



HAL
open science

Modélisation homotopique et segmentation 3D du cortex cérébral à partir d'IRM pour la résolution des problèmes directs et inverses en EEG et en MEG

Yann Cointepas

► **To cite this version:**

Yann Cointepas. Modélisation homotopique et segmentation 3D du cortex cérébral à partir d'IRM pour la résolution des problèmes directs et inverses en EEG et en MEG. Autre [q-bio.OT]. Télécom ParisTech, 1999. Français. NNT: . tel-00005652

HAL Id: tel-00005652

<https://pastel.hal.science/tel-00005652>

Submitted on 5 Apr 2004

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.

RAPPORT DE THÈSE

Modélisation homotopique et segmentation tridimensionnelles du cortex cérébral à partir d'IRM pour la résolution des problèmes directs et inverses en EEG et en MEG

Yann Cointepas

Thèse soutenue le 28 octobre 1999

Directeurs de Thèse :

Isabelle Bloch

Line Garnero

Rapporteurs :

Gilles Bertrand

Annick Montanvert

Examineurs :

Nicholas Ayache

Michel Desvignes

Remerciements

Je tiens à remercier tout particulièrement mes deux directrices de thèse, Isabelle Bloch et Line Garnero, pour m'avoir laissé profiter librement de leur formidable valeur scientifique et personnelle.

Merci à Gilles Bertrand et Annick Montanvert qui ont accepté la lourde tâche d'être rapporteur pour ce travail de thèse.

Merci à Nicholas Ayache et Michel Desvignes d'avoir bien voulu participer au jury de thèse.

Merci à tous ceux qui ont participé à rendre la vie agréable au département TSI. En particulier : Adem, Alex, Anne-Catherine, Aymeric, Bruno, Carole, Christian, Claudia, Cyril, Dominique, Dominique, Elodie, Florence, Francis, Geneviève, Gouenou, Hans, Henri, Hilmi, Igor, Isa, Jean-Marie, Jean-Pierre, Jérémie, Jon, Jorge, Lars, Laurent, Ludivine, Marc, Maxim, Michel, Nathalie, Olivier, Patricia, Raouf, Reda, Selim, Severine, Shinji, Sophie, Stéphane, Théo, Ugur, Valérie, Valérie, Wirawan et Yucel.

Enfin, soient ici remerciés tous ceux qui, au cours de ses trois années, m'ont donné sans compter leur science et leur temps.

A Maman et à Hélène

Table des matières

Introduction générale	11
I Le cortex et l'exploration fonctionnelle du cerveau	15
1 L'observation in vivo du fonctionnement du cerveau	17
1.1 Principes physiologiques	18
1.2 Méthodes d'observation de l'activité cérébrale	20
1.2.1 L'imagerie nucléaire	20
1.2.2 L'imagerie fonctionnelle par résonance magnétique	21
1.2.3 L'électroencéphalographie et la magnétoencéphalographie	21
1.2.4 Comparaisons des modalités d'exploration fonctionnelle	22
1.3 L'anatomie corticale au service du fonctionnel	24
1.3.1 Anatomie corticale	24
1.3.2 Importance du cortex pour l'analyse des signaux EEG et MEG	24
2 Segmentation du cortex dans les IRM	29
2.1 Segmentation et représentations anatomiques dans des IRM cérébrales	30
2.1.1 Segmentation sans modélisation directe des objets	30
2.1.2 Segmentation avec modélisation	32
2.2 Segmentation du cortex dans une image IRM	33
2.2.1 Anatomie corticale et IRM	34
2.2.2 Limites des approches classiques pour la segmentation du cortex	37
2.2.3 La segmentation du cortex : état de l'art	39
2.2.3.1 Les méthodes de surface	40
2.2.3.2 Les méthodes de profondeur	41
2.3 Conclusion	45

II	Modèle déformable homotopique à base de complexes cellulaires	47
1	Introduction	49
2	Vers un modèle cellulaire pour représenter les images	51
2.1	Représentation de surface dans un espace discret	51
2.1.1	Les graphes d'adjacence	52
2.1.2	Les ensembles de surfels	52
2.1.3	Les variétés combinatoires	53
2.1.4	Les complexes cellulaires	54
2.1.5	Autres approches	55
2.2	Le modèle cellulaire	55
2.3	Conclusion	62
3	Construction d'un modèle cellulaire homotopiquement déformable	63
3.1	Notions de topologie	64
3.1.1	Transformations et continuité	64
3.1.2	Transformations homotopiques	66
3.2	Déformations homotopiques dans le cadre d'un graphe d'adjacence	67
3.2.1	Notions de base et notations	68
3.2.2	Déformation d'une boucle	69
3.2.3	Éléments simples	73
3.2.4	Les cellules simples d'un modèle cellulaire	78
3.3	Déformations homotopiques d'une scène composée de plusieurs objets	81
3.3.1	Déformations simples et ensembles d'homotopie	81
3.3.2	Caractérisation locale des ensembles d'homotopie	84
3.4	Conclusion	85
4	Considérations informatiques et algorithmiques	87
4.1	Implantation informatique du modèle cellulaire	87
4.2	Réalisation d'algorithmes sur des modèles cellulaires	92
4.2.1	Algorithmes d'identification des cellules simples et des ensembles d'homotopie	93
4.2.2	Algorithme de déformation homotopique d'un modèle cellulaire	95
4.2.3	La distance cellulaire	98
4.3	Conclusion	99
5	Conclusion	101

III	Segmentation de la surface corticale par modèle cellulaire déformable	103
1	Introduction	105
2	Présentation de la méthode	107
2.1	Approche volumique de la représentation du cortex	107
2.2	Utilisation d'un modèle cellulaire déformable	108
2.2.1	Initialisation du modèle cellulaire	108
2.2.2	Principe des déformations du modèle cellulaire	111
2.2.3	Définition de la limite d'un objet cellulaire	112
2.2.4	Topologie et déformation de la limite cellulaire	114
2.2.5	Surfaces externes et surfaces internes	118
3	Segmentation préliminaire des grandes structures cérébrales	121
3.1	Algorithme de séparation par étranglement	121
3.2	Segmentation du cerveau	124
3.2.1	Segmentation du tronc cérébral	126
3.2.2	Segmentation du cervelet	128
3.2.3	Segmentation des hémisphères	131
3.2.4	Discussion	131
4	Algorithme de déformation	135
4.1	Déformation dans les volumes de LCR	137
4.2	Déformation de surface	140
4.2.1	Détection des parties surfaciques des sillons	141
4.2.1.1	Evaluation de l'épaisseur du cortex	142
4.2.1.2	Evaluation de la direction d'évolution du modèle	143
4.2.2	Détection du LCR dans les sillons	145
4.3	Régularisation	146
4.3.1	Contraintes de connexité entre facettes	149
4.3.2	Contrainte de courbure	149
4.3.3	Détection et remplissage des pseudo tunnels	152
4.4	Vers une régularisation géodésique des surfaces	153
4.4.1	Déformation hiérarchique des surfaces	154
4.4.2	Evaluation géodésique de la régularité d'une surface	156
5	Résultats	159
5.1	Visualisations	159
5.2	Initialisation et évolution du modèle	160
5.3	Paramètres et convergence	161
5.3.1	Le paramètre s_{volume}	161
5.3.2	Le paramètre $s_{surface}$	162

5.3.3	Le paramètre α	162
5.3.4	Le paramètre ϵc	163
5.3.5	Convergence de l'algorithme	163
6	Conclusion	177
	Discussion et perspectives	181
	Annexes	185
A	Les systèmes de voisinage du modèle cellulaire	185
B	Abbréviations et notations	189
	Bibliographie	187

Introduction générale

La lecture de cette phrase nécessite l'activité de plusieurs millions de neurones de votre cerveau. Ce chiffre reflète une partie de l'extrême complexité anatomique du cerveau humain qui est constitué d'un vaste réseau reliant des centaines de milliards de neurones. Il est encore actuellement impossible d'accéder à l'ensemble de ce réseau en raison, d'une part, de sa complexité structurelle et, d'autre part, de la taille et de la densité des neurones qui, par exemple, se comptent par millions dans quelques millimètres cubes de cortex. Ce gigantesque réseau, dont les liaisons et l'activité représentent des processus complexes et mal connus tant à l'échelle microscopique que macroscopique, est le support de l'activité cérébrale qui régit l'ensemble du fonctionnement du corps humain. Obtenir de meilleures connaissances du fonctionnement cérébral ainsi que des liens qui l'unissent avec l'activité cérébrale est donc un défi dont les applications à court ou moyen terme sont nombreuses notamment dans le milieu médical (traitement de l'épilepsie, aide à la décision chirurgicale, analyse des troubles mentaux, etc.) mais dont les implications à long terme pourraient couvrir l'ensemble de l'activité humaine. Ce défi est actuellement relevé par de nombreuses équipes et constitue un axe de recherche très actif comme le montre l'existence de nombreux projets internationaux et nationaux comme ceux du groupement d'intérêt scientifique (GIS) Sciences de la Cognition au sein desquels s'inscrit notre travail.

Bien avant l'émergence des méthodes actuelles d'imagerie cérébrale, l'observation du fonctionnement du cerveau humain, fondée notamment sur l'étude des conséquences de lésions cérébrales et sur des études *post mortem*, a permis de mettre en évidence un découpage de l'activité cérébrale en unités fonctionnelles [BROD-25, PENF-50]. Un tel découpage est à l'origine du succès croissant des méthodes de neuroimagerie fonctionnelle qui permettent d'observer le fonctionnement du cerveau à une échelle suffisamment fine pour étudier le découpage fonctionnel. Cependant, bien que l'existence d'un découpage fonctionnel soit globalement acceptée, il n'existe pas de cartographie universelle du découpage fonctionnel du cerveau. Cela est en partie dû aux grandes variabilités fonctionnelles et anatomiques que l'on observe entre plusieurs individus ainsi qu'à la plasticité du système cognitif humain qui est

capable, dans certains cas, de récupérer une fonction perdue après une lésion cérébrale. Les études fonctionnelles ont donc souvent besoin d'obtenir une modélisation tridimensionnelle de l'anatomie de chaque sujet afin de localiser précisément les processus cognitifs observés. L'obtention d'un tel modèle ne peut se faire qu'à l'aide d'un système d'imagerie anatomique tridimensionnelle comme l'imagerie par résonance magnétique (IRM).

L'objectif de cette thèse est de contribuer à ces études en proposant une méthode de modélisation et de segmentation du cortex en IRM qui soit adaptée aux utilisations en électroencéphalographie (EEG) et en magnétoencéphalographie (MEG). La complexité du cortex a nécessité le développement de modèles mathématiques spécifiques. Les contributions de la thèse se situent donc à deux niveaux : au niveau théorique avec le développement d'un modèle discret à la fois volumique et surfacique reposant sur les complexes cellulaires, l'étude de ses propriétés, et le développement d'une méthodologie de segmentation prenant en compte ses caractéristiques ; et au niveau applicatif avec l'utilisation de ce modèle sur des IRM tridimensionnelles pour des applications en EEG et en MEG. L'étude des aspects algorithmiques, imposé par le volume de données, a également constitué une partie importante du travail.

Dans la première partie de ce travail, nous abordons rapidement les différentes modalités d'imagerie fonctionnelle cérébrale et montrons l'importance que revêt la modélisation de l'anatomie corticale pour l'analyse des données fonctionnelles, en particulier pour la magnétoencéphalographie et l'électroencéphalographie. Ensuite, nous faisons le point sur les différentes méthodes permettant d'extraire l'anatomie corticale à partir d'une image IRM. Nous montrons que la prise en compte de la géométrie et de la topologie des sillons ne peut se faire qu'au prix d'une modélisation appropriée.

La seconde partie de ce rapport présente un modèle cellulaire permettant d'accroître les possibilités de modélisation des images classiques en permettant notamment de représenter, sans apparition de paradoxe topologique, des scènes constituées de plusieurs objets ayant différentes dimensions locales. Nous introduisons ensuite une caractérisation originale des déformations homotopiques d'un objet discret s'appuyant sur son graphe de voisinage. Nous utilisons ces résultats pour caractériser localement les déformations homotopiques élémentaires d'une scène représentée par un modèle cellulaire. Enfin nous présentons un cadre informatique permettant de représenter et d'utiliser un modèle cellulaire homotopiquement déformable.

La dernière partie de ce manuscrit présente une méthode de segmentation de la surface corticale s'appuyant sur les déformations homotopiques d'un

modèle cellulaire. Le modèle est initialisé à partir d'une segmentation du cerveau lisse puis déformé homotopiquement vers l'intérieur des sillons, la modélisation cellulaire permettant au modèle de s'adapter à la géométrie profonde des sillons corticaux.

Première partie

Le cortex et l'exploration fonctionnelle du cerveau

CHAPITRE 1

L'observation in vivo du fonctionnement du cerveau

Il est aujourd'hui possible d'observer presque directement le fonctionnement du cerveau sans se fonder sur l'observation de phénomènes périphériques comme des temps de réponse à des stimuli ou des conséquences d'une détérioration cérébrale. Plusieurs techniques permettent de suivre l'activité cérébrale d'un sujet sans dommage pour sa santé. Ces différentes méthodes de mesure de l'activité cérébrale s'appuient toutes sur des phénomènes biologiques ou physiques accompagnant l'activité cérébrale. Les précisions spatiales et temporelles de ces observations sont donc limitées pour deux raisons :

- D'une part, les phénomènes observés sont reliés indirectement à l'activité cérébrale et ne présentent pas les mêmes caractéristiques spatio-temporelles que cette dernière.
- D'autre part, l'observation de ces phénomènes métaboliques est contrainte par la résolution et la sensibilité des capteurs ainsi que par les protocoles expérimentaux pouvant être utilisés.

Dans ce chapitre, nous abordons l'influence de ces deux propriétés sur les différentes modalités d'exploration fonctionnelle du cerveau et nous nous intéressons à l'utilisation de l'anatomie pour servir l'exploration fonctionnelle du cerveau. Nous résumons, dans la section 1.1, les principaux principes physiologiques qui régissent ou accompagnent l'activité cérébrale et qui peuvent être observés pour étudier le fonctionnement du cerveau. Puis, dans la section 1.2, nous présentons succinctement les méthodes d'exploration fonctionnelle et comparons leurs résolutions spatiale et temporelle. Enfin, dans la section 1.3, nous montrons comment l'anatomie corticale peut être utilisée pour faciliter l'étude électrophysiologique du fonctionnement du cerveau.

1.1 Principes physiologiques

Le cerveau contient plusieurs milliards de neurones formant un vaste réseau de communication à travers tout le corps humain. Le neurone est une cellule composée principalement de quatre parties (figure 1.1) dont le principe de fonctionnement peut être schématisé ainsi [BAIL-98, BURG-82] :

- une antenne réceptrice : les dendrites ;
- une source d'énergie : le corps cellulaire (ou soma) ;
- une ligne de communication : l'axone ;
- une antenne émettrice : l'extrémité synaptique de l'axone.

Les neurones forment des chaînes, des circuits ou des boucles dans lesquels l'axone de l'un s'unit aux dendrites, au soma ou à l'axone du suivant par l'intermédiaire des jonctions synaptiques. L'excitation d'un neurone se traduit par une perturbation électrique qui se propage à partir du point excité : c'est le potentiel d'action [VINC-80]. La membrane du neurone est alors dépolarisée, c'est-à-dire que la différence de potentiel entre l'intérieur et l'extérieur du neurone (qui est au repos d'environ $-70mV$) baisse de façon transitoire ; ces variations de polarité sont dues à une modification de la perméabilité de la membrane cellulaire qui entraîne des échanges d'ions (K^+ , Na^+ et Cl^-) entre l'intérieur et l'extérieur de la cellule. Lors de l'excitation d'un neurone, on observe une différence de potentiel entre la tête du neurone et sa base [GLOO-85]. Chaque neurone excité peut donc être considéré comme un générateur de courant miniature créant des différences de potentiels dans son voisinage et entraînant des déplacements de charges dans le volume du cerveau.

L'activité cérébrale induit donc une modification des densités de courant dans le volume cérébral. La mesure directe de la répartition des densités de courant intra-cérébrale n'est pas envisageable en général mais cette activité électrique au sein du cerveau génère des différences de potentiels et des variations de champ magnétique qui peuvent être enregistrées à la surface du crâne. Les mesures électromagnétiques effectuées sur le scalp sont donc le reflet d'une partie de l'activité cérébrale, leur mesure et leur analyse sont donc susceptibles de fournir des indications sur le fonctionnement du cerveau.

Tout métabolisme a besoin d'énergie pour fonctionner. L'énergie nécessaire au fonctionnement du cerveau est véhiculée par le sang et est essentiellement composée de glucose. Quand les neurones sont activés, ils consomment le glucose apporté par le sang. Pour fournir l'énergie nécessaire à l'activité des neurones, le flux sanguin s'accroît localement aux endroits actifs. L'observation du flux sanguin dans le cerveau peut donc permettre de distinguer

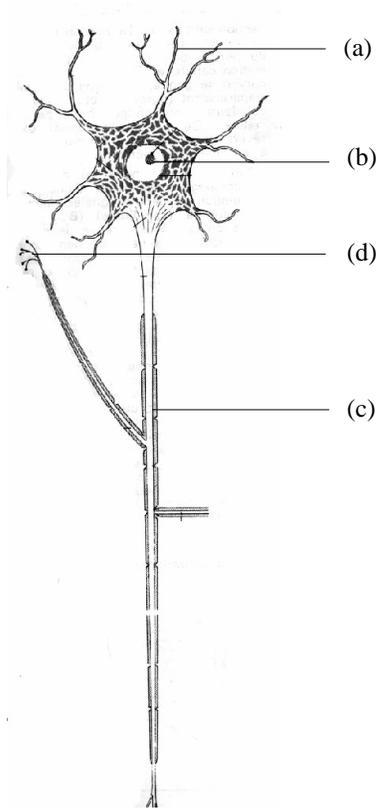


FIG. 1.1 – Schéma d'un neurone (d'après [KAHL-90], modifié). (a) Les dendrites. (b) Le corps cellulaire. (c) L'axone. (d) Les extrémités synaptiques.

les zones actives et les zones inactives du cerveau.

Deux phénomènes physiologiques permettent donc d'observer le fonctionnement du cerveau : l'électrophysiologie et la variation de flux sanguin. Les phénomènes électrophysiologiques sont directement liés à l'activité cérébrale tandis que la variation de flux sanguin est un phénomène indirect dont les liens avec l'activité cérébrale sont encore un sujet d'étude [VILL-95]. On est donc en droit d'attendre une meilleure précision spatio-temporelle des méthodes d'électrophysiologie ; cependant, les méthodes d'acquisition de ces deux modalités s'appuient sur des points de vue très différents qui vont conditionner et rendre complémentaires les précisions spatio-temporelles de ces deux approches.

1.2 Méthodes d'observation de l'activité cérébrale

1.2.1 L'imagerie nucléaire

L'imagerie nucléaire utilise des marqueurs radioactifs pour mesurer le flux sanguin dans le cerveau. En tomographie par émission de positons (TEP), ces marqueurs vont, en se désintégrant, émettre un positon qui va entrer en collision avec un électron de son voisinage après avoir parcouru quelques millimètres. La collision détruit les deux particules et émet deux photons qui partent dans des directions opposées et colinéaires. Ces photons vont être détectés par des capteurs situés autour de la tête du sujet. A l'aide d'algorithmes de reconstruction appropriés, il est possible de connaître précisément la position de la désintégration. La TEP permet donc de mesurer la quantité de désintégration en chaque point du volume cérébral pendant la durée de la mesure. Plus il y aura eu de particules marquées à un endroit donné pendant la mesure, plus cette zone apparaîtra claire dans l'image. Les particules étant véhiculées par le sang, c'est le débit sanguin qui va déterminer la quantité de particules passant en un point dans un intervalle de temps donné. L'image TEP est donc un reflet du débit sanguin, les zones claires correspondant à un débit élevé et les zones sombres à un débit faible.

Ces variations spatiales de débit sanguin ne peuvent pas être reliées directement à l'activité cérébrale. En effet, l'activation du cerveau entraîne une variation temporelle du débit sanguin local. Pour obtenir une carte des variations temporelles des débits sanguins en chaque point du cerveau, on utilise plusieurs images TEP. Le principe est de comparer une image d'un sujet effectuant une tâche de référence (qui consiste en général à rester immobile et à se reposer mentalement) et une image du même sujet lors d'une tâche cible précise que l'on souhaite étudier. En effectuant la différence entre l'image cible et l'image de référence, on pourra mesurer les différences de flux sanguin, et donc d'activité cérébrale, entre ces deux tâches. Cette méthode étant particulièrement sensible au bruit, il est nécessaire de développer des paradigmes expérimentaux appropriés permettant l'étude statistique d'un grand nombre d'images cibles et d'images de référence afin d'isoler les zones d'activation cérébrale dues à la tâche.

La TEP n'est pas la seule modalité d'imagerie nucléaire, la tomographie par émission simple de positon (TESP) est une méthode utilisant d'autres types de marqueurs dont la désintégration n'émet qu'un seul photon. Cette méthode utilise des marqueurs dont la période radioactive est de plusieurs heures et qui n'appartiennent pas aux molécules biologiques [ROYA-97]; de plus la résolution spatiale et la sensibilité de la TESP sont moins bonnes que

celles de la TEP. L'utilisation de la TEP est donc en général préférée à celle de la TESP [MASH-96].

1.2.2 L'imagerie fonctionnelle par résonance magnétique

En imagerie par résonance magnétique (IRM), on mesure des fréquences de la précession de l'aimantation induite dans le cerveau par des champs magnétiques externes. Ces fréquences sont dues aux moments magnétiques des molécules composant les tissus cérébraux et dépendent des caractéristiques locales des tissus. Mise au point il y a une trentaine d'années, l'IRM a d'abord été utilisée pour observer l'anatomie; mais son évolution a rendu possible l'observation du fonctionnement cérébral par résonance magnétique [TURN-94, LEBH-95, ANTO-96, DUYN-96, JEZZ-96].

L'imagerie par résonance magnétique fonctionnelle (IRMf) mesure les différences de flux sanguin; il existe trois méthodes pour effectuer ces mesures :

- par injection d'un produit paramagnétique dans le sang [BELL-91];
- en utilisant un phénomène d'*entrée de coupe* permettant de détecter les noyaux d'hydrogène des molécules d'eau apportées par le flux sanguin;
- en s'appuyant sur les propriétés paramagnétiques de la désoxyhémoglobine; au cours d'une activation, la concentration locale en désoxyhémoglobine diminue ce qui a un effet mesurable sur le signal IRMf.

L'analyse des images IRMf nécessite, comme pour les images TEP, la comparaison d'images cibles avec des images de référence. L'IRMf pose donc, de ce point de vue, des problèmes comparables à ceux posés par la TEP pour la mise au point de paradigmes expérimentaux.

1.2.3 L'électroencéphalographie et la magnétoencéphalographie

Bien qu'il soit possible de mesurer directement l'activité électrique du cerveau à l'aide d'électrodes intra-crâniennes, cette méthode n'est employée, pour des raisons évidentes de déontologie, que dans un but thérapeutique comme pour la localisation précise de foyers épileptiques. Les mesures électrophysiologiques ne peuvent donc être faites qu'à la surface du crâne; on n'a donc pas accès à une mesure directe de l'activité électromagnétique, la reconstruction de l'activité cérébrale à partir de ces mesures nécessite donc la résolution d'un problème inverse délicat.

Il existe deux modalités d'acquisition de données électrophysiologiques à la surface du scalp: l'électroencéphalographie (EEG) et la magnétoencéphalographie (MEG). Pour ces deux modalités, des capteurs sont appliqués

à la surface du crâne et enregistrent respectivement des différences de potentiels pour l'EEG et des flux de champ magnétique pour la MEG. L'EEG ne nécessite pas un appareillage très important, les mesures sont effectuées à l'aide d'un casque muni d'électrodes (entre 27 et 256, le plus souvent 64 [BAIL-98]) dont le contact électrique avec le cuir chevelu est assuré par un gel. Au contraire, la MEG nécessite un matériel de pointe permettant de mesurer des champs magnétiques de l'ordre de 10^{-15} Tesla, soit dix milliards de fois plus faibles que le champ magnétique terrestre. Les enregistrements se font donc dans une chambre blindée grâce à des capteurs supraconducteurs refroidis à l'hélium liquide.

La localisation des activités cérébrales à partir des mesures MEG ou EEG nécessite la résolution de deux problèmes différents mais liés [BELL-97]:

- le *problème direct*, consistant à calculer les potentiels électriques et les champs magnétiques à la surface du crâne étant donnée la distribution de courant dans le cerveau et les propriétés électromagnétiques des tissus, est un problème bien défini gouverné par les lois de Maxwell [PLON-69, NUNE-81, HAMA-93];
- au contraire, le *problème inverse*, consistant à déterminer la distribution spatiale de courant en se fondant uniquement sur des mesures électriques ou magnétiques externes, est fondamentalement mal posé [HELM-53]. En effet, pour une série de mesures MEG ou EEG surfaciques, il existe une infinité de distributions de courants dans le cerveau qui sont compatibles avec ces mesures.

Pour résoudre le problème inverse, il est donc important d'apporter des contraintes sur l'espace des solutions. Ces contraintes peuvent être apportées par l'utilisation conjointe de plusieurs modalités d'exploration fonctionnelle [LIU-96] ou par l'utilisation de connaissances et de l'imagerie anatomique. Dans la section 1.3, nous présentons les possibilités de régularisation du problème inverse apportées par les connaissances anatomiques.

1.2.4 Comparaisons des modalités d'exploration fonctionnelle

Les trois paramètres principaux qui différencient les différentes modalités d'exploration fonctionnelle du cerveau sont la résolution spatiale, la résolution temporelle et le degré d'invasivité.

Le degré d'invasivité correspond aux conséquences négatives que peut avoir le procédé de mesure sur le sujet. Parmi les trois modalités que nous avons présentées, l'imagerie nucléaire est la méthode la plus invasive car elle implique l'injection d'un produit de contraste radioactif dans l'organisme.

L'IRMf ne nécessite pas d'introduction de produit de contraste mais la présence d'un champ magnétique important en interdit l'utilisation pour des sujets ayant par exemple un pacemaker, des clips d'anévrisme, des implants auditifs, un diaphragme contraceptif ou tout autre pièce métallique dans le corps. L'EEG et la MEG sont des modalités totalement non invasives pour les sujets ; il faut toutefois éviter la présence de certains objets métalliques qui peuvent perturber le signal magnétique.

La résolution spatiale est plus facile à évaluer pour la TEP et l'IRMf que pour l'EEG et la MEG car les deux premières modalités fournissent directement des images tridimensionnelles alors que les signaux d'EEG et de MEG sont localisés à la surface du crâne. La résolution spatiale de la TEP est de l'ordre de quelques millimètres (plus de 8 millimètres [OLLI-97]) et celle de l'IRMf est de l'ordre du millimètre dans le plan de coupe et de quelques millimètres dans la direction perpendiculaire aux coupes. La résolution spatiale des méthodes électrophysiologiques est bien moins précise que celle des autres modalités à cause de la difficulté de la résolution du problème inverse. Dans le cas où quelques zones suffisamment éloignées sont actives simultanément, il est possible de localiser les régions actives avec une précision de quelques millimètres en MEG et du centimètre en EEG ; cependant, il est difficile de distinguer deux zones d'activation très proches avec ces modalités.

La résolution temporelle de la TEP est plus faible que celle de l'IRMf ; il faut environ une minute pour acquérir une image TEP et environ une seconde pour une image IRMf [TURN-94]. Ces durées sont très longues au regard de la rapidité des phénomènes cognitifs. Bien qu'il soit possible d'obtenir de meilleures résolutions temporelles en choisissant une région d'intérêt limitée, ces méthodes ne permettent pas de suivre l'évolution précise des phénomènes cognitifs. L'EEG et la MEG ont pour leur part une résolution temporelle de l'ordre de la milliseconde, ce qui permet de suivre en temps réel la chronologie des processus cognitifs.

Il n'existe donc pas encore de méthode parfaite pour explorer le fonctionnement du cerveau ; il est nécessaire de trouver un compromis entre la résolution temporelle et la résolution spatiale. C'est pourquoi plusieurs auteurs ont proposé d'utiliser conjointement plusieurs modalités d'exploration du cerveau, tant fonctionnelles qu'anatomiques, pour accroître les précisions des détections d'activation [DALE-93, BAIL-96, LIU-96, BELL-97]. Dans ce cadre, l'utilisation d'informations anatomiques permet, d'une part, de localiser et de décrire les activations par rapport à des structures anatomiques connues et ainsi de comparer les résultats d'expériences de différentes modalités, et d'autre part, l'anatomie peut être utilisée directement pour l'interprétation des données. L'utilisation de l'anatomie est même nécessaire pour l'interprétation des données d'électrophysiologie et, comme nous le montrons

dans la section suivante, l'anatomie corticale joue un rôle de premier plan.

1.3 L'anatomie corticale au service du fonctionnel

La complexité des liens unissant l'anatomie et la fonction cérébrale sont à la mesure de la complexité des liens unissant les milliards de neurones du cerveau. Bien que de nombreux travaux reposent sur une association forte entre l'anatomie corticale et la fonction cérébrale, grâce notamment aux travaux de Brodmann [BROD-25] et de Penfield [PENF-50], l'interaction anatomo-fonctionnelle reste encore un sujet de débat [ORRI-95, REGI-95, ROLA-97, RIZZ-98]. Cependant, la connaissance de l'anatomie cérébrale, et plus particulièrement celle du cortex, permet d'affiner les méthodes d'exploration fonctionnelle et plus particulièrement les méthodes électrophysiologiques.

1.3.1 Anatomie corticale

Le cerveau peut être subdivisé en trois parties : les hémisphères, le cervelet et le tronc cérébral (figure 1.2). Dans les hémisphères, le cortex représente une bande de matière grise d'épaisseur à peu près constante (entre 3 et 5 millimètres suivant les auteurs [KAHL-90, DAVA-95, TEO-97, ZENG-98]) et qui entoure les autres tissus. La partie externe du ruban cortical correspond donc à la partie externe des hémisphères. Cependant, la surface visible des hémisphères ne représente qu'environ un tiers de la surface du cortex. Les deux autres tiers se trouvent enfouis dans les sillons (appelés aussi scissures ou sulci) qui sont les plis qui pénètrent à l'intérieur des hémisphères. Les sillons forment les limites des circonvolutions (ou gyri) (figure 1.3).

L'organisation spatiale et le fonctionnement du cortex lui donnent une importance particulière dans les processus d'analyse des signaux EEG et MEG.

1.3.2 Importance du cortex pour l'analyse des signaux EEG et MEG

Parmi toutes les activités cérébrales qui influencent les signaux EEG et MEG, celles qui ont lieu dans le cortex ont une importance prépondérante pour deux raisons : leur organisation géométrique et leur fonctionnement.

Les cellules situées dans le cortex suivent des directions localement parallèles (figure 1.4). De plus, on n'observe pas, dans le cortex, d'activations isolées de neurones mais des activations simultanées de neurones voisins. Du

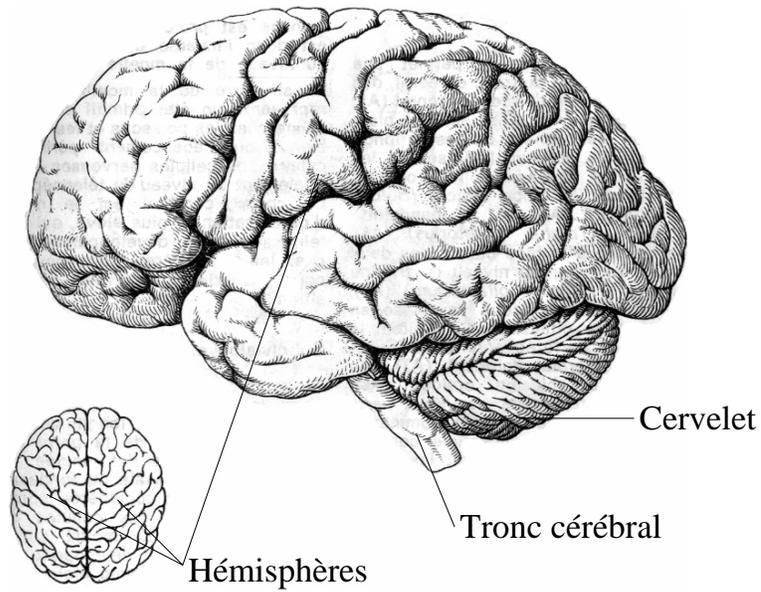


FIG. 1.2 – *Subdivision de l'encéphale (d'après [KAHL-90], modifié).*

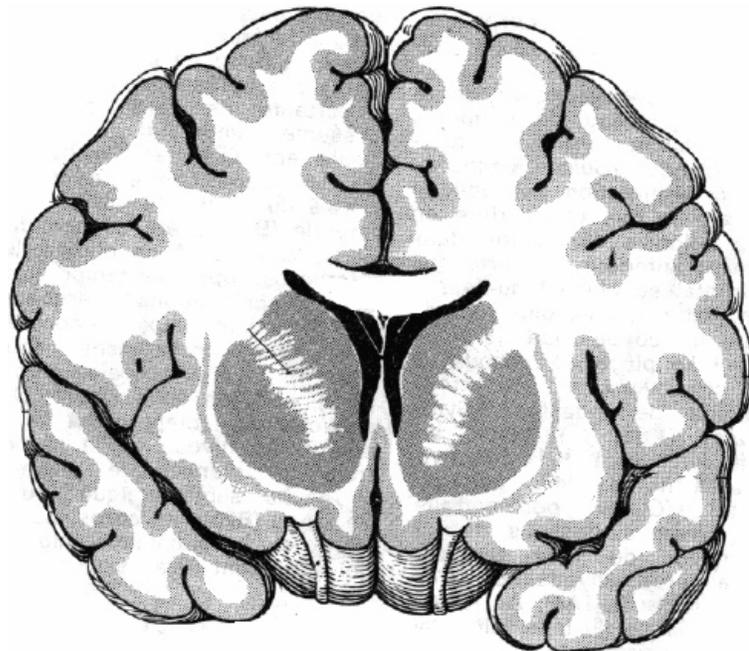


FIG. 1.3 – *Coupe frontale du cerveau. La bande grise épaisse représente le cortex (d'après [KAHL-90], modifié).*

fait de leur organisation topologique parallèle, les effets électromagnétiques des activations de ces groupes de neurones voisins vont se sommer et pouvoir être mesurés par des enregistrements EEG et MEG. On ne retrouve pas cette organisation parallèle dans les parties plus profondes du cerveau comme les noyaux gris centraux. C'est pourquoi l'activité corticale est prépondérante dans les mesures électromagnétiques effectuées sur le scalp.

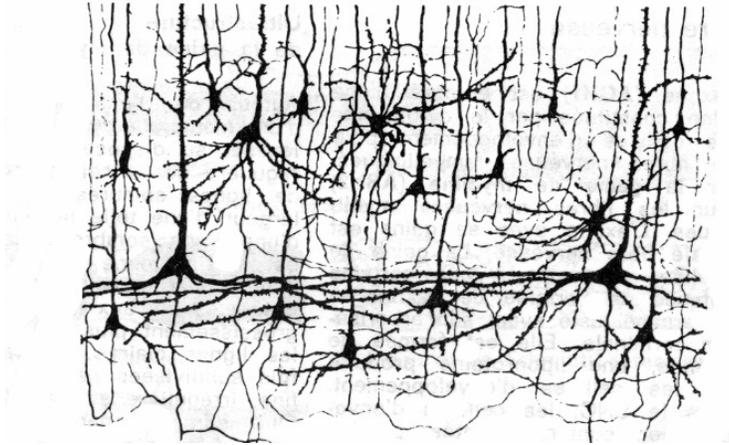


FIG. 1.4 – Organisation parallèle des cellules du cortex (d'après [KAHL-90]).

De plus, des études électrophysiologiques ont montré que les colonnes cellulaires représentaient des unités fonctionnelles. Par exemple, dans les parties du cortex dédiées aux traitements des informations visuelles, on distingue des colonnes cellulaires d'un diamètre de 0,3 à 0,5 millimètres correspondant chacune à une région bien définie de la rétine [KAHL-90]. Chaque macro-colonne du cortex représente donc un ensemble de cellules parallèles, orientées vers la normale de la surface corticale et s'activant simultanément pour un même stimulus.

Cette organisation anatomique et fonctionnelle peut permettre de réduire considérablement l'espace des solutions du problème inverse en EEG et MEG. En effet, comme les macro-colonnes sont constituées de neurones parallèles s'activant simultanément, l'activité électrique de l'ensemble d'une colonne peut être représentée par un dipôle de courant. La position spatiale de ce dipôle est caractérisée par un vecteur dont l'origine indique la position du dipôle et dont l'orientation indique la direction du courant émis, la norme codant l'amplitude du courant. Or, comme les cellules corticales sont organisées en suivant la surface du cortex, les dipôles de courant peuvent être contraints à se trouver dans le cortex et à être orientés suivant la normale à la surface corticale (figure 1.5).

La modélisation de la surface corticale est donc une étape indispensable dans le processus d'inversion des données MEG et EEG. En effet, le choix

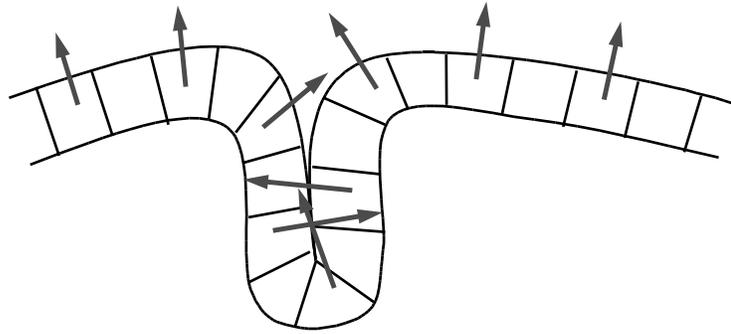


FIG. 1.5 – *Contraintes des dipôles de courant le long de la bande corticale. Schéma d'une coupe du cortex et des macro-colonnes ; les flèches représentent les dipôles de courant.*

de la position et de l'orientation de ces sources ne peut se faire qu'à partir d'un modèle précis de la bande corticale [DALE-93, HAMA-93, NUNE-90, RENA-94]. Un tel modèle peut être obtenu à partir d'images anatomiques comme les images IRM. Cependant l'extraction de modèles tridimensionnels des structures cérébrales à partir d'IRM est actuellement un problème ouvert. L'interprétation automatique des images anatomiques est d'autant plus difficile que les structures considérées sont complexes.

Ce travail de thèse est focalisé sur l'obtention d'un modèle précis de la bande corticale à partir d'une image IRM avec l'objectif, à terme, de l'intégrer à un système d'analyse des signaux MEG et EEG. Il existe principalement deux modalités d'acquisition en IRM : la pondération en $T1$ et la pondération en $T2$ [WRIG-97] ; les images en $T1$ offrent un meilleur contraste sur l'interface entre la substance grise et la substance blanche et ont un temps d'acquisition plus court que les images en $T2$. Ce sont donc des images en $T1$ qui sont couramment acquises préalablement à l'étude des signaux EEG/MEG, et qui servent de base pour l'extraction de modèles des tissus cérébraux. Dans le chapitre suivant nous faisons le point sur les difficultés posées par la segmentation du cortex dans des images IRM et présentons les méthodes récentes de segmentation corticale proposées dans la littérature.

CHAPITRE 2

Segmentation du cortex dans les IRM

Les techniques d'imagerie anatomique cérébrale, comme l'IRM, fournissent une image qui est une représentation tridimensionnelle de l'anatomie d'un sujet. Une représentation anatomique n'est pas un but en soi mais s'inscrit au sein d'un processus visant un ou plusieurs objectifs comme l'analyse statistique des tissus, la détection de pathologies ou l'étude du fonctionnement cérébral. Il est donc nécessaire d'analyser l'image pour en faire ressortir des structures permettant d'atteindre l'objectif ; on pourra, par exemple, détecter une pathologie à partir d'une IRM dans le but d'étudier ses caractéristiques géométriques et établir le bon diagnostic.

Par conséquent, de très nombreux outils ont été développés pour permettre d'analyser les images en général et les images anatomiques en particulier. Au sein de ces dernières, les techniques de segmentation ont rapidement permis l'obtention de résultats intéressants et représentent un axe de recherche très actif. Le terme de segmentation est utilisé pour désigner deux types de traitements différents :

- la segmentation d'une image est un traitement de bas niveau (c'est-à-dire ne traitant pas d'informations symboliques) qui consiste à créer une partition de l'image en régions [COCQ-95] ; ce traitement n'est en général qu'une étape vers un processus de plus haut niveau comme la reconnaissance de structures anatomiques [PERC-99] ;
- la segmentation d'un ou plusieurs objets particuliers à partir d'une image est à la fois une méthode de partitionnement de l'image, faisant correspondre une région à chaque objet, et une méthode de reconnaissance car à chaque région est associé un objet symbolique.

Dans ce chapitre nous considérons les méthodes de segmentation d'objets à partir d'IRM ainsi que leurs applications pour la segmentation du cortex.

Ces méthodes de segmentation fournissent des régions qui correspondent directement à des structures anatomiques précises. Dans ce cas, les régions segmentées peuvent être interprétées comme des modèles géométriques de ces structures anatomiques. Dans de nombreux cas, la complexité des tissus à segmenter ou l'absence d'une représentation forte de ces tissus dans les images nécessitent d'inclure des connaissances *a priori* anatomiques issues, par exemple, du savoir du milieu médical, pour contraindre le processus de segmentation. Ces connaissances sont souvent apportées sous la forme de contraintes géométriques ou topologiques sur le modèle anatomique résultant de la segmentation ; la modélisation des structures anatomiques prend alors une place importante dans les méthodes de segmentation. C'est particulièrement vrai quand on s'intéresse à des structures complexes, comme le cortex, où la complexité géométrique de l'objet à segmenter impose d'avoir une modélisation fine et un contrôle de la topologie.

Dans la section 2.1 nous présentons brièvement les principales méthodes de segmentation utilisées en imagerie par résonance magnétique cérébrale en nous focalisant sur les modèles anatomiques, qu'ils soient explicites ou implicites, que fournissent ces méthodes. Nous présentons ensuite, dans la section 2.2, l'état de l'art de la segmentation du cortex dans les IRM.

2.1 Segmentation et représentations anatomiques dans des IRM cérébrales

La segmentation d'une image est nécessaire pour isoler certains tissus qui y sont représentés. Les techniques de segmentation fournissent toutes une représentation d'une structure anatomique dans un espace discret. Cette représentation est souvent implicite, dans le sens où elle n'est pas manipulée directement, et s'exprime dans l'espace de l'image sous la forme d'un regroupement de pixels. Mais certaines méthodes proposent des représentations explicites permettant d'avoir un contrôle sur la géométrie des objets segmentés. Nous présentons, dans cette section, une brève revue des principaux outils de segmentation utilisés dans les images IRM en nous attachant à préciser les possibilités et les limites de représentation de chacune.

2.1.1 Segmentation sans modélisation directe des objets

Les méthodes dites *classiques* [RAJA-97] ou de *seuillage* [AYAC-98] sont fondées sur l'analyse des niveaux de gris de l'image pour déterminer des regroupements de voxels. Ces méthodes utilisent des outils classiques de traitement d'image comme le seuillage [LIM-89, HARR-91, SUZU-91, HARR-94] ou des approches par contours ou par régions [KENN-89, MITT-95, HEIN-97].

Ces approches n'utilisent aucune information géométrique ou topologique, la représentation ainsi obtenue est entièrement liée aux radiométries des voxels de l'image et donc sensible au bruit. La topologie du résultat n'est pas assurée ; il n'est pas certain, par exemple, que la segmentation par seuillage d'un objet anatomique connexe en fournisse une représentation connexe car les niveaux de gris peuvent être localement perturbés par du bruit.

Il est possible de segmenter une image en régions et d'imposer des modèles statistiques sur les connexions au sein des régions en utilisant une *approche markovienne* [DERI-87, VAND-94, AURD-97]. Cette approche est fondée sur la minimisation d'une énergie qui est composée de deux termes : un terme dit d'attache aux données qui s'appuie sur les informations contenues dans l'image et un terme de régularisation dont les paramètres permettent d'influencer l'homogénéité des régions obtenues. Les modèles markoviens sont plus robustes au bruit que les méthodes classiques mais ne permettent pas non plus de contrôler la géométrie ou la topologie des objets obtenus.

Les outils de *morphologie mathématique* permettent de contrôler, dans une certaine mesure, la géométrie locale des objets segmentés. Ils sont nombreux et sont couramment utilisés associés à d'autres outils dans un processus de segmentation [HEIN-92, HOHN-92, ALLA-93, SUBS-95, KAPU-96, COIN-99b]. Les outils morphologiques s'appuient principalement sur des informations de forme et de dimensions locales. Ces informations sont représentées sous la forme d'un ou plusieurs objets géométriques appelés éléments structurants. La forme et la taille des éléments structurants permettent d'agir localement sur les objets d'une image. Il est possible, par exemple, de séparer des objets reliés entre eux par des structures plus petites que les objets eux-mêmes ou de boucher des trous de dimension inférieure à une taille donnée. Les méthodes morphologiques ne permettent cependant pas d'imposer ou de préserver la topologie des objets qu'elles traitent, sauf dans le cas d'amin-cissement ou d'épaississement homotopique. Elles ne peuvent pas non plus imposer des contraintes géométriques globales sur les objets obtenus.

Les méthodes de segmentation sans modélisation s'appuient entièrement sur l'espace discret des images IRM : la grille cubique. Elles fournissent donc toutes un ensemble de voxels comme représentant d'une structure anatomique. Les structures représentables sont donc limitées par les propriétés géométriques et topologiques intrinsèques à la grille cubique (voir partie II). De plus, ces méthodes ne permettent pas d'imposer des contraintes géométriques ou topologiques globales sur les objets segmentés. Un objet segmenté pourra donc présenter, à cause du bruit dans l'image, des aberrations topologiques comme des trous ou des tunnels ou encore une forme irrégulière qui ne correspondent pas à des réalités anatomiques. Pour pallier ces problèmes et permettre l'apport de connaissances géométriques et topologiques dans les processus de segmentation, de nombreuses méthodes utilisent une

modélisation préalable des objets à segmenter.

2.1.2 Segmentation avec modélisation

Dans cette section nous présentons succinctement deux types d'approches fondées sur l'utilisation d'un modèle. Ces deux groupes ont en commun le fait qu'ils s'appuient sur les déformations d'un représentant de l'objet à segmenter, ces déformations devant faire correspondre le représentant et l'objet.

Les méthodes de *modèle déformable* [KASS-88, TERZ-88] sont beaucoup utilisées pour la segmentation des IRM [COHE-92, DAVA-96, FOK-96, GABO-96, ASHT-97, CASE-97, LACH-99, RIFA-98c, NIKO-99]. Elles consistent à modéliser l'objet à segmenter comme une surface fermée (ou un contour fermé dans le cas bidimensionnel) qui va être déformée jusqu'à ce qu'elle corresponde aux limites de l'objet. Les déformations s'appuient sur la minimisation d'une énergie; cette énergie doit être minimale quand le modèle se trouve correctement ajusté à l'objet. Deux termes participent classiquement à la définition de cette énergie: un terme d'attache aux données qui tend à favoriser des positions du modèle s'appuyant sur des mesures dans l'image (par exemple positionner la surface sur des contours ou des zones de fort contraste) et un second terme qui impose une régularité géométrique à la surface en se fondant, par exemple, sur des calculs de courbures locales. L'adjonction d'une régularisation géométrique rend les modèles déformables robustes au bruit de l'image. Cependant la formulation des déformations sous forme de minimisation d'énergie impose que le modèle ne soit pas initialisé trop loin de la solution afin d'éviter certains minima locaux.

Les approches fondées sur un *atlas déformable* sont une autre forme couramment utilisée de modèles déformables [GEE-93, HALL-96, SAND-97, MACH-98, MCIN-98, RIFA-98, GERA-99]. Elles consistent à construire un atlas, qui est un modèle réaliste de l'anatomie d'un ou plusieurs organes, obtenu par exemple à partir de la segmentation d'images de référence réalisée par des experts, puis à déformer cet atlas pour le faire correspondre à la structure à segmenter dans l'image; les déformations devant permettre de conserver les contraintes géométriques apportées par le modèle (formes des objets, positions relatives des organes, etc.). Ces approches permettent d'intégrer aisément des connaissances anatomiques concernant plusieurs organes dans un processus de segmentation; en ce sens, les atlas déformables sont plus spécifiques que les modèles déformables car ces derniers ne sont pas liés à une structure particulière et peuvent être utilisés pour segmenter des structures variées.

La modélisation préalable des objets à segmenter offre plusieurs avantages. La modélisation permet d'inclure des informations *a priori* dans le

processus de segmentation, ce qui augmente la robustesse au bruit. L'initialisation et les forces appliquées au modèle peuvent permettre de contrôler complètement la topologie du modèle ainsi que sa régularité géométrique. Les modèles ne s'expriment pas forcément dans l'espace de l'image ; cela permet, dans certains cas, d'aller au-delà des limites de représentation de l'image ; il est par exemple possible de reconstruire des structures anatomiques qui n'apparaissent que partiellement dans l'image (exemple de l'oreille interne dans [RIFA-98c]). Cependant, si les déformations du modèle lui permettent de s'adapter à certaines variations de la forme des objets à segmenter au sein de différentes images, il est en général difficile d'utiliser des modèles déformables quand les variations sont importantes ; plus le modèle initial est éloigné du résultat final, plus il a de chances d'être attiré vers des configurations erronées. Cela est d'autant plus gênant si la structure à segmenter est géométriquement compliquée car, dans ce cas, une partie du modèle pourra être attirée par une mauvaise partie de l'objet (figure 2.1). L'utilisation de modèles déformables classiques est donc difficile pour segmenter des structures complexes qui varient d'une image à l'autre.

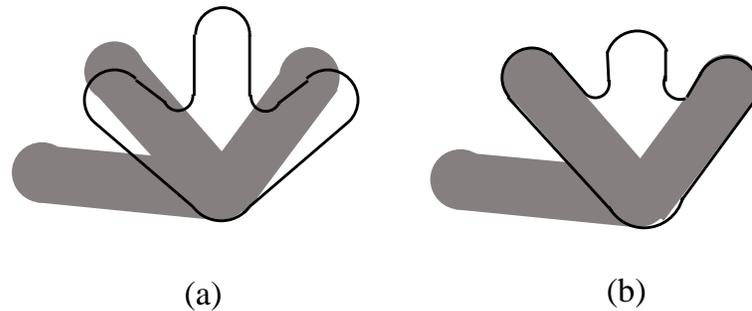


FIG. 2.1 – *Problème d'initialisation et de convergence d'un modèle déformable (d'après [MACD-94], modifié). (a) L'objet à segmenter (en gris) et le modèle initial (en noir). (b) Une des branches de l'objet n'a pas été atteinte par le modèle.*

Le cortex est une structure cérébrale géométriquement compliquée et variable d'un individu à l'autre, les méthodes de segmentation classiques ne sont donc pas directement adaptées à sa segmentation. Dans la section suivante nous présentons les problèmes posés par la segmentation du cortex ainsi que les solutions proposées dans la littérature.

2.2 Segmentation du cortex dans une image IRM

L'importance du néocortex dans les processus cognitifs humains et l'évolution des méthodes d'imagerie fonctionnelle ont fait apparaître le besoin

d'être capable de segmenter et de modéliser le néocortex (que nous appellerons cortex¹) à partir d'une image IRM. La complexité géométrique du cortex ainsi que sa variabilité intra- et inter-individuelle sont les principales difficultés auxquelles les méthodes de segmentation doivent faire face. Dans la section 2.2.1 nous présentons l'anatomie corticale en mettant en avant les propriétés géométriques et topologiques du cortex qui peuvent perturber ou faciliter sa segmentation, puis nous soulignons les difficultés supplémentaires issues de l'imagerie par résonance magnétique. Dans la section 2.2.2, nous montrons pourquoi les méthodes classiques de segmentation ne permettent d'obtenir qu'une représentation partielle du cortex. La section 2.2.3 présente un état de l'art des méthodes actuelles de segmentation du cortex à partir d'IRM.

2.2.1 Anatomie corticale et IRM

La géométrie du cortex est rendue très complexe par la présence des sillons et des circonvolutions corticales. Il existe de nombreux sillons qui se différencient à la fois par leur localisation, leur forme, leur longueur et leur profondeur. Certains sillons ne font que quelques centimètres et sont peu profonds alors que les plus grands entrent profondément dans le cerveau et sont utilisés pour déterminer la frontière des lobes cérébraux. De plus, de nombreux sillons s'entrecroisent, ce qui rend difficile et parfois ambiguë l'identification des limites de certains d'entre eux. D'autre part, la difficulté s'accroît si l'on considère plusieurs cerveaux car les sillons présentent une grande variation inter-individuelle. On distingue trois types de sillons [KAHL-90] : les sillons primaires, secondaires et tertiaires. Les sillons primaires, comme par exemple le sillon central ou le sillon calcarin, existent de la même façon dans tous les cerveaux, les sillons secondaires sont plus variables et les sillons tertiaires n'obéissent à aucune sorte de systématisation ; les différences inter-individuelles sont donc à la fois spatiales et structurelles. Non seulement la position d'un même sillon dans deux cerveaux différents peut varier de plusieurs centimètres [TALA-67, STEI-89, STEI-90], mais en plus les sillons peuvent, d'un individu à l'autre, s'entrecroiser différemment, se confondre les uns dans les autres, et même apparaître ou disparaître.

On pourrait croire que la complexité géométrique et la variabilité du cortex s'accompagnent d'une topologie elle aussi complexe et variable d'un cerveau à l'autre ; il n'en est rien. En effet, au cours de l'évolution du fœtus, le tube neural va se développer en conservant sa topologie initiale (figure 2.2).

1. En imagerie par résonance magnétique, on distingue principalement deux cortex appartenant à des structures cérébrales différentes : le néocortex situé dans les hémisphères et le cortex cérébelleux localisé dans le cervelet.

Il apparaît donc que le cerveau a la même topologie qu'une boule (c'est-à-dire une sphère pleine) et que la topologie du cortex, qui est à la surface du cerveau, est sphérique. La simplicité et la stabilité de la topologie corticale sont des atouts pour la construction d'un modèle du cortex ; ils sont donc, comme nous le verrons dans la section 2.2.3, souvent utilisés comme *a priori* pour segmenter le cortex.

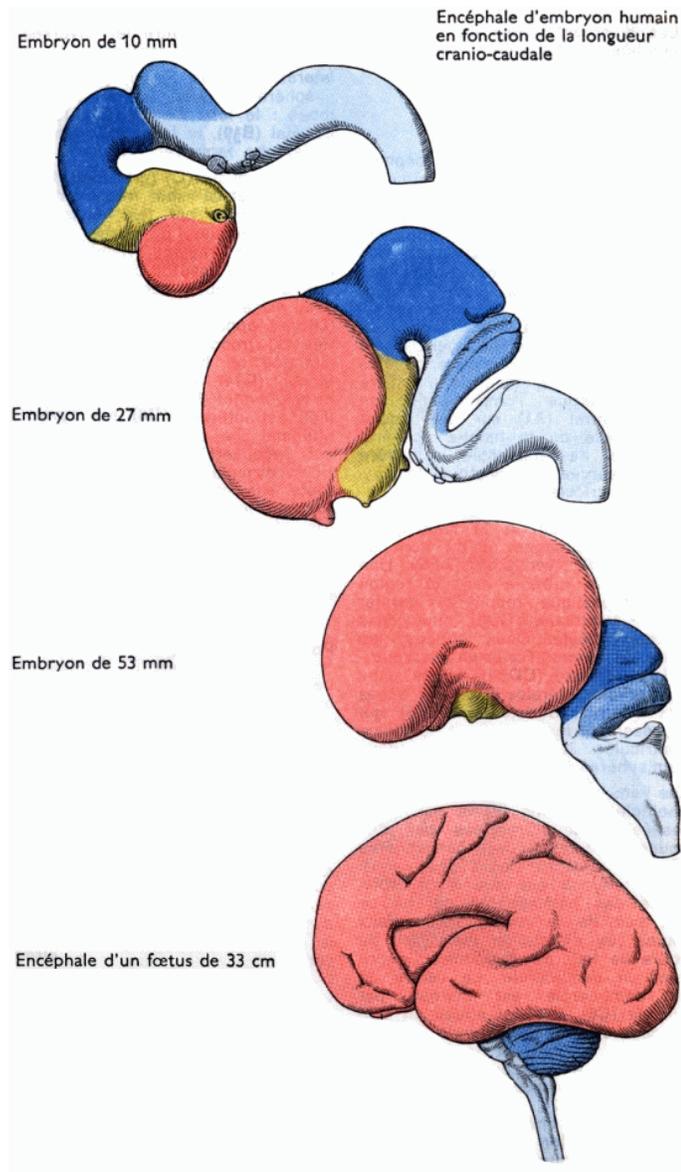


FIG. 2.2 – Développement de l'encéphale (d'après [KAHL-90], modifié).

Les difficultés issues de l'anatomie cérébrale ne sont pas les seules auxquelles il faut faire face quand on considère le cortex dans des images IRM.

En effet, les propriétés d'acquisition des images IRM font apparaître de nouveaux problèmes.

Nous avons vu que le cerveau pouvait être divisé en ce que nous appellerons trois grandes structures cérébrales : les hémisphères, le cervelet et le tronc cérébral. Le cortex qui nous intéresse ne se situe que dans les hémisphères, il est donc nécessaire d'isoler les hémisphères des deux autres grandes structures pour travailler sur le cortex. Or, si la segmentation de l'ensemble du cerveau à partir d'IRM est bien abordée dans la littérature [ALLA-93, KAPU-96, GERA-98, MANG-98], la segmentation des différentes grandes structures est peu couverte [MACD-94, WELT-95, GOUA-99, POUP-99]. Nous présentons dans la partie III une méthode pour segmenter les trois grandes structures cérébrales.

Le cerveau est en grande partie composé de substance blanche et de substance grise. La substance grise représente une accumulation de cellules nerveuses ; la substance blanche est formée des fibres de conduction, c'est-à-dire des prolongements des cellules nerveuses [KAHL-90]. La substance grise correspond aux cortex et aux noyaux gris qui sont entourés de substance blanche. Plusieurs structures apparaissent donc dans l'image avec des intensités comparables à celle du cortex. La présence de ces structures, plus ou moins contrastées dans l'image, ainsi que le bruit et le volume partiel rendent difficile l'étude de la radiométrie globale du cortex à partir de l'histogramme de l'image.

La résolution des IRM joue un rôle important dans l'aspect du cortex au sein des images. Cette résolution (qui est actuellement de l'ordre du millimètre) donne la taille minimale des structures qui pourront apparaître dans l'image. Les petites structures n'apparaissent donc que partiellement ou pas du tout. De plus, les interfaces entre les structures sont déformées car chaque voxel représente l'ensemble des tissus se trouvant dans un cube de 1 millimètre d'arête. Si plusieurs tissus se trouvent dans le cube, la couleur du voxel correspondra à une sorte de moyennage des valeurs de chaque tissu. Ce phénomène, appelé *volume partiel*, tend à adoucir ou à faire disparaître les frontières entre les tissus.

Les circonvolutions corticales sont particulièrement sensibles aux effets de volume partiel, surtout dans les sillons quand l'intervalle entre deux gyri devient très fin (figure 2.3). Il est donc nécessaire, si l'on s'intéresse aux structures profondes du cortex, d'avoir un modèle cortical adapté à ces structures très fines, d'autant plus que le cortex ne fait que quelques millimètres d'épaisseur ce qui ne représente que deux ou trois voxels dans l'image. De plus, en faisant disparaître par endroit la surface du cortex, le volume partiel modifie en apparence la topologie du ruban cortical.

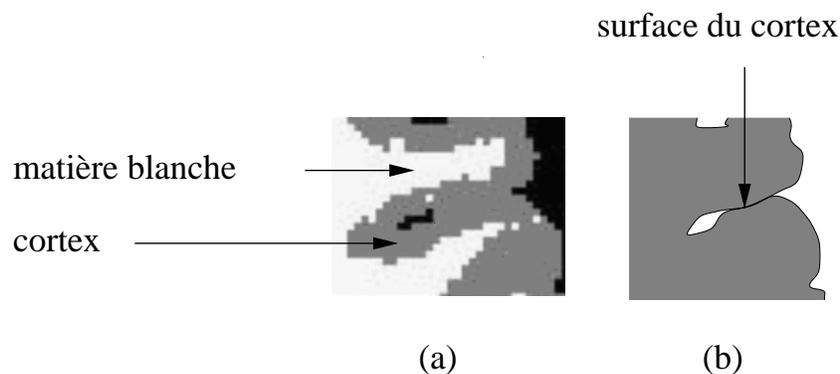


FIG. 2.3 – *Le volume partiel des images IRM peut masquer la surface corticale. (a) Schéma du détail d'une coupe du cerveau. (b) Schéma de la surface corticale externe (interface avec le LCR) dont une partie n'est pas visible en (a).*

2.2.2 Limites des approches classiques pour la segmentation du cortex

Les méthodes de segmentation par regroupement de voxels sont confrontées à plusieurs problèmes qui ne leur permettent pas de segmenter correctement l'ensemble de la géométrie et de la topologie du cortex :

- L'histogramme d'une IRM présente parfois un maximum local proche des intensités de la matière grise mais ce lobe est souvent noyé par la présence de bruit, du volume partiel, des noyaux gris centraux et d'autres structures de la tête de radiométrie proche de celle du cortex. Il est donc difficile de déterminer automatiquement la radiosité de la matière grise au sein d'une IRM de la tête.
- Un seuillage de la substance grise ne sélectionnera pas uniquement le cortex mais aussi d'autres structures, comme les noyaux gris centraux et le cortex cérébelleux.
- La complexité géométrique du cortex rend peu efficace l'utilisation directe des contours de l'image pour la segmentation. D'une part, les circonvolutions et les sillons présentent de nombreux contours dans l'image et, d'autre part, une partie des contours correspondant à la surface corticale disparaît dans le volume partiel. Il n'est donc pas possible de suivre les contours du cortex sans ajouter des informations a priori.

- L'obtention d'un modèle se fondant sur un regroupement de voxels ne permet pas de retrouver directement la topologie des sillons corticaux. La disparition de la surface du cortex dans certains sillons, liée au volume partiel, modifie la topologie de l'objet segmenté. La topologie sphérique du cortex ne pourra être conservée qu'au prix d'une modélisation prenant en compte les aspects topologiques (voir section 2.2.3).

Les techniques de morphologie mathématique n'échappent pas au problème de conservation de la topologie sauf pour des transformations très particulières. De plus, le cortex ne présente que quelques voxels d'épaisseur et sa surface est très irrégulière (les sillons sont de tailles et de formes variables), il n'est donc pas possible de choisir un élément structurant dont la taille et la forme permettent d'isoler facilement le cortex.

Les méthodes sans modélisation ne peuvent donc pas être utilisées directement pour obtenir la géométrie complète du cortex. Cependant elles sont beaucoup utilisées pour réaliser des pré-traitements sur l'image et ainsi obtenir des informations qui seront utilisées dans des méthodes de segmentation plus élaborées utilisant aussi des informations anatomiques *a priori*. Toutefois, ces méthodes peuvent être utilisées pour segmenter le cerveau, et comme le tiers de la surface corticale se trouve à la surface du cerveau, ces méthodes permettent de segmenter partiellement la surface corticale.

Les méthodes de segmentation avec modélisation sont intéressantes pour ajouter des connaissances anatomiques dans le processus de segmentation. Cependant, elles sont aussi limitées par la complexité de la bande corticale. Les variabilités inter-individuelles des sillons corticaux ne permettent pas l'utilisation d'un atlas pour segmenter le cortex. Même les sillons primaires que l'on retrouve chez tous les individus présentent des variations importantes. Si l'on observe une image obtenue par le moyennage d'un ensemble de volumes IRM [COLL-94], on s'aperçoit que les sillons ont presque complètement disparu (figure 2.4). Cette variabilité, associée à la structure géométrique du cortex, rend très difficile le recalage d'un atlas dans une IRM, d'autant plus que la variabilité structurelle peut faire apparaître ou disparaître des sillons, ce qui mène à des problèmes analogues à celui présenté dans la figure 2.1 page 33.

L'utilisation d'un modèle déformable classique pour segmenter le cortex n'est possible que pour obtenir la partie externe de la surface corticale. En effet, l'irrégularité intrinsèque du ruban cortical ne permet pas de trouver un critère de régularisation géométrique pour construire l'énergie interne d'un modèle déformable évoluant jusqu'au fond des sillons. La partie extérieure

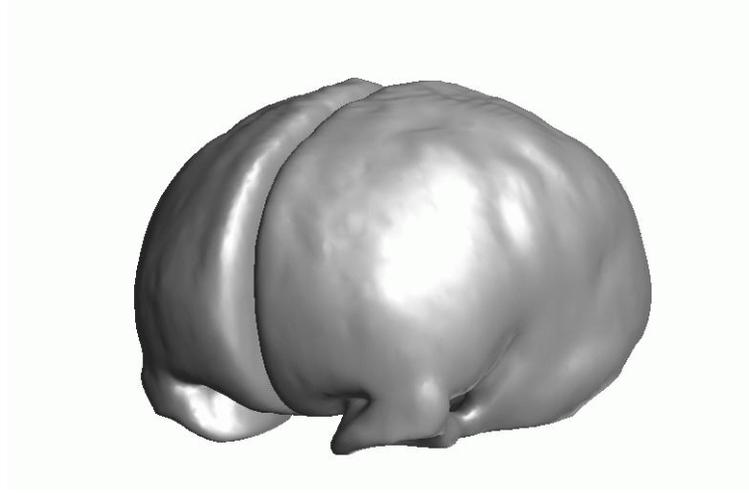


FIG. 2.4 – Représentation tridimensionnelle d'un cerveau moyen obtenu par morphologie mathématique [MANG-95] à partir d'un volume représentant la moyenne de 305 IRM mis dans l'espace de Talairach [COLL-94].

de la surface du cerveau est plus régulière et plus contrastée dans l'image que la partie se trouvant à l'intérieur des sillons, il est donc possible, comme nous le verrons dans la section suivante, de segmenter la surface extérieure du cortex par modèle déformable.

2.2.3 La segmentation du cortex : état de l'art

L'analyse in vivo de l'anatomie corticale à partir d'IRM présente de nombreuses applications comme, par exemple, l'étude statistique des variabilités inter-individuelles, l'identification automatique des sillons, le recalage d'images, la délimitation de zones fonctionnelles ou la modélisation tridimensionnelle des structures cérébrales. Les différentes applications peuvent nécessiter des niveaux de précision variables pour la description de la bande corticale. Cependant, l'évolution des techniques d'imagerie fonctionnelle nécessite l'obtention de modèles de plus en plus précis du cortex. Or, comme nous venons de le voir, il est difficile d'obtenir un modèle cortical prenant en compte la structure profonde des sillons sans mettre au point une méthode de segmentation adaptée à la structure particulière du cortex. Dans cette section, nous présentons les méthodes récentes qui ont été publiées pour segmenter et modéliser le cortex à partir d'IRM. Notre but étant d'obtenir un modèle de l'anatomie corticale pour le problème inverse en EEG/MEG (voir section 1.3), nous insisterons sur les aspects de modélisation des sillons profonds et sur l'obtention d'un modèle topologiquement correct. En effet, il est nécessaire de pouvoir, d'une part, placer et orienter les dipôles de courant

modélisant l'activité cérébrale en s'appuyant sur la localisation des sillons et, d'autre part, de pouvoir réaliser des mesures de distances géodésiques le long de la surface corticale pour permettre la régularisation du problème inverse. Par conséquent, nous avons choisi de séparer les méthodes de segmentation en deux groupes que nous avons appelés les *méthodes de surface* et les *méthodes de profondeur*. Les méthodes de surface s'intéressent principalement à la partie extérieure du cortex sans fournir la géométrie des sillons profonds ; les méthodes de profondeur visent à obtenir une représentation de l'ensemble de la bande corticale.

2.2.3.1 Les méthodes de surface

Les méthodes de surface ne permettent pas de construire un modèle complet du ruban cortical. Elles ne peuvent donc pas être utilisées directement pour régulariser le problème inverse en EEG/MEG. Toutefois, elles présentent un double intérêt :

- D'une part, la segmentation du cerveau dans une image IRM est une étape indispensable dans le processus de segmentation du cortex, or la surface extérieure du cerveau correspond à une grande part de la surface du cortex. La segmentation du cerveau permet donc d'obtenir facilement la partie surfacique des sillons.
- D'autre part, l'observation de la partie extérieure du cortex permet de localiser la partie extérieure de nombreux sillons en se fondant, par exemple, sur des informations de courbures locales [DECL-95]. Ces traces externes des sillons sont non seulement utilisables à des fins d'identification ou de recalage [ROYA-98], mais elles peuvent aussi être utilisées comme point de départ dans des algorithmes de segmentation et de modélisation des sillons profonds, comme nous le verrons dans la section suivante.

La segmentation de la partie extérieure des sillons s'appuie en général sur une segmentation du cerveau par des opérations de seuillage et de morphologie mathématique [MANG-95, KAPU-96, GERA-98]. Ces méthodes ne permettent cependant pas de séparer les trois grandes structures cérébrales, on obtient donc un volume constitué des voxels du cerveau, du cervelet et du tronc cérébral².

Sandor *et al.* [SAND-97] s'appuient sur une méthode de détection de contours fournissant des surfaces fermées [MARR-80, BOMA-90] et des opérations de morphologie mathématique pour à la fois segmenter le cerveau et

2. Une description précise de l'algorithme proposé dans [MANG-95] ainsi que des résultats de segmentation sont présentés dans la section 3.2 de la partie III page 124.

obtenir les points de la surface du cerveau correspondant à des sillons. Des sillons sont alors choisis et étiquetés pour construire un atlas de la surface du cerveau. Cet atlas est utilisé pour identifier les grands sillons dans une IRM. Cette méthode n'est applicable que pour détecter les sillons les plus stables d'un individu à l'autre.

Certaines méthodes de segmentation du cerveau s'appuient sur l'utilisation d'un modèle déformable. MacDonald *et al.* [MACD-94] ont utilisé un modèle surfacique du cerveau issu de la moyenne de 305 IRM (voir figure 2.4 page 39) pour initialiser un modèle constitué de plusieurs surfaces et se déformant sous des contraintes mutuelles de distance et de non intersection. Zeng *et al.* [ZENG-98] utilisent aussi un modèle déformable composé de plusieurs surfaces et qui permet de segmenter directement le cortex, et donc les hémisphères, à partir de sphères concentriques localisées à l'intérieur du cerveau, nous décrivons cette approche dans la section suivante car elle segmente le cortex en profondeur. Davatzikos *et al.* [DAVA-95, DAVA-96] utilisent un ruban déformable pour segmenter la partie externe du cortex. L'épaisseur du ruban reflète l'épaisseur du cortex. Le modèle obtenu est utilisé pour construire une carte des courbures et permettre la détection des sillons à la surface. De plus, les courbes obtenues sont déformées vers le fond des sillons afin d'obtenir une estimation de la profondeur de ces derniers. Bien que les auteurs n'utilisent cette méthode que pour obtenir une carte de profondeur des sillons à la surface du cerveau, elle pourrait être considérée comme une méthode de profondeur ; d'ailleurs, une méthode similaire, utilisée pour obtenir une représentation paramétrique des sillons [GOUA-99], est présentée dans la section suivante.

2.2.3.2 Les méthodes de profondeur

Les méthodes de segmentation en profondeur du ruban cortical s'appuient sur des connaissances anatomiques pour compenser les difficultés dues à la géométrie complexe du cortex. Les deux principales hypothèses utilisées sont la quasi-constance de l'épaisseur du cortex et l'équivalence topologique entre le ruban cortical et une sphère. La première hypothèse s'avère utile pour détecter la surface corticale dans les sillons quand elle disparaît à cause du volume partiel. La seconde est une approximation de la réalité anatomique, en effet la topologie du cortex est plutôt analogue à celle d'une sphère trouée, le «trou» du cortex se trouvant dans la partie inférieure du cerveau, au niveau du tronc cérébral. Cependant, cette zone est facilement identifiable et l'hypothèse de topologie sphérique est donc acceptable.

Il existe cependant certaines méthodes qui n'utilisent pas l'hypothèse to-

pologique. Wagner *et al.* [WAGN-95] segmentent la bande corticale en utilisant une méthode de croissance de région. Au fur et à mesure de la croissance, les voxels appartenant à la limite de la bande corticale, c'est-à-dire à l'interface entre le cortex et la substance blanche (interface gris-blanc) ou à l'interface entre le cortex et le liquide céphalorachidien (interface gris-LCR), sont identifiés. Cette méthode permet de calculer des distances géodésiques sur les surfaces obtenues mais elle ne prend pas en compte les parties de la surface des sillons disparaissant sous l'effet du volume partiel.

Zeng *et al.* [ZENG-98] ont proposé une méthode fondée sur un modèle déformable de type *level sets* [MALL-95, MALL-96, SETH-96]. Le modèle est constitué de deux courbes évoluant en parallèle sous des contraintes de proximité. Ces deux courbes représentent respectivement la surface intérieure (interface gris-blanc) et la surface extérieure (interface gris-LCR) du cortex. Les forces guidant le modèle vers le cortex sont fondées sur une modélisation gaussienne des distributions de niveaux de gris de chaque tissu et sur des mesures d'homogénéité de part et d'autre des surfaces. Les méthodes de propagation de front permettent les changements de topologie, ainsi le modèle peut être initialisé par plusieurs sphères concentriques situées dans le cerveau. Mais la topologie du modèle obtenu n'est pas contrainte et ne respecte donc pas forcément la topologie sphérique. De plus cette méthode ne prend pas en compte les effets de volume partiel.

Les méthodes qui permettent d'obtenir un modèle du cortex prenant en compte à la fois les sillons profonds et la topologie du cortex s'inspirent, en général, de l'évolution du cerveau (voir figure 2.2 page 35), soit en partant de l'extérieur du cerveau et en creusant vers les sillons, soit en s'appuyant sur l'interface gris-blanc qui représente la partie interne de la surface du cortex.

Mangin *et al.* [MANG-95, MANG-98] ont introduit l'utilisation de déformations préservant la topologie pour segmenter le cortex³. Ils utilisent comme modèle initial l'ensemble des voxels correspondant aux tissus du cerveau. Ils imposent à ce modèle la topologie d'une boule en construisant le rectangle plein englobant le cerveau et en supprimant itérativement des points simples. Les points simples sont des voxels qui peuvent être supprimés sans changer la topologie de l'objet. Le rectangle englobant, qui a la topologie d'une boule, vient ainsi se plaquer contre le volume du cerveau en conservant sa topologie initiale. La partie surfacique du modèle ainsi obtenu est alors dilatée homotopiquement vers l'intérieur du cerveau jusqu'à l'interface gris-blanc. Une squelettisation homotopique est ensuite appliquée afin d'obtenir une représentation surfacique du cortex et de ses sillons.

3. On utilise souvent, par abus de langage, le terme de *déformation homotopique* pour désigner une déformation qui préserve la topologie (voir le chapitre 3 de la partie II, page 63).

Teo *et al.* [TEO-97] proposent une méthode de segmentation topologique du cortex se fondant sur une croissance de région. Dans un premier temps, la matière blanche et les tissus n'appartenant pas au cerveau (principalement le liquide céphalorachidien) sont segmentés. Ensuite des couches de voxels sont successivement ajoutées à la surface de la matière blanche pour obtenir le cortex. L'ajout des différentes couches se fait en contrôlant la topologie de la bande corticale grâce à une redéfinition des voisinages entre les voxels du cortex. Il est ainsi possible de calculer des distances géodésiques le long du cortex dans le but de le «déplier». Dans cette méthode la topologie correcte est assurée si la segmentation de la matière blanche fournit un objet homotopique à une boule, cependant la classification utilisée ne permet pas de garantir cette topologie et des corrections manuelles ou des changements des paramètres de segmentation de la matière blanche sont à effectuer jusqu'à obtention d'un résultat topologiquement correct.

Dans [XU-97], Xu *et al.* effectuent une segmentation floue de la substance grise, de la substance blanche et du liquide céphalorachidien. La fonction d'appartenance à la substance blanche est ensuite seuillée pour obtenir une isosurface servant à initialiser un modèle déformable qui va être poussé vers le milieu de la bande corticale. Cette méthode est affinée dans [XU-98] en utilisant un modèle déformable plus robuste aux concavités. L'utilisation d'une isosurface n'assure pas la topologie du modèle obtenu. Les auteurs ont choisi de vérifier la topologie de l'isosurface en calculant sa caractéristique d'Euler puis d'appliquer un filtre médian sur la fonction d'appartenance et de recalculer l'isosurface jusqu'à l'obtention d'une topologie sphérique. Bien que cette régularisation topologique ait fonctionné sur les exemples présentés, la convergence de l'algorithme n'est pas assurée. De plus, le filtrage médian a pour effet de lisser la surface obtenue pour initialiser le modèle.

La méthode de segmentation proposée par Le Goualher *et al.* [GOUA-99] est proche de celle proposée par Davatzikos *et al.* pour obtenir une carte surfacique de profondeur du cortex [DAVA-95, DAVA-96]. Les hémisphères sont segmentés par la méthode de MacDonalds [MACD-94] (voir la section précédente), puis l'étude des courbures fournit un ensemble de courbes correspondant à la trace extérieure des sillons. Chaque courbe est alors paramétrée et déformée vers l'intérieur des sillons ; les surfaces ainsi obtenues sont reparamétrées pour permettre l'étude de la variabilité inter-individuelle des sillons. La représentation paramétrique des sillons permet de calculer facilement leurs différentes caractéristiques géométriques comme la longueur, la profondeur ou les courbures. Cependant, l'enveloppe extérieure du cerveau et les sillons se trouvent exprimés dans des espaces différents, ce qui ne permet pas de calculer directement des distances géodésiques le long de la surface corticale. De plus, l'utilisation de la trace extérieure des sillons ne permet pas de refléter la complexité de la surface corticale à l'intérieur du cerveau. En effet, la surface du cortex est très convolutive et il est fréquent qu'un sillon

profond se «sépare» en plusieurs replis (figure 2.5). Le modèle de Le Goualher *et al.* ne prend pas en compte les séparations profondes des sillons.

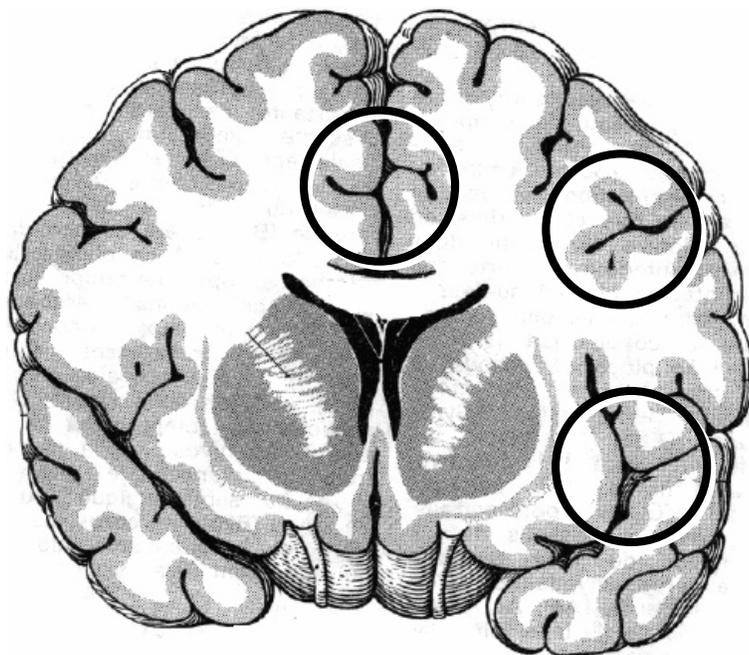


FIG. 2.5 – Complexité des sillons profonds (d'après [KAHL-90], modifié). Les plis du cortex forment plusieurs «branches» dans les sillons profonds.

Les méthodes présentées dans cette section permettent toutes d'obtenir une représentation profonde de la bande corticale. Pour construire un modèle précis de la surface corticale, nous devons être d'une part capable de segmenter les parties profondes des sillons et d'autre part en mesure d'assurer la topologie du modèle que nous obtenons. Parmi les méthodes existantes, seules les méthodes de Mangin *et al.* [MANG-95b] et de Le Goualher *et al.* [GOUA-99] permettent d'assurer la topologie du modèle obtenu sans intervention de l'utilisateur. Cependant ces méthodes considèrent les séparations entre les sillons comme purement surfaciques, or des volumes contenant du liquide céphalorachidien (LCR) sont présents à l'intérieur des sillons (figure 2.6). Pour prendre en compte ces poches de LCR, il est nécessaire de construire un modèle pouvant évoluer autour ou à l'intérieur de ces cavités. De plus, le cortex ne faisant que quelques pixels d'épaisseur, la représentation de sa surface dans l'espace de l'image, c'est-à-dire sous la forme d'un ensemble de voxels, impose une limite sur la précision de la segmentation car l'épaisseur de l'objet représentant la surface est de l'ordre de la taille du voxel, ce qui n'est pas négligeable en regard de l'épaisseur de la bande corticale.



FIG. 2.6 – Volumes de liquide céphalorachidien (LCR) dans les sillons. Les parties blanches indiquées par des flèches correspondent aux composantes connexes isolées (en 3D) obtenues après un seuillage bas de l'image sélectionnant le LCR.

2.3 Conclusion

Nous avons montré que l'importance croissante des méthodes d'imagerie fonctionnelle nécessitait l'obtention de modèles de plus en plus précis des structures cérébrales. L'imagerie électrophysiologique, comme l'électroencéphalographie (EEG) ou la magnétoencéphalographie (MEG) permettent un suivi en temps réel des phénomènes cognitifs et sont totalement non invasives. Cependant, l'identification des zones actives du cerveau à partir de données EEG/MEG est un problème inverse fondamentalement mal posé. Il est donc important, pour régulariser ce problème, d'obtenir une modélisation des tissus cérébraux. La modélisation du cortex revêt une importance toute particulière dans ce problème car la connaissance de la géométrie corticale permet non seulement de construire un modèle anatomique pouvant être utilisé dans le problème direct en EEG/MEG, mais elle peut aussi être utilisée pour régulariser le problème inverse en contraignant les degrés de liberté des modèles d'activations et en permettant la régularisation anatomo-fonctionnelle du problème en s'appuyant sur des informations de courbure ou de distances géodésiques entre les sources d'activations.

Plusieurs méthodes existent pour obtenir une modélisation tridimensionnelle des tissus cérébraux à partir d'images IRM. Cependant, la complexité géométrique du cortex ainsi que sa grande variabilité, à la fois spatiale et structurelle, entre plusieurs individus empêchent l'utilisation directe des méthodes classiques de segmentation pour obtenir un modèle de la bande corticale. Nous avons présenté les méthodes récentes qui sont utilisées spécifique-

ment pour analyser la bande corticale à partir d'une image IRM. Chacune de ces méthodes a été développée dans un but précis comme l'identification des sillons ou l'obtention de points de repère pour le recalage. Elles traitent donc toutes le problème de la segmentation du cortex en fonction de leurs objectifs respectifs et il n'existe pas, à notre connaissance, de méthode permettant d'obtenir une représentation de la surface corticale à partir d'une IRM en prenant en compte la présence et la complexité des sillons profonds, la topologie corticale qui n'apparaît pas directement dans les IRM à cause du volume partiel et la présence de volumes contenant du liquide céphalorachidien au cœur des sillons.

Dans la suite de ce travail nous présentons une méthode permettant de segmenter le cortex à partir d'images IRM en prenant en compte l'ensemble des caractéristiques de la surface corticale. Dans la partie II, nous présentons un modèle discret pour représenter des objets. Ce modèle, que nous appelons modèle cellulaire, est fondé sur une structure de complexe cellulaire et permet de représenter des objets composés de parties volumiques, surfaciques, filaires et ponctuelles. On pourra ainsi représenter précisément, au sein d'un même modèle, les parties surfaciques séparant deux sillons et les volumes de liquide céphalorachidien se trouvant dans les circonvolutions. Dans la suite de cette partie, nous montrons comment, à partir des propriétés topologiques du modèle cellulaire, construire un algorithme permettant de déformer homotopiquement les objets représentés au sein d'un modèle cellulaire. Ainsi le modèle cellulaire permet de manipuler des objets complexes, comme la surface corticale, tout en contrôlant leur topologie. Nous l'utilisons donc, dans la partie III, pour segmenter le cortex au sein d'une image IRM.

Deuxième partie

Modèle déformable
homotopique à base de
complexes cellulaires

CHAPITRE 1

Introduction

Segmenter un objet dans une image revient à l'isoler du reste de la scène et à en obtenir une représentation géométrique. Souvent, cette représentation s'exprime dans le même espace que celui de l'image. Par exemple, un simple seuillage sur une image fournit un ensemble de voxels, le support géométrique de cet ensemble de voxels est la représentation géométrique de l'objet segmenté par seuillage. Pour manipuler directement la représentation géométrique de l'objet à segmenter, il peut être nécessaire d'exprimer cette dernière dans un espace différent de celui de l'image. C'est le cas, par exemple, des modèles déformables qui utilisent des courbes, des surfaces ou des volumes paramétriques. Chaque espace utilisé au cours de la segmentation doit être capable de représenter correctement la forme de l'objet à segmenter. Cela peut être particulièrement difficile pour des objets de forme complexe comme la surface corticale. Il est donc important de vérifier l'adéquation entre la forme de l'objet à segmenter et les représentations géométriques que permettent les espaces utilisés au cours de la segmentation. L'étude de l'étendue des représentations possibles dans un espace passe par l'observation des propriétés topologiques de cet espace et des objets qu'il peut contenir.

La topologie a pour but d'étudier les propriétés des espaces et des fonctions. Il est donc légitime, dans le domaine du traitement des images, de vouloir utiliser la topologie pour connaître les propriétés géométriques complexes des espaces dans lesquels sont représentées les images. Il existe toutefois de grandes différences d'approche et de motivation entre la topologie des mathématiques et celle du traitement des images numériques. La première est fortement théorique, elle met l'accent sur la démonstration de résultats généraux et n'est limitée que par les propriétés des espaces qu'elle considère. Ces propriétés permettent de décrire en termes mathématiques une infinité d'espaces dont la complexité intrinsèque ne possède pas de limites. La puissance de l'abstraction mathématique est telle qu'elle permet la manipulation d'entités infiniment complexes à partir d'un ensemble de règles accessibles à l'échelle humaine. C'est précisément dans la complexité des espaces que

l'on manipule que se situe la principale différence entre la topologie des mathématiques et celle du traitement des images numériques qui considère des espaces discrets le plus souvent finis.

En effet, une image numérique est un ensemble fini de points valués liés entre eux par une ou plusieurs relations de voisinage. Les valeurs et les voisinages sont exprimés sous forme numérique, ils appartiennent donc à des espaces discrets. Cependant, les espaces qui ont servi à engendrer les images ne sont que rarement discrets par nature, la discrétisation est, toutefois, une nécessité due à la représentation numérique permettant d'effectuer des traitements informatiques. Or, la discrétisation a pour conséquence de modifier la topologie des espaces. Cette modification de topologie dépend évidemment des espaces considérés. Ainsi, comme nous le verrons dans le chapitre 2, une image classique ne pourra représenter que des objets purement tridimensionnels. C'est pourquoi, dans le but de trouver un modèle adapté à la topologie de la surface corticale, nous introduirons les modèles cellulaires qui sont une représentation fondée sur les complexes cellulaires et qui nous permettront d'accroître les possibilités de modélisation des images classiques.

Il peut aussi arriver que les résultats fondamentaux de topologie ne soient pas directement utilisables dans les espaces discrets. C'est pourquoi nous allons présenter, dans le chapitre 3, les fondements topologiques de base qui nous permettront de mettre au point, plus loin dans ce même chapitre, une méthode permettant de déformer une scène représentée par un modèle cellulaire tout en préservant sa topologie initiale.

Si la topologie discrète autorise parfois l'obtention des résultats permettant une représentation numérique, elle ne s'intéresse pas toujours à l'utilisation de ces résultats dans un environnement informatique. Le monde de l'informatique est doublement fini, à la fois dans l'espace et dans le temps, et impose des contraintes empêchant parfois l'utilisation d'une théorie dans un problème concret. Dans le chapitre 4, nous plongerons donc le modèle cellulaire et ses déformations dans ce monde informatique en introduisant une structure de données en harmonie avec la structure des ordinateurs actuels et permettant ainsi d'implanter efficacement des algorithmes reposant sur les modèles cellulaires comme, par exemple, l'algorithme de déformation homotopique.

CHAPITRE 2

Vers un modèle cellulaire pour représenter les images

2.1 Représentation de surface dans un espace discret

Les objets qui peuvent être modélisés par une image numérique sont limités par plusieurs propriétés intrinsèques de l'espace discret dans lequel l'image est incluse. Considérons le cas de la grille cubique qui est utilisée majoritairement en traitement des images. Le plus petit objet qui peut être représenté est un cube élémentaire (ou voxel). Il n'est donc pas possible de modéliser des structures plus petites que la taille du voxel comme, par exemple, une surface. De plus, les tentatives de développement d'une théorie topologique cohérente fondée sur le graphe d'adjacence des images ont échoué en raison du célèbre paradoxe de connexité [KOVA-94, PAVL-77]. Ce paradoxe peut être évité dans le cas de scènes composées d'un fond et d'objets dont les composantes connexes sont disjointes en utilisant deux connexités distinctes. Mais si la scène est plus complexe et qu'elle contient, par exemple, des objets inclus les uns dans les autres ou des configurations plus compliquées, il est difficile, voire impossible, de se débarrasser du paradoxe [LONG-95].

Pour aller au-delà des limites de modélisation imposées par les images classiques, nous allons utiliser une structure d'image fondée sur les complexes cellulaires : le modèle cellulaire. Cette structure va nous permettre de représenter des objets ayant différentes dimensions locales (c'est-à-dire composés conjointement de volumes, de surfaces, de structures filaires et de points isolés) au sein d'un même modèle. Afin d'obtenir une structure bénéficiant d'une topologie cohérente, nous nous sommes fondés sur les différentes approches qui ont été proposées pour définir une surface dans l'espace tridimensionnel discret \mathbb{Z}^3 [BERT-97, KENM-98] et pour étudier les propriétés topologiques

d'une image numérique binaire [BERT-99].

2.1.1 Les graphes d'adjacence

L'approche la plus répandue est fondée sur la théorie des graphes et fut introduite par Kong and Rosenfeld [KONG-89, ROSE-79, VOSS-93]. Dans cette approche, les éléments de \mathbb{Z}^3 sont liés entre eux par une relation d'adjacence qui permet de définir le graphe reliant l'ensemble des éléments. Plusieurs auteurs ont proposé des caractérisations des surfaces au sein d'une structure de graphe qui se fondent sur les caractéristiques locales de connexité des éléments [MALA-93, MALG-94, MORG-81b]. Pour caractériser les éléments correspondant à une surface et les distinguer des autres éléments, les propriétés locales d'une surface dans un espace continu sont exprimées dans un voisinage de l'élément. C'est donc l'observation d'un élément et de son voisinage qui permet de dire s'il est de type *surface* ou non. Par exemple, dans le cas continu, si l'on considère un voisinage suffisamment petit centré sur un point appartenant à une surface fermée, il sera séparé en deux parties par cette surface. Cela peut s'exprimer dans le cas binaire, où une image est constituée de voxels noirs ou blancs, en imposant, comme condition nécessaire pour qu'un voxel soit de type *surface*, que son voisinage contienne exactement deux composantes connexes blanches distinctes. Dans ce cadre, une surface est un ensemble de voxels de type *surface* vérifiant certaines propriétés de connexité et de topologie. Cette approche est utilisée dans le cadre des images numériques qui sont constituées de voxels. Les images numériques ne peuvent pas représenter des structures plus fines que le voxel qui est la brique de base constituant l'image. Les surfaces définies au sein d'une image numérique ont donc une «épaisseur» de l'ordre de la taille du voxel, ce qui peut poser des problèmes quand il est nécessaire de modéliser des structures fines. L'approche voxel souffre aussi d'inconvénients topologiques. En effet, il n'est pas possible de construire une topologie fondée directement sur une structure de graphe d'adjacence [BERT-82, CHAS-79, CHAS-91]. Cela explique les paradoxes topologique rencontrés au sein des images numériques.

2.1.2 Les ensembles de surfels

Certains auteurs proposent d'utiliser des éléments de surface (appelés *surfels* de l'anglais *surface element*) pour représenter une surface. Un surfel est une facette située entre deux voxels voisins. Une surface est représentée par un ensemble de surfels [HERM-92, UDUP-93]. On distingue deux approches pour obtenir cet ensemble de surfels. La première classe de mé-

thodes est constituée par les algorithmes de suivi de bords¹. Ces méthodes partent d'un objet binaire constitué de voxels et déterminent l'ensemble des surfels qui forment sa surface. Il existe différents algorithmes de suivi de bords [ARTZ-81, GORD-89] qui fournissent des résultats différents. Ces méthodes peuvent être développées de façon intuitive, ce qui permet de mener séparément l'étude des propriétés topologiques des surfaces obtenues [HERM-83, KONG-92]. D'autres approches détectent la surface sans identifier d'objet au préalable [HERM-78, LIU-77]. Ces méthodes fournissent des surfaces dont l'intérieur et l'extérieur sont bien définis. Les méthodes fondées sur les surfels s'appuient sur l'ensemble des voxels pour définir l'ensemble des surfels appartenant à la surface. Ces approches ne permettent donc pas non plus de définir une topologie.

2.1.3 Les variétés combinatoires

L'approche combinatoire s'inscrit dans le domaine de la topologie combinatoire [ALEK-56]. Une surface est décrite comme une structure [FRAN-95, KENM-96, MCAN-93], indépendamment de toute représentation géométrique. Par exemple, Françon [FRAN-95] définit une surface comme une variété combinatoire² dont voici la définition :

Définition 2.1 : Soit G un graphe. Une *boucle orientée* de G est une permutation circulaire $L = (v_0, v_1, \dots, v_{k-1})$, $k > 2$, de sommets de G telle que, pour tout i , v_i est adjacent à v_{i+1} (les indices sont pris modulo k) et $v_i \neq v_j$ si $i \neq j$; une *boucle* de G est une boucle orientée à l'orientation près. Un sommet v_i d'une boucle est dit *adjacent* à la boucle ; l'arc orienté (v_i, v_{i+1}) (respectivement l'arc $\{v_i, v_{i+1}\}$) est dit *adjacent* à la boucle orientée (respectivement à la boucle). Deux boucles ayant un arc en commun sont dites adjacentes.

Définition 2.2 : Une *variété combinatoire bidimensionnelle (fermée)* $M = [G, F]$ est un graphe G avec un ensemble F de boucles de G appelées *faces* ou *2-cellules* de M , tel que :

1. tout arc de G est adjacent à exactement deux faces, et
2. pour chaque sommet v , l'ensemble des faces adjacentes à v peut être mis sous la forme d'une permutation circulaire $(f_0, f_1, \dots, f_{k-1})$, $k > 1$ appelée *ombrelle* de v , telle que, pour tout i , f_i est adjacent à f_{i+1} (les indices sont pris modulo k).

1. Traduction de : *boundary tracking*

2. Traduction de : *combinatorial manifold*

Ce type de définition permet, tout en restant dans un espace discret, d'étudier les propriétés de l'ensemble des surfaces qui permettent cette formalisation. L'approche combinatoire fournit donc un niveau d'abstraction supplémentaire par rapport aux approches fondées sur les graphes et à celles fondées sur les voxels. Les principaux types de surfaces discrètes appartiennent d'ailleurs à la famille des variétés combinatoires [BERT-97].

2.1.4 Les complexes cellulaires

L'approche fondée sur les complexes cellulaires [GODB-71, MUNK-84] représente des objets comme un ensemble d'éléments de différentes dimensions reliés entre eux par une relation de borne. Nous donnons ici la définition des complexes cellulaires de Kovalevsky [KOVA-89].

Définition 2.3 : Un *complexe cellulaire* $C = (E, B, dim)$ est un ensemble E d'éléments, appelés *cellules*, muni d'une relation binaire $B \subset E \times E$ antisymétrique et transitive, appelée *relation de borne*³ et muni d'une fonction *dimension* de E dans \mathbb{N} , tels que $dim(e') < dim(e'')$ pour toute paire $(e', e'') \in B$.

La relation de borne B est une relation d'ordre partiel sur E . Elle indique les paires ordonnées (e', e'') telles que e' borne e'' ⁴. Une cellule e' borne une cellule de dimension supérieure e'' si e' fait partie de la frontière de e'' . Par exemple, un triangle peut être un élément bidimensionnel de la frontière d'un tétraèdre, un segment de droite peut être un élément monodimensionnel de la frontière d'un triangle ou d'un tétraèdre. La relation B peut être réflexive, dans ce cas, $(e', e'') \in B$ implique $dim(e') \leq dim(e'')$.

La structure de complexe cellulaire présente un double intérêt. D'une part, comme l'a remarqué Kovalevski [KOVA-89], il est possible de construire une topologie à partir d'un complexe cellulaire (voir aussi [BERT-99, HERM-90]); les représentations fondées sur les complexes cellulaires s'inscrivent donc dans un cadre topologique cohérent ne souffrant pas des paradoxes des images numériques. De plus, l'utilisation de cellules de différentes dimensions munies d'une relation locale permet de représenter des objets complexes constitués de parties ayant différentes dimensions locales tout en conservant une représentation proche de celle des images classiques. Dans le chapitre 2.2, nous construisons un modèle d'image fondé sur les complexes cellulaires et permettant d'utiliser les capacités de modélisation des complexes cellulaires ainsi que leurs propriétés topologiques, tout en conservant une structure de graphe d'adjacence sur des cellules incluses dans la grille cubique.

3. Traduction de : *bounding relation*

4. Traduction de : *e' bounds e''*

2.1.5 Autres approches

Certains auteurs étudient les propriétés des espaces discrets en utilisant une approche purement topologique, c'est-à-dire en définissant une topologie sur \mathbb{Z}^n et en liant cette topologie avec les images binaires. Par exemple, l'approche des espaces topologiques connexes ordonnés (COTS⁵) introduite par Khalimsky [KHAL-69, KHAL-90b, KONG-91], introduit une topologie sur \mathbb{Z} qui induit une topologie sur \mathbb{Z}^2 et \mathbb{Z}^3 . Cette topologie est utilisée pour définir les courbes et les surfaces de Jordan et pour étudier leurs propriétés. Ces approches s'appuient généralement sur des espaces finis ou localement finis ou sur des espaces discrets au sens d'Alexandroff [ALEX-37].

2.2 Le modèle cellulaire

Au sein des images binaires classiques, qui utilisent la grille cubique conventionnelle, l'utilisation d'un seul système de voisinage ne permet pas de se soustraire au célèbre paradoxe de connexité. Il est donc nécessaire de considérer deux systèmes de voisinage différents, un pour les composantes noires de l'image et un autre pour les composantes blanches. De plus, en se fondant uniquement sur des images constituées de voxels, il n'est pas possible de représenter des structures purement bidimensionnelles. En effet, soit un élément de surface est représenté par un voxel auquel cas une surface est une structure tridimensionnelle, soit une surface est constituée de surfels, mais dans ce cas l'appartenance d'un surfel à la surface dépend des voxels de son voisinage et il n'est donc pas possible d'avoir des objets purement bidimensionnels car il n'y a pas de surfel sans voxel.

Il est donc important, pour représenter des objets comportant des parties fines, de développer un nouveau modèle qui soit capable de prendre en compte des structures purement bidimensionnelles. De plus, afin de ne pas avoir à rééchantillonner l'image IRM, il serait intéressant que cette modélisation reste fidèle à la grille cubique. Enfin, ce modèle doit permettre l'étude des propriétés géométriques et topologiques des objets qu'il représente si l'on veut, par exemple, être capable de l'utiliser comme un modèle déformable. L'ensemble de ces contraintes nous a conduits à développer un modèle fondé sur les complexes cellulaires.

Les images numériques classiques, qui utilisent la trame cubique, sont soumises à plusieurs paradoxes topologiques [PAVL-77, KOVA-84]. Un des plus célèbres est le paradoxe de connexité. Le théorème de Jordan stipule que, dans le plan euclidien, une courbe simple fermée sépare le plan en deux parties, l'intérieur et l'extérieur. Si on remplace le plan par une image classique munie d'une relation de voisinage, le théorème de Jordan n'est pas vérifié

5. Traduction de : *connected ordered topological space*

(figure 2.1). Ce paradoxe se retrouve en trois dimensions en considérant non pas une courbe simple fermée mais une surface simple fermée.

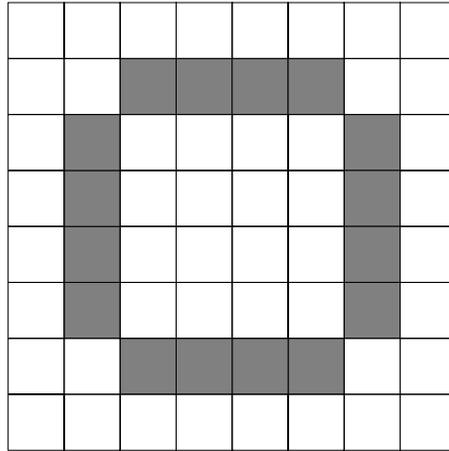


FIG. 2.1 – *En considérant uniquement la 8-connexité, le théorème de Jordan n'est pas vérifié car les pixels noirs forment une courbe simple fermée et les pixels blancs sont tous connexes.*

Pour corriger ce paradoxe, il est nécessaire d'utiliser deux relations de voisinage, une pour les composantes noires et une pour les composantes blanches. On peut ainsi, en trois dimensions, utiliser la 6-connexité avec la 18-connexité ou la 26-connexité. Mais on n'arrive pas pour autant à une théorie topologique cohérente. De plus, si l'utilisation de deux connexités ne pose pas de problème quand une image est partitionnée en deux parties (un objet et un fond), elle ne permet pas dans tous les cas de représenter des images comprenant plusieurs objets. La figure 2.2 nous montre une scène pour laquelle on voudrait que A soit une courbe fermée, que B soit séparé en deux composantes connexes (une à l'intérieur de A et l'autre à l'extérieur de A) et que C soit séparé en trois composantes connexes (une dans A , une entre B et A et une à l'extérieur). Il est impossible de choisir trois connexités permettant d'obtenir une telle configuration. Il était encore possible de régler ce problème en utilisant deux connexités duales quand nous n'avions qu'un objet et le fond, mais avec plus de deux objets imbriqués les uns dans les autres le problème peut devenir insoluble suivant la façon dont les objets sont inclus les uns dans les autres. Quand les objets d'une image sont emboîtés les uns dans les autres il est possible d'alterner les connexités mais dans le cas général, il est nécessaire de partitionner l'image entre objets et frontières d'objets et de considérer un type de connexité pour les objets et un autre pour les frontières. Cela pose des problèmes pour les structures fines car la frontière entre les objets a l'épaisseur d'un voxel.

Ces problèmes de représentations sont liés à la nécessité, pour contourner les paradoxes topologiques, de considérer un graphe d'adjacence qui dépend

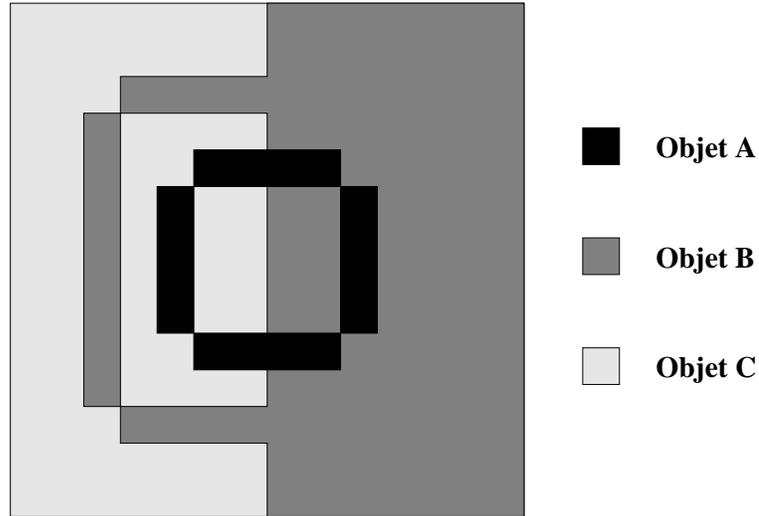


FIG. 2.2 – *Conflit de connexité dans le cas de plus de deux objets.*

du contenu de l'image. Il est possible d'aller au-delà de ses contraintes topologiques en construisant des images fondées sur une structure exempte de paradoxes topologiques. Les complexes cellulaires permettent, comme l'a montré Kovalesky pour des images bidimensionnelles [KOVA-89], de construire un modèle d'image bénéficiant d'une théorie topologique cohérente. Le *modèle cellulaire* que nous présentons ici s'inscrit dans ce cadre en s'appuyant sur une structure de complexe cellulaire appliquée à la grille cubique des images numériques tridimensionnelles.

Définition 2.4 : Etant donné un complexe cellulaire $C = (E, B, dim)$, un *modèle cellulaire* M_C est le couple (E, V, dim) où :

- E est appelé *l'ensemble des cellules*.
- R est un sous-ensemble de $E \times E$, appelé *relation de voisinage*, tel que $(e', e'') \in R$ si et seulement si $e' = e''$ ou $(e', e'') \in B$ ou $(e'', e') \in B$.

Quand il n'y aura pas d'ambiguïté, nous ferons implicitement référence au complexe cellulaire C en utilisant la notation $M = (E, V)$ pour un modèle cellulaire.

Dans la suite, nous appellerons *scène* toute construction géométrique dans \mathbb{R}^3 (ou \mathbb{R}^2 dans le cas bidimensionnel). L'utilisation d'un modèle discret pour représenter une scène impose, du fait de la perte de la continuité, une restriction sur l'ensemble des scènes représentables. Les images sont des modèles discrets auxquels il est possible d'associer une partition de \mathbb{R}^3 . La structure de l'image représente la taille et la forme des éléments constituant la

partition de \mathbb{R}^3 ainsi que leur position dans l'espace. Deux images ayant des structures différentes ne pourront pas forcément représenter les mêmes scènes. Nous avons choisi d'utiliser un modèle cellulaire pour représenter nos images car il permet, comme nous allons le montrer, d'étendre les possibilités de modélisation des images classiques tout en laissant la liberté de conserver une structure proche de celle des images.

Le choix d'un complexe cellulaire comme base du modèle cellulaire ne détermine pas le support géométrique qui sera utilisé pour représenter une scène, chaque cellule doit donc être associée à un élément géométrique correspondant à une partie de \mathbb{R}^3 . Dans ce cas, l'ensemble des cellules représente une partition de \mathbb{R}^3 . La modélisation d'une scène consiste alors, comme pour les images classiques, à choisir, pour chaque objet, un ensemble de cellules le représentant. Cela revient à partitionner l'ensemble des cellules E en une partition P ; chaque élément de la partition représentant un objet. Le terme objet est ici entendu au sens large. Par exemple, une scène constituée d'une structure géométrique incluse dans un fond peut être représentée par une partition contenant deux éléments : l'un correspondant à la structure géométrique et l'autre au fond. Le fond est donc considéré comme un objet à part entière. Un objet est donc constitué d'un ensemble de cellules appartenant à un élément de la partition P de E . Chaque cellule devant être associée à un élément d'une partition de \mathbb{R}^3 , chaque objet peut donc être associé à un élément d'une partition de \mathbb{R}^3 correspondant à l'union de l'ensemble des cellules qui le compose.

Le choix des associations entre les cellules et les parties de \mathbb{R}^3 qui servira de base à notre modèle repose sur la volonté de rester fidèle à la structure de la trame cubique des images (en particulier des images IRM qui seront utilisées plus loin) afin de ne pas avoir à rééchantillonner une image pour la manipuler au sein d'un modèle cellulaire. La structure que nous utiliserons est donc constituée des éléments de différentes dimensions composant la grille cubique. En trois dimensions, l'ensemble des sites de ce modèle est constitué d'éléments de quatre dimensions différentes : les éléments tridimensionnels (les *cubes*) correspondent aux voxels de l'image, les éléments bidimensionnels (les *facettes*) sont les facettes situées entre deux voxels, les éléments linéaires (les *segments*) représentent les segments de droite situés entre deux facettes, enfin les éléments de dimension zéro (les *points*) sont les points situés entre deux segments (figure 2.3).

Dans la définition 2.4, la relation de voisinage R qui relie les sites entre eux s'appuie sur la relation de borne B . Nous avons vu précédemment que cette relation était liée à la notion de frontière d'un site. On dira donc que deux sites sont voisins si l'un fait partie de la frontière de l'autre. Nous obtenons ainsi quatre configurations de voisinage différentes : les points ont 26 voisins (6 lignes, 12 facettes et 8 cubes), les lignes ont 10 voisins (2 points, 4 facettes et 4 cubes), les facettes ont 10 voisins (4 points, 4 lignes et 2 cubes) et les

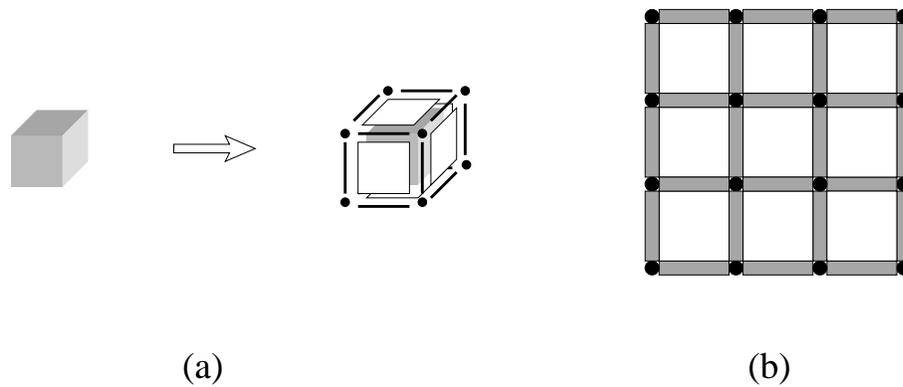


FIG. 2.3 – *Le modèle cellulaire. (a) Les cellules représentent les éléments de différentes dimensions constituant la grille cubique. (b) Illustration bidimensionnelle de la structure du modèle cellulaire. Les facettes sont en blanc, les segments sont en gris et les points sont en noir.*

cubes ont 26 voisins (8 points, 12 lignes et 6 facettes) (figure 2.4).

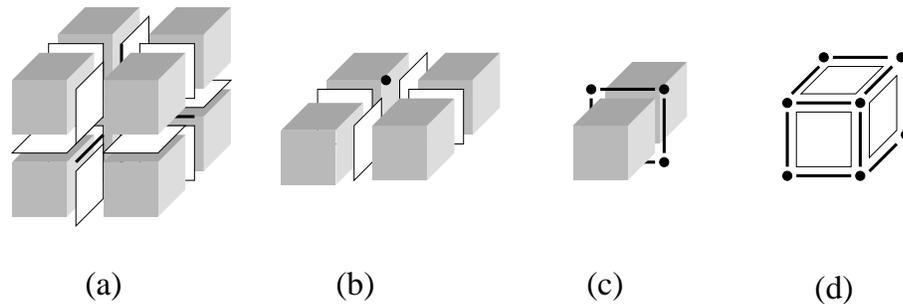


FIG. 2.4 – *Les quatre configurations de voisinage du modèle cellulaire : (a) le voisinage d'un point, (b) le voisinage d'une ligne, (c) le voisinage d'une facette et (d) le voisinage d'un cube.*

L'utilisation du modèle cellulaire permet de représenter des objets ayant différentes dimensions locales (figure 2.5). Au sein du même modèle, un objet peut être constitué de structures volumiques, planes et filaires. Il est aussi possible de représenter des informations ponctuelles à l'aide des sites de dimension zéro.

En utilisant ce modèle dans un cadre binaire, c'est-à-dire pour représenter une scène composée d'un fond et d'un autre objet, on a vu que l'objet et le fond sont définis de façon similaire et ont donc les mêmes propriétés. Il est donc non seulement possible de représenter des objets ayant différentes dimensions locales, mais il est aussi possible de représenter un fond dont la dimension locale varie. Par exemple, si on veut représenter une scène composée de cubes empilés les uns sur les autres, il est possible de modéliser les séparations entre les cubes par des structures planes appartenant au fond ; le

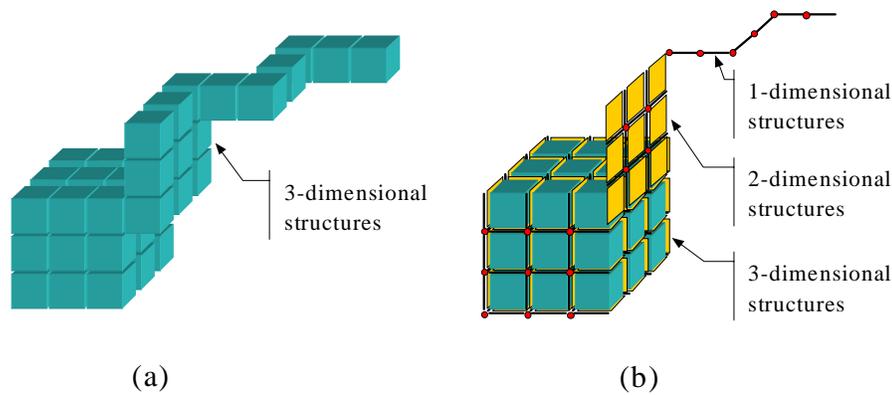


FIG. 2.5 – Représentation d’objets ayant différentes dimensions locales. (a) Avec des voxels on obtient uniquement des structures tridimensionnelles. (b) Les complexes cellulaires permettent de modéliser des structures fines.

fond de notre scène possède alors des parties tridimensionnelles autour des cubes et des parties bidimensionnelles entre les cubes.

La possibilité de représenter des structures de dimensions locales variables à la fois pour un objet et pour le fond est très importante car elle permet, par exemple, la représentation de structures fines venant s’intercaler à l’intérieur d’un objet. C’est exactement ce genre de structures que l’on trouve dans le cortex au niveau de plis corticaux quand deux sillons différents se «touchent», la surface entre les deux peut alors être représentée par une structure purement bidimensionnelle.

Le modèle cellulaire n’offre pas seulement une puissance de modélisation importante, il permet aussi de s’abstraire des problèmes topologiques que l’on rencontre dans les images classiques. Le système de voisinage que nous avons défini ne souffre pas des paradoxes topologiques violant le théorème de Jordan. Reprenons, par exemple, la figure 2.1 de la page 56 et transposons la sous forme de modèle cellulaire (figure 2.6). Nous considérons que deux sites sont connexes s’ils sont voisins au sens de la relation de voisinage définie précédemment et s’ils ont la même étiquette. On s’aperçoit alors que c’est l’appartenance des points A , B , C ou D au fond ou à l’objet qui détermine la présence du paradoxe. Considérer la 8-connexité pour le fond et pour l’objet reviendrait à dire, dans le cadre du modèle cellulaire, que ces quatre points appartiennent à la fois à l’objet et au fond, ce qui n’a pas de sens. Ainsi, deux sites de même dimension et de même étiquette, qui sont adjacents par un point, une arête ou une facette, ne sont jamais connexes directement. Ils peuvent être reliés entre eux par l’intermédiaire de la cellule correspondant à leur intersection. Pour que les carrés noirs forment une courbe fermée, il faut donc que les points A , B , C et D soient noirs. Dans ce cas, on a bien

séparé notre plan en deux composantes connexes, dans le cas contraire, si un des points est blanc, nous n'avons pas une courbe fermée mais le fond ne comporte plus qu'une seule composante connexe. Dans tous les cas, le théorème de Jordan est vérifié. Cet exemple nous montre aussi que les valeurs des cellules de dimension inférieure influent sur la conversion d'une image en un modèle cellulaire. Si on compare les connexités entre les images classiques et les modèles cellulaires, on peut dire que le choix des valeurs associées aux cellules de dimension inférieure, notamment les points, permet de choisir localement la connexité des voxels. Nous allons voir maintenant comment effectuer le passage entre une image et un modèle cellulaire.

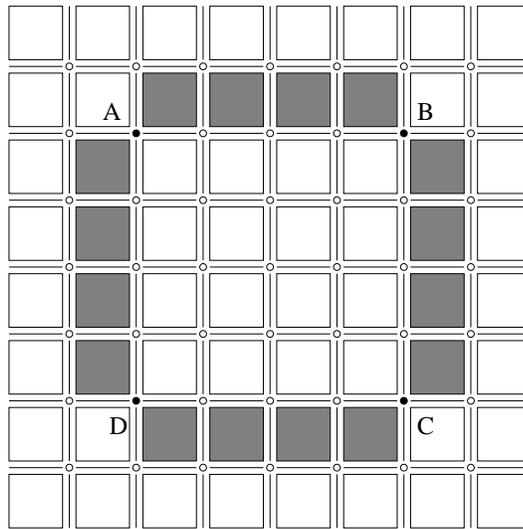


FIG. 2.6 – *Le théorème de Jordan est toujours vérifié dans le modèle cellulaire. La couleur des points A, B, C et D détermine la connexité de la courbe noire et celle entre la partie intérieure et extérieure du fond.*

Le modèle cellulaire offre une représentation similaire géométriquement aux images reposant sur une grille cubique. Il est donc possible de convertir une image en un modèle cellulaire sans perdre d'information. Il suffit pour cela de faire une correspondance directe entre les voxels d'une image et les sites tridimensionnels du modèle cellulaire. Toutefois, cette correspondance directe n'est pas possible pour les sites de dimension inférieure qui n'ont pas leur équivalent dans l'image. Pour définir complètement un complexe cellulaire, une image ne suffit donc pas, il est nécessaire d'utiliser des informations supplémentaires ou de choisir arbitrairement une façon de lever les ambiguïtés. Dans le cas binaire, il est possible d'utiliser les connexités utilisées dans l'image pour définir l'ensemble des cellules se trouvant à la frontière entre deux cubes de même étiquette, si les voxels sont voisins dans l'image la cellule prendra l'étiquette des cubes sinon, elle prendra l'autre étiquette. De

cette manière, on construit un modèle cellulaire qui respecte entièrement la connexité de l'image originale. Mais il reste à définir la valeur des sites se trouvant à la frontière de deux cubes d'étiquettes différentes. Cela peut se faire en se fondant sur l'utilisation ultérieure du modèle cellulaire et en lui imposant des propriétés géométriques ou topologiques.

Le modèle cellulaire ne nécessite pas de définir une relation de voisinage qui dépend de l'étiquette du site pour avoir de bonnes propriétés topologiques. Il est donc possible en utilisant un ensemble d'étiquettes et en affectant une étiquette à chaque cellule, de représenter des scènes composées de différents objets sans avoir de conflit entre les objets pour le choix des connexités. En utilisant un modèle cellulaire il est tout à fait possible de représenter la scène de la figure 2.2 page 57 avec les propriétés de connexités voulues.

2.3 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons introduit un modèle discret s'appuyant sur la structure topologique des complexes cellulaires qui permet d'accroître les possibilités de modélisation des images classiques et qui supprime les paradoxes topologiques que l'on rencontre dans ces dernières. La structure géométrique du modèle cellulaire est constituée d'éléments de différentes dimensions inclus dans la grille cubique, ce qui permet de représenter des objets complexes ayant différentes dimensions locales. Dans ce modèle, les éléments de dimension inférieure représentent les limites des éléments de dimension supérieure. Il est donc possible de construire un tel modèle à partir des éléments de surface ou de volume constituant une image. C'est ce que nous avons fait dans le cas des images construites sur une grille cubique. Le modèle ainsi obtenu permet donc de représenter des structures monodimensionnelles, bidimensionnelles et tridimensionnelles dans l'espace d'une image sans avoir à la transformer pour l'adapter à l'espace du modèle. De plus, nous avons montré que le modèle cellulaire permet de s'abstraire des problèmes topologiques rencontrés dans les images numériques représentant plusieurs objets.

Outre les avantages de modélisation qu'offre le modèle cellulaire dans le cas d'une scène fixe, nous allons voir dans le chapitre suivant que les bonnes propriétés topologiques des complexes cellulaires vont nous permettre de déformer une scène représentée par un modèle cellulaire tout en préservant sa topologie initiale.

CHAPITRE 3

Construction d'un modèle cellulaire homotopiquement déformable

Une déformation est une altération de la forme. Pour étudier les déformations d'une entité, il est donc nécessaire d'être en mesure de caractériser sa forme. Bien que nous ayons une idée intuitive assez claire de ce qu'est une forme, il est difficile de définir cette notion d'une façon précise. Il en est donc de même pour la définition de la notion de déformation. Heureusement, les mathématiciens se sont, depuis longtemps, penchés sur ce problème et nous ont fourni des outils permettant d'identifier et d'analyser des propriétés relatives aux formes et aux déformations. Ces outils sont regroupés dans un domaine : la topologie. C'est donc en considérant des critères topologiques que nous allons, dans ce chapitre, présenter une méthode qui permet de déformer un modèle cellulaire. Cette méthode a pour particularité de préserver certaines propriétés topologiques sur l'ensemble des objets constituant une scène.

Etudier des propriétés géométriques ou topologiques et les appliquer dans le domaine du traitement des images présente deux difficultés majeures. La première difficulté vient du cadre théorique. En effet, une grande partie des résultats mathématiques est fournie pour des espaces ayant des propriétés qui ne sont pas partagées par les espaces utilisés en traitement des images. La continuité en est un exemple typique : de nombreuses propriétés qui sont valides dans des espaces continus ne le sont plus dans des espaces discrets. Or, la plupart des images sont une représentation discrète d'une réalité continue. Pour adapter une propriété d'un espace *réel* vers un espace *modèle* il est donc nécessaire, soit, quand c'est possible, d'adapter les définitions utilisées sur l'espace réel pour les rendre compatibles avec l'espace modèle, ce qui peut nécessiter une étape de validation, soit de se référer à l'espace réel sous-jacent à l'espace modèle pour retrouver cette propriété. Par exemple,

il est possible d'adapter la distance euclidienne de \mathbb{R}^3 dans \mathbb{Z}^3 en utilisant la distance de chanfrein. La seconde difficulté que l'on rencontre si l'on veut utiliser des notions topologiques ou géométriques est d'ordre pratique. Certaines notions qui sont définies de manière très concise peuvent être difficiles, voire impossibles, à implanter dans une réalisation informatique. Il est, par exemple, facile de définir l'ensemble des chemins joignant un point A à un point B , mais il sera impossible, en général, de manipuler un tel ensemble avec un ordinateur tant sa cardinalité est importante. Nous allons montrer dans ce chapitre qu'il est possible d'utiliser des théories mathématiques générales et de les adapter au domaine du traitement des images pour obtenir des algorithmes bénéficiant d'une théorie robuste et restant réalistes.

Dans la section suivante, nous allons introduire les quelques notions de topologie que nous allons utiliser ultérieurement.

3.1 Notions de topologie

Le but de cette petite partie topologique n'est pas de fournir l'ensemble des outils mathématiques que nous allons utiliser, car cela sortirait du cadre de ce travail, mais plutôt de fournir les définitions les plus importantes afin, d'une part, de permettre au lecteur néophyte de se familiariser avec ces notions et, d'autre part, de fixer certaines définitions de notions qui existent dans différents domaines, comme par exemple la continuité, dans le but d'éviter les ambiguïtés. Le lecteur désirant aller plus loin dans le domaine de la topologie pourra se reporter à l'ouvrage de Hocking et Young [HOCK-88] d'où est tiré l'essentiel des définitions que nous allons utiliser, ainsi qu'aux références suivantes : [GODB-71, KONG-89, MUNK-84].

3.1.1 Transformations et continuité

La première notion que nous avons besoin de définir concerne le fondement même de la topologie. Si nous voulons être capables de transférer des notions topologiques d'un espace à un autre, il est nécessaire de savoir ce qu'est un espace muni d'une topologie.

Définition 3.1 : Un ensemble S a une topologie¹ si pour tout point p de S et pour tout sous-ensemble X de S , la question « p est-il un point limite de X ?» a une réponse.

Cette définition très générale peut paraître inutile car elle n'impose aucune condition sur les points limites. Cependant, en étudiant cette relation

1. Il ne s'agit pas d'un espace topologique car ce dernier est soumis à des contraintes plus importantes.

de point limite, il est possible de «comparer» entre eux différents ensembles comme, en particulier, des ensembles continus et des ensembles discrets. Pour ce faire, il est nécessaire de mettre en correspondance les éléments des ensembles. C'est ce que fait une transformation.

Définition 3.2 : Soient deux ensembles X et Y , une *transformation* (appelée aussi *fonction*) $f : X \rightarrow Y$ de X vers Y est un triplet (X, Y, G) où G est une collection de paires ordonnées (x, y) avec $x \in X$ et $y \in Y$ et telle que chaque élément de X est le premier élément d'une et une seule paire de G . On notera $f(x) = y$ l'image de x par f et pour tout Z sous-ensemble de X , $f(Z)$ est l'ensemble des y tels que $(z, y) \in G$ avec $z \in Z$.

La notion de transformation est très importante pour deux raisons. La première est qu'elle nous donne une définition formelle précise sur laquelle nous appuyer pour construire ce que nous appellerons une déformation. La seconde raison est qu'une transformation peut avoir une interprétation géométrique qui permet d'étudier les propriétés des déformations. Par exemple, une courbe dans \mathbb{R}^2 peut être vue comme une transformation f de l'intervalle unité I^1 vers \mathbb{R}^2 (figure 3.1). La transformation f est une paramétrisation de la courbe.

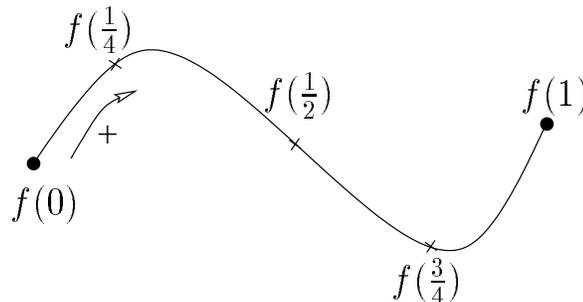


FIG. 3.1 – *Interprétation géométrique d'une transformation f de I^1 vers \mathbb{R}^2 . f représente une courbe sur \mathbb{R}^2 .*

Dans la suite, sauf indications contraires, nous allons uniquement nous intéresser à une classe très importante de transformations : les transformations continues. Nous en donnons ici une définition qui est une généralisation de celle utilisée en analyse et qui peut, là aussi, s'appliquer aux différents espaces manipulés en traitement des images.

Définition 3.3 : Une transformation $f : S \rightarrow T$ est *continue* si pour tout p élément de S et X sous-ensemble de S tels que p est un point limite de X , alors $f(p)$ est un point limite de $f(X)$ ou $f(p)$ appartient à $f(X)$.

3.1.2 Transformations homotopiques

La notion d'homotopie est étroitement liée à la continuité et à l'interprétation géométrique des transformations. Intuitivement, deux transformations f et g sont homotopiques si l'une peut être continuellement déformée vers l'autre. Pour formaliser cette notion on utilise une paramétrisation dans l'ensemble des transformations similaire à celle utilisée dans la figure 3.1. Il en résulte la définition suivante :

Définition 3.4 : Deux transformations f et g d'un espace X dans un espace Y sont homotopiques s'il existe une transformation continue $h : X \times I^1 \rightarrow Y$ telle que, pour tout point x de X , $h(x, 0) = f(x)$ et $h(x, 1) = g(x)$.

Pour illustrer ce que représente géométriquement l'homotopie, prenons l'exemple d'une transformation h de $S^1 \times I^1$ vers \mathbb{R}^2 , où S^1 est le cercle unité. Dans ce cas, $h(x, 0)$ et $h(x, 1)$, qui sont respectivement égales à $f(x)$ et $g(x)$, sont des courbes fermées sur \mathbb{R}^2 car f et g sont continues sur x . La continuité de h sur I^1 montre que ces deux courbes peuvent être continuellement déformées l'une vers l'autre (figure 3.2).

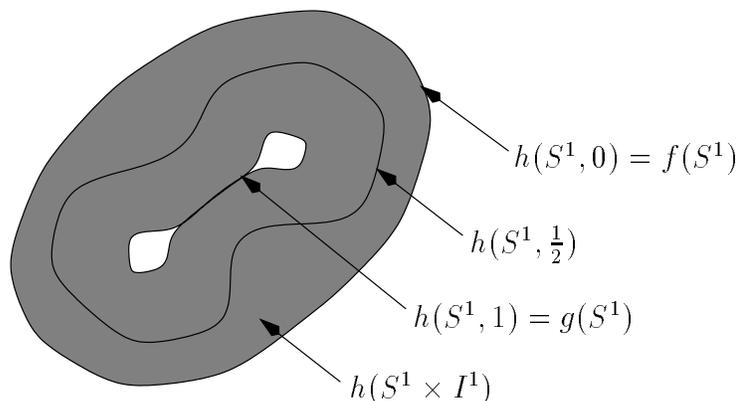


FIG. 3.2 – Déformation homotopique (d'après [HOCK-88]).

L'existence de h ne dépend pas seulement de f et g , elle dépend aussi de la structure des espaces X et Y . Si l'on considère Y comme étant le plan privé de son origine $\mathbb{R}^2 - (0, 0)$, une boucle passant autour de l'origine manquante ne pourra pas être continuellement déformée dans Y vers une boucle ne passant pas autour de l'origine (figure 3.3). L'homotopie peut donc être utilisée pour définir une équivalence entre deux espaces qui prend en compte la structure même des espaces à comparer mais aussi celle de l'espace à l'intérieur duquel ils se déforment. C'est cette notion qui est utilisée, en traitement des images, pour définir les déformations homotopiques, c'est-à-dire les déformations préservant la topologie. Dans la section suivante, nous allons définir la notion

d'équivalence homotopique pour deux modèles cellulaires puis nous utiliserons cette notion pour construire une méthode permettant de déformer un modèle cellulaire en préservant sa topologie.

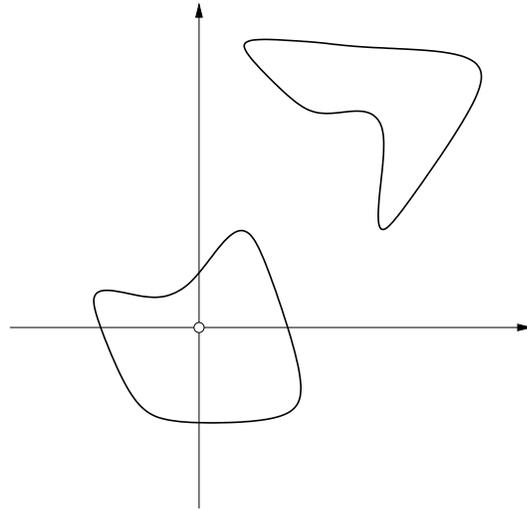


FIG. 3.3 – Les deux boucles ne peuvent pas être continuellement déformées l'une vers l'autre sur $\mathbb{R}^2 - (0,0)$ (d'après [HOCK-88]).

3.2 Déformations homotopiques dans le cadre d'un graphe d'adjacence

L'apparition de la notion de déformation préservant la topologie dans le domaine du traitement des images est en grande partie due aux algorithmes de squelettisation. Ces algorithmes reposent en général sur une suppression itérative des points de l'image constituant un objet jusqu'à ce qu'il ne reste que le squelette. Pour avoir un squelette ayant la même topologie que l'objet initial, la notion de *point simple* a été introduite. Un point simple est un point pouvant être retiré d'un objet sans modifier sa topologie. Plusieurs auteurs ont proposé des caractérisations des points simples [BERT-94a, BERT-94b, KONG-89, MORG-81, TORI-82, TSAO-81, SAHA-91]. Ces notions sont axées sur la conservation des *composantes connexes* et des *tunnels*. Les composantes connexes identifient les parties disjointes d'un objet et dépendent de la relation de connexité liant les points de l'image. La notion de tunnel est plus complexe à définir car elle fait appel à des notions évoluées comme la continuité. Intuitivement, on détecte la présence d'un tunnel dans un objet lorsque l'on peut trouver une courbe fermée dans cet objet qui ne peut pas être continuellement déformée en un point tout en restant à l'intérieur de l'objet. Par exemple dans une sphère, n'importe quelle boucle peut

être continuellement déformée en un point tandis que dans un tore, certaines boucles peuvent être déformées en un point et d'autres ne le peuvent pas à cause du tunnel qui perce le centre du tore (figure 3.4). Pour comparer deux objets, leur structure propre est importante mais la façon dont ils sont inclus dans l'espace est aussi importante. On dira donc que deux objets O' et O'' se trouvant dans un espace E ont la même topologie s'ils ont le même nombre de composantes connexes et le même nombre de tunnels, et si leurs complémentaires $\overline{O'} = E - O'$ et $\overline{O''} = E - O''$ ont également le même nombre de composantes connexes et le même nombre de tunnels.

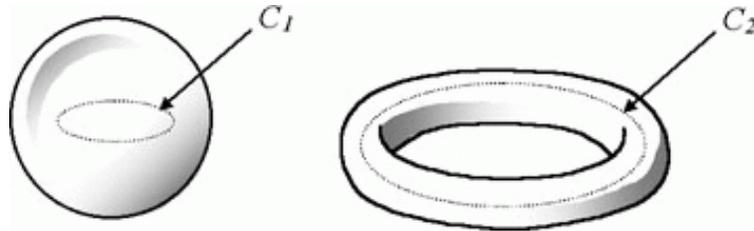


FIG. 3.4 – La courbe C_1 peut être déformée en un point mais pas la courbe C_2 car le tore possède un tunnel.

Pour définir l'équivalence topologique, il est donc nécessaire de caractériser les éléments sur lesquels reposent les notions de composante connexe et de boucle. Le cas des composantes connexes ne pose pas de difficulté particulière si l'on considère une image comme un graphe, ce qui permet de définir un chemin entre deux points et donc la connexité entre tous les points. Cependant, le cas des tunnels impose de connaître la définition d'une boucle, ce qui se fait aisément à partir de la notion de chemin, mais nécessite aussi la définition d'une déformation continue d'une boucle. Cette dernière notion n'est pas triviale dans un espace discret.

Nous allons préciser les définitions de base sur lesquelles repose l'équivalence topologique. Dans un premier temps, nous resterons le plus général possible et définirons les chemins, les boucles ainsi que la déformation élémentaire d'une boucle, qui nous mènera à une notion voisine de la déformation continue, dans le cadre de graphes abstraits. Nos définitions n'auront donc aucun support géométrique précis et pourront s'adapter à différents types d'images. Dans ce même cadre général, nous proposerons une définition des éléments simples qui sont les analogues des points simples. Nous utiliserons ensuite ces notions dans le cadre du modèle cellulaire pour obtenir un critère local de détection des cellules simples.

3.2.1 Notions de base et notations

Définition 3.5 : Un *graphe abstrait* G est une paire (E, V) où E est un

ensemble discret et V est un ensemble de paires ordonnées (x, y) avec $x \in E$ et $y \in E$. V est appelée *relation de voisinage*.

Dans la suite, nous considérerons un graphe $G = (E, V)$ non orienté, c'est-à-dire $(x, y) \in V \Leftrightarrow (y, x) \in V$, et tel que la relation de voisinage soit réflexive, $\forall x \in E, (x, x) \in V$. On utilisera O comme étant un sous-ensemble de E . On notera $\overline{O} = E - O$ le complémentaire de O sur E .

Définition 3.6 : Deux éléments x et y de O sont dit *voisins* sur O (noté $x \stackrel{O}{\rightleftharpoons} y$) si et seulement si $(x, y) \in V$. L'ensemble des voisins d'un élément s de E (n'appartenant pas forcément à O) qui appartiennent à O est noté $N_O(s)$.

Définition 3.7 : Un *chemin* γ de O est soit le chemin vide γ_\emptyset , soit une suite $s_0, s_1, \dots, s_n, n \in \mathbb{N}$ d'éléments de O tels que $s_i \stackrel{O}{\rightleftharpoons} s_{i+1} \forall i \in [0, n - 1]$. s_0 (respectivement s_n) est l'élément initial (respectivement final) de γ . On note Γ_O l'ensemble des chemins de O .

Définition 3.8 : Deux points x et y de O appartiennent à la même *composante connexe* de O (noté $x \stackrel{O}{\longleftrightarrow} y$) si et seulement s'il existe un chemin dans Γ_O dont x est l'élément initial et y l'élément final. On appelle $N_{CC}(O)$ le *nombre de composantes connexes*² de O .

Définition 3.9 : La *concaténation* de deux chemins de O , $\gamma = s_0, s_1, \dots, s_n$ et $\gamma' = s'_0, s'_1, \dots, s'_m$, tels que $s_n \stackrel{O}{\rightleftharpoons} s'_0$, est le chemin $\gamma.\gamma' = s_0, s_1, \dots, s_n, s'_0, s'_1, \dots, s'_m$. Le chemin vide est neutre pour la concaténation : $\forall \gamma, \gamma_\emptyset.\gamma = \gamma.\gamma_\emptyset = \gamma$.

Définition 3.10 : Une *boucle* ω de O est une suite $s_0, s_1, \dots, s_n, n \in \mathbb{N}$ d'éléments de O tels que $s_i \stackrel{O}{\rightleftharpoons} s_{i+1} \forall i \in [0, n - 1]$ et $s_n \stackrel{O}{\rightleftharpoons} s_0$. On note Ω_O l'ensemble des boucles de O .

3.2.2 Déformation d'une boucle

Nous avons vu que pour définir l'équivalence topologique, il est nécessaire de définir la déformation continue d'une boucle. Dans le cas discret,

². On s'intéressera, ici, à des graphes finis pour lesquels le nombre de composantes connexes existe et est borné par la cardinalité de E .

cette définition s'appuie sur ce que nous allons appeler une *déformation élémentaire*; il s'agit, intuitivement, de la plus petite déformation continue possible sur une boucle. L'itération de plusieurs déformations élémentaires formera une déformation analogue à la déformation continue. La définition que nous allons donner ici s'appuie uniquement sur la relation de voisinage entre éléments d'un graphe, elle n'a donc pas de substrat géométrique. Cependant, nous montrerons qu'elle est une généralisation de notions déjà utilisées dans la littérature pour définir les déformations de boucles dans les images et qu'elle s'applique aussi dans le cadre du modèle cellulaire en ayant un lien très fort avec la continuité dans \mathbb{R}^3 .

Définition 3.11 : Deux boucles de Ω_O , ω et ω' , sont *proches à une déformation élémentaire près* (noté $\omega \stackrel{O}{\rightleftharpoons} \omega'$) si au moins une des conditions suivantes est vérifiée (figure 3.5):

$$\bullet \quad \omega' \stackrel{O}{\rightleftharpoons} \omega \quad (3.1)$$

$$\bullet \quad \begin{cases} \omega = s_1.\pi.s_2 \\ \omega' = s_2.s_1.\pi \end{cases} \quad \text{avec } \pi \in \Gamma_O, s_1, s_2 \in O \quad (3.2)$$

$$\bullet \quad \begin{cases} \omega = \pi_1.s_1.s_2.s_3.\pi_2 \\ \omega' = \pi_1.s_1.s_3.\pi_2 \end{cases} \quad \text{avec } \pi_1, \pi_2 \in \Gamma_O, s_1, s_2, s_3 \in O \quad (3.3)$$

La condition (3.1) impose la symétrie sur la relation. La condition (3.2) rend équivalentes deux boucles qui se différencient juste par une permutation circulaire des éléments qui les composent, l'ordre des éléments n'est donc pas discriminant pour cette relation. La condition (3.3) définit une déformation élémentaire comme étant une "petite déviation" d'une boucle quand elle passe par trois éléments de O mutuellement voisins (figure 3.5).

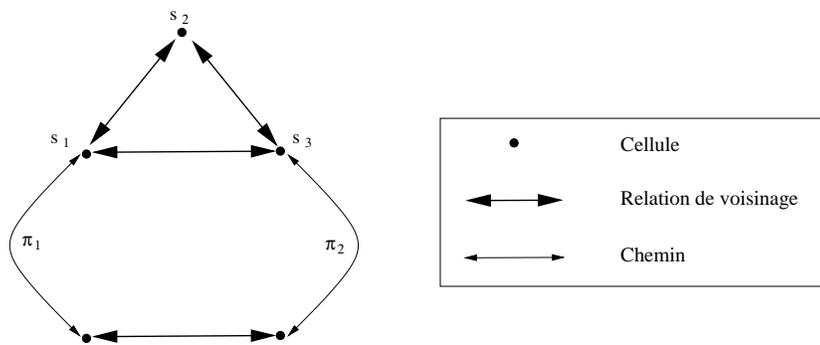


FIG. 3.5 – Déformation élémentaire d'une boucle. La boucle $\pi_1.s_1.s_2.s_3.\pi_2$ est équivalente à la boucle $\pi_1.s_1.s_3.\pi_2$.

Le graphe n'ayant pas de support géométrique imposé, il est nécessaire de préciser les conditions dans lesquelles cette relation peut être vue comme

une déformation continue. Le support géométrique du graphe est représenté par une association entre les nœuds du graphe et des éléments géométriques comme des voxels ou les cellules d'un modèle cellulaire ; les arcs du graphe représentent une relation d'adjacence entre les éléments géométriques. La définition 3.11 ne peut pas être utilisée avec tous les supports géométriques d'un graphe (figure 3.6) ; pour être valide, un support géométrique doit vérifier des propriétés de continuité. Dans nos définitions, la relation de voisinage est une relation de proximité ; autrement dit, deux éléments sont voisins s'ils sont «aussi proches que possible». Cette proximité doit être aussi vérifiée dans le cas de triplets d'éléments mutuellement voisins. Le fait que ces trois éléments soient «aussi proches que possible» les uns des autres peut s'exprimer en imposant que la structure géométrique correspondant à ces trois éléments soit connexe et sans tunnel. En d'autres mots, la structure géométrique correspondant à un, deux ou trois éléments mutuellement voisins doit avoir la topologie d'une boule, c'est-à-dire une composante connexe et pas de tunnel. Dans ce cas, toute boucle d'un objet géométrique correspondant à un couple de voisins (s_1, s_2) peut être continuellement déformée en toute boucle de l'objet correspondant à un triplet de voisins (s_1, s_2, s_3) . Alors, la déformation élémentaire d'une boucle peut donc être considérée comme une déformation continue.

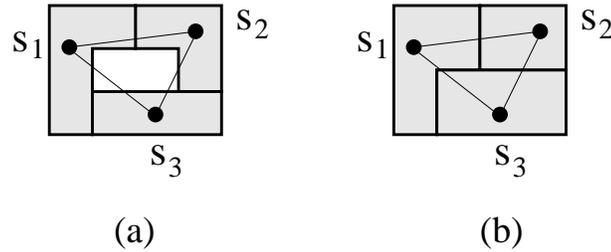


FIG. 3.6 – Validité du support géométrique d'un graphe. (a) D'après la définition 3.11, la boucle $s_1.s_2.s_3$ peut être déformée en la boucle $s_1.s_2$. Il n'y a pas d'équivalent continu à cette déformation car les boucles de la structure géométrique passant par s_1, s_2 et s_3 ne peuvent pas être continuellement déformées en une boucle passant uniquement par s_1 et s_2 . (b) Dans ce cas toute boucle de la structure géométrique peut être continuellement déformée en toute autre boucle. La définition 3.11 correspond alors à une déformation continue dans le support géométrique du graphe.

Dans le cas des images tridimensionnelles, deux boucles sont considérées comme proches à une déformation élémentaire près si elles ne diffèrent que sur un cube de deux voxels d'arête [KONG-89, BERT-94a]. Ces déformations peuvent être mises sous la forme d'une ou plusieurs déformations élémentaires au sens de la définition 3.11. La notion que nous avons introduite est donc compatible avec celles existantes. De plus, notre définition s'applique

aussi dans le cadre du modèle cellulaire. En cataloguant les couples et les triplets de sites voisins, on trouve six couples de voisins différents et quatre triplets de voisins différents (figure 3.7). Ces configurations ont les propriétés nécessaires pour que la déformation élémentaire d'une boucle soit une déformation continue, ce sont des structures connexes ayant la même topologie qu'une boucle.

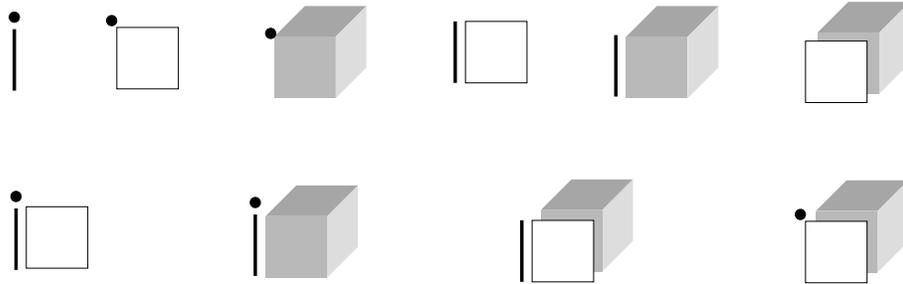


FIG. 3.7 – Couples et triplets de voisins d'un modèle cellulaire.

Nous pouvons donc maintenant déformer continuellement une boucle en itérant des déformations élémentaires. Cela nous donne la relation d'équivalence entre boucles suivante :

Définition 3.12 : Deux boucles de O , ω et ω' , sont *équivalentes par déformation* si et seulement si au moins une des conditions suivantes est vérifiée (figure 3.8) :

- $\omega \stackrel{O}{\simeq} \omega'$ (3.4)

- il existe une suite $\omega_0, \omega_1, \dots, \omega_n$ $n \in \mathbb{N}$ de boucles de O (3.5)

telle que $\omega \stackrel{O}{\simeq} \omega_0, \omega_0 \stackrel{O}{\simeq} \omega_1, \dots, \omega_{n-1} \stackrel{O}{\simeq} \omega_n, \omega_n \stackrel{O}{\simeq} \omega'$

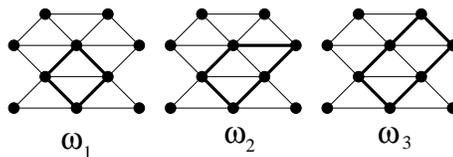


FIG. 3.8 – Equivalence entre boucles. Les boucles ω_1 , ω_2 et ω_3 sont toutes équivalentes car ω_1 et ω_2 (respectivement ω_2 et ω_3) sont équivalentes par déformation élémentaire.

Cette relation est étroitement liée à la continuité des espaces continus. Si on considère l'analogie géométrique (appelé aussi *analogie continu*) de O comme étant l'union de tous les éléments géométriques associés aux éléments de O et s'il existe ω et ω' dans Ω_O telles que ω et ω' sont équivalentes

par déformation, alors toute courbe de l'analogue géométrique de ω (on rappelle qu'une boucle de O est constituée d'éléments de O et possède donc un analogue géométrique) est continuellement déformable vers toute courbe de l'analogue géométrique de ω' .

On peut noter que la relation d'équivalence par déformation est une relation d'équivalence sur Ω_O . La transitivité découle immédiatement de la définition. La symétrie provient de la symétrie de la relation d'équivalence par déformation élémentaire $\omega \stackrel{O}{\rightleftharpoons} \omega'$. La réflexivité est assurée par la réflexivité de la relation de voisinage car :

$$\forall \omega \in \Omega_E, \exists s \in E, \exists \pi_1 \in \Gamma_E, \exists \pi_2 \in \Gamma_E \text{ tels que } \omega = \pi_1.s.\pi_2 \quad (3.6)$$

Comme s est son propre voisin :

$$\pi_1.s.\pi_2 \stackrel{E}{\rightleftharpoons} \pi_1.s.s.\pi_2 \quad (3.7)$$

Donc on a bien :

$$\omega \text{ équivalent par déformation à } \omega. \quad (3.8)$$

On note $[\omega]_E$ la classe d'équivalence des boucles de E contenant ω .

Afin de caractériser les tunnels, nous avons vu qu'il fallait utiliser la notion de déformation continue d'une boucle vers un point. Nous allons donc avoir besoin de la définition suivante :

Définition 3.13 : Une boucle ω de Ω_E est *réductible* sur E si et seulement s'il existe $\omega' \in [\omega]_E$ telle que $\omega' = s$, $s \in E$ (figure 3.9).

En nous appuyant sur les définitions que nous venons d'introduire, nous allons maintenant donner une définition des éléments pouvant être supprimés d'un objet sans changer sa topologie. Nous montrerons qu'il n'est pas possible de caractériser localement ces éléments dans le cas d'un graphe abstrait mais que cela devient possible en utilisant les propriétés de voisinage du modèle cellulaire.

3.2.3 Eléments simples

Kong et Rosenfeld [KONG-89] donnent, en s'appuyant sur les travaux de Morgenthaler [MORG-81], les définitions suivantes d'une image et des points simples :

Une *image numérique* classique est un quadruplet (V, m, n, B) où $V = \mathbb{Z}^2$ ou $V = \mathbb{Z}^3$, $B \subseteq V$, et où $(m, n) = (4, 8)$ ou $(8, 4)$ si $V = \mathbb{Z}^2$, et

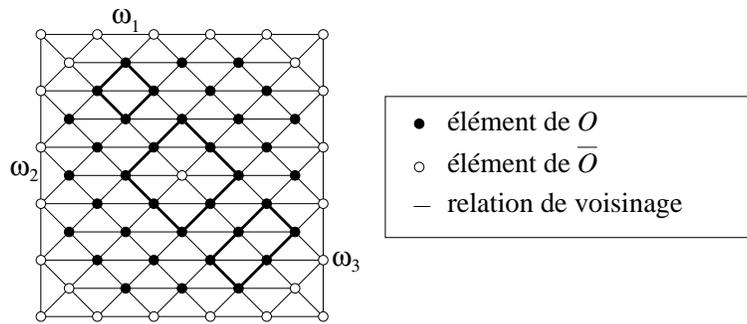


FIG. 3.9 – Boucles réductibles et irréductibles. Les boucles ω_1 et ω_3 sont équivalentes et réductibles sur O . La boucle ω_2 est irréductible sur O car l'élément central n'appartient pas à O .

$(m, n) = (6, 26), (26, 6), (6, 18)$ ou $(18, 6)$ si $V = \mathbb{Z}^3$. L'image numérique $\mathcal{P} = (V, m, n, B)$ est dite *bidimensionnelle* (respectivement *tridimensionnelle*) si $V = \mathbb{Z}^2$ (respectivement $V = \mathbb{Z}^3$). Les éléments de V sont appelés les *points* de l'image numérique. Les points de B sont appelés les *points noirs* de l'image; les points de $V - B$ sont les *points blancs* de l'image.

Soit $\mathcal{P}_1 = (\mathbb{Z}^3, m, n, B)$ une image numérique tridimensionnelle. La suppression des points dans un sous-ensemble D de B préserve la topologie si et seulement si l'image numérique résultante $\mathcal{P}_2 = (\mathbb{Z}^3, m, n, B - D)$ vérifie les conditions suivantes :

- chaque composante noire de \mathcal{P}_1 contient exactement une composante noire de \mathcal{P}_2 , (3.9)
- chaque composante blanche de \mathcal{P}_2 contient exactement une composante blanche de \mathcal{P}_1 , (3.10)
- chaque chemin fermé de B peut être déformé dans B en un chemin fermé de $B - D$, (3.11)
- pour chaque chemin fermé de $B - D$ qui peut être déformé dans B en un chemin fermé de $B - D$, le premier chemin fermé peut aussi être déformé dans $B - D$ vers le second chemin. (3.12)

Cette définition des points simples assure la préservation des composantes connexes de l'objet (3.9) et du fond (3.10), elle assure aussi la préservation des tunnels dans l'objet en interdisant la disparition d'une courbe fermée de l'objet (3.11) ainsi que l'apparition d'une courbe fermée dans l'objet (3.12). En se fondant sur ces propriétés, nous allons définir la notion d'éléments simples en ajoutant des contraintes de préservation des boucles pour le complémentaire de l'objet (le fond) et en exprimant cette définition à l'aide des définitions que nous avons introduites précédemment.

Considérons un graphe $G = (E, V)$. Un objet dans ce graphe est un sous-ensemble non vide de E , notons O cet objet. Le fond est le complémentaire de O sur E que nous notons $\overline{O} = E - O$. La scène binaire est donc représentée par une partition de E ayant deux éléments O et \overline{O} . Une transformation élémentaire (ou minimale) de la scène consiste à ajouter ou à supprimer un élément de O , on obtient ainsi une nouvelle partition binaire. Comme ajouter un élément à O revient à supprimer un élément de \overline{O} et que les deux membres O et \overline{O} de la partition sont équivalents, nous ne considérerons dans la suite que la suppression d'éléments de O car l'ajout d'éléments peut être réalisé en inversant les rôles de O et \overline{O} . Un élément de O pouvant être supprimé sans changer la topologie de la scène est appelé un *élément simple* de O . L'ensemble des éléments simples de O , S_O , est un sous-ensemble de O tel que $\forall s \in S_O$, les conditions suivantes sont vraies :

$$\bullet \exists x \in O - \{s\} \text{ tel que } x \xleftrightarrow{O} s \quad (3.13)$$

$$\bullet \exists x \in \overline{O} \text{ tel que } x \xleftrightarrow{\overline{O} + \{s\}} s \quad (3.14)$$

$$\bullet \forall x, y \in O - \{s\}, \quad x \xleftrightarrow{O} y \Rightarrow x \xleftrightarrow{O - \{s\}} y \quad (3.15)$$

$$\bullet \forall x, y \in \overline{O}, \quad x \xleftrightarrow{\overline{O}} y \Rightarrow x \xleftrightarrow{\overline{O} + \{s\}} y \quad (3.16)$$

$$\bullet \forall \omega \in \Omega_O, \quad \omega \text{ est irréductible sur } O \Rightarrow \quad (3.17)$$

$$\exists \omega' \in [\omega]_O \text{ tel que } \omega' \in \Omega_{O - \{s\}} \text{ et } \omega' \text{ est irréductible sur } O - \{s\}$$

$$\bullet \forall \omega \in \Omega_{O - \{s\}}, \quad \omega \text{ est irréductible sur } O - \{s\} \Rightarrow \quad (3.18)$$

$$\omega \text{ est irréductible sur } O$$

$$\bullet \forall \omega \in \Omega_{\overline{O} + \{s\}}, \quad \omega \text{ est irréductible sur } \overline{O} + \{s\} \Rightarrow \quad (3.19)$$

$$\exists \omega' \in [\omega]_{\overline{O} + \{s\}} \text{ tel que } \omega' \in \Omega_{\overline{O}} \text{ et } \omega' \text{ est irréductible sur } \overline{O}$$

$$\bullet \forall \omega \in \Omega_{\overline{O}}, \quad \omega \text{ est irréductible sur } \overline{O} \Rightarrow \quad (3.20)$$

$$\omega \text{ est irréductible sur } \overline{O} + \{s\}$$

Les quatre premières conditions assurent la préservation des composantes connexes de O et de \overline{O} ; (3.13) empêche la disparition d'un point isolé de l'objet O , (3.14) empêche l'apparition d'un point isolé du fond \overline{O} , (3.15) empêche la séparation de deux composantes connexes de O et (3.16) empêche la fusion de deux composantes connexes de \overline{O} . Les quatre conditions suivantes préviennent l'apparition ou la suppression de tunnels dans O et \overline{O} ; (3.17) empêche la suppression d'un tunnel de O , (3.18) empêche l'apparition d'un tunnel sur O , (3.19) empêche l'apparition d'un tunnel sur \overline{O} et (3.20) empêche la disparition d'un tunnel sur \overline{O} .

Nous allons montrer maintenant qu'il existe une condition locale (c'est-à-dire ne dépendant que du voisinage d'un élément) qui est nécessaire pour

qu'un élément soit simple. Nous verrons ensuite que cette condition n'est pas suffisante dans le cas des graphes abstraits. Nous utiliserons enfin les propriétés structurelles du graphe de voisinage du modèle cellulaire pour prouver que dans ce cas la condition est nécessaire et suffisante pour caractériser les cellules simples.

Proposition 3.14 : Si s est un élément simple de O alors $N_{CC}(N_O(s) - \{s\}) = N_{CC}(N_{\overline{O}}(s)) = 1$.

Preuve : Soit s un élément simple de O .

Si $N_{CC}(N_O(s) - \{s\}) = 0$, la relation (3.13) n'est pas vérifiée.

Si $N_{CC}(N_{\overline{O}}(s)) = 0$, la relation (3.14) n'est pas vérifiée.

Si $N_{CC}(N_O(s) - \{s\}) \geq 2$ alors il existe deux composantes connexes, C_1 et C_2 , distinctes sur $N_O(s) - \{s\}$. Il y a alors deux possibilités.

Soit C_1 et C_2 ne sont pas connectées sur $O - \{s\}$ alors $\exists s_1 \in C_1$ et $s_2 \in C_2$ qui ne vérifient pas (3.15), car C_1 et C_2 sont reliées sur O par s . Donc s n'est pas un élément simple de O .

Soit, $\exists s_1 \in C_1$, $\exists s_2 \in C_2$ et $\exists \gamma \in \Gamma_O$ tels que $\omega = s_1.s.s_2.\gamma \in \Omega_O$ (figure 3.10). Quel que soit n le nombre de déformations élémentaires que l'on fera subir à ω , on obtiendra toujours, à une permutation circulaire près, une boucle de la forme :

$$\omega_n = \pi_1.s'_1.s.s'_2.\pi_2 \text{ avec } s'_1 \in C_1, s'_2 \in C_2 \text{ et } \pi_1, \pi_2 \in \Omega_O \quad (3.21)$$

Démontrons-le par récurrence sur n . Si $n = 0$, on a directement ω_0 en posant $s'_1 = s_1$, $s'_2 = s_2$, $\pi_1 = \gamma_\emptyset$, $\pi_2 = \gamma$. Si la relation (3.21) est vraie pour $n = N$ avec $N \in \mathbb{N}$ alors elle est vraie pour $n = N + 1$ car une déformation élémentaire ne peut pas supprimer s de la boucle car s'_1 et s'_2 ne sont pas voisins. De plus la déformation élémentaire ne peut changer s'_1 (respectivement s'_2) que s'il existe s'' dans C_1 (respectivement C_2) qui deviendra le nouveau prédécesseur (respectivement successeur) de s dans ω_{N+1} (figure 3.11).

Donc, si $N_{CC}(N_O(s) - \{s\}) \geq 2$, alors toutes les boucles de $[\omega]_O$ contiennent s et au moins deux autres éléments distincts, elles sont donc irréductibles et n'appartiennent pas à $\Omega_{O-\{s\}}$. On peut donc en déduire que ω est irréductible sur O , ce qui contredit (3.17). s n'est donc pas un élément simple de O .

Si $N_{CC}(N_{\overline{O}}(s)) \geq 2$ on peut montrer, de la même manière que précédemment, que (3.19) n'est pas vérifiée et donc que s n'est pas un élément simple de O . \square

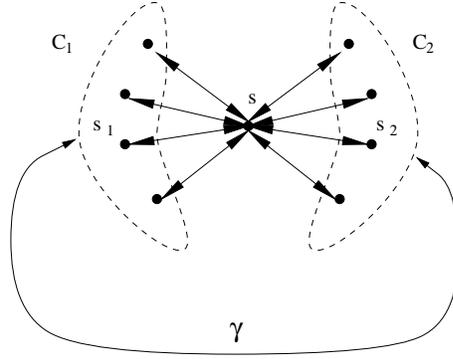
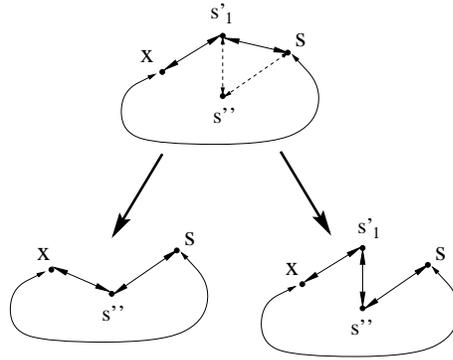

 FIG. 3.10 – Existence de deux composantes connexes dans le voisinage de s .


FIG. 3.11 – Deux possibilités de déformation élémentaire d'une boucle.

La réciproque de cette proposition n'est pas vraie. Si $N_{CC}(N_O(s) - \{s\}) = N_{CC}(N_{\overline{O}}(s)) = 1$, on a directement les quatre conditions de connexité qui sont vraies. De plus, montrons que (3.17) est vrai. Si (3.17) est fausse, on a :

$$\begin{aligned} \exists \omega \in \Omega_O \text{ tel que } \omega \text{ est irréductible sur } O \text{ et tel que} & \quad (3.22) \\ \forall \omega' \in \Omega_{O-\{s\}} \cap [\omega]_O \text{ alors } \omega' \text{ est réductible sur } O - \{s\}. & \end{aligned}$$

Si ω' existe, comme elle est réductible sur $O - \{s\}$, elle est aussi réductible sur O ; or ω' est équivalente à ω , donc ω est réductible sur O , ce qui contredit (3.22). Donc ω' n'existe pas ce qui veut dire que toutes les boucles de $[\omega]_O$ contiennent s et donc, soit s est isolé ($N_{CC}(N_O(s) - \{s\}) = 0$), soit il existe au moins deux composantes connexes distinctes sur $N_O(s) - \{s\}$, ce qui contredit l'hypothèse que $N_{CC}(N_O(s) - \{s\}) = N_{CC}(N_{\overline{O}}(s)) = 1$. Donc (3.17) est nécessairement vraie. On peut montrer de façon similaire que (3.19) est aussi vérifiée.

Mais il est possible de trouver un graphe (E, V) et un sous-ensemble $O \subset E$ tels que $N_{CC}(N_O(s) - \{s\}) = N_{CC}(N_{\overline{O}}(s)) = 1$ et (3.18) ou (3.20) sont fausses (figure 3.12). Cela vient du fait qu'il n'est pas possible de détecter l'apparition d'un tunnel sur O ou la disparition d'un tunnel sur \overline{O} en

observant uniquement le voisinage d'un élément dans un graphe.

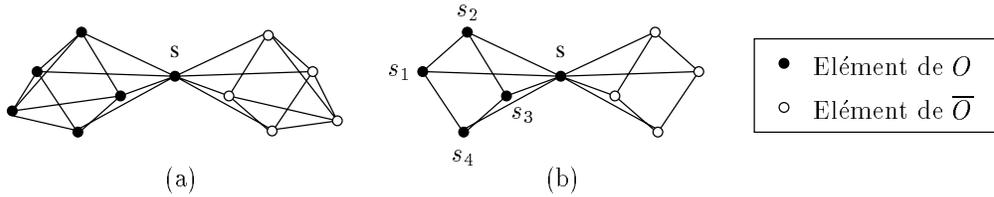


FIG. 3.12 – (a) s est un élément simple de O . (b) s n'est pas un élément simple de O car, par exemple, la boucle $s_1.s_2.s_3.s_4$ est réductible sur O mais ne l'est pas sur $O - \{s\}$. Dans les deux cas, $N_{CC}(N_O(s) - \{s\}) = N_{CC}(N_{\overline{O}}(s)) = 1$.

Cependant la structure du graphe de voisinage du modèle cellulaire va nous permettre d'utiliser la réciproque de la proposition 3.14 et ainsi d'avoir une caractérisation locale complète des cellules simples d'un modèle cellulaire.

3.2.4 Les cellules simples d'un modèle cellulaire

Les voisinages des éléments du modèle cellulaire que nous utilisons dépendent du type de l'élément considéré. Il y a quatre types d'éléments (cubes, facettes, segments et points) qui donnent les quatre voisinages de la figure 2.4 de la page 59. Mais si l'on considère ces voisinages comme des graphes en faisant abstraction du type des éléments se trouvant à chaque nœud, on obtient ainsi seulement deux graphes de voisinage topologiquement différents ; la figure 3.13 montre que les graphes des quatre types de voisinages ne forment que deux configurations en polyèdre constituées de triangles. Ces configurations de voisinage vont nous permettre de valider la réciproque de la proposition 3.14.

Proposition 3.15 : Si le voisinage sur E d'un point s de O peut être représenté sous la forme d'un polyèdre constitué de triangles, alors $N_{CC}(N_O(s) - \{s\}) = N_{CC}(N_{\overline{O}}(s)) = 1 \Leftrightarrow s$ est un élément simple de O .

Preuve : On suppose $N_{CC}(N_O(s) - \{s\}) = N_{CC}(N_{\overline{O}}(s)) = 1$. Nous avons vu qu'il suffisait de montrer que les propriétés (3.18) et (3.20) sont vraies. C'est ce que nous allons faire par l'absurde pour la propriété (3.18), la démonstration étant similaire pour (3.20). Nous allons avoir besoin du lemme suivant :

Lemme 3.16 : Si $s \in E$ est un élément dont le voisinage sur E peut être représenté sous la forme d'un polyèdre constitué de triangles

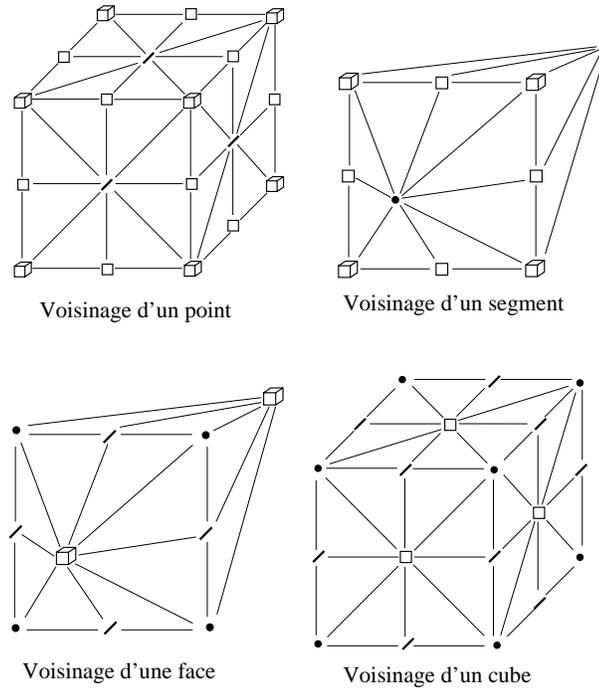


FIG. 3.13 – Les différents voisinages d'un complexe cellulaire. Représentation en perspective avec faces cachées des éléments reliés à l'élément central.

avec $N_{CC}(N_O(s) - \{s\}) = N_{CC}(N_{\overline{O}}(s)) = 1$, alors toute boucle du voisinage de s sans s est réductible sur ce voisinage :

$\forall \omega \in \Omega_{N_{O-\{s\}}(s)}$, ω est réductible sur $N_{O-\{s\}}(s)$.

Preuve : Nous allons utiliser une approche géométrique pour prouver ce lemme. Comme nous manipulons des ensembles finis nous pouvons utiliser la récurrence sur le nombre d'éléments de $N_{\overline{O}}(s)$ que nous noterons n .

Si $n = 1$, il existe un seul élément s' de \overline{O} sur $N_E(s)$. Comme $N_E(s)$ peut être représenté sous la forme d'un polyèdre constitué de triangles et que s' correspond à un sommet du polyèdre, les autres sommets sont donc des éléments de O qui peuvent être représentés sous la forme d'une structure plane connexe constituée de triangles dont seuls les sommets externes correspondent à des éléments qui sont voisins de s' (figure 3.14). Cette structure plane représente les éléments de $N_{O-\{s\}}(s)$. Comme elle est composée de triangles, qui représentent des triplets d'éléments mutuellement voisins, et comme la notion de déformation élémentaire des boucles s'appuie sur de tels triplets, on peut en déduire que toute boucle de $N_{O-\{s\}}(s)$ est réductible. Le lemme est donc va-

lable pour tout n .

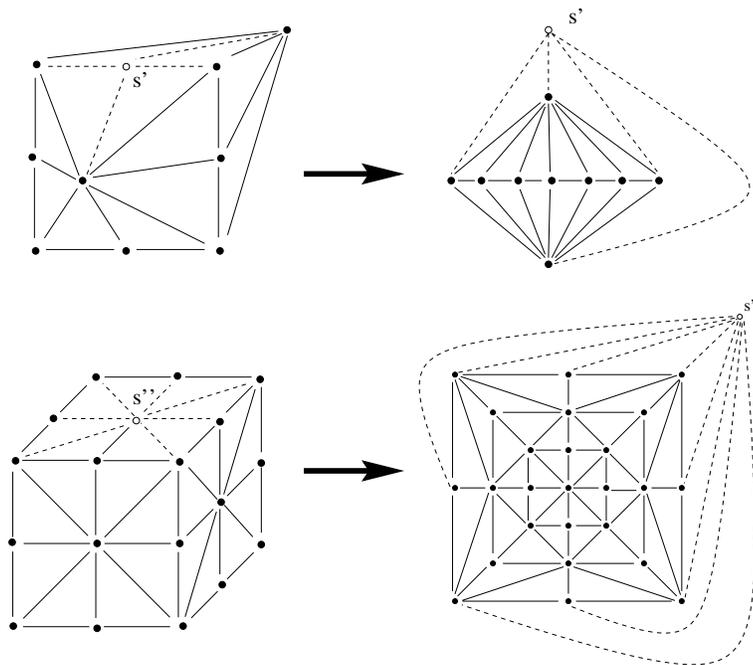


FIG. 3.14 – Représentation plane des voisinages sans point central.

Supposons que le lemme soit vrai pour $n = N$ avec $N \geq 2$. Pour avoir $n = N + 1$, il faut faire passer un élément de $N_{O-\{s\}}(s)$ vers $N_{\overline{O}}(s)$, ce qui correspond à ôter un sommet externe de la structure plane constituée de triangles, car seuls les sommets externes correspondent à des éléments voisins de $N_{\overline{O}}(s)$. Comme par hypothèse $N_{O-\{s\}}(s)$ est connexe, on se retrouve soit avec une structure connexe constituée de triangles, soit avec un sommet unique. Dans les deux cas, toute boucle de $N_{O-\{s\}}(s)$ est réductible. \square

Pour prouver la proposition 3.15, nous allons donc supposer que (3.18) est fausse :

$\exists \omega \in \Omega_{O-\{s\}}$ tel que ω est irréductible sur $O-\{s\}$ et réductible sur O .
(3.23)

Comme ω est réductible sur O , elle est réductible à n'importe quel point de O et en particulier s . Il existe donc sur le voisinage de s une boucle ω' équivalente à ω sur $O - \{s\}$:

$$\omega \text{ réductible sur } O \Rightarrow \exists \omega' \in [\omega]_{O-\{s\}} \cap \Omega_{N_O(s)-\{s\}} \quad (3.24)$$

D'après le lemme 3.16, ω' est réductible sur $N_O(s) - \{s\}$, donc ω est réductible sur $O - \{s\}$, ce qui contredit (3.23) qui était une de nos hypothèses. \square

3.3 Déformations homotopiques d'une scène composée de plusieurs objets

La définition des éléments simples ainsi que leur caractérisation locale peut être étendue aux cas de scènes composées de plusieurs objets. Dans le chapitre 3.3.1 nous définissons les déformations élémentaires pour de telles scènes en nous fondant sur les notions présentées au chapitre 3.2. Ensuite, dans le chapitre 3.3.2, nous étendons la caractérisation locale des éléments simples aux cas de plusieurs objets.

3.3.1 Déformations simples et ensembles d'homotopie

Etant donné un graphe $G = (E, V)$, un objet du graphe est défini comme un élément d'une partition P de E . Ainsi, P représente une scène complète. Nous définissons la déformation d'une scène comme une bijection entre deux partitions de E . Dans ce cadre, une déformation «minimale» consiste à déplacer un élément d'un objet A vers un objet B . Une telle déformation sera appelée une (A, B) -déformation. Une (A, B) -déformation est dite simple si elle ne change la topologie ni de A , ni de B ; elle est dite A -simple si elle change uniquement la topologie de B ; elle est dite B -simple si elle change uniquement la topologie de A et elle est dite non simple si elle ne préserve la topologie ni de A , ni de B (figure 3.15).

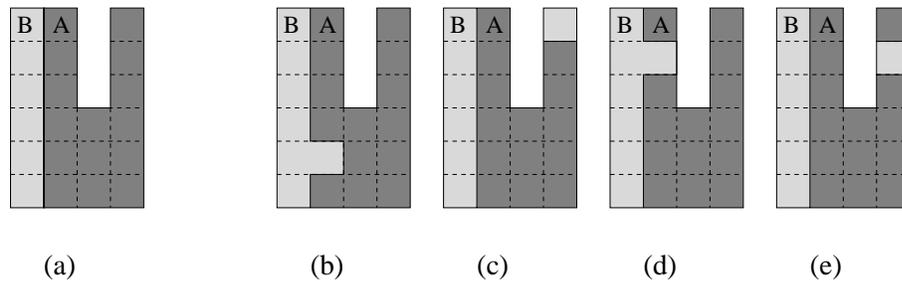


FIG. 3.15 – Les différents types de (A, B) -déformations. (a) Les objets A et B . (b) Déformation simple. (c) Déformation A -simple. (d) Déformation B -simple. (e) Déformation non simple. (Pour simplifier les illustrations, nous utilisons une représentation sous forme de pixels et, quand il n'y a pas d'ambiguïté topologique, nous supposons que tous les objets sont 8-connexes.)

Pour être homotopique, une (A, B) -déformation doit préserver la topolo-

gie de tous les objets de la scène. Donc, l'ensemble des (A, B) -déformations simples pour tout A et B représente l'ensemble des *déformations homotopiques élémentaires*. L'ensemble de toutes les déformations homotopiques élémentaires applicables à un élément de E peut être utilisé pour définir les éléments simples dans une scène composée de plusieurs objets :

Définition 3.17 : Etant donné $G = (E, V)$ un graphe, P une partition E et Q un sous-ensemble non vide de P , alors un élément $e \in E$ est dit *Q -simple* si pour tout $(A, B) \in Q \times Q$, toute (A, B) -déformation de e est simple (figure 3.16).

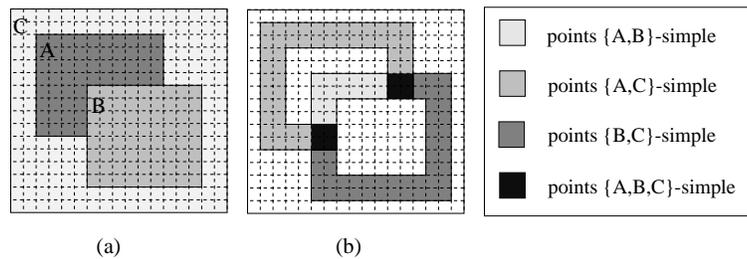


FIG. 3.16 – Les points simples dépendent de plusieurs objets. (a) Une scène avec trois objets. A et B sont considérés en 4-connexité (pour simplifier l'illustration) et C est considéré en 8-connexité. (b) Les points simples de la scène.

Comme Q est un sous-ensemble d'une partition P de E , il représente un ensemble d'objets. En d'autres mots, la définition 3.17 indique qu'un élément de E est Q -simple si le faire appartenir à n'importe quel objet de Q ne modifie pas la topologie de la scène. Une conséquence immédiate de cette définition est que l'union et l'intersection d'ensembles d'objets préservent la «simplicité» :

Proposition 3.18 : $\forall e \in E, \forall Q \subset P, \forall R \subset P$, si e est Q -simple et e est R -simple, alors e est $(Q \cup R)$ -simple et e est $(Q \cap R)$ -simple.

L'union de tous les ensembles $Q \subset P$ (c'est-à-dire l'ensemble maximal) tels que e est Q -simple, est appelé l'*ensemble d'homotopie* de e et noté H_e . Cet ensemble définit entièrement les propriétés d'homotopie d'un élément par rapport à la scène complète car il contient exactement tous les objets auxquels e peut appartenir sans que la topologie de la scène ne soit modifiée :

Proposition 3.19 : Etant donné $G = (E, V)$ un graphe, P une partition de E et A et B deux éléments de P , alors une (A, B) -déformation d d'un élément $e \in A$ est simple si et seulement si B appartient à H_e .

Preuve : Si d est simple, alors e est $\{A, B\}$ -simple et B est donc dans H_e .

Réciproquement, supposons que $B \in H_e$. Comme d est une (A, B) -déformation, alors $e \in A$ avant la déformation car une (A, B) -déformation déplace un élément de A vers B . Une (A, A) -déformation ne modifie pas la scène et préserve donc sa topologie. En conséquence, H_e contient A . Donc, A et B appartiennent à H_e . Ce qui implique, d'après la définition 3.17, que d est simple car e est H_e -simple. \square

L'ensemble d'homotopie d'un élément contient tous les objets auxquels un élément peut appartenir sans changer la topologie de la scène. Ainsi, il contient au moins l'objet auquel il appartient dans la scène. S'il ne contient pas d'autres objets, aucune déformation homotopique ne peut être appliquée à l'élément. Au contraire, s'il contient plus d'un objet, l'élément peut être déplacé vers n'importe lequel de ces objets sans changer la topologie de la scène. Donc, l'ensemble d'homotopie d'un élément peut être utilisé pour trouver toutes les déformations homotopiques de cet élément. En conséquence, les ensembles d'homotopie de tous les éléments définissent l'ensemble des déformations homotopiques applicables à la scène. Comme pour les éléments simples dans une scène constituée de deux objets, la modification de la scène change ses propriétés d'homotopie et peut donc modifier les ensembles d'homotopie de la scène. Il n'est donc pas possible, dans le cas général, de modifier deux éléments en parallèle. Une déformation homotopique globale d'une scène doit être faite en lui appliquant successivement des déformations homotopiques élémentaires. Deux scènes sont homotopiquement équivalentes s'il existe une suite de déformations homotopiques élémentaires transformant la première scène en la seconde. Ainsi, les (A, B) -déformations simples sont la base de l'équivalence topologique. Comme il existe une équivalence entre l'ensemble de toutes les (A, B) -déformations simples et les ensembles d'homotopie (proposition 3.19), les deux peuvent être utilisés dans le cadre des déformations homotopiques. L'avantage de l'ensemble d'homotopie d'un élément e est qu'il permet de caractériser toutes les déformations simples de e sans utiliser explicitement l'objet auquel e appartient.

Les ensembles d'homotopie sont plus généraux que les (A, B) -déformations simples car l'ensemble d'homotopie d'un élément e permet de trouver toutes les déformations simples de e , mais le contraire n'est pas vrai.

Dans le cas binaire, il est possible de caractériser localement les éléments simples. Ces derniers correspondent aux déformations homotopiques élémentaires applicables à une scène composée de deux objets. Nous montrons dans le chapitre suivant qu'il est possible d'étendre la caractérisation locale des éléments simples dans le but de caractériser localement les déformations homotopiques élémentaires ainsi que les ensembles d'homotopie d'une scène.

3.3.2 Caractérisation locale des ensembles d'homotopie

Dans cette section, nous considérons la caractérisation locale des éléments simples de la section 3.2.4 page 78, et nous l'appliquons à chaque objet d'une scène composée d'un nombre quelconque d'objets dans le but d'obtenir une caractérisation locale des ensembles d'homotopie d'une scène.

Nous avons défini la préservation de la topologie pour un objet O inclus dans un fond \overline{O} . Si on considère O comme un élément d'une partition P de E , et \overline{O} comme le complémentaire de O sur E (c'est-à-dire l'union des éléments de tous les autres objets de la partition), nous obtenons directement une définition de l'homotopie pour un unique objet d'une partition. Dans le cas général, une déformation élémentaire ne modifie pas qu'un seul objet mais elle ne peut pas modifier la topologie de plus de deux objets. Une (A, B) -déformation ne peut changer que la topologie de A ou de B car tout autre objet C reste inchangé et \overline{C} son complémentaire sur E n'est pas modifié non plus par cette transformation car tous les éléments de A et de B appartiennent à \overline{C} , donc déplacer un élément de A vers B ne change pas les éléments de \overline{C} . Il est donc possible de caractériser localement une (A, B) -déformation simple en vérifiant la préservation de la topologie pour A et pour B :

Proposition 3.20 : Une (A, B) -déformation d d'un élément e est simple si et seulement si $N_{CC}(N_A(e) - \{e\}) = N_{CC}(N_{\overline{A}}(e)) = N_{CC}(N_B(e) - \{e\}) = N_{CC}(N_{\overline{B}}(e)) = 1$.

Preuve : Si d est simple, elle ne change ni le nombre de composantes connexes, ni le nombre de tunnels de A . Donc $N_{CC}(N_A(e) - \{e\}) = N_{CC}(N_{\overline{A}}(e)) = 1$ (proposition 3.15). Il en est de même pour B , donc $N_{CC}(N_B(e) - \{e\}) = N_{CC}(N_{\overline{B}}(e)) = 1$.

La réciproque est aussi une conséquence de la proposition 3.15. Si $N_{CC}(N_A(e) - \{e\}) = N_{CC}(N_{\overline{A}}(e)) = N_{CC}(N_B(e) - \{e\}) = N_{CC}(N_{\overline{B}}(e)) = 1$, alors le nombre de composantes connexes et le nombre de tunnels sont préservés pour une modification entre A et \overline{A} ainsi que pour une modification entre B et \overline{B} . Comme $A \subset \overline{B}$, $B \subset \overline{A}$ et d est une déformation entre A et B , alors d est simple car elle préserve la topologie de tous les objets de la scène. \square

La proposition 3.20 nous permet de caractériser localement l'ensemble d'homotopie de chaque élément d'une scène.

Proposition 3.21 : Etant donné $G = (E, V)$ un graphe, P une partition de E et e un élément de E , alors $\forall B \in P$, $B \in H_e$ si et seulement si

$e \in B$ ou $N_{CC}(N_A(e) - \{e\}) = N_{CC}(N_{\overline{A}}(e)) = N_{CC}(N_B(e) - \{e\}) = N_{CC}(N_{\overline{B}}(e)) = 1$ où A désigne l'élément de P tel que $e \in A$.

Preuve : Si $B \in H_e$, alors soit $e \in B$ ce qui vérifie la proposition, soit $e \notin B$; alors toute (A, B) -déformation est simple (proposition 3.19). Donc, d'après la proposition 3.20, $N_{CC}(N_A(e) - \{e\}) = N_{CC}(N_{\overline{A}}(e)) = N_{CC}(N_B(e) - \{e\}) = N_{CC}(N_{\overline{B}}(e)) = 1$.

Nous avons montré dans la preuve de la proposition 3.19 que H_e contient toujours l'objet auquel appartient e . Donc, si $e \in B$ alors $B \in H_e$. Si $N_{CC}(N_A(e) - \{e\}) = N_{CC}(N_{\overline{A}}(e)) = N_{CC}(N_B(e) - \{e\}) = N_{CC}(N_{\overline{B}}(e)) = 1$, alors toute (A, B) -déformation de e est simple (proposition 3.20), donc $B \in H_e$ (proposition 3.19). \square

La caractérisation locale des déformations homotopiques élémentaires dans le cas de scènes composées de plusieurs objets n'est pas bien plus compliquée que dans le cas binaire. La principale différence réside dans la possibilité pour un élément d'appartenir à plusieurs objets après une modification. Il est donc nécessaire, pour chaque modification d'un objet A vers un objet B applicable à un élément, de vérifier localement la préservation de la topologie de A et de B .

Les propriétés locales du graphe d'adjacence d'un modèle cellulaire permettent d'utiliser la caractérisation locale des ensembles d'homotopie (voir section 3.2.4). Il est donc possible de déformer homotopiquement toute scène qui peut être représentée par un modèle cellulaire.

3.4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons proposé un modèle d'image tridimensionnel original permettant de manipuler des scènes complexes composées de plusieurs objets ayant des formes complexes et des dimensions locales variables. Ce modèle cellulaire est fondé sur une structure de complexe cellulaire enchassé dans la grille cubique. La structure cellulaire permet d'étendre les possibilités de modélisation des images classiques et l'inclusion dans la grille cubique rend le modèle cellulaire géométriquement proche des images classiques. Il est donc possible d'utiliser un modèle cellulaire dans le cadre d'un processus de traitement d'image comme, par exemple, pour la segmentation d'objets complexes ayant différentes dimensions locales. Dans ce but, nous avons montré qu'un modèle cellulaire pouvait être utilisé comme un modèle déformable homotopique.

Pour définir les déformations homotopiques d'un modèle cellulaire, nous avons introduit une nouvelle définition des déformations préservant la topologie qui se fonde uniquement sur une structure de graphe d'adjacence. Cette définition généralise celles proposées dans le cadre des images numériques car ces dernières sont liées à la structure géométrique et au graphe d'adjacence des images. Notre définition permet d'identifier les éléments simples de toute structure géométrique munie d'un graphe d'adjacence et vérifiant certaines propriétés locales. Nous avons étendu la notion d'élément simple au cas de scènes composées d'un nombre quelconque d'objets. Pour cela nous avons introduit deux notions : la déformation homotopique élémentaire et l'ensemble d'homotopie. Nous avons montré que ces deux notions pouvaient être caractérisées localement pour chaque élément, permettant ainsi d'utiliser toute la puissance de modélisation des modèles cellulaires au sein d'un modèle déformable homotopique.

La structure de graphe des complexes cellulaires et la simplicité du critère de détection des déformations homotopiques rendent possible l'implantation informatique d'un modèle cellulaire homotopiquement déformable : c'est le sujet du chapitre suivant.

CHAPITRE 4

Considérations informatiques et algorithmiques

L'implantation informatique du modèle cellulaire ne pose pas de problèmes fondamentaux mais nécessite la prise en considération d'un volume important de données. La structure de données que nous utiliserons doit donc représenter un modèle cellulaire de façon compacte et non redondante et aussi permettre une utilisation efficace des données en termes de temps de calcul. Dans la section 4.1 nous présentons la structure que nous avons utilisée pour implanter le modèle cellulaire. Ensuite, nous montrons comment utiliser cette structure pour réaliser des algorithmes efficaces sur des modèles cellulaires. Enfin, dans la section 4.2.2, nous expliquons les principes de base ainsi que la réalisation et l'optimisation de l'algorithme de déformation que nous allons utiliser dans la partie suivante de notre rapport pour segmenter la surface corticale.

4.1 Implantation informatique du modèle cellulaire

Un modèle cellulaire $M = (E, V, P)$ peut être séparé en au moins deux parties distinctes. La première partie représente la structure du modèle et est constituée de l'ensemble des cellules E et de leurs relations d'adjacence V . La seconde partie contient P et représente une scène incluse dans la structure (E, V) . Ainsi, nous obtenons une décomposition comparable à celle des images classiques. La structure d'une image classique est composée d'un ensemble d'éléments (pixels ou voxels) et d'une relation d'adjacence entre ces éléments. Les données de l'image représentent la deuxième partie d'une image. Cette similarité n'est pas seulement théorique, elle va permettre de construire une représentation informatique du modèle cellulaire s'approchant de celle des images numériques.

Pour implanter la structure du modèle cellulaire, nous commençons par trier l'ensemble des cellules en choisissant une bijection entre l'ensemble des cellules et $\{0, 1, \dots, N - 1\}$, où N est le nombre de cellules. Une fois le tri effectué, chaque cellule s de l'ensemble peut être identifiée par son indice i_s . Dans ce cas, étant donnée une cellule de référence s , toute cellule s' peut être identifiée de manière unique, relativement à s , par $i_{s'} - i_s$. Ainsi, l'ensemble des cellules voisines de s peut être représenté, relativement à s , par un ensemble de décalages d'indices. Cela fournit une possibilité de représentation du graphe d'adjacence des cellules en associant à chaque cellule s l'ensemble des décalages d'indices représentant les voisins de s relativement à s (figure 4.1). Dans ce cas, la quantité de données nécessaire pour représenter le graphe est importante et croît avec le nombre de cellules. Cependant, il est possible de déterminer un ordre sur les cellules qui permet d'utiliser la même structure avec seulement une petite quantité constante de données.

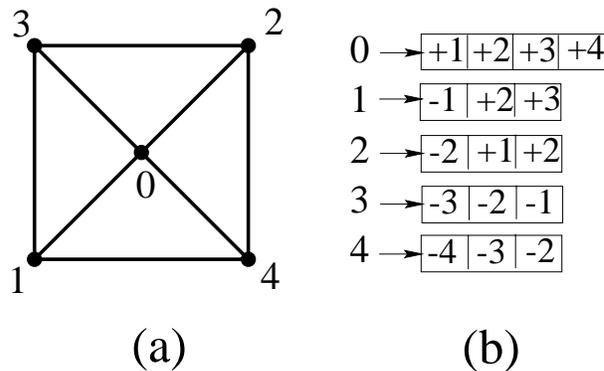


FIG. 4.1 – *Implantation possible d'un graphe d'adjacence. (a) Les éléments du graphe sont numérotés. (b) Chaque élément est associé à un ensemble de décalages d'indice. Chaque décalage représente un voisin.*

Nous pouvons trier les cellules dans le but de n'avoir que quelques ensembles de décalages d'indice différents pour les voisinages de toutes les cellules. Ainsi nous aurons seulement besoin d'avoir ces quelques ensembles en mémoire et de relier chaque cellule à celui correspondant à son voisinage. Un ordre de tri approprié peut être construit en isolant un groupe de cellules se répétant spatialement dans le modèle cellulaire et pouvant donc être utilisé comme «brique de base» pour construire un modèle cellulaire. La figure 4.2a représente un tel groupe de cellules que nous appellerons *groupe de base*. Il est possible de construire un modèle cellulaire en positionnant un groupe de base sur chaque nœud de la grille cubique (figure 4.2)b. Cette structure permet d'ordonner efficacement toutes les cellules du modèle. Dans un premier temps, les groupes de base sont triés. Comme ils sont sur une grille cubique, ils peuvent être identifiés par leurs coordonnées. Chaque groupe de base de

coordonnés (x, y, z) dans une grille de taille $S_x \times S_y \times S_z$ sera donc identifié par son indice $x + y.S_x + z.S_x.S_y$. Ensuite, les cellules de chaque groupe de base sont triées au sein du groupe. Nous utilisons l'ordre de la figure 4.2c. Ainsi, comme chaque groupe possède huit cellules, toute cellule s appartenant à un groupe de base d'indice g et ayant l'indice t dans ce groupe peut être associée à l'indice $i_s = 8.g + t$. Chaque cellule peut donc être identifiée soit par son indice i_s , soit par ses coordonnées (x, y, z, t) où (x, y, z) sont les coordonnées du groupe de base de la cellule et t est l'index de la cellule au sein du groupe de base.

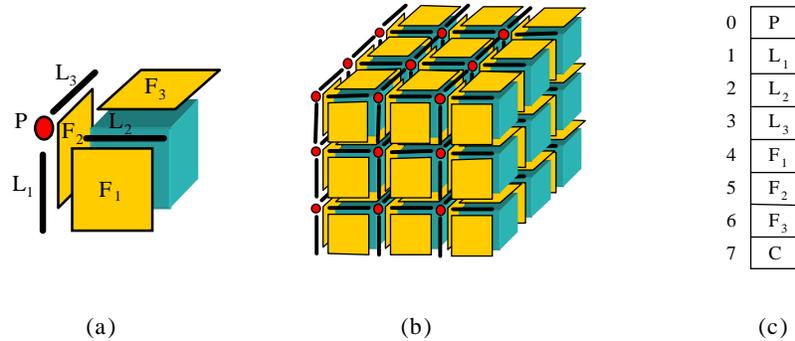


FIG. 4.2 – Construction informatique d'un modèle cellulaire. (a) Groupe de cellules utilisé pour construire un modèle cellulaire. (b) Modèle cellulaire obtenu en juxtaposant des groupes de base dans une grille cubique $3 \times 3 \times 3$. (c) Ordre des cellules dans le groupe de base.

A l'aide du système d'indices et de coordonnées que nous venons de présenter, nous sommes en mesure de construire les ensembles de voisinages pour représenter le graphe. Il faut remarquer que les indices des cellules dépendent des dimensions du modèle cellulaire ce qui n'est pas le cas des coordonnées. Nous exprimerons donc le voisin d'une cellule s comme un décalage sur les coordonnées de s . Ces décalages de coordonnées qui sont valables quelles que soient les dimensions du modèle seront ensuite convertis en décalages d'indice pour être utilisés efficacement sur un modèle cellulaire donné (et donc de dimensions connues). Si on ne considère pas les problèmes de bords sur lesquels nous reviendrons, on peut remarquer que toutes les cellules ayant le même indice dans le groupe de base, c'est-à-dire la même coordonnée t , auront le même voisinage. Nous nous retrouvons donc avec seulement huit ensembles de voisinages différents. Pour construire ces ensembles, nous avons nommé chaque cellule du groupe de base. Ensuite, nous avons identifié pour chaque cellule nommée ses voisins dans son groupe ainsi que dans les groupes voisins. Par exemple, le voisinage d'une cellule F_1 est représenté dans la figure 4.3. Le voisinage relatif à une cellule F_1 ainsi obtenu est présenté dans le tableau 4.1. L'ensemble des voisinages pour les différentes cellules est présenté

dans l'annexe A page 185. Ces tableaux permettent de retrouver directement les décalages de coordonnées qui sont utilisés pour construire les décalages d'indices.

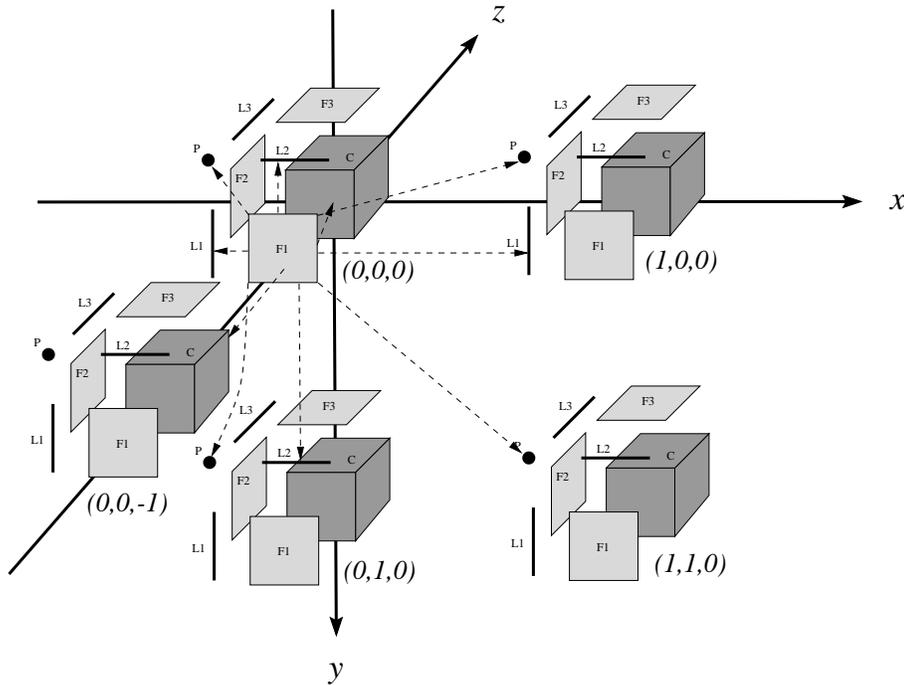


FIG. 4.3 – Implantation du voisinage d'une cellule F_1 . Chaque coordonnée (x, y, z) correspond à un groupe de huit cellules. Les traits en pointillés indiquent les voisins de la cellule F_1 du groupe en $(0, 0, 0)$

Déplacement (x, y, z)	Cellules voisines
0, 0, 0	P, L1, L2, C
1, 0, 0	P, L1
0, 1, 0	P, L2
1, 1, 0	P
0, 0, -1	C

TAB. 4.1 – Voisins d'une facette $F1$

Nous obtenons donc une configuration avec huit ensembles de voisinages différents. Nous avons donc besoin d'avoir uniquement ces huit ensembles en mémoire et non un ensemble par cellule. Chaque cellule est lié à un des voisinages en fonction de sa coordonnée t (qui correspond à son l'indice dans le groupe de base). Nous pouvons donc calculer très facilement le lien entre une cellule s et un ensemble de voisinage avec seulement l'indice de la cellule i_s

car la coordonnée t de la cellule est égale à i_s modulo huit. Cette coordonnée peut être utilisée directement pour trouver le lien entre une cellule et son ensemble de voisins (figure 4.4). Ainsi, l'implantation du graphe de voisinage d'un modèle cellulaire utilise une petite quantité constante de mémoire. De plus cette économie de mémoire n'est pas faite au détriment des performances temporelles des algorithmes. Les algorithmes fondés sur cette implantation utilisent très peu de ressources de calcul pour parcourir le graphe d'adjacence. Etant donnée une cellule d'indice i_s , seules quelques opérations de base sont nécessaires pour accéder à un de ses voisins : un modulo pour trouver le bon ensemble de voisinage et une addition pour obtenir l'indice du voisin. Cette implantation est donc optimisée à la fois en taille des données et en temps.

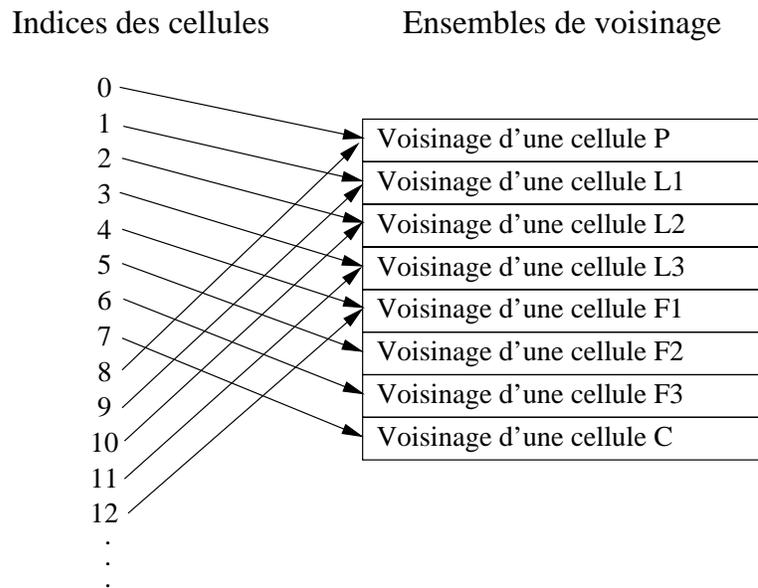


FIG. 4.4 – *Implantation du graphe d'adjacence d'un modèle cellulaire. Seuls huit ensembles de voisinage sont en mémoire.*

Comme la structure de graphe des modèles cellulaires utilise une quantité négligeable de mémoire, la taille en mémoire est déterminée par les données associées à la structure pour représenter une scène. La meilleure façon de représenter une partition est d'associer une étiquette à chaque cellule. Chaque étiquette correspondant à un objet de la partition. Ainsi, la quantité de mémoire utilisée est directement proportionnelle au nombre de cellules dans le modèle cellulaire. On se retrouve encore dans une situation similaire à celle des images numériques où la taille de l'image en mémoire est déterminée par le nombre de voxels. Cependant, si l'on compare les images numériques et les modèles cellulaires, il apparaît que ces derniers utilisent plus de mémoire car ils doivent représenter, en plus des voxels, des cellules de dimensions

inférieures. Par exemple, pour construire un modèle cellulaire représentant la même scène qu'une image, il faut associer un cube pour chaque voxel de l'image. Comme chaque cube fait partie d'un groupe de base et que le groupe de base est l'élément indissociable composant le modèle cellulaire, il y aura au moins un groupe de base pour chaque voxel, soit huit fois plus de cellules. La taille d'un modèle cellulaire est donc de huit fois celle de l'image.

L'implantation que nous proposons est très proche de celle des images classiques. La différence principale réside dans le fait que les voisinages d'une image dépendent des étiquettes associées aux voxels, ce qui n'est pas le cas pour le modèle cellulaire. Malgré cette différence, il est possible d'utiliser un langage proposant une représentation par objets comme, par exemple, le C++, dans le but d'utiliser le même code pour des algorithmes travaillant sur des images numériques et des complexes cellulaires quand ces derniers sont principalement fondés sur les graphes d'adjacence. Par exemple, nous avons implanté une fonction unique pour trouver les composantes connexes d'un objet dans un modèle cellulaire ou dans une image en utilisant une méthode de chanfrein en deux passes. Mais il est aussi possible d'adapter des algorithmes plus sophistiqués qui utilisent les propriétés géométriques des images.

4.2 Réalisation d'algorithmes sur des modèles cellulaires

La structure que nous utilisons pour implanter un modèle cellulaire est très similaire à celle que nous utilisons pour une image. Il est donc possible de considérer des algorithmes existant dans le domaine des images classiques et de les adapter aux modèles cellulaires. Tous les algorithmes qui n'utilisent pas les liens de connexité entre les voxels sont évidemment applicables directement. On pourra donc facilement réaliser des opérations mathématiques sur chaque cellule, utiliser des modèles cellulaires binaires pour créer des masques, calculer des histogrammes, etc.

Les algorithmes qui utilisent les relations de voisinage d'une image comme un graphe sont aussi directement adaptables aux modèles cellulaires. On a donc immédiatement les algorithmes de recherche de composantes connexes, de croissance de région, etc. Ces algorithmes trouvent leur légitimité dans l'hypothèse que deux sites sont voisins si et seulement s'ils se touchent.

Les méthodes qui s'appuient sur la structure géométrique ou topologique des images, comme les algorithmes de déformation homotopique, doivent être adaptées au modèle cellulaire. Dans la section 4.2.1 nous proposons un algorithme pour détecter les cellules simples dans le cas binaire, et les ensembles

d'homotopie dans le cas général. Nous utilisons ces résultats dans la section 4.2.2 pour construire un algorithme de déformation homotopique d'un modèle cellulaire.

La notion de connexité ne prend pas en compte la position relative des sites entre eux. Or de nombreux algorithmes en traitement des images nécessitent d'avoir des notions telles que la distance entre deux sites ou la «direction» du chemin liant deux sites. Par exemple, posons-nous la question suivante : peut-on utiliser la morphologie mathématique avec les modèles cellulaires ? En considérant le fait que l'on peut construire des éléments structurants à l'aide de la relation de voisinage et utiliser des opérations site à site, on pourrait répondre hâtivement par l'affirmative. Mais pour donner un sens aux éléments structurants que l'on construit, il est nécessaire de prendre en compte la géométrie des modèles cellulaires. Comment sinon construire un élément structurant se rapprochant d'une boule en ne connaissant ni la notion de distance nécessaire pour fixer les limites de la boule, ni la notion de direction qui est nécessaire pour assurer l'isotropie de la boule ? Dans la section 4.2.3 nous proposons une méthode de chanfrein pour construire une distance entre les cellules d'un modèle cellulaire.

4.2.1 Algorithmes d'identification des cellules simples et des ensembles d'homotopie

Tester si une cellule s est simple revient essentiellement à compter des composantes connexes sur un graphe. Les nœuds du graphe représentent les cellules voisines de s (s exclu) et les arcs sont les relations de voisinage entre ces cellules. Le graphe dépend donc de la structure de voisinage de s ; or nous avons vu que la structure informatique du modèle cellulaire comportait huit systèmes de voisinage différents correspondant chacun à une cellule d'un groupe de base. Il y aura donc aussi huit graphes de voisinage différents. Ces graphes de voisinages vont être utilisés de façon intensive par l'algorithme de déformation cellulaire (voir section 4.2.2), il est donc intéressant de construire ces huit graphes au moment de la construction du modèle cellulaire car leur structure est fixée par celle du modèle. Il suffit pour cela d'associer, en utilisant toujours des décalages d'indices, à chaque voisin v_i d'une cellule s l'ensemble des voisins de v_i appartenant à s (figure 4.5).

Pour savoir si une cellule s est simple dans le cas binaire, il suffit de compter les composantes connexes de l'objet et du fond sur son graphe de voisinage. S'il y a exactement deux composantes connexes, une pour l'objet et une pour le fond, alors s est simple.

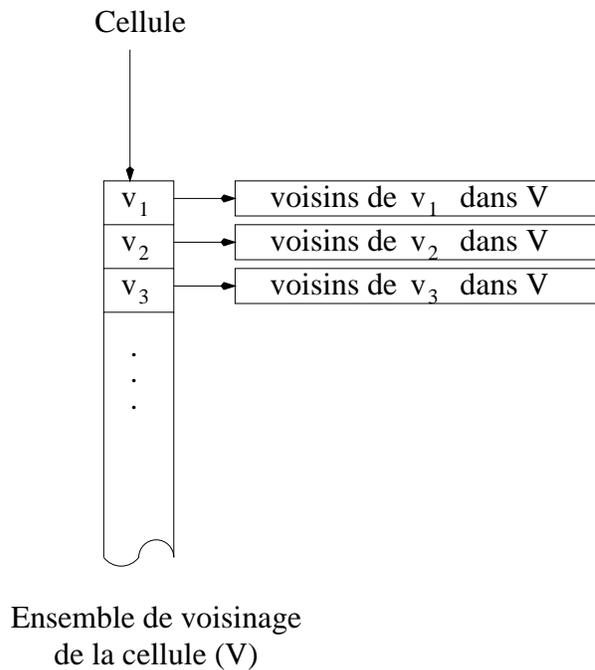


FIG. 4.5 – Représentation du graphe de voisinage de chaque cellule.

Il est possible d'optimiser ce calcul en notant que, comme la structure du graphe de voisinage est fixée, la valeur booléenne indiquant la «simplicité» de s est uniquement fonction de l'appartenance des voisins de s à l'objet O ou au fond ; le critère de «simplicité» est donc une fonction à valeur et à paramètres binaires :

$$\text{simplicite}(s, O) = f(b_1, b_2, \dots, b_N) \quad (4.1)$$

Dans cette équation, chaque valeur binaire b_i représente l'appartenance à O d'un voisin de s . N est le nombre de voisins de s ; il y a exactement 2^N configurations différentes des paramètres de f . Si N est suffisamment petit, il est alors possible de précalculer toutes les valeurs de f en créant un tableau de taille 2^N dont chaque indice i correspond à une configuration des arguments de f ($i = b_1 + 2.b_2 + 2^2.b_3 + \dots + 2^N.b_N$) et dont la valeur contient le résultat de f . Il est ainsi possible de tester si une cellule s est simple en parcourant une fois chaque voisin de s . Cette méthode est applicable pour les facettes et les lignes qui n'ont que 10 voisins (ce qui représente un tableau de 1024 éléments) ; cependant, les cubes et les points ont 26 voisins (ce qui représente un tableau de plus de 67 millions d'éléments) et il n'est pas facilement envisageable d'utiliser cette optimisation sur les ordinateurs actuels pour ces deux types d'éléments. Nous avons donc choisi une approche mixte pour identifier les cellules simples, en combinant l'utilisation d'un tableau précalculé pour les segments et les facettes et le calcul de composantes

connexes pour les points et les cubes.

Le calcul de l'ensemble d'homotopie d'une cellule s , qui repose sur la proposition 3.21 de la page 84, est aussi fondé sur l'observation du graphe de voisinage de s pour compter des composantes connexes. Il est possible de réutiliser les algorithmes proposés dans le cas binaire pour compter les composantes connexes. Nous obtenons l'algorithme suivant pour calculer l'ensemble d'homotopie H_s d'une cellule s :

```
A = objet auquel  $s$  appartient
Q = ensemble des objets présents dans le voisinage de  $s$ 
 $H_s = \{A\}$ 
Si simplicite( $s, A$ )
    Pour chaque objet  $0$  de  $Q$ 
        Si simplicite( $s, 0$ )
            Ajouter  $0$  à  $H_s$ 
        Fin si
    Fin pour
Fin si
```

4.2.2 Algorithme de déformation homotopique d'un modèle cellulaire

Nous présentons ici le principe général de l'algorithme de déformation d'un modèle cellulaire binaire sans le contraindre à une application particulière. Ensuite, nous expliquons les précautions à prendre en vue d'implanter cet algorithme. Enfin nous formulons quelques remarques sur la rapidité de cet algorithme. L'utilisation de cet algorithme pour la segmentation de la surface corticale dans des images IRM sera abordée dans la partie suivante.

L'algorithme général de déformation utilise trois fonctions principales :

modèle_initial : Cette fonction est chargée de construire le modèle initial devant être déformé par la suite. La topologie de ce modèle initial sera conservée tout au long du processus de déformation.

critère_de_sélection : La sélection des cellules devant être modifiées est faite par l'intermédiaire de cette fonction. C'est elle qui est chargée de guider la déformation vers le modèle final.

`critère_de_fin`: Ce critère d'arrêt de l'algorithme doit déterminer si le modèle courant de la déformation est une solution au problème que l'on souhaite résoudre.

`M` est un modèle cellulaire

`P` est l'ensemble des paramètres de l'algorithme

`M = modele_initial(P)`

Tant que `critere_de_fin(M,P)` est faux

Pour chaque cellule `s` de `M`

Si `s` est simple et `critere_de_selection(s, M, P)` est vrai
 changer l'étiquette de `s`

Fin si

Fin pour

Fin tant que

Lors de l'utilisation de cet algorithme dans un cas concret il est important de noter qu'avec les mêmes fonctions `modele_initial`, `critere_de_selection` et `critere_de_fin`, il est possible d'obtenir des résultats différents en fonction de l'ordre dans lequel les cellules du modèle sont parcourues¹. Cela provient du fait que la modification d'une cellule peut modifier la «simplicité» de ses voisines. C'est une conséquence directe du fait que la détection d'une cellule simple se fait en observant son voisinage. Dans le cas du modèle cellulaire, il est possible, dans une certaine mesure, de limiter l'influence géométrique de ce phénomène en tirant profit du fait que deux cellules de même dimension ne sont jamais voisines. Ainsi, il est possible de modifier globalement un ensemble de cellules simples de même dimension. En utilisant une boucle qui parcourt d'abord toutes les cellules de dimension zéro, puis toutes les cellules de dimension un et ainsi de suite, on évite de privilégier la suppression de cellules dans une direction opposée à celle du sens de parcours des cellules. Cela n'est pas directement possible avec une structure classique. Prenons l'exemple de la figure 4.6a. En supprimant toutes les cellules simples de la gauche vers la droite on obtient l'objet de la figure 4.6b, si on le fait de la droite vers la gauche on obtient l'objet de la figure 4.6c. Si on supprime les cellules simples de dimension zéro puis celles de dimension un et ainsi de suite, on enlèvera successivement les couples de cellules suivants : (1, 7), (2, 6) et (3, 5). A la fin il restera l'objet de la figure 4.6d ; on obtiendra le même résultat quel que soit l'ordre choisi pour parcourir les cellules de même dimension.

1. Notons que cela n'est pas spécifique aux modèles cellulaires, mais se retrouve dans les méthodes de suppression des points simples dans des images 2D ou 3D classiques.

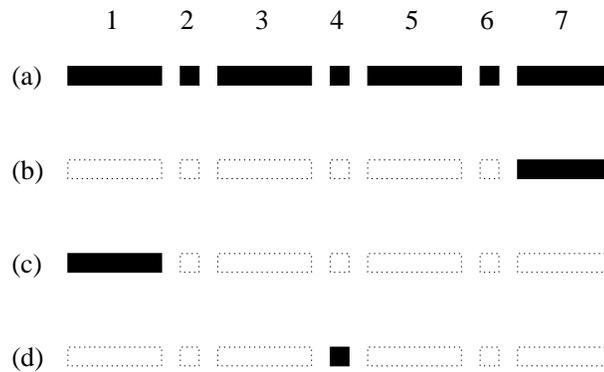


FIG. 4.6 – Influence de l'ordre de suppression des cellules simples. (a) Objet initial. (b) Suppression de la gauche vers la droite. (c) Suppression de la droite vers la gauche. (d) Suppression simultanée des cellules de même dimension.

Dans cet algorithme de déformation, on utilise de manière intensive la détection des cellules simples. Le nombre de détections des cellules simples a donc une grande influence sur la rapidité de l'algorithme général. Afin d'optimiser la rapidité de l'algorithme il faut remarquer que les cellules simples se trouvent toujours à la frontière entre un objet et le fond car le voisinage d'une cellule simple comporte une composante connexe du fond et une composante connexe de l'objet. Il y a donc dans beaucoup de cas peu de cellules simples par rapport au nombre total de cellules. Il serait donc intéressant au cours du processus de déformation de ne pas systématiquement examiner toutes les cellules mais seulement celles qui sont dans le voisinage de cellules simples. Pour cela il faut associer une valeur booléenne à chaque cellule indiquant si elle est simple ou non. Après l'initialisation du modèle, il est nécessaire de parcourir toutes les cellules afin d'initialiser les valeurs booléennes. Cependant, au cours des itérations, la détection des cellules simples sera immédiate car précalculée et il suffira, chaque fois que l'on modifiera une cellule simple, d'examiner ses voisins pour recalculer leur «simplicité». On diminue ainsi d'une dimension la complexité de l'algorithme en terme de nombre de détections de cellules simples.

L'algorithme de déformation est facilement adaptable au cas d'un modèle comportant plusieurs objets ; il suffit de choisir, pour chaque cellule \mathbf{s} parcourue par l'algorithme, un objet appartenant à l'ensemble d'homotopie de \mathbf{s} puis faire appartenir \mathbf{s} à cet objet. Ce choix est une partie cruciale de l'algorithme de déformation car c'est sur lui que reposent les déformations du modèle.

4.2.3 La distance cellulaire

L'introduction d'une distance et d'une direction dans un modèle cellulaire peut se faire en choisissant le centre de gravité de chaque cellule comme représentant de la cellule. Ainsi, chaque déplacement entre deux cellules voisines correspond au vecteur reliant leurs centres de gravité, on a donc pour chaque paire de voisins, une distance et une direction (figure 4.7). Encore une fois, nous nous retrouvons dans une situation similaire à celle des images classiques, nous avons une trame constituée d'un ensemble de points dans \mathbb{R}^3 (les centres des cellules) reliés entre eux par des segments (les relations de voisinage), ce qui nous permet de définir la longueur d'un chemin $\gamma \in \Gamma_E$ comme étant la somme des longueurs des segments joignant les centres des cellules du chemin. La distance cellulaire entre deux cellules est alors la longueur du plus court chemin joignant les deux cellules.

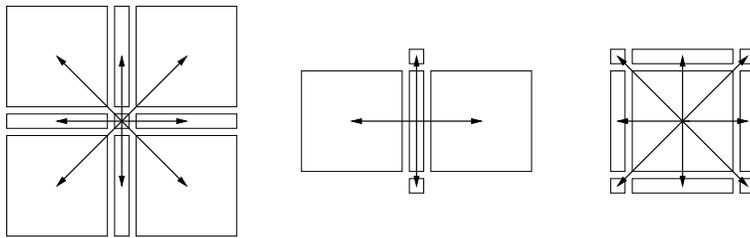


FIG. 4.7 – Exemples bidimensionnels de distances locales entre les cellules d'un modèle cellulaire.

En s'appuyant sur cette définition, il est possible de définir la distance géodésique entre deux points s_1 et s_2 appartenant à la même composante connexe d'un objet O comme la longueur du plus court chemin de Γ_O joignant s_1 à s_2 . Cette distance peut être calculée en utilisant un algorithme classique de propagation de front :

```

liste = { $s_1$ }
Marquer  $s_1$ 
Tant que liste  $\neq \emptyset$ 
    dépiler  $s$  de liste
    Pour chaque  $s'$  voisin non marqué de  $s$  dans  $O$ 
        Si  $s' \neq s_2$ 
            Marquer  $s'$ 
            Ajouter  $s'$  à liste
            Précedent( $s'$ ) =  $s$ 
    
```

Sinon

Le plus court chemin passe par s' et par tous ces prédécesseurs ($\text{Precedent}(s')$, puis $\text{Precedent}(\text{Precedent}(s'))$, etc.) jusqu'à s_1

Fin si**Fin pour****Fin tant que**

s_1 et s_2 ne sont pas connexes dans \mathcal{O}

L'existence d'une distance entre les cellules d'un complexe cellulaire permet la construction d'algorithmes prenant en compte les positions relatives entre les cellules. Par exemple, il est possible de construire des éléments structurants se rapprochant d'une sphère de rayon R en considérant tous les voisins d'une cellule dont la distance à cette dernière est inférieure à R . La possibilité d'étudier les dimensions et les formes des éléments structurants permet la mise au point d'algorithmes de morphologie mathématique, de filtrage linéaire, etc.

4.3 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons montré que l'implantation informatique d'un modèle cellulaire ne pose pas de problème majeur, et nous avons proposé une structure de données qui permet d'utiliser des techniques de programmation bien connues en traitement des images. Nous avons présenté une distance discrète applicable aux modèles cellulaires et nous avons montré qu'un grand nombre de méthodes classiques de traitement des images pouvaient être adaptées aux modèles cellulaires comme, par exemple, le calcul d'histogramme, le filtrage linéaire, la croissance de régions ou la morphologie mathématique. Nous avons introduit un algorithme mettant en œuvre des déformations homotopiques sur des modèles cellulaires. Nous avons précisé quels étaient les points importants pour mener à bien une réalisation d'un tel algorithme et mis en lumière certaines possibilités d'optimisation.

CHAPITRE 5

Conclusion

La modélisation d'une scène avec un modèle cellulaire permet de représenter des objets ayant des dimensions locales variables. En particulier, il est possible de combiner, au sein du même modèle, des volumes et des surfaces purement bidimensionnelles. Une telle modélisation n'est pas possible en utilisant des images classiques car elles reposent sur une décomposition de l'espace en voxels et ne permettent donc pas d'obtenir des structures vraiment bidimensionnelles. Cet avantage de modélisation est obtenu sans faire de compromis sur la qualité des images modélisables car le modèle cellulaire respecte la structure de la grille cubique et ne nécessite donc pas de ré-échantillonnage de l'image pour la modéliser. De plus, en prenant en compte, au sein de notre modèle, les éléments de différentes dimensions constituant la grille cubique nous nous sommes débarrassés de certains paradoxes topologiques existant dans les images classiques et nécessitant d'utiliser deux connexités duales pour contourner ces paradoxes. Nous avons montré que cette absence de paradoxe topologique permettait la modélisation de scènes complexes comprenant plus de deux objets s'entrecroisant, ce qui est impossible avec les images classiques. Le modèle cellulaire offre donc une plus grande souplesse de modélisation sans pour autant compliquer les algorithmes qui lui sont applicables. Au contraire, le fait d'avoir une structure de graphe dont la connexité ne dépend pas des étiquettes des nœuds peut, dans certains cas, simplifier les manipulations des images.

Nous avons utilisé le modèle cellulaire pour construire un modèle homotopiquement déformable, c'est-à-dire qui se déforme en préservant sa topologie initiale. Cette méthode permet de bénéficier de la puissance de représentation du modèle cellulaire au sein d'un modèle déformable. Il est donc possible de déformer conjointement et homotopiquement des volumes, des surfaces et des structures filaires. L'élément de base de la déformation homotopique est la déformation homotopique élémentaire qui, par définition, ne change pas la topologie de la scène. Nous avons montré que la seule chose qu'il est nécessaire

de connaître pour décider si une cellule était homotopiquement déformable ou non est le voisinage de cette cellule. Nous avons ainsi obtenu un critère local de détection des déformations homotopiques élémentaires qui est facile à implanter et rapide à calculer sur un ordinateur. Comme un modèle cellulaire nécessite de représenter plus d'informations qu'une image classique, nous avons construit une structure informatique économique qui ne nécessite pas de faire de compromis sur les performances des algorithmes en termes de temps de calcul. Le modèle cellulaire homotopiquement déformable peut donc être utilisé dans toute application réelle où l'on est confronté à des objets ayant des structures topologiques complexes comme, par exemple, la segmentation de la surface du cortex.

Pour utiliser le modèle cellulaire homotopiquement déformable dans une application pratique, il est nécessaire de le guider d'une condition initiale vers un résultat désiré. Une manière possible de guider le modèle est d'utiliser conjointement des informations provenant de l'image à segmenter et des informations sur la géométrie du modèle pour le déformer vers le résultat désiré. Nous avons mis au point une telle méthode pour segmenter la surface corticale. La présentation de cette méthode fait l'objet de la partie suivante.

Troisième partie

Segmentation de la surface corticale par modèle cellulaire déformable

CHAPITRE 1

Introduction

Nous présentons dans cette partie la méthode que nous avons mise au point pour modéliser et segmenter le cortex à partir d'une image IRM de la tête. Comme nous l'avons vu dans la partie I, le cortex joue un rôle important dans le traitement des données d'électroencéphalographie (EEG) et de magnétoencéphalographie (MEG); dans ce cadre, la méthode que nous proposons vise plusieurs objectifs :

- nous souhaitons obtenir une modélisation précise de la surface corticale prenant en compte les parties très fines se trouvant dans les sillons et les «poches» de liquide céphalorachidien (LCR) à l'intérieur des sillons ;
- pour permettre le positionnement et l'orientation des dipôles intervenant dans le problème inverse en EEG/MEG en s'appuyant sur la géométrie profonde de la bande corticale ;
- fournir un modèle qui autorise le calcul de distances géodésiques le long de la surface corticale afin de permettre d'introduire des termes de régularisation dans le problème inverse en calculant cette distance entre les dipôles.

Pour produire un modèle qui puisse atteindre ces objectifs, nous devons affronter plusieurs difficultés (voir partie I) :

- le cortex possède une structure géométrique complexe présentant de nombreux sillons qui ont une forte variabilité géométrique, notre méthode doit donc être capable de s'adapter aux géométries des différents sillons ;
- les sillons forment une sorte d'arborescence de surfaces à l'intérieur du cerveau, le modèle que nous obtenons doit donc refléter l'arborescence profonde des sillons ;

- les effets de volume partiel occultent, par endroits, la surface corticale quand les sillons sont très étroits, nous devons donc mettre au point une méthode permettant de détecter ces sillons étroits et ainsi construire un modèle topologiquement correct de la surface corticale ;
- il n'y a pas que des structures surfaciques à l'intérieur des circonvolutions, les sillons sont composés de surfaces (aux endroits où les plis corticaux sont très serrés) et de volumes contenant du LCR ; il nous faut donc, pour segmenter précisément la surface corticale, un modèle qui puisse représenter conjointement des structures ayant différentes dimensions locales.

Nous présentons, dans le chapitre 2, les grandes lignes de la méthode de segmentation que nous utilisons ainsi que les choix que nous avons faits pour traiter les difficultés posées par la segmentation du cortex et pour atteindre nos objectifs.

CHAPITRE 2

Présentation de la méthode

2.1 Approche volumique de la représentation du cortex

Sous l'hypothèse, généralement admise, que l'épaisseur du cortex est connue et à peu près constante, il est possible de reconstruire le volume complet de la bande corticale en se fondant uniquement sur une modélisation précise du volume cérébral, c'est-à-dire un volume constitué de la substance blanche, de la substance grise et du LCR présent dans les sillons (figure 2.1). Comme nous le montrons dans le chapitre 3, des opérations de morphologie mathématique permettent de segmenter le volume cérébral dans une IRM ; une fois ce volume obtenu, la segmentation du LCR dans les sillons et sa suppression du volume cérébral permet donc d'obtenir une représentation complète du cortex. La méthode de segmentation que nous présentons ici repose sur cette approche de la représentation du cortex.

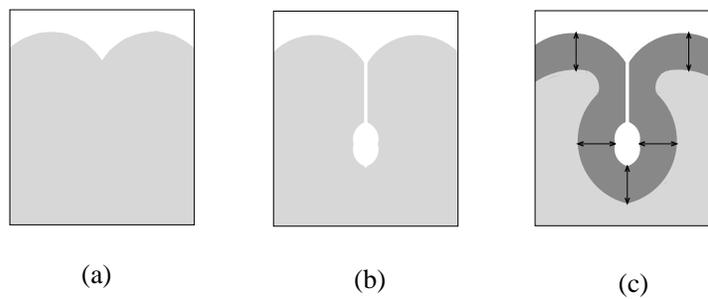


FIG. 2.1 – *Reconstruction de la bande corticale à partir du volume cérébral et du LCR dans les sillons. (a) Schéma d'une coupe représentant le volume cérébral (en gris). (b) Suppression du volume représentant le LCR dans les sillons. (c) Reconstruction du volume cortical (en gris foncé) en se fondant sur l'épaisseur constante du cortex (doubles flèches)*

Le problème à résoudre est donc d'obtenir, à partir d'une segmentation du cerveau, une représentation précise du volume cérébral privé du liquide céphalorachidien des sillons. L'approche que nous avons choisie pour résoudre ce problème consiste à initialiser un objet sur le volume cérébral tridimensionnel puis à le creuser pour que sa surface pénètre à l'intérieur des sillons et corresponde, à la fin du processus de déformation, à l'interface gris-LCR¹ (figure 2.2). Pour que cette approche puisse fonctionner, il est nécessaire d'avoir un modèle qui puisse représenter à la fois des surfaces (pour modéliser les parties fines entre les sillons) et des volumes (pour modéliser les volumes de LCR se trouvant dans les sillons). De plus, pour pouvoir reconstruire la bande corticale et calculer certaines propriétés géométriques de la surface corticale, comme les normales ou les distances géodésiques le long de la surface, il est impératif que le modèle obtenu ait la topologie d'une boule. L'utilisation d'un modèle cellulaire s'impose donc car elle va, d'une part, permettre la représentation précise du volume cérébral privé du LCR des sillons, et d'autre part, autoriser le contrôle de la topologie du résultat en imposant la topologie du modèle initial et en n'utilisant que des déformations homotopiques.

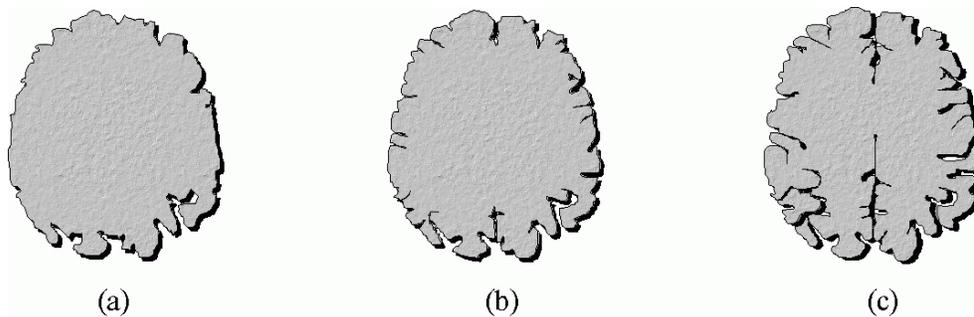


FIG. 2.2 – Schéma du processus de segmentation. (a) Modèle initial ayant pour limite l'enveloppe cérébrale. (b) Etape intermédiaire de la déformation. (c) Etat final: la surface extérieure du modèle a pénétré dans les sillons.

2.2 Utilisation d'un modèle cellulaire déformable

2.2.1 Initialisation du modèle cellulaire

Le modèle est initialisé à partir d'une image binaire représentant les voxels appartenant aux hémisphères dans l'IRM originale: c'est cette image qui va assurer la topologie initiale du modèle cellulaire. Il est donc important que la méthode de segmentation des hémisphères, que nous décrivons en détail

1. L'interface entre la substance grise et le liquide céphalorachidien (voir partie I).

dans le chapitre 3, fournisse un objet ayant la même topologie qu'une boule. Il nous faut alors construire un modèle cellulaire qui représente le même objet que celui qui se trouve dans l'image des hémisphères et qui en respecte la topologie.

La construction d'un modèle cellulaire à partir d'un objet constitué de voxels laisse un certain nombre de libertés sur le choix des valeurs à attribuer aux cellules de dimension inférieure à trois. Les valeurs des cellules de dimension trois (les cubes) proviennent directement de l'image grâce à une correspondance un-à-un entre les voxels de l'image et les cubes du modèle cellulaire. Cependant, les autres cellules (les facettes, les segments et les points) n'ont pas d'équivalent direct dans l'image, il est donc nécessaire de construire un ou plusieurs critères pour affecter une valeur définitive à ces cellules. Pour construire un modèle qui préserve la topologie de l'objet d'origine, il faut conserver les relations de voisinage qui existent entre les voxels de l'image d'origine. Or les cubes d'un modèle cellulaire ne sont jamais directement voisins mais sont connectés par l'intermédiaire des autres cellules. La valeur de la plupart de ces cellules intermédiaires est donc définie par la connexité utilisée dans l'image, cependant il reste des ambiguïtés car certaines cellules peuvent appartenir à l'objet ou au fond sans que cela influe sur la connexité locale des cubes. Si l'on choisit de donner une valeur par défaut à ces cellules, on peut initialiser tous les cubes du modèle d'après les voxels de l'image puis utiliser les conditions suivantes pour initialiser chaque cellule s de dimension inférieure à trois :

- Si tous les cubes du voisinage de s ont la même étiquette (2.1)
alors s prend cette étiquette.

- Sinon, s'il existe deux cubes dans le voisinage de s ayant la même étiquette alors : (2.2)

s prend l'étiquette des cubes si leur connexité dans l'image (au sens d'une connexité entre voxels) les relie par s , sinon s prend l'étiquette opposée de celle des deux cubes.

- Dans les autres cas, s prend une valeur par défaut. (2.3)

Ces conditions supposent que l'on utilise deux connexités duales dans l'image. A chaque connexité correspond un type de relation entre les voxels voisins. La 6-connexité correspond à une connexion par facette, c'est-à-dire que seuls les voxels ayant une facette en commun sont voisins. La 18-connexité correspond à une connexion par facette ou par ligne. Enfin, la 26-connexité correspond à une connexion par facette, par ligne ou par point. Les conditions ci-dessus sont issues de l'observation de ces relations entre voxels voisins. La

condition 2.1 évite que l'on puisse créer des trous dans l'objet et, dans le cas où s est une facette, elle empêche aussi la séparation de deux cubes de même étiquette (la connexion par face étant vraie pour les trois types de connexité). La condition 2.2 permet de respecter la connexité imposée par les voisinages utilisés dans l'image en conservant les relations locales existant entre les voxels. Cette condition peut être ambiguë si les connexités de l'objet et du fond créent des paradoxes topologiques ; il n'y a pas d'ambiguïté si l'on utilise deux connexités appropriées (la 6-connexité avec la 18-connexité ou bien la 6-connexité avec la 26-connexité). Ces deux conditions ne suffisent pas à définir complètement l'ensemble des étiquettes des cellules ; il reste des ambiguïtés pour les facettes se trouvant entre un cube du fond et un cube de l'objet. L'étiquette donnée à de telles facettes ne change pas les relations de voisinage qui s'expriment sur des cubes de même étiquette. Il faut noter que cette indécision ne s'applique pas aux autres cellules (lignes et points) car elles ont plus de deux cubes dans leur voisinage et tombent toujours sous la condition 2.1 ou la condition 2.2.

Si l'objet se trouvant dans l'image est considéré en 26-connexité, il est alors possible d'utiliser l'algorithme suivant pour initialiser le modèle cellulaire (on considère un modèle cellulaire binaire dont la partition est représentée par deux étiquettes : **objet** et **fond**) :

- Initialiser toutes les cellules avec l'étiquette **fond**.
- Pour chaque voxel v de l'objet dans l'image :
 - la cellule cube correspondant à v dans le modèle cellulaire ainsi que toutes ses cellules voisines prennent l'étiquette **objet**.

Il est facile de vérifier que cet algorithme respecte les conditions (2.1) à (2.3) en utilisant **objet** comme étiquette par défaut. Nous utilisons cet algorithme pour initialiser le modèle cellulaire qui nous sert à segmenter le cortex.

Il est possible d'adapter facilement les conditions 2.1 à 2.3 pour initialiser un modèle cellulaire à partir d'une image comportant plusieurs objets si elle ne présente pas de paradoxes topologiques. Si des paradoxes topologiques apparaissent dans l'image, ils doivent être levés pour permettre l'initialisation du modèle. La présence de paradoxes peut être détectée au cours de l'initialisation avec l'algorithme suivant :

Si tous les cubes du voisinage de s ont la même étiquette (figure 2.3a)
alors s prend cette étiquette

Sinon

Si il existe une et une seule paire de cubes dans le voisinage de s ayant la même étiquette et étant voisins dans l'image (figure 2.3b)

s prend l'étiquette des cubes de cette paire

Sinon

Si il existe au moins deux paires de cubes dans le voisinage de s ayant la même étiquette et étant voisins dans l'image (figure 2.3c)

Paradoxe topologique

Fin si

Fin si

Fin si

Dans les autres cas, s peut prendre l'étiquette d'un des cubes de son voisinage

Il n'est pas possible de lever le paradoxe topologique sans changer la connexité de l'image d'origine. Pour lever le paradoxe, il est nécessaire de choisir pour s l'étiquette d'un des cubes de son voisinage.

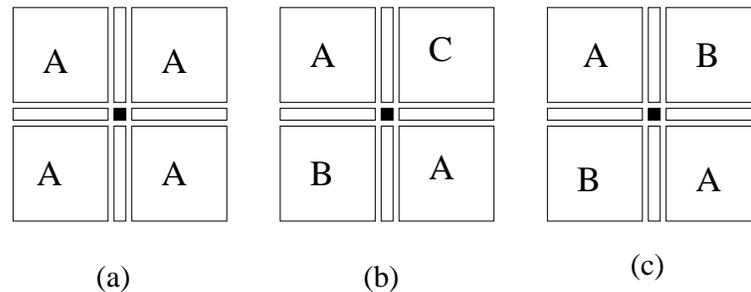


FIG. 2.3 – Initialisation d'un modèle cellulaire dans le cas de plusieurs objets. (a) et (b) Le point prend l'étiquette A. (c) Paradoxe topologique.

2.2.2 Principe des déformations du modèle cellulaire

L'utilisation d'un modèle cellulaire permet de prendre en compte les contraintes de modélisation des sillons; les autres problèmes de segmentation vont être traités dans le processus de déformation du modèle. Une fois initialisé sur le volume des hémisphères, le modèle cellulaire doit être creusé homotopiquement vers l'intérieur des sillons. Comme on l'a montré dans la partie II, le principe général de déformation homotopique d'un modèle cellulaire est très simple. Il s'agit, dans le cas binaire qui nous intéresse, de

choisir itérativement parmi les cellules simples celles qu'il va falloir supprimer de l'objet pour le guider vers le fond des sillons. C'est donc sur le critère de sélection des cellules simples que repose le résultat de l'algorithme de segmentation car c'est lui qui va guider le modèle vers la solution désirée.

Dans la méthode que nous proposons, on peut séparer l'ensemble des cellules simples que nous décidons de supprimer en trois classes (figure 2.4) :

- La première classe correspond aux cellules qui forment l'enveloppe extérieure de l'objet (figure 2.4c), ces cellules forment une sorte de coquille fine autour de l'objet ; elles sont donc systématiquement supprimées pour permettre au modèle d'évoluer au-delà de cette coquille, vers l'intérieur de l'objet. Dans la section suivante, nous donnons une définition précise des différentes cellules composant la limite d'un objet.
- La seconde classe regroupe les cellules appartenant à une structure fine d'un sillon (figure 2.4d). C'est la détection de ces cellules qui doit permettre au modèle de faire évoluer une surface dans les parties des sillons qui ne sont pas visibles dans l'image. Cette détection, décrite en détail dans le chapitre 4, s'appuie sur l'hypothèse d'épaisseur à peu près constante du cortex et sur la présence de liquide céphalorachidien dans les sillons.
- La troisième classe est composée des cellules modélisant les volumes de liquide céphalorachidien à l'intérieur des sillons (figure 2.4e). Ils sont détectés en se fondant sur une fonction d'appartenance au cortex (voir chapitre 4).

Nous devons être capables d'étudier la surface de l'objet cellulaire (c'est-à-dire de l'objet représenté par le modèle cellulaire binaire) que nous manipulons car cette dernière correspond à l'interface gris-LCR et va nous permettre d'atteindre les objectifs que nous nous sommes fixés. Dans la section suivante, nous introduisons la notion de limite d'un objet cellulaire qui est une extension de la notion de surface objet prenant en compte les variations de dimensions locales. Puis, nous séparons les cellules limites en deux classes qui correspondent aux deux types de déformation de surface que nous avons présentés dans cette section (figures 2.4c et 2.4d).

2.2.3 Définition de la limite d'un objet cellulaire

La limite d'un objet cellulaire est un ensemble de cellules représentant la limite entre l'objet et son complémentaire. Pour être analogue à une surface, l'objet L qui représente la limite d'un objet O doit vérifier les propriétés suivantes :

- Les cellules composant L se situent à la frontière entre O et son complémentaire.

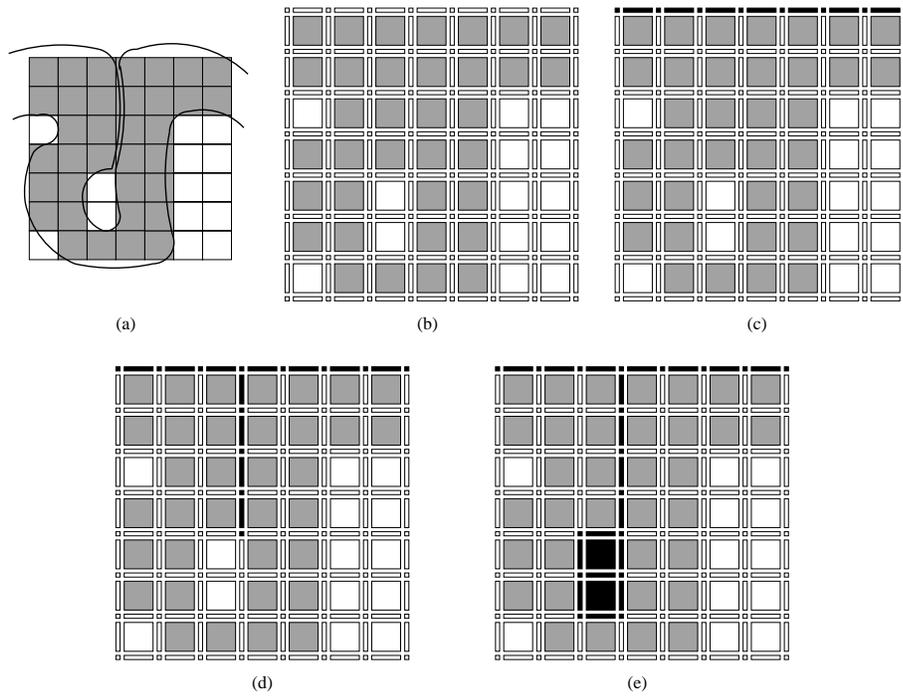


FIG. 2.4 – *Les trois types de déformation du modèle cellulaire. (a) Schéma d'une coupe d'une circonvolution corticale (en traits noirs) et de sa représentation dans une image. (b) Modèle cellulaire initial correspondant à la circonvolution ; toutes les cellules appartiennent au modèle (pour plus de clarté, nous avons reproduit les étiquettes de l'image sur les cellules du modèle). (c) Les cellules correspondant à la surface du modèle sont supprimées de l'objet (les cellules supprimées sont en noir). (d) Les cellules correspondant à une partie fine d'un sillon sont supprimées de l'objet. (e) Les cellules correspondant à un volume de LCR sont supprimées de l'objet.*

- La dimension de L doit être inférieure ou égale à deux. Autrement dit, L ne contient pas de cellules cubes.

Suivant ces critères, une idée intuitive pour définir la limite consisterait à faire appartenir à la limite toutes les cellules de dimension inférieure à trois qui ont au moins un voisin appartenant à l'objet et au moins un voisin appartenant au fond. Cependant, cette définition peut créer une limite ayant des dimensions plus grandes que celle de l'objet lui-même. Par exemple si on utilise cette définition pour construire la limite d'un objet composé d'un seul point, on obtient l'objet de la figure 2.5 qui contient tous les voisins du point qui ne sont pas des cubes ; dans ce cas la limite de l'objet est de dimension bien supérieure à celle de l'objet ponctuel.

Pour pallier ce problème il est nécessaire d'ajouter une contrainte sur les dimensions locales de la limite. Il faut éviter que les dimensions locales de la

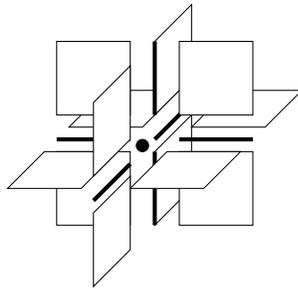


FIG. 2.5 – Limite d'un objet ponctuel en utilisant une définition intuitive.

limite soient supérieures aux dimensions locales de l'objet ; ainsi l'objet ponctuel que nous avons utilisé en exemple aura forcément une limite ponctuelle ; il en va de même pour les structures de dimension supérieure : une surface, par exemple, ne pourra pas engendrer une limite volumique. Cette contrainte doit être locale car la limite d'un objet ayant différentes dimensions locales doit s'adapter à ces variations de dimension. Nous proposons de caractériser les cellules limites d'un objet par la définition suivante :

Définition 2.1 : Etant donné un modèle cellulaire $M = (E, V)$ et O un sous-ensemble de E , toute cellule s de E appartient à la *limite* de O si et seulement si l'une des conditions suivantes est vérifiée :

- $s \in O$ et $\exists s' \in N_{\overline{O}}(s)$ telle que $\dim(s) < \dim(s')$ (où $N_{\overline{O}}(s)$ est le voisinage de s dans \overline{O}).
- $s \in \overline{O}$ et $\exists s' \in N_O(s)$ telle que $\dim(s) < \dim(s')$.

Il faut remarquer que les cellules appartenant à la limite d'un objet ne font pas forcément partie de cet objet. En fait l'objet O et son complémentaire \overline{O} ont des rôles symétriques dans la définition de la limite. Il en résulte que la limite de O est identique à la limite de \overline{O} . La figure 2.6 présente un objet cellulaire et sa limite dans le cas bidimensionnel.

La déformation d'un objet déforme aussi sa limite ; la surface de l'objet est donc déformée indirectement. La déformation indirecte de la surface permet de s'affranchir de difficultés liées à la déformation d'une surface. En effet, il est difficile, voire impossible, de déformer homotopiquement une surface représentée directement (c'est-à-dire composée d'un ensemble de facettes, de lignes et de points) sans utiliser les cubes du modèle (figure 2.7).

2.2.4 Topologie et déformation de la limite cellulaire

La limite d'un objet cellulaire est définie comme étant l'ensemble des cellules limites entre l'objet et son complémentaire ; c'est donc un objet cel-

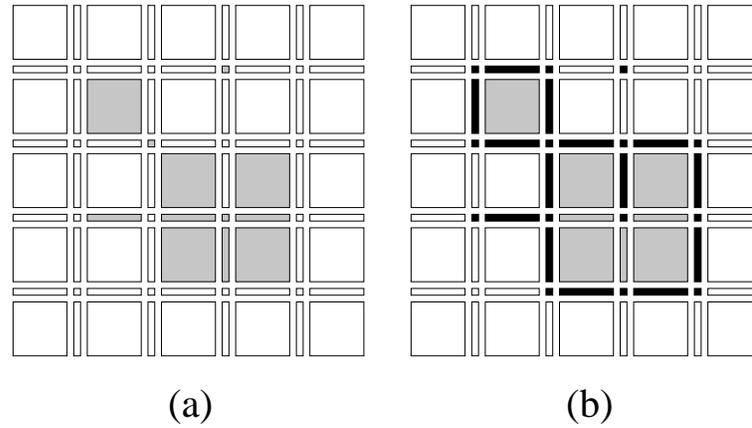


FIG. 2.6 – Schéma de la limite d'un objet cellulaire dans le cas bidimensionnel. (a) Un objet cellulaire (en gris). (b) Les cellules appartenant à la limite de l'objet sont en noir.

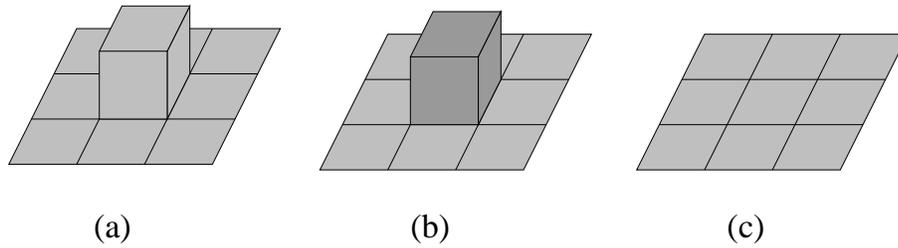


FIG. 2.7 – Déformation homotopique d'une surface en représentation directe. Pour passer de la surface (a) à la surface (c) en modifiant uniquement des cellules simples, il est nécessaire d'ajouter le voxel central pour pouvoir modifier les facettes sans changer la topologie de l'objet, ce qui nous donne (b), puis de supprimer le cube pour obtenir (c).

lulaire qui bénéficie des propriétés topologiques présentées dans la partie II. On peut alors se demander si les déformations homotopiques d'un objet cellulaire entraînent des déformations homotopiques de sa limite. Un exemple simple permet de montrer que la topologie de la limite n'est pas forcément conservée après suppression d'une cellule simple. Considérons un objet cellulaire composé d'un cube et d'un point connexes (figure 2.8a) ; la limite de cet objet correspond à tous les voisins du cube (figure 2.8b) et sa topologie est équivalente à celle d'une sphère. Le cube est une cellule simple dont la suppression transforme l'objet et sa limite en un point (figure 2.8c). Bien que la topologie de l'objet ait été respectée par cette transformation, la limite est passée de la topologie sphérique creuse à la topologie ponctuelle.

En s'appuyant sur la définition d'un objet cellulaire, la limite ne peut pas être considérée comme une surface car la présence de parties de différentes

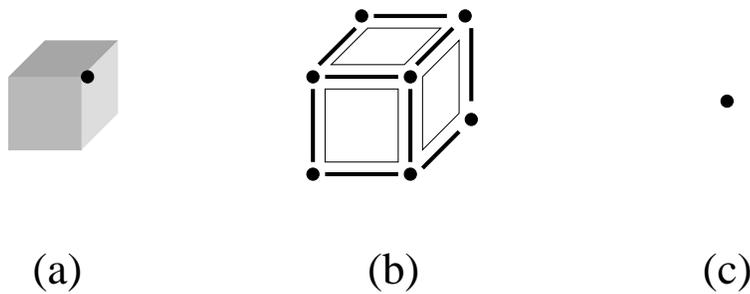


FIG. 2.8 – *Changement de topologie de la limite cellulaire. (a) Objet cellulaire composé d'un cube et d'un point connexes. (b) La limite de l'objet. (c) La suppression du cube transforme l'objet et sa limite en un point.*

dimensions locales dans un objet crée des paradoxes topologiques sur sa limite. Par exemple, l'objet de la figure 2.9a a la même topologie qu'une boule, cependant sa limite (figure 2.9b) n'a pas la topologie d'une sphère car elle sépare l'intérieur de l'objet en deux composantes connexes (figure 2.9c).

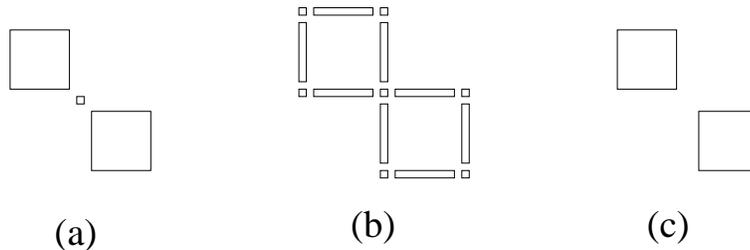


FIG. 2.9 – *Paradoxes topologiques de la limite cellulaire. (a) Un objet cellulaire 0. (b) La limite de O . (c) O privé de sa limite est séparé en deux composantes connexes.*

Les relations de voisinage existant entre les cellules du modèle cellulaire ne permettent pas de suivre la surface de l'objet en s'appuyant sur la connexité des cellules limites et en respectant la topologie de l'objet ; en effet deux objets de topologie différente peuvent avoir la même limite, il est alors nécessaire de définir un nouveau critère de connexité entre les cellules limites (figure 2.10). Intuitivement, on voudrait pouvoir coller deux aimants entre eux de part et d'autre de la limite de l'objet (c'est-à-dire un dans l'objet et un dans son complémentaire), puis pouvoir faire parcourir n'importe quel chemin le long de la limite à un des aimants sans que l'autre se décroche. Pour que cela soit possible, il faut qu'il existe, pour chaque chemin γ_L le long de la limite d'un objet O , deux chemins $\gamma_O \in \Gamma_O$ et $\gamma_{\bar{O}} \in \Gamma_{\bar{O}}$ qui soient «parallèles» à γ_L et «aussi proches que possibles» de γ_L ; ces deux chemins correspondent aux trajectoires des deux aimants le long de la limite. Cette idée intuitive peut être formalisée en redéfinissant la notion de chemin pour

un objet limite :

Définition 2.2 : Etant donné un modèle cellulaire $M = (E, V)$, P une partition de E , O un élément de P et L la limite de O ; un chemin $\gamma_L = s_1.s_2....s_n \in \Gamma_L$ est un *chemin de frontière* de O si et seulement si il existe deux chemins $\gamma_O = t_1.t_2....t_n \in \Gamma_O$ et $\gamma_{\bar{O}} = u_1.u_2....u_n \in \Gamma_{\bar{O}}$ tels que $\forall i \in [1, n]$, $s_i \stackrel{E}{\leftarrow} t_i$ et $t_i \stackrel{E}{\leftarrow} u_i$ (figure 2.11).

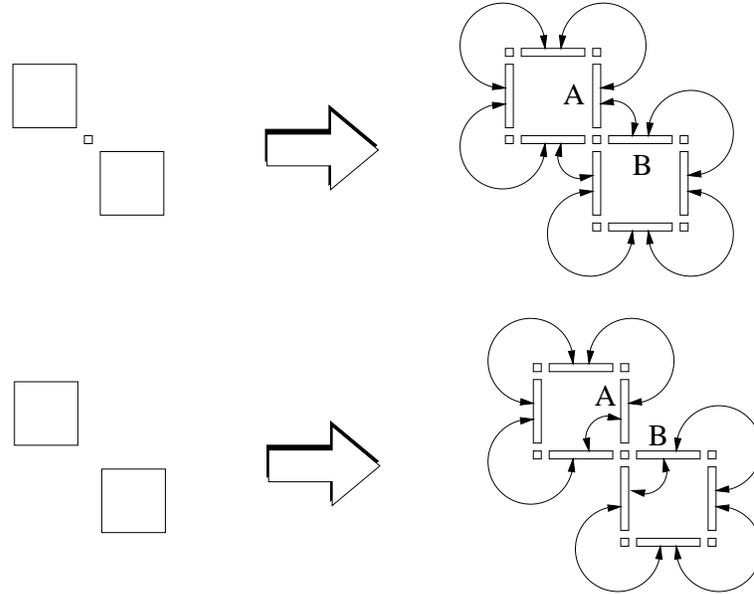


FIG. 2.10 – *Suivi de surface le long de la limite. Deux objets différents ayant la même limite mais dont les voisinages le long de la limite sont différents. Dans le premier cas A et B sont connectés le long de la limite (par l'intermédiaire du point central), alors que dans le deuxième cas ils ne sont pas connectés le long de la limite bien qu'ils soient connexes (par l'intermédiaire du point central) au sens des connexions entre cellules.*

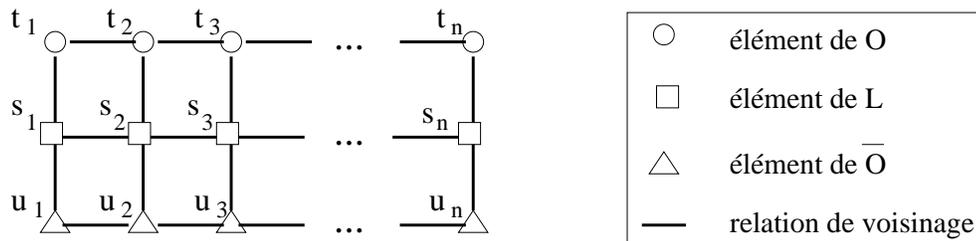


FIG. 2.11 – *Définition d'un chemin de frontière.*

Cette définition des chemins de frontière permet de suivre la limite de l'objet en respectant sa topologie ainsi que celle du fond. Il devient alors possible de définir la distance géodésique entre deux cellules le long de la limite comme étant la longueur du plus court chemin de frontière joignant ces deux cellules. La distance géodésique le long de la surface est utile pour évaluer les directions des normales à la surface de l'objet ; cette évaluation peut être faite en un point en se fondant sur la moyenne des normales des facettes sur un voisinage géodésique du point (voir section 4.2.1.2).

2.2.5 Surfaces externes et surfaces internes

Pour calculer les forces qui vont guider le modèle cellulaire, nous avons besoin de distinguer deux types de surfaces : les surfaces externes et les surfaces internes. Les surfaces externes correspondent à l'interface entre le cerveau et les volumes de LCR (c'est-à-dire les volumes de LCR se trouvant dans les sillons et ceux se trouvant à l'extérieur du cerveau lisse). Les surfaces intérieures sont les surfaces séparant les parties opposées d'un sillon. Ces deux types de surfaces sont identifiées en séparant les facettes appartenant à la limite de l'objet en deux classes : les facettes externes et les facettes internes.

Définition 2.3 : Etant donné $M = (E, V)$ un modèle cellulaire, O un sous-ensemble de E et L la limite de O , une facette $f \in L$ est dite *interne* si son voisinage contient deux cubes de O ; les autres facettes de L sont dites *externes*.

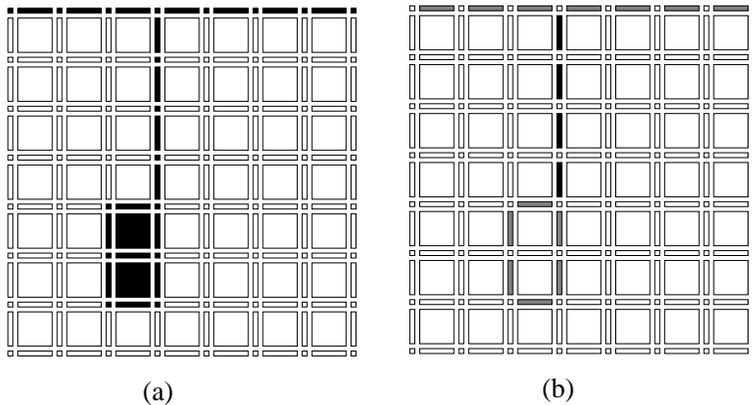


FIG. 2.12 – Schéma bidimensionnel des surfaces externes et des surfaces internes. (a) L'objet de la figure 2.4. (b) Les facettes externes (en noir) et les facettes internes (en gris).

Cette distinction entre les facettes externes et les facettes internes va nous permettre de distinguer les surfaces externes des surfaces internes ; il

sera ainsi possible de déformer ces deux types de surface suivant des critères différents.

CHAPITRE 3

Segmentation préliminaire des grandes structures cérébrales

Pour segmenter les hémisphères cérébraux, nous avons mis au point une méthode hiérarchique et semi-automatique. Les différentes structures sont segmentées une à une dans un ordre précis, ce qui permet de profiter de la segmentation d'une structure pour faciliter la segmentation des suivantes. Cette méthode comporte deux étapes : une étape de segmentation du cerveau qui utilise la méthode proposée par Mangin [MANG-95, MANG-98], et une étape de séparation des trois grandes structures utilisant un algorithme que nous avons mis au point et qui s'appuie sur la présence d'étranglements dans des objets binaires. La séparation des trois grandes structures cérébrales est rendue difficile à cause des effets de volume partiel et du faible écart entre les niveaux de gris aux limites séparant les zones à segmenter. Par exemple, la figure 3.1 montre qu'il est difficile de distinguer certaines structures en considérant uniquement les niveaux de gris des voxels. Il est donc difficile d'isoler le cervelet des hémisphères et de séparer le tronc cérébral du cervelet. Pour permettre la segmentation du tronc cérébral et du cervelet malgré l'absence de limites marquées dans l'image, nous avons construit une méthode s'appuyant sur les différences de forme entre les objets à segmenter.

3.1 Algorithme de séparation par étranglement

Il est parfois difficile de distinguer, dans les images, les limites entre des objets qui ne présentent pas de différences de radiométrie. Il est cependant possible, grâce aux outils de morphologie mathématique, de séparer de telles structures quand leurs intersections forment des étranglements. C'est typiquement ce qui se passe entre le tronc cérébral et le cervelet. Par seuillage et érosion, on peut obtenir un objet correspondant à l'union du tronc cérébral, des pédoncules cérébelleux et d'une partie de la matière blanche du cervelet

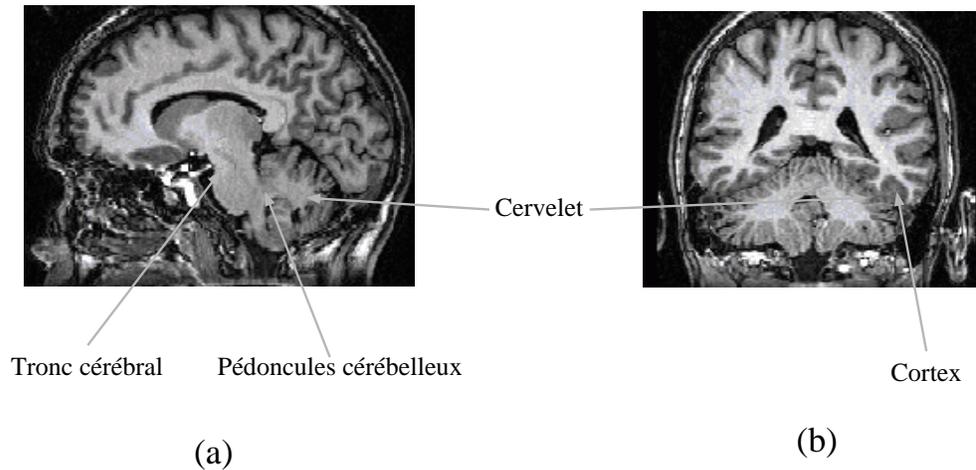


FIG. 3.1 – *Les limites entre certaines structures cérébrales ne présentent pas de changement d'intensité dans les IRM. (a) Le tronc cérébral est relié au cervelet par l'intermédiaire des pédoncules cérébelleux, le tout formant une zone homogène. (b) La limite entre le cortex des hémisphères et le cervelet est invisible par endroits.*

(voir section 3.2.1 page 126). L'étranglement que présente cet objet va nous permettre de séparer la partie de l'objet appartenant au tronc cérébral de celle faisant partie du cervelet.

La figure 3.2 schématise la méthode utilisée pour séparer un objet en deux à partir d'un étranglement. Nous calculons d'abord, pour chaque voxel de l'objet, sa distance au bord de l'objet. Ensuite, nous inversons cette distance pour que les maxima deviennent des minima. Ainsi, on voit apparaître des minima locaux aux endroits correspondant aux centres des objets séparés par des étranglements. Il est alors possible d'obtenir la frontière entre ces objets en calculant la ligne de partage des eaux sur l'inverse de la fonction distance. La ligne de partage des eaux est très sensible aux plus petites variations de la fonction distance, ce qui provoque l'apparition de nombreuses frontières dues au manque de régularité de l'enveloppe de l'objet. Il est possible, pour supprimer ce phénomène, de choisir la taille des variations de distance significatives en opérant une dilatation numérique de la fonction distance avec un élément structurant sphérique de rayon n_S . Ainsi, les variations de distance plus petites que la taille de l'élément structurant ne seront pas significatives. Cette méthode diverge de la méthode classique qui consiste à reconstruire la fonction distance f par dilatation conditionnelle de $f - n_S$ [SCHM-93]. Notre méthode est plus rapide car elle n'utilise pas de dilatation conditionnelle et elle donne de bons résultats pour la séparation des structures cérébrales.

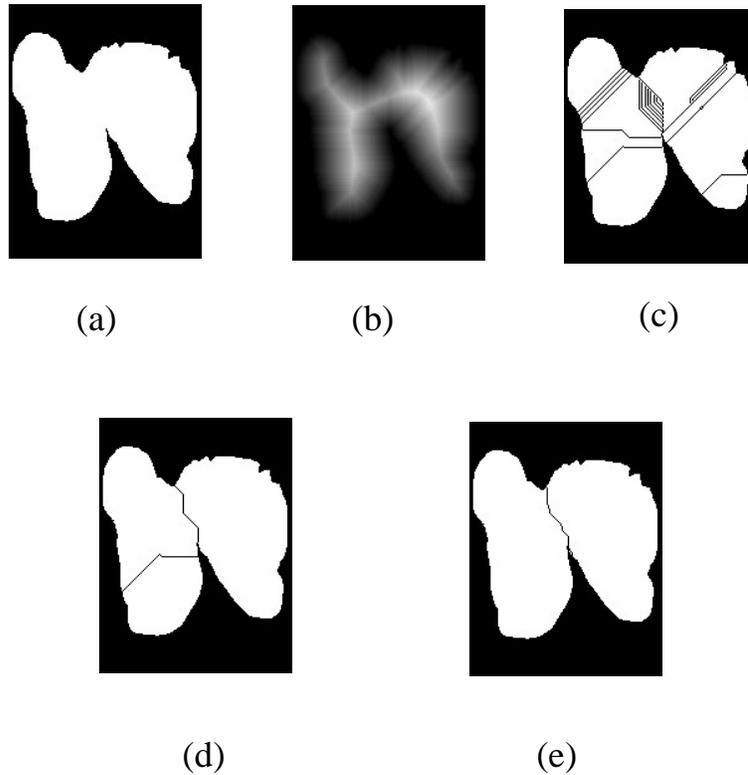


FIG. 3.2 – Séparation d’un objet présentant un étranglement. (a) Objet initial. (b) Distance aux bords à l’intérieur de l’objet. (c) Séparation par ligne de partage des eaux sur l’inverse de la distance. (d) Utilisation d’une dilatation numérique de rayon 1. (e) Utilisation d’une dilatation numérique de rayon 13.

Voici le détail de l’algorithme de séparation par étranglements :

- $\mathcal{S}_1 \leftarrow$ calcul de la distance à l’intérieur de l’objet par une méthode de chanfrein [BORG-86, MANG-94].
- $\mathcal{S}_2 \leftarrow$ dilatation numérique de \mathcal{S}_1 par un élément structurant de rayon n_S .
- $\mathcal{S}_3 \leftarrow$ inversion numérique de \mathcal{S}_2 , les maxima deviennent des minima et vice versa.
- $\mathcal{S}_4 \leftarrow$ ligne de partage des eaux de \mathcal{S}_3 .
- $\mathcal{S}_5 \leftarrow$ séparation de \mathcal{S}_1 par \mathcal{S}_4 , c’est-à-dire inversion de \mathcal{S}_4 et calcul du minimum voxel à voxel avec \mathcal{S}_4 .
- $\mathcal{S} \leftarrow$ étiquetage en composantes connexes de \mathcal{S}_5 .

Le seul paramètre de cet algorithme est le rayon n_S de la dilatation numérique. Ce rayon n'est pas exprimé en millimètres car il n'est pas facile d'utiliser une distance de chanfrein pour effectuer une dilatation numérique. L'élément structurant de rayon n_S est construit par n_S dilatations d'un voxel avec un élément structurant correspondant à la 18-connexité.

L'objet \mathcal{S}_5 correspond à l'objet binaire initial privé des frontières obtenues par la ligne de partage des eaux. L'étiquetage en composantes connexes permet donc d'identifier les différentes parties de l'objet. L'algorithme d'étiquetage que nous utilisons¹ choisit les étiquettes en classant les composantes de la plus grande à la plus petite. Cela permet de sélectionner les composantes connexes en fonction de leurs tailles relatives. Nous utiliserons cette propriété dans la suite.

3.2 Segmentation du cerveau

La segmentation du cerveau consiste à séparer, dans une image IRM, les volumes des hémisphères, du cervelet et du tronc cérébral du reste des structures de la tête comme la peau, les yeux, etc. L'algorithme suivant, proposé par Mangin [MANG-95], utilise des opérations de morphologie mathématique pour segmenter les volumes cérébraux à partir d'un volume IRM \mathcal{I} :

- $\mathcal{C}_1 \leftarrow$ seuillage de \mathcal{I} pour récupérer les voxels dont la valeur se trouve entre s_{C1} et s_{C2} . Le seuil bas élimine le liquide céphalorachidien et le crâne, le seuil haut supprime la graisse et le système vasculaire (figure 3.3b).
- $\mathcal{C}_2 \leftarrow$ érosion de \mathcal{C}_1 pour séparer le cerveau de la peau et des yeux. L'érosion se fait avec un élément structurant en forme de boule de rayon r_C millimètres [MANG-94] (figure 3.3c).
- $\mathcal{C}_3 \leftarrow$ plus grande composante connexe de \mathcal{C}_2 . Cette composante correspond au cerveau érodé (figure 3.3d).
- $\mathcal{C} \leftarrow$ dilatation de \mathcal{C}_3 de r_C millimètres conditionnellement à \mathcal{C}_1 pour compenser l'érosion (figure 3.3e).

Cette méthode de segmentation repose sur trois paramètres : les deux seuils s_{C1} et s_{C2} ainsi que la taille de l'élément structurant utilisé pour l'érosion et la dilatation. Le seuil s_{C1} est un seuil bas dont la valeur se situe entre

1. Nous utilisons les routines du projet TIVOLI qui est un ensemble de programmes et de routines en langage C pour le traitement des images volumiques. Ce projet a été développé et est maintenu par les doctorants et les permanents du groupe TH de l'Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications.

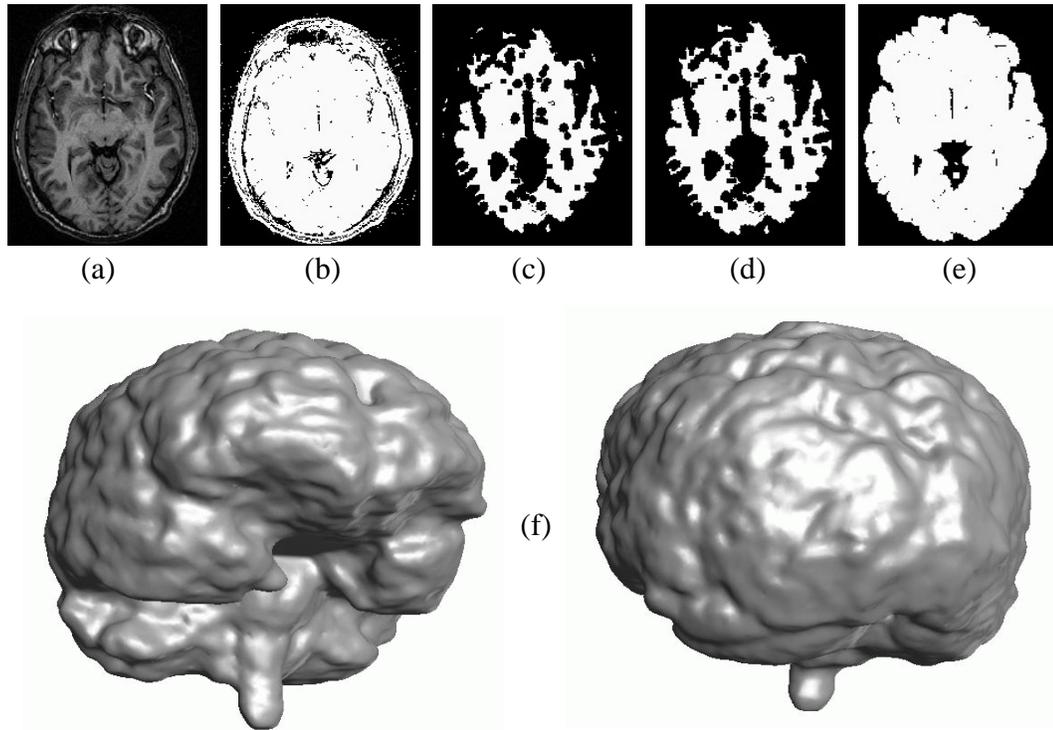


FIG. 3.3 – *Segmentation du cerveau. (a) Coupe axiale de l'IRM originale. (b) Seuillage de l'image entre les niveaux 16 et 160 (c) Erosion de 4 millimètres (d) Plus grande composante connexe. (e) Dilatation conditionnelle à (b) de 4 millimètres. (f) Vues tridimensionnelles du résultat².*

les niveaux de gris de l'air et celle des ventricules. Le seuil haut s_{C2} doit être compris entre les niveaux de gris de la substance blanche et ceux des ventricules. La détermination de la valeur des seuils peut se faire manuellement. Géraud [GERA-98] a proposé de fixer la valeur des seuils en utilisant la moyenne (μ_{ven}) et l'écart-type (σ_{ven}) des niveaux de gris des ventricules ainsi que la moyenne (μ_{blanc}) et l'écart-type (σ_{blanc}) de la matière blanche :

$$s_{C1} = \mu_{ven} - \sigma_{ven} \quad (3.1)$$

$$s_{C2} = \mu_{blanc} + 2 \cdot \sigma_{blanc} \quad (3.2)$$

Il faut cependant remarquer que les résultats sont sensibles à la valeur des seuils et plus particulièrement à celle du seuil bas. Pour pallier la difficulté

² Les vues tridimensionnelles de ce rapport sont obtenues par un logiciel de triangulation développé par Cyril Poupon sur la base du travail d'Olivier Pizzato et de Maria-Elena Algorri [ALGO-95, PIZZ-97] et un logiciel de rendu tridimensionnel développé par Aymeric Perchant dans l'environnement IDL de Research Systems.

de définir correctement les seuils pour certaines images, il est parfois possible de modifier légèrement le rayon de l'érosion.

Cette méthode de segmentation du cerveau ne permet pas d'assurer la topologie du résultat ; le volume segmenté peut présenter des trous ou des tunnels. De plus, le système ventriculaire ne fait pas partie de l'objet segmenté, ce qui crée une forte concavité dans le volume car les ventricules forment des cavités dans le cerveau qui sont reliées entre elles et à l'extérieur du cerveau par des petites structures. Pour être sûr d'obtenir un volume topologiquement équivalent à une boule et dont la surface se trouve à l'extérieur du cerveau, nous appliquons un algorithme bidimensionnel de bouchage de trous pour chaque coupe et selon les trois axes de la grille cubique. Ce procédé assure la topologie sphérique mais a aussi pour effet de combler certains sillons. Cela ne pose pas de problème car le modèle cellulaire, qui va être initialisé sur le volume cérébral, va se déformer vers l'intérieur du cerveau et reconstituer les sillons comblés.

3.2.1 Segmentation du tronc cérébral

Pour segmenter le tronc cérébral, nous avons mis au point une méthode s'inspirant de celle utilisée pour segmenter le cerveau, la différence résidant dans le fait qu'elle s'appuie sur les variations de forme des objets à segmenter et qu'elle sépare donc le tronc cérébral du cervelet grâce à l'étranglement se situant entre les deux structures (figure 3.4).

Pour isoler correctement le tronc cérébral et le cervelet, il est toutefois nécessaire de faire appel à l'utilisateur pour qu'il fournisse la limite supérieure du tronc cérébral dans l'image, c'est-à-dire le numéro de la coupe axiale se trouvant juste au-dessus du tronc cérébral. Ainsi nous pouvons couper l'image au-dessus de cette limite et employer une technique de seuillage et érosion pour isoler l'objet qui nous intéresse. Si on ne coupait pas l'image, l'objet résultant du seuillage sélectionnant le tronc cérébral contiendrait une partie importante de la matière blanche du cerveau qui est connexe au tronc cérébral. Il serait alors très difficile de séparer le tronc cérébral du reste de cet objet. En coupant l'image, on bénéficie de la taille relativement importante de l'objet constitué du tronc cérébral et du cervelet dans la partie inférieure du cerveau. Il devient donc possible d'utiliser une érosion pour séparer cet objet des autres structures cérébrales et de ne conserver que la plus grande composante connexe.

En pratique, le choix de la position de coupure ne pose pas de problème. En utilisant les coupes sagittales, l'œil humain distingue facilement le cervelet. Il est donc possible de repérer la partie supérieure du cervelet et de l'utiliser pour choisir le niveau de la coupure (figure 3.5). La coupe sagittale présentant la partie supérieure du cervelet se trouve proche de l'axe médian, elle est donc facile à repérer.

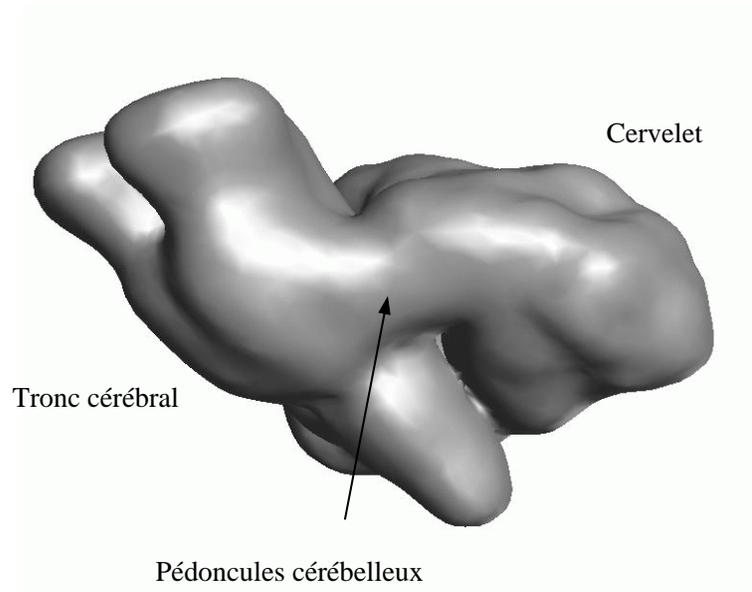


FIG. 3.4 – Représentation tridimensionnelle d'un objet constitué de l'interface entre le tronc cérébral et du cervelet. On remarque un étranglement au niveau des pédoncles cérébelleux.

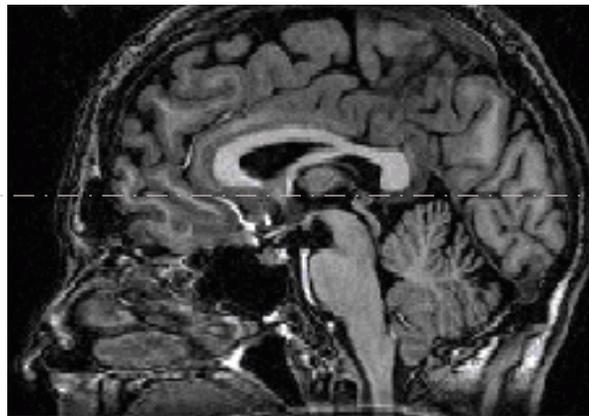


FIG. 3.5 – Coupure de l'image au dessus du cervelet.

Une fois l'image coupée, nous utilisons l'algorithme suivant pour segmenter le tronc cérébral :

- $\mathcal{TC}_1 \leftarrow$ sélection des voxels supérieurs au seuil $s_{\mathcal{TC}}$ (figure 3.6a).
- $\mathcal{TC}_2 \leftarrow$ érosion de $r_{\mathcal{TC}}$ millimètres, sélection de la plus grande composante connexe et dilatation de $r_{\mathcal{TC}}$ millimètres (figure 3.6b et figure 3.4 pour une vue tridimensionnelle de \mathcal{TC}_2).

- $\mathcal{TC}_3 \leftarrow$ séparation de \mathcal{TC}_2 par étranglement avec une dilatation de taille 2 (figure 3.6c).
- $\mathcal{TC}_4 \leftarrow$ sélection de toutes les composantes connexes de \mathcal{TC}_3 sauf les deux plus grandes qui correspondent au cervelet.
- $\mathcal{TC} \leftarrow$ fermeture de \mathcal{TC}_4 avec un élément structurant de rayon 1mm pour éliminer les séparations (figure 3.6d).

L'algorithme de segmentation du tronc cérébral comporte deux paramètres : $s_{\mathcal{TC}}$ et $r_{\mathcal{TC}}$. Le seuil $s_{\mathcal{TC}}$ doit sélectionner le tronc cérébral ainsi qu'une partie de la matière blanche du cervelet, il est important que ce seuil soit suffisamment haut pour ne pas prendre en compte le cortex cérébelleux et ainsi permettre la séparation entre le cervelet et les hémisphères par l'érosion de taille $r_{\mathcal{TC}}$. Le rayon de l'élément structurant est d'environ 5 millimètres, il peut être nécessaire de le faire varier en fonction des images. La taille importante de ce rayon permet de reconstruire le tronc cérébral qui ne présente pas de petites structures. Cependant, la structure arborescente de la matière blanche du cervelet est en partie supprimée par l'érosion, il est donc impossible de reconstruire le cervelet après l'érosion. Il est possible que le tronc cérébral, qui va en se rétrécissant vers le bas de l'image, soit coupé un peu haut dans certaines images en raison de la taille de l'élément structurant. Cela n'est pas un problème si le but de la segmentation est la suppression du tronc cérébral dans l'image car le morceau de tronc cérébral restant est une petite composante connexe isolée qui se supprime facilement en ne conservant que les plus grandes composantes connexes. Si la segmentation de l'ensemble du tronc cérébral est nécessaire, il est possible de dilater l'objet \mathcal{TC}_5 conditionnellement à \mathcal{TC}_1 avec une demi-sphère inférieure pour récupérer le morceau manquant.

3.2.2 Segmentation du cervelet

Pour segmenter le cervelet, nous utilisons l'image privée du tronc cérébral préalablement segmenté. L'algorithme est similaire à celui utilisé pour segmenter le tronc cérébral. Cependant il n'y a pas d'érosion après le seuillage pour conserver l'ensemble de la matière blanche du cortex.

- $\mathcal{CVT}_1 \leftarrow$ sélection des voxels supérieurs au seuil $s_{\mathcal{CVT}}$ (figure 3.7a).
- $\mathcal{CVT}_2 \leftarrow$ séparation de \mathcal{CVT}_1 par étranglement avec une dilatation de taille $n_{\mathcal{CVT}}$ (3.7b).
- $\mathcal{CVT}_3 \leftarrow$ sélection des deuxième et troisième plus grandes composantes connexes de \mathcal{CVT}_2 (3.7c).

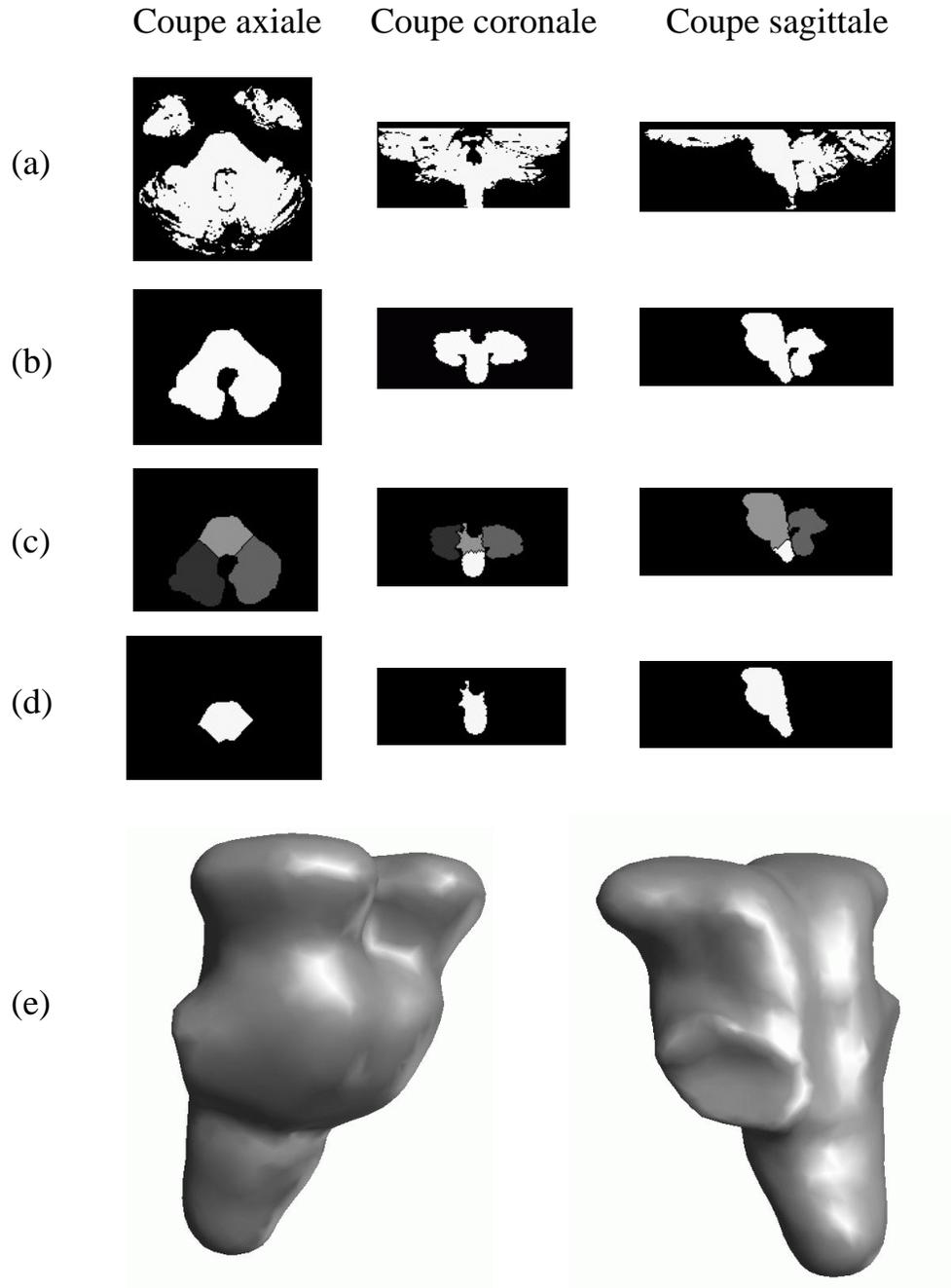


FIG. 3.6 – *Segmentation du tronc cérébral. (a) Seuillage de l'image IRM coupée. (b) Segmentation du tronc cérébral et d'une partie du cervelet. (c) Séparation par étranglement. (d) Suppression des deux plus grandes composantes connexes et ouverture. (e) Vues tridimensionnelles du tronc cérébral.*

- $\mathcal{CVT} \leftarrow$ ouverture de \mathcal{CVT}_3 par un élément structurant de 6 millimètres de rayon (3.7d).

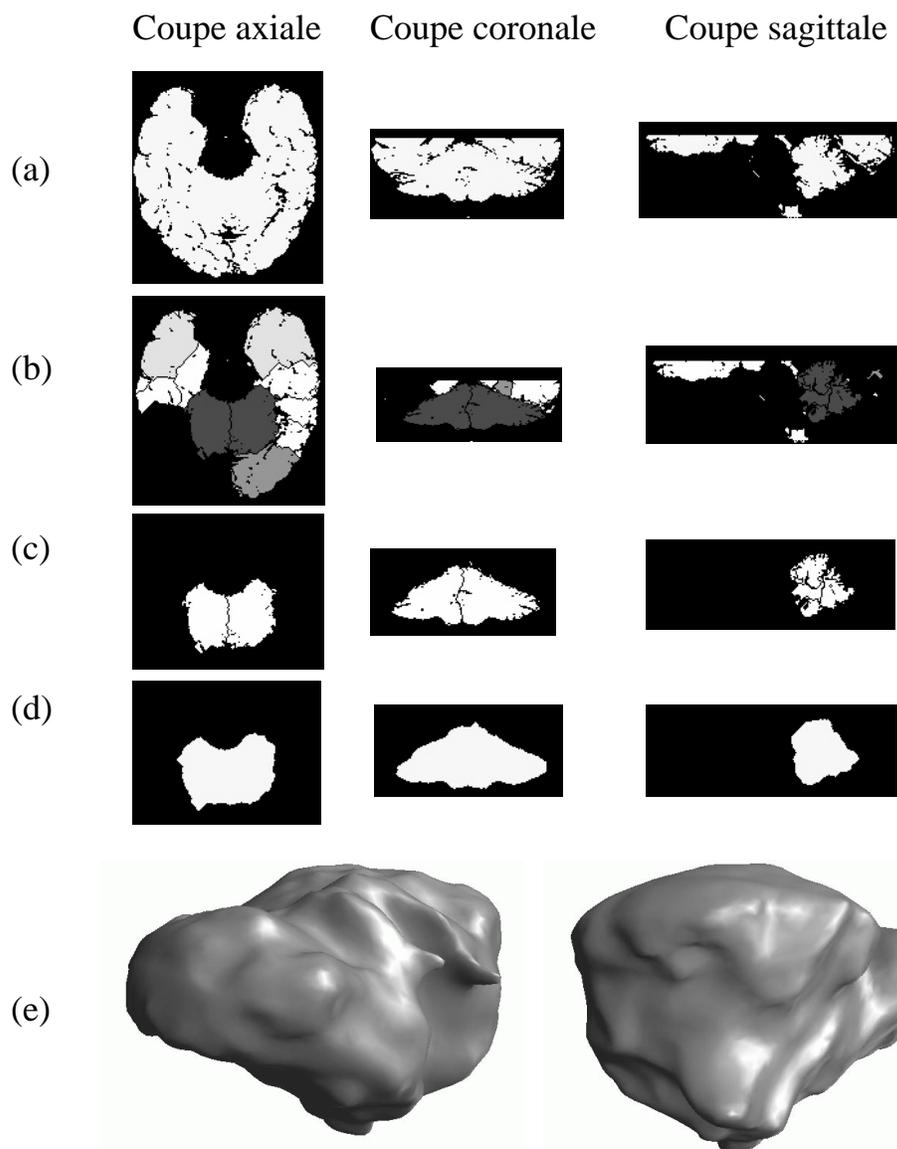


FIG. 3.7 – Segmentation du cervelet. (a) Seuillage de l'image coupée et privée du tronc cérébral. (b) Séparation par étranglement. (c) Sélection du cervelet. (d) Ouverture de 6 millimètres. (e) Vues tridimensionnelles du résultat.

Le seuil $s_{\mathcal{CVT}}$ doit être choisi plus bas que celui utilisé pour la segmentation du tronc cérébral afin de permettre la sélection des petites branches de matière blanche du cervelet pour pouvoir reconstruire le cervelet par l'ouverture finale. Toutefois, si le seuil est trop bas, il n'apparaîtra pas d'étranglement suffisant entre le cervelet et les hémisphères pour les séparer. Comme

l'algorithme de segmentation du cervelet n'utilise pas d'ouverture avant la séparation par étranglement, l'objet $\mathcal{CV}\mathcal{T}_2$ est assez sensible aux faibles variations de la forme de $\mathcal{CV}\mathcal{T}_1$. Il est donc nécessaire de pouvoir faire varier le rayon $n_{\mathcal{CV}\mathcal{T}}$ de l'étape de séparation pour compenser ce phénomène.

3.2.3 Segmentation des hémisphères

Si le cerveau était constitué uniquement des hémisphères, du cervelet et du tronc cérébral, la segmentation consisterait juste à supprimer le cervelet et le tronc cérébral du cerveau pour obtenir les hémisphères. Cependant, il y a plusieurs structures qui apparaissent sur les images IRM entre les hémisphères, le cervelet et le tronc cérébral. De plus, comme les méthodes de segmentation que nous avons utilisées reposent sur un seuillage bas de l'image du cerveau, il est possible de trouver autour des objets segmentés des petites structures de radiométrie très sombre échappant à la segmentation. Pour supprimer ces petites structures nous utilisons une ouverture et un étiquetage en composantes connexes :

- $\mathcal{H}_1 \leftarrow \mathcal{C} - \mathcal{TC} - \mathcal{CV}\mathcal{T}$ (figure 3.8a).
- $\mathcal{H}_2 \leftarrow$ érosion de \mathcal{H}_1 avec un élément structurant de 2 millimètres de rayon.
- $\mathcal{H}_3 \leftarrow$ conservation de la plus grosse composante connexe de \mathcal{H}_2 .
- $\mathcal{H} \leftarrow$ dilatation de \mathcal{H}_3 avec un élément structurant de 2 millimètres de rayon. (figure 3.8b)

3.2.4 Discussion

L'algorithme de séparation des grandes structures cérébrales n'est pas un outil automatique car les différents paramètres sont actuellement fournis par l'utilisateur. La visualisation de l'étape intermédiaire de séparation et du résultat final de la segmentation superposé à l'image d'origine permettent d'évaluer facilement les paramètres de la segmentation. Un ajustement précis des paramètres est nécessaire sur certaines images qui présentent, à l'interface entre le cervelet et les hémisphères, des zones homogènes importantes (cela est dû à la proximité des niveaux de gris du néocortex et du cortex cérébelleux); dans ce cas, une partie du néocortex pourra être considérée comme du cervelet. Les bons résultats obtenus par cette méthode sur plusieurs images

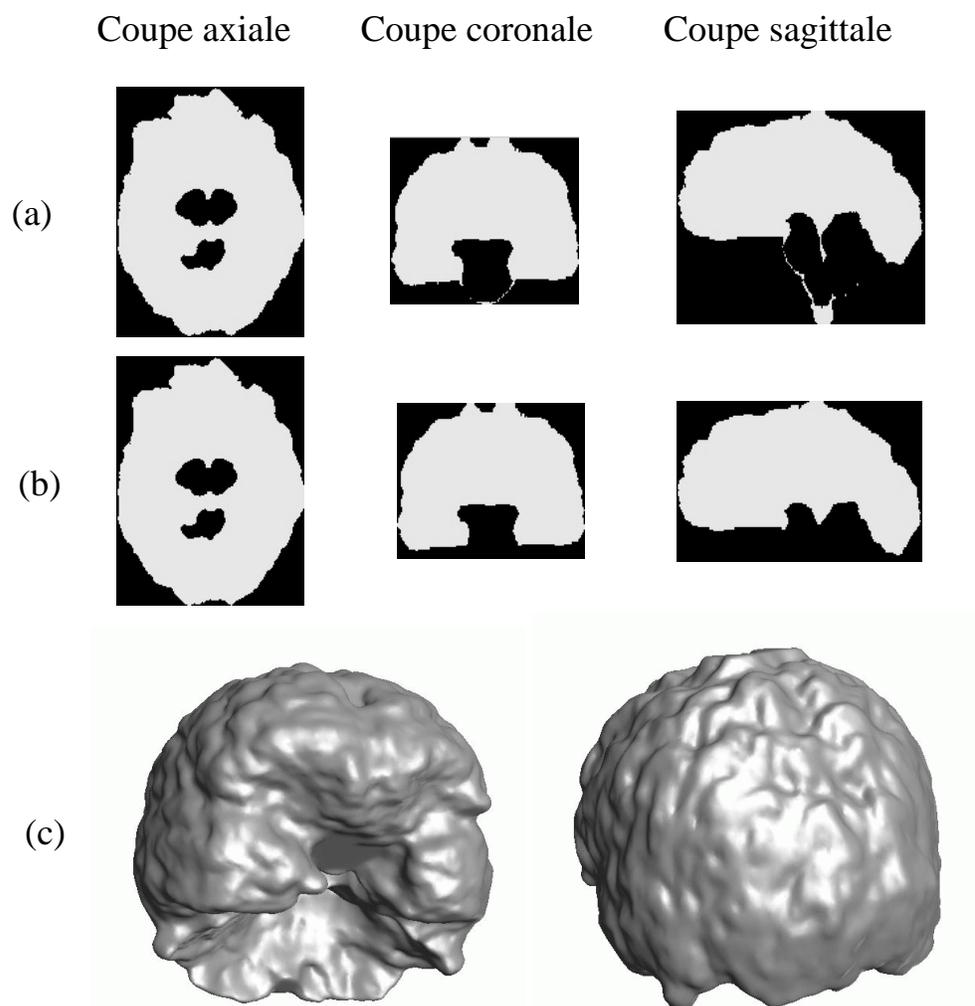


FIG. 3.8 – *Segmentation des hémisphères. (a) Volume du cerveau privé du tronc cérébral et du cervelet. (b) Suppression des petites structures et des structures isolées. (c) Vues tridimensionnelles du résultat.*

sont donc en partie dus à une interaction importante avec l'utilisateur. Cependant, plusieurs pistes sont envisageables pour automatiser le processus de segmentation.

- Il est possible de déterminer automatiquement les seuils en observant, à travers les échelles d'un *scale-space*, les singularités de dérivées d'ordre zéro à n de l'histogramme [AURD-97, MANG-98].
- Le choix de la position de coupure (figure 3.5 page 127) ne pose pas de difficulté particulière si l'on dispose d'un outil permettant de visualiser les coupes sagittales de l'image avec leurs coordonnées (en affichant, par exemple, les coordonnées du voxel se trouvant sous le pointeur de la sou-

ris). L'automatisation de cette tâche peut être envisagée en autorisant les coupes obliques pour prendre en compte les différentes orientations de la tête et en s'appuyant sur le système ventriculaire qui offre un bon contraste dans l'image au niveau de la partie supérieure du cervelet et du tronc cérébral dans les coupes proches du plan interhémisphérique.

- L'étude des informations géométriques des objets obtenus après segmentation (volumes, positions relatives des boîtes englobantes, etc.) peut permettre de rejeter automatiquement certaines segmentations, en se fondant sur des informations anatomiques pour fixer les limites de ces valeurs géométriques. Il pourrait ainsi être possible de déterminer grossièrement si les structures ont été bien segmentées. Cette technique peut-être utilisée, en effectuant un choix approximatif des seuils se fondant sur une analyse de l'histogramme, puis en réalisant automatiquement une série de segmentations en faisant varier les paramètres et en ne retenant que les bonnes segmentations pour les présenter à l'utilisateur.

CHAPITRE 4

Algorithme de déformation

Nous avons vu que l'algorithme de déformation comporte trois types de déformations différentes : la suppression des bords du modèle, la déformation d'une surface fine et la déformation d'un volume (voir figure 2.4 page 113). Ces trois déformations sont exprimées de façon indépendante dans l'algorithme. La détection des bords est fondée sur la définition des cellules limites, c'est donc un critère bien défini qui s'appuie uniquement sur des propriétés locales du modèle cellulaire binaire. Les deux autres déformations nécessitent d'obtenir des informations de l'image pour guider le modèle. Nous avons exprimé ces informations sous la forme de fonctions de coût normalisées entre 0 et 1 ; la décision de suppression d'une cellule est alors prise en comparant le coût avec une valeur de référence. On obtient un algorithme de déformation similaire à celui présenté dans le chapitre 4 de la partie II :

Pour dim allant de 0 à 3

Pour chaque cellule s de dimension dim telle que s est une cellule simple et s appartient à l'objet

Si s appartient à la limite de l'objet

supprimer s de l'objet

Sinon si s est un cube

Si $\mu_{volume}(s) < \mathbf{s}_{volume}$

supprimer s de l'objet

Fin si

Sinon si s est une facette

Si $\mu_{surface}(s) < \mathbf{s}_{surface}$ et si $regularisation(s) = vrai$

supprimer s de l'objet

Fin si

Fin si

Fin pour

Fin pour

La suppression des cellules limites est une étape qui permet au modèle cellulaire d'évoluer vers l'intérieur de l'objet. En effet, nous avons vu que les cellules limites formaient une surface qui enveloppe l'objet. Pour creuser vers l'intérieur de l'objet en préservant sa topologie, il est nécessaire de percer cette enveloppe. Il faut toutefois remarquer que la suppression d'une cellule limite de l'objet ne remet pas forcément en cause son appartenance à la limite de l'objet. C'est le cas, par exemple, des facettes externes car, comme elles sont situées entre un cube de l'objet et un cube du fond, elles sont toujours des facettes limites quelle que soit leur appartenance à l'objet.

Il faut noter que la suppression des cellules limites n'a pas seulement pour but de supprimer l'enveloppe qui entoure l'objet initial. En effet, des cubes et des facettes sont supprimés au cours des déformations, les cellules voisines de ces cubes ou de ces facettes qui appartiennent à l'objet vont devenir des cellules limites qui seront supprimées au cours des prochaines itérations. La suppression des cellules limites permet donc notamment de supprimer les cellules de dimension inférieure comme les segments et les points, pour permettre l'évolution du modèle. L'avantage de cette technique de suppression des cellules de dimension inférieure est qu'elle n'entraîne pas l'émergence de structures filaires dans le modèle.

La fonction μ_{volume} doit permettre l'évolution du modèle dans les volumes de LCR, c'est-à-dire dans les parties «larges» des sillons. Cette fonction, qui est fondée sur une valeur d'appartenance au cortex des voxels de l'image IRM, est décrite dans la section 4.1.

La fonction $\mu_{surface}$ est responsable du guidage des surfaces internes dans les sillons, elle est fondée sur deux critères s'appuyant respectivement sur l'épaisseur de la bande corticale et la présence de LCR dans les sillons. Ces critères sont exprimés sous la forme de deux fonctions de coût qui sont décrites dans la section 4.2.

L'utilisation de fonctions de coût et de seuils constitue une approche locale de la déformation du modèle. Cette approche est en partie comparable à une descente de gradient et elle n'est pas exempte du risque de «tomber» dans un minimum local; cependant, nous n'utilisons pas explicitement une formulation reposant sur la minimisation d'une fonction globale. L'approche locale offre plusieurs avantages par rapport à une approche globale :

- Les modèles déformables utilisant une approche globale comme les surfaces de Fourier [PIER-86, STAI-92] ou les surfaces algébriques [LIAN-92, COHE-94, SULL-94] sont bien adaptés pour segmenter des objets aux

formes régulières mais ne permettent pas de prendre en compte des formes très complexes comme le cortex [RIFA-99].

- Les déformations homotopiques sont intrinsèquement des déformations locales ; leur utilisation favorise donc une approche locale.
- La caractérisation locale des déformations permet d'utiliser facilement des critères différents pour différents types de déformation, en l'occurrence les déformations de volumes et les déformations de surfaces.
- L'approche locale permet d'inclure facilement des caractéristiques géométriques locales du modèle comme la courbure ou la direction d'évolution (voir section 4.2.1.2).

Le critère *regularisation*(s) doit permettre aux surfaces internes de conserver un aspect homogène. Si le modèle est trop libre, les surfaces internes seront très bruitées malgré la préservation de la topologie du modèle (voir section 4.3).

Les seuils de référence s_{volume} et s_{surface} sont des paramètres de la méthode de segmentation.

4.1 Déformation dans les volumes de LCR

Les déformations du modèle dans les volumes de LCR sont fondées sur une fonction donnant, pour chaque voxel de l'image IRM (et donc pour chaque cube du modèle cellulaire) une valeur d'appartenance à la matière grise. Cette valeur, normalisée entre 0 et 1, peut être utilisée pour définir la fonction μ_{volume} et ainsi supprimer de l'objet les cubes dont l'appartenance au cortex est trop faible (c'est-à-dire inférieure à s_{volume}). Cependant, il est nécessaire de contrôler que la fonction μ_{volume} ne permette pas au modèle de pénétrer dans des structures ayant une faible appartenance au cortex, comme la matière blanche.

Dans l'image des hémisphères, la radiométrie de la matière grise est plus sombre que celle de la matière blanche. Ces deux structures comportent en général des maxima bien marqués dans l'histogramme (figure 4.1). Il est donc possible de segmenter approximativement la matière grise en utilisant une classification sur les niveaux de gris. Nous voulons séparer l'image en trois classes : la matière grise, la matière blanche et le fond. Ces classes étant bien séparées dans l'histogramme, nous avons choisi d'utiliser l'algorithme des k -moyennes pour classifier l'image [BALL-65, DIDA-70, GERA-98]. Cette méthode nous donne une bonne approximation de la localisation du cortex que nous allons utiliser pour construire une valeur d'appartenance au cortex pour chaque voxel.

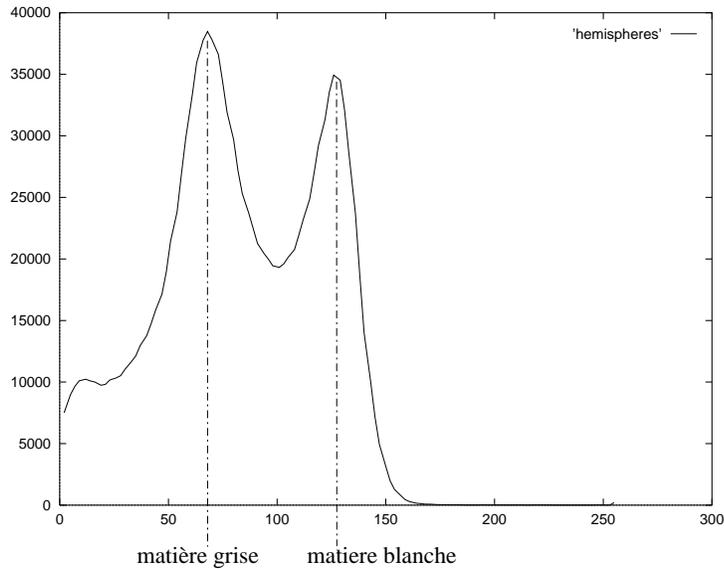


FIG. 4.1 – *Histogramme de l'image des hémisphères.*

Une fois que nous avons extrait la classe correspondant au cortex, nous obtenons un objet binaire qui devrait représenter le volume cortical. Toutefois la classification n'est pas parfaite car elle ne prend en compte aucune information spatiale. On voit donc deux phénomènes apparaître. Le premier est dû au mélange des radiométries des voxels de matière blanche et de matière grise. Il n'est pas possible de séparer ces deux tissus par un seuil brutal, or c'est précisément ce que fait la classification. En conséquence, il apparaît des erreurs de classification qui sont essentiellement situées à l'interface entre les structures (cela est aussi vrai pour l'interface entre le liquide céphalorachidien et la matière grise). Il est donc important que les valeurs d'appartenance au cortex prennent en compte les imprécisions de la classification. Le second phénomène est dû à la présence de structures de matière grise à l'intérieur du cerveau, comme les noyaux gris centraux. La classification de la matière grise prendra donc en compte de nombreuses structures internes qui n'appartiennent pas au cortex. L'influence de ces structures internes est toutefois limitée car le modèle déformable que nous utilisons est initialisé à l'extérieur du cerveau, donc s'il se déforme uniquement dans le cortex, il ne rencontrera jamais ces structures ; il faut donc s'assurer que le modèle ne puisse jamais pénétrer dans le cerveau à cause d'une erreur de classification.

La construction de la valeur d'appartenance au cortex comporte deux étapes. La première étape consiste à classifier l'image pour isoler la classe de la matière grise et à prendre en compte l'imprécision de la classification aux frontières de cette classe. Il est aussi possible d'effectuer une classification floue des tissus cérébraux mais nous ne nous intéressons ici qu'aux degrés

d'appartenance au cortex. La seconde étape a pour but de segmenter les zones de faible valeur de cortex se trouvant à l'intérieur du cerveau afin d'interdire au modèle d'y pénétrer.

La première étape, qui calcule une fonction d'appartenance à la matière grise, est réalisée par l'algorithme suivant :

- $\mathcal{CX}_1 \leftarrow$ classification de l'image des hémisphères en trois classes par l'algorithme des k -moyennes (figure 4.2a).
- $\mathcal{CX}_2 \leftarrow$ seuillage de \mathcal{CX}_1 pour ne conserver que la classe correspondant à la matière grise.
- $\mathcal{CX}_3 \leftarrow$ filtrage moyen de \mathcal{CX}_1 avec une fenêtre de rayon 1 (figure 4.2b).

La seconde étape doit identifier les zones de faible degré d'appartenance au cortex qui se trouvent à l'intérieur du cerveau pour interdire au modèle d'y pénétrer. Pour cela, nous cherchons les valeurs de faible appartenance au cortex qui sont «séparées» de l'enveloppe des hémisphères par des valeurs de forte appartenance au cortex. Nous utilisons l'algorithme suivant :

- $\mathcal{CX}_4 \leftarrow$ seuillage de \mathcal{CX}_3 pour récupérer les voxels dont la valeur est supérieure à $s_{\mathcal{CX}}$ (figure 4.2c).
- $\mathcal{CX}_5 \leftarrow$ enveloppe des hémisphères, c'est-à-dire \mathcal{H} moins érosion de \mathcal{H} de taille 1 millimètre.
- $\mathcal{CX}_6 \leftarrow$ union (maximum voxel à voxel) de \mathcal{CX}_4 et \mathcal{CX}_5 (figure 4.2d).
- $\mathcal{CX}_7 \leftarrow$ deuxième plus grande composante connexe de l'inverse de \mathcal{CX}_6 . Cet objet correspond à une zone dans laquelle le modèle ne pourra pas se déformer.

Le seuil $s_{\mathcal{CX}}$ indique la valeur en-dessous de laquelle les voxels ne sont jamais considérés comme appartenant au cortex. Ce paramètre influence la taille de la zone dans laquelle les déformations sont interdites. La valeur de la fonction de coût μ_{volume} pour une cellule cube s est obtenue par l'algorithme suivant :

- Si s appartient à l'espace où le modèle ne doit pas se déformer alors $\mu_{volume}(s) = 1$.
- Sinon $\mu_{volume}(s) =$ valeur d'appartenance au cortex normalisée entre 0 et 1, en utilisant la valeur du pixel de l'image d'appartenance au cortex correspondant à s par le maximum de cette image.

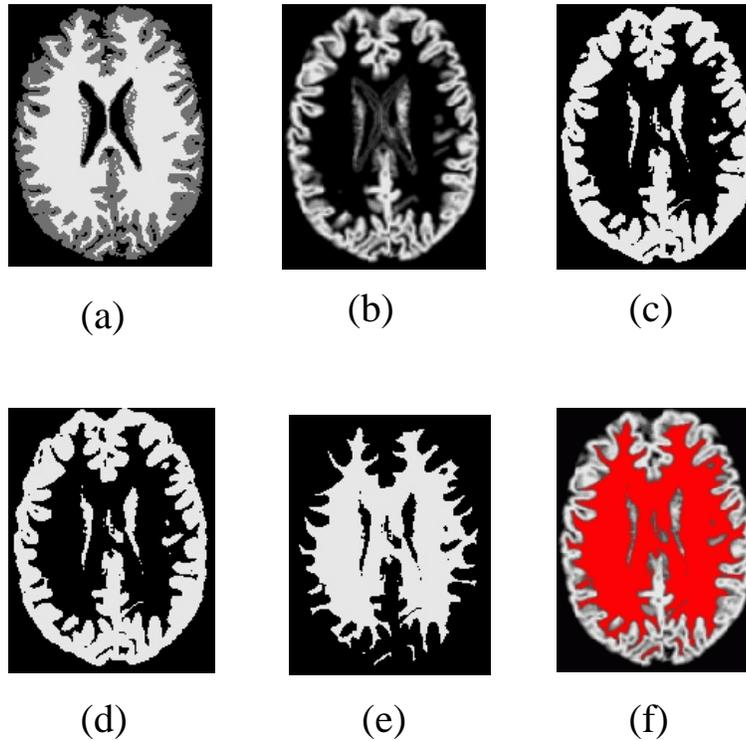


FIG. 4.2 – Construction de la valeur d'appartenance au cortex. (a) Classification de l'image des hémisphères. (b) Moyennage de la classe correspondant à la matière grise. (c) Seuillage. (d) Ajout de l'enveloppe des hémisphères. (e) Faibles valeurs de cortex à l'intérieur des hémisphères. (f) Résultat final, les zones gris clair à l'intérieur du cerveau représentent les zones où le modèle ne pourra pas pénétrer (image (e)).

4.2 Déformation de surface

La fonction de coût $\mu_{surface}(s)$ qui va guider les surfaces internes vers l'intérieur des sillons est constituée de deux termes qui sont aussi exprimés sous forme de fonctions de coût et qui sont combinés à l'aide d'une valeur de pondération α qui est un paramètre de l'algorithme de segmentation :

$$\mu_{surface}(s) = \alpha \cdot \mu_{lcr}(s) + (1 - \alpha) \cdot \mu_{epaisseur}(s) \quad (4.1)$$

La fonction $\mu_{epaisseur}$ a pour but de détecter les parties fines des sillons qui n'apparaissent pas dans l'image en se fondant sur l'hypothèse que la bande corticale est d'épaisseur quasi constante. La fonction μ_{lcr} s'appuie sur une détection préalable du LCR dans l'image IRM et sert à guider le modèle dans les sillons.

4.2.1 Détection des parties surfaciques des sillons

Les endroits où la surface extérieure du cortex disparaît de l'image à cause des effets de volume partiel peuvent être détectés en utilisant l'hypothèse que la bande corticale est d'épaisseur à peu près constante. En effet, ces endroits présentent localement une épaisseur double de celle du cortex, ce qui indique que la surface corticale doit passer au milieu de ces structures. Cette caractéristique peut donc être utilisée pour faire pénétrer les surfaces internes à l'intérieur des sillons (figure 4.3).

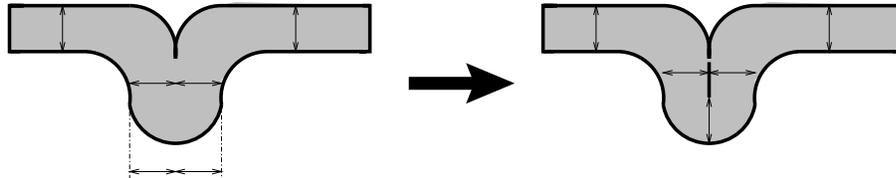


FIG. 4.3 – Schéma d'une bande d'épaisseur constante. À gauche, l'objet présente une structure deux fois plus large que l'épaisseur de la bande. À droite, on a prolongé les limites de la bande pour que son épaisseur reste constante.

La fonction de coût $\mu_{\text{épaisseur}}$ utilise cette propriété de la bande corticale pour évaluer la position d'une facette par rapport au centre de la bande corticale. Pour réaliser cette évaluation, on utilise principalement deux fonctions :

- La fonction $\text{épaisseur}(o, \vec{dir}, l)$ qui évalue l'épaisseur du cortex à partir d'un point o de l'espace (dans la pratique, il s'agira du centre d'une facette interne) dans une direction \vec{dir} et sur une longueur l donnée. Cette fonction donne une valeur entre 0 et 1 ; la valeur 0 indiquant une faible représentation du cortex dans la direction donnée et la valeur 1 indiquant une forte représentation du cortex sur toute la longueur l . Le calcul de cette fonction est décrit dans la section 4.2.1.1.
- La fonction $\overrightarrow{\text{évolution}}(s)$ qui fournit, pour chaque facette s appartenant à la limite du modèle, une direction représentant approximativement la direction dans laquelle la surface du modèle devrait se déformer près de s . Le calcul de la direction d'évolution est décrit dans la section 4.2.1.2.

La fonction $\mu_{\text{épaisseur}}$ doit favoriser la suppression d'une facette quand celle-ci se trouve au centre d'un sillon. Elle va donc refléter l'épaisseur du cortex de part et d'autre de la facette en utilisant la fonction épaisseur . De plus, la suppression de la facette fait évoluer une surface interne vers l'intérieur du cerveau, il faut donc s'assurer que l'on n'est pas au fond d'un sillon en évaluant la profondeur du cortex dans la direction d'évolution de la facette afin de préserver l'épaisseur du cortex dans cette direction (figure 4.4). On obtient donc la fonction suivante :

$$\mu_{\text{épaisseur}}(s) = \text{minimum} \left(\begin{array}{l} \text{épaisseur}(\text{centre}(s), \overrightarrow{\text{normalé}}(s), \mathbf{ec}), \\ \text{épaisseur}(\text{centre}(s), -\overrightarrow{\text{normalé}}(s), \mathbf{ec}), \\ \text{épaisseur}(\text{centre}(s), \overrightarrow{\text{évolution}}(s), \mathbf{ec}) \end{array} \right) \quad (4.2)$$

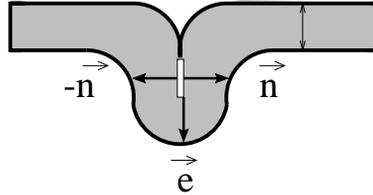


FIG. 4.4 – *Évaluation de l'épaisseur du cortex autour d'une facette. La facette considérée est en blanc, \vec{n} correspond à une normale à la facette et \vec{e} représente la direction d'évolution de la facette.*

Les fonctions $\text{centre}(s)$ et $\overrightarrow{\text{normalé}}(s)$ fournissent respectivement le point central de la facette et une direction normale à la facette. La longueur \mathbf{ec} , exprimée en millimètres, correspond à la longueur sur laquelle on évalue l'épaisseur autour de la facette, c'est un paramètre de l'algorithme dont la valeur doit au moins être égale à l'épaisseur du cortex. L'utilisation de la fonction minimum pour combiner les estimations d'épaisseur du cortex permet de ne favoriser les déplacements que quand il y a suffisamment de cortex autour de la facette dans les trois directions.

4.2.1.1 Évaluation de l'épaisseur du cortex

La fonction $\text{épaisseur}(o, \overrightarrow{\text{dir}}, l)$ doit évaluer l'épaisseur de cortex à partir du point o , dans une direction $\overrightarrow{\text{dir}}$ et sur une longueur l . Le principe de cette évaluation est de projeter la demi-droite $(o, \overrightarrow{\text{dir}})$ dans l'image des appartenances au cortex et de faire la moyenne des valeurs d'appartenance au cortex le long de cette demi-droite sur une distance l donnée. Si la demi-droite rencontre un obstacle (cube du fond ou facette limite), la partie au-delà de cet obstacle est considérée comme ayant une valeur d'appartenance au cortex nulle; ainsi la valeur d'épaisseur du cortex est donc limitée par la surface de l'objet qui évolue au cours des déformations. Voici l'algorithme calculant $\text{épaisseur}(o, \overrightarrow{\text{dir}}, l)$:

$\text{somme} = 0$

$p =$ longueur de la plus petite arête d'un voxel de l'image

$\text{points} =$ échantillonnage de la demi-droite (o, dir) avec un pas p jusqu'à ce qu'elle croise un obstacle ou sur une longueur maximale de l .

Pour chaque échantillon e de *points*

Projeter e dans \mathcal{CX} et ajouter la valeur obtenue à *somme*

Fin pour

$$epaisseur(o, \vec{dir}, l) = \frac{somme}{\frac{1}{p}}$$

4.2.1.2 Evaluation de la direction d'évolution du modèle

Au cours des déformations, nous allons nous intéresser à l'évolution de la surface du modèle. La surface du modèle est constituée par les cellules appartenant à la limite de l'objet (définition (2.1) page 114). Pour faire évoluer le modèle, nous avons besoin de connaître localement la direction d'évolution du modèle, c'est-à-dire la direction approximative selon laquelle le modèle devrait se déformer. Pour calculer ces directions, il faut prendre en compte la géométrie de la surface au cours de ses déformations. Cette surface peut être séparée en deux parties : les surfaces externes et les surfaces internes. Ces deux parties ont des directions d'évolution différentes. Pour un point de surface externe, la direction d'évolution en ce point correspond à la normale à cette surface, orientée vers l'intérieur de l'objet. En ce qui concerne les surfaces internes, les directions d'évolution sont tangentes à la surface (figure 4.5).

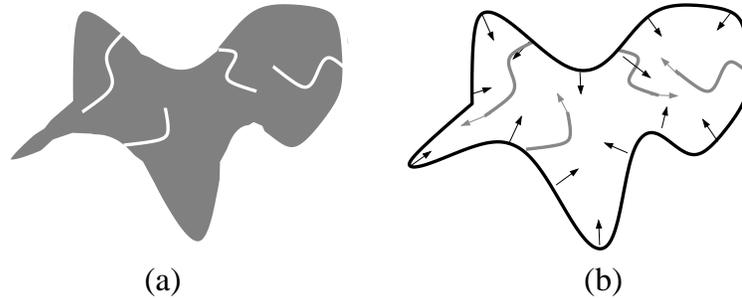


FIG. 4.5 – Schéma des deux types de surface du modèle cellulaire. (a) Volume de l'objet «creusé» par endroits. (b) La surface de l'objet est séparée en deux : la surface externe en noir, et les surfaces internes en gris. Les flèches indiquent les directions d'évolution pour chaque type de surface.

Nous proposons un algorithme permettant de calculer les directions d'évolution du modèle pour chaque élément de surface (facette). Cet algorithme fonctionne en deux étapes : la première étape associe à chaque facette une direction locale, la seconde étape va lisser ces directions le long de la surface globale. L'algorithme ne différencie pas explicitement les facettes appartenant à une surface externe (ou facettes externes) de celles appartenant à une

surface interne (ou facettes internes), c'est la configuration de voisinage des facettes qui donnera le résultat voulu. Pour une cellule s , la notation $centre(s)$ correspond au centre de gravité de la cellule. Nous présentons d'abord l'algorithme d'attribution d'une direction locale à une facette f :

$$\overrightarrow{resultat} = \text{vecteur nul}$$

Pour chaque voisin s de f

Si s est un cube de l'objet

$$\overrightarrow{resultat} = \overrightarrow{resultat} + (\overrightarrow{centre(s)} - \overrightarrow{centre(f)})$$

Sinon si s est une ligne et s'il n'existe pas de facette limite différente de f dans le voisinage de s

$$\overrightarrow{resultat} = \overrightarrow{resultat} + (\overrightarrow{centre(s)} - \overrightarrow{centre(f)})$$

Fin si

Fin pour

Normaliser $\overrightarrow{resultat}$

Dans cet algorithme, la première condition construit les directions locales pour les facettes externes. Chaque facette est voisine de deux cubes. Pour les facettes externes, un seul de ces cubes appartient à l'objet, la somme des directions dues à la première condition est donc un vecteur normal à la facette, orienté vers le cube de l'objet. Les cubes voisins des facettes internes appartiennent tous les deux à l'objet, donc les deux directions sommées par la première condition s'annulent.

La seconde condition identifie les lignes des bords de la facette qui ne sont en commun avec aucune autre facette de la surface. Ces bords correspondent uniquement aux limites des surfaces internes car les facettes externes appartiennent à des surfaces fermées, donc chaque bord d'une facette externe est forcément commun à deux facettes limites. La deuxième condition n'influence donc pas les directions locales des facettes externes. Les contributions dues à cette condition ne s'appliquent qu'aux facettes internes situées aux extrémités des surfaces externes (figure 4.6).

Les directions locales calculées par cet algorithme correspondent bien aux directions d'évolution. Pour que ces directions prennent en compte un aspect plus global des surfaces, nous devons les lisser. Pour cela, nous calculons, pour chaque facette de surface (externe ou interne) la moyenne des directions locales dans un voisinage le long de la surface. Les directions d'évolution sont ensuite normalisées.

Cet algorithme peut être utilisé pour calculer les directions d'évolution sur des facettes qui n'appartiennent pas encore à la surface. Nous l'utiliserons donc pour connaître la direction d'évolution des facettes qui sont candidates à la suppression dans l'algorithme de déformation.

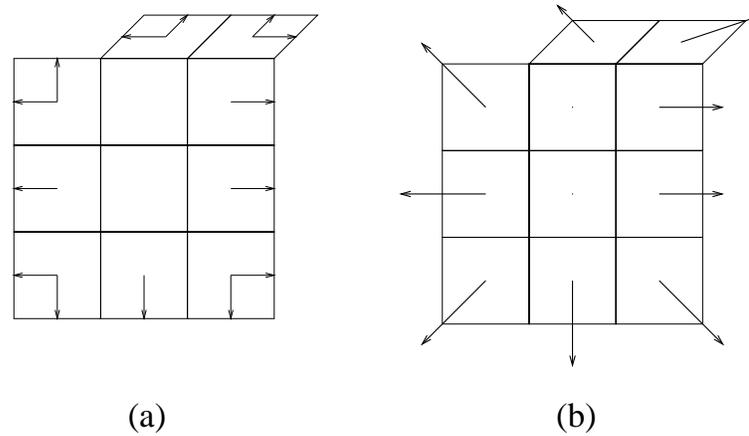


FIG. 4.6 – Construction des directions locales pour une surface interne. (a) Chaque bord de la surface apporte une contribution pour la facette à laquelle il appartient. (b) Directions locales résultant des contributions. Les facettes centrales ont des directions locales nulles.

4.2.2 Détection du LCR dans les sillons

Malgré la maîtrise de la topologie du modèle cellulaire, l'espace des déformations est important et donc l'utilisation, pour guider le modèle, d'un unique critère local reposant sur une classification, rendrait le résultat trop sensible au bruit et aux erreurs de classification. Nous avons donc choisi de combiner la méthode de guidage que nous venons de présenter avec un critère plus global s'appuyant sur une segmentation préalable du liquide céphalorachidien dans les sillons. Ce dernier, qui est sombre dans les images, peut être en partie segmenté par des outils classiques de morphologie mathématique [GERA-98]. Cette détection peut servir de guide pour faire évoluer les surfaces internes ; la fonction de coût μ_{lcr} poussera donc le modèle cellulaire à pénétrer dans le cerveau aux endroits des sillons marqués par la présence de liquide céphalorachidien.

Pour segmenter le liquide céphalorachidien dans les sillons, nous utilisons une méthode proposée par Géraud [GERA-98]. Cette méthode construit, à partir de la valeur moyenne du niveau de gris du liquide céphalorachidien m , une image dont les valeurs représentent des voxels de radiométrie proche de m et dont les radiométries décroissent suivant l'écart avec m . Après suppression des minima locaux par une fermeture morphologique, le calcul de la surface de partage des eaux fournit une tessellation de l'image dont les surfaces suivent le liquide céphalorachidien dans les sillons. Après suppression des éléments de surface appartenant aux substances grise et blanche par seuillage et restriction du résultat au volume du cerveau préalablement segmenté, les éléments de surface en contact avec le bord du cerveau sont

conservés. La figure 4.7 présente l'image \mathcal{CSF} résultant de cette méthode.



FIG. 4.7 – *Segmentation du liquide céphalorachidien dans les sillons [GERA-98].*

Nous guiderons les déformations du modèle cellulaire en favorisant ses déplacements le long des surfaces proches du liquide céphalorachidien des sillons en calculant μ_{lcr} comme suit :

$$\mu_{lcr} = 1 - \text{moyenne des cubes de } \mathcal{CSF} \text{ dans le voisinage de } s. \quad (4.3)$$

4.3 Régularisation

La préservation de la topologie du modèle n'est pas une condition suffisante pour assurer une bonne régularité des surfaces segmentées ; des objets de même topologie peuvent avoir des formes et des complexités géométriques très différentes. Prenons l'exemple de la figure 4.8, quand la graine se transforme en arbre sa géométrie change considérablement bien que sa topologie soit préservée. Un phénomène analogue peut se produire au niveau des surfaces internes du modèle cellulaire ; si les déformations ne sont pas suffisamment contraintes, les surfaces vont former une arborescence tridimensionnelle.

Le critère de préservation de la topologie au cours des déformations du modèle cellulaire peut, dans certains cas, favoriser l'émergence d'une structure arborescente ; dans l'exemple de la figure 4.9, une surface est déformée homotopiquement vers un obstacle ; elle évolue en deux branches de part et d'autre de l'obstacle, mais une fois ce dernier passé, les deux branches resteront séparées à cause du critère de préservation de la topologie. Si les branches

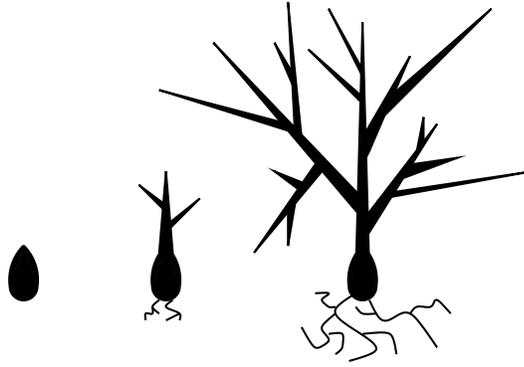


FIG. 4.8 – *Des objets différents ayant la même topologie.*

se rapprochent, ces configurations forment des pseudo tunnels qui ne sont pas de véritables tunnels au sens topologique, mais qu'il serait souhaitable de remplir pour favoriser la régularité des surfaces. Dans notre algorithme de segmentation, les obstacles correspondent à des valeurs élevées de la fonction de coût guidant les surfaces internes ($\mu_{surface}$) et il suffit de regarder l'aspect tridimensionnel de l'image du liquide céphalorachidien dans les sillons (qui participe au calcul de $\mu_{surface}$) pour se convaincre que la probabilité de présence d'obstacles dans la fonction de coût est loin d'être négligeable (figure 4.10).

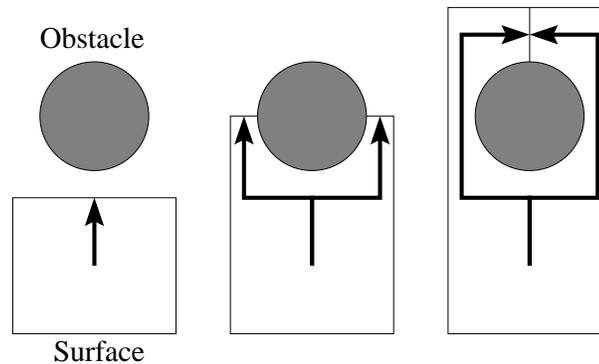


FIG. 4.9 – *Les déformations homotopiques peuvent favoriser l'arborescence des surfaces. L'évolution d'une surface autour d'un obstacle peut former des branches ou des pseudo tunnels.*

L'irrégularité de la surface du modèle peut aussi être favorisée par les possibilités de connexions entre facettes offertes par le modèle cellulaire. En effet, bien que l'algorithme de déformation du modèle n'autorise pas l'émergence de structures filaires, les connexions entre facettes (par l'intermédiaire des facettes et des points) restent très libres ; par exemple, deux facettes pourront être reliées par un coin, ce qui autorise l'obtention de structures

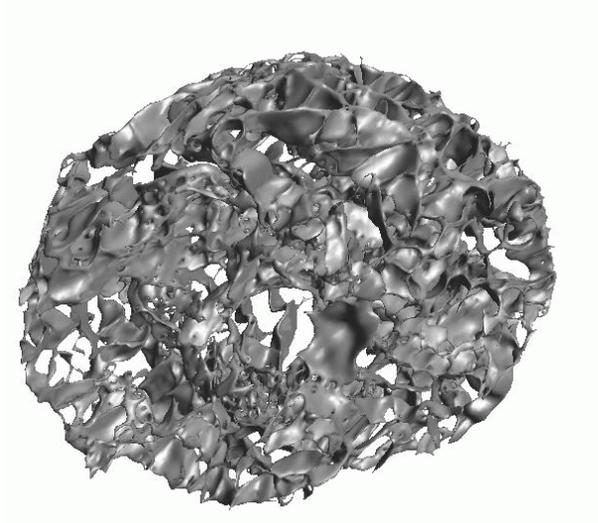


FIG. 4.10 – *Aspect tridimensionnel de l'image de détection du liquide céphalorachidien dans les sillons. Les surfaces obtenues présentent de nombreux tunnels qui sont autant d'obstacles potentiels.*

complexes comme celle de la figure 4.11 qui représente une structure connexe et sans tunnel.

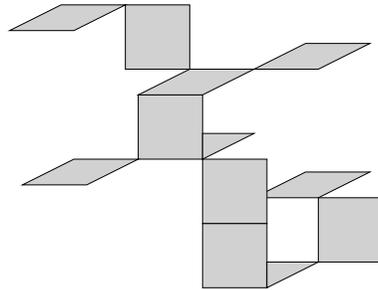


FIG. 4.11 – *Le modèle cellulaire non contraint autorise des structures surfaciques complexes (les segments et les points ne sont pas représentés pour clarifier la figure).*

Il est donc nécessaire de contraindre les déformations des surfaces internes du modèle pour éviter d'obtenir des surfaces très irrégulières. Pour cela nous avons envisagé et expérimenté plusieurs approches dont aucune n'a, pour le moment, abouti à des résultats satisfaisants. Nous présentons ici les différentes méthodes de régularisation que nous avons implantées ainsi que des méthodes en cours de délaboration qui devraient permettre d'améliorer la régularité des résultats.

4.3.1 Contraintes de connexité entre facettes

La présence de structures localement ponctuelles aux endroits où les facettes sont jointes uniquement par des coins n'est pas souhaitable car, d'une part, cela ne correspond pas à la géométrie de la surface des sillons corticaux et, d'autre part, cela favorise l'émergence des structures complexes que nous souhaitons éviter. Nous avons donc choisi d'interdire l'apparition de ces structures ponctuelles en imposant qu'une facette interne ne soit supprimée¹ que si elle possède un segment en commun avec une facette de la surface. Cette restriction de déformation est exprimée par la condition suivante (qui est incluse dans le critère *regularisation*):

Une facette f ne peut être supprimée que s'il existe un segment limite (c'est-à-dire un segment appartenant à la limite du modèle) s dans son voisinage tel qu'il existe une facette limite f' différente de f dans le voisinage de s .

Ce critère limite partiellement les possibilités d'évolution des surfaces internes, mais il ne permet pas d'interdire les structures arborescentes comme celle de la figure 4.12a. Il est possible de contraindre un peu plus le modèle pour éviter certaines branches en ajoutant la condition suivante qui impose qu'un segment ait au plus deux facettes dans son voisinage et limite ainsi les embranchements (figure 4.12b):

Une facette f ne peut être supprimée que si chaque segment limite s de son voisinage est voisin avec au plus une autre facette limite.

L'utilisation de ces contraintes dans le processus de déformation permet d'améliorer la régularité de la surface du modèle, cependant, elles ne sont pas suffisantes pour éviter l'émergence de surfaces complexes au cours des déformations. Nous avons donc essayé des méthodes de régularisation s'appuyant sur une modification de la fonction de coût $\mu_{surface}$ dans le but de guider le modèle vers des surfaces régulières.

4.3.2 Contrainte de courbure

La régularisation de la surface peut se faire en ajoutant un critère permettant de minimiser les courbures locales de la surface. Nous avons montré, dans la partie I, que les circonvolutions corticales ne permettaient pas l'utilisation d'un critère de régularisation global de la courbure sur l'ensemble de

1. Nous rappelons que la suppression d'une facette interne qui se trouve, par définition, entre deux cubes de l'objet a pour effet d'ajouter cette facette à la limite de l'objet, et donc à sa surface (voir section 2.2.5 page 118).

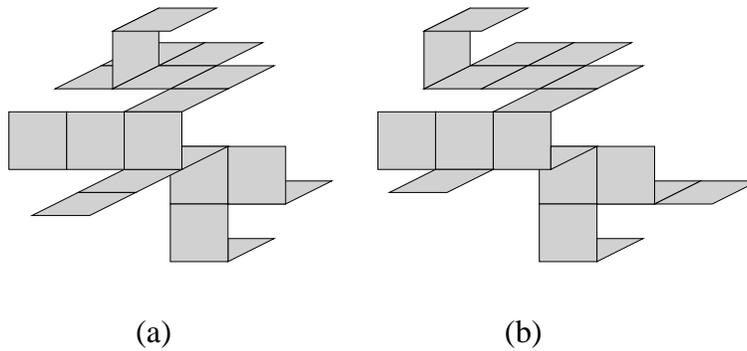


FIG. 4.12 – *Contraintes de connexité entre les facettes. (a) Chaque facette possède au moins un bord commun avec une autre facette. (b) Chaque segment possède au plus deux facettes dans son voisinage.*

la surface. Toutefois, la séparation de la surface en parties externes et parties internes nous permet de faire évoluer, et donc de régulariser, séparément les parties extérieures de la surface corticale et les parties intérieures se trouvant dans les sillons. Or les sillons ne présentent pas de forte courbure (excepté aux endroits où ils se séparent en plusieurs «branches») donc les surfaces internes doivent avoir le même aspect régulier. Pour favoriser cette régularité des surfaces internes, nous avons utilisé la direction d'évolution des surfaces. Cette direction fournit, pour les surfaces internes, une estimation de la tangente à la surface dans la direction de l'évolution (voir section 4.2.1.2 page 143), nous pouvons donc l'utiliser pour limiter les déformations de surface impliquant une trop forte variation locale de tangente (et donc une forte courbure) en imposant que la normale de la facette à supprimer et la direction d'évolution aient des directions perpendiculaires (figure 4.13).

Il est possible d'évaluer la perpendicularité des deux vecteurs \vec{n} et \vec{e} en utilisant leur produit scalaire :

$$\frac{|\vec{n} \cdot \vec{e}|}{\|\vec{n}\| \cdot \|\vec{e}\|} = |\cos(\alpha)| \quad (4.4)$$

On obtient ainsi une fonction qui varie entre 0 si les vecteurs sont perpendiculaires et 1 s'ils sont colinéaires. Cette fonction peut être combinée à la fonction de coût $s_{surface}$ pour pénaliser les cas où les vecteurs sont colinéaires. Le problème de cette approche provient de la discrétisation de la surface. En effet, les facettes étant incluses dans la grille cubique, il n'y a que trois types de facettes ayant des directions normales différentes, ces directions correspondant aux trois axes de la grille. La direction normale à une facette est donc un mauvais représentant de la direction normale à la surface. Or, dans le critère de perpendicularité, on compare la direction d'évolution, qui est une information régionale, à la direction normale à la facette qui est très locale et ne représente donc pas correctement la normale régionale que pourrait in-

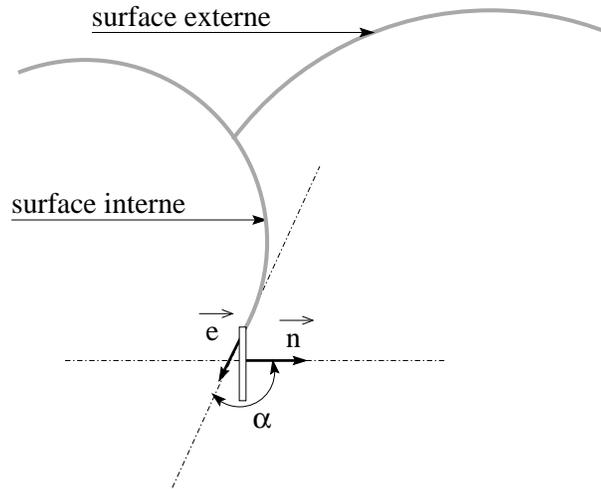


FIG. 4.13 – Régularisation de la courbure d’une surface interne. L’angle α entre la direction d’évolution \vec{e} et la normale \vec{n} de la facette à supprimer doit être proche de $\frac{\pi}{2}$.

duire l’évolution de la surface en passant par cette facette. Par conséquent, il est nécessaire de laisser une liberté importante au modèle car les directions entre la normale à une facette et la tangente à la surface peuvent être proches de la colinéarité (figure 4.14), donc si l’angle α est trop contraint, le modèle ne pourra pas évoluer. La liberté qu’il est nécessaire de donner à l’angle α pour permettre au modèle d’évoluer est trop forte pour que cette méthode fournisse une bonne régularisation de la surface ; dans la pratique, on a observé un seuil de contrainte au-delà duquel le modèle n’évolue plus et au-dessous duquel la surface n’est pas régularisée. Il est donc nécessaire de trouver un autre type d’approche s’appuyant plus sur des informations régionales que sur des informations locales.

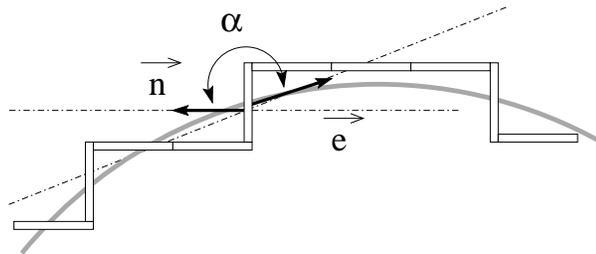


FIG. 4.14 – La contrainte de régularisation de courbure ne peut pas être forte. Une surface (en gris) est approximée par une surface discrétisée (rectangles blanc) ; l’angle α peut être localement proche de π .

4.3.3 Détection et remplissage des pseudo tunnels

L'apparition de pseudo tunnels peut être détectée au cours de l'évolution du modèle. En effet, quand deux branches d'une surface se rapprochent, comme elle ne peuvent pas se toucher sans former un tunnel dans le complémentaire de l'objet (rappelons que les surfaces internes appartiennent au fond), il apparaît alors entre les deux branches une structure filaire qui est composée de segments et de points de l'objet qui ne sont pas simples (figure 4.15a). Les cellules de ces structures filaires sont caractérisées par les propriétés suivantes :

- ce sont des segments ou des points ;
- elles appartiennent à la limite de l'objet ;
- elles appartiennent à l'objet ;
- elles ne sont pas simples ;
- elles ont des facettes internes dans leur voisinage.

Il est donc possible de détecter les pseudo tunnels au moment où ils apparaissent en vérifiant ces propriétés localement à chaque fois que la surface évolue (c'est-à-dire dans le voisinage d'une facette interne qui vient d'être supprimée). On repère ainsi des cellules qui appartiennent à la bordure de la surface interne et qui sont à la jonction entre les deux branches du pseudo tunnel. En suivant cette bordure, il est possible d'identifier la limite du pseudo tunnel car elle forme une boucle ; si l'on s'interdit de suivre la bordure aux jonctions entre la surface interne et la surface externe, on ne trouvera alors qu'une seule boucle correspondant à la limite du pseudo tunnel (figure 4.15b).

Une fois la limite du pseudo tunnel détectée, il faut envisager d'appliquer un algorithme permettant de déformer le modèle pour que sa surface vienne combler le pseudo tunnel. C'est un problème délicat pour lequel nous n'avons pas encore de solution satisfaisante. La piste qui semble la plus prometteuse pour résoudre ce problème est l'utilisation d'un algorithme original de fermeture de trous tridimensionnels [ATKO-96]. Cet algorithme repose sur la suppression itérative de points suivant des caractéristiques locales (comme pour les points simples) ainsi que sur l'obtention d'une carte des distances à un objet ; le modèle cellulaire permettant d'effectuer ces deux opérations, il doit être possible de lui adapter l'algorithme de fermeture de trous tridimensionnels pour combler les pseudo tunnels.

Même si l'on est capable de les combler, les pseudo tunnels permettront de limiter mais pas d'éviter complètement une arborescence forte de la surface,

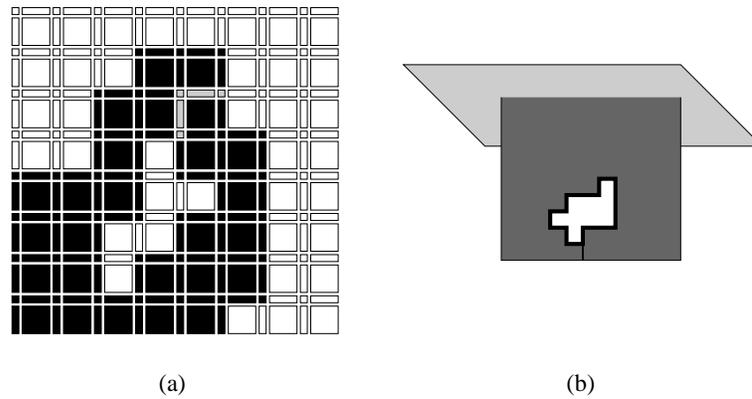


FIG. 4.15 – *Détection d'un pseudo tunnel. (a) Deux branches de la surface (en noir) ont formé un pseudo tunnel; entre les deux branches, apparaît une structure filaire (en gris) composée de cellules de l'objet qui ne sont pas simples. (b) La surface interne (en gris foncé) est reliée à la surface externe (en gris clair), ce qui permet d'identifier les limites du pseudo tunnel (en traits noirs épais).*

car pour qu'un pseudo tunnel soit détecté, il faut que deux branches de la surface se rejoignent jusqu'à presque se toucher, or si ces deux branches restent séparées par au moins deux cellules, il n'y a pas de détection de pseudo tunnel et donc pas de régularisation. Il est donc nécessaire d'introduire un nouveau critère qui puisse prendre en compte l'ensemble des branches de la surface.

4.4 Vers une régularisation géodésique des surfaces

Nous présentons, dans cette section, une piste qui nous a semblé intéressante pour aborder le problème de la régularisation des surfaces internes. Cette piste est encore fraîche pour nous et nous ne sommes pas encore en mesure de dire si elle a déjà été maintes fois foulée par de nombreux aventuriers de la recherche. Cependant, elle nous a semblé suffisamment intéressante pour que nous invitons le lecteur à la suivre pendant quelques pages.

La principale difficulté à laquelle doit faire face une méthode de régularisation est la contradiction entre le besoin de régulariser en limitant l'arborescence de la surface et la nécessité d'autoriser cette arborescence pour permettre au modèle de prendre en compte les divergences des sillons profonds; la limitation globale de l'arborescence de la surface du modèle peut nuire à la détection des sillons car la surface corticale présente une structure

arborescente. Cependant, une approche locale ne permet pas non plus de régulariser la surface ; la vision locale des déformations ne permet pas de savoir si une séparation de la surface est due au bruit ou à la topologie des sillons. Il est donc nécessaire d'adopter une approche de régularisation qui soit un compromis entre l'approche globale et l'approche locale.

Il est possible de s'appuyer sur l'anatomie pour découper les surfaces internes en un ensemble de surfaces régulières, c'est-à-dire ne présentant ni de branche ni de forte courbure. En effet, les sillons forment des surfaces peu courbées à l'intérieur du cerveau, donc si l'on sépare les sillons au niveau des embranchements, on obtient un ensemble de surfaces régulières (figure 4.16). En s'appuyant sur cette propriété, il est possible de modifier l'algorithme de segmentation afin d'obtenir un cadre de régularisation non contradictoire. La modification que nous proposons permet à la fois de régulariser les surfaces et de détecter les embranchements.

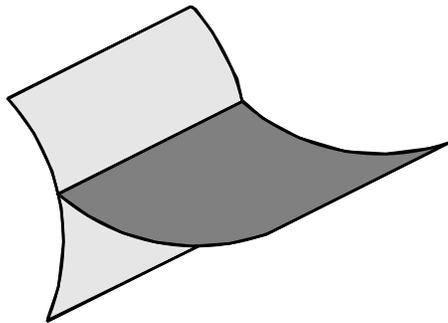


FIG. 4.16 – Une surface présentant un embranchement est divisée en deux surfaces régulières.

4.4.1 Déformation hiérarchique des surfaces

La modification de l'algorithme de segmentation que nous proposons dans cette section a pour but de faire évoluer un ensemble de surfaces représentant chacune une partie régulière de la surface corticale. L'évolution de ces surfaces peut donc être contrainte sans que l'ensemble de la surface corticale ne soit régularisé. Pour cela nous proposons une approche hiérarchique qui impose, d'une part, un découpage des surfaces internes en parties régulières dont chacune ne peut segmenter qu'une seule branche surfacique d'un sillon et qui, d'autre part, autorise de nouvelles parties régulières de surface interne à émerger d'une partie existante pour aller dans les différentes branches des sillons (figure 4.17).

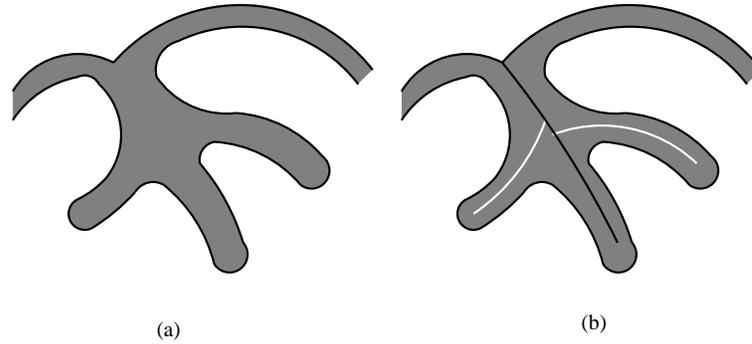


FIG. 4.17 – *Déformation hiérarchique des surfaces internes. (a) Schéma bi-dimensionnel d'une partie de la bande corticale. (b) Une première surface régulière évolue dans le sillon (en noir), puis deux autres surfaces vont suivre les branches du sillon (en blanc).*

L'approche hiérarchique du processus de déformation ne nécessite pas une réécriture complète du processus de segmentation que nous avons présenté dans ce manuscrit ; le principe de base est toujours de supprimer itérativement des cellules simples pour pénétrer l'intérieur des sillons, il est toujours possible d'utiliser des critères de déformation distincts pour les volumes, les surfaces externes et les surfaces internes. Il est cependant nécessaire de modifier légèrement l'algorithme de suppression des surfaces internes. D'une part, il faut pouvoir diviser les surfaces internes en différentes régions régulières que nous appellerons RRSI (pour région régulière de surface interne) ; pour cela, on peut étiqueter les facettes internes, chaque étiquette correspondant à une RRSI. D'autre part, l'algorithme de suppression d'une facette interne doit prendre en compte la régularité des RRSI. Nous proposons pour cela, de modifier l'algorithme de décision de suppression d'une facette s (page 135) en substituant l'algorithme suivant à la comparaison de $\mu_{surface}(s)$ avec le seuil $s_{surface}$:

T = ensemble des RRSI connexes à s (c'est-à-dire ayant un segment limite en commun avec s)

r = critère de régularité (voir section suivante) de la surface composée de s et de tous les éléments de T

Si $combinaison(\mu_{surface}(s), r) < s_{surface}$

Supprimer s de l'objet

Si $T = \emptyset$

Créer une nouvelle RRSI ne contenant que s

Sinon

Fusionner s et les éléments de T en une seule RRSI

Fin si

Fin Si

Cet algorithme ne change pas fondamentalement le principe d'évolution des surfaces internes mais lui ajoute deux fonctionnalités supplémentaires :

- Les RRSI composant l'ensemble des surfaces internes sont identifiées au cours de l'évolution du modèle. Quand une facette qui n'est pas connexe aux surfaces internes est supprimée, elle devient une nouvelle RRSI. Puis les RRSI évoluent et se fusionnent en fonction de leur connexité et d'un critère de régularité. On obtient donc une partition des surfaces internes en composantes connexes régulières. Si le critère de régularité ne fait rien (c'est-à-dire $combinaison(\mu_{surface}(s), r) = \mu_{surface}(s)$), on obtiendra le même résultat qu'avec l'algorithme original et chaque RRSI correspondra à une composante connexe de surface interne.
- La régularité des RRSI est conservée au cours des déformations. C'est la combinaison du critère de régularité r avec la fonction de coût $\mu_{surface}$ qui va modifier le comportement de l'algorithme en imposant la régularité des RRSI.

Nous considérons cet algorithme plus comme l'indication d'une piste de recherche intéressante pour la régularisation des surfaces que comme une méthode valide de régularisation permettant d'améliorer la qualité des résultats de segmentation. Beaucoup de questions restent ouvertes, notamment en ce qui concerne l'étude de la convergence du modèle de découpage des surfaces en parties régulières et son adéquation au problème de segmentation du cortex. Les réponses à ces interrogations sont subordonnées à la définition d'un critère de régularisation ; nous présentons donc, dans la section suivante, une approche pouvant permettre de construire un tel critère.

4.4.2 Evaluation géodésique de la régularité d'une surface

Le critère de régularité de la surface que nous souhaitons obtenir doit refléter, d'une part, la courbure de la surface car nous souhaitons limiter les courbures des RRSI et, d'autre part, l'aspect arborescent de la surface pour contraindre l'apparition de branches dans les RRSI. Nous avons vu que l'utilisation d'un critère utilisant des informations locales ne permettait pas d'évaluer correctement la qualité de la surface, ce qui nous impose de

nous orienter vers un critère régional ou global ; comme l'évolution du modèle a un aspect fortement local, il est donc nécessaire de dégager un critère s'appuyant sur une information régionale ou globale se fondant sur des déformations locales. Or nous avons déjà introduit une notion correspondant à ce type d'information : la distance géodésique. C'est donc sur cette distance que va se fonder l'approche que nous envisageons pour évaluer l'irrégularité d'une surface cellulaire.

Comme les surfaces que nous considérons (les RRSI) sont construites par ajout itératif de cellules, il est possible de maintenir à jour, au fur et à mesure de l'évolution de la surface, une carte des distances géodésiques entre toutes les cellules de la surface. De plus, la distance entre les centres de gravité des cellules nous permet d'avoir une estimation de la distance euclidienne entre les cellules. On est donc en mesure d'obtenir facilement, pour chaque paire de cellule (s, s') , la distance géodésique et la distance euclidienne entre s et s' . Or, la combinaison de ces deux distances permet d'évaluer la convexité de la surface, ce qui représente à la fois sa courbure et son arborescence. Prenons le cas, par exemple du maximum du rapport entre la distance euclidienne et la distance géodésique pour tous les points de la surface que nous noterons m , la figure 4.18 montre que m reflète à la fois la courbure et l'arborescence de la surface. La valeur de m varie en fonction de la taille maximum des irrégularités de la surface. Si $m = 1$, alors la surface est plane et convexe, si m est proche de 0, alors la surface présente au moins une forte irrégularité.

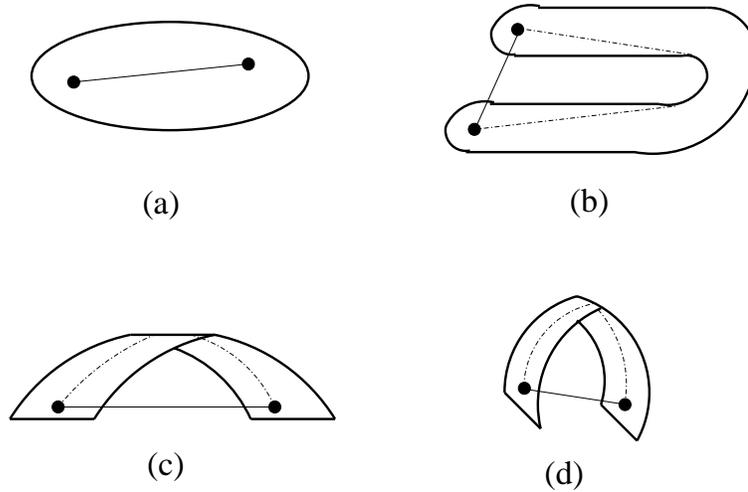


FIG. 4.18 – Lien entre la forme d'une surface et le maximum m du rapport entre la distance euclidienne (traits fins pleins) et la distance géodésique (traits en pointillés). (a) Une surface plane et convexe : $m = 1$. (b) Une surface plane présentant des branches : $m \ll 1$ (c) Une surface un peu courbée et sans branches : $m < 1$. (d) Une surface très courbée : $m \ll 1$.

Il est donc possible d'utiliser directement le rapport m pour limiter les irrégularités d'une surface en imposant que m soit toujours supérieur à un seuil donné. Mais nous pensons que l'observation complète des cartes spatiales de distances géodésiques et euclidiennes doit pouvoir permettre d'évaluer le nombre, la position et la taille des irrégularités, et qu'il est donc possible de s'appuyer sur ces cartes de distances pour obtenir un ou plusieurs critères de régularisation des RRSI. C'est pourquoi nous avons choisi d'évoquer cette approche possible de la régularisation que nous n'avons fait que survoler pour l'instant, mais qui nous semble prometteuse. Il reste encore beaucoup de travail à accomplir pour, d'une part, situer cette approche parmi les travaux existants et, d'autre part, étudier les différentes manières de fusionner les cartes de distances ainsi que leurs applications à la régularisation.

CHAPITRE 5

Résultats

5.1 Visualisations

La visualisation de l'évolution du modèle cellulaire est un problème délicat en raison, d'une part, de la complexité géométrique tridimensionnelle de la surface corticale et, d'autre part, de la structure même du modèle cellulaire qui nécessite la visualisation d'éléments de différentes dimensions. Nous avons donc mis au point un programme de visualisation permettant d'observer les différents composants du modèle à différentes échelles.

Afin de pouvoir localiser la position du modèle dans l'image, nous nous sommes orientés vers une approche permettant de visualiser les résultats par coupes bidimensionnelles. Ainsi, il est possible de superposer une coupe du modèle à la coupe d'une image. La figure 5.2a¹ présente une vue d'ensemble de l'outil de visualisation, on peut y voir trois coupes perpendiculaires de l'image d'appartenance au cortex auxquelles sont superposées des lignes vertes qui représentent les facettes appartenant à la limite de l'objet et qui sont perpendiculaires au plan de coupe. Ce type de vue permet de visualiser la surface du modèle au cours de son évolution. Il est possible de se déplacer dans les coupes et d'agrandir l'image en utilisant un facteur de zoom, ce qui permet de localiser précisément la position de la surface du modèle (figure 5.2b). Nous avons mis au point un mode de visualisation permettant l'évaluation de l'ensemble des cellules du modèle (figure 5.2c et 5.2d) : les pixels représentent l'appartenance des cubes à l'objet (blanc) ou au fond (noir), les segments parallèles au plan de coupe apparaissent en traits fins, des petits cercles représentent les points aux intersections des segments, les facettes perpendiculaires au plan de coupe sont en traits plus épais ; seules les cellules de l'objet sont dessinées, les cellules simples sont en bleu et les autres en vert.

1. Les figures présentant des images de notre outil de segmentation sont regroupées de la page 166 à la page 176.

Les figures 5.2c et 5.2d illustrent la difficulté de visualisation du modèle cellulaire; la solution adoptée nécessite d'observer plusieurs plans de coupe pour connaître localement la configuration des cellules. Cela ne représente pas un modèle d'ergonomie mais permet de visualiser le comportement local du modèle au cours des déformations.

5.2 Initialisation et évolution du modèle

Le modèle est initialisé sur le volume des hémisphères; l'algorithme de segmentation des hémisphères fournit un objet assez lisse et qui ne pénètre donc pas dans les sillons. La surface du modèle initial se situe donc à l'extérieur des hémisphères (figure 5.3).

L'évolution du modèle au cours des itérations est illustrée sur les figures 5.4 et 5.5, chaque itération correspond à une utilisation de l'algorithme de déformation de la page 135. A l'itération 10, la surface externe du modèle s'est rapprochée des hautes valeurs de l'appartenance au cortex et a commencé à pénétrer dans les sillons larges, ces déplacements sont dus à la suppression des cubes de l'objet dans les zones de faible appartenance au cortex; on voit aussi, sur la coupe axiale de l'itération 10, qu'une surface interne a aussi commencé à évoluer vers l'intérieur des sillons. Bien que ces deux types de déformations aient lieu presque en parallèle, les surfaces internes ne commencent à évoluer que lorsque les surfaces externes sont suffisamment proches du cortex car les déformations des surfaces internes s'appuient notamment sur la présence d'une épaisseur de cortex dans leur voisinage. Aux itérations suivantes, la surface externe se stabilise rapidement tandis que les surfaces internes continuent leur évolution vers l'intérieur des sillons. Cette stabilisation de la surface externe n'est que transitoire; quand les surfaces internes vont rencontrer une «poche» de LCR, des cubes vont être retirés de cette poche, créant ainsi une nouvelle composante de surface externe. On peut voir ce phénomène sur la partie gauche de la coupe coronale de l'itération 20. La figure 5.6 montre le résultat final sur des coupes complètes.

En l'absence de critère de régularisation adéquat pour guider leur évolution (seule une contrainte de connexité entre facettes est utilisée, voir section 4.3.1), les surfaces internes ne suivent pas une trajectoire régulière. Elles apparaissent donc sur les images sous forme de morceaux de courbes disjoints; cette séparation est la conséquence de la visualisation bidimensionnelle des résultats, cependant les surfaces internes sont connexes en trois dimensions. L'irrégularité des surfaces internes pose deux problèmes majeurs pour l'ana-

lyse des résultats :

- La visualisation tridimensionnelle des résultats peut permettre d'évaluer qualitativement les résultats et de les comparer visuellement à d'autres méthodes de segmentation. Cependant, l'irrégularité des surfaces internes rend leurs représentations tridimensionnelles difficilement lisibles.
- Le manque de régularité des surfaces internes ainsi que leur structure très arborescente empêchent, d'une part, de définir précisément les limites des sillons, et rendent, d'autre part, la distance géodésique le long de la surface du modèle très peu significative de la géométrie des sillons. L'analyse quantitative des propriétés géométriques des sillons (position, profondeur, surface, courbure, etc.) n'est donc pas facilement envisageable.

Cependant, malgré le manque de régularité des surfaces, les résultats montrent globalement une bonne localisation des surfaces internes dans les sillons. Les critères de guidage des déformations ont donc rempli le rôle pour lequel ils ont été créés. Cependant, ces résultats sont évidemment subordonnés à une bonne évaluation des paramètres de la segmentation.

5.3 Paramètres et convergence

Pour faire évoluer le modèle initial vers l'intérieur des sillons, l'algorithme de segmentation nécessite la sélection de quatre paramètres : s_{volume} , $s_{surface}$, α et ec . Ce choix est rendu difficile par l'importante mobilité du modèle qui ne permet pas d'obtenir une continuité entre les variations des résultats et les variations des paramètres. Dans les quatre sections suivantes, nous passons en revue les différents paramètres et illustrons leur influence sur les déformations du modèle en se fondant sur une image de référence (figure 5.7).

5.3.1 Le paramètre s_{volume}

Le seuil s_{volume} est utilisé en conjonction avec la fonction μ_{volume} pour creuser les volumes de LCR dans les sillons ; ses valeurs sont bornées entre 0 et 1, les valeurs proches de 0 correspondant à un critère très restrictif (c'est-à-dire peu de déformation de volume), et les valeurs proches de 1 étant au contraire très peu restrictives.

Ce paramètre est indépendant des trois autres et son influence sur le résultat est continu dans certaines limites, sa valeur est donc facile à déterminer. La figure 5.8 montre l'influence de s_{volume} sur le comportement du modèle cellulaire. Si s_{volume} est faible, les surfaces externes n'évolueront que

très peu vers le cortex. Au contraire, si s_{volume} est proche de 1, les surfaces externes vont avoir tendance à entrer dans la bande corticale et la taille des volumes de LCR dans les sillons sera surévaluée. De plus, comme le montre le bas de la figure 5.8, une valeur trop haute de s_{volume} va permettre au modèle de traverser le cortex par endroits ; dans ce cas, si nous n'avions pas interdit les déformations au centre du cerveau (voir section 4.1), le modèle aurait creusé la matière blanche car elle correspond à de faibles valeurs de la fonction d'appartenance au cortex et aurait été considérée comme une poche de LCR.

5.3.2 Le paramètre $s_{surface}$

$s_{surface}$ est le seuil utilisé en conjonction avec la fonction $\mu_{surface}$ pour creuser les structures fines dans les sillons ; ses valeurs limites sont les mêmes que celles de μ_{volume} et ont le même comportement restrictif.

La figure 5.9 montre l'évolution de l'algorithme pour des valeurs extrêmes de $s_{surface}$. Ce paramètre influe sur la rigidité des contraintes de déformation des surfaces internes. Si $s_{surface}$ varie seul, son influence sur le résultat est relativement continue. Cependant, le choix de $s_{surface}$ est étroitement lié à celui du paramètre de pondération α et c'est l'ensemble de ces deux paramètres qui doit représenter un compromis entre la détection, la localisation et la régularité des sillons.

5.3.3 Le paramètre α

α est un facteur de pondération pour le guidage des surfaces internes ; ses valeurs sont bornées entre 0, impliquant un guidage uniquement lié à l'épaisseur du cortex (fonction $\mu_{epaisseur}$), et 1, correspondant à l'utilisation exclusive de μ_{lcr} .

La figure 5.10 illustre les différences entre les deux fonctions de coût qui sont utilisées pour guider les surfaces internes. Si α est proche de zéro, le modèle n'est guidé que par $\mu_{epaisseur}$ qui est fondé sur la détection de valeurs fortes de la fonction d'appartenance au cortex ; le modèle sera donc attiré par ces valeurs fortes et il ne pourra donc pas évoluer au centre des sillons quand ceux-ci présentent de faibles valeurs d'appartenance au cortex à cause de la présence de LCR : on voit nettement ce phénomène sur la coupe axiale en haut de la figure 5.10. Le calcul de $\mu_{epaisseur}$ étant très local, les surfaces majoritairement guidées par cette fonction sont mal localisées, surtout dans les zones à forte appartenance au cortex.

Si α se rapproche de 1, l'importance de μ_{lcr} augmente et on observe une augmentation de la précision de la localisation des surfaces qui peuvent alors évoluer au centre des sillons. Cependant, la détection des sillons devient moins bonne et l'irrégularité des surfaces augmente. On voit, en bas de la

figure 5.10, que les surfaces apparaissent très découpées, ce qui est dû à la présence de nombreux tunnels dans l'image du LCR dans les sillons (voir figure 4.10 page 148).

Le paramètre α doit donc représenter un compromis entre la localisation de μ_{lcr} et la détection de $\mu_{epaisseur}$. Il faut noter que ce compromis influence aussi la régularité des surfaces. Ainsi l'image de référence (figure 5.7) présente une meilleure détection et une meilleure régularisation que les images de la figure 5.10, tout en ayant une localisation acceptable. Cela confirme la nécessité d'utiliser conjointement les deux critères de guidage.

5.3.4 Le paramètre ec

ec représente une évaluation de l'épaisseur moyenne du cortex et participe au calcul de $\mu_{epaisseur}$; ce paramètre n'a pas de borne précise mais l'épaisseur du cortex est généralement considérée comme étant comprise entre 2 et 5 millimètres.

L'influence de ec est conditionnée par la valeur de α et de $s_{surface}$. Cependant, l'algorithme est assez robuste aux variations de ec et seules de fortes variations font apparaître des différences de résultat significatives. La figure 5.11 montre que des valeurs faibles de ec favorisent l'irrégularité du modèle tandis que des valeurs importantes nuisent à la détection des sillons.

5.3.5 Convergence de l'algorithme

Nous n'avons pas défini de critère d'arrêt pour stopper la progression du modèle, il est donc important d'étudier la convergence de l'algorithme pour s'assurer qu'il évolue toujours vers une solution. Théoriquement, la convergence de l'algorithme est assurée car l'algorithme supprime des cellules et il y a un nombre fini de cellules. Cependant, il est souhaitable que les critères qui guident l'évolution du modèle le contraignent à s'arrêter quand sa surface a pénétré dans les sillons. Pour illustrer la convergence du modèle, nous avons choisi de représenter le nombre de cellules supprimées à chaque itération du modèle car, d'une part, cela permet de vérifier que ce nombre décroît rapidement vers zéro (ce qui correspond à une stabilisation du modèle) et, d'autre part, cette représentation reflète le comportement du modèle au cours des itérations. Nous avons séparé les courbes correspondant à la suppression des cubes de celles correspondant à la suppression des facettes, qui correspondent respectivement à l'évolution des surfaces externes et à l'évolution des surfaces internes, et ne présentent pas les mêmes convergences.

La figure 5.12 présente les graphes de convergence (c'est-à-dire le nombre de suppression de cellules en fonction des itérations) des surfaces externes du modèle pour différentes valeurs des seuils de contrainte s_{volume} et $s_{surface}$.

Les courbes décroissent très fortement, ce qui indique une convergence rapide des surfaces externes du modèle ; les variations de $s_{surface}$ affectent très peu leur convergence et les variations de s_{volume} préservent l'allure fortement décroissante des courbes. Ces résultats confirment un comportement robuste aux variations des paramètres pour les surfaces externes. Les légères croissances locales que l'on observe sur certaines courbes peuvent être dues à la présence de «poches» de LCR dans les sillons. Ces poches sont supprimées quand elles sont atteintes par les surfaces internes, ce qui crée un accroissement du nombre de suppressions de cubes du modèle.

La figure 5.13 présente les graphes de convergence des surfaces internes en fonction de s_{volume} et $s_{surface}$. La convergence est aussi toujours vérifiée mais avec une décroissance plus lente et plus chaotique que celle des surfaces externes. Excepté dans les cas les plus contraints, les suppressions des surfaces internes augmentent dans un premier temps avant de commencer à décroître. Cette croissance initiale forte peut s'expliquer de deux façons : elle peut être interprétée comme une décroissance progressive des degrés de liberté du modèle due à une évolution normale vers la bonne solution (figure 5.1), mais elle peut aussi être le symptôme d'un comportement divergent qui est peu à peu restreint par les contraintes appliquées au modèle. Les deux hypothèses ne sont pas contradictoires car les deux phénomènes peuvent avoir lieu en même temps. Cependant, au regard de l'irrégularité des résultats, il semble que l'hypothèse d'un comportement divergent soit assez probable, ce qui pourrait expliquer la forte arborescence des surfaces.

Dans tous les cas qui ne correspondaient pas à un comportement pathologique du modèle dû à des valeurs extrêmes des paramètres, le modèle a convergé vers une solution stable en moins de 100 itérations. On peut donc utiliser l'arrivée du modèle dans un état stable comme seul critère d'arrêt de l'algorithme en prenant soin de limiter le nombre d'itérations pour arrêter l'évolution dans les cas pathologiques.

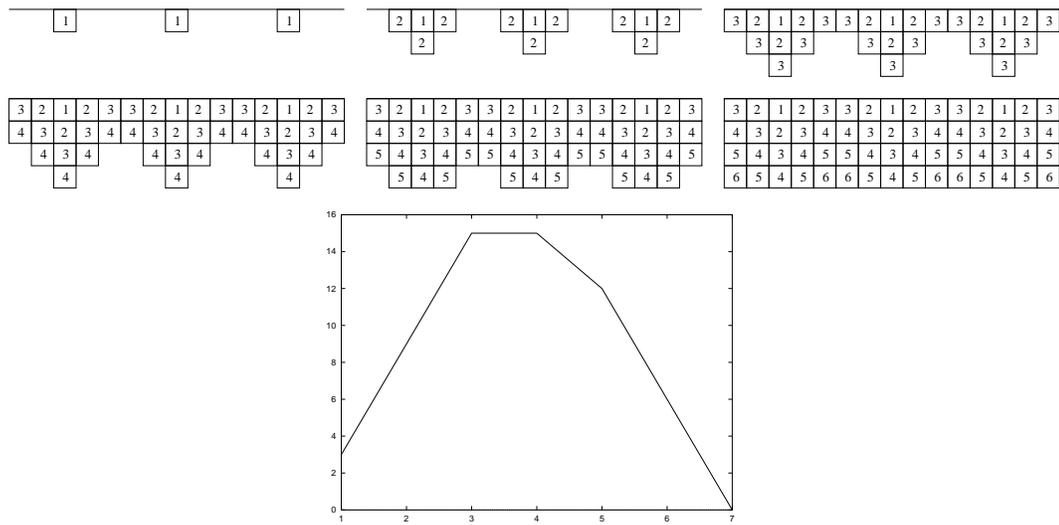
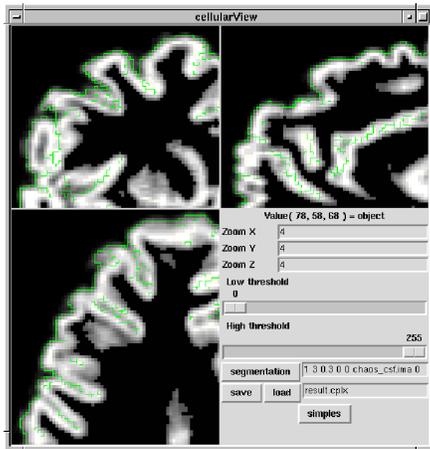
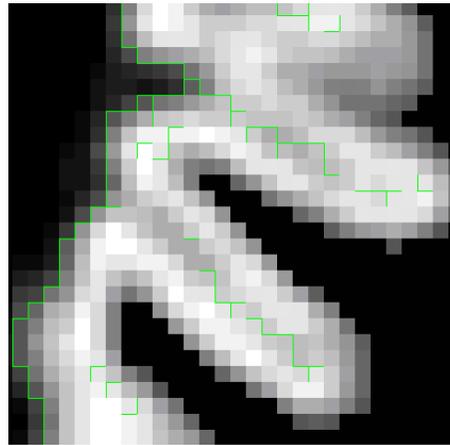


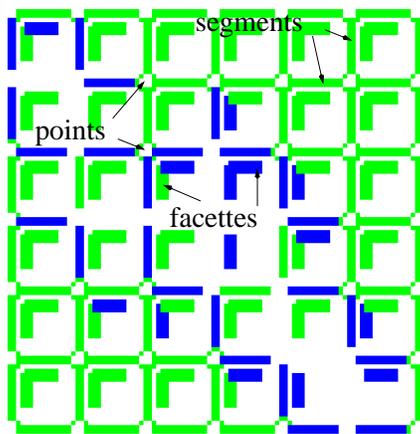
FIG. 5.1 – *Accroissement initial de la courbe de convergence (nombre de facettes ajoutées (ordonnées) par itération (abscisses)). Le modèle commence par trois facettes puis évolue pour remplir un rectangle. Sa courbe de convergence augmente avant de décroître.*



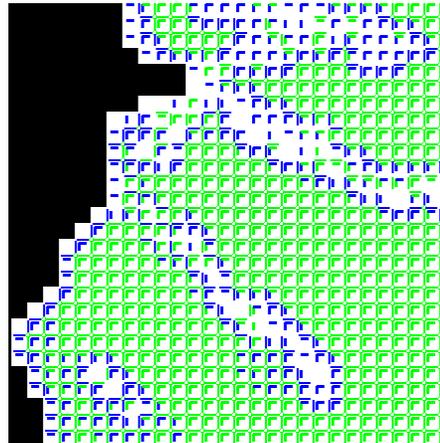
(a)



(b)



(c)



(d)

FIG. 5.2 – Outil de visualisation. (a) L'interface présente trois coupes perpendiculaires représentant l'image d'appartenance au cortex à laquelle sont superposées (en vert) les facettes limites du modèle perpendiculaires à la coupe. (b) Agrandissement ($\times 16$ sur cette image) permettant de bien localiser les limites. (c) et (d) Visualisation des cellules de différentes dimensions, les cellules simples sont en bleu (la figure (d) représente la même partie du modèle que la figure (b)).

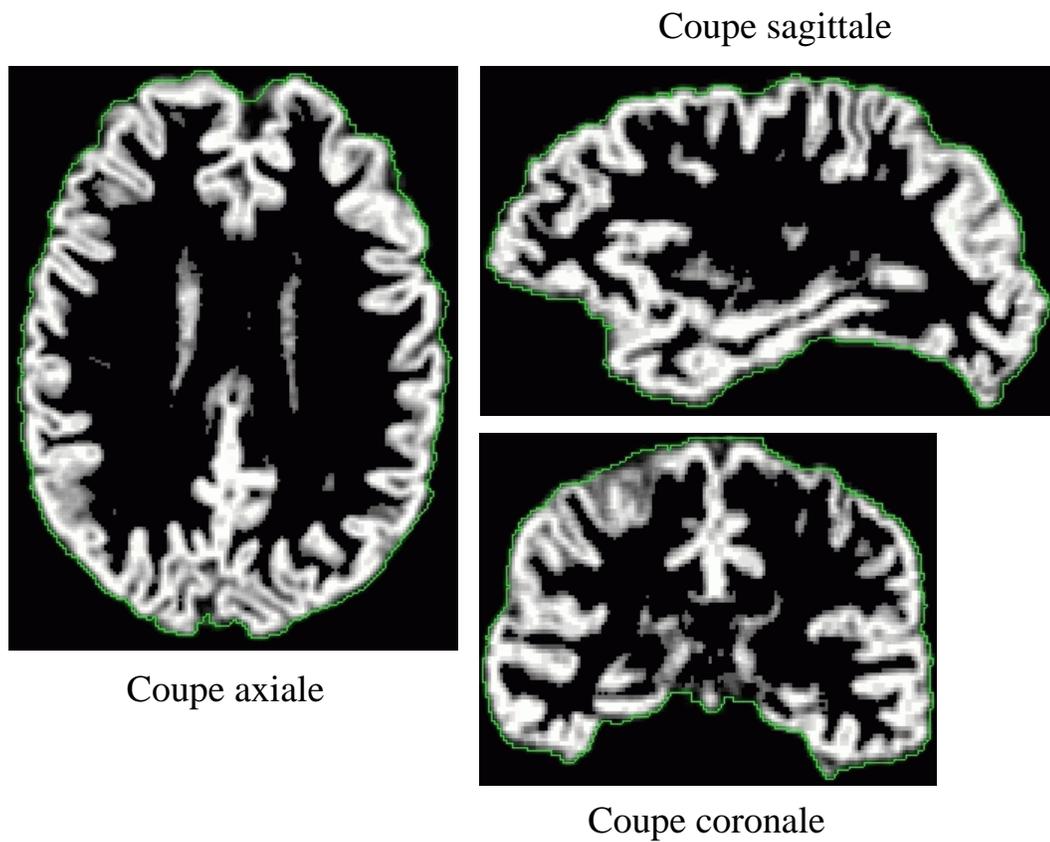


FIG. 5.3 – *Modèle cellulaire initial. Les facettes limites, en vert (l'apparence épaisseur de la surface externe est due à un défaut d'impression.), sont superposées à l'image de l'appartenance au cortex.*

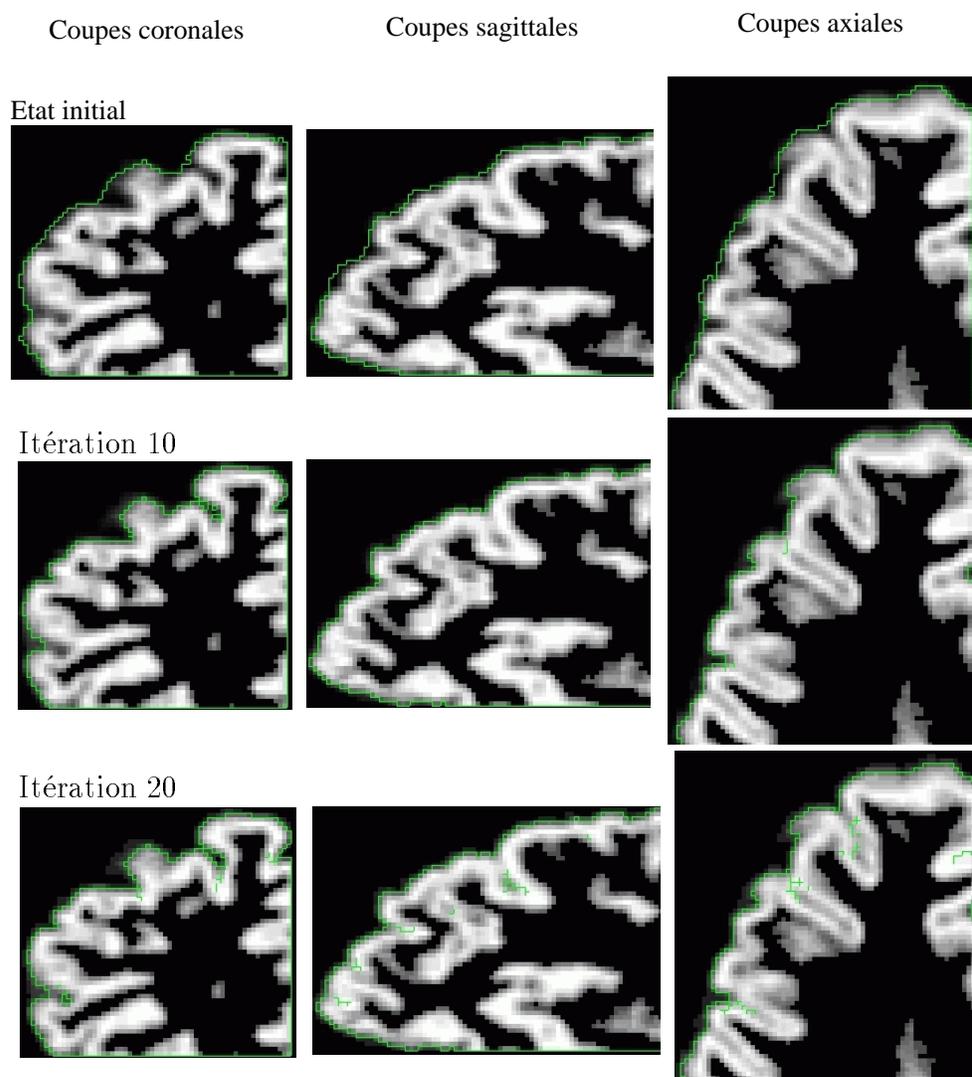


FIG. 5.4 – Evolution du modèle cellulaire (Itérations 0 à 20). Les paramètres de l'algorithme sont : $s_{volume} = 0,3$, $s_{surface} = 0,65$, $\alpha = 0,7$ et $ec = 4,0$.

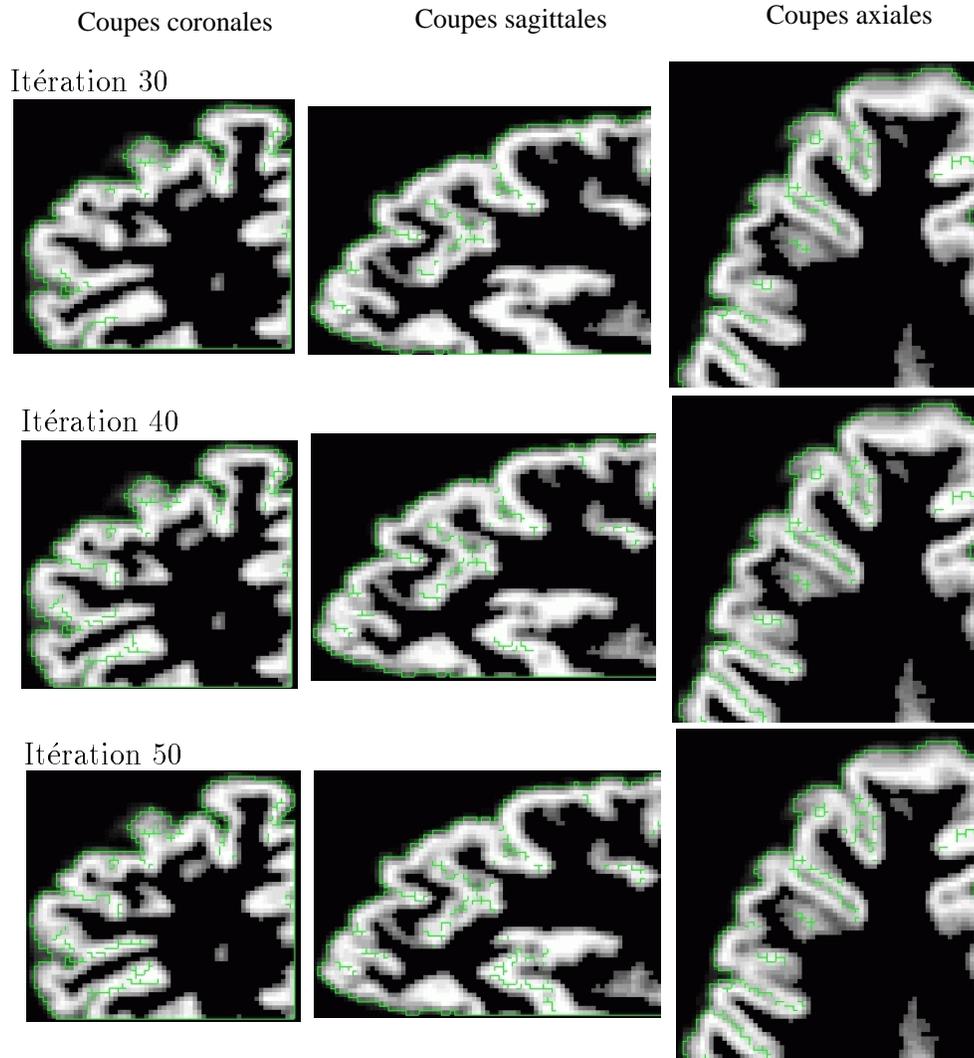


FIG. 5.5 – *Evolution du modèle cellulaire (Itérations 30 à 50). Les paramètres de l'algorithme sont : $s_{volume} = 0,3$, $s_{surface} = 0,65$, $\alpha = 0,7$ et $ec = 4,0$.*

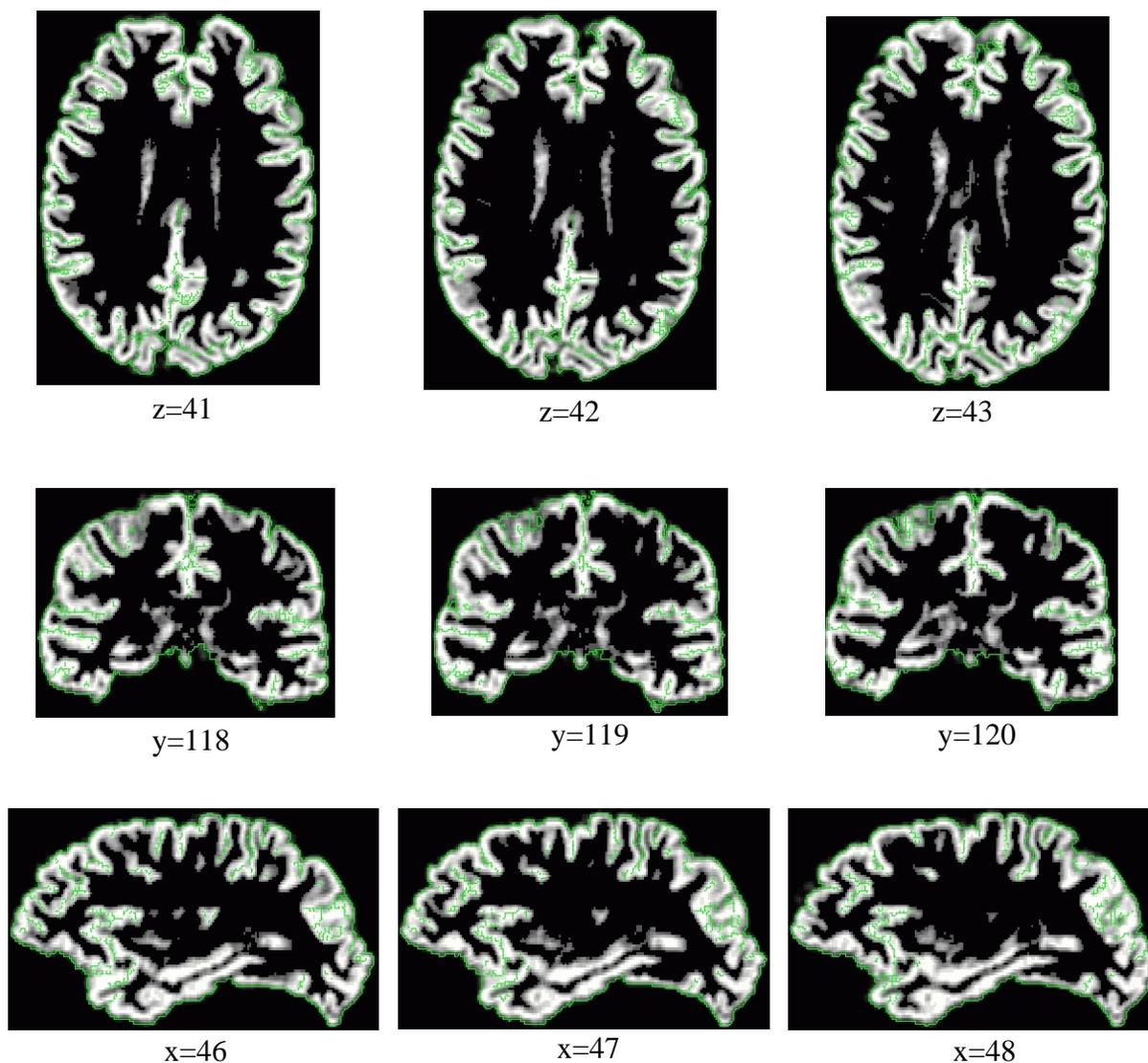


FIG. 5.6 – Résultats de la segmentation sur l'ensemble des hémisphères. Les paramètres de l'algorithme sont : $s_{volume} = 0,3$, $s_{surface} = 0,65$, $\alpha = 0,7$ et $ec = 4,0$.

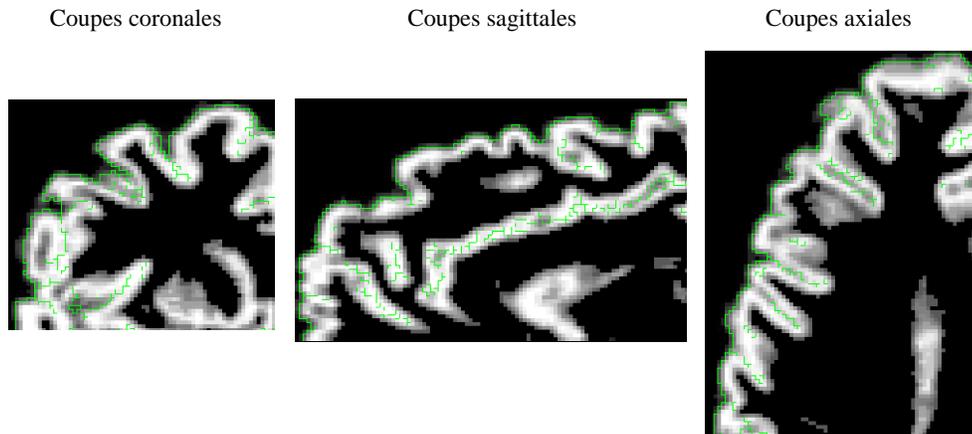


FIG. 5.7 – *Image de référence.* $s_{volume} = 0,3$, $ec = 3$, $\alpha = 0,75$ et $s_{surface} = 0,6$.

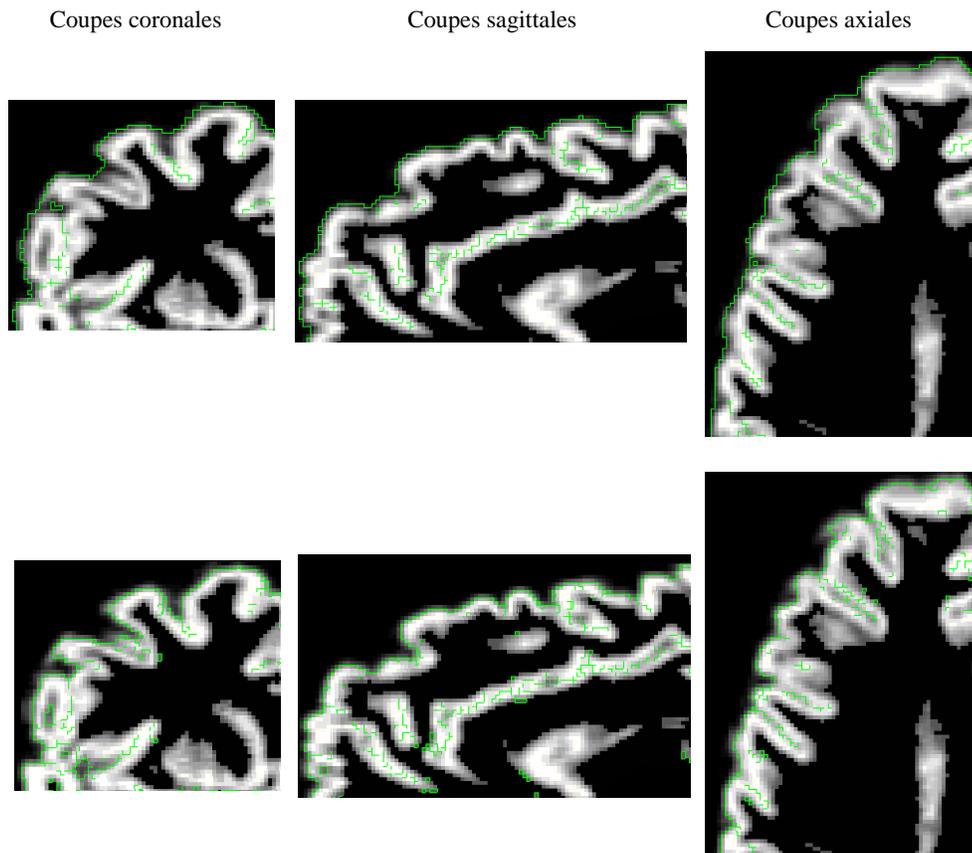


FIG. 5.8 – *Modifications de s_{volume} .* En haut : $s_{volume} = 0,1$, $ec = 3$, $\alpha = 0,75$ et $s_{surface} = 0,6$. En bas : $s_{volume} = 0,7$, $ec = 3$, $\alpha = 0,75$ et $s_{surface} = 0,6$.

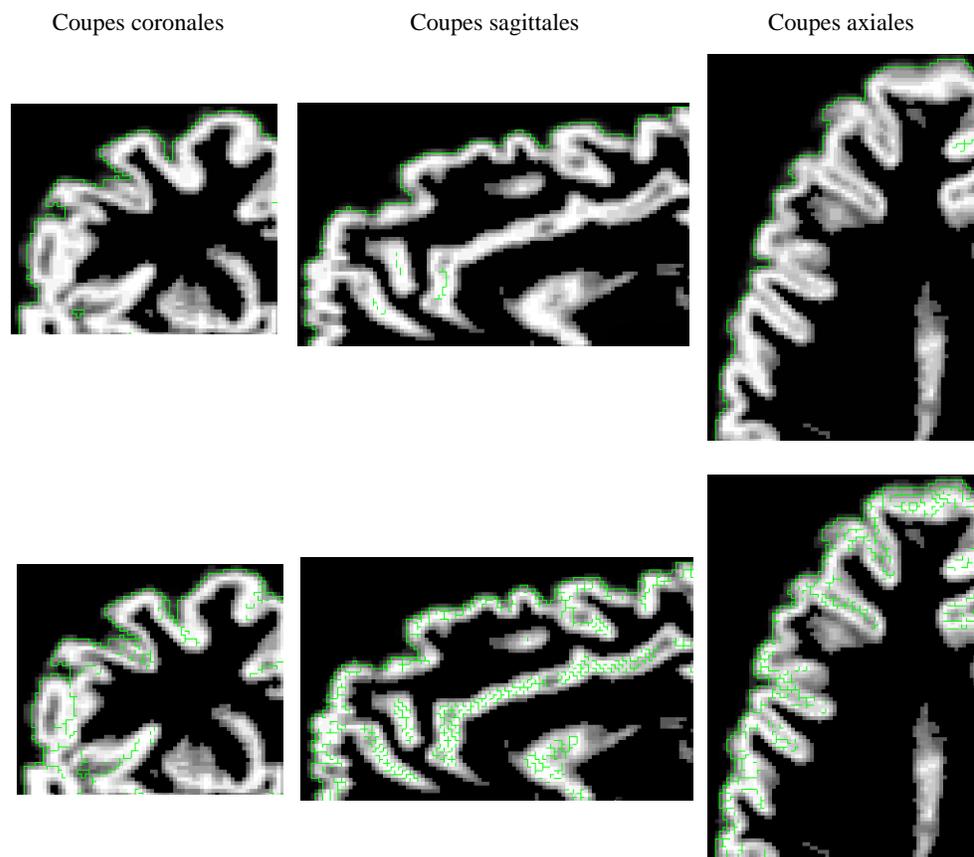


FIG. 5.9 – Modifications de $s_{surface}$. En haut : $s_{volume} = 0,3$, $ec = 3$, $\alpha = 0,75$ et $s_{surface} = 0,2$. En bas : $s_{volume} = 0,3$, $ec = 3$, $\alpha = 0,75$ et $s_{surface} = 0,9$.

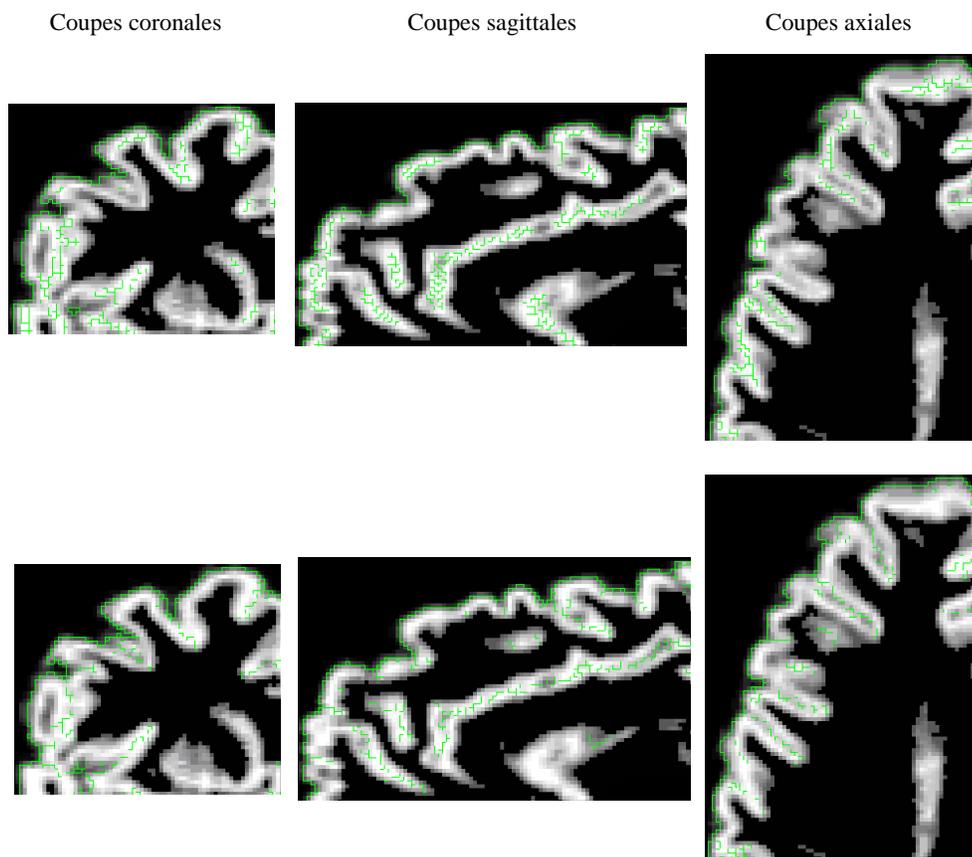


FIG. 5.10 – Modifications de α . En haut : $s_{volume} = 0,3$, $ec = 3$, $\alpha = 0$ et $s_{surface} = 0,6$. En bas : $s_{volume} = 0,3$, $ec = 3$, $\alpha = 1$ et $s_{surface} = 0,6$.

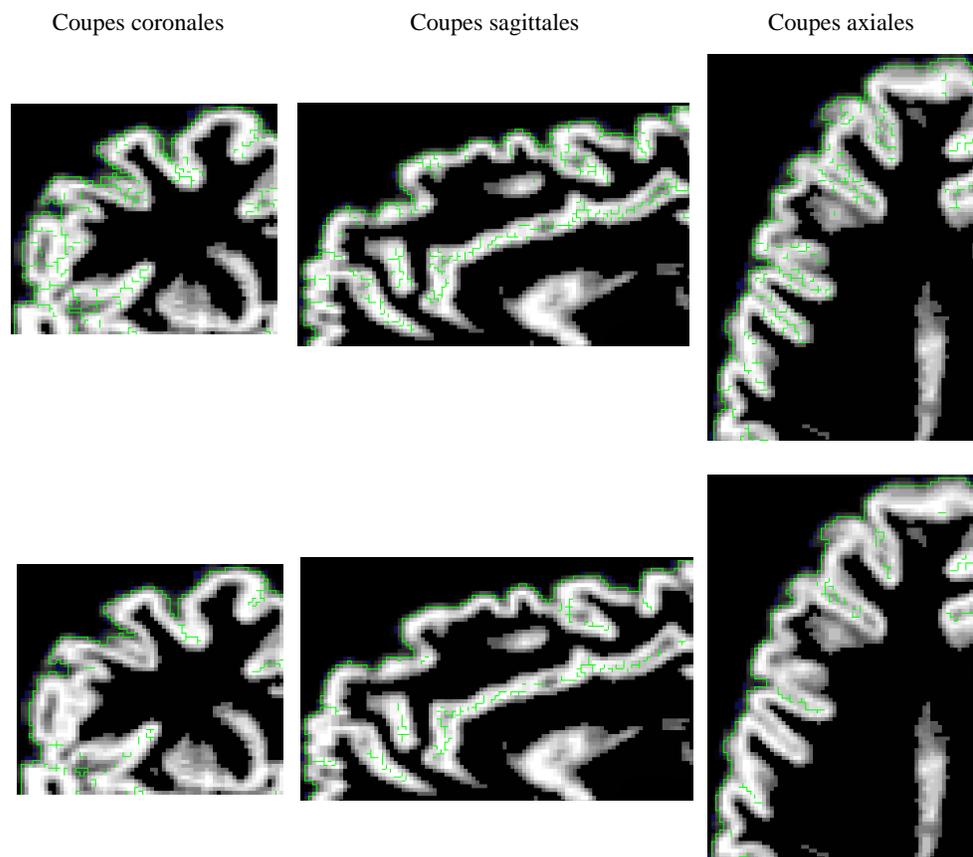


FIG. 5.11 – Modifications de ec . En haut : $s_{volume} = 0,3$, $ec = 1$, $\alpha = 0,75$ et $s_{surface} = 0,6$. En bas : $s_{volume} = 0,3$, $ec = 5$, $\alpha = 0,6$ et $s_{surface} = 0,6$.

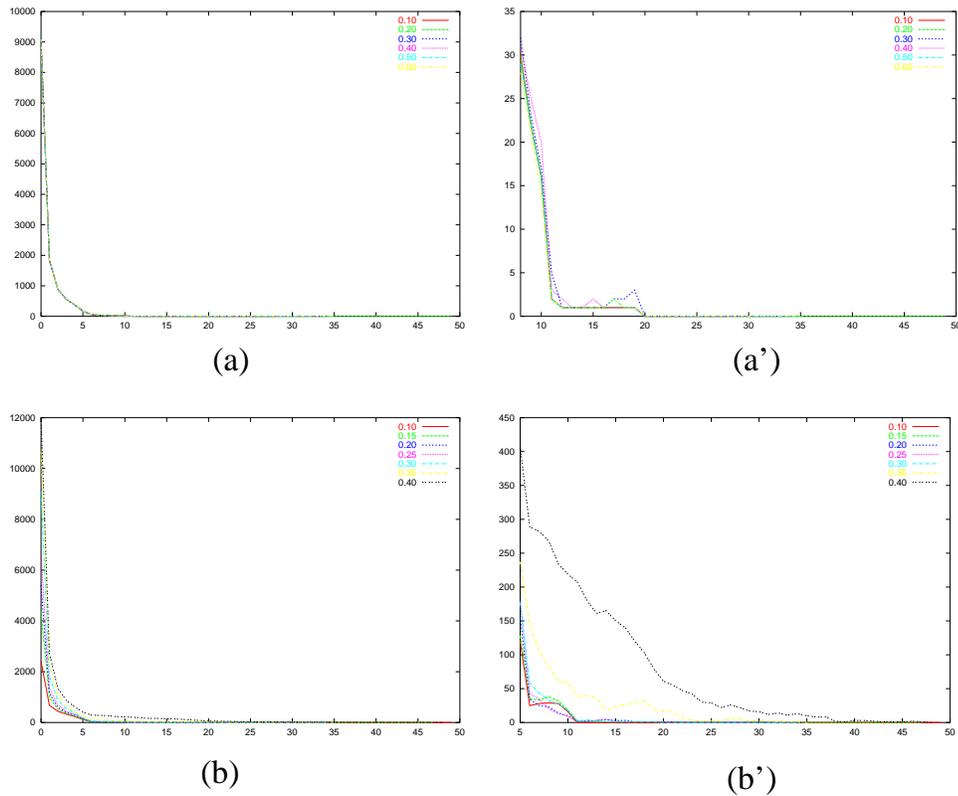


FIG. 5.12 – Convergence des surfaces externes. Nombre de cubes supprimés (ordonnées) par itération (abscisses) en fonction du paramètre $s_{surface}$ pour (a) et (a') et du paramètre s_{volume} pour (b) et (b') (chaque courbe représente une valeur du paramètre). (a) et (a') (respectivement (b) et (b')) représentent les mêmes courbes sur deux intervalles d'itérations différents permettant d'illustrer le comportement de l'algorithme aux valeurs proches de la convergence.

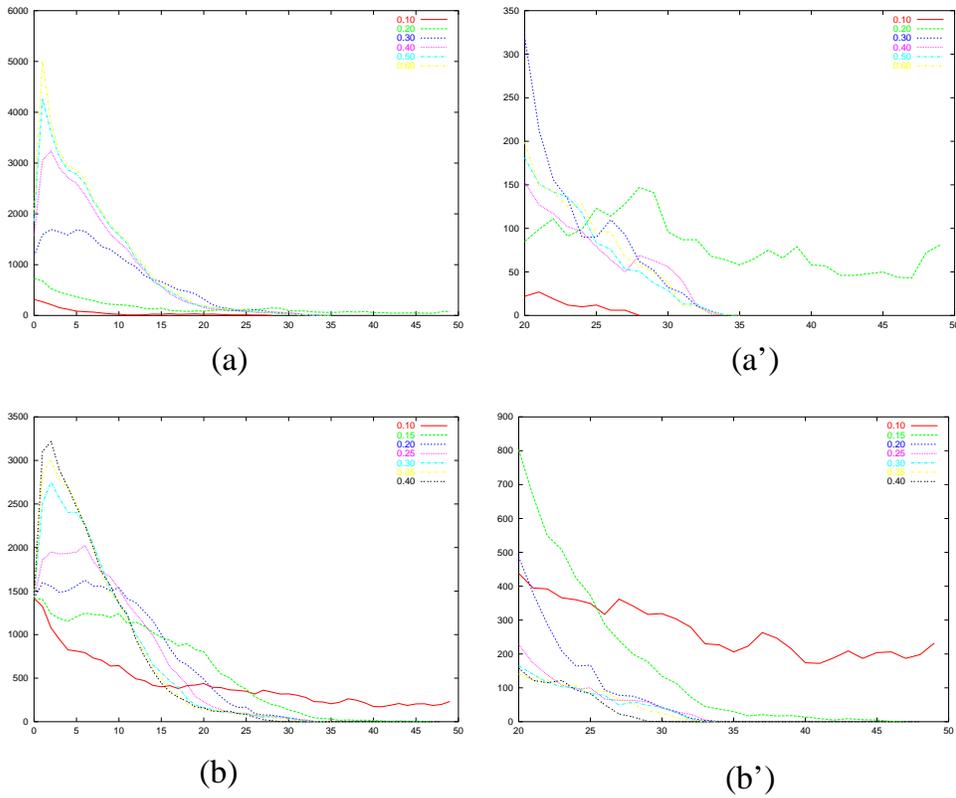


FIG. 5.13 – *Convergence des surfaces internes. Nombre de facettes supprimées (ordonnées) par itération (abscisses) en fonction du paramètre $s_{surface}$ pour (a) et (a') et du paramètre s_{volume} pour (b) et (b') (chaque courbe représente une valeur du paramètre). (a) et (a') (respectivement (b) et (b')) représentent les mêmes courbes sur deux intervalles d'itérations différents.*

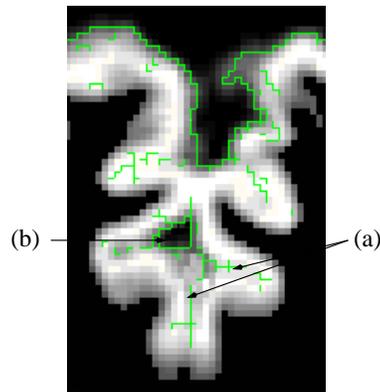


FIG. 5.14 – *Evolution du modèle aux embranchements (a) et dans les «poches» de LCR (b).*

CHAPITRE 6

Conclusion

Dans cette partie, nous avons introduit une méthode originale de segmentation de la surface corticale utilisant un modèle cellulaire homotopiquement déformable. Cette méthode se fonde sur les déformations d'un objet cellulaire initialisé sur le volume du cerveau lisse, puis déformé vers l'intérieur des sillons profonds. La représentation cellulaire qui permet de faire évoluer simultanément des surfaces et des volumes au sein du même modèle peut ainsi s'adapter à la géométrie des sillons profonds qui sont constitués à la fois de parties surfaciques et volumiques.

Pour initialiser le modèle, nous avons proposé une méthode permettant de segmenter les grandes structures cérébrales en se fondant sur des algorithmes de morphologie mathématique. Cette méthode permet de segmenter le tronc cérébral, le cervelet et les hémisphères, elle peut donc être utilisée dans de nombreuses applications (visualisation, études morphométriques, segmentation hiérarchique, etc.). Nous avons proposé plusieurs pistes pour pallier le principal inconvénient de cette méthode qui est, à notre avis, une interaction trop importante avec l'utilisateur pour permettre une utilisation en routine par des non-spécialistes du traitement d'images.

L'algorithme de segmentation que nous avons introduit utilise deux critères de guidage pour contraindre respectivement les déformations des parties volumiques et des parties surfaciques des sillons. Les déformations des parties volumiques présentent une convergence rapide et une bonne robustesse aux variations des paramètres. Les déformations des parties surfaciques sont, elles, beaucoup plus sensibles aux paramètres et leur convergence est moins forte et moins régulière, ce qui peut s'expliquer par le manque de contraintes de régularisation des surfaces internes.

Ce manque de régularité des parties surfaciques des sillons rend difficile l'interprétation qualitative des résultats. Cependant, il apparaît que les deux

termes de guidage que nous avons utilisés pour déformer les surfaces sont complémentaires et permettent une détection et une localisation correcte des sillons profonds, notamment dans les parties profondes. Cependant, l'analyse des graphes de convergence des surfaces a fait apparaître la possibilité d'un manque de contraintes lors des déplacements initiaux des surfaces. Si cette hypothèse, qu'il est difficile de confirmer ou d'infirmer en raison de l'irrégularité des résultats, s'avère exacte, il sera nécessaire d'ajouter un critère de guidage pour contraindre l'évolution initiale des surfaces internes. Un tel critère peut être fondé sur la détection des traces des sillons à la surface du cerveau.

L'amélioration de la régularité géométrique des surfaces doit permettre de faciliter l'analyse qualitative et quantitative des résultats ainsi que la comparaison avec d'autres méthodes de segmentation. Nous avons exploré plusieurs pistes pour régulariser les surfaces internes, mais n'avons réussi qu'à limiter la complexité des surfaces obtenues sans éliminer le problème de l'évolution arborescente du modèle. Toutefois, nous avons montré qu'il était possible, en modifiant légèrement l'algorithme de déformation et en utilisant un critère de régularisation fondé sur l'utilisation de cartes de distances euclidiennes et géodésiques, de forcer les déformations des surfaces vers une solution plus régulière et d'obtenir conjointement un découpage hiérarchique des surfaces en parties régulières (c'est-à-dire ne comportant ni de branches, ni de fortes courbures). Cette méthode, encore à l'étude, devrait permettre d'améliorer la qualité des résultats.

La mise au point d'un outil de visualisation dédié aux modèles cellulaires pourrait faciliter l'analyse du modèle et de ses déformations. Un tel outil doit offrir la possibilité de regarder le modèle à différents niveaux de détails, allant du voisinage cellulaire à l'ensemble du modèle ainsi qu'une visualisation tridimensionnelle dynamique permettant de changer l'angle d'observation. La difficulté de mise au point d'un tel outil ne pose pas de réelles difficultés informatiques car il existe de nombreuses bibliothèques permettant d'effectuer des rendus tridimensionnels (OpenGL, Mesa, Direct3D, etc.). Cependant l'aspect ergonomique semble assez délicat pour offrir un outil relativement simple mais permettant d'extraire des informations pertinentes à différentes échelles.

L'utilisation d'un modèle cellulaire homotopiquement déformable pour segmenter le cortex nous a permis d'atteindre deux des objectifs que nous nous étions fixés : la prise en compte des embranchements des sillons profonds (figure 5.14a) et des volumes de LCR dans les sillons (figure 5.14b). L'irrégularité des surfaces obtenues nécessite l'emploi d'une méthode de régularisation pour obtenir des résultats facilement applicables à la résolution des problèmes directs et inverses en EEG et en MEG. Cependant, en se fo-

calisant sur une zone d'intérêt, il est possible de sélectionner finement les paramètres de la méthode de segmentation pour obtenir de bons résultats.

Discussion et perspectives

Dans ce travail de thèse, nous avons construit une méthode de segmentation du cortex cérébral humain s'appuyant sur un modèle déformable original permettant de représenter et de déformer homotopiquement des objets composés de différentes dimensions locales : le modèle cellulaire. L'utilisation d'un modèle cellulaire pour segmenter le cortex est motivée par le besoin de prendre en compte la topologie et la géométrie des circonvolutions corticales profondes qui nécessitent la représentation conjointe de surfaces et de volumes.

Les contributions de notre travail peuvent être résumées suivant trois axes :

Modélisation : nous avons introduit une représentation discrète qui permet, d'une part, d'éviter les problèmes topologiques rencontrés dans les images classiques en présence de scènes composées de plusieurs objets, et d'autre part, qui étend les possibilités de modélisation des images en autorisant la représentation d'objets composés de l'union de volumes, de surfaces, de courbes et de points isolés.

Géométrie discrète : nous avons donné une définition qui généralise la notion de point simple en s'appuyant uniquement sur le graphe d'adjacence de structures géométriques ; à partir de ces résultats, nous avons introduit de nouvelles définitions permettant de caractériser les déformations homotopiques dans le cas de scènes composées de plusieurs objets ; les propriétés locales du modèle cellulaire nous ont permis de produire une caractérisation locale des déformations homotopiques d'un modèle cellulaire.

Segmentation : nous avons proposé une structure informatique et un cadre algorithmique pour l'implantation du modèle cellulaire et des algorithmes associés ; dans ce cadre, nous avons développé une méthode de segmentation s'appuyant sur les déformations homotopiques d'un modèle cellulaire ; nous avons appliqué cette méthode pour segmenter le cortex à partir d'IRM en utilisant des critères de déformation à la fois volumiques et surfaciques.

Le modèle cellulaire peut non seulement être utilisé pour représenter des objets géométriquement et topologiquement complexes, mais nous avons montré qu'il pouvait aussi être utilisé pour représenter des scènes composées d'un nombre quelconque d'objets sans être limité par des paradoxes topologiques. La modélisation cellulaire propose donc un cadre topologiquement non ambigu pour les nombreuses applications de traitement des images comme celles qui nécessitent la partition d'une image (segmentation, étiquetage, ligne de partage des eaux, etc.).

Pour construire un modèle cellulaire homotopiquement déformable, nous avons fourni une nouvelle caractérisation des déformations élémentaires d'une scène. Pour cela, nous avons choisi de construire notre raisonnement théorique en nous appuyant principalement sur la notion de graphe d'adjacence. Cette approche permet de facilement adapter nos résultats théoriques à des structures associant une partition finie de \mathbb{R}^3 à un graphe d'adjacence ; il est possible, par exemple, d'utiliser nos définitions pour caractériser les «régions simples» d'une partition d'une image. Nous avons introduit une condition sur les graphes de voisinage qui autorise la caractérisation locale des éléments simples. Nous espérons que l'approche que nous avons utilisée aura contribué au rapprochement entre le domaine de la géométrie discrète et celui du traitement d'images.

Nous avons montré que le modèle cellulaire vérifiait les propriétés locales permettant la caractérisation locale des cellules simples, ce qui nous a permis de construire un algorithme de déformation homotopique d'un modèle cellulaire. Nous avons introduit une notion de limite permettant de caractériser l'interface entre un objet cellulaire et son complémentaire. Nous avons étudié succinctement le comportement topologique de la limite quand un objet est homotopiquement déformé, ce qui nous a amenés à définir une nouvelle relation de connexité. Une étude plus approfondie de la topologie de la limite munie de sa nouvelle connexité pourrait permettre de dégager les liens topologiques existant entre les limites de deux objets homotopiquement équivalents.

Afin d'étendre des techniques de traitement d'images aux modèles cellulaires, nous avons introduit une distance entre les cellules ainsi qu'un algorithme de calcul de distance géodésique. Pour aller plus loin, il serait nécessaire d'étudier le comportement de cette distance par rapport à la distance euclidienne et à d'autres distances discrètes, et de vérifier s'il est possible d'adapter au modèle cellulaire des méthodes classiques de calcul de distances discrètes, comme les méthodes de chanfrein.

Nous avons mis au point un algorithme de segmentation du cortex s'appuyant sur la déformation d'un objet cellulaire à l'intérieur des sillons. La

modélisation cellulaire permet, d'une part, de préserver la topologie sphérique du modèle initial et ainsi d'être en accord avec la topologie corticale et, d'autre part, assure une adaptation dynamique des dimensions locales du modèle, permettant ainsi de faire évoluer des surfaces dans les parties fines des sillons et des volumes quand ces surfaces atteignent des «poches» de LCR.

Pour permettre au modèle de prendre en compte l'arborescence des sillons corticaux, nous avons choisi une approche qui s'appuie sur la restriction des déformations d'un modèle très libre. Bien que les critères utilisés pour guider le modèle aient donné des détections et des localisations acceptables, cette approche des déformations a entraîné un manque de régularité des surfaces segmentées. L'introduction d'un critère de régularisation dans les déformations du modèle permettra de mieux évaluer les performances des critères guidant les déformations et de les affiner pour obtenir une segmentation optimale. Le développement d'un outil de visualisation approprié à la structure du modèle cellulaire pourra aussi permettre de faciliter l'analyse des résultats.

Nous avons proposé plusieurs méthodes pour régulariser les résultats. La difficulté de cette étape réside dans la différence d'échelle entre la régularité d'une surface, qui correspond à une information régionale ou globale, et les déformations du modèle cellulaire qui sont très locales, bien qu'elles puissent s'appuyer sur des critères de déformation régionaux ou globaux. Pour pallier cette difficulté, nous avons proposé l'utilisation d'une approche s'appuyant sur la comparaison des distances euclidiennes et géodésiques des points de la surface. Cette approche possède l'avantage de s'appuyer sur des informations définies pour tous les points d'un modèle cellulaire, elle peut donc permettre de régulariser conjointement des déformations volumiques, surfaciques et linéaires.

Cette approche de la régularisation nous a permis de proposer un algorithme permettant à la fois de régulariser les déformations du modèle et de découper le résultat en surfaces simples correspondant chacune à un sillon. Cette méthode, qui reste à approfondir, pourrait permettre, d'une part, de choisir la précision de la segmentation en ne considérant pas les sillons trop petits et, d'autre part, de faciliter l'utilisation de cette méthode de segmentation pour des applications d'identification des sillons.

Dans le cadre des problèmes directs et inverses en EEG et en MEG, la méthode de segmentation que nous avons présentée possède un double avantage: elle peut permettre, d'une part, la régularisation du problème inverse en s'appuyant sur la géométrie et la topologie corticale pour contraindre les dipôles modélisant l'activité cérébrale; d'autre part, la géométrie des cellules du modèle cellulaire permet de construire facilement une tétraédrisation des volumes du modèle obtenu ainsi qu'une triangulation de sa surface. Ces mo-

délisations polyédriques peuvent être utilisées pour la résolution du problème direct et peuvent aussi servir d'initialisation pour des algorithmes permettant d'obtenir une triangulation plus régulière ou moins dense.

ANNEXE A

Les systèmes de voisinage du modèle cellulaire

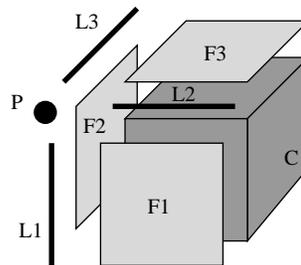


FIG. A.1 – Les différentes cellules composant un modèle cellulaire (voir chapitre 4 page 90).

Déplacement (x, y, z)	Cellules voisines
0, 0, 0	P, L1, L2, L3, F1, F2, F3
1, 0, 0	P, L1, L3, F2
0, 1, 0	P, L2, L3, F3
0, 0, 1	P, L1, L2, F1
1, 1, 0	P, L3
1, 0, 1	P, L1
0, 1, 1	P, L2
1, 1, 1	P

TAB. A.1 – Voisins d'un Cube

Déplacement (x, y, z)	Cellules voisines
0, 0, 0	L1, L2, L3, F1, F2, F3, C
-1, 0, 0	L2, F1, F3, C
0, -1, 0	L1, F1, F2, C
0, 0, -1	L3, F2, F3, C
-1, -1, 0	F1, C
-1, 0, -1	F3, C
0, -1, -1	F2, C
-1, -1, -1	C

TAB. A.2 – *Voisins d'un Point*

Déplacement (x, y, z)	Cellules voisines
0, 0, 0	P, F1, F2, C
0, 1, 0	P
-1, 0, 0	F1, C
0, 0, -1	F2, C
-1, 0, -1	C

TAB. A.3 – *Voisins d'une Ligne L1*

Déplacement (x, y, z)	Cellules voisines
0, 0, 0	P, F1, F3, C
1, 0, 0	P
0, -1, 0	F1, C
0, 0, -1	F3, C
0, -1, -1	C

TAB. A.4 – *Voisins d'une Ligne L2*

Déplacement (x, y, z)	Cellules voisines
0, 0, 0	P, F2, F3, C
0, 0, 1	P
-1, 0, 0	F3, C
0, -1, 0	F2, C
-1, -1, 0	C

TAB. A.5 – *Voisins d'une Ligne L3*

Déplacement (x, y, z)	Cellules voisines
0, 0, 0	P, L1, L2, C
1, 0, 0	P, L1
0, 1, 0	P, L2
1, 1, 0	P
0, 0, -1	C

TAB. A.6 – *Voisins d'une facette F1*

Déplacement (x, y, z)	Cellules voisines
0, 0, 0	P, L1, L3, C
0, 1, 0	P, L3
0, 0, 1	P, L1
0, 1, 1	P
-1, 0, 0	C

TAB. A.7 – *Voisins d'une facette F2*

Déplacement (x, y, z)	Cellules voisines
0, 0, 0	P, L2, L3, C
1, 0, 0	P, L3
0, 0, 1	P, L2
1, 0, 1	P
0, -1, 0	C

TAB. A.8 – *Voisins d'une facette F3*

ANNEXE B

Abbréviations et notations

EEG	électroencéphalographie
IRM	imagerie par résonance magnétique
LCR	liquide céphalorachidien
MEG	magnétoencéphalographie
\mathbb{N}	ensemble des nombres entiers naturels
\mathbb{Z}	ensemble des nombres entiers relatifs
\mathbb{R}	ensemble des nombres réels
$s_1 \stackrel{O}{\sim} s_2$	s_1 et s_2 sont voisins sur O
$s_1 \not\stackrel{O}{\sim} s_2$	s_1 et s_2 ne sont pas voisins sur O
$N_O(s)$	ensemble des points de O voisins de s
γ_\emptyset	chemin vide
Γ_O	ensemble des chemins de O
$s_1 \stackrel{O}{\longleftrightarrow} s_2$	il existe un chemin sur O reliant s_1 à s_2
$s_1 \not\stackrel{O}{\longleftrightarrow} s_2$	il n'existe pas de chemin sur O reliant s_1 à s_2
$N_{CC}(O)$	nombre de composantes connexes de O
Ω_O	ensemble des boucles de O
$\omega_1 \stackrel{O}{\simeq} \omega_2$	ω_1 et ω_2 sont équivalentes sur O à une déformation élémentaire près
$\omega_1 \stackrel{O}{\sim} \omega_2$	ω_1 et ω_2 sont équivalentes sur O
$[\omega]_O$	ensemble des boucles équivalentes à ω sur O
S_O	ensemble des éléments simples de O
H_e	ensemble d'homotopie de e

Bibliographie

- [ALEK-56] P. S. ALEKSANDROV, *Combinatorial Topology*, Graylock Press, New York, USA, 1956.
- [ALEX-37] P. ALEXANDROFF, *Diskrete räume*, Mat. Sbornik, 2 (1937), pp. 501–518.
- [ALGO-95] M.-E. ALGORRI, *Génération et simplification de maillages pour la reconstruction de surfaces à partir de points non structurés*, Thèse de doctorat, Télécom-Paris ENST 95E024, Sept. 1995.
- [ALLA-93] P. ALLAIN, J. TRAVÈRE, D. BLOYET, J. BARON, ET M. DESVIGNES, *Segmentation entièrement automatique du volume cérébral observé par résonance magnétique*, dans Proceedings GRETSI, Juan-les-pins, France, Sept. 1993, pp. 1275–1278.
- [ANTO-96] J. ANTON, *De l'imagerie par résonance magnétique fonctionnelle aux activations des populations de neurones chez l'homme*, Thèse de doctorat, Ecole des Hautes Etudes en Sciences Sociales, 1996.
- [ARTZ-81] E. ARTZY, G. FRIEDER, ET G. T. HERMAN, *The theory, design, implementation and evaluation of a three-dimensional surface detection algorithm*, Computer Vision, Graphics and Image Processing: Graphical Models and Image Processing, 15 (1981), pp. 1–24.
- [ASHT-97] E. ASHTON, K. PARKER, M. BERG, ET C. CHEN, *A novel volumetric feature extraction technique with applications to MR images*, IEEE Transactions on Medical Imaging, 16 (1997), pp. 365–371.
- [ATKO-96] Z. AKTOUF, G. BERTRAND, ET L. PERROTON, *A three-dimensional holes closing algorithm*, dans Proceedings of DG-

- CI'96, vol. 1176 of Lecture Notes in Computer Science, 1996, pp. 36–48.
- [AURD-97] L. AURDAL, *Analyse d'images IRM 3D multi-échos pour la détection et la quantification de pathologies cérébrales*, Thèse de doctorat, Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications, Mars 1997. (ENST 97 E 034).
- [AYAC-98] N. AYACHE, *L'analyse automatique des images médicales: Etat de l'art et perspectives*, Rapp. Tech. 3364, INRIA, Sophia-Antipolis, France, Fev. 1998.
- [BAIL-96] S. BAILLET ET L. GARNERO, *A bayesian approach to introducing anatomo-functional priors into the EEG / MEG inverse problem*, IEEE Transactions on BME, (1996).
- [BAIL-98] S. BAILLET, *Vers une imagerie fonctionnelle de l'électrophysiologie corticale. Modélisation markovienne pour l'estimation des sources de l'électro/magnétoencéphalographie et évaluations expérimentales*, Thèse de doctorat, Université de Paris XI Orsay, 1998. (ORSAY 5353).
- [BALL-65] G. H. BALL ET D. J. HALL, *ISODATA, a novel method of data analysis and pattern classification*, rapp. tech., Stanford Research Institute, 1965.
- [BELL-91] J. BELLIVEAU, D. KENNEDY, R. MCKINSTRY, B. BUCHBINDER, R. WEISSKOFF, M. COHEN, J. VEVEA, T. BRADY, ET B. ROSEN, *Functional mapping of the human visual cortex by MRI*, Science, 254 (1991), pp. 716–719.
- [BELL-97] J. W. BELLIVEAU, *Dynamic human brain mapping using combined fMRI, EEG and MEG*, dans Ecole de Formation - Approches des Fonctions Cognitives par les Méthodes de Neuroimagerie, Cabourg, France, Juin 1997.
- [BERT-82] G. BERTRAND, *Topologie dans les images numériques*. Rapport de DEA, Ecole Centrale des Arts et Manufactures, 1982.
- [BERT-94a] G. BERTRAND ET G. MALANDAIN, *A new characterization of three-dimensional simple points*, Pattern Recognition Letters, 15 (1994), pp. 169–175.
- [BERT-94b] G. BERTRAND, *Simple points, topological numbers and geodesic neighbourhoods in cubic grids*, Pattern Recognition Letters, 15 (1994), pp. 1003–1011.

- [BERT-97] G. BERTRAND ET M. COUPRIE, *Some structural properties of discrete surfaces*, dans Proceedings of DGCI'97, vol. 1347 of Lecture Notes in Computer Science, Montpellier, France, Dec. 1997, pp. 113–124.
- [BERT-99] G. BERTRAND, *New notions for discrete topology*, dans Proceedings of DGCI'99, vol. 1568 of Lecture Notes in Computer Science, Marne-la-vallée, France, Mars 1999, pp. 218–228.
- [BOMA-90] M. BOMANS, H. HOHNE, U. TIEDE, ET M. RIEMER, *3-D segmentation of MR images of the head for 3-D display*, IEEE Transactions on Medical Imaging, 9 (1990), pp. 177–183.
- [BORG-86] G. BORGEFORS, *Distance transformations in digital images*, Computer Vision, Graphics, and Image Processing, 34 (1986), pp. 344–371.
- [BROD-25] K. BRODMANN, *Vergleichende Lokalisationslehre der Großhirnrinde*, Barth, Leipzig, Allemagne, 1925.
- [BURG-82] M. BURGEAT ET D. KAYSER, *Biophysique du neurone*, Masson, Paris, France, 1982.
- [CASE-97] V. CASELLES, R. KIMMEL, ET G. SAPIRO, *Geodesic active contours*, International Journal of Computer Vision, 22 (1997), pp. 61–79.
- [CHAS-79] J. M. CHASSERY, *Connectivity and consecutivity in digital pictures*, Computer Vision and Image Processing, 9 (1979), pp. 294–300.
- [CHAS-91] J. M. CHASSERY ET A. MONTANVERT, *Géométrie discrète en analyse d'images*, Hermes, 1991.
- [COCQ-95] J. P. COCQUEREZ ET S. PHILIPP, *Analyse d'images : filtrage et segmentation*, Masson, 1995.
- [COHE-92] I. COHEN, *Modèles déformables 2D et 3D : application à la segmentation d'images médicales*, Thèse de doctorat, Université Paris IX - Dauphine, 1992.
- [COHE-94] I. COHEN ET L. COHEN, *A hybrid hyperquadric model for 2D and 3D data fitting*, Rapp. Tech. 2188, INRIA, 1994.
- [COIN-98] Y. COINTEPAS, I. BLOCH, ET L. GARNERO, *Cellular complexes: A tool for 3D homotopic segmentation in brain images*, dans Proceedings of ICIP'98, vol. 3, Chicago, USA, 1998, pp. 832–836.

- [COIN-99] Y. COINTEPAS, I. BLOCH, ET L. GARNERO, *A discrete homotopic deformable model dealing with objects with different local dimensions*, dans Discrete Geometry for Computer Imaging, Noisy-le-Grand, France, Mars 1999, pp. 258–271.
- [COIN-99b] Y. COINTEPAS, I. BLOCH, ET L. GARNERO, *Joined segmentation of cortical surface and brain volume in MRI using a homotopic deformable cellular model*, dans 3-D Digital Imaging and Modeling, Ottawa, Canada, Oct. 1999.
- [COLL-94] D. L. COLLINS, P. NEELIN, ET A. C. EVANS, *Automatic 3D intersubject registration of MR volumetric data in standardized Talairach space*, Journal of Computer Assisted Tomography, 18 (1994), pp. 192–205.
- [DALE-93] A. M. DALE ET M. I. SERENO, *Improved localization of cortical activity by combining EEG and MEG with MRI cortical surface reconstruction: A linear approach*, Journal of Cognitive Neuroscience, 5 (1993), pp. 162–176.
- [DAVA-95] C. DAVATZIKOS ET J. PRINCE, *An active contour model for mapping the cortex*, IEEE Transactions on Medical Imaging, 14 (1995), pp. 65–80.
- [DAVA-96] C. DAVATZIKOS, *Using a deformable surface model to obtain a shape representation of the cortex*, IEEE Transactions on Medical Imaging, 15 (1996), pp. 785–795.
- [DECL-95] J. DECLERCK, G. SUBSOL, J.-P. THIRION, ET N. AYACHE, *Automatic retrieval of anatomical structures in 3D medical images*, Rapp. Tech. 2485, INRIA, Sophia-Antipolis, France, Fev. 1995.
- [DERI-87] H. DERIN ET H. ELLIOT, *Modeling and segmentation of noisy and textured images using Gibbs random fields*, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 9 (1987), pp. 39–55.
- [DIDA-70] E. DIDAY, *Une nouvelle méthode de classification automatique et de reconnaissance des formes : la méthode des nuées dynamiques*, Revue de Statistique Appliquée, 19 (1970).
- [DUYN-96] J. DUYN, Y. YANG, J. FRANCK, V. MATTAY, ET L. HOU, *Functional magnetic resonance neuroimaging data acquisition techniques*, Neuroimage, 4 (1996), pp. 76–83.

-
- [FOK-96] Y. L. FOK, J. C. K. CHAN, ET R. T. CHIN, *Automated analysis of nerve-cell images using active contour models*, IEEE Transactions on Medical Imaging, 15 (1996), pp. 353–368.
- [FRAN-95] J. FRANÇON, *Discrete combinatorial surfaces*, Computer Vision, Graphics and Image Processing: Graphical Models and Image Processing, 57 (1995), pp. 20–26.
- [GABO-96] G. SZÉKELY, A. KELEMEN, C. BRECHBÜHLER, ET G. GERIG, *Segmentation of 2-D and 3-D objects from MRI volume data using constrained elastic deformations of flexible fourier contour and surface models*, Medical Image Analysis, 1 (1996), pp. 19–34.
- [GEE-93] J. C. GEE, M. REIVICH, ET R. BAJCSY, *Elastically deforming a three-dimensional atlas to match anatomical brain images*, Journal of Computer Assisted Tomography, 17 (1993), pp. 225–236.
- [GERA-98] T. GÉRAUD, *Segmentation des structures internes du cerveau en imagerie par résonance magnétique tridimensionnelle*, Thèse de doctorat, Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications, Juin 1998. (ENST 98 E 012).
- [GERA-99] T. GÉRAUD, I. BLOCH, ET H. MAÎTRE, *Atlas-guided Recognition of Cerebral Structures in MRI using Fusion of Fuzzy Structural Information*, dans CIMAF'99 Symposium on Artificial Intelligence, La Havana, Cuba, Mars 1999, pp. 99–106.
- [GLOO-85] P. GLOOR, *Neuronal generators and the problem of localization in electroencephalography*, Jour. of Clin. Neuropsychol., 2 (1985), pp. 327–354.
- [GODB-71] C. GODBILLON, *Eléments de topologie algébrique*, Hermann, 1971.
- [GORD-89] D. GORDON ET J. K. UDUPA, *Fast surface tracking in three-dimensional binary images*, Computer Vision, Graphics, and Image Processing, 45 (1989), pp. 196–241.
- [GOUA-99] G. L. GOUALHER, E. PROCYK, D. L. COLLINS, R. VENUGOPAL, C. BARILLOT, ET A. C. EVANS, *Automated extraction and variability analysis of sulcal neuroanatomy*, IEEE Transactions on Medical Imaging, 18 (1999), pp. 206–217.
-

- [HALL-96] J. HALLER, G. CHRISTENSEN, S. JOSHI, J. NEWCOMER, M. MILLER, J. CSERNANSKY, ET M. VANNIER, *Hippocampal MR imaging morphometry by means of general pattern matching*, Radiology, 199 (1996), pp. 787–791.
- [HAMA-93] M. HÄMÄLÄINEN, R. HARI, R. J. ILMONIEMI, J. KNUUTILA, ET O. V. LOUNASMAA, *Magnetoencephalography theory, instrumentation and applications to noninvasive studies of the working human brain*, Reviews of Modern Physics, 65 (1993), pp. 413–497.
- [HARR-91] G. J. HARRIS, E. H. RHEW, T. NOGA, ET G. PEARISON, *User-friendly method for rapid brain and CSF volume calculation using transaxial MRI images*, Psych. Res.: Neuroimag., 40 (1991), pp. 61–68.
- [HARR-94] G. J. HARRIS, P. E. BARTA, L. W. PENG, S. LEE, P. D. BRETTSCHEIDER, A. SHAH, J. D. HENDERER, T. E. SCHLAEPFER, ET G. D. PEARISON, *MR volume segmentation of gray matter and white matter using manual thresholding*, American Journal of Neuroradiology, 15 (1994), pp. 225–230.
- [HEIN-92] K. H. HÖNE ET W. A. HANSON, *Interactive segmentation of MRI and CT volumes using morphological operations*, Journal of Computer Assisted Tomography, 16 (1992), pp. 285–294.
- [HEIN-97] T. HEINONEN, H. ESKOLA, P. DASTIDAR, P. LAARNE, ET J. MALMIVUO, *Segmentation of T1 MR scans for reconstruction of resistive head models*, Computer Methods and Programs in Biomedecine, 5 (1997), pp. 173–181.
- [HELM-53] H. HELMHOLTZ, *Über einige Gesetze der Verteilung elektrischer Ströme in körperlichen Leitern, mit Anwendung auf die tierisch-elektrischen Versuche*, Ann. Phys. Chem., 89 (1853), pp. 211–233, 353–377.
- [HERM-78] G. T. HERMAN ET H. K. LIU, *Dynamic boundary surface detection*, Computer Vision, Graphics, and Image Processing, 7 (1978), pp. 130–138.
- [HERM-83] G. T. HERMAN, *A topological proof of a surface tracking algorithm*, Computer Vision, Graphics, and Image Processing, 23 (1983), pp. 162–177.
- [HERM-90] G. T. HERMAN, *On topology as applied to image analysis*, Computer Vision, Graphics, and Image Processing, 52 (1990), pp. 409–415.

- [HERM-92] G. T. HERMAN, *Discrete multidimensional Jordan surfaces*, Computer Vision, Graphics and Image Processing: Graphical Models and Image Processing, 54 (1992), pp. 507–515.
- [HOCK-88] J. G. HOCKING ET G. S. YOUNG, *Topology*, Dover, New York, USA, 1988.
- [HOHN-92] K. H. HÖHNE ET W. HANSON, *Interactive 3-D segmentation of MRI and CT volumes using morphological operations*, Journal of Computer Assisted Tomography, 16 (1992), pp. 285–294.
- [JEZZ-96] P. JEZZARD ET A. SONG, *Technical foundations and pitfalls of clinical fMRI*, Neuroimage, 4 (1996), pp. 63–75.
- [KAHL-90] W. KAHLE, H. LEONHARDT, ET W. PLATZER, *Anatomie 3 - Système nerveux*, Flammarion-Médecine-Sciences, 2 ed., 1990.
- [KAPU-96] T. KAPUR, W. GRIMSON, W. WELLS, ET R. KIKINIS, *Segmentation of brain tissue from magnetic resonance images*, Medical Image Analysis, 1 (1996), pp. 109–127.
- [KASS-88] M. KASS, A. WITKIN, ET D. TERZOPOULOS, *Snakes: Active contour models*, International Journal of Computer Vision, 1 (1988), pp. 321–331.
- [KENM-96] Y. KENMOCHI, A. IMIYA, ET N. EZQUERRA, *Polyhedra generation from lattice points*, dans Lecture Notes in Computer Science, vol. 1176, Springer, 1996, pp. 127–138.
- [KENM-98] Y. KENMOCHI ET A. IMIYA, dans Advances in Digital and Computational Geometry, R. Klette, A. Rosenfeld, et F. Sloboda, eds., Springer, 1998, pp. 285–316.
- [KENN-89] D. N. KENNEDY, P. A. FILIPEK, ET V. CAVINESS, *Automatic segmentation and volumetric calculations in nuclear magnetic resonance imaging*, IEEE Transactions on Medical Imaging, 8 (1989), pp. 1–7.
- [KHAL-69] E. KHALIMSKY, *On topologies of generalized segments*, Soviet Math. Doklady, 10 (1969), pp. 1508–1511.
- [KHAL-90b] E. KHALIMSKY, R. KOPPERMANN, ET P. R. MEYER, *Computer graphics and connected topologies on finite ordered sets*, Topology and its Applications, 36 (1990), pp. 1–17.

- [KONG-89] T. Y. KONG ET A. ROZENFELD, *Digital topology: Introduction and survey*, Computer Vision, Graphics, and Image Processing, 48 (1989), pp. 357–393.
- [KONG-91] T. Y. KONG, R. KOPPERMAN, ET P. MEYER, *A topological approach to digital topology*, American Mathematical Monthly, 38 (1991), pp. 901–917.
- [KONG-92] T. Y. KONG ET J. K. UDUPA, *A justification of a fast surface tracking algorithm*, Computer Vision, Graphics and Image Processing: Graphical Models and Image Processing, 54 (1992), pp. 162–170.
- [KOVA-84] V. A. KOVALEVSKY, *Discrete topology and contour definition*, Pattern Recognition Letters, 2 (1984), pp. 281–288.
- [KOVA-89] V. A. KOVALEVSKY, *Finite topology as applied to image analysis*, Computer Vision, Graphics, and Image Processing, 46 (1989), pp. 141–146.
- [KOVA-94] V. KOVALEVSKY, *Topological foundations of shape analysis*, NATO ASI Series, Series F, 126 (1994), pp. 21–36.
- [LACH-99] J. LACHAUD ET A. MONTANVERT, *Deformable meshes with automated topology changes for coarse-to-fine three-dimensional surface extraction*, Medical Image Analysis, 3 (1999), pp. 187–207.
- [LEBH-95] D. LEBIHAN, P. JEZZARD, J. HAXBY, N. SADATO, L. RUECKERT, ET V. MATTAY, *Functional magnetic resonance of the brain*, Annals of Internal Medicine, 122 (1996), pp. 296–303.
- [LIAN-92] C. LIANG, *Dynamic elastic model for generating deformation process of 3D objects*, dans SPIE, Curves and Surfaces in Computer Vision and Graphics, vol. 1830, 1992, pp. 321–332.
- [LIM-89] K. O. LIM ET A. PFEFFERBAUM, *Segmentation of MR brain images into cerebrospinal fluid spaces, white and gray matter*, Journal of Computer Assisted Tomography, 13 (1989), pp. 588–593.
- [LIU-77] H. K. LIU, *Two- and three-dimensional boundary detection*, Computer Vision, Graphics, and Image Processing, 6 (1977), pp. 123–134.

- [LIU-96] A. K. LIU, A. M. SERENO, B. R. ROSEN, ET J. W. BELLIVEAU, *fMRI-constrained linear estimation of cortical activity from EEG and MEG measurement: a model study*, dans Tenth International Conference on Biomagnetism, vol. 21, Santa Fe, USA, 1996.
- [LONG-95] L. LATECKI, *Multicolor well-composed pictures*, Pattern Recognition Letters, 16 (1995), pp. 425–431.
- [MACD-94] D. MACDONALD, D. AVIS, ET A. C. EVANS, *Multiple surface identification and matching in magnetic resonance images*, dans SPIE - Visualization in Biomedical Computing 94, vol. 2359, Rochester, USA, 1994, The International Society for Optical Engineering, pp. 160–169.
- [MACH-98] A. M. C. MACHADO ET J. C. GEE, *Atlas warping for brain morphometry*, dans SPIE Medical Imaging 1998: Image Processing, 1998.
- [MALA-93] G. MALANDAIN, G. BERTRAND, ET N. AYACHE, *Topological segmentation of discrete surfaces*, International Journal of Computer Vision, 10 (1993), pp. 183–197.
- [MALG-94] R. MALGOUYRES, *A definition of surfaces of Z^3* , dans Conference on Discrete Geometry for Computer Imaging, 1994, pp. 23–34.
- [MALL-95] R. MALLADI, J. A. SETHIAN, ET B. C. VEMURI, *Shape modeling with front propagation: a level set approach*, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 17 (1995), pp. 158–174.
- [MALL-96] R. MALLADI, R. KIMMEL, D. ADALSTEINSSON, G. SAPIRO, V. CASELLES, ET J. A. SETHIAN, *A geometric approach to segmentation and analysis of 3D medical images*, dans Proc. MMBIA, 1996.
- [MANG-94] J. MANGIN, I. BLOCH, J. LOPEZ-KRAHE, ET V. FROUIN, *Chamfer distances in anisotropic 3D images*, dans VII Europ. Signal Proces. Conf., 1994, pp. 297–318.
- [MANG-95] J.-F. MANGIN, *Mise en correspondance d'images médicales 3D multi-modalités multi-individus pour la corrélation anatomo-fonctionnelle cérébrale*, Thèse de doctorat, Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications, Mars 1995. (ENST 95 E 010).

- [MANG-95b] J. MANGIN, V. FROUIN, I. BLOCH, J. REGIS, ET J. LOPEZ-KRAHE, *From 3D magnetic resonance images to structural representations of the cortex topography using topology preserving deformations*, *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 5 (1995), pp. 297–318.
- [MANG-98] J.-F. MANGIN, O. COULON, ET V. FROUIN, *Robust brain segmentation using histogram scale-space analysis and mathematical morphology*, dans *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI'98)*, *Lecture Notes in Computer Science*, Cambridge, USA, Oct. 1998, Springer-Verlag, pp. 1230–1241.
- [MARR-80] D. MARR ET E. HILDRETH, *Theory of edge detection*, *Proc. Roy. Soc. London*, 207 (1980), pp. 187–217.
- [MASH-96] M. MASHALL, *Comment explorer la structure du cerveau et cartographier son activité : les principaux outils*, *La Recherche*, 289 (1996), pp. 36–40.
- [MCAN-93] A. MCANDREW ET C. OSBORNE, *Algebraic methods for multidimensional digital topology*, *SPIE Vision Geometry II*, 2060 (1993), pp. 14–25.
- [MCIN-98] T. MCINERNEY ET R. KIKINIS, *An object-based volumetric deformable atlas for the improved localization of neuroanatomy in MR images*, dans *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI'98)*, *Lecture Notes in Computer Science*, Cambridge, USA, Oct. 1998, Springer-Verlag, p. 861.
- [MITT-95] G. MITTELHAUBER ET F. KRUGGEL, *Fast segmentation of brain magnetic resonance tomograms*, dans *Computer Vision, Virtual Reality, and Robotics in Medicine*, Avr. 1995, pp. 351–357.
- [MORG-81] D. G. MORGENTHALER, *Three dimensional simple points: serial erosion, parallel thinning, and skeletonization*, *Rapp. Tech. TR-1005*, *Computer Vision Laboratory, Computer Science Center, University of Maryland, College Park*, 1981.
- [MORG-81b] D. MORGENTHALER ET A. ROSENFELD, *Surfaces in three-dimensional images*, *Information and control*, 51 (1981), pp. 227–247.

- [MUNK-84] J. R. MUNKERS, *Elements of Algebraic Topology*, Addison-Wesley, Menlo Park, CA, 1984.
- [NIKO-99] C. NIKOU, *Contribution au recalage d'images médicales multimodales : approches par fonctions de similarité robustes et modèles déformables sous contraintes statistiques*, Thèse de doctorat, Université Louis Pasteur - Strasbourg I, Mai 1999.
- [NUNE-81] P. L. NUNEZ, *Electric fields of the brain*, Oxford University Press, New York, USA, 1981.
- [NUNE-90] P. L. NUNEZ, *Localization of brain activity with electroencephalography*, *Advances in Neurology*, 54 (1990), pp. 39–64.
- [OLLI-97] J. M. OLLINGER ET J. A. FESSLER, *Positron-emission tomography*, *IEEE Signal Processing*, 14 (1997), pp. 43–55.
- [ORRI-95] W. ORRISON, *Introduction to brain imaging*, dans *Functional Brain Imaging*, Mosby, 1995.
- [PAVL-77] T. PAVLIDIS, *Structural Pattern Recognition*, Springer-Verlag, New York, USA, 1977.
- [PENF-50] W. PENFIELD ET T. RASMUSSEN, *The cerebral cortex of man : a clinical study of localization of function*, Macmillan, New York, USA, 1950.
- [PERC-99] A. PERCHANT ET I. BLOCH, *A new definition for fuzzy attributed graph homomorphism with Application to structural shape recognition in brain imaging*, dans *IEEE Instrumentation and Measurement Technology Conference proceedings*, vol. 3, Venice, Italy, Mai 1999, pp. 1801–1806.
- [PIER-86] D. A. PIERRE, *Optimization theory with applications*, New York: Dover, 1986.
- [PIZZ-97] O. PIZZATO, *Création d'un outil de visualisation tridimensionnelle pour l'imagerie cérébrale*, rapp. tech., CEA SHFJ - ENST, 1997.
- [PLON-69] R. PLONSEY, *Bioelectric Phenomena*, McGraw-Hill, New York, USA, 1969.
- [POUP-99] C. POUPON, *Détection des faisceaux de fibres de la matière blanche du cerveau*, Thèse de doctorat, Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications, 1999.

- [RAJA-97] J. RAJAPAKSE, J. GIEDD, ET J. RAPOPORT, *Statistical approach to segmentation of single-channel cerebral MR images*, IEEE Transactions on Medical Imaging, 16 (1997), pp. 176–186.
- [REGI-95] J. RÉGIS, J. F. MANGIN, V. FROUIN, F. SASTRE, J. PERAGUT, ET Y. SAMSON, *Generic model for the localization of the cerebral cortex and preoperative multimodal integration in epilepsy surgery*, Stereotactic and Functional Neurosurgery, 65 (1995), pp. 72–80.
- [RENA-94] B. RENAULT ET L. GARNERO, *L'imagerie électromagnétique cérébrale, principe de base et perspectives*, Colloque de l'Académie des Sciences : Instrumentation physique en biologie et en médecine, (1994), pp. 131–139.
- [RIFA-98] H. RIFAI, I. BLOCH, J. WIART, L. GARNERO, ET D. DORMONT, *Segmentation, suivi, modélisation 3D et recalage de l'oreille interne à partir de données IRM*, dans RFIA'98, vol. 3, 1998, pp. 71–80.
- [RIFA-98c] H. RIFAI, I. BLOCH, S. HUTCHINSON, J. WIART, ET L. GARNERO, *Segmentation of the skull in MRI volumes using deformable model and taking the partial volume effect into account*, Medical Image Analysis, (1998). (to appear).
- [RIFA-99] H. RIFAI, *Modélisation réaliste de la tête à partir d'IRM, pour l'étude des interactions des champs électromagnétiques avec les tissus biologiques*, Thèse de doctorat, Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications, Nov. 1999.
- [RIZZ-98] G. RIZZOLATTI, G. LUPPINO, ET M. MATTELI, *The organization of the cortical motor system: new concepts*, Electroenceph. Clin. Neurophysiol., 106 (1998), pp. 283–296.
- [ROLA-97] P. ROLAND, S. GEYER, K. AMUNTS, T. SCHORMAN, A. SCHLEICHER, A. MALIKOVIC, ET K. ZILLES, *Cytoarchitectural maps of the human brain in standard anatomical space*, Human Brain Mapping, 5 (1997), pp. 222–227.
- [ROSE-79] A. ROSENFELD, *Digital topology*, American Mathematical Monthly, (1979), pp. 621–630.
- [ROYA-97] N. ROYACKKERS, *Modélisation et reconnaissance des sillons du cortex cérébral humain*, Thèse de doctorat, Université de Caen, Nov. 1997.

- [ROYA-98] N. ROYACKKERS, M. DESVIGNES, ET M. REVENU, *Une méthode générale de reconnaissance de courbes 3D: application à l'identification de sillons corticaux en imagerie par résonance magnétique*, *Traitement du Signal*, 15 (1998), pp. 365–379.
- [SAHA-91] P. K. SAHA, B. CHANDA, ET D. D. MAJUMDER, *Principles and algorithms for 2-D and 3-D shrinking*, Rapp. Tech. TR/KBCS/2/91, Indian Statistical Institute, Calcutta, India, 1991.
- [SAND-97] S. SANDOR ET R. LEAHY, *Surface-based labeling of cortical anatomy using a deformable model*, *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16 (1997), pp. 41–54.
- [SCHM-93] M. SCHMITT ET J. MATTIOLI, *Morphologie mathématique*, Masson, Paris, France, 1993.
- [SETH-96] J. A. SETHIAN, *Level set methods: evolving interfaces in geometry, fluid mechanics, computer vision and material science*, Cambridge University Press, 1996.
- [STAI-92] L. STAIB ET J. DUNCAN, *Deformable Fourier models for surface finding in 3D images*, dans *Visualization in Biomedical Computing*, vol. 1808, SPIE, 1992, pp. 90–104.
- [STEI-89] H. STEINMETZ, G. FÜRST, ET H. J. FREUND, *Cerebral cortical localization: application and validation of the proportional grid system in MR imaging*, *Journal of Computer Assisted Tomography*, 13 (1989), pp. 10–19.
- [STEI-90] H. STEINMETZ, G. FÜRST, ET H. J. FREUND, *Variation of perisylvian and calcarine anatomic landmarks within stereotaxic proportional coordinates*, *American Journal of Neuroradiology*, 13 (1990), pp. 1123–1130.
- [SUBS-95] G. SUBSOL, *Construction automatique d'atlas anatomiques morphométriques à partir d'images médicales tridimensionnelles*, Thèse de doctorat, Ecole Centrale de Paris, 1995.
- [SULL-94] S. SULLIVAN, L. SANDFORD, ET J. PONCE, *Using geometric distance fits for 3D object modeling and recognition*, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 16 (1994), pp. 1183–1196.
- [SUZU-91] H. SUZUKI ET J. TORIWAKI, *Automatic segmentation of head MRI images by knowledge guided thresholding*, *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 15 (1991), pp. 233–240.

- [TALA-67] J. TALAIRACH, G. SZIKLA, ET P. TOURNOUX, *Atlas d'anatomie stéréotaxique du télencéphale*, Masson, Paris, 1967.
- [TEO-97] P. TEO, G. SAPIRO, ET B. WANDELL, *Creating connected representations of cortical gray matter for functional MRI visualization*, IEEE Transactions on Medical Imaging, 16 (1997), pp. 852–863.
- [TERZ-88] D. TERZOPOULOS ET K. FLEISCHER, *Deformable models*, The Visual Computer, 4 (1988), pp. 306–331.
- [TORI-82] J. I. TORIWAKI, S. YOKOI, T. YONEKURA, ET T. FUKUMURA, *Topological properties and topology-preserving transformation of a three-dimensional binary picture*, dans 6th International Conference on Pattern Recognition, 1989, pp. 414–419.
- [TSAO-81] Y. F. TSAO ET K. S. FU, *A parallel thinning algorithm for 3-D pictures*, Computer Vision, Graphics, and Image Processing, 17 (1981), pp. 315–331.
- [TURN-94] R. TURNER ET P. JEZZARD, *Magnetic resonance studies of brain functional activation using echo-planar imaging*, dans Fonctionnel Neuroimaging: Technical Foundations, R. Thatcher, M. Hallet, M. Zeffiro, E. R. John, et M. Huerta, eds., Academic Press, 1994, pp. 69–78.
- [UDUP-93] J. K. UDUPA, *Multidimensional digital boundaries*, Computer Vision, Graphics and Image Processing: Graphical Models and Image Processing, 56 (1993), pp. 311–323.
- [VAND-94] D. VANDERMEULEN, R. VERBEECK, L. BERBEN, P. SUE-TENS, ET G. MARCHAL, *Continuous voxel classification by stochastic relaxation: Theory and application to MR angiography*, Image and Vision Computing, 12 (1994), pp. 559–572.
- [VILL-95] A. VILLRINGER ET U. DIRNAGL, *Coupling of brain activity and cerebral blood flow - physiological basis of fonctionnel neuroimaging techniques*, Cerebrovasc. Brain Metab. Rev., 7 (1995), pp. 240–276.
- [VINC-80] P. VINCENT, *Biologie terminale D*, Vuibert, 1980.
- [VOSS-93] K. VOSS, *Discrete images, objects and functions in \mathbf{Z}^n* , vol. 11 of Algorithms and Combinatorics, Springer-Verlag, 1993.

- [WAGN-95] M. WAGNER, M. FUCHS, H.-A. WISCHMANN, K. OTTENBERG, ET O. DÖSSEL, *Cortex segmentation from 3D MR images for MEG reconstruction*, Biomagnetism: Fundamental Research and Clinical Applications, (1995), pp. 433–438. Elsevier Science, IOS Press.
- [WELT-95] D. WELTE, R. KOLB, M. SKALEJ, U. KLOSE, ET F. NÜSSLIN, *Segmentation of brain structures from MR data using texture features*, dans DGMP, Medizinische Physik 95, vol. 332-3, Sept. 1995.
- [WRIG-97] G. A. WRIGHT, *Magnetic resonance imaging: from basic physics to imaging principles*, IEEE Signal Processing, 14 (1997), pp. 56–66.
- [XU-97] D. L. P. C. XU ET L. PRINCE, *Finding the brain cortex using fuzzy segmentation, isosurfaces and deformable surface models*, dans XVth International Conference Information Processing in Medical Imaging (IPMI'97), Springer-Verlag, ed., Poultney, Juin 1997, pp. 399–404.
- [XU-98] C. XU, D. PHAM, J. PRINCE, M. ETEMAD, ET D. YU, *Reconstruction of the central layer of the human cerebral cortex from MR images*, dans Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI'98, vol. 1496, Cambridge, USA, Oct. 1998, pp. 481–488.
- [ZENG-98] X. ZENG, L. STAIB, R. SCHULT, ET J. DUNCAN, *Segmentation and measurement of the cortex from 3D MR images*, dans Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI'98, vol. 1496, Cambridge, USA, Oct. 1998, pp. 519–530.

Liste des figures

Partie I	17
1.1 Schéma d'un neurone.	19
1.2 Subdivision de l'encéphale.	25
1.3 Coupe frontale du cerveau.	25
1.4 Organisation parallèle des cellules du cortex.	26
1.5 Contraintes des dipôles de courant le long de la bande corticale.	27
2.1 Problème d'initialisation et de convergence d'un modèle déformable.	33
2.2 Développement de l'encéphale.	35
2.3 Le volume partiel dans les images IRM	37
2.4 Représentation tridimensionnelle d'un cerveau moyen.	39
2.5 Complexité des sillons profonds.	44
2.6 Volumes de liquide céphalorachidien dans les sillons.	45
Partie II	49
2.1 Vérification du théorème de Jordan.	56
2.2 Conflit de connexité dans le cas de plus de deux objets.	57
2.3 Le modèle cellulaire.	59
2.4 Les quatre configurations de voisinages du modèle cellulaire.	59
2.5 Représentation d'objets ayant différentes dimensions locales.	60
2.6 Le théorème de Jordan est toujours vérifié dans le modèle cellulaire.	61
3.1 Interprétation géométrique d'une transformation.	65
3.2 Déformation homotopique.	66
3.3 Les deux boucles ne peuvent pas être continuellement déformés l'une vers l'autre.	67
3.4 La courbe C_1 peut être déformée en un point mais pas la courbe C_2 car le tore possède un tunnel.	68
3.5 Déformation élémentaire d'une boucle.	70
3.6 Validité du support géométrique d'un graphe.	71

3.7	Couples et triplets de voisins d'un modèle cellulaire.	72
3.8	Equivalence entre boucles.	72
3.9	Boucles réductibles et irréductibles.	74
3.10	Existence de deux composantes connexes dans le voisinage de s	77
3.11	Deux possibilités de déformation élémentaire d'une boucle.	77
3.12	(a) s n'est pas un élément simple de O . (b) s est un élément simple de O	78
3.13	Les différents voisinages d'un complexe cellulaire.	79
3.14	Représentation plane des voisinages sans point central.	80
3.15	Les différents types de (A, B) -déformations.	81
3.16	Les points simples dépendent de plusieurs objets.	82
4.1	Implantation possible d'un graphe d'adjacence.	88
4.2	Construction informatique d'un modèle cellulaire.	89
4.3	Implantation du voisinage d'une cellule F_1	90
4.4	Implantation du graphe d'adjacence d'un modèle cellulaire.	91
4.5	Représentation du graphe de voisinage de chaque cellule.	94
4.6	Influence de l'ordre de suppression des cellules simples.	97
4.7	Exemples bidimensionnels de distances locales entre les cellules d'un modèle cellulaire.	98

Partie III **105**

2.1	Reconstruction de la bande corticale à partir du volume cérébral et du LCR dans les sillons.	107
2.2	Schéma du processus de segmentation.	108
2.3	Initialisation d'un modèle cellulaire dans le cas de plusieurs objets.	111
2.4	Les trois types de déformation du modèle cellulaire.	113
2.5	Limite d'un objet ponctuel en utilisant une définition intuitive.	114
2.6	Schéma de la limite d'un objet cellulaire dans le cas bidimensionnel.	115
2.7	Déformation homotopique d'une surface en représentation directe.	115
2.8	Changement de topologie de la limite cellulaire.	116
2.9	Paradoxes topologiques de la limite cellulaire.	116
2.10	Suivi de surface le long de la limite.	117
2.11	Définition d'un chemin de frontière.	117
2.12	Schéma bidimensionnel des surfaces externes et des surfaces internes.	118
3.1	Les limites entre certaines structure cérébrales ne présentent pas de changement d'intensité dans les IRM.	122

3.2	Séparation d'un objet présentant un étranglement.	123
3.3	Segmentation du cerveau.	125
3.4	Représentation tridimensionnelle d'un objet constitué de l'interface entre le tronc cérébral et du cervelet.	127
3.5	Coupure de l'image au dessus du cervelet.	127
3.6	Segmentation du tronc cérébral.	129
3.7	Segmentation du cervelet.	130
3.8	Segmentation des hémisphères.	132
4.1	Histogramme de l'image des hémisphères.	138
4.2	Construction de la valeur d'appartenance au cortex.	140
4.3	Schéma d'une bande d'épaisseur constante.	141
4.4	Evaluation de l'épaisseur du cortex autour d'une facette.	142
4.5	Schéma des deux types de surface du modèle cellulaire.	143
4.6	Construction des directions locales pour une surface interne.	145
4.7	Segmentation du liquide céphalorachidien dans les sillons.	146
4.8	Des objets différents ayant la même topologie.	147
4.9	Les déformations homotopiques peuvent favoriser l'arborescence des surfaces.	147
4.10	Aspect tridimensionnel de l'image de détection du liquide céphalorachidien dans les sillons.	148
4.11	Le modèle cellulaire non contraint autorise des structures surfaciques complexes.	148
4.12	Contraintes de connexité entre les facettes internes.	150
4.13	Régularisation de la courbure d'une surface interne.	151
4.14	La contrainte de régularisation de courbure ne peut pas être forte.	151
4.15	Détection d'un pseudo tunnel.	153
4.16	Une surface présentant un embranchement est divisée en deux surfaces régulières.	154
4.17	Déformation hiérarchique des surfaces internes.	155
4.18	Lien entre la forme d'une surface et le maximum du rapport entre la distance euclidienne et la distance géodésique.	157
5.1	Accroissement initial de la courbe de convergence.	165
5.2	Outil de visualisation.	166
5.3	Modèle cellulaire initial.	167
5.4	Evolution du modèle cellulaire (Itérations 0 à 20).	168
5.5	Evolution du modèle cellulaire (Itérations 30 à 50).	169
5.6	Résultats de la segmentation sur l'ensemble des hémisphères.	170
5.7	Image de référence.	171
5.8	Modifications de s_{volume}	171
5.9	Modifications de $s_{surface}$	172

5.10	Modifications de α	173
5.11	Modifications de ec	174
5.12	Convergence des surfaces externes.	175
5.13	Convergence des surfaces internes.	176
5.14	Evolution du modèle aux embranchements et dans les «poches» de LCR.	176

Annexes **185**

A.1	Les différentes cellules composant un modèle cellulaire.	185
-----	--	-----