896 ± 2.083	1.155 ± 0.181	34.037 ± 26.858	0.426 ± 0.163	1.639 ± 0.341	
	$G_{\text{reco,CCO}}$	0.840 ± 0.050	0.784 ± 0.044	0.782 ± 0.017	0.809 ± 0.016	0.821 ± 0.035	5.256 ± 2.190	1.192 ± 0.190	9.111 ± 7.606	0.314 ± 0.183	0.532 ± 0.236	
	$G_{\text{reco,STARE}}$	0.838 ± 0.05	0.788 ± 0.043	0.783 ± 0.016	0.810 ± 0.015	0.823 ± 0.035	5.322 ± 2.194	1.198 ± 0.183	11.374 ± 9.095	0.446 ± 0.181	0.851 ± 0.163	

TABLEAU 3.5 – Résultats de notre post-traitement entraîné sur CCO ou STARE sur la base de données DRIVE.

		Méthode	Métriques Volumiques				Métriques Géométriques			Métriques Topologiques		
			TPR \uparrow	PPV \uparrow	MCC \uparrow	Dice \uparrow	CIDice \uparrow	95HD \downarrow	ASSD \downarrow	ϵ_{β_0} \downarrow	ϵ_{β_1} \downarrow	ϵ_{χ} \downarrow
Approche Variationnelle	Segmentation	0.453 ± 0.026	0.697 ± 0.026	0.555 ± 0.02	0.548 ± 0.022	0.686 ± 0.024	11.583 ± 2.472	2.301 ± 0.409	26.562 ± 10.264	0.231 ± 0.211	7.305 ± 2.383	
	$G_{\text{reco,IXI}}$	0.529 ± 0.026	0.600 ± 0.026	0.556 ± 0.02	0.562 ± 0.02	0.717 ± 0.022	15.461 ± 2.872	2.747 ± 0.427	5.618 ± 2.411	0.277 ± 0.094	1.872 ± 0.342	
Apprentissage Profond	Segmentation	0.738 ± 0.033	0.776 ± 0.026	0.756 ± 0.015	0.756 ± 0.015	0.844 ± 0.014	9.63 ± 1.388	1.488 ± 0.211	3.203 ± 1.689	0.172 ± 0.115	0.834 ± 0.254	
	$G_{\text{reco,IXI}}$	0.743 ± 0.032	0.738 ± 0.026	0.739 ± 0.014	0.74 ± 0.014	0.842 ± 0.014	9.886 ± 1.349	1.552 ± 0.21	1.697 ± 1.029	0.362 ± 0.112	0.797 ± 0.181	

TABLEAU 3.6 – Résultats de notre post-traitement entraîné sur IXI et appliqué sur la base de données Bullitt.

		Méthode	Métriques Volumiques				Métriques Géométriques			Métriques Topologiques		
			TPR \uparrow	PPV \uparrow	MCC \uparrow	Dice \uparrow	CIDice \uparrow	95HD \downarrow	ASSD \downarrow	ϵ_{β_0} \downarrow	ϵ_{β_1} \downarrow	ϵ_{χ} \downarrow
Approche Variationnelle	Segmentation	0.344 ± 0.139	0.721 ± 0.126	0.473 ± 0.116	0.45 ± 0.129	0.533 ± 0.166	11.623 ± 4.213	2.954 ± 1.017	159.653 ± 215.508	5.059 ± 11.317	286.341 ± 465.908	
	$G_{\text{reco,Vascusynth}}$	0.375 ± 0.141	0.74 ± 0.102	0.499 ± 0.091	0.477 ± 0.114	0.600 ± 0.093	14.003 ± 5.243	2.989 ± 0.999	16.725 ± 24.502	4.863 ± 6.8	25.02 ± 45.649	
Apprentissage Profond	Segmentation	0.635 ± 0.187	0.728 ± 0.182	0.643 ± 0.073	0.634 ± 0.083	0.743 ± 0.059	11.173 ± 3.907	2.265 ± 0.757	2.674 ± 2.111	0.818 ± 0.583	5.955 ± 5.66	
	$G_{\text{reco,Vascusynth}}$	0.654 ± 0.182	0.663 ± 0.179	0.619 ± 0.073	0.615 ± 0.082	0.661 ± 0.06	12.399 ± 3.94	2.566 ± 0.837	0.364 ± 0.491	4.473 ± 7.692	2.822 ± 3.931	

TABLEAU 3.7 – Résultats de notre post-traitement entraîné sur VascuSynth et appliqué sur la base de données IRCAD.

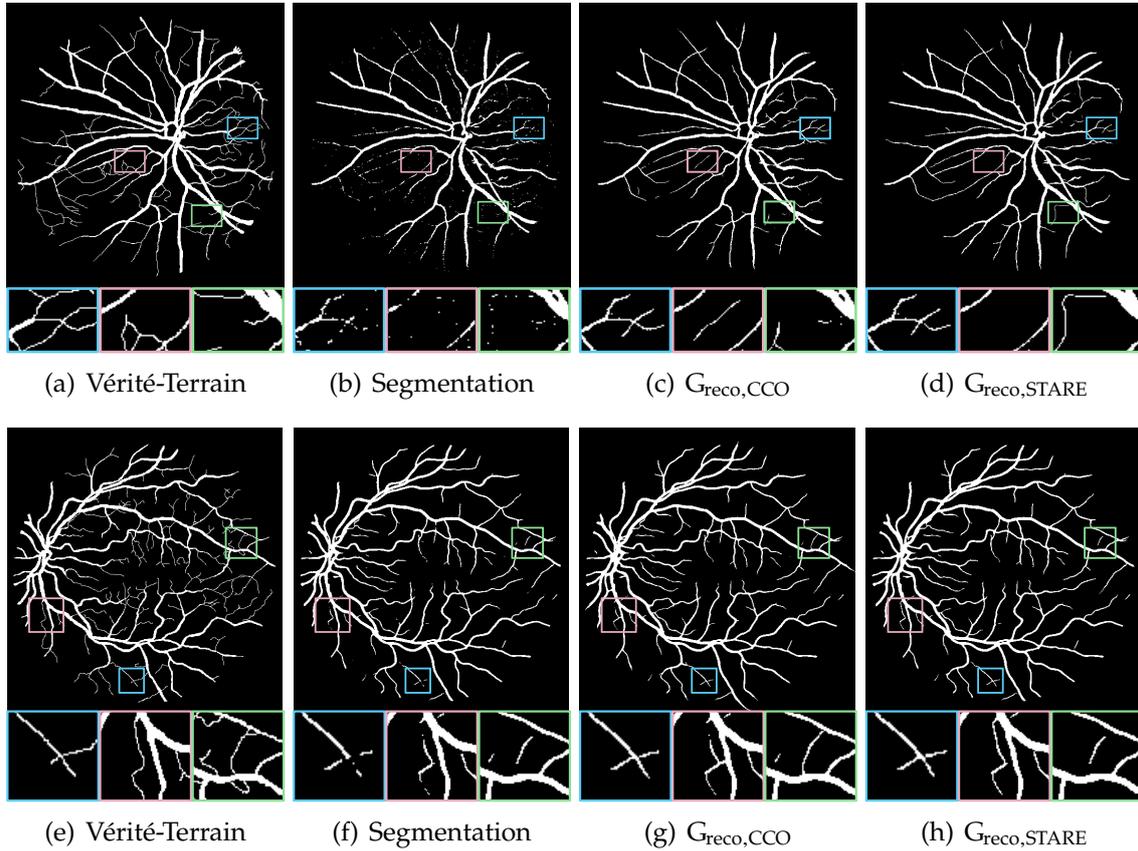


FIGURE 3.12 – Résultats de notre post-traitement appliqué à un résultat de segmentation de l’approche variationnelle (ligne supérieure) et de l’approche d’apprentissage profond (ligne inférieure) sur une image de DRIVE. (b) et (f) représentent les résultats de segmentation des approches variationnelle et d’apprentissage profond avant le post-traitement. G_{reco} est entraîné soit sur le jeu de données synthétiques OpenCCO (c) et (g), soit sur le jeu de données réelles STARE (d) et (h). Les zooms bleus montrent des reconnections réussies par notre post traitement, alors que les zooms verts et roses montrent les différences de reconnections entre $G_{\text{reco,STARE}}$ et $G_{\text{reco,CCO}}$.

bien dû à l'ajout de fragments vasculaire permettant d'augmenter la connectivité des résultats, comme le montre la chute importante de ϵ_{β_0} (plus de 90 % sur DRIVE, 80% sur Bullitt et 89% sur l'IRCAD pour l'approche variationnelle, et plus de 67%, 47% et 88% respectivement pour l'apprentissage profond).

L'augmentation du TPR est accompagnée d'une baisse du PPV. Cela indique une augmentation des *FP*, attribuables à certains fragments ajoutés pour reconnecter les structures vasculaires. Ces derniers peuvent être nécessaires, mais ne se superposent pas avec l'annotation manuelle. Ils peuvent aussi résulter d'une hallucination de structures vasculaires causée par des artefacts. Ce sont ces erreurs qui entraînent une légère augmentation du 95HD et de l'ASSD après post-traitement. Malgré cela, l'utilisation de notre méthode sur des segmentations obtenues par approche variationnelle améliore drastiquement les résultats de segmentation comme le montre les résultats visuels et l'amélioration du MCC et du Dice malgré la hausse des FP.

L'utilisation de notre post-traitement sur les segmentations obtenues par apprentissage profond permet également de bien reconnecter certains vaisseaux comme le montrent les baisses significatives de ϵ_0 (plus de 67 % sur DRIVE, 47% sur Bullitt et 88% sur l'IRCAD).

Néanmoins, notre post-traitement appliqué sur les segmentations par apprentissage profond entraîne une légère baisse du MCC et du Dice en 2D et 3D. Par exemple, sur la base de données Bullitt, nous pouvons observer dans la Figure 3.13 que l'application du modèle entraîne l'élargissement des structures vasculaires et ainsi une hausse des faux positifs. Cela est probablement dû au fait que les annotations fournies dans le jeu de données IXI surestiment le diamètre des vaisseaux comparativement à celles de Bullitt, comportement que notre modèle tend à reproduire. Cette hypothèse est également soutenue par le fait que 95HD et l'ASSD n'augmentent que légèrement. Ce type d'erreur, lié à la qualité des annotations, n'est pas nécessairement problématique pour de nombreuses applications suivant la segmentation, car il n'altère pas la géométrie du réseau vasculaire. Dans ce cas, notre post-traitement est donc toujours souhaitable.

Cependant, dans le cas du post-traitement des segmentations par apprentissage profond de l'IRCAD, les résultats de notre post-traitement ne sont pas satisfaisants. En effet, nous pouvons observer dans la Figure 3.14 que les extrémités des vaisseaux sanguins ont été rallongées à tort, créant de fausses reconnections. La segmentation par apprentissage profond étant plus dense que celle obtenue par approche variationnelle, elle est moins semblable aux structures vues par le modèle reconecteur au cours de l'entraînement. De ce fait, l'application du modèle sur ces segmentations vont les dégrader au cours de l'application itérative. La dégradation du réseau vasculaire est alors importante et cette dernière ne semble pas pertinente et utilisable par la suite.

En 2D, il est intéressant de noter que les modèles entraînés $G_{\text{reco,STARE}}$ et $G_{\text{reco,CCO}}$ produisent des résultats similaires. Le terme entraîné sur les données CCO aura cependant plus tendance à créer de fausses connexions. Nos termes de reconnexion apprennent à reconnecter uniquement sur la base de caractéristiques géométriques. Par conséquent, plus la géométrie des vaisseaux dans le jeu de données d'entraînement est proche de celle du jeu de données de test, meilleures sont ses performances. Néanmoins, la baisse de performance est assez faible, ce qui rend notre terme très utile dans un contexte purement non supervisé en 2D lorsqu'aucune annotation vasculaire

n'est disponible. Dans le cas 3D, même si aucune annotation n'est disponible sur la base de donnée cible, il est souhaitable d'avoir quelques annotations d'une base de données similaire pour apprendre une géométrie proche du réseau vasculaire cible.

3.4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons proposé un *framework* de post-traitement de segmentations vasculaires afin d'améliorer leur connectivité. Il comprend un algorithme pour générer des paires réalistes de structures vasculaires connectées/déconnectées ainsi que l'entraînement d'un modèle reconnecteur pouvant être appris à partir d'un jeu de données contenant des arbres vasculaires binaires. Une fois appris, ce modèle peut alors être utilisé comme post-traitement de segmentation vasculaire. Ce post-traitement peut être utilisé dans un contexte non supervisé ou supervisé selon la disponibilité des annotations vasculaires sur le jeu de données d'intérêt.

Nous avons mené une validation approfondie de notre approche à la fois en 2D et en 3D et montré que notre post-traitement est robuste à la taille des déconnexions présentes dans les segmentations, converge vers un résultat reconnecté lorsqu'il est utilisé de manière itérative et améliore significativement la connectivité des résultats de segmentation. Cette approche est basée uniquement sur les propriétés géométriques des vaisseaux dans les segmentations binaires, et donc quelques fausses reconnections peuvent apparaître. Dans le chapitre suivant, nous proposons de contourner ce problème en réalisant la segmentation et la reconnexion de manière conjointe à travers une approche de segmentation dite *plug-and-play*.

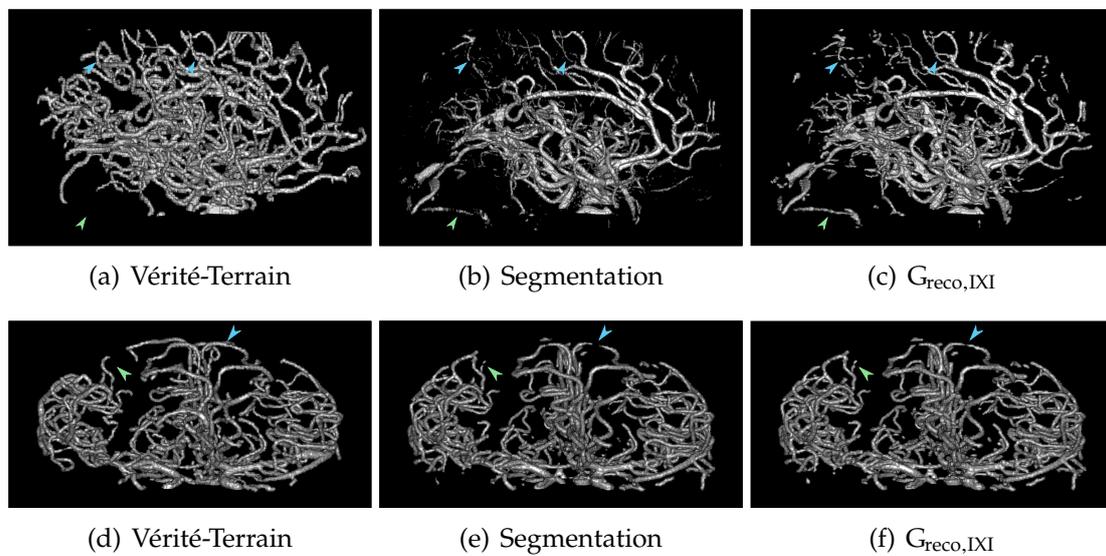


FIGURE 3.13 – Résultats de notre post-traitement appliqué à un résultat de segmentation de l’approche variationnelle (ligne supérieure) et de l’approche d’apprentissage profond (ligne inférieure) sur une image de Bullitt. (b) et (e) représentent les résultats de segmentation des approches variationnelle et d’apprentissage profond avant le post-traitement. (c) et (f) sont les images après l’application de G_{reco} entraîné sur le jeu de données IXI. Les flèches bleues pointent des reconnections réussies par notre post traitement alors que les flèches vertes pointent des reconnections incorrectes.

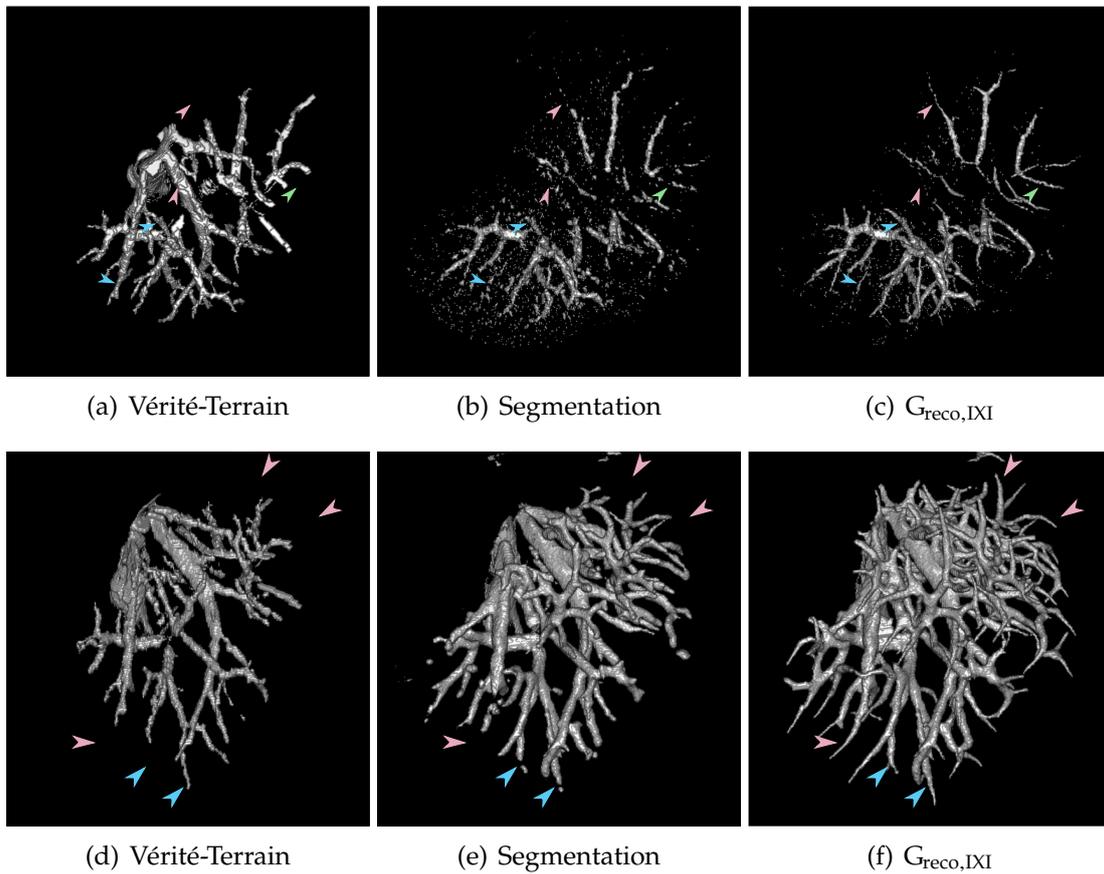


FIGURE 3.14 – Résultats de notre post-traitement appliqué à un résultat de segmentation de l’approche variationnelle (ligne supérieure) et de l’approche d’apprentissage profond (ligne inférieure) sur une image de l’IRCAD. (b) et (e) représentent les résultats de segmentation des approches variationnelle et d’apprentissage profond avant le post-traitement. (c) et (f) sont les images après l’application de G_{reco} entraîné sur le jeu de données synthétique Vascusynth. Les flèches bleues pointent des reconnections réussies par notre post-traitement alors que les flèches roses pointent des reconnections incorrectes ou des hallucinations de structures vasculaires.

4 | Approche *plug-and-play* pour la préservation de la connectivité des réseaux vasculaires

4.1	Approches hybrides	68
4.1.1	Approches <i>plug-and-play</i>	69
4.1.2	Approche <i>unrolled</i>	71
4.1.3	Approche <i>Deep equilibrium</i>	72
4.1.4	Choix de la stratégie	73
4.2	Modèle de segmentation variationnelle	74
4.2.1	Définition du modèle	75
4.2.2	Résolution du modèle de segmentation	76
4.3	Injection du terme reconnecteur	77
4.4	Expériences	78
4.4.1	Configuration expérimentale de notre approche	79
4.4.2	Étude ablativ	79
4.4.3	Résultats et comparaisons	89
4.5	Conclusion	98

Comme mentionné précédemment dans le chapitre 1, l'apprentissage profond apprend une fonction implicite non linéaire afin de décrire des processus complexes. Cependant, son interprétation demeure difficile. L'approche variationnelle, quant à elle, permet de résoudre un problème inverse de manière plus interprétable, mais peut être difficile à définir du fait de sa modélisation explicite. Récemment, plusieurs travaux ont été consacrés à la résolution de problèmes inverses en combinant ces deux approches, souvent désignées sous le nom d'approches hybrides. Pour une analyse plus exhaustive de la résolution de problèmes inverses en utilisant des approches hybrides, les études [81] et [78] sont disponibles.

Dans ce chapitre, nous exposerons dans un premier temps ces approches hybrides. Puis, nous présenterons notre méthode de segmentation de réseaux vasculaires basée sur une approche hybride. Enfin, nous mènerons une étude approfondie de notre approche, en évaluant sa performance et en comparant ses résultats à ceux d'autres méthodes existantes.

4.1 Approches hybrides

Rappelons le problème inverse introduit dans le chapitre 1 et sa résolution à l'aide de l'approche variationnelle. Le problème inverse est défini par :

$$f = Au + n, \quad (4.1)$$

avec $n \in \mathbb{R}^{N \times M}$ un bruit corrompant l'image, $A : \mathbb{R}^{N \times M} \rightarrow \mathbb{R}^{N \times M}$ le modèle direct, $u \in \mathbb{R}^{N \times M}$ l'image idéale et $f \in \mathbb{R}^{N \times M}$ l'image observée. Pour résoudre ce problème, nous pouvons minimiser l'énergie suivante :

$$\hat{u} = \arg \min_{u \in \mathbb{R}^{N \times M}} D(u, f) + \lambda R(u), \quad (4.2)$$

avec $R(\cdot)$ un terme de régularisation, λ le coefficient de régularisation et $D(\cdot)$ un terme d'attache aux données. Afin de simplifier les explications et les illustrations des méthodes hybrides, nous supposons dans la suite du chapitre que le terme d'énergie D est défini par $D(u, f) = \|Au - f\|_2^2$, et que le terme de régularisation R est non différentiable.

La ligne directrice des méthodes hybrides est d'intégrer intelligemment l'apprentissage profond dans la formulation de l'énergie à minimiser. Le terme d'attache aux données représentant un phénomène physique, sa formulation est généralement aisée en utilisant des modèles physiques établis. En revanche, le terme de régularisation est une contrainte que nous imposons à la solution, et sa modélisation est souvent plus complexe. Ainsi, l'apprentissage profond intervient souvent pour compléter ou remplacer le terme de régularisation explicite.

Dans cette section, nous allons présenter les différentes approches hybrides en prenant pour exemple la résolution *forward-backward* (voir Section 1.1.4), illustrée dans la Figure 4.1.

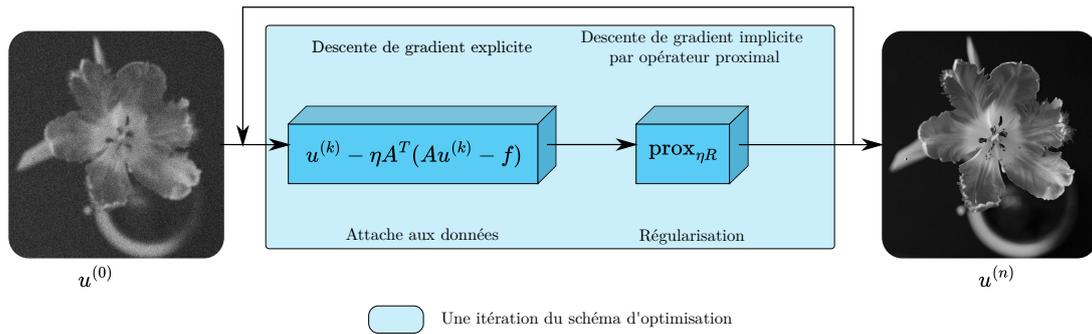


FIGURE 4.1 – Résolution d’un problème inverse en utilisant la méthode *forward-backward*. Une descente de gradient avec un pas η est tout d’abord appliquée sur le terme d’attache aux données avant d’appliquer un pas de descente implicite sur le terme de régularisation R qui n’est pas dérivable grâce à l’opérateur proximal. Ce schéma d’optimisation est itéré n fois.

4.1.1 Approches *plug-and-play*

L’idée centrale de l’approche *plug-and-play* est de substituer le terme de régularisation R par un algorithme externe. Ce fut introduit dans de nombreux travaux [34, 108, 19] dans lesquels l’opérateur proximal du terme de régularisation a été remplacé par un algorithme de débruitage classique comme BM3D [18].

Cette idée a ensuite été reprise en remplaçant l’algorithme débruiteur par un réseau de neurones débruiteur appris par apprentissage profond [69, 116, 88]. Une fois appris, ce réseau débruiteur est utilisé à la place de l’opérateur proximal du terme de régularisation dans un schéma d’optimisation tel que celui du *forward-backward*.

Le réseau débruiteur est généralement appris à l’aide d’une base de données composées d’images bruitées artificiellement, en amont de la résolution du problème variationnel. Une fois appris, un même terme peut être utilisé pour différentes applications tel que le *demosaicking*, l’*inpainting* ou le défloutage.

Cette méthode est illustrée dans la figure 4.2.

Si nous reprenons l’exemple de la résolution utilisant l’algorithme *forward-backward* :

$$u_{k+1} = \text{prox}_{\eta\lambda R}(u_k - \eta A^T(Au_k - f)), \quad (4.3)$$

Le modèle débruiteur est injecté dans le schéma d’optimisation itératif :

$$u_{k+1} = G(u_k - \eta A^T(Au_k - f)), \quad (4.4)$$

avec G un réseau de neurones débruiteur entraîné, u_k l’image restaurée à la $k^{\text{ième}}$ itération.

Le modèle G est entraîné soit directement sur la base de données cible, soit sur une base de données d’entraînement distincte de celle cible. Une fois injecté dans la méthode de résolution, le modèle G est appliqué sur des images qui peuvent différer plus ou moins des images sur lesquelles il a été entraîné. En effet, il n’y a aucune garantie que $u_k - \eta A^T(Au_k - f)$ appartienne à la même distribution que les images u_k ou f . Il est donc essentiel que le modèle G ait la capacité de généraliser efficacement à une diversité de types de données afin de pouvoir l’utiliser dans une approche *plug-and-play*.

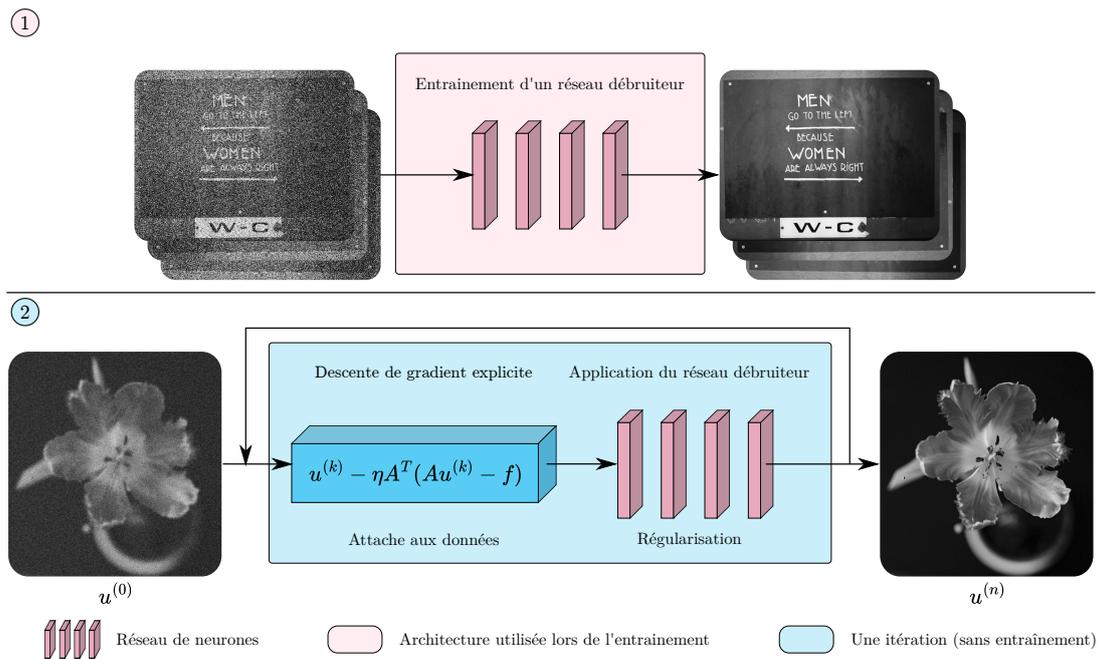


FIGURE 4.2 – Approche *plug-and-play*. Un modèle débruiteur est tout d’abord appris. Il est ensuite injecté dans un schéma d’optimisation itératif (ici avec la méthode *forward-backward*) comme un opérateur proximal permettant ainsi de résoudre la tâche souhaitée.

Comme aucune annotation n’est nécessaire pour entraîner G , il est possible d’utiliser un grand nombre de données [115], pour renforcer la capacité de généralisation du réseau. L’architecture du modèle peut également être adaptée, comme l’ont fait [115] et [55], en utilisant un DRUNet, une variante du U-Net qui incorpore des boucles résiduelles le rendant ainsi plus robuste aux variations présentes dans les données d’entrée.

Une autre stratégie consiste à ajuster les données pendant l’entraînement pour les faire ressembler davantage à l’expression $u_k - \eta A^T(Au_k - f)$, comme le montre [83].

Dans le schéma *forward-backward* classique, la descente de gradient implicite fait intervenir deux paramètres : η le pas de la descente du gradient implicite, et λ le poids de régularisation. Or nous pouvons remarquer que ces deux paramètres disparaissent dans l’équation (4.4), et sont remplacés par le modèle G . Dans l’approche *plug-and-play*, nous ne pouvons donc plus jouer sur le poids de régularisation pour contrôler le niveau de débruitage appliqué sur l’image.

Plusieurs travaux ont alors proposé des stratégies pour palier ce problème. Certaines méthodes visent à apprendre un pas fixe en utilisant un seul niveau de bruit au cours de l’apprentissage, comme Meinhardt *et al.* [69]. Zhang *et al.* [116] proposent d’apprendre 25 modèles avec un niveau de bruit différent chacun afin de pouvoir ajuster le poids de régularisation en fonction des besoins. Cette approche est cependant lourde en matière de ressources. Plus récemment, des modèles prenant comme paramètre supplémentaire une carte de bruits [118, 115, 55] permet de spécifier le niveau de débruitage souhaité au moment de l’utilisation de l’approche, c’est-à-dire pouvoir choisir et faire varier le poids de régularisation avec un même modèle sans un nouvel

apprentissage.

Bien que nous illustrions l'approche *plug-and-play* avec l'algorithme *forward-backward*, celle-ci peut être utilisée avec d'autres algorithmes d'optimisation comme le *Primal-Dual Hybrid Gradient* (PDHG) [69], le *Half quadratic splitting* (HQS) [116, 115], ou encore le *alternating direction method of multipliers* (ADMM) [55]. Ces méthodes, appliquées sur le problème de l'équation (4.2), garantissent une convergence vers la solution, sous certaines conditions sur D et R .

En remplaçant le terme de régularisation par un réseau de neurones, la convergence de ces algorithmes est alors remise en question. Certains travaux ont étudié la question et ont montré une convergence empirique [69, 116, 115].

Plusieurs travaux ont proposé des stratégies pour assurer une convergence théorique des approches *plug-and-play*. Des contraintes peuvent être imposées lors de l'apprentissage du modèle débruiteur afin que la fonction apprise ait certaines propriétés nécessaires afin d'assurer la convergence vers la solution. La majorité des méthodes proposées se basent sur la définition d'un terme débruiteur étant de gradient k -Lipschitz [78]. Une autre approche se base sur la redéfinition du problème 4.2 sous la forme de sous-différentielles. Sous certaines conditions, la sous-différentielle peut être considéré comme un opérateur monotone maximal. Dans ce cadre, Pesquet *et al* [83] ont proposé d'apprendre la résolvante de cet opérateur. Le modèle est alors contraint d'être 1-Lipschitz *via* la fonction de coût afin d'obtenir la convergence de l'algorithme de résolution.

Il a aussi été proposé d'apprendre le terme de régularisation directement au lieu d'apprendre sa résolvante [66]. De la même manière que les autres méthodes, la convergence est assurée en soumettant le réseau de neurones à une contrainte de continuité Lipschitz.

L'approche *plug-and-play* permet d'apprendre un terme de régularisation indépendamment de la tâche effectuée (débruitage, segmentation, inpainting...). Aucun jeu de données annoté n'est nécessaire à l'apprentissage du modèle utilisé, car les données d'entraînement peuvent être créés artificiellement. Cependant, cette approche demande une grande quantité de données d'entraînement afin d'apprendre un modèle qui généralise bien lors de son injection dans le schéma d'optimisation itératif.

Lorsqu'un jeu de données contenant des annotations est disponible pour la tâche cible, il est possible d'apprendre un terme de régularisation spécifique à l'application souhaitée, tout en conservant la modélisation explicite par le terme d'attache aux données. Ce type d'approche, dite *unrolled*, sera introduite dans la section suivante.

4.1.2 Approche *unrolled*

En reprenant la définition du problème inverse (comme indiqué dans l'équation (4.1)), il est parfois envisageable de calculer la pseudo-inverse de la transformation A . Elle peut alors être utilisée comme la première couche du réseau de neurones. La deuxième couche du réseau de neurones permet de reconstruire les informations perdues due à l'approximation de A^{-1} , comme décrit dans [20].

Cependant, dans le cas où l'inverse et la pseudo-inverse de A ne peuvent pas être calculés, cette méthode ne peut pas être appliquée. Adler *et al.* [1] ont alors proposé d'effectuer un nombre d'itérations fixe du schéma d'optimisation en remplaçant la régularisation par un réseau de neurones débruiteur pré-entraîné à chaque itération. Chaque itération du schéma d'optimisation correspond ainsi à une couche du réseau de neurones (voir Figure 4.3).

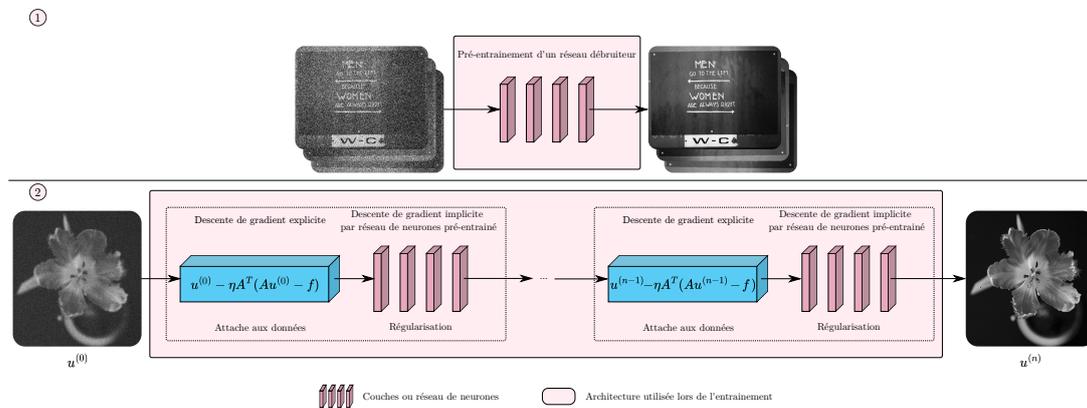


FIGURE 4.3 – Approche *unrolled*. Apprentissage de n itérations du schéma d'optimisation permettant la résolution d'un problème inverse. Un terme débruiteur peut être pré-entraîné au préalable et injecté comme opérateur proximal. Lors de l'entraînement, certains paramètres de la descente de gradient explicite, tel que η peuvent être aussi appris pour chaque itération.

Tout d'abord, Adler *et al.* [1] ont montré l'efficacité de la méthode en remplaçant les opérateurs proximaux utilisés dans la méthode primal-dual par des réseaux de neurones débruiteur pré-entraînés. Ensuite, ils ont remplacé d'autres paramètres tels que les pas des descentes de gradients par des poids du réseau à optimiser. Chaque pas de descente peut alors être optimisé séparément à chaque itération. Cette approche a été reprise dans de nombreux travaux, avec différentes méthodes de résolutions [103, 117, 42, 54].

Comme chaque réseau de neurones est entraîné sur un jeu de données annoté cible, l'approche *unrolled* n'est pas généralisable à d'autres applications ou jeux de données. Elle doit donc être ré-entraînée à chaque changement de tâche ou de jeu de données. De plus, comme le réseau de neurones a été entraîné pour n itérations, il n'est pas possible d'augmenter le nombre d'itérations appliqué après entraînement. Pour résoudre ce problème, il a été proposé d'adapter la méthode en utilisant une architecture de réseau de neurones appelé *deep equilibrium* [28].

4.1.3 Approche *Deep equilibrium*

Le principe d'un réseau de neurones *deep equilibrium* [3] repose sur la définition d'une fonction pouvant représenter une couche de réseau de neurones. Cette fonction peut être répétée n fois pour construire un réseau de neurones tel que :

$$x_{k+1} = G(x_k), \quad (4.5)$$

avec $k \in [0, n]$ le numéro de couche du réseau de neurones ayant pour entrée x_k (la sortie de la couche précédente) et pour sortie x_{k+1} . Chaque couche partage la même fonction G .

L'équation (4.5) peut rappeler l'écriture d'un schéma d'optimisation itératif tel que celui de la méthode forward-backward rappelé dans l'équation (4.3). Ainsi, au lieu d'entraîner un réseau de neurones de n couches pour appliquer n itérations du schéma d'optimisation, le *deep equilibrium* consiste à la définition d'une seule couche, représentant une itération du schéma d'optimisation, qui peut être répétée n fois. De la même manière que pour l'approche *unrolled*, un réseau débruiteur peut être pré-entraîné pour être ensuite intégré à l'architecture de la fonction G . L'approche est représentée dans la Figure 4.4.

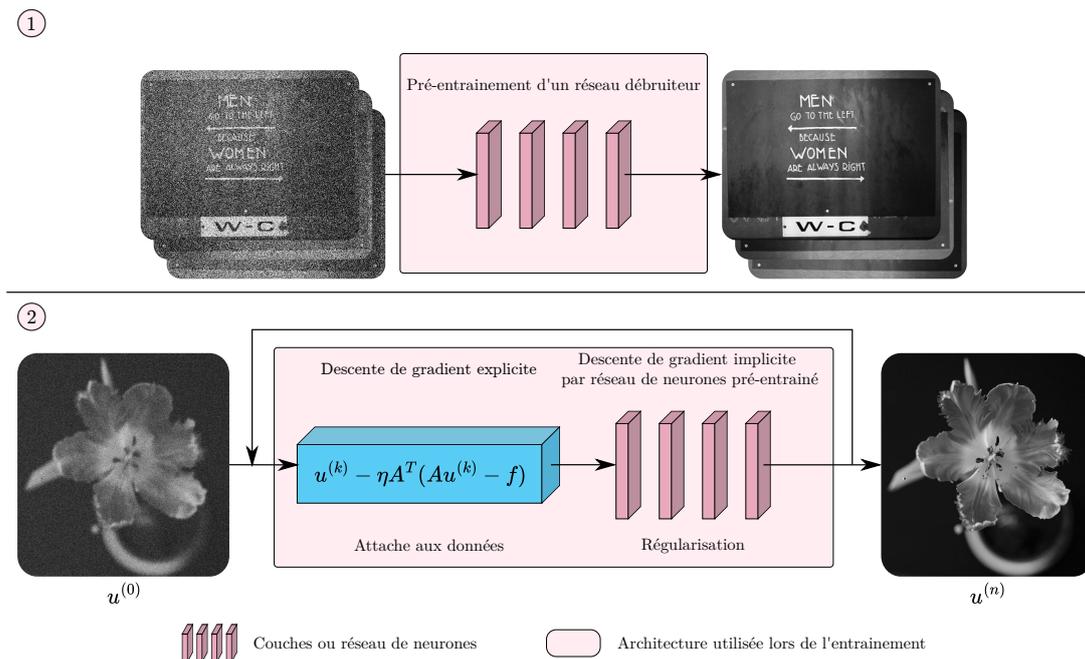


FIGURE 4.4 – Approche *deep equilibrium*. Apprentissage d'une itération d'un schéma d'optimisation avec un terme débruiteur appris au préalable, injecté comme opérateur proximal. Comme pour l'approche *unrolled* d'autres paramètres du schéma peuvent être appris. Cette itération pourra ainsi être appliquée jusqu'à convergence vers une solution pour la tâche souhaitée.

L'application successive de G doit permettre la convergence vers une solution. Afin d'assurer cette propriété, l'architecture du réseau de neurones, c'est-à-dire G , doit être 1-Lipschitz continue.

4.1.4 Choix de la stratégie

Les approches *unrolled* et *deep equilibrium* visent à intégrer la méthode de résolution variationnelle au sein d'un réseau de neurones. Lors de l'entraînement, elles nécessitent donc des données annotées pour la tâche d'intérêt. En revanche, l'approche *plug-and-play*, vise à seulement apprendre un terme de régularisation générique, pour ensuite l'intégrer dans la méthode de résolution itérative.

Or, les jeux de données annotées pour la tâche de segmentation de réseaux vasculaires sont rares et souvent indisponibles dans un contexte clinique. De ce fait, notre objectif est de développer une approche de segmentation non supervisée, c'est-à-dire ne nécessitant aucune annotation de la base de donnée cible. Ainsi, nous nous sommes tournés naturellement vers l'approche *plug-and-play*.

Comme décrit dans le Chapitre 1, le terme de régularisation le plus utilisé pour la segmentation variationnelle est la variation totale. Elle permet de favoriser l'obtention d'une image lisse par morceaux, et donc débruitée. Du fait de la finesse des structures vasculaires et de leur faible contraste, l'utilisation de la variation totale donne souvent des segmentations vasculaires déconnectées. Comme nous l'avons vu dans la Section 4.1.1, le terme de régularisation habituellement appris est un terme débruiteur. Cependant, pour apprendre un terme débruiteur adapté aux structures vasculaires, il est nécessaire d'utiliser des images d'entraînement de la modalité cible. Cela rendrait le terme dépendant de la modalité, ce qui est contraire à nos intentions.

Or, dans le chapitre 3, nous avons proposé l'apprentissage d'un modèle permettant la reconnexion des fragments de vaisseaux déconnectés après segmentation. Les modèles proposés (2D / 3D) ont été appris sur des arbres vasculaires binaires et appliqués comme post-traitement sur des segmentations obtenues grâce à différentes approches de segmentations pour montrer leurs efficacités. Cependant, utiliser le modèle en post-traitement ne permet pas de prendre en compte *a priori* sur la structure vasculaire présente dans les images médicales avant leur segmentation.

Ainsi, nous proposons dans ce chapitre d'appliquer conjointement la segmentation et notre modèle reconnecteur en tirant parti de l'approche *plug-and-play*. Ce dernier est injecté comme l'opérateur proximal d'un terme de régularisation pour préserver la connectivité d'un réseau vasculaire lors de sa segmentation variationnelle. Comme précisé dans le Chapitre 3, les modèles peuvent être appris sur un jeu de données contenant des arbres vasculaires binaires différents du jeu de données cibles. Ainsi, notre méthode est considérée comme une **méthode non supervisée**.

Pour avoir une vue d'ensemble de la méthode, nous proposons un schéma (voir Figure 4.5) qui résume les différentes étapes de la méthodologie pour pouvoir appliquer notre modèle de segmentation. Nous avons ajouté les étapes liées à l'apprentissage du modèle reconnecteur présenté dans le Chapitre 3.

Nous allons dans un premier temps introduire le modèle variationnel choisi pour appliquer une segmentation.

4.2 Modèle de segmentation variationnelle

Afin d'assurer le bon fonctionnement de notre méthode, la définition du modèle de segmentation variationnel doit être cohérente avec le fonctionnement de notre modèle reconnecteur. Ce dernier a été entraîné à reconnecter des structures vasculaires représentées par des régions. Par conséquent, nous avons développé un modèle de segmentation variationnel basé sur une approche par région. Nous commencerons par présenter ce modèle variationnel, puis nous exposerons la méthode de résolution sélectionnée.

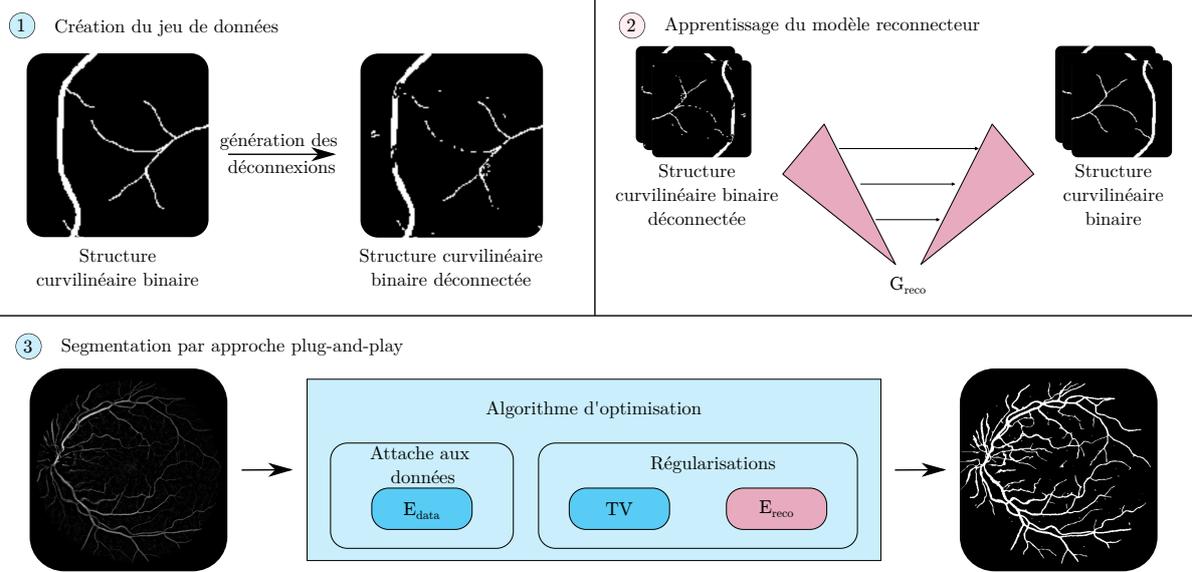


FIGURE 4.5 – Pipeline de notre méthode de segmentation vasculaire non supervisée. Tout d’abord, un jeu de données d’images vasculaires connectées/déconnectées est généré. Ensuite, ce jeu de données est utilisé pour entraîner un modèle reconecteur G_{reco} via une architecture U-Net résiduelle. Enfin ce modèle est injecté dans un schéma d’optimisation variationnel comme l’opérateur proximal de E_{reco} .

4.2.1 Définition du modèle

Dans le Chapitre 1, nous avons présenté le modèle de Chan composé du terme d’attaches aux données D et d’une régularisation R .

Le terme d’attaches aux données est défini avec le terme de Chan-Vese [9] :

$$D(u, f) = \sum_{(i,j)} u_{ij} \left((c_1 - f_{ij})^2 - (c_2 - f_{ij})^2 \right), \quad (4.6)$$

avec c_1 et c_2 les constantes de fond et de forme de l’image.

La régularisation R est la variation totale [91] :

$$\text{TV}(u) = \lambda \|\nabla u\|_{2,1}, \quad (4.7)$$

avec λ le coefficient de régularisation qui permet de contrôler le poids de la variation totale et ainsi réguler la force du débruitage imposé, et $\nabla u = (u_x, u_y)$ le gradient de u .

La variation totale joue un rôle important dans la segmentation. En effet, elle permet d’obtenir une segmentation débruitée. Dans le cadre de notre méthode, nous voulons donc la garder comme régularisation. Il est donc nécessaire de reformuler le problème pour faire apparaître un troisième terme d’énergie qui permettra d’injecter notre modèle.

Ainsi, nous proposons d’ajouter un terme de régularisation qui permet d’imposer que la solution soit comprise dans l’ensemble des images. Pour cela, nous utilisons la fonction indicatrice de $[0, 1]^{N \times M}$:

$$\iota_{[0,1]^{N \times M}}(u) = \begin{cases} 0 & \text{si } x \in [0, 1] \\ +\infty & \text{sinon} \end{cases} \quad (4.8)$$

Le terme de régularisation est donc composé de deux énergies telles que :

$$R(u) = \iota_{[0,1]^{N \times M}}(u) + \text{TV}(u) \quad (4.9)$$

Ainsi, nous avons trois termes d'énergies à minimiser pour obtenir une segmentation variationnelle de nos structures vasculaires. Dans le cadre de notre méthode, $\iota_{[0,1]^{N \times M}}$ sera remplacé par notre terme reconnecteur. Comme nous l'avons vu dans le chapitre 1, cette énergie peut être minimisée en la définissant sous la forme d'un problème primal-dual.

4.2.2 Résolution du modèle de segmentation

Un problème primal-dual peut être défini selon la forme de la minimisation suivante :

$$\begin{aligned} \hat{u} &\in \text{Arg min}_{u \in \mathbb{R}^{N \times M}} g_1(u) + g_2(Lu) + g_3(u), \\ \hat{v} &\in \text{Arg min}_{v \in \mathbb{R}^K} (g_1^* \square g_3^*)(-L^T v) + g_2^*(v) \end{aligned} \quad (4.10)$$

avec $g_1, \in \Gamma_0(\mathbb{R}^{N \times M})$, $g_2 \in \Gamma_0(\mathbb{R}^K)$, et $g_3 \in \Gamma_0(\mathbb{R}^{N \times M})$ différentiable et de gradient k -Lipschitz. $L \in \mathbb{R}^{K \times N \times M}$ est un opérateur et \hat{u} la solution du problème primal et \hat{v} celle du problème dual. g^* est la fonction conjuguée de g , \square l'opérateur d'inf-convolution défini tel que $(f \square g)(x) = \inf_{y \in \mathbb{R}^{N \times M}} f(y) + g(x - y)$.

Pour appliquer notre modèle de segmentation, nous avons posé les fonctions et opérateurs suivants :

$$\begin{aligned} g_1(u) &= \iota_{[0,1]^{N \times M}}(u) \quad . \\ g_2(u) &= \lambda \|u\|_{2,1}, \\ L &= \nabla, \\ g_3(u, f) &= D(u) = \sum_{(i,j)} u_{ij} \left((c_1 - f_{ij})^2 - (c_2 - f_{ij})^2 \right), \end{aligned} \quad (4.11)$$

De cette manière, notre modèle de segmentation peut être résolu à l'aide de la méthode forward-backward Primal-Dual (FBPD) [109, 17] suivante :

$$\begin{aligned} u_{n+1} &= \text{prox}_{\tau g_1}(u_n - \tau(\nabla g_3(u_n) + L^T v_n)) \\ v_{n+1} &= \text{prox}_{\sigma g_2^*}(v_n + \sigma L(2u_{n+1} - u_n)), \end{aligned} \quad (4.12)$$

avec prox_g désignant l'opérateur proximal de g , g^* la fonction conjuguée de g , $\tau \in \mathbb{R}^+$ et $\sigma \in \mathbb{R}^+$ des hyperparamètres scalaires. τ et σ doivent être fixés selon l'équation (4.13) pour assurer la convergence de l'algorithme.

$$\tau^{-1} - \sigma \|L\|_S^2 \geq \frac{k}{2}, \quad (4.13)$$

avec $\|\cdot\|_S$ la norme spectrale.

Dans le schéma itératif de la méthode FBPD (équation (4.12)), l'opérateur proximal (voir chapitre 1) de la fonction indicatrice $\iota_{[0,1]^{N \times M}}$ ainsi que celui du conjugué de g_2 doivent être calculés.

L'opérateur proximal de la fonction indicatrice $\iota_{[0,1]^{N \times M}}$ est défini comme la projection de la solution dans l'espace des images ayant des intensités comprises entre 0 et 1. La fonction de cette projection est définie dans l'équation (4.14).

$$\text{prox}_{\sigma \iota_{[0,1]^{N \times M}}}(u) = \text{proj}(u) = \begin{cases} u & \text{si } u \in [0, 1] \\ 0 & \text{si } u < 0 \\ 1 & \text{sinon} \end{cases}. \quad (4.14)$$

L'opérateur proximal de g_2^* peut lui aussi être défini explicitement tel que :

$$\text{prox}_{\sigma g_2^*}(u) = \frac{\lambda \sigma^{-1}}{\max\left(\left\|\frac{u}{\sigma}\right\|_2, \lambda \sigma^{-1}\right)}. \quad (4.15)$$

Nous pouvons remarquer qu'utiliser un algorithme FBPD simplifie aussi les calculs liés à la variation totale avec le passage dans l'ensemble dual.

Le modèle de segmentation variationnel et sa résolution étant introduits, nous allons maintenant présenter comment notre terme reconnecteur est injecté dans le modèle.

4.3 Injection du terme reconnecteur

Dans les approches *plug-and-play*, il est possible d'injecter un réseau de neurones de deux manières différentes. Soit le réseau de neurones est entraîné à apprendre le terme de régularisation directement ; ainsi, par construction, ce réseau de neurones est dérivable et la résolution du problème peut se faire par un algorithme classique de descente de gradient [66]. Soit le réseau de neurones est entraîné à apprendre la résolution du terme de régularisation, et la résolution du problème se fait en remplaçant l'opérateur proximal de ce terme de régularisation par le réseau de neurones. Étant donné que notre modèle reconnecteur G_{reco} a pour but de reconnecter les fragments de vaisseaux et d'éliminer les artefacts, il peut être considéré comme une fonction qui applique une projection dans l'espace des images des réseaux vasculaires connectés. Par conséquent, nous avons proposé de l'injecter en tant qu'opérateur proximal d'un terme de régularisation E_{reco} représentant l'énergie à minimiser pour obtenir une segmentation connectée.

Comme nous l'avons expliqué dans le Chapitre 3, notre modèle G_{reco} est défini en se basant sur des images binaires et ne peut pas être appliqué directement à une image en niveaux de gris. Au cours du schéma d'optimisation itératif (voir équation (4.12)), l'image d'entrée en niveaux de gris sera progressivement transformée en une segmentation binaire.

Nous proposons donc d'introduire G_{reco} seulement lorsque l'image se rapproche d'une image binaire. De plus, comme G_{reco} a été entraîné à prédire des images aux intensités comprises entre 0 et 1, son application permet d'imposer à ce que la solution

soit dans l'ensemble des images. Ainsi, lorsque E_{reco} est injecté, $\iota_{[0,1]^{N \times M}}$ n'est plus nécessaire. Notre terme de régularisation final R est donc défini comme suit :

$$R(u) = \begin{cases} \lambda TV(u) + E_{\text{reco}}(u) & \text{si } u \text{ quasiment binaire,} \\ \lambda TV(u) + \iota_{[0,1]^{N \times M}}(u) & \text{sinon.} \end{cases} \quad (4.16)$$

Ainsi, nous définissons les termes d'énergies utilisées de notre modèle tels que :

$$\begin{aligned} g_1(u) &= \begin{cases} E_{\text{reco}}(u) & \text{si } u \text{ quasiment binaire} \\ \iota_{[0,1]^{N \times M}}(u) & \text{sinon} \end{cases} \\ g_2(u) &= \lambda \|u\|_{2,1}, \\ L &= \nabla, \\ g_3(u, f) &= D(u) = \sum_{(i,j)} u_{ij} ((c_1 - f_{ij})^2 - (c_2 - f_{ij})^2), \end{aligned} \quad (4.17)$$

Ce modèle présente toujours trois termes d'énergies. Ainsi, il peut être appliqué grâce à la méthode FBPD présentée dans l'équation (4.12). Lorsque u est quasiment binaire, nous remplaçons alors l'opérateur proximal $\text{prox}_{\tau g_1}$ du schéma itératif FBPD par notre réseau reconnecteur G_{reco} . Ce changement est défini par un paramètre α qui est le numéro d'itération à partir duquel l'image solution devient quasiment binaire. Ce paramètre α est fixé empiriquement (voir Section 4.4).

Notre algorithme de segmentation *plug-and-play* est finalement présenté dans l'Algorithme 1.

Algorithme 1: Segmentation *plug-and-play* avec l'opérateur reconnecteur appris.

Data: $\alpha \in \mathbb{N}^{**}$, $u_0 \in \mathbb{R}^{N \times M}$, $v_0 \in \mathbb{R}^{2 \times N \times M}$, $(\tau, \sigma) \in]0, +\infty[^2$

- 1 **for** $i \geq 1$ **do**
- 2 $p_i = (u_i - \tau(\nabla h(u_i) + L^T v_i))$
- 3 **if** $i < \alpha$ **then**
- 4 $u_{i+1} = \text{prox}_{\tau \iota_{[0,1]^{N \times M}}}(p_i)$
- 5 **else**
- 6 $u_{i+1} = G_{\text{reco}}(\text{proj}(p_i))$
- 7 $v_{i+1} = \text{prox}_{\sigma g^*}(v_i + \sigma L(2p_i - u_i))$

Dans la suite du chapitre, nous allons nous intéresser à l'évaluation de notre méthode au cours de diverses expériences.

4.4 Expériences

Dans cette section, nous présenterons dans un premier temps les configurations expérimentales. Par la suite, nous ferons une analyse des éléments clés de la méthode à travers une étude ablative. Enfin, nous montrerons l'intérêt de notre approche sur différentes applications.

4.4.1 Configuration expérimentale de notre approche

La configuration expérimentale de notre méthode *plug-and-play* se divise selon deux grands axes : les configurations liées à la résolution du modèle variationnel avec l'utilisation de la variation totale et du terme de Chan-Vese, et les configurations liées à l'utilisation de G_{reco} . Pour un jeu de données spécifique, nous avons utilisé les configurations décrites ci-dessous.

Résolution du modèle variationnel

Lors de l'application du modèle variationnel, le terme de Chan-Vese nécessite que l'image à segmenter ait un fond homogène. Nous avons donc pré-traité l'image initiale en soustrayant son filtre médian. Le noyau du filtre médian a été fixé une fois pour chaque jeu de données de manière empirique. De plus, les deux paramètres c_1 et c_2 (voir équation (4.6)) correspondant respectivement aux constantes de l'objet à segmenter et celles du fond sont fixées de manière empirique en 2D et en 3D pour chaque image.

Concernant la variation totale, son coefficient de régularisation λ est optimisé en fonction du MCC pour chaque image du jeu de données, afin d'obtenir la meilleure segmentation selon ce critère.

Lors de la résolution du modèle de segmentation proposé, les paramètres τ et σ , correspondant aux pas de descente de gradients, ont été fixés respectivement à 1.587 et 10^{-3} en 2D, et à 1.493 et 10^{-3} en 3D, en se basant sur l'équation (4.13). Le schéma FBPD est appliqué jusqu'à convergence ou pour un maximum de 1000 itérations.

Modèle reconnecteur G_{reco}

L'injection de notre terme reconnecteur G_{reco} dans notre approche de segmentation se fait à $\alpha = 500$ itérations lorsque nous avons observé que u est généralement presque binaire. Les paramètres d'entraînement des modèles reconnecteurs seront précisés au cours des différentes expériences.

4.4.2 Étude ablative

Dans cette section, nous réalisons une étude ablative étudiant l'intérêt de plusieurs choix faits lors du développement de notre segmentation *plug-and-play* :

- Modèle reconnecteur avec ou sans suppression des artefacts

Dans le chapitre 3, nous avons utilisé notre réseau comme post-traitement afin de reconnecter les vaisseaux et enlever les artefacts. Cependant, enlever les artefacts n'est pas nécessairement utile lors de l'intégration du terme reconnecteur dans la segmentation *plug-and-play*. En effet, notre modèle de segmentation inclus déjà la variation totale qui vise à réduire l'apparition de bruits ou d'artefacts. Nous allons donc analyser l'importance de chaque fonctionnalité de notre modèle appris.

- Influence du paramètre α

Notre modèle reconnecteur G_{reco} est introduit à partir de α itérations afin d'assurer un bon comportement de l'algorithme. Nous avons analysé l'influence de ce paramètre sur les résultats de segmentation et à quel point nos résultats sont robustes au changement de cette valeur.

- Analyse des coefficients de régularisation et convergence de l’approche
La définition du problème sous la forme variationnelle et sa résolution permettent d’avoir une solution interprétable. En effet, le niveau d’importance des contraintes dans la définition du problème sont définissables *via* les coefficients de régularisation. De plus, selon la méthode de résolution utilisée, la convergence vers une solution est assurée. Or, intégrer notre modèle G_{reco} dans la résolution de l’approche remet en question ces propriétés. Nous avons donc analysé l’impact de son intégration sur l’utilisation des coefficients de régularisation et la convergence du schéma d’optimisation.

L’étude ablative est faite uniquement en 2D sur le jeu de test de DRIVE composé de 20 rétino-photographies annotées. Les modèles reconnecteurs utilisés sont entraînés sur le jeu de données synthétiques CCO.

Modèle reconnecteur avec ou sans suppression des artefacts

Notre terme reconnecteur accomplit deux tâches. Tout d’abord, il comble les déconnexions entre fragments vasculaires qui sont proches et dans la même orientation. Nous appelons cette tâche *fill*. De plus, il est capable de supprimer les petites composantes qui ne sont que du bruit et ne sont pas censées être reconnectées à la structure principale. Nous appelons cette tâche *remove*. Dans cette section, nous étudions ces deux tâches séparément, ainsi que leur synergie.

Nous avons entraîné trois modèles différents : G_{fill} , qui ne comble que les déconnexions entre fragments vasculaires, G_{remove} , qui ne supprime que les petits fragments non alignés avec les structures vasculaires, et G_{reco} , qui effectue les deux tâches. Les trois modèles sont entraînés avec une taille de déconnexion moyenne $s = 8$. La seule différence réside dans les données de référence utilisées pour entraîner les modèles, que nous avons générées en fonction de la tâche d’intérêt.

Les résultats de segmentation utilisant chacun des modèles séparément sont présentés dans le Tableau 4.1 et dans la Figure 4.6. Les résultats de segmentations avec le modèle de segmentation variationnel n’ayant pour terme de régularisation que la variation totale sont également indiqués comme référence (voir Section 4.2.2).

Method	Volumic Metrics				Geometric Metrics			Topological Metrics		
	TPR \uparrow	PPV \uparrow	MCC \uparrow	Dice \uparrow	CIDice \uparrow	95HD \downarrow	ASSD \downarrow	ϵ_{β_0} \downarrow	ϵ_{β_1} \downarrow	ϵ_{χ} \downarrow
TV	0.697	0.836	0.732	0.758	0.739	12.060	2.017	106.021	0.644	6.005
	± 0.053	± 0.041	± 0.026	± 0.025	± 0.043	± 3.323	± 0.452	$\pm 89,451$	± 0.133	± 2.151
G_{remove}	0.705	0.841	0.738	0.764	0.746	14.829	2.300	57.307	0.637	3.499
	± 0.056	± 0.046	± 0.024	± 0.024	± 0.046	± 4.384	± 0.582	± 37.241	± 0.307	± 1.359
G_{fill}	0.723	0.813	0.733	0.762	0.739	14.787	2.354	24.128	0.303	1.386
	± 0.053	± 0.050	± 0.025	± 0.023	± 0.042	± 4.285	± 0.600	± 18.864	± 0.168	± 0.718
G_{reco}	0.726	0.823	0.742	0.769	0.750	15.382	2.386	8.838	0.358	0.614
	± 0.054	± 0.044	± 0.023	± 0.022	± 0.041	± 4.866	± 0.627	± 11.014	± 0.206	± 0.366

TABLEAU 4.1 – Comparaison de l’impact des modèles G_{fill} , G_{remove} et G_{reco} dans la méthode *plug-and-play* sur la base de données test de DRIVE

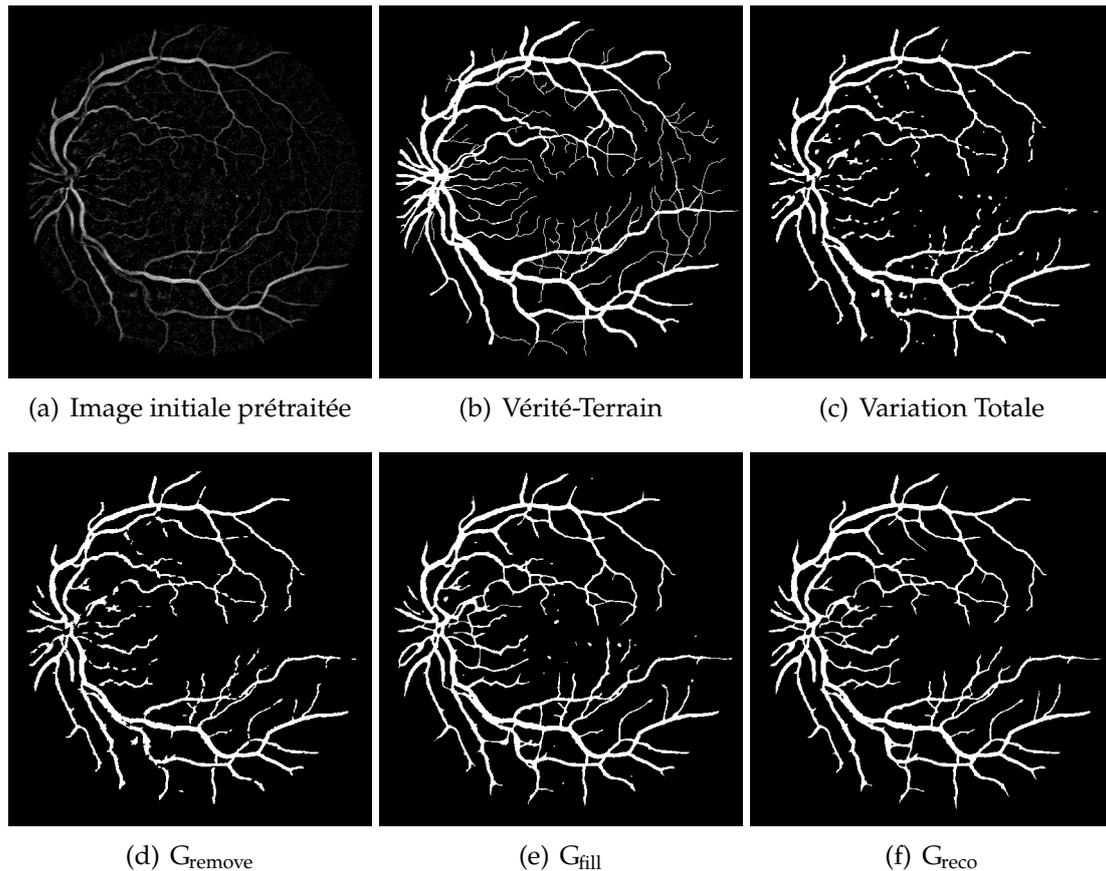


FIGURE 4.6 – Comparaison de l’impact des modèles G_{fill} , G_{remove} et G_{reco} dans la méthode *plug-and-play* sur une image de test de DRIVE.

Les résultats de G_{remove} sont très similaires, tant qualitativement que quantitativement, aux résultats de la segmentation avec TV seule. En effet, la suppression des artefacts est une forme de débruitage qui est déjà effectuée par la TV .

Les segmentations obtenues à l’aide de G_{fill} présentent un MCC similaire à celles issues de la segmentation avec TV seule. Cependant, une amélioration significative est observée lorsque l’on examine les métriques topologiques. En particulier, l’erreur sur le nombre de composantes connexes (ϵ_{β_0}) est presque divisée par 5 par rapport à G_{remove} ou TV . Cela montre que la reconnexion a fonctionné comme prévu.

Enfin, G_{reco} présente les meilleurs résultats. La moyenne et l’écart type des erreurs topologiques de G_{reco} sont améliorés par rapport à G_{fill} seul, et en particulier ϵ_{β_0} est significativement amélioré.

Ajouter la suppression des artefacts en plus de la tâche de reconnexion donne des meilleurs résultats alors que la suppression des artefacts seule ne semblait rien ajouter à la segmentation. Une synergie se produit donc entre ces deux tâches. L’ajout de G_{remove} permet en effet de réduire le poids de régularisation sur le débruitage non spécifique effectué par TV (voir Tableau 4.2), ce qui permet de reconnecter davantage de fragments grâce à la tâche de reconnexion.

Dans la suite de ce chapitre, nous validons donc l’utilisation de G_{reco} qui permet de reconnecter les vaisseaux et supprimer les petites composantes connexes de bruit.

Regularization	λ
TV	$0.0096 \pm 0,0072$
G_{remove}	0.0072 ± 0.0069
G_{fill}	0.0114 ± 0.0078
G_{reco}	0.0089 ± 0.0075

TABLEAU 4.2 – Moyenne \pm écart-type de la valeur du poids de régularisation λ appliqué à la TV pour chaque modèle de segmentation de l’étude ablative. On rappelle que ce poids a été optimisé afin d’obtenir les meilleurs résultats de segmentation selon le MCC pour chaque méthode comparée.

Influence de α

Pour analyser l’impact du choix de l’itération à partir de laquelle nous injectons notre modèle reconnecteur G_{reco} entraîné avec des déconnexions moyennes $s = 8$, nous avons fait varier le paramètre α entre 0 et 500 de notre approche de segmentation avec un intervalle de 50. Les résultats de cette expérience sont présentés dans la Figure 4.7.

Lorsque le modèle reconnecteur est introduit dès le début du schéma d’optimisation ($\alpha = 0$), le terme reconnecteur est appliqué sur une image très loin de la distribution sur laquelle il a été entraîné (image très loin d’une image binaire). Il génère alors des résultats de plus en plus aberrants et a donc de très mauvaises segmentations.

À partir de $\alpha = 50$, le MCC et l’ASSD se stabilisent, et on peut voir sur la Figure 4.8 que cela coïncide avec la binarisation de l’image. Bien que le MCC et l’ASSD ne changent pas après $\alpha = 50$, ϵ_{β_0} diminue et se stabilise progressivement. Cette stabilisation indique une certaine indépendance de notre méthode vis-à-vis de α . Cette observation suggère que notre approche de segmentation est relativement robuste par rapport à ce paramètre, ce qui renforce sa fiabilité.

Pour la suite des expériences, α sera fixé à 500.

Influence du poids de régularisation λ de la TV

L’un des paramètres important dans le modèle segmentation est le coefficient de régularisation λ de la Variation Totale, qui détermine l’intensité du débruitage effectué. Dans cette expérience, nous observons l’impact de la variation de λ dans un intervalle compris entre 0.001 et 0.050 en utilisant un modèle reconnecteur G_{reco} entraîné avec des tailles des $s = 8$. Dans la Figure 4.9, nous avons représenté l’évolution du MCC, de l’ASSD ainsi que l’erreur calculée sur les composantes connexes ϵ_{β_0} en fonction de λ pour chacun-e des patient-e-s du jeu de données de tests. La Figure 4.10 illustre l’évolution qualitative des résultats en fonction de λ . Enfin, la Figure 4.11 montre quelques résultats de segmentation pour des valeurs extrêmes de λ . Dans la suite de l’analyse, nous noterons λ_{optimum} le coefficient permettant d’obtenir le MCC optimum pour chacune des images.

L’évolution des segmentations de chaque patient-e semble suivre la même tendance en fonction des variations du coefficient de régularisation λ .

En effet, lorsque $\lambda \ll \lambda_{\text{optimum}}$, l’image solution est peu débruitée. Par conséquent, le bruit est considéré comme des fragments vasculaires que le modèle G_{reco} tend à recon-

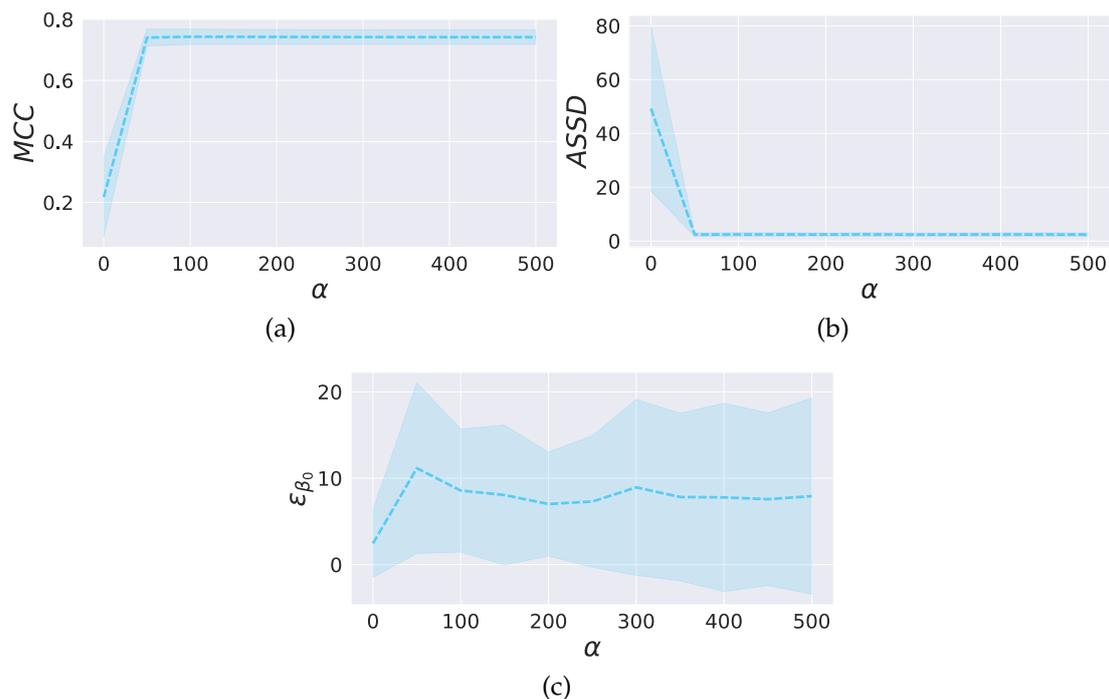


FIGURE 4.7 – Variation du MCC (a), de l’ASSD (b) et de ϵ_{β_0} (c) sur le jeu de données de test de DRIVE en fonction de l’itération α à partir de laquelle le modèle G_{reco} est injecté dans le schéma d’optimisation.

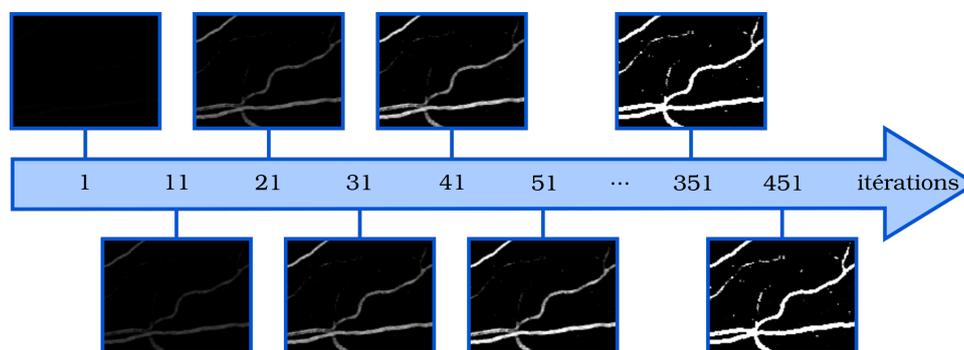


FIGURE 4.8 – Evolution de l’entrée possible du modèle G_{reco} au cours des itérations du schéma variationnel

necter, ce qui conduit à une dégradation de l’image solution et à une sur-segmentation de la structure vasculaire. Nous observons que certains fragments générés par le bruit ne sont pas nécessairement connectés au réseau vasculaire (voir figure 4.11, 1^{ère} ligne). Ces observations sont confirmées par une erreur ϵ_{β_0} élevée.

Lorsque la valeur du coefficient de régularisation λ augmente et que $\lambda \approx \lambda_{\text{optimum}}$, nous pouvons remarquer une augmentation de la valeur du MCC liée au débruitage de l’image solution. Dans ce contexte, le bruit résiduel est plus d’information pertinente pour l’application de notre modèle G_{reco} . En fonction de sa topologie, il peut alors être soit reconnecté à la structure vasculaire, soit supprimé.

Lorsque $\lambda \gg \lambda_{\text{optimum}}$, l’ASSD augmente et le MCC diminue. Ceci est probablement

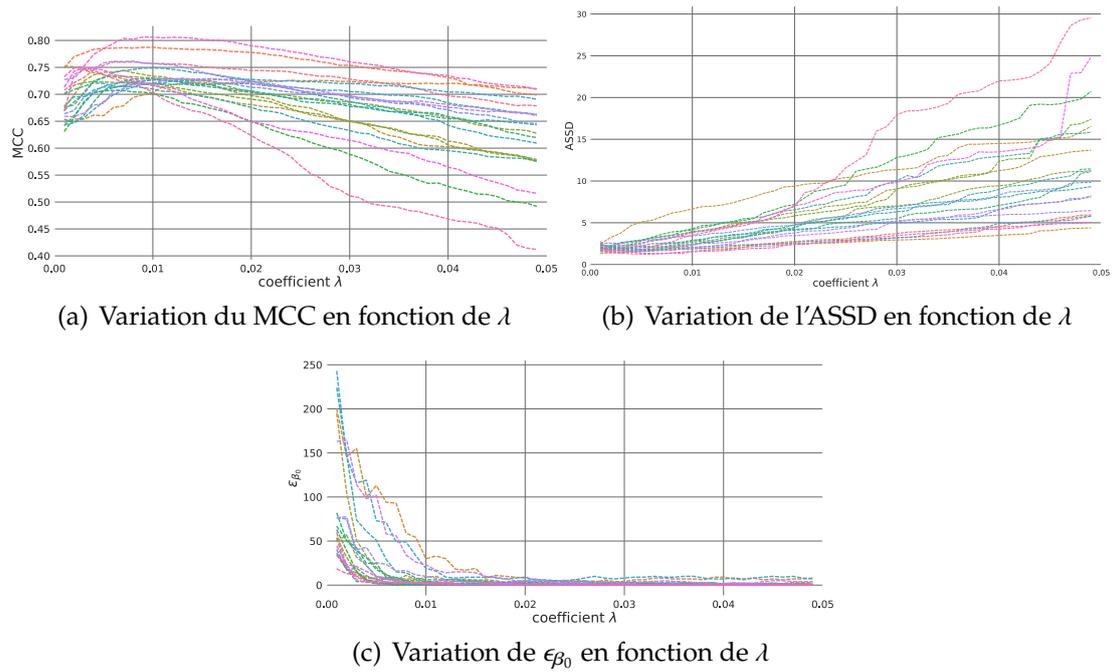


FIGURE 4.9 – Variation du MCC, de l'ASSD et de ϵ_{β_0} des 20 patient-e-s du jeu de test DRIVE en fonction du coefficient de régularisation λ de la Variation Totale.

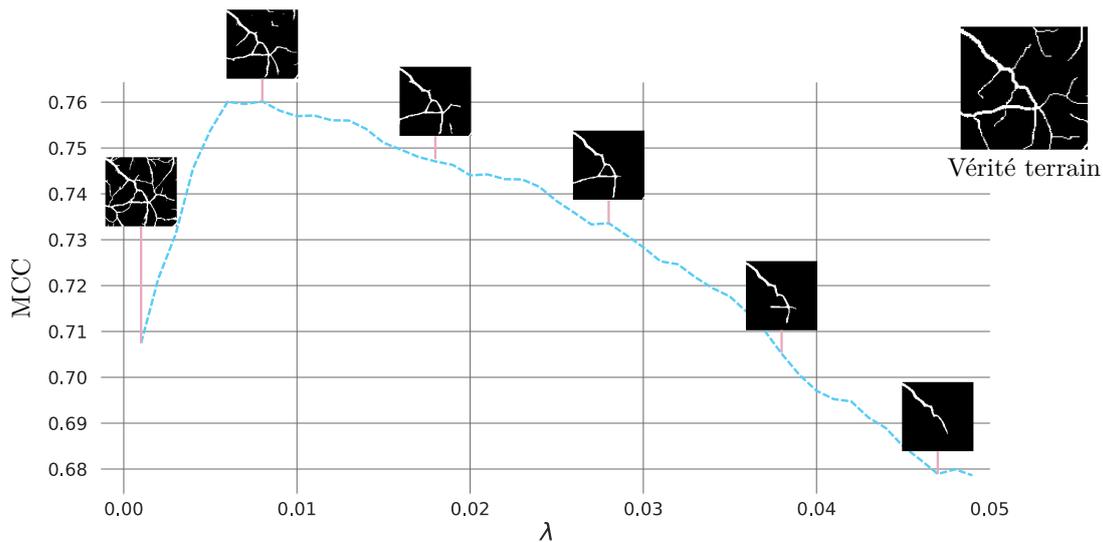


FIGURE 4.10 – Variation du MCC de la segmentation d'un-e patient-e du jeu de données de DRIVE en fonction du coefficient de régularisation λ . Une illustration d'un zoom de la segmentation obtenue est fournie pour certaines valeurs de λ .

dû à la disparition de vaisseaux sanguins les plus fins à cause d'un trop fort débruitage non spécifique de la TV (voir Figure 4.11, 2^{ème} ligne).

Pour conclure, nous pouvons observer que plus λ est faible, plus le terme reconecteur E_{reco} a de l'importance face à la variation totale. Au contraire, plus λ est élevé, plus la variation totale a de l'importance, et plus l'image obtenue est proche de celle obtenue par le modèle de segmentation variationnelle classique (voir Figure 4.11 (c) et

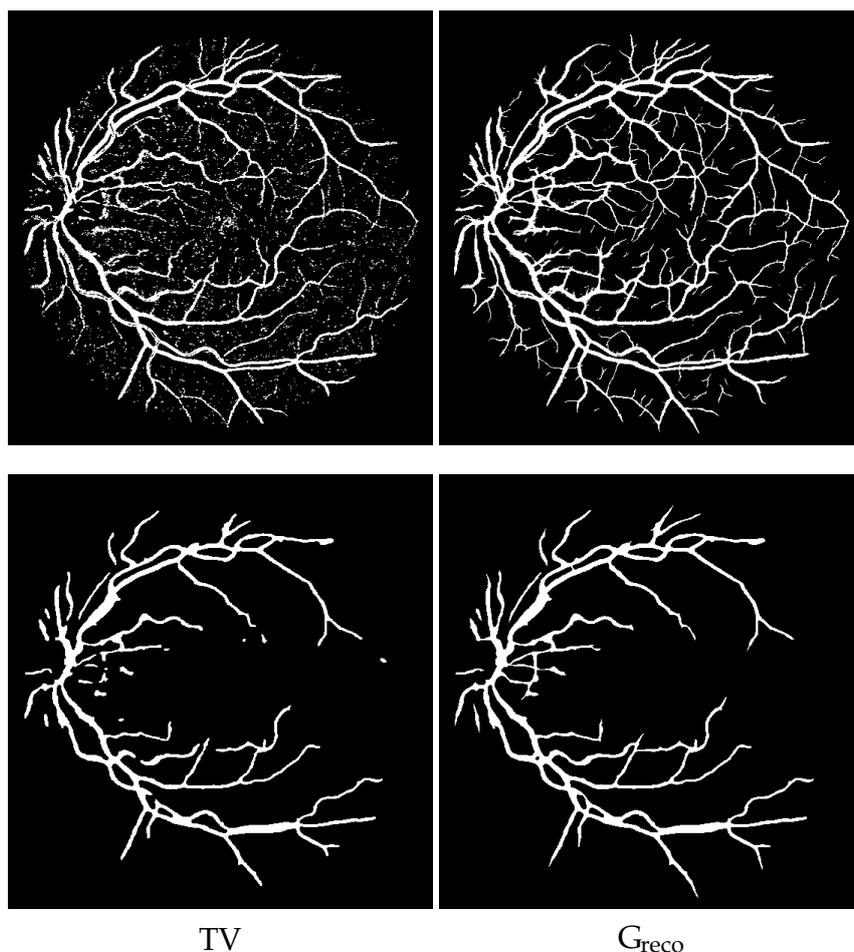


FIGURE 4.11 – Comparaison du modèle proposé avec le modèle variationnel pour un coefficient de régularisation $\lambda = 0.001$ (1^{ère} ligne) et pour $\lambda = 0.050$ (2^{ème} ligne).

(d)). Le terme reconnecteur E_{reco} a alors peu de poids face à la variation totale.

En conclusion de cette étude, nous pouvons observer que le poids de régularisation λ permet toujours de contrôler le poids de la Variation Totale par rapport aux autres termes d'énergies, malgré l'intégration du terme appris E_{reco} *via* l'utilisation du modèle G_{reco} . Le comportement reste cohérent par rapport à une approche variationnelle classique, ce qui permet une bonne interprétabilité des résultats.

Influence de la taille des déconnexions s

Dans le chapitre 3, nous avons introduit un algorithme pour générer des déconnexions de tailles contrôlées dans une image contenant des structures vasculaires. Nous avons observé que les modèles entraînés avec différentes tailles de déconnexion n'ont pas le même comportement de reconnexion. En effet, le modèle entraîné avec des déconnexions plus petites a tendance à reconnecter les fragments proches des uns et des autres, tandis que celui entraîné avec des déconnexions plus grandes a tendance à reconnecter des fragments plus éloignés.

Nous voulons explorer l'idée que la variation de la taille moyenne des déconnexions

dans le jeu de données d’entraînement du modèle reconnecteur pourrait agir de manière similaire à un poids de régularisation.

Pour cela, nous avons appliqué notre approche *plug-and-play* à la base de données DRIVE, avec un coefficient de régularisation λ associé à la TV fixé, et en utilisant un terme reconnecteur entraîné avec une taille de déconnexion de plus en plus grande : $G_{\text{reco},s=X}$ ($X \in 6, 8, 10, 12$).

Si la taille de déconnexion agit comme un poids de régularisation, nous devrions voir apparaître sur nos résultats de segmentation des reconnections sur une plus longue distance lorsque s est grand.

Les résultats quantitatifs de cette expérience sont présentés dans le Tableau 4.3 et ceux qualitatifs dans la Figure 4.12.

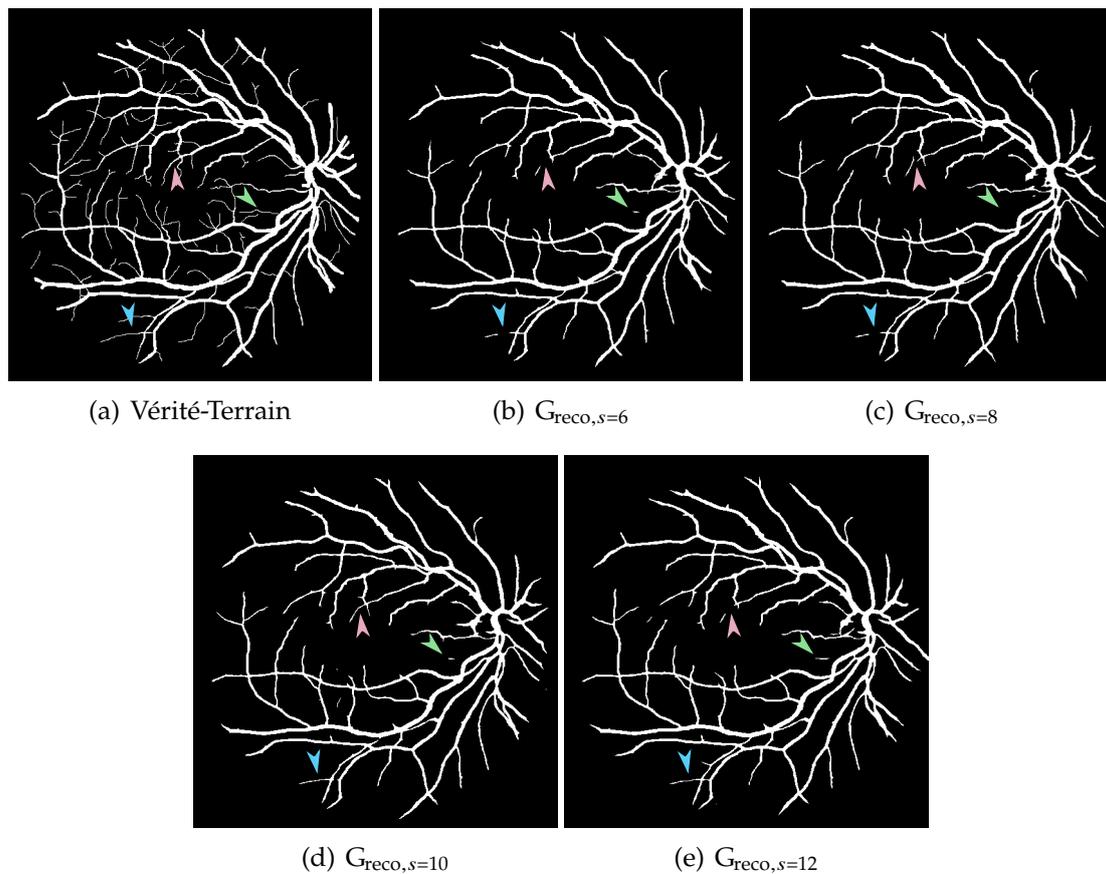


FIGURE 4.12 – Comparaison des segmentations *plug-and-play* obtenues avec les différents modèles reconnecteurs $G_{\text{reco},s=X}$ ($X \in 6, 8, 10, 12$) pour un même coefficient de régularisation λ . La flèche bleue pointe une reconnection reconnectée différemment selon le modèle G_{reco} utilisé. La flèche verte pointe vers un fragment vasculaire enlevé par $G_{\text{reco},s=8}$ mais pas par les autres modèles reconnecteurs. Enfin la flèche rose souligne une mauvaise reconnection.

Sur nos résultats, nous remarquons que lorsque la taille moyenne des déconnexions s augmente lors de l’entraînement, les images segmentées présentent un TPR plus élevé. Cela s’explique par le fait que davantage de structures vasculaires sont reconnectées (voir la flèche bleue de la Figure 4.12). Néanmoins, comme nous l’avons observé dans

Régularisation	Métriques Volumiques				Métriques Géométriques			Métriques Topologiques		
	TPR \uparrow	PPV \uparrow	MCC \uparrow	Dice \uparrow	CIDice \uparrow	95HD \downarrow	ASSD \downarrow	ϵ_{β_0} \downarrow	ϵ_{β_1} \downarrow	ϵ_{χ} \downarrow
$G_{\text{reco},s=6}$	0.725 ± 0.053	0.825 ± 0.045	0.742 ± 0.022	0.769 ± 0.021	0.748 ± 0.041	16.171 ± 4.6	2.477 ± 0.611	6.093 ± 8.16	0.482 ± 0.223	0.706 ± 0.255
$G_{\text{reco},s=8}$	0.726 ± 0.054	0.823 ± 0.044	0.742 ± 0.023	0.769 ± 0.022	0.751 ± 0.041	15.337 ± 4.902	2.379 ± 0.63	7.925 ± 11.067	0.439 ± 0.227	0.732 ± 0.272
$G_{\text{reco},s=10}$	0.729 ± 0.053	0.813 ± 0.045	0.738 ± 0.024	0.767 ± 0.022	0.746 ± 0.042	15.461 ± 4.638	2.433 ± 0.64	8.525 ± 9.405	0.484 ± 0.22	0.81 ± 0.204
$G_{\text{reco},s=12}$	0.736 ± 0.053	0.803 ± 0.048	0.736 ± 0.025	0.765 ± 0.023	0.746 ± 0.04	15.385 ± 4.674	2.441 ± 0.629	7.68 ± 10.211	0.446 ± 0.189	0.680 ± 0.278

TABLEAU 4.3 – Résultats des segmentations obtenues avec les différents termes reconnecteurs et le coefficient de régularisation λ optimisé selon le modèle reconnecteur $G_{\text{reco},s=8}$

le chapitre 3, l'utilisation de modèles reconnecteurs G_{reco} entraînés sur de plus grandes déconnexions s peut entraîner de mauvaises reconnections (voir flèche rose de la Figure 4.12). Ces mauvaises reconnections sont observables avec n'importe quel terme, mais semblent plus prononcées lorsque s augmente, comme le confirme le PPV plus faible.

En outre, il semble que ϵ_{β_0} ne réduise pas davantage lorsque s augmente. Bien que le modèle entraîné avec une taille de déconnexion s peut réussir à reconnecter un vaisseau sanguin, l'utilisation du modèle reconnecteur entraîné avec des tailles de déconnexion s plus élevée ne garantit pas la reconnection du même fragment vasculaire. Ceci est dû à la composante aléatoire de l'entraînement des différents modèles. De même, les différents modèles sont également entraînés pour éliminer les fragments qui ne sont pas considérés comme faisant partie des structures vasculaires. Ces fragments ne sont pas toujours éliminés de la même manière, comme illustré par la flèche verte de la Figure 4.12.

L'influence de la valeur de s sur le processus de reconnection semble jouer un rôle significatif, mais son impact exact sur les résultats de segmentation est difficile à analyser. Il est possible que fixer s ne suffise pas à contrôler totalement le poids de la reconnection effectuée. Un des termes peut cependant permettre d'obtenir de meilleurs résultats que les autres. Nous présentons donc les résultats quantitatifs obtenus en optimisant le coefficient λ pour chacun des termes reconnecteurs dans le Tableau 4.4.

Parallèlement, nous avons examiné l'influence de chaque terme reconnecteur sur le coefficient de régularisation optimal λ_{optimum} dans le Tableau 4.5. Il est intéressant de remarquer que pour $G_{\text{reco},s=X}$, plus la taille moyenne des déconnexions (s) est grande, plus le coefficient de régularisation λ_{optimum} est élevé. En effet, plus le modèle est entraîné sur de grandes déconnexions, plus il est nécessaire d'appliquer un débruitage important afin d'avoir des déconnexions semblables à celles de l'entraînement du modèle reconnecteur. Il est donc important de prendre en compte le terme reconnecteur utilisé lors de l'ajustement des paramètres du modèle de segmentation variationnel, en particulier le coefficient de régularisation λ .

De la même manière que dans le Chapitre 3, nous pouvons observer que les modèles entraînés sur des plus petites déconnexions permettent d'obtenir de meilleures segmentations. Le modèle $G_{\text{reco},s=6}$ et le modèle $G_{\text{reco},s=8}$ permettent d'obtenir des ré-

Méthode	Métriques Volumiques				Métriques Géométriques			Métriques Topologiques		
	TPR \uparrow	PPV \uparrow	MCC \uparrow	Dice \uparrow	CIDice \uparrow	95HD \downarrow	ASSD \downarrow	ϵ_{β_0} \downarrow	ϵ_{β_1} \downarrow	ϵ_{χ} \downarrow
$G_{\text{reco},s=6}$	0.730 ± 0.055	0.822 ± 0.045	0.743 ± 0.023	0.770 ± 0.022	0.750 ± 0.042	15.443 ± 4.903	2.410 ± 0.637	1.621 ± 1.464	0.338 ± 0.212	0.423 ± 0.238
$G_{\text{reco},s=8}$	0.726 ± 0.054	0.823 ± 0.044	0.742 ± 0.023	0.769 ± 0.022	0.750 ± 0.041	15.382 ± 4.866	2.386 ± 0.627	2.325 ± 2.274	0.366 ± 0.187	0.466 ± 0.244
$G_{\text{reco},s=10}$	0.727 ± 0.051	0.818 ± 0.046	0.739 ± 0.023	0.767 ± 0.022	0.744 ± 0.042	15.853 ± 4.657	2.481 ± 0.642	3.044 ± 3.072	0.361 ± 0.210	0.523 ± 0.241
$G_{\text{reco},s=12}$	0.726 ± 0.054	0.817 ± 0.049	0.738 ± 0.025	0.766 ± 0.023	0.740 ± 0.044	17.243 ± 5.127	2.667 ± 0.718	1.930 ± 1.978	0.356 ± 0.192	0.436 ± 0.216

TABLEAU 4.4 – Résultats de segmentation obtenus lors de l’optimisation de λ pour chacun des modèles.

Régularisation	λ
$G_{\text{reco},s=6}$	0.0081 \pm 0.0052
$G_{\text{reco},s=8}$	0.0087 \pm 0.0053
$G_{\text{reco},s=10}$	0.0089 \pm 0.0050
$G_{\text{reco},s=12}$	0.0103 \pm 0.0063

TABLEAU 4.5 – Moyenne \pm écart-type des valeurs du coefficient de régularisation, λ qui ont été optimisées pour chaque terme de régularisation.

sultats quantitatifs très similaires. Cependant, $G_{\text{reco},s=8}$ permet de mieux préserver la géométrie de la structure malgré un légèrement moins bon ϵ_{β_0} . Nous utiliserons donc ce modèle pour la suite des expériences.

Convergence empirique

Dans le Chapitre 3, nous avons observé que l’application répétée de notre modèle sur une image conduit à une convergence vers une image dans laquelle certaines structures vasculaires ont été reconnectées. Nous nous demandons si cette propriété observée permet de favoriser une convergence de la méthode de résolution lors de l’intégration de G_{reco} .

Afin de répondre à cette question, nous avons représenté l’évolution de l’image solution u au cours du schéma d’optimisation variationnel avec le terme G_{reco} . Pour cela, nous avons représenté la norme l_2 de la différence entre deux itérations de l’image solution du schéma d’optimisation variationnel pour chacune des images, en utilisant les coefficients de régularisation λ optimisés. Nous avons aussi représenté la norme l_2 de la différence entre l’image solution du schéma d’optimisation variationnel pour une image avec différentes valeurs de λ comprises entre 0.001 et 0.050. Ces deux représentations sont présentées dans la Figure 4.13.

Dans la Figure 4.13, nous constatons que pour chaque cas, il y a une diminution de l’énergie jusqu’à l’itération 500, correspondant à l’itération à laquelle nous injectons notre terme de régularisation. L’ajout du terme reconnecteur G_{reco} provoque une augmentation de la différence entre deux itérations pour chacune des images segmentées,

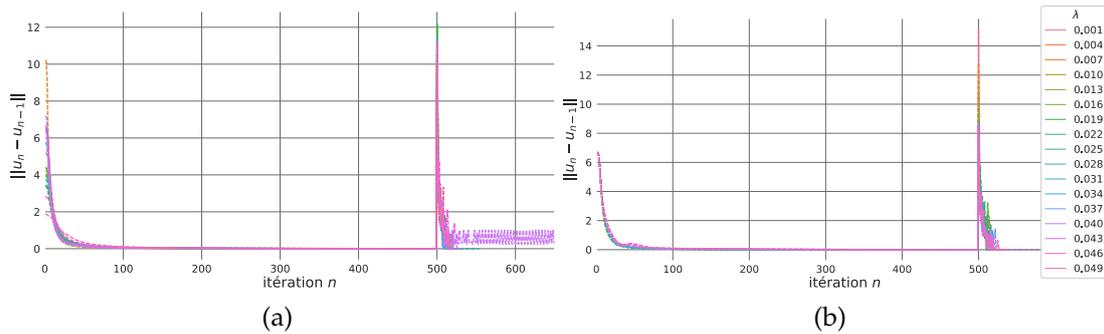


FIGURE 4.13 – Représentation de l'énergie calculée au cours des itérations de l'algorithme itératif pour (a) les 20 patients avec leurs coefficients λ optimaux et (b) différents coefficients de régularisation λ pour une même image

car elle modifie l'énergie à minimiser. Cette énergie diminue de nouveau progressivement et semble converger pour toutes les images et sur l'ensemble de la plage de λ représentée. La Figure 4.13(a) montre qu'une image ne converge pas et que le résultat oscille entre 2 états proches. Cela pourrait être dû à la modification constante d'une structure vasculaire de manière cyclique.

La Figure 4.13(b) montre que plus λ est petit, plus le saut est important à l'itération 500. Cela suggère que la présence accrue de bruit entraîne davantage de fragments à reconnecter, comme cela a été observé dans la Figure 4.11.

En conclusion, nous constatons une convergence empirique de notre schéma d'optimisation variationnel sans imposer de contrainte de convergence à notre approche.

4.4.3 Résultats et comparaisons

Dans cette section, notre objectif est de démontrer l'efficacité de notre méthode en 2D et en 3D et sur la segmentation de différents réseaux vasculaires. Nous avons évalué notre méthode sur trois jeux de données distincts : DRIVE, l'IRCAD et Bullitt. Dans un premier temps, nous présenterons les différents modèles reconnecteurs utilisés avec notre méthode ainsi que les méthodes non supervisées avec lesquelles nous nous sommes comparés. Ensuite, nous analyserons les performances de notre méthode. Enfin, nous comparerons les deux méthodes proposées pour l'utilisation de notre modèle reconecteur dans le cadre de l'approche variationnelle : soit en tant que post-traitement, soit en tant qu'opérateur proximal.

Configuration expérimentale

Pour évaluer l'efficacité de notre méthode *plug-and-play*, nous utilisons les modèles que nous avons entraînés dans le Chapitre 3. Ces modèles sont résumés dans le tableau suivant :

En 2D, nous avons appliqué notre méthode *plug-and-play* avec les modèles reconnecteurs $G_{\text{reco, CCO}}$ et $G_{\text{reco, STARE}}$ (entraînés respectivement sur CCO et STARE) sur le jeu de test de DRIVE.

	Terme d'énergie	Projecteur	Paramètre d'entraînement		
			Jeu de données	Type	s
2D	$E_{\text{reco,CCO}}$	$G_{\text{reco,CCO}}$	CCO	Synthétique	8
	$E_{\text{reco,STARE}}$	$G_{\text{reco,STARE}}$	STARE	Annotations	8
3D	$E_{\text{reco,Vascusynth}}$	$G_{\text{reco,Vascusynth}}$	Vascusynth	Synthétique	8
	$E_{\text{reco,IXI}}$	$G_{\text{reco,IXI}}$	IXI	Annotations	8

TABLEAU 4.6 – Résumé des modèles reconnecteurs entraînés dans le Chapitre 3 et qui vont être injectés à la place de la résolvante de E_{reco} dans le schéma d'optimisation variationnel

En 3D, nous avons appliqué notre méthode avec le modèle reconnecteur $G_{\text{reco, Vascusynth}}$ (entraîné sur Vascusynth) sur le jeu de données de l'Ircad composé de 19 tomodensitométrie du foie. Enfin, nous avons appliqué notre méthode avec le modèle reconnecteur $G_{\text{reco, IXI}}$ (entraîné sur IXI) sur le jeu de données de Bullitt composé 33 d'ARM-TOF du cerveau.

Nous avons comparé notre modèle avec le modèle variationnel classique décrit dans la Section 4.2.2. Cette comparaison permet d'observer la valeur ajoutée apportée par l'injection de notre terme reconnecteur. Nous nous sommes ensuite comparés avec le modèle variationnel ayant pour terme de régularisation la TV directionnelle (TV nD) [71], visant à favoriser sa connectivité. Ces deux modèles variationnels ont été optimisés de la même manière que notre méthode (voir Section 4.4.1).

Nous avons aussi comparé notre méthode avec des approches non supervisées basées sur le rehaussement des vaisseaux sanguins : RORPO [72] et le filtre de Frangi [26]. Les hyperparamètres des différents filtres ont été optimisés empiriquement à l'aide d'une *gridsearch* afin de déterminer la configuration optimale de chaque méthode en fonction du MCC.

Finalement, nous avons comparé nos résultats avec une approche basée sur l'apprentissage profond dans des conditions similaires à notre méthode, c'est-à-dire dans un contexte non supervisé, où le jeu de données cible ne possède pas d'annotations. Dans ce contexte, il n'est pas possible d'entraîner le réseau de segmentation sur le jeu de données cible, et une alternative doit être trouvée pour cet entraînement. Dans ce contexte, nous avons identifié deux scénarios :

- scénario 1 : nous disposons d'un jeu de données annoté similaire au jeu de données cible.
- scénario 2 : nous générons des données simulées proches du jeu de données cible.

Dans ces deux scénarios, nous disposons de données annotées proches du jeu de données cible, et des données non annotées. Une approche d'apprentissage semi-supervisée peut alors être entraînée afin de tirer partie lors de l'entraînement de toutes les données disponibles. Nous avons utilisé le modèle Mean-Teacher (MT) [113], qui est une des approches les plus populaires d'apprentissage semi-supervisé.

Cette expérience a été faite en 2D. Dans le scénario 1, appelé MT STARE, nous avons entraîné le MT en utilisant à la fois le jeu de données STARE (avec annotations) et le jeu de données DRIVE (sans annotation). Dans le scénario 2, appelé MT synth., nous

avons extrait les arrière-plans des images du jeu de données STARE [35] et ajouté des structures curvilignes synthétiques générées par l’algorithme CCO. Un exemple de telles images générées est présenté dans la figure 4.14. Ensuite, nous avons entraîné le MT en utilisant à la fois l’image générée (avec annotations) et le jeu de données DRIVE (sans annotation).

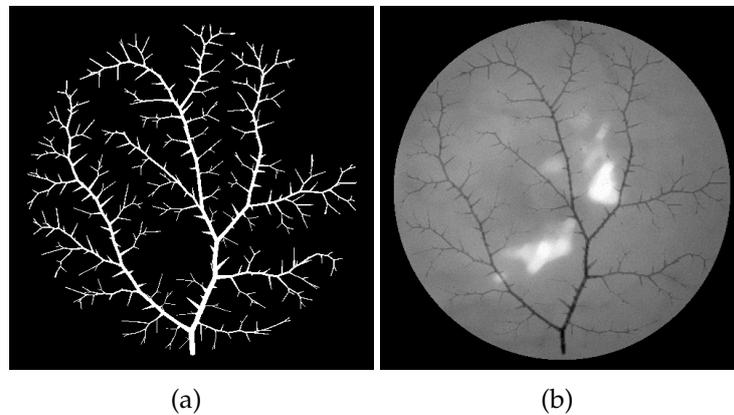


FIGURE 4.14 – Simulation d’une rétinothographie (b) en utilisant une structure curviligne binaire (a) générée par l’algorithme OpenCCO et un arrière-plan d’image extrait de le jeu de données STARE [35].

Dans cette section, nous nous sommes intéressés à la connectivité de la structure vasculaire principales. Les métriques topologiques étant sensible aux bruits, nous avons effectué un post-traitement avant de les calculer. Celui-ci consiste à supprimer les petites composantes connexes (taille inférieure à 20 pixels en 2D et inférieure à 90 pixels en 3D) et à combler les petits trous (taille inférieure à 10 pixels en 2D).

Résultats

Les résultats des expériences de comparaisons sont présentés dans le Tableau 4.7 et les Figures 4.17 et 4.15 et 4.16.

Les résultats sur les trois jeux de données sont très semblables. D’un point de vue qualitatif, la TV directionnelle préserve davantage de fragments vasculaires que TV. Cependant, ces fragments ne sont pas connectés, comme le montrent les valeurs élevées de ϵ_{β_0} . Les structures vasculaires détectées par notre modèle sont plus lisses et semblent mieux connectées que les approches TV et TV directionnelle. De manière quantitative, nous pouvons observer que notre approche augmente légèrement les métriques volumiques. Cette légère augmentation provient des reconnections qui ont été effectuées. Bien qu’elles ne représentent qu’un petit nombre de pixels, ces pixels supplémentaires sont cruciaux pour assurer une meilleure cohérence globale et une meilleure connectivité des réseaux vasculaires tant en 2D qu’en 3D. Cela est visuellement indéniable et est démontré par la très forte diminution des métriques topologiques. En particulier, l’erreur sur le nombre de composants connectés de nos résultats a diminué de près de 90% pour DRIVE, de 70% pour l’IRCAD, et de 30% pour Bullitt.

De la même manière que dans le Chapitre 3, l’utilisation du modèle reconnecteur dans le schéma d’optimisation variationnel peut créer de fausses reconnections dans les

Méthode	Métriques Volumiques				Métriques Géométriques			Métriques Topologiques			
	TPR \uparrow	PPV \uparrow	MCC \uparrow	Dice \uparrow	CIDice \uparrow	95HD \downarrow	ASSD \downarrow	ϵ_{β_0} \downarrow	ϵ_{β_1} \downarrow	ϵ_{γ} \downarrow	
DRIVE	RORPO	0.662	0.728	0.651	0.691	0.637	10.928	2.135	50.610	0.918	3.603
		± 0.051	± 0.046	± 0.035	± 0.031	± 0.041	± 1.740	± 0.305	± 30.431	± 0.062	± 0.671
	Frangi	0.727	0.766	0.710	0.746	0.726	12.691	2.215	19.470	0.640	1.697
		± 0.032	± 0.041	± 0.034	± 0.030	± 0.040	± 3.363	± 0.527	± 12.875	± 0.107	± 0.510
	MT synth.	0.610	0.870	0.697	0.715	0.722	6.566	1.385	22.698	0.605	1.802
		± 0.064	± 0.033	± 0.038	± 0.041	± 0.043	± 2.145	± 0.289	± 17.179	± 0.230	± 0.467
	MT STARE	0.613	0.910	0.719	0.731	0.722	15.270	2.320	11.434	0.770	1.421
		± 0.054	± 0.023	± 0.031	± 0.035	± 0.048	± 4.018	± 0.544	± 8.213	± 0.088	± 0.342
TV	0.697	0.836	0.732	0.758	0.739	12.060	2.017	22.668	0.720	1.931	
	± 0.053	± 0.041	± 0.026	± 0.025	± 0.043	± 3.323	± 0.452	± 15.203	± 0.106	± 0.435	
TV <i>nD</i>	0.699	0.836	0.733	0.759	0.738	11.148	1.896	23.458	0.734	1.967	
	± 0.056	± 0.045	± 0.026	± 0.026	± 0.044	± 3.949	± 0.497	± 17.921	± 0.103	± 0.485	
$G_{\text{reco,CCO}}$	0.726	0.823	0.742	0.769	0.750	15.382	2.386	2.325	0.366	0.466	
	± 0.054	± 0.044	± 0.023	± 0.022	± 0.041	± 4.866	± 0.627	± 2.274	± 0.187	± 0.244	
$G_{\text{reco,STARE}}$	0.730	0.819	0.742	0.770	0.758	14.845	2.300	2.941	0.448	0.608	
	± 0.053	± 0.046	± 0.024	± 0.022	± 0.041	± 4.047	± 0.538	± 2.211	± 0.170	± 0.212	
IRCAD	RORPO	0.408	0.640	0.487	0.488	0.525	13.145	2.917	1.029	57.818	66.991
		± 0.121	± 0.087	± 0.090	± 0.096	± 0.104	± 4.600	± 0.873	± 1.444	± 52.836	± 106.262
	Frangi	0.455	0.492	0.441	0.462	0.491	21.939	4.732	5.079	6.817	13.284
		± 0.081	± 0.127	± 0.087	± 0.079	± 0.109	± 7.465	± 1.491	± 4.980	± 16.565	± 27.567
	TV	0.344	0.721	0.473	0.450	0.533	11.623	2.954	2.253	4.533	4.789
	± 0.139	± 0.126	± 0.116	± 0.129	± 0.166	± 4.213	± 1.017	± 3.300	± 10.674	± 5.809	
TV <i>nD</i>	0.362	0.695	0.477	0.462	0.562	11.734	2.666	1.682	41.966	32.495	
	± 0.126	± 0.099	± 0.092	± 0.105	± 0.106	± 4.581	± 0.819	± 2.266	± 51.223	± 42.293	
$G_{\text{reco,Vascusynth}}$	0.435	0.675	0.513	0.507	0.585	13.032	2.895	0.746	7.505	7.265	
	± 0.153	± 0.105	± 0.087	± 0.102	± 0.079	± 4.169	± 0.877	± 0.432	± 10.088	± 8.939	
Bullitt	TV	0.453	0.697	0.555	0.548	0.686	11.583	2.301	0.514	0.182	0.906
		± 0.026	± 0.026	± 0.020	± 0.022	± 0.024	± 2.472	± 0.409	± 0.148	± 0.141	± 0.889
	TV <i>nD</i>	0.451	0.702	0.557	0.549	0.691	12.227	2.328	0.523	0.181	0.785
	± 0.026	± 0.027	± 0.021	± 0.022	± 0.024	± 2.595	± 0.421	± 0.137	± 0.105	± 0.918	
$G_{\text{reco,IXI}}$	0.509	0.628	0.558	0.562	0.718	16.233	2.817	0.328	0.370	0.427	
	± 0.030	± 0.028	± 0.021	± 0.021	± 0.023	± 2.750	± 0.446	± 0.159	± 0.110	± 0.226	

TABLEAU 4.7 – Résultats quantitatifs sur les jeux de données DRIVE, IRCAD et Bullitt.

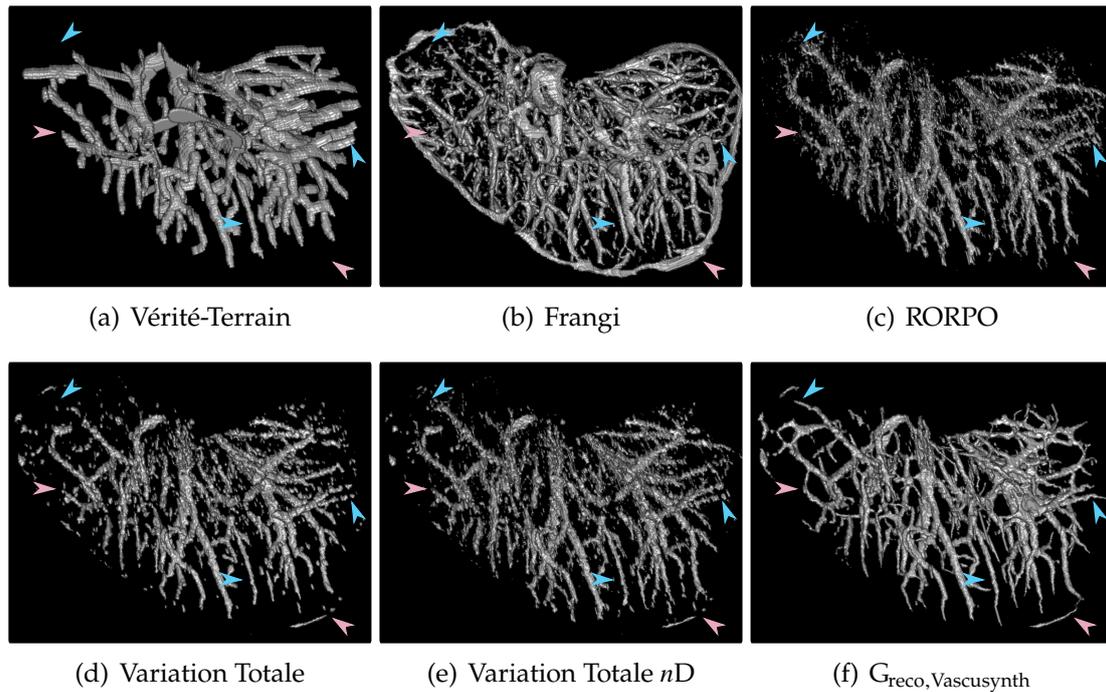


FIGURE 4.15 – Comparaison des segmentations obtenues sur un volume de l'IRCAD. Les flèches bleues pointent des exemples dans lesquels des fragments de vaisseaux sanguins ont été correctement reconnectés. Les flèches roses montrent des exemples de mauvaises reconnexion.

résultats (voir flèches roses dans la Fig 4.17 et dans la Fig 4.15). Cela peut se produire lorsque plusieurs fragments sont alignés ou ont la même orientation qu'un vaisseau.

De plus, nous constatons que nos résultats présentent une valeur légèrement plus élevée que les autres approches dans les métriques basées sur la distance ($95HD$, $ASSD$). Cela peut venir de la suppression de petits fragments appartenant aux vaisseaux, mais détectés comme des artefacts par notre approche. Cependant, nous pouvons voir que la géométrie vasculaire globale est toujours mieux préservée, comme le montre l'augmentation de la valeur de $CIDice$.

Les filtres classiques de *vesselness* (RORPO et Frangi) produisent des segmentations similaires à celles des approches variationnelles, comme le montrent les métriques volumiques proches. Toutefois, ils présentent beaucoup plus d'artefacts, ce qui augmentent les erreurs topologiques.

Comparaison des utilisations de G_{reco}

Dans le Chapitre 3, nous avons appliqué notre modèle G_{reco} en tant que post-traitement de segmentation vasculaire obtenue grâce au modèle variationnel. Dans ce chapitre nous avons utilisé G_{reco} comme terme reconnecteur inclue dans une segmentation *plug-ang-play*. La question qui se pose est "quelle utilisation de G_{reco} est la plus intéressante afin d'obtenir des segmentations vasculaires connectées?"

Nous rappelons les résultats quantitatifs obtenus par chacune des deux méthodes dans le Tableau 4.8 et présentons une comparaison qualitative dans la Figure 4.18. En

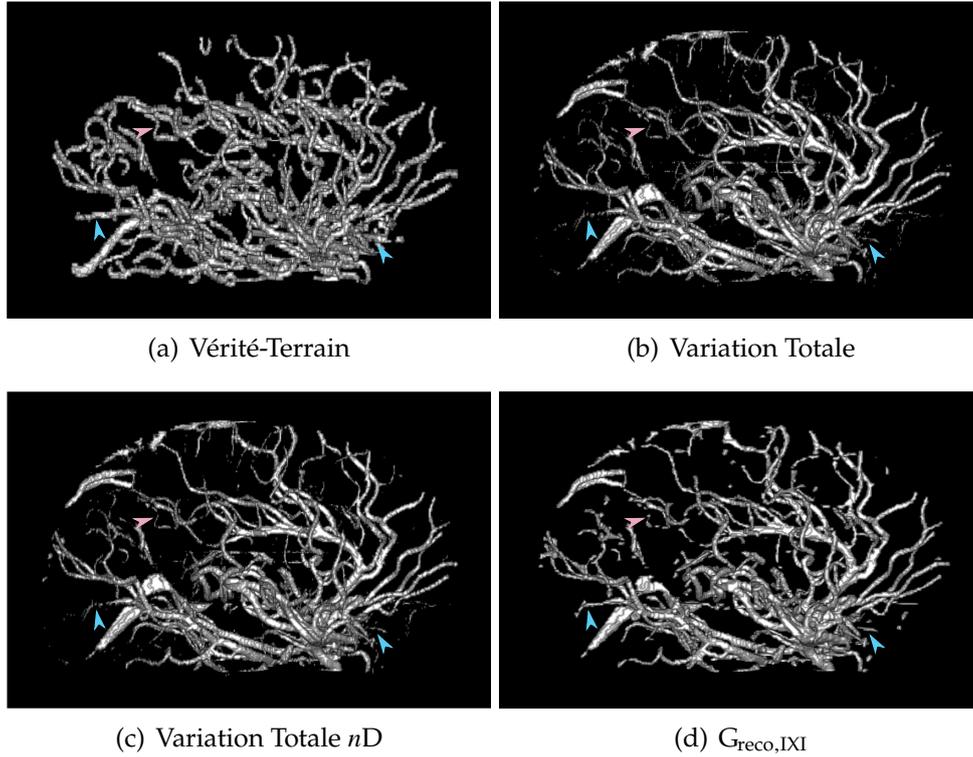


FIGURE 4.16 – Comparaison des segmentations obtenues sur un volume de Bullitt. Les flèches bleues pointent des exemples dans lesquels des fragments de vaisseaux sanguins ont été correctement reconnectés. Les flèches roses montrent des exemples de mauvaises reconnections ou la disparition de fragments vasculaires.

2D, seuls les résultats obtenus avec le modèle $G_{\text{reco,CCO}}$ ont été comparés. Des résultats similaires à ces derniers ont été observés avec le modèle $G_{\text{reco,STARE}}$.

Méthode	Métriques Volumiques				Métriques Géométriques			Métriques Topologiques			
	TPR \uparrow	PPV \uparrow	MCC \uparrow	Dice \uparrow	CIDice \uparrow	95HD \downarrow	ASSD \downarrow	ϵ_{β_0} \downarrow	ϵ_{β_1} \downarrow	ϵ_{χ} \downarrow	
DRIVE	Post-Traitement	0.720	0.826	0.740	0.767	0.748	15.629	2.430	2.113	0.366	0.471
	<i>Plug-and-play</i>	± 0.053	± 0.041	± 0.024	± 0.023	± 0.041	± 4.258	± 0.578	± 2.115	± 0.186	± 0.210
IRCAD	Post-Traitement	0.375	0.740	0.499	0.477	0.600	14.003	2.989	0.657	4.238	4.213
	<i>Plug-and-Play</i>	± 0.141	± 0.102	± 0.091	± 0.114	± 0.093	± 5.243	± 0.999	± 0.331	± 6.108	± 5.086
Bullitt	Post-Traitement	0.529	0.600	0.556	0.562	0.717	15.461	2.747	0.276	0.187	0.301
	<i>Plug-and-Play</i>	± 0.026	± 0.026	± 0.020	± 0.020	± 0.022	± 2.872	± 0.427	± 0.146	± 0.097	± 0.395
		0.509	0.628	0.558	0.562	0.718	16.233	2.817	0.328	0.370	0.427
		± 0.030	± 0.028	± 0.021	± 0.021	± 0.023	± 2.750	± 0.446	± 0.159	± 0.110	± 0.226

TABLEAU 4.8 – Comparaison des segmentations obtenues via l'utilisation de G_{reco} en tant que post-traitement ou terme reconnecteur dans une segmentation *plug-and-play* sur les jeux de données DRIVE, IRCAD et Bullitt.

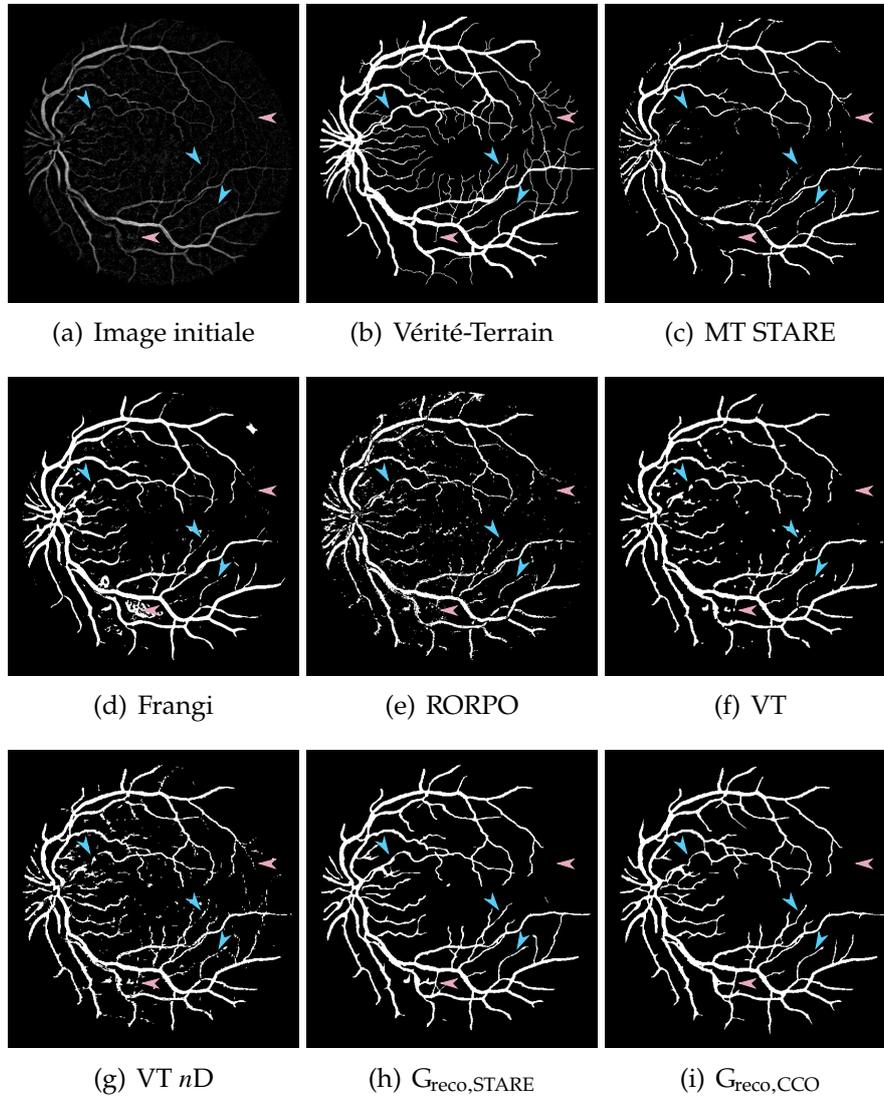


FIGURE 4.17 – Comparaison des segmentations obtenues sur une image DRIVE. Les flèches bleues pointent des exemples dans lesquels des fragments de vaisseaux sanguins ont été correctement reconnectés. Les flèches roses montrent des exemples de mauvaises reconnections ou de portions de vaisseaux manquants.

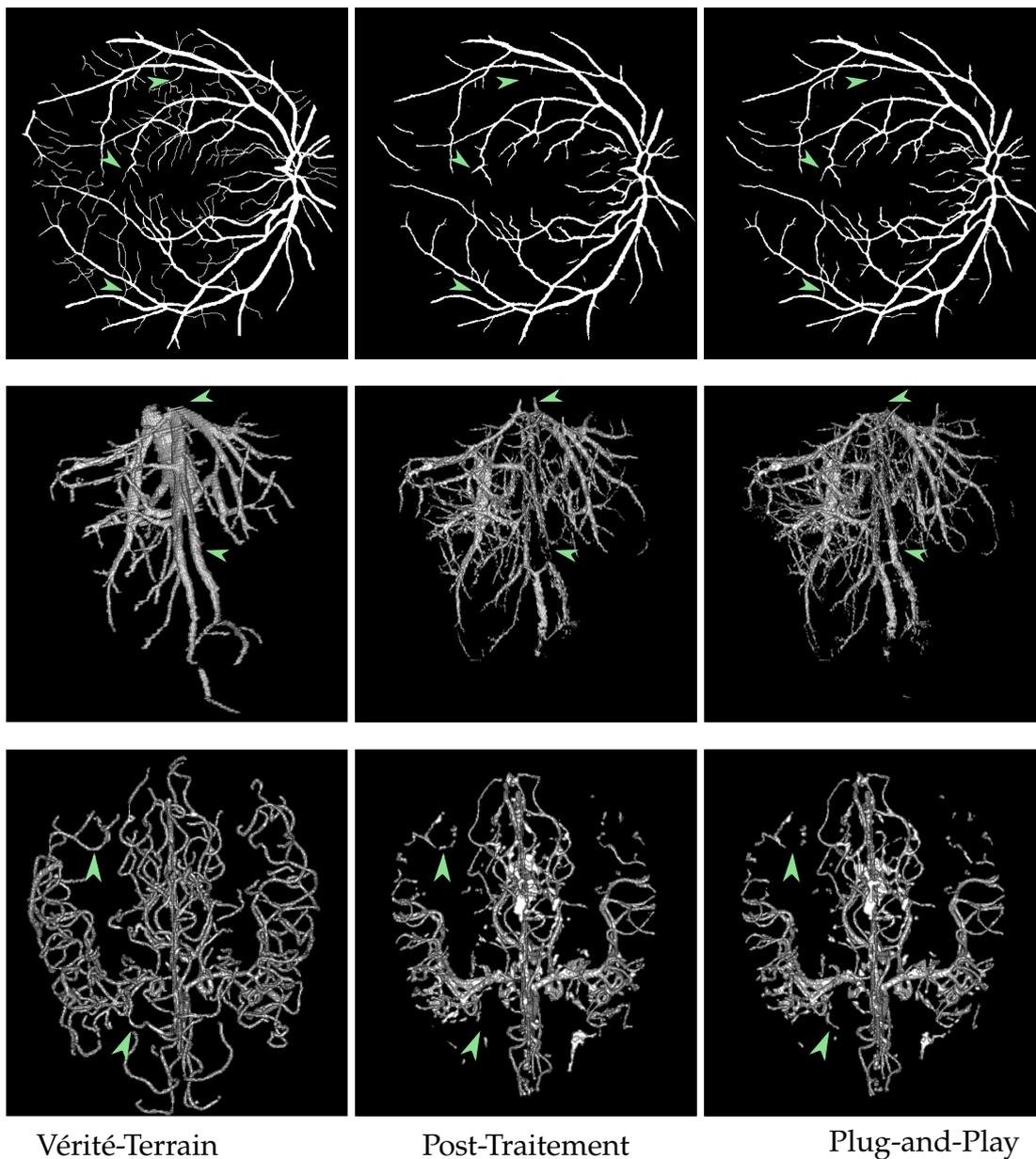


FIGURE 4.18 – Résultats obtenus après l'utilisation de G_{reco} comme post-traitement ou terme de régularisation d'une segmentation *plug-and-play* sur les différentes bases de données. Les flèches vertes indiquent les différences résultant de la différence d'utilisation du modèle reconnecteur.

Sur le jeu de données DRIVE, les résultats quantitatifs des deux méthodes paraissent être proches en termes de performance. Cependant, il est notable que la segmentation réalisée avec l’approche *plug-and-play* semble offrir une géométrie plus réaliste lors de la reconnexion de certains fragments, comme illustré dans la Figure 4.18.

Des observations similaires sont faites sur le jeu de données de l’IRCAD mais de manière plus prononcée. Cette différence est perceptible à la fois dans les mesures quantitatives mais aussi qualitatives.

	Regularisation	λ
DRIVE	TV	0.0096 ± 0.0072
	$G_{\text{reco, STARE}}$	0.0087 ± 0.0045
	$G_{\text{reco, CCO}}$	0.0087 ± 0.0053
IRCAD	TV	0.0095 ± 0.0112
	$G_{\text{reco, Vascysynth}}$	0.0084 ± 0.0098
Bullit	TV	0.0002 ± 0.0003
	$G_{\text{reco, IXI}}$	0.0008 ± 0.0006

TABLEAU 4.9 – Moyenne \pm écart-type du coefficient de régularisation, λ , optimisé pour chaque approche.

Concernant le jeu de données Bullitt, nous remarquons une moins bonne préservation des vaisseaux *via* l’application de l’approche *plug-and-play* qu’avec l’utilisation du modèle comme post-traitement. Les structures vasculaires les plus fines sont moins bien reconnectées dans certains cas.

Nous avons pu remarquer que lorsque le modèle Greco, IXI est appliqué, les vaisseaux détectés sont élargies produisant alors des *FP*. Ainsi, lorsque notre modèle détecte davantage de structures vasculaires, cela entraîne une hausse de *FP*. Or, dans le cadre de l’approche *plug-and-play*, nous avons optimisé le coefficient de régularisation λ en fonction du MCC, dépendant des *FP*. Dans le Tableau 4.9, nous pouvons voir que la valeur du coefficient de régularisation λ de l’approche *plug-and-play* est supérieure à celles de l’approche variationnelle pour le jeu de données Bullitt, contrairement aux autres jeux de données. La segmentation obtenue selon ce critère va donc présenter moins de structures vasculaires et donc moins de reconnexion possible pour minimiser la production de *FP* lors de la segmentation. Au contraire, le post traitement est effectué sur la segmentation variationnelle contenant plus de fragments et permet ainsi d’obtenir une meilleure connectivité globale au prix d’une hausse de *FP* comme le justifie le TPR et le PPV.

En conclusion, nous observons que réaliser la reconnexion des vaisseaux en même temps que la segmentation semble bien permettre d’obtenir une meilleure segmentation finale. L’approche *plug-and-play* permet notamment une réduction de fausses reconnexions et créations de vaisseaux fantômes. Ajuster le coefficient de régularisation λ , permet de définir quel niveau de bruit (contenant des fragments vasculaires) est utilisé pour reconnecter le réseau vasculaire avec le modèle reconnecteur. Il est alors possible d’obtenir une segmentation plus fidèle et plus précise. Cependant, l’utilisation

du modèle reconnecteur comme post-traitement est plus facile à utiliser et permet une application après la méthode de segmentation de notre choix.

4.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons proposé d'utiliser le modèle reconnecteur proposé dans le chapitre 3 dans le cadre d'une approche de segmentation *plug-and-play*. L'injection de notre modèle permet d'intégrer une contrainte dédiée à la préservation de la connectivité à la segmentation. Contrairement aux approches classiques de segmentation par apprentissage profond, notre approche ne nécessite pas d'annotations du jeu de données d'intérêt.

Dans notre étude, nous avons démontré le bon fonctionnement du schéma *plug-and-play* ainsi que l'efficacité de notre terme de régularisation à travers une étude ablative. En apprenant un terme de régularisation qui peut identifier et supprimer les fragments de structures non vasculaires, ainsi que reconnecter les fragments de structures vasculaires, des améliorations significatives peuvent être obtenues en termes de connectivité de la structure globale. Cela est attesté par les métriques topologiques en 2D et 3D.

Malgré la convergence empirique de notre modèle, il serait intéressant de fournir des garanties sur la convergence théoriques de notre approche de *plug-and-play*. En particulier, en apprenant notre terme reconnecteur de manière à ce qu'il soit un opérateur maximal monotone [83]. Cela renforcerait la robustesse et la fiabilité de notre approche.

Conclusion

Dans cette thèse, nous nous sommes intéressés à la préservation d'une propriété très souvent dégradée lors du processus de segmentation : la connectivité.

Nous avons utilisé des méthodes d'apprentissage profond supervisées pour apprendre à reconnecter les vaisseaux sanguins déconnectés par la segmentation sur différentes modalités d'imagerie en 2D et 3D.

Pour créer notre base de données d'apprentissage, nous avons tout d'abord élaboré un algorithme permettant de dégrader des structures vasculaires binaires. Des déconnexions entre les vaisseaux sont simulées de manière réaliste, leur taille moyenne étant fixée en amont. Des fragments de structures non vasculaires sont ensuite ajoutés pour simuler des artefacts classiquement visibles sur les segmentations réelles. Ces images sont ensuite appariées avec la structure vasculaire initiale afin de constituer le jeu de données d'entraînement.

Cet algorithme de déconnexion est appliqué sur différents types de données d'arbres vasculaires binaires : des données synthétiques et des annotations manuelles d'images vasculaires. L'apprentissage du réseau reconnecteur sur chacune de ces bases de données a permis de montrer que les méthodes proposées sont applicables même en l'absence d'annotations manuelles.

Nous avons proposé d'apprendre ce terme reconnecteur via un U-Net résiduel et une nouvelle fonction de coût permettant de se focaliser sur les fragments à reconnecter.

Les performances du réseau ont été analysées au cours d'une étude ablative. Nous avons montré que le choix de la taille des déconnexions lors de la création du jeu d'entraînement influe de manière cohérente et attendue sur les résultats. En outre, nos conclusions ont mis en évidence que l'application répétée de notre modèle permet de reconnecter progressivement les déconnexions les plus significatives, atteignant une convergence vers une image où la majorité des déconnexions sont corrigées.

Nous avons montré que notre modèle reconnecteur est versatile et peut être utilisé de deux manières différentes : en post-traitement de segmentations effectuées par des algorithmes quelconques, et conjointement à un algorithme de segmentation variationnelle à travers une approche *plug-and-play*.

La première méthode consiste à appliquer itérativement le réseau au résultat de segmentation vasculaire. Nous avons notamment montré son efficacité sur des résultats de segmentation variationnelle et d'apprentissage profond supervisé. Nos résultats ont montré, qu'indépendamment du niveau de bruit et de l'importance des déconnexions, notre post-processing permettait une amélioration de la connectivité des segmentations. Cette amélioration est évidemment beaucoup plus prononcée dans le cas où la

segmentation initiale est plus dégradée.

Nous nous sommes ensuite intéressés à l'intégration du modèle reconnecteur au sein d'une méthode de segmentation pour effectuer conjointement la segmentation des structures vasculaires et leur reconnexion. Pour cela, nous avons choisi une méthode variationnelle. Cette dernière a pour avantage d'être généralisable à plusieurs modalités. Elle est également interprétable, car elle permet le choix des contraintes que nous favorisons au sein des images. Nous avons proposé ici une méthode variationnelle adaptée à la segmentation comprenant deux contraintes. Afin d'imposer l'obtention d'une image débruitée, nous utilisons comme première contrainte la variation totale. La deuxième contrainte proposée est celle de la connectivité de la segmentation obtenue. Pour cela, notre modèle reconnecteur est injecté dans la résolution variationnelle comme l'opérateur proximal de la contrainte portant sur la connectivité.

Nous avons mené une étude ablative portant sur la conservation des propriétés de la méthode variationnelle lors de l'injection du modèle reconnecteur. Une première étude met en avant la préservation du rôle du coefficient de régularisation associé à la variation totale afin d'ajuster l'importance relative entre les différentes contraintes. Une seconde confirme la convergence empirique observée au cours des différentes segmentations effectuées.

Nous avons testé notre méthode sur différentes modalités d'images en 2D et en 3D. Nous nous sommes comparés à deux méthodes de segmentations variationnelles : l'une ayant comme contrainte la variation totale et l'autre utilisant une variation totale directionnelle qui vise à préserver la connectivité de la structure vasculaire. Notre étude a également inclus des approches non supervisées telles que des filtres de réhaussement et l'apprentissage profond semi-supervisé. À travers ces expériences, nous avons montré que notre approche donne les meilleures segmentations vasculaires dans un contexte non supervisé, c'est-à-dire lorsque qu'aucune annotation n'est disponible sur le jeu de données cible. En particulier, elle permet une amélioration drastique de la connectivité du réseau vasculaire à la fin du processus de segmentation.

Enfin, nous avons comparé nos deux manières d'utiliser le modèle reconnecteur dans le cadre de l'approche variationnelle. Nous avons pu observer que l'utilisation de notre modèle reconnecteur conjointement au processus de segmentation fourni des résultats de segmentation plus intéressants et notamment plus connectés.

Limites et perspectives

Dans le cadre de nos recherches, plusieurs limitations et axes d'amélioration ont été identifiés, ouvrant ainsi des perspectives pour des travaux futurs.

Amélioration du modèle reconnecteur

L'application du modèle reconnecteur a parfois entraîné la création de faux vaisseaux sanguins en présence de bruits proches de la structure vasculaire segmentée. En effet, la notion de connectivité n'est apprise par notre modèle seulement basée sur des

images binaires et donc sur des considérations purement géométriques. Une amélioration serait d'intégrer un *a priori* sur les niveaux de gris de l'image lors de l'entraînement afin de ne pas créer de vaisseau lorsqu'il n'y a aucun signal dans l'image. Afin de garder un modèle indépendant de la modalité cible, cet *a priori* pourrait être le résultat d'un filtre de rehaussement comme RORPO ou Frangi.

Lors des différentes expériences, nous avons observé que le modèle apprend plus que la simple reconnexion des fragments et tend à reproduire d'autres propriétés géométriques apprises sur la base d'entraînement. Cela peut se traduire par le changement de géométrie de la structure vasculaire, comme l'augmentation du rayon des vaisseaux, ou encore le lissage des contours. Dans le pire des cas, des hallucinations de structures vasculaires peuvent apparaître dans les segmentations, y compris en l'absence de bruit, semblables aux structures présentes dans les données d'entraînement. Pour améliorer cela, il pourrait être bénéfique d'utiliser une plus grande diversité dans les jeux de données d'entraînement, en mélangeant données synthétiques et annotations manuelles de différents jeux de données.

De plus, les données synthétiques utilisées dans le cadre de la thèse présentent des limitations en termes de réalisme. Il serait intéressant d'explorer des méthodes de générations de données basées sur l'apprentissage profond [84] pour générer des structures vasculaires plus réalistes. Cette démarche permettrait d'améliorer la capacité du modèle à généraliser sur des données réelles.

Amélioration du couplage de l'approche variationnelle et du modèle reconnecteur

Dans le cadre de la méthode variationnelle, il est essentiel que les termes d'énergies aient certaines propriétés afin d'assurer la convergence vers une solution. Bien que nous ayons observé une convergence vers des segmentations qui semblent correctes, il est important de noter que le modèle appris n'a pas été explicitement contraint à respecter les conditions nécessaires pour garantir une convergence vers la solution souhaitée. Des contraintes peuvent être rajoutées lors de l'apprentissage du modèle reconnecteur afin qu'il puisse garantir une convergence vers la solution.

Lors de l'étude ablative, nous avons pu observer qu'il n'est pas possible d'intégrer le modèle reconnecteur dès le début de la résolution variationnelle. Ceci est dû à son apprentissage sur des structures vasculaires binaires. Une solution pour améliorer l'intégration du modèle au sein de la résolution variationnelle serait de l'utiliser dans le cadre d'une approche *unrolled* [1] ou *deep equilibrium* [28]. La résolution variationnelle serait alors définie comme une ou plusieurs itérations du schéma d'optimisation au sein d'un réseau de neurones avec comme opérateur proximal notre modèle reconnecteur. La deuxième phase d'entraînement sur le jeu de données cible permettrait alors d'affiner sa définition en l'entraînant avec des images du schéma d'optimisation.

Liste des communications

Publication dans un journal

CARNEIRO ESTEVES Sophie, VACAVANT Antoine et MERVEILLE Odyssée (2023). A plug and play framework for curvilinear structures segmentation based on a learned reconnecting regularization. *En révision*

Participations à des congrès

CARNEIRO ESTEVES Sophie, VACAVANT Antoine et MERVEILLE Odyssée (2022). Apprentissage d'un terme de régularisation reconnecteur pour la segmentation variationnelle des vaisseaux sanguins en 3D. *XXVIIIème Colloque Francophone de Traitement du Signal et des Images (GRETSI 2022)*. URL : https://gretsi.fr/data/colloque/pdf/2022_carneiroesteves958.pdf

CARNEIRO ESTEVES Sophie, VACAVANT Antoine et MERVEILLE Odyssée (2021). Apprentissage d'un terme de regularisation reconnecteur pour la segmentation de vaisseaux sanguins par approche variationnelle. *ORASIS, journées francophones des jeunes chercheurs en vision par ordinateur*. URL : <https://hal.science/hal-03339624/document>

CARNEIRO ESTEVES Sophie, VACAVANT Antoine et MERVEILLE Odyssée (2021). Learning a reconnecting regularization term for blood vessel variational segmentation. *2021 IEEE-EMBS International Conference on Biomedical and Health Informatics (BHI 2021)*. URL : <https://hal.science/hal-03278387/document>

Communication orale

CARNEIRO ESTEVES Sophie, VACAVANT Antoine et MERVEILLE Odyssée (2022). Apprentissage d'un terme de régularisation pour la segmentation de vaisseaux sanguins par approche variationnelle. *Participation au 45^{ème} Congrès National d'Analyse Numérique (CANUM)*. URL : <https://canum2020.math.cnrs.fr/programme/soumission/70674124-46ed-4abstract.pdf>

Bibliographie

- [1] ADLER, J. et ÖKTEM, O. (2018). Learned primal-dual reconstruction. *IEEE transactions on medical imaging*, 37(6):1322–1332. [72](#), [101](#)
- [2] ANTONELLI, M., REINKE, A., BAKAS, S., FARAHANI, K., KOPP-SCHNEIDER, A., LANDMAN, B. A., LITJENS, G., MENZE, B., RONNEBERGER, O., SUMMERS, R. M. *et al.* (2022). The medical segmentation decathlon. *Nature communications*, 13(1):4128. [22](#)
- [3] BAI, S., KOLTER, J. Z. et KOLTUN, V. (2019). Deep equilibrium models. *Advances in Neural Information Processing Systems*, 32. [72](#)
- [4] BULLITT, E. *et al.* (2005). Vessel tortuosity and brain tumor malignancy : A blinded study. *Academic Radiology*. [30](#)
- [5] CAO, H., WANG, Y., CHEN, J., JIANG, D., ZHANG, X., TIAN, Q. et WANG, M. (2022). Swin-unet : Unet-like pure transformer for medical image segmentation. *In European conference on computer vision*, pages 205–218. Springer. [22](#)
- [6] CASELLES, V., KIMMEL, R. et SAPIRO, G. (1997). Geodesic active contours. *International journal of computer vision*, 22:61–79. [8](#)
- [7] CHAMBOLLE, A., CREMERS, D. et POCK, T. (2012). A convex approach to minimal partitions. *SIAM Journal on Imaging Sciences*, 5(4):1113–1158. [9](#)
- [8] CHAN, T., ESEDOGLU, S. et NIKOLOVA, M. (2006). Algorithms for finding global minimizers of image segmentation and denoising models. *SIAM journal on applied mathematics*, 66(5):1632–1648. [xvii](#), [8](#), [10](#)
- [9] CHAN, T. F. et VESE, L. A. (2001). Active contours without edges. *IEEE Transactions on image processing*, 10(2):266–277. [xvii](#), [8](#), [9](#), [75](#)
- [10] CHEN, B., LIU, Y., ZHANG, Z., LU, G. et KONG, A. W. K. (2021a). Transattunet : Multi-level attention-guided u-net with transformer for medical image segmentation. *arXiv preprint arXiv :2107.05274*. [22](#)
- [11] CHEN, J., LU, Y., YU, Q., LUO, X., ADELI, E., WANG, Y., LU, L., YUILLE, A. L. et ZHOU, Y. (2021b). Transunet : Transformers make strong encoders for medical image segmentation. *arXiv preprint arXiv :2102.04306*. [22](#)

- [12] ÇIÇEK, Ö., ABDULKADIR, A., LIENKAMP, S. S., BROX, T. et RONNEBERGER, O. (2016). 3d u-net : learning dense volumetric segmentation from sparse annotation. *In Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2016 : 19th International Conference, Athens, Greece, October 17-21, 2016, Proceedings, Part II 19*, pages 424–432. Springer. 21
- [13] CLOUGH, J. R., BYRNE, N., OKSUZ, I., ZIMMER, V. A., SCHNABEL, J. A. et KING, A. P. (2020). A topological loss function for deep-learning based image segmentation using persistent homology. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 44(12):8766–8778. 25
- [14] COMBETTES, P. L. et PESQUET, J.-C. (2007). A douglas–rachford splitting approach to nonsmooth convex variational signal recovery. *IEEE Journal of Selected Topics in Signal Processing*, 1(4):564–574. 15
- [15] COMBETTES, P. L. et PESQUET, J.-C. (2011). Proximal splitting methods in signal processing. *Fixed-point algorithms for inverse problems in science and engineering*, pages 185–212. 15
- [16] COMBETTES, P. L. et WAJS, V. R. (2005). Signal recovery by proximal forward-backward splitting. *Multiscale modeling & simulation*, 4(4):1168–1200. 15
- [17] CONDAT, L. (2013). A primal–dual splitting method for convex optimization involving lipschitzian, proximable and linear composite terms. *Journal of optimization theory and applications*, 158(2):460–479. 16, 76
- [18] DABOV, K., FOI, A. et EGIAZARIAN, K. (2007). Video denoising by sparse 3d transform-domain collaborative filtering [c]. *In Proc. 15th European Signal Processing Conference*, volume 1, page 7. 69
- [19] DANIELYAN, A., KATKOVNIK, V. et EGIAZARIAN, K. (2011). Bm3d frames and variational image deblurring. *IEEE Transactions on image processing*, 21(4):1715–1728. 69
- [20] DONG, C., LOY, C. C., HE, K. et TANG, X. (2015). Image super-resolution using deep convolutional networks. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 38(2):295–307. 71
- [21] DOSOVITSKIY, A., BEYER, L., KOLESNIKOV, A., WEISSENBORN, D., ZHAI, X., UNTERTHINER, T., DEGHANI, M., MINDERER, M., HEIGOLD, G., GELLY, S. *et al.* (2020). An image is worth 16x16 words : Transformers for image recognition at scale. *arXiv preprint arXiv :2010.11929*. xvii, 20, 22
- [22] DOUARRE, C., CRISPIM-JUNIOR, C., GELIBERT, A., TOUGNE, L. et ROUSSEAU, D. (2019). Novel data augmentation strategies to boost supervised segmentation of plant disease. *Computers and Electronics in Agriculture*, 165. 47
- [23] DU, H., ZHANG, X., SONG, G., BAO, F., ZHANG, Y., WU, W. et LIU, P. (2023). Retinal blood vessel segmentation by using the ms-lsdnet network and geometric skeleton reconnection method. *Computers in Biology and Medicine*, 153:106416. 42

- [24] DURAN, A., DUSSERT, G. et LARTIZIEN, C. (2022). Learning to segment prostate cancer by aggressiveness from scribbles in bi-parametric mri. *In Medical Imaging 2022 : Image Processing*, volume 12032, pages 178–184. SPIE. 19
- [25] FOARE, M., LACHAUD, J.-O. et TALBOT, H. (2016). Image restoration and segmentation using the ambrosio-tortorelli functional and discrete calculus. *In 2016 23rd International Conference on Pattern Recognition (ICPR)*, pages 1418–1423. IEEE. 16
- [26] FRANGI, A. F., NIESSEN, W. J., VINCKEN, K. L. et VIERGEVER, M. A. (1998). Multiscale vessel enhancement filtering. *In Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention—MICCAI'98 : First International Conference Cambridge, MA, USA, October 11–13, 1998 Proceedings 1*, pages 130–137. Springer. 90
- [27] GABAY, D. et MERCIER, B. (1976). A dual algorithm for the solution of nonlinear variational problems via finite element approximation. *Computers & mathematics with applications*, 2(1):17–40. 16
- [28] GILTON, D., ONGIE, G. et WILLETT, R. (2021). Deep equilibrium architectures for inverse problems in imaging. *IEEE Transactions on Computational Imaging*, 7:1123–1133. 72, 101
- [29] HAFT-JAVAHERIAN, M., VILLIGER, M., SCHAFFER, C. B., NISHIMURA, N., GOLLAND, P. et BOUMA, B. E. (2020). A topological encoding convolutional neural network for segmentation of 3d multiphoton images of brain vasculature using persistent homology. *In Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops*, pages 990–991. 25
- [30] HAKIM, L., KAVITHA, M. S., YUDISTIRA, N. et KURITA, T. (2021). Regularizer based on euler characteristic for retinal blood vessel segmentation. *Pattern Recognition Letters*, 149:83–90. 25
- [31] HAMARNEH, G. et JASSI, P. (2010). Vascusynth : Simulating vascular trees for generating volumetric image data with ground-truth segmentation and tree analysis. *Computerized medical imaging and graphics*, 34(8):605–616. 32
- [32] HATAMIZADEH, A., TANG, Y., NATH, V., YANG, D., MYRONENKO, A., LANDMAN, B., ROTH, H. R. et XU, D. (2022). Unetr : Transformers for 3d medical image segmentation. *In Proceedings of the IEEE/CVF winter conference on applications of computer vision*, pages 574–584. 22
- [33] HE, Y., YANG, G., YANG, J., CHEN, Y., KONG, Y., WU, J., TANG, L., ZHU, X., DILLENSEGER, J.-L., SHAO, P. et al. (2020). Dense biased networks with deep priori anatomy and hard region adaptation : Semi-supervised learning for fine renal artery segmentation. *Medical image analysis*, 63:101722. 19
- [34] HEIDE, F., STEINBERGER, M., TSAI, Y., ROUF, M., PAJAK, D., REDDY, D., GALLO, O., L., J., HEIDRICH, W., EGIAZARIAN, K. et al. (2014). Flexisp : A flexible camera image processing framework. *ACM Transactions on Graphics*, 33(6):1–13. 69

- [35] HOOVER, A., KOUZNETSOVA, V. et GOLDBAUM, M. (2000). Locating blood vessels in retinal images by piecewise threshold probing of a matched filter response. *IEEE Transactions on Medical imaging*, 19(3):203–210. [xx](#), [29](#), [91](#)
- [36] HOU, J., DING, X. et DENG, J. D. (2022). Semi-supervised semantic segmentation of vessel images using leaking perturbations. *In Proceedings of the IEEE/CVF Winter Conference on Applications of Computer Vision*, pages 2625–2634. [19](#)
- [37] HU, X., LI, F., SAMARAS, D. et CHEN, C. (2019). Topology-preserving deep image segmentation. *Advances in neural information processing systems*, 32. [25](#)
- [38] HUANG, Q., SUN, J., DING, H., WANG, X. et WANG, G. (2018). Robust liver vessel extraction using 3d u-net with variant dice loss function. *Computers in biology and medicine*, 101:153–162. [24](#)
- [39] ISENSEE, F., JAEGER, P. F., KOHL, S. A., PETERSEN, J. et MAIER-HEIN, K. H. (2021). nnu-net : a self-configuring method for deep learning-based biomedical image segmentation. *Nature methods*, 18(2):203–211. [20](#), [21](#), [24](#), [59](#)
- [40] ISENSEE, F., JÄGER, P. F., KOHL, S. A., PETERSEN, J. et MAIER-HEIN, K. H. (2019). Automated design of deep learning methods for biomedical image segmentation. *arXiv preprint arXiv :1904.08128*. [24](#)
- [41] JIANG, Y., LIANG, J., CHENG, T., LIN, X., ZHANG, Y. et DONG, J. (2022). Mtpa_unet : Multi-scale transformer-position attention retinal vessel segmentation network joint transformer and cnn. *Sensors*, 22(12):4592. [23](#)
- [42] JIU, M. et PUSTELNIK, N. (2021). A deep primal-dual proximal network for image restoration. *IEEE Journal of Selected Topics in Signal Processing*, 15(2):190–203. [72](#)
- [43] JOSHI, V. S., GARVIN, M. K., REINHARDT, J. M. et ABRAMOFF, M. D. (2011). Identification and reconnection of interrupted vessels in retinal vessel segmentation. *In 2011 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging : From Nano to Macro*, pages 1416–1420. IEEE. [42](#)
- [44] KALMAN, R. E. (1960). A new approach to linear filtering and prediction problems. [9](#)
- [45] KARIMI, D. et SALCUDEAN, S. E. (2019). Reducing the hausdorff distance in medical image segmentation with convolutional neural networks. *IEEE Transactions on medical imaging*, 39(2):499–513. [25](#)
- [46] KASS, M., WITKIN, A. et TERZOPOULOS, D. (1988). Snakes : Active contour models. *International journal of computer vision*, 1(4):321–331. [7](#)
- [47] KERAUTRET, B., NGO, P., PASSAT, N., TALBOT, H. et JAQUET, C. (2023). Openco : An implementation of constrained constructive optimization for generating 2d and 3d vascular trees. *Image Processing On Line*. [xvii](#), [xviii](#), [32](#), [33](#), [47](#), [50](#)

- [48] KERFOOT, E., CLOUGH, J., OKSUZ, I., LEE, J., KING, A. et SCHNABEL, J. (2018). Left-ventricle quantification using residual u-net. *In International Workshop on Statistical Atlases and Computational Models of the Heart*, pages 371–380. 48
- [49] KESHWANI, D., KITAMURA, Y., IHARA, S., IIZUKA, S. et SIMO-SERRA, E. (2020). Topnet : Topology preserving metric learning for vessel tree reconstruction and labelling. *In Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention–MICCAI 2020 : 23rd International Conference, Lima, Peru, October 4–8, 2020, Proceedings, Part VI 23*, pages 14–23. Springer. 19, 23
- [50] KITRUNGROTSAKUL, T. *et al.* (2019). VesselNet : A deep convolutional neural network with multi pathways for robust hepatic vessel segmentation. *Computerized Medical Imaging and Graphics*. 19
- [51] KOMODAKIS, N. et PESQUET, J. (2015). Playing with duality : An overview of recent primal-dual approaches for solving large-scale optimization problems. *Signal Processing Magazine*, 32(6):31–54. 16
- [52] LAMY, J., MERVEILLE, O., KERAUTRET, B. et PASSAT, N. (2022). A benchmark framework for multiregion analysis of vesselness filters. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 41(12):3649–3662. 30, 31
- [53] LE, H. T. V., FOARE, M. et PUSTELNIK, N. (2022a). Proximal based strategies for solving discrete mumford-shah with ambrosio-tortorelli penalization on edges. *IEEE Signal Processing Letters*, 29:952–956. 16
- [54] LE, H. T. V., PUSTELNIK, N. et FOARE, M. (2022b). The faster proximal algorithm, the better unfolded deep learning architecture? the study case of image denoising. *In 2022 30th European Signal Processing Conference (EUSIPCO)*, pages 947–951. IEEE. 72
- [55] LE PENDU, M. et GUILLEMOT, C. (2023). Preconditioned plug-and-play admm with locally adjustable denoiser for image restoration. *SIAM Journal on Imaging Sciences*, 16(1):393–422. 70, 71
- [56] LEE, S.-H. et LEE, S. (2015). Adaptive kalman snake for semi-autonomous 3d vessel tracking. *Computer methods and programs in biomedicine*, 122(1):56–75. 9
- [57] LEMENANT, A. (2008). *Sur la régularité des minimiseurs de Mumford-Shah en dimension 3 et supérieure*. Thèse de doctorat, Université Paris Sud-Paris XI. xvii, 10
- [58] LESAGE, D. *et al.* (2009). A review of 3D vessel lumen segmentation techniques : Models, features and extraction schemes. *Medical Image Analysis*. 8, 19
- [59] LI, C., MA, W., SUN, L., DING, X., HUANG, Y., WANG, G. et YU, Y. (2022a). Hierarchical deep network with uncertainty-aware semi-supervised learning for vessel segmentation. *Neural Computing and Applications*, pages 1–14. 19
- [60] LI, Y., CAI, W., GAO, Y., LI, C. et HU, X. (2022b). More than encoder : Introducing transformer decoder to upsample. *In 2022 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, pages 1597–1602. IEEE. 22

- [61] LI, Y., ZHANG, Q., ZHOU, H., LI, J., LI, X. et LI, A. (2023). Cerebrovascular segmentation from mesoscopic optical images using swin transformer. *Journal of Innovative Optical Health Sciences*, page 2350009. 23
- [62] LI, Y., ZHANG, Y., LIU, J.-Y., WANG, K., ZHANG, K., ZHANG, G.-S., LIAO, X.-F. et YANG, G. (2022c). Global transformer and dual local attention network via deep-shallow hierarchical feature fusion for retinal vessel segmentation. *IEEE Transactions on Cybernetics*. 23
- [63] LIN, M., ZEPF, K., CHRISTENSEN, A. N., BASHIR, Z., SVENDSEN, M. B. S., TOLSGAARD, M. et FERAGEN, A. (2023). Dtu-net : Learning topological similarity for curvilinear structure segmentation. In *International Conference on Information Processing in Medical Imaging*, pages 654–666. Springer. 23
- [64] LIN, T.-Y., GOYAL, P., GIRSHICK, R., HE, K. et DOLLÁR, P. (2017). Focal loss for dense object detection. In *Proceedings of the IEEE international conference on computer vision*, pages 2980–2988. 24
- [65] LIU, Z., LIN, Y., CAO, Y., HU, H., WEI, Y., ZHANG, Z., LIN, S. et GUO, B. (2021). Swin transformer : Hierarchical vision transformer using shifted windows. In *Proceedings of the IEEE/CVF international conference on computer vision*, pages 10012–10022. 22
- [66] LUNZ, S., ÖKTEM, O. et SCHÖNLIEB, C.-B. (2018). Adversarial regularizers in inverse problems. *Advances in neural information processing systems*, 31. 71, 77
- [67] MA, J., CHEN, J., NG, M., HUANG, R., LI, Y., LI, C., YANG, X. et MARTEL, A. L. (2021). Loss odyssey in medical image segmentation. *Medical Image Analysis*, 71:102035. 23
- [68] MAIER-HEIN, L., REINKE, A., GODAU, P., TIZABI, M. D., BUETTNER, F., CHRISTODOULOU, E., GLOCKER, B., ISENSEE, F., KLEESIEK, J., KOZUBEK, M. et al. (2024). Metrics reloaded : recommendations for image analysis validation. *Nature methods*, pages 1–18. 34
- [69] MEINHARDT, T., MOLLER, M., HAZIRBAS, C. et CREMERS, D. (2017). Learning proximal operators : Using denoising networks for regularizing inverse imaging problems. In *Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision*, pages 1781–1790. 69, 70, 71
- [70] MENTEN, M. J., PAETZOLD, J. C., ZIMMER, V. A., SHIT, S., EZHOV, I., HOLLAND, R., PROBST, M., SCHNABEL, J. A. et RUECKERT, D. (2023). A skeletonization algorithm for gradient-based optimization. In *Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision*, pages 21394–21403. 25
- [71] MERVEILLE, O., NAEGEL, B., TALBOT, H. et PASSAT, N. (2019). n d variational restoration of curvilinear structures with prior-based directional regularization. *IEEE Transactions on Image Processing*, 28(8):3848–3859. xvii, 11, 12, 90
- [72] MERVEILLE, O., TALBOT, H., NAJMAN, L. et PASSAT, N. (2018). Curvilinear structure analysis by ranking the orientation responses of path operators. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence (PAMI)*, 40(2):304–317. 12, 90

- [73] MILLETARI, F., NAVAB, N. et AHMADI, S.-A. (2016). V-net : Fully convolutional neural networks for volumetric medical image segmentation. *In 2016 fourth international conference on 3D vision (3DV)*, pages 565–571. Ieee. 24, 48
- [74] MIRAUCOURT, O., JEZIERSKA, A., TALBOT, H., SALMON, S. et PASSAT, N. (2015). Variational method combined with frangi vesselness for tubular object segmentation. *In Computational & Mathematical Biomedical Engineering (CMBE)*, pages 485–488. 11
- [75] MOCCIA, S., DE MOMI, E., EL HADJI, S. et MATTOS, L. S. (2018). Blood vessel segmentation algorithms—review of methods, datasets and evaluation metrics. *Computer methods and programs in biomedicine*, 158:71–91. 8, 19
- [76] MOU, L., CHEN, L., CHENG, J., GU, Z., ZHAO, Y. et LIU, J. (2020). Dense dilated network with probability regularized walk for vessel detection. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 39(5):1392–1403. 42
- [77] MOU, L., ZHAO, Y., FU, H., LIU, Y., CHENG, J., ZHENG, Y., SU, P., YANG, J., CHEN, L., FRANGI, A. F. *et al.* (2021). Cs2-net : Deep learning segmentation of curvilinear structures in medical imaging. *Medical image analysis*, 67:101874. 23
- [78] MUKHERJEE, S., HAUPTMANN, A., ÖKTEM, O., PEREYRA, M. et SCHÖNLIEB, C.-B. (2023). Learned reconstruction methods with convergence guarantees : a survey of concepts and applications. *IEEE Signal Processing Magazine*, 40(1):164–182. 68, 71
- [79] MUMFORD, D. B. et SHAH, J. (1989). Optimal approximations by piecewise smooth functions and associated variational problems. *Communications on pure and applied mathematics*. 9
- [80] ODA, M. *et al.* (2019). Abdominal artery segmentation method from CT volumes using fully convolutional neural network. *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*. 19
- [81] ONGIE, G., JALAL, A., METZLER, C. A., BARANIUK, R. G., DIMAKIS, A. G. et WILLETT, R. (2020). Deep learning techniques for inverse problems in imaging. *IEEE Journal on Selected Areas in Information Theory*, 1(1):39–56. 68
- [82] OSHER, S. et SETHIAN, J. A. (1988). Fronts propagating with curvature-dependent speed : Algorithms based on hamilton-jacobi formulations. *Journal of computational physics*, 79(1):12–49. 8
- [83] PESQUET, J.-C., REPETTI, A., TERRIS, M. et WIAUX, Y. (2021). Learning maximally monotone operators for image recovery. *SIAM Journal on Imaging Sciences*, 14(3):1206–1237. 70, 71, 98
- [84] PINAYA, W. H., TUDOSIU, P.-D., DAFFLON, J., DA COSTA, P. F., FERNANDEZ, V., NACHEV, P., OURSELIN, S. et CARDOSO, M. J. (2022). Brain imaging generation with latent diffusion models. *In MICCAI Workshop on Deep Generative Models*, pages 117–126. Springer. 101

- [85] PINON, N., OUDOUMANESSAH, G., TROMBETTA, R., DOJAT, M., FORBES, F. et LARTIZIEN, C. (2023). Brain subtle anomaly detection based on auto-encoders latent space analysis : application to de novo parkinson patients. 19
- [86] POCK, T., CREMERS, D., BISCHOF, H. et CHAMBOLLE, A. (2009). An algorithm for minimizing the mumford-shah functional. *In 2009 IEEE 12th International Conference on Computer Vision*, pages 1133–1140. IEEE. 9
- [87] PUSTELNIK, N. (2023). On the primal and dual formulations of the discrete mumford-shah functional. *In ICASSP 2023-2023 IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing (ICASSP)*, pages 1–5. IEEE. 16
- [88] RICK CHANG, J., LI, C.-L., POZOS, B., VIJAYA KUMAR, B. et SANKARANARAYANAN, A. C. (2017). One network to solve them all—solving linear inverse problems using deep projection models. *In Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision*, pages 5888–5897. 69
- [89] RONNEBERGER, O., FISCHER, P. et BROX, T. (2015). U-net : Convolutional networks for biomedical image segmentation. pages 234–241. xvii, 20, 21, 24, 58
- [90] ROUGÉ, P., PASSAT, N. et MERVEILLE, O. (2023). Cascaded multitask u-net using topological loss for vessel segmentation and centerline extraction. 23, 25
- [91] RUDIN, L. I., OSHER, S. et FATEMI, E. (1992). Nonlinear total variation based noise removal algorithms. *Physica D : nonlinear phenomena*, 60(1-4):259–268. 10, 75
- [92] RUNIONS, A., FUHRER, M., LANE, B., FEDERL, P., ROLLAND-LAGAN, A.-G. et PRUSINKIEWICZ, P. (2005). Modeling and visualization of leaf venation patterns. *In ACM SIGGRAPH 2005 Papers*, pages 702–711. 32
- [93] SALEHI, S. S. M., ERDOGMUS, D. et GHOLIPOUR, A. (2017). Tversky loss function for image segmentation using 3d fully convolutional deep networks. *In International workshop on machine learning in medical imaging*, pages 379–387. Springer. 24
- [94] SCHAAP, M., METZ, C. T., van WALSUM, T., van der GIESSEN, A. G., WEUSTINK, A. C., MOLLET, N. R., BAUER, C., BOGUNOVIĆ, H., CASTRO, C., DENG, X. et al. (2009). Standardized evaluation methodology and reference database for evaluating coronary artery centerline extraction algorithms. *Medical image analysis*, 13(5):701–714. 36
- [95] SCHNEIDER, M., REICHOLD, J., WEBER, B., SZÉKELY, G. et HIRSCH, S. (2012). Tissue metabolism driven arterial tree generation. *Medical image analysis*, 16(7):1397–1414. 32
- [96] SHABANI, M. et POURGHASSEM, H. (2022). An active contour model using matched filter and hessian matrix for retinalvessels segmentation. *Turkish Journal of Electrical Engineering and Computer Sciences*, 30(1):295–311. xvii, 8
- [97] SHEN, X., XU, J., JIA, H., FAN, P., DONG, F., YU, B. et REN, S. (2022). Self-attentional microvessel segmentation via squeeze-excitation transformer unet. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 97:102055. 23

- [98] SHIT, S., PAETZOLD, J. C., SEKUBOYINA, A., EZHOV, I., UNGER, A., ZHYLKA, A., PLUIM, J. P., BAUER, U. et MENZE, B. H. (2021). cldice-a novel topology-preserving loss function for tubular structure segmentation. *In Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 16560–16569. 25, 36
- [99] STAAL, J., ABRÀMOFF, M. D., NIEMEIJER, M., VIERGEVER, M. A. et VAN GINNEKEN, B. (2004). Ridge-based vessel segmentation in color images of the retina. *IEEE transactions on medical imaging*, 23(4):501–509. 29, 50
- [100] STORATH, M., WEINMANN, A. et DEMARET, L. (2014). Jump-sparse and sparse recovery using potts functionals. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 62(14):3654–3666. 9
- [101] STORATH, M., WEINMANN, A., FRIKEL, J. et UNSER, M. (2015). Joint image reconstruction and segmentation using the potts model. *Inverse Problems*, 31(2):025003. 9
- [102] STREKALOVSKIY, E. et CREMERS, D. (2014). Real-time minimization of the piecewise smooth mumford-shah functional. *In Computer Vision–ECCV 2014 : 13th European Conference, Zurich, Switzerland, September 6–12, 2014, Proceedings, Part II 13*, pages 127–141. Springer. 16
- [103] SUN, J., LI, H., XU, Z. *et al.* (2016). Deep admn-net for compressive sensing mri. *Advances in neural information processing systems*, 29. 72
- [104] TAGHANAKI, S. A., ZHENG, Y., ZHOU, S. K., GEORGESCU, B., SHARMA, P., XU, D., COMANICIU, D. et HAMARNEH, G. (2019). Combo loss : Handling input and output imbalance in multi-organ segmentation. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 75:24–33. 24
- [105] TARVAINEN, A. *et al.* (2017). Mean teachers are better role models : Weight-averaged consistency targets improve semi-supervised deep learning results. *Advances in Neural Information Processing Systems*. 18
- [106] VALDERRAMA, N., PITSIORLAS, I., VARGAS, L., ARBELAEZ, P. et ZULUAGA, M. A. (2023). Job-vs : Joint brain-vessel segmentation in tof-mra images. *In ISBI 2023, IEEE International Symposium on Biomedical Imaging, 18–21 April 2023, Cartagena de Indias, Colombia, Cartagena de Indias*. 30
- [107] VASWANI, A., SHAZEER, N., PARMAR, N., USZKOREIT, J., JONES, L., GOMEZ, A. N., KAISER, Ł. et POLOSUKHIN, I. (2017). Attention is all you need. *Advances in neural information processing systems*, 30. 22, 23
- [108] VENKATAKRISHNAN, S. V., BOUMAN, C. A. et WOHLBERG, B. (2013). Plug-and-play priors for model based reconstruction. *In 2013 IEEE global conference on signal and information processing*, pages 945–948. IEEE. 69
- [109] Vŭ, B. C. (2013). A splitting algorithm for dual monotone inclusions involving cocoercive operators. *Advances in Computational Mathematics*, 38(3):667–681. 16, 76

- [110] WU, M., QIAN, Y., LIAO, X., WANG, Q. et HENG, P.-A. (2023). Hepatic vessel segmentation based on 3d swin-transformer with inductive biased multi-head self-attention. *BMC Medical Imaging*, 23(1):1–14. 23
- [111] XIAO, H., LI, L., LIU, Q., ZHU, X. et ZHANG, Q. (2023). Transformers in medical image segmentation : A review. *Biomedical Signal Processing and Control*, 84:104791. 22
- [112] XU, C. et PRINCE, J. L. (1998). Snakes, shapes, and gradient vector flow. *IEEE Transactions on image processing*, 7(3):359–369. 8
- [113] YU, L., WANG, S., LI, X., FU, C.-W. et HENG, P.-A. (2019). Uncertainty-aware self-ensembling model for semi-supervised 3d left atrium segmentation. In *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention–MICCAI 2019 : 22nd International Conference, Shenzhen, China, October 13–17, 2019, Proceedings, Part II 22*, pages 605–613. Springer. 90
- [114] ZHANG, J., BEKKERS, E., CHEN, D., BERENDSCHOT, T. T., SCHOUTEN, J., PLUIM, J. P., SHI, Y., DASHTBOZORG, B. et ter HAAR ROMENY, B. M. (2018a). Reconnection of interrupted curvilinear structures via cortically inspired completion for ophthalmologic images. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 65(5):1151–1165. 42
- [115] ZHANG, K., LI, Y., ZUO, W., ZHANG, L., VAN GOOL, L. et TIMOFTE, R. (2021). Plug-and-play image restoration with deep denoiser prior. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 44(10):6360–6376. 70, 71
- [116] ZHANG, K., ZUO, W., GU, S. et ZHANG, L. (2017a). Learning deep cnn denoiser prior for image restoration. In *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*. 69, 70, 71
- [117] ZHANG, K., ZUO, W., GU, S. et ZHANG, L. (2017b). Learning deep cnn denoiser prior for image restoration. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 3929–3938. 72
- [118] ZHANG, K., ZUO, W. et ZHANG, L. (2018b). Ffdnet : Toward a fast and flexible solution for cnn-based image denoising. *IEEE Transactions on Image Processing*, 27(9): 4608–4622. 70

