

UNIVERSITÉ DE MONTRÉAL

UN NOUVEAU DESCRIPTEUR ICONIQUE TOPOLOGIQUE POUR
L'APPARIEMENT D'IMAGES DE STRUCTURES ANATOMIQUES

NICOLAS PICHÉ
DÉPARTEMENT DE GÉNIE INFORMATIQUE ET GÉNIE LOGICIEL
ÉCOLE POLYTECHNIQUE DE MONTRÉAL

THÈSE PRÉSENTÉE EN VUE DE L'OBTENTION
DU DIPLÔME DE PHILOSOPHIÆ DOCTOR
(GÉNIE INFORMATIQUE)
DÉCEMBRE 2017

UNIVERSITÉ DE MONTRÉAL

ÉCOLE POLYTECHNIQUE DE MONTRÉAL

Cette thèse intitulée :

UN NOUVEAU DESCRIPTEUR ICONIQUE TOPOLOGIQUE POUR
L'APPARIEMENT D'IMAGES DE STRUCTURES ANATOMIQUES

présentée par : PICHÉ Nicolas

en vue de l'obtention du diplôme de : Philosophiæ Doctor

a été dûment acceptée par le jury d'examen constitué de :

M. PAL Christopher J., Ph. D., président

M. GUIBAULT François, Ph. D., membre et directeur de recherche

Mme CHERIET Farida, Ph. D., membre et codirectrice de recherche

M. KAUFFMANN Claude, Ph. D., membre

M. COULOMBE Stéphane, Ph. D., membre externe

DÉDICACE

Je dédie cette thèse à ma femme et mes enfants.

REMERCIEMENTS

Je tiens à remercier mes directeurs Farida Cheriet et François Guibault, sans qui mon travail n'aurait jamais abouti. Je n'ai que des louanges pour leur patience et leurs encouragements. Leur professionnalisme fait honneur à leur noble profession et je ne peux que souhaiter que le milieu universitaire conserve des professeurs de cette qualité. Je crois qu'il est important que je remercie mes collègues de travail, qui durant de longues années, ont supportés un individu mort de fatigue.

RÉSUMÉ

L'objectif principal de notre projet de recherche est de créer un descripteur iconique topologique qui permet de faire des appariements de structures anatomiques en se basant sur l'organisation topologique des intensités dans une image. Ce descripteur doit définir un espace métrique afin de pouvoir effectuer des comparaisons efficaces. Les descripteurs actuellement disponibles ne font pas intervenir les composantes distantes d'images pour décrire un lieu dans l'image. De façon inhérente, ils sont locaux dans leurs analyses des caractéristiques de l'image. Bien sûr, certains d'entre eux incluent un certain voisinage, mais aucun des descripteurs que nous avons analysés incorpore l'information de l'image dans son ensemble. Pour arriver à nos fins, nous proposons une représentation sous forme de graphe de l'espace image. Pour construire ce graphe nous proposons deux approches. La première considère l'image comme un graphe implicite dans lequel les nœuds sont les pixels de l'image et la connectivité des nœuds du graphe représente le voisinage des pixels. La deuxième est, quant à elle, plus élaborée et est bâtie en analysant les régions définies par une sursegmentation de l'image. Dans celle-ci, les régions sont les nœuds du graphe et les arêtes du graphe représentent la connectivité des régions. Pour décrire un lieu dans l'image, nous proposons d'extraire un arbre du graphe image pour chacun des endroits d'intérêt. Pour extraire cet arbre, nous utilisons un processus de minimisation de la rencontre des gradients, autrement dit, les branches de cet arbre poussent de manière à réduire les gradients traversés. Cet arbre est une vue de l'image telle que perçue par le lieu étudié. L'arbre ainsi conçu est notre descripteur sous sa forme la plus complète. Pour être en mesure de comparer et de conserver ces arbres, nous en extrayons une représentation en histogramme. Nous avons étudié plusieurs versions, sous forme d'histogrammes, des arbres, chaque version étant plus ou moins riche en information. Le passage à une telle représentation nous permet une sauvegarde efficace et configurable. En effet, si nous désirons inclure plus d'information relative à l'arbre dans l'histogramme le représentant, nous pouvons utiliser un histogramme ayant plus de classes. Ce passage à une représentation en histogramme nous permet également l'utilisation de mesures de métriques fiables pour quantifier la distance entre deux de nos descripteurs. Les résultats obtenus montrent que nos descripteurs sont en mesure de faire l'appariement d'organes présents dans des acquisitions de tomographie axiale (CT), et ce, dans la même image ou dans des images distinctes. Pour mesurer la capacité d'appariement des descripteurs que l'on propose, nous avons proposé un algorithme basé sur les rangs médians de distances. Cet algorithme nous permet d'évaluer la capacité de correspondance en tenant compte de tous les descripteurs des images. Les résultats que nous avons obtenus sont très prometteurs si on tient compte

des difficultés de la tâche, liées, entre autres, au fait que l'appariement soit basé sur une seule instance d'un descripteur et au manque de structure apparente dans les images 2D. En effet, compte tenu des temps de calculs considérables, nous avons restreint notre analyse des appariements des descripteurs à des images 2D de thorax. Les structures anatomiques étant compréhensibles seulement lorsque l'on effectue une analyse 3D, la qualité des résultats obtenus est impressionnante. Le passage à des descripteurs 3D ne demande aucune modification des algorithmes utilisés et devrait nous fournir des résultats d'appariement des structures anatomiques encore meilleurs.

ABSTRACT

The main objective of our research project is to create a topological iconic descriptor that allows for the matching of anatomical structures based on the topological organization of intensities in an image. This descriptor must define a metric space in order to be able to make efficient comparisons. Currently available descriptors do not involve remote image components to describe a location in the image. Inherently, they are local in their analyzes of the characteristics of the image. Of course, some of them include some neighborhood, but none of the descriptors we have analyzed incorporate the image information as a whole. To arrive at our ends, we propose a representation in the form of a graph of the image space. To build this graph we propose two approaches. The first considers the image as an implicit graph in which the nodes are the pixels of the image and the connectivity of the nodes of the graph represents the neighborhood of the pixels. The second is, in turn, more elaborate and is built by analyzing the regions defined by an over-segmentation of the image. In this one, the regions are the nodes of the graph and the edges of the graph represent the connectivity of the regions. To describe a region in the image, we propose to extract a tree from the image graph for each of the regions of interest. To extract this tree, we use a process of minimizing the gradients encounter, that is, the branches of this tree grow in order to reduce the gradients crossed. This tree is a view of the image as perceived by the region studied. The tree thus conceived is our descriptor in its most complete form. To be able to compare and preserve these trees, we extract a histogram representation. We have studied several versions, in the form of histograms, of the trees, each version being more or less rich in information. Moving to such a representation allows us an efficient and configurable storage. Indeed, if we want to include more information about the tree in the histogram representing it, we can use a histogram with more classes. This shift to a histogram representation also allows us to use reliable metric measurements to quantify the distance between two of our descriptors. The results show that our descriptors are able to match organs present in axial tomography (CT) acquisitions, in the same image or in separate images. To measure the ability to match the descriptors proposed, we proposed an algorithm based on the median ranks of distances. This algorithm allows us to evaluate the matching capability taking into account all the descriptors of the images. The results that we obtained are very promising if we take into account the difficulties of the task. Indeed, given the considerable computation time, we have restricted our analysis of descriptor matches to 2D images of thorax. The anatomical structures are understandable only when performing a 3D analysis, the quality of the results obtained is impressive. The shift to 3D descriptors requires no modification of

the algorithms used and should provide us with even better anatomical structure matching results.

TABLE DES MATIÈRES

DÉDICACE	iii
REMERCIEMENTS	iv
RÉSUMÉ	v
ABSTRACT	vii
TABLE DES MATIÈRES	ix
LISTE DES TABLEAUX	xiii
LISTE DES FIGURES	xv
LISTE DES SIGLES ET ABRÉVIATIONS	xvii
LISTE DES ANNEXES	xviii
CHAPITRE 1 INTRODUCTION	1
CHAPITRE 2 REVUE DE LITTÉRATURE	7
2.1 Les atlas	7
2.2 Les classificateurs	9
2.3 Représentation en graphes de l'espace image	10
2.4 Méthode de segmentation par partage des eaux : <i>Watershed</i>	15
2.5 Histogramme 2D utilisé comme descripteur topologique	16
2.6 Distance histographique	17
2.7 Appariement homomorphique de graphes	19
2.8 Indexation dans un espace métrique	20
2.9 Descripteur d'images	21
2.10 Résumé	23
CHAPITRE 3 HYPOTHÈSE ET OBJECTIFS	24
3.1 Objectif principal : création d'un descripteur iconique topologique	24
3.2 Objectifs spécifiques	24
3.2.1 Représentation en graphe de l'espace image	24

3.2.2	Génération des arbres	25
3.2.3	Construction d'un descripteur iconique de la topologie (<i>DIT</i>)	25
3.2.4	Construction d'une métrique de comparaison de <i>DIT</i>	26
3.2.5	Élaboration de critères de succès	26
CHAPITRE 4 DESCRIPTEUR ICONIQUE TOPOLOGIQUE : REPRÉSENTATION		
	EN GRAPHE DE L'ESPACE IMAGE	27
4.1	Construction d'un graphe représentant l'espace image	27
4.1.1	Graphe issu de la connectivité des pixels	28
4.1.2	Graphe issu de la sursegmentation de l'espace image	28
4.1.3	Réduction de la complexité du graphe	31
4.2	Arbre des chemins les plus courts	32
4.2.1	Graphe dense	33
4.2.2	Graphe épars	34
4.2.3	Détails de la méthode proposée pour les graphes épars	35
4.2.4	Détails de la méthode proposée pour des graphes denses	36
4.3	Choix d'espace métrique associé aux arbres	37
CHAPITRE 5 DESCRIPTEUR ICONIQUE TOPOLOGIQUE : RÉSULTATS		
5.1	Mesure de la qualité d'appariement à l'aide du rang médian	39
5.2	Représentation en histogramme 1D	41
5.2.1	Construction	42
5.2.2	Mesure de la perte d'information	43
5.2.3	Mode de comparaison et espace métrique	43
5.2.4	Choix des images pour nos expériences préliminaires	45
5.2.5	Évaluation préliminaire des <i>DIT</i> de premier ordre	45
5.2.5.1	Résultats intra image	45
5.2.5.2	Résultats intra image : Graphe épars	46
5.2.5.3	Résultats intra image : Graphe dense	50
5.2.5.4	Résultats inter images	54
5.2.5.5	Résultats inter images : Graphe dense	56
5.2.5.6	Résultats inter images : Graphe épars	57
5.2.6	Invariance aux rotations	58
5.2.7	Constatations au sujet des <i>DIT</i> du premier ordre	59
5.3	Représentation en histogramme 2D	60
5.3.1	Construction des histogrammes bidimensionnels	61
5.3.2	Mesure de la perte d'information	62

5.3.2.1	Graphe dense	63
5.3.2.2	Graphe épars	63
5.3.3	Mode de comparaison et espace métrique	63
5.3.4	Évaluation préliminaire des <i>DIT</i> de second ordre	64
5.3.4.1	Résultats intra image	64
5.3.4.2	Résultats intra image : Graphe épars	64
5.3.4.3	Résultats intra image : Graphe dense	80
5.3.4.4	Résultats inter images	84
5.3.4.5	Résultats inter images : Graphe dense	85
5.3.4.6	Résultats inter images : Graphe épars	85
5.3.5	Constatations au sujet des <i>DIT</i> du second ordre	86
5.4	Performance de la métrique EMD	87
5.5	Évaluation de la performance des descripteurs <i>DIT</i>	89
5.6	Protocole expérimental	90
5.6.1	Sélection d'images	90
5.6.2	Étude des métriques	91
5.6.3	Réduction de la complexité du graphe G	93
5.6.4	Effet du bruit sur les descripteurs épars	94
5.6.5	Taille des régions issues de la transformation <i>watershed</i>	94
5.6.6	Mesure de la qualité des appariements en fonction des paramètres	95
5.7	Résultats	95
5.7.1	Descripteur épars de premier ordre, résultats intra images	95
5.7.2	Descripteur épars de premier ordre, résultats inter images	98
5.7.3	Descripteur épars du second ordre, résultats intra images	101
5.7.4	Descripteur épars du second ordre, résultats inter images	103
5.7.5	Comparaison avec une méthode concurrente	106
5.8	Performance intra image	110
5.9	Performance inter images	112
CHAPITRE 6 DISCUSSION		114
6.1	<i>DIT</i> de premier ordre	115
6.2	<i>DIT</i> de second ordre	116
CHAPITRE 7 CONCLUSION		118
7.1	Représentation en graphe de l'espace image	118
7.2	Construction d'une métrique de comparaison de <i>DIT</i>	118
7.3	Élaboration d'un critère de succès	119

7.4 Améliorations futures	119
RÉFÉRENCES	121
ANNEXES	127

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 5.1	Illustration de la distance de séparation	42
Tableau 5.2	Rang médian dans les cas épars, <i>DIT</i> de premier ordre	52
Tableau 5.3	Rang médian dans les cas épars, <i>DIT</i> de premier ordre avec filtre médian 5×5	52
Tableau 5.4	Rang médian dans les cas épars, <i>DIT</i> de premier ordre avec filtre médian 9×9	53
Tableau 5.5	Rang médian dans les cas épars, <i>DIT</i> de premier ordre avec filtre médian 13×13	53
Tableau 5.6	Entropie médiane des régions, cas éparses <i>DIT</i> de premier ordre . . .	54
Tableau 5.7	Entropie médiane des <i>DIT</i> , cas éparses <i>DIT</i> de premier ordre	54
Tableau 5.8	Rang médian dans les cas dense, <i>DIT</i> de premier ordre : non filtré .	54
Tableau 5.9	Rang médian dans les cas dense, <i>DIT</i> de premier ordre, filtre médian 5×5	55
Tableau 5.10	Rang médian dans les cas dense, <i>DIT</i> de premier ordre, médian 9×9 .	55
Tableau 5.11	Rang médian dans les cas dense, <i>DIT</i> de premier ordre, filtre médian 13×13	56
Tableau 5.12	Entropie médiane, <i>DIT</i> de premier ordre pour le cas dense	56
Tableau 5.13	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> de premier ordre dense, image non-filtrée . . .	57
Tableau 5.14	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> de premier ordre dense, filtre médian 5×5 . .	57
Tableau 5.15	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> de premier ordre dense, filtre médian 9×9 . .	58
Tableau 5.16	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> de premier ordre dense, filtre médian 13×13 .	58
Tableau 5.17	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> de premier ordre épars, image non-filtrée . . .	59
Tableau 5.18	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> de premier ordre épars, filtre médian 5×5 . .	59
Tableau 5.19	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> de premier ordre épars, filtre médian 9×9 . .	60
Tableau 5.20	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> de premier ordre épars, filtre médian 13×13 .	60
Tableau 5.21	Rang médian, <i>DIT</i> du second ordre épars, image non-filtrée	66
Tableau 5.22	Rang médian, <i>DIT</i> du second ordre épars, filtre médian 5×5	66
Tableau 5.23	Rang médian, <i>DIT</i> du second ordre épars, filtre médian 9×9	66
Tableau 5.24	Rang médian, <i>DIT</i> du second ordre épars, image médian 13×13 . . .	69
Tableau 5.25	Entropie moyenne, <i>DIT</i> du second ordre épars	70
Tableau 5.26	Rang médian, <i>DIT</i> du second ordre dense, image non-filtrée	80
Tableau 5.27	Rang médian, <i>DIT</i> du second ordre dense, filtre médian 5×5	81
Tableau 5.28	Rang médian, <i>DIT</i> du second ordre dense, filtre médian 9×9	81

Tableau 5.29	Rang médian, <i>DIT</i> du second ordre dense, médian 13×13	81
Tableau 5.30	Entropie moyenne, <i>DIT</i> du second ordre dense	82
Tableau 5.31	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> du second ordre dense	85
Tableau 5.32	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> du second ordre dense, filtre médian 5×5 . . .	86
Tableau 5.33	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> du second ordre dense, filtre médian 9×9 . . .	86
Tableau 5.34	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> du second ordre dense, filtre médian 13×13 .	87
Tableau 5.35	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> du second ordre éparsé	87
Tableau 5.36	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> du second ordre éparsé, filtre médian 5×5 . .	88
Tableau 5.37	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> du second ordre éparsé, filtre médian 9×9 . .	88
Tableau 5.38	Comparatif $\alpha \beta \gamma$ <i>DIT</i> du second ordre éparsé, filtre médian 13×13 .	89
Tableau 5.39	Résultats des différentes permutations de paramètres pour les <i>DIT</i> du premier ordre intra images selon la mesure \bar{Q}	96
Tableau 5.40	Rang médian des appariements de <i>DIT</i> du premier ordre, cas intra images	97
Tableau 5.41	Résultats des différentes permutations de paramètres pour les <i>DIT</i> du premier ordre inter images selon la mesure \bar{Q}	98
Tableau 5.42	Rang médian moyen des appariements pour les <i>DIT</i> du premier ordre, cas inter images	100
Tableau 5.43	Résultats de mesure des différentes permutations de paramètres pour les <i>DIT</i> du second ordre intra images selon la mesure \bar{Q}	101
Tableau 5.44	Rang médian des appariements de <i>DIT</i> du second ordre, cas intra images	102
Tableau 5.45	Résultats de mesure des différentes permutations de paramètres pour les <i>DIT</i> du second ordre inter image selon la mesure \bar{Q}	104
Tableau 5.46	Rang médian moyen des appariement pour les <i>DIT</i> du second ordre, cas inter images	105
Tableau 5.47	Rang médian des appariements de BRIEF, cas intra images	107
Tableau 5.48	Rang médian des appariement de BRIEF, cas inter images	109

LISTE DES FIGURES

Figure 1.1	Nombre de scanographies CT effectuées chaque année aux États-Unis	3
Figure 1.2	Exemple de présence de pathologie secondaire	4
Figure 2.1	Détection automatique du cœur	10
Figure 2.2	Les distances selon la métrique $ I_a - I_b $	13
Figure 2.3	Deux chemins les plus courts selon la métrique $ I_a - I_b $	14
Figure 2.4	Analogie de la ligne de partage des eaux	15
Figure 2.5	Exemple de résultat de la transformation <i>watershed</i>	16
Figure 2.6	Histogramme nominal	18
Figure 2.7	Histogramme ordinal	18
Figure 4.1	Graphe implicite	29
Figure 4.2	Résultat de la tranformation <i>watershed</i>	30
Figure 4.3	Graphe issu de la sursegmentation	31
Figure 4.4	Exemple d'arbre implicite	35
Figure 4.5	Exemple d'arbre explicite	36
Figure 5.1	Comportement de différentes distances histogrammiques	44
Figure 5.2	Image α et histogramme	46
Figure 5.3	Image β et histogramme	47
Figure 5.4	Image γ et histogramme	48
Figure 5.5	<i>Watershed</i> Image α , $n = 1384$	49
Figure 5.6	<i>Watershed</i> Image β , $n = 1096$	50
Figure 5.7	<i>Watershed</i> Image γ , $n = 1182$	51
Figure 5.8	Distance médiane normalisée, image α non-filtrée, <i>DIT</i> de premier ordre épars	67
Figure 5.9	Distance médiane normalisée, image β non-filtrée, <i>DIT</i> de premier ordre épars	68
Figure 5.10	Distance médiane normalisée, image γ non-filtrée, <i>DIT</i> de premier ordre épars	69
Figure 5.11	Distance médiane normalisée, image β non-filtrée, <i>DIT</i> de premier ordre épars	70
Figure 5.12	Différents <i>DIT</i> épars du premier ordre de l'image α et calculs de distances	71
Figure 5.13	Différents <i>DIT</i> épars du premier ordre de l'image β et calculs de distances	72
Figure 5.14	Différents <i>DIT</i> épars du premier ordre de l'image γ et calculs de distances	73

Figure 5.15	Comportement des rangs médians moyens intra images, <i>DIT</i> dense du premier ordre	74
Figure 5.16	Comportement des rangs médians moyens inter images, <i>DIT</i> du premier ordre	75
Figure 5.17	Exemple d'histogramme 2D	76
Figure 5.18	Distance médiane normalisée, image γ , <i>DIT</i> du second ordre épars . .	77
Figure 5.19	Distance médiane normalisée, image β , <i>DIT</i> du second ordre épars . .	78
Figure 5.20	Différents <i>DIT</i> du second ordre épars de l'image β et calculs de distances	79
Figure 5.21	Différents <i>DIT</i> du second ordre denses de l'image β et calculs de distances	83
Figure 5.22	Comportement des rangs médians moyen intra images, <i>DIT</i> du second ordre	84
Figure 5.23	Comportement des rangs médians moyens inter images, <i>DIT</i> du second ordre	90
Figure 5.24	Comportement des rangs médians moyens intra image, comparaison entre premier et second ordre	91
Figure 5.25	Comportement des rangs médians moyens inter images, comparaison entre premier et second ordre	92
Figure 5.26	Temps de calculs de la distance entre deux <i>DIT</i> du premier ordre . .	93
Figure 5.27	Temps de calculs de la distance entre deux <i>DIT</i> du second ordre . . .	94
Figure A.1	Image 1 et son histogramme	127
Figure A.2	Image 2 et son histogramme	128
Figure A.3	Image 3 et son histogramme	128
Figure A.4	Image 4 et son histogramme	129
Figure A.5	Image 5 et son histogramme	129
Figure A.6	Image 6 et son histogramme	130
Figure A.7	Image 7 et son histogramme	130
Figure A.8	Image 8 et son histogramme	131
Figure A.9	Image 9 et son histogramme	131
Figure A.10	Image 10 et son histogramme	132
Figure A.11	Image 11 et son histogramme	132
Figure A.12	Image 12 et son histogramme	133
Figure A.13	Image 13 et son histogramme	133
Figure A.14	Image 14 et son histogramme	134
Figure A.15	Image 15 et son histogramme	134

LISTE DES SIGLES ET ABRÉVIATIONS

CT	Computed Tomography
FDA	Food and Drug Administration
CE	Communauté Européenne
<i>DIT</i>	Descripteur Iconique Topologique
EMD	<i>earth mover's distance</i>
CAD	Computer Aided Diagnosis
HoG	Histogram of oriented Gradients
IRM	Imagerie par Résonance Magnétique
SIFT	Scale-Invariant Feature Transform
SURF	Speeded Up Robust Feature
FREAK	Fast Retina Keypoint
SEM	Scanning Electron Microscopy
LoG	Laplacien of Gaussian
DoG	Difference of Gaussian
BRIEF	Binary Robust Independent Elementary Features
GPU	Graphics Processing Unit
HU	Unité Hounsfield
CRCHUM	Centre de recherche du Centre hospitalier de l'Université de Montréal
Ψ	Distance de séparation

LISTE DES ANNEXES

Annexe A Images choisies pour les tests 127

CHAPITRE 1 INTRODUCTION

L'analyse d'images est un vaste champ d'étude qui attire de grands efforts de recherche. Il est facile de comprendre cet engouement, la vision étant un des sens les plus développés chez les humains. La qualité et la quantité des appareils d'acquisition d'images ne cessent de croître et cela a pour conséquence que le nombre d'images produites par jour est en constante augmentation. Plusieurs évaluent à 1.1 trillions (Berti Kolbow-Lehad, 2016) le nombre d'images prises chaque année par les utilisateurs de téléphones intelligents en 2017.

L'analyse esthétique des images est une spécialisation de ce champ d'étude très intéressant ayant une portée universelle. Les sentiments ressentis en contemplant une image peuvent être très différents d'un individu à l'autre. Certaines images peuvent choquer l'observateur, d'autres peuvent l'émouvoir. Une grande partie de notre cerveau a pour fonction de donner un sens à ce que l'on voit (approximativement 30 % de nos neurones se consacrent à la vision). Sachant cela, il n'est pas étonnant que tant de chercheurs se consacrent à l'étude qualitative et quantitative du contenu des images.

Nos travaux porteront sur l'étude quantitative des images. Malgré le fait que le processus physique d'acquisition d'images ne sera pas traité dans ceux-ci, il est certain que la connaissance du processus d'acquisition des images peut être une donnée fort utile pour faciliter l'analyse de ses composantes, mais c'est un aspect qui sera pris comme un préalable à nos recherches.

L'analyse quantitative des images sert divers buts. Un de ces buts est la classification des images en fonction des objets qui y sont présentés, par exemple trouver toutes les images dans lesquelles figurent un chien ou toutes les radiographies de pelvis présentes dans une base de données radiologiques. Un autre objectif peut être de segmenter les images selon leurs constituants, par exemple, déterminer quels pixels de l'image appartiennent à un chien ou à une tumeur. Il est de pratique courante en radiologie de marquer les pixels d'une pathologie présente dans une image radiologique. Le radiologue peut, par la suite, faire le suivi de la pathologie en effectuant la segmentation de la même pathologie en la comparant à une image prise antérieurement.

Le profane est souvent surpris d'apprendre qu'une grande partie des tâches complexes de caractérisation des pathologies discernables dans les acquisitions radiologiques se font encore manuellement (outil de segmentation manuel : c.-à-d. pinceau ou lasso). Pourquoi en est-il ainsi ? Parce que la tâche est plus ardue qu'elle ne le paraît. La grande facilité avec laquelle notre cortex visuel analyse les signaux provenant de nos yeux nous berne. Notre compré-

hension des processus d'analyse d'images que nous utilisons inconsciemment est au mieux embryonnaire. Bien sûr, les développements récents dans le domaine de l'apprentissage profond laissent entrevoir de nouvelles solutions, mais les outils analytiques de caractérisation des images seront encore utiles, ne serait-ce que pour fournir des données aux algorithmes de classification et de segmentation automatiques. En effet, les algorithmes d'apprentissage automatique doivent être entraînés avec de grands jeux de données segmentées. Il est donc encore pertinent de proposer de nouveaux algorithmes d'analyse d'images.

Le monde de la radiologie est en constante évolution. La population occidentale vieillit rapidement et la médecine a souvent besoin d'avoir recours aux appareils de scanographie. Il arrive maintenant souvent à un patient de passer un examen IRM (Imagerie par Résonance Magnétique) ou un examen CT (Computed Tomography), on le constate bien en consultant les données suivantes : en 2007, aux États-Unis, 70 millions d'acquisitions d'images radiologiques ont été effectuées à l'aide d'appareils de tomographie à rayons X (CT scan) (Brenner *et al.*, 2010), voir la figure 1.1. De plus, ces appareils, étant de plus en plus performants, font augmenter sans cesse le nombre d'images prises lors d'une séance. Il n'est désormais plus rare qu'une unique prise de données CT scan génère plus de 1000 images. On note également que grâce aux nouveaux appareils pourvus de 320 détecteurs, les acquisitions temporelles volumétriques (4D) cardiaques sont de plus en plus fréquentes. Tous ces facteurs font que la taille totale des images radiologiques produites en 2007 aux États-Unis a été approximativement de 35 000 téraoctets. Cette constante augmentation d'informations disponibles aux cliniciens surcharge les départements de radiologie. Les radiologues font un travail très difficile et sont très compétents. Néanmoins, nous devons leur fournir tous les outils possibles pour rendre leurs travail plus aisé.

Il faut également noter qu'il existe de nombreuses spécialités en radiologie, et que de petits nodules pulmonaires pourraient très bien passer inaperçus (Erasmus *et al.*, 2000) lorsque le radiologue spécialiste des reins regarde une acquisition thoracique.

Il arrive également que les cliniciens découvrent des pathologies insoupçonnées lors des examens radiologiques (voir la figure 1.2). Lors des examens effectués en vue de faire une colonoscopie virtuelle (examen de plus en plus fréquent), il n'est pas rare que les cliniciens observent des anévrismes de l'aorte abdominale ou des cancers du poumon. Mais on peut supposer que beaucoup de pathologies passent inaperçues, comme semble l'indiquer les auteurs de cet article (Brady *et al.*, 2012). Cependant, si une étude approfondie de chaque acquisition CT était effectuée, les patients auraient peut-être un diagnostic plus complet. La nécessité de limiter l'exposition des patients aux rayons X est un incitatif supplémentaire pour une meilleure utilisation des données radiologiques. On se doit de tirer le maximum d'informations clini-

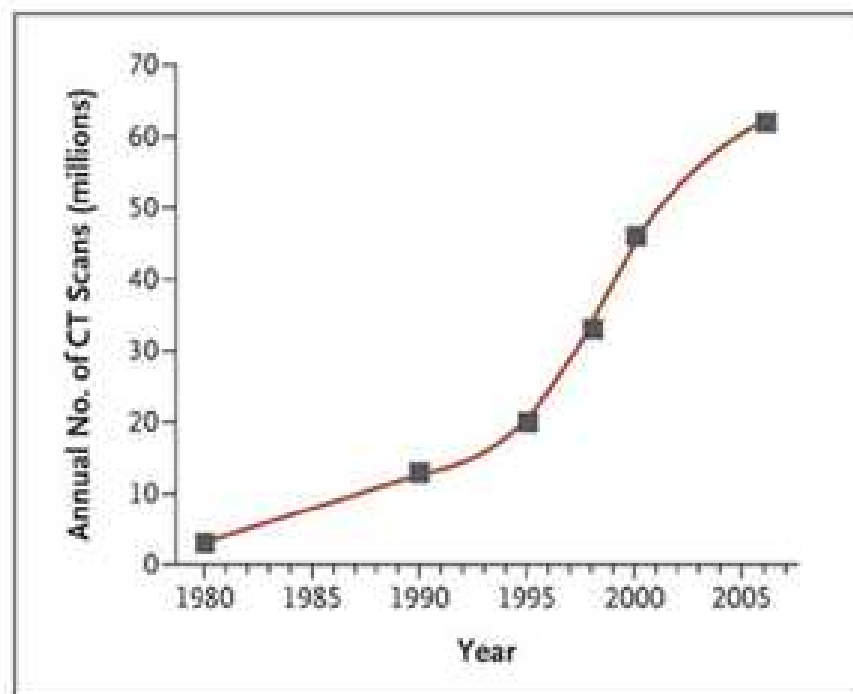


Figure 1.1 Nombre de scanographies CT effectuées chaque année aux États-Unis (Brenner *et al.*, 2010)

quement pertinentes des images issues des scanners, car elles sont coûteuses et elles ne sont pas acquises de manière totalement inoffensive (Schmidt, 2012).

Le nombre d'images à analyser augmentant beaucoup plus rapidement que le nombre de personnes ayant la formation requise pour les analyser, ainsi que la surspécialisation des radiologues sont des facteurs qui tendent à diminuer les chances de détection de pathologies autres que celles qui ont conduit le patient au scanner.

Pour aider les cliniciens à mieux utiliser les images radiologiques, il serait utile de leur fournir des outils de diagnostic automatisés. Les solutions qui leur sont proposées sont utiles pour la caractérisation biométrique de pathologies particulières dont on soupçonne déjà l'existence. En effet, il existe quelques outils *CAD* (computer aided diagnosis) qui sont utilisés pour la détection de nodules pulmonaires (cancer du poumon), des cancers du côlon, des cancers hépatiques et des tumeurs au cerveau. Ces systèmes spécialisés sont fort complexes et très sophistiqués. Les pathologies qu'ils ont à analyser ont de nombreuses manifestations qui varient fortement d'un individu à l'autre. Certains fonctionnent grâce à des atlas, d'autres font appel à des champs de Markov, à de complexes analyses spectrales et bientôt à des réseaux

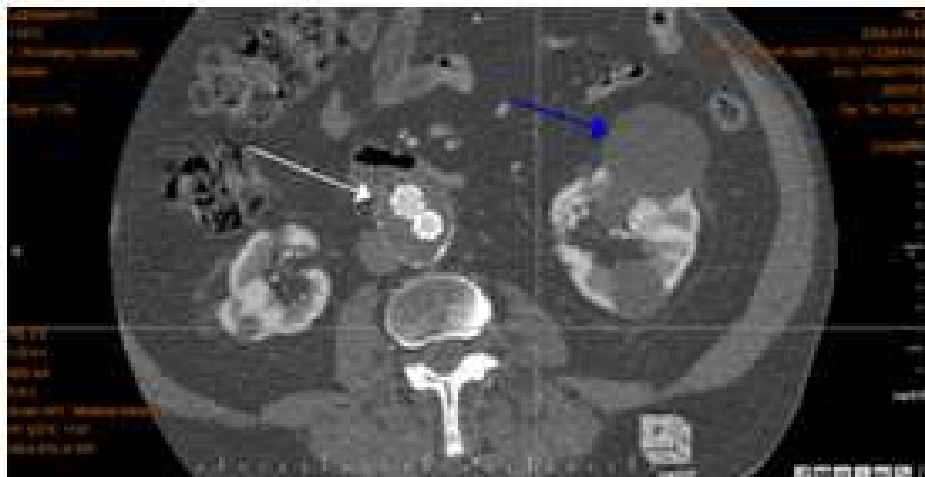


Figure 1.2 La flèche blanche indique la pathologie principale et la bleue la pathologie secondaire (image CHU de Nancy)

de neurones. Il faut également mentionner qu'un système de diagnostic automatisé doit être fonctionnel malgré la grande variabilité de la qualité des images, des formes et textures très variables des pathologies et des énormes variations morphologiques présentes dans la population. On sait que le problème de la segmentation des structures anatomiques malades, tumeurs ou autres manifestations d'une maladie, est un problème de vision artificielle fort complexe que la communauté scientifique est encore loin d'avoir résolu d'une manière totalement satisfaisante. Les *CAD* ont la tâche de trouver les organes pour lesquels ils ont été dédiés, d'en segmenter les parties malades et d'en extraire les données biométriques nécessaires à la pose d'un diagnostic, et ce, avec un taux de réussite très élevé. Il n'est donc pas étonnant qu'il n'existe que peu de systèmes automatiques génériques de caractérisation de pathologies.

Une barrière supplémentaire à leur déploiement clinique est la lourdeur des contraintes réglementaires auxquelles ils doivent se soumettre. L'obtention du marquage **CE** (autorisation clinique en Europe), l'approbation du FDA (instance réglementaire américaine gérant, entre autres, les dispositifs médicaux) et il en existe bien d'autres encore, est complexe. Bref, c'est un processus long, coûteux et extrêmement difficile pour toute compagnie voulant commercialiser un logiciel informatique servant à poser un diagnostic. Par exemple, on parle depuis longtemps des *CAD* de colonoscopie virtuelle pour la détection des polypes dans le côlon. Cette procédure non invasive, qui requiert la prise de deux acquisitions CT, une en position couchée sur le dos et une couchée sur le ventre, peut remplacer une séance fort désagréable d'endoscopie. Peu de gens savent que malgré le fait que de grandes compagnies aient fait de nombreuses études cliniques qui démontrent le bien fondé de cette approche, une seule

a réussi à obtenir l'autorisation de la commercialiser aux États-Unis, et ce, assez récemment. L'obtention de la première autorisation de commercialisation d'un *CAD* particulier peut coûter des dizaines de millions de dollars, somme qui peut être dépensée en pure perte si les instances réglementaires ne sont pas satisfaites des résultats cliniques qui leurs sont présentés ou si le travail du lobby « adverse » a raison de la soumission. Il n'est donc pas étonnant qu'il n'existe que peu de systèmes automatiques de caractérisation des pathologies. L'utilisation clinique à grande échelle d'un nouveau *CAD* n'est pas un évènement courant, c'est même très rare.

Tous ces systèmes *CAD* sont exécutés sur demande, ce qui suppose que les cliniciens sont au courant de la présence possible d'une pathologie. Il n'existe pas de système de détection des anomalies non spécifiques pour la radiologie exploratoire. Il y a donc un besoin clinique pour un système de détection des *anomalies* présentes dans les acquisitions volumétriques. Les défis scientifiques à relever pour la construction d'un tel outil sont grands. À notre connaissance, personne ne semble avoir réussi à créer un système de détection générique. Plusieurs raisons pourraient expliquer cela : tâches semblant insurmontables en utilisant les techniques courantes, confinant les chercheurs à détecter des pathologies ou des structures anatomiques précises, budgets de recherche axés sur les pathologies, etc. L'approche courante est de segmenter la pathologie et d'en faire l'analyse. Cette voie n'est peut-être pas la meilleure lorsque l'on tente de découvrir des anomalies qui peuvent avoir une quasi-infinité de manifestations. Le rôle de la segmentation en imagerie médicale en est un de suivi et de caractérisation des pathologies.

Il existe de nombreux descripteurs tels le SIFT, le SURF, le FREAK etc. Ces algorithmes permettent d'extraire des signatures (des descripteurs) d'images qu'on leur fournit. Les signatures ainsi produites sont essentiellement liées à des lieux particuliers des images et la plupart forment un espace métrique. Les limites de ces descripteurs viennent du fait qu'ils sont construits en n'utilisant que des informations locales. Cela a pour conséquence qu'ils ne peuvent pas décrire directement un objet dans son contexte. Voulant contribuer à solutionner ce problème, nous proposons un nouveau descripteur topologique. Le descripteur topologique que nous proposons est d'un autre ordre. Nous l'avons construit pour qu'il inclue de l'information distante. Ceci lui confère donc la propriété de décrire un lieu topologique (objet ou partie d'objet) en relation avec les autres structures présentes dans l'image.

Nous souhaitons que ce descripteur soit utile lors de l'analyse d'images d'objets comportant une structure interne. L'exemple typique d'une image comportant une telle structure serait une image radiologique. En effet, ces images nous permettent de « voir » l'intérieur d'un organisme et, si nous analysons celles-ci, nous constatons qu'il existe une organisation commune

entre les différentes structures présentes. Malgré de grandes variabilités entre les individus, les organes et les nombreux tissus qui les constituent sont organisés d'une façon déterministe, du moins, chez les individus sains. Les organes sont disposés approximativement de la même façon d'un individu à l'autre. Plus stable encore est la connectivité tissulaire inter organes, qui est presque tout le temps identique d'un individu à l'autre. Il existe une grande variété d'images comportant une structure sous-jacente telles que celles des circuits imprimés, des moteurs, des réseaux hydrauliques. Ces dernières ne sont que des exemples, parmi tant d'autres, d'images comportant une structure.

Nous croyons qu'une nouvelle approche centrée sur les caractéristiques topologiques des intensités contenues dans les images est une solution envisageable. Nous émettons l'hypothèse que le degré de difficulté que l'on rencontre à classifier un descripteur iconique de la topologie peut être utilisé comme mesure du niveau d'*anormalité* d'une structure tissulaire. Le défi scientifique principal est de créer ce nouveau descripteur basé sur l'organisation topologique des intensités, d'où le terme descripteur iconique topologique (*DIT*).

Le sujet de cette thèse est la conception d'un descripteur topologique pouvant servir à l'appariement de structures anatomiques. Une utilisation possible serait la détection des lieux topologiques anormaux. La difficulté de cette entreprise est si grande que nous allons ici limiter nos travaux à la conception de ce descripteur et à son évaluation dans un contexte d'appariement de structures anatomiques. Nos futurs travaux pourront porter sur la mise en évidence de lieux anormaux dans les acquisitions radiologiques.

Nous débutons cette thèse en effectuant une revue de la littérature présentant un intérêt pour notre recherche. Après avoir formulé nos hypothèses, nous énonçons nos objectifs de recherche. Nous présentons la méthodologie que nous préconisons pour atteindre nos objectifs. Cela nous amène alors à la présentation des résultats de nos investigations. Notre document se termine par l'énoncé des conclusions auxquelles nous sommes parvenus, ainsi que des recommandations pour des travaux futurs.

CHAPITRE 2 REVUE DE LITTÉRATURE

Dans ce chapitre nous passons en revue les différentes techniques et représentations qui, nous croyons, seront nécessaires à la réalisation de notre objectif, c'est-à-dire concevoir et valider un descripteur image pouvant servir à la conception d'un système de détection de pathologies présentes dans les acquisitions radiologiques. Notre approche utilise une représentation en graphes de l'espace image. Les acquisitions volumétriques étant très lourdes, nous diviserons l'image en régions à l'aide de la transformation *watershed* ou à l'aide d'algorithmes de superpixels. Ces algorithmes sont souvent, et le seront dans ce texte, décrits comme étant des algorithmes de sursegmentation. Cette appellation découle du fait que, la plupart du temps, les objets présents dans l'image seront découpés en plusieurs segments. Cependant, nous allons débiter ce chapitre en présentant les principales techniques utilisées dans les systèmes CAD actuels, tels que les atlas et les classificateurs, pour le diagnostic automatique de pathologies.

2.1 Les atlas

Le défi de la segmentation des différents tissus peut être abordé par la technique des atlas, (Commowick, 2007). Il existe de nombreux type d'atlas : de surfaces, de régions volumiques, de textures, etc. Ici, nous abordons les atlas de régions volumiques. La technique consiste en la création d'un modèle de l'organe et de ses structures internes, modèle constituant l'atlas. La principale difficulté vient de la grande variabilité de forme, de taille et de texture des organes parmi la population. Nous devons également considérer les variations induites par la diversité des appareils de mesure. Les organes les plus géométriquement constants sont les plus simples à représenter à l'aide d'un atlas. Le cerveau est un organe ayant fait l'objet de nombreux travaux dans cette voie et le fait qu'il soit encastré dans la boîte crânienne favorise l'uniformité de sa forme d'un individu à l'autre. Donc, malgré la complexité de ses structures et de ses fonctions, le cerveau est un excellent candidat pour les techniques basées sur l'utilisation des atlas volumiques. De nombreuses techniques ont été étudiées pour parvenir à l'élaboration d'un modèle statistiquement valable (Guimond *et al.*, 1999). Cette étape est complexe et peut demander beaucoup de travail de segmentation sur de nombreux sujets. On utilise l'atlas en le recalant sur le sujet à segmenter. Cette opération débute habituellement par un recalage rigide, pour faire un positionnement approximatif de l'atlas et par la suite, un recalage élastique est effectué, ce qui déformera l'atlas et ses structures internes pour qu'elles épousent au mieux le cerveau du patient à diagnostiquer, (Cabezas

et al., 2011). Des contraintes physiques peuvent être incluses dans le modèle pour simuler l'élasticité des différentes structures anatomiques présentes dans l'atlas, (Davatzikos, 1997). L'algorithme de déformation élastique avec contraintes devient rapidement très complexe et coûteux en temps machine. On extrait de nombreuses informations du champ de déformation élastique issu du recalage, par exemple, on peut inférer la présence d'une pathologie si les déformations dépassent un certain seuil, (Thompson et Toga, 1997). La continuité, ou plutôt le manque de continuité, du champ de déformation pourrait également servir à détecter des anomalies. Pour avoir un aperçu des connaissances actuelles sur le sujet, nous avons consulté l'article de revue de Cabezas et al. (Cabezas *et al.*, 2011). Cabezas et ses collègues décrivent sommairement différentes approches et leur efficacité à segmenter des structures spécifiques du cerveau. Ces approches sont la propagation d'étiquettes, la propagation multi-atlas et la segmentation probabiliste avec atlas.

- **Propagation d'étiquettes** : c'est la stratégie la plus simple (Gee *et al.*, 1993), toute la justesse du processus de segmentation est laissée au processus de recalage. En effet, ici, les différentes structures de l'atlas sont tout simplement reportées sur le sujet après recalage. D'après la revue faite par Cabezas, cette méthode fonctionne bien lorsque le sujet est très similaire à l'atlas. Cette méthode a comme force, outre sa simplicité, de n'exiger qu'un seul recalage. Elle a comme faiblesses d'être fortement dépendante de l'atlas et du recalage et de ne pas très bien gérer les variabilités anatomiques.
- **Propagation multi-atlas** : technique similaire à la propagation d'étiquettes, mais qui fonctionne plutôt en choisissant l'atlas le plus proche du sujet étudié parmi une banque d'atlas (Lötjönen *et al.*, 2010). Certaines mises en œuvre de cet algorithme utilisent même plusieurs atlas en choisissant les parties les plus proches du sujet dans un atlas particulier. Cette approche devient rapidement coûteuse en temps de calcul car elle suppose, au minimum, autant de recalages que le nombre d'atlas utilisés pour effectuer la propagation d'étiquettes. Elle a comme force de mieux réagir aux variations anatomiques et de minimiser l'effet de cas « limite » (les *outliers*). Ses faiblesses sont de multiplier les recalages à effectuer et d'imposer des choix difficiles parmi la banque d'atlas. De plus, il est difficile de déterminer quelle est la meilleure procédure pour faire usage de plusieurs atlas à la fois afin de segmenter les structures anatomiques d'un seul sujet.
- **Segmentation probabiliste avec atlas** : cette approche module la propagation des étiquettes par une fonction probabiliste bayésienne ou variationnelle (Han et Fischl, 2007). Il en existe de nombreuses variantes, incluant des champs markoviens et des mélanges de distributions gaussiennes ou de fenêtres de Parzen, pour évaluer l'appartenance des voxels de l'image aux régions de l'atlas. Les distributions peuvent être

construites en même temps que l’atlas « géométrique ». Elle a comme force de bien réagir aux variations anatomiques et de n’exiger qu’un seul recalage. Ses faiblesses viennent de la difficulté à bien définir le poids relatif des atlas et la modélisation des distributions, qui est complexe.

Il est difficile de construire un atlas de qualité pour l’abdomen, car on observe dans la population d’importantes variations morphologiques, que ce soit au niveau de la disposition des organes ou bien au niveau de leur forme. Certains expérimentateurs sont parvenus à avoir de bons résultats pour des organes abdominaux (Linguraru *et al.*, 2009) en utilisant une recette comprenant, entre autres, une segmentation probabiliste avec atlas. Mais, compte tenu des plus récents travaux, il semble improbable qu’un atlas anatomique puisse être utilisé pour détecter des pathologies quelconques au niveau de l’abdomen dans un avenir proche.

2.2 Les classificateurs

Le vaste domaine de l’apprentissage automatique met à notre disposition de nombreux classificateurs. Un bon exemple de classificateur est l’algorithme des forêts d’arbres décisionnels. Les forêts d’arbres décisionnels ont été développées par des chercheurs de Microsoft : Criminisi, Konukoglu et autres (Criminisi *et al.*, 2010). C’est une spécialisation de l’algorithme de forêts d’arbres décisionnels développé originalement par Tin Kam Ho (Ho, 1995) et plus tard amélioré par Léo Breiman (Breiman, 2001). Les premières applications envisagées pour la médecine sont l’aide à la localisation des organes et la détection automatique d’agents de contraste dans les scans CT. La localisation automatique des organes peut avoir de grands impacts en télémédecine (voir la figure 2.1). Compte tenu de la taille considérable des acquisitions CT et des limites de débit de la bande passante, il est pratique de pouvoir présenter seulement le sous-ensemble demandé par le clinicien. On met en évidence, dans la figure 2.1, l’économie d’informations à transférer si le clinicien ne veut regarder que le cœur. Le rendu volumétrique du cœur seul est beaucoup plus léger en terme de calcul que le rendu complet du torse. Il est également important de pouvoir valider qu’une acquisition CT a été faite avec ou sans injection d’agent de contraste, car fréquemment les fichiers radiologiques ne contiennent pas cette information. D’après Criminisi (Criminisi *et al.*, 2011), jusqu’à 20% des fichiers seraient erronés. Si nous sommes en mesure de valider l’information, souvent inexacte, contenue dans les champs images, on peut alors démarrer des prétraitements qui accéléreront le travail du clinicien lorsqu’il se présentera devant le logiciel d’analyse.

Cette technique consiste à entraîner un certain nombre d’arbres de décisions à déterminer la position et la taille des organes. Pour permettre l’entraînement, des experts ont spécifié, à l’aide de boîtes, la position des organes dans un grand nombre d’acquisitions (approxi-

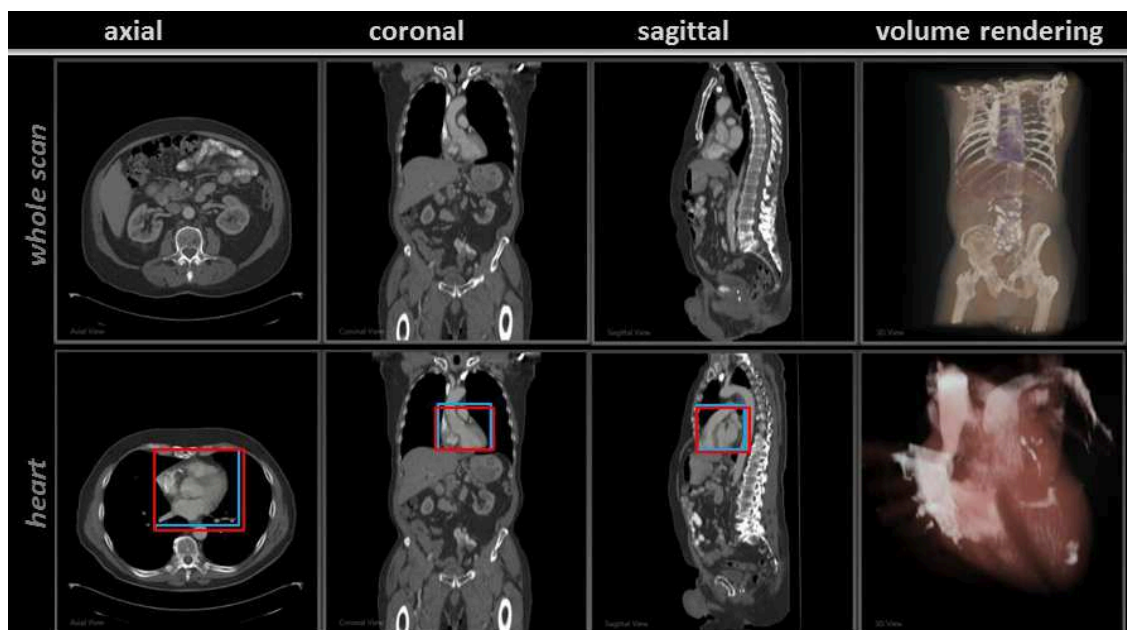


Figure 2.1 Détection automatique du cœur. La boîte rouge est celle qui est fournie par l’expert, celle qui est en bleu, par l’algorithme. Image provenant du site internet du groupe InnerEyes de Microsoft.

mativement 50). Après l’entraînement, tous les voxels des acquisitions sont présentés à tous les arbres qui votent pour la position des frontières des boîtes contenant les organes. On constate que cette approche est en plein essor si l’on se base sur le nombre de publications y faisant référence. Les résultats présentés dans la littérature sont très encourageants. Les classificateurs par forêts d’arbres décisionnels pourraient être utilisés pour la détection des *anomalies*; ici encore, la difficulté à classifier certaines sections des images pourrait être utilisée pour déterminer à quel point elles sont inusitées, donc possiblement pathologiques.

2.3 Représentation en graphes de l’espace image

La représentation en graphes de l’espace image est une approche très répandue qui permet d’aborder le problème de la segmentation à l’aide de nombreux algorithmes d’analyse de graphes. Un bon recensement des différentes techniques de segmentation fondées sur une représentation en graphes de l’image se retrouve dans la thèse de doctorat de Jean Stawiaski (Stawiaski, 2008). En effet, lorsque l’on considère une image comme étant un ensemble de données ayant une organisation spatiale fixe (i.e. le voisinage d’un pixel i est connu en tous lieux), nous utilisons implicitement une représentation en graphes. On pourrait dire qu’une grande partie des méthodes de segmentation classique (region growing, champ markovien,

active contour, etc.) utilisent une représentation *de facto* de l'image sous forme de graphes. On peut donc interpréter une image à N dimensions comme un graphe connexe non orienté $G = (V, E)$ où les nœuds V sont les pixels et E sont les arêtes reliant ces pixels à leurs voisins selon la connectivité choisie.

Si nous désirons représenter sous forme de graphes les relations d'un ensemble de régions de forme arbitraire définies dans l'espace image (par exemple les régions issues d'une transformation *watershed*), nous pouvons construire un graphe, $G = (V, E)$, où V sont les régions et E sont les arêtes représentant les contacts entre les régions. Une multitude d'algorithmes peuvent être utilisés pour regrouper les nœuds V du graphe. On peut citer quelques-uns des algorithmes les plus couramment utilisés :

- **Dijkstra** : (Dijkstra, 1959) Algorithme utilisé afin de produire l'arbre des chemins les plus courts à partir d'un nœud source et ainsi les trier selon la distance par rapport au nœud source. L'arbre ainsi produit peut être utilisé à des fins de segmentation. Par exemple, pour trouver un chemin entre deux points afin d'initialiser une segmentation vasculaire. Cependant, cet algorithme a le défaut d'être sensible au bruit. Si utilisé sur une image, l'arbre produit par cet algorithme a des ramifications qui minimisent les changements de ton de gris et de ce fait regroupe sur les branches les tissus connexes ayant des tons de gris similaires. Cet algorithme inclut l'utilisation d'une queue. Les meilleures performances sont obtenues en utilisant une queue de Fibonacci (Fredman et Tarjan, 1987). Grâce à l'utilisation de cette queue, il est possible d'atteindre des performances de l'ordre $\mathcal{O}(V \log V + |E|)$, où V est le nombre de nœud dans le graphe et E est le nombre total d'arêtes.
- **Edmonds** : (Edmonds, 1967) Algorithme servant à produire l'arbre couvrant minimum, il est également connu comme l'arbre optimum. Cet algorithme construit l'arbre minimisant (ou maximisant) la somme des poids du graphe. La version initiale de cet algorithme est récursive et a une solution en temps proportionnel au nombre d'arêtes multiplié par le nombre de nœuds. Plusieurs implémentations plus récentes offrent des solutions plus efficaces en termes de temps de calcul, de l'ordre de $\mathcal{O}(V \log V + |E|)$.
- **Ford-Bellman** : (Bellman, 1956) Algorithme construisant également l'arbre des chemins les plus courts, mais qui a l'avantage d'être massivement parallélisable. Par contre, ce n'est pas un algorithme aussi efficace que celui de Dijkstra. En effet, le nombre maximal de processeurs pouvant être utilisés pour son exécution est égal à V , le nombre de nœuds du graphe.
- **Ford-Fulkerson** : (Ford et Fulkerson, 1956) Algorithme utile pour trouver le réseau de flux maximum. C'est un algorithme fort utile pour calculer le flux maximum car son dual est le *Graph Cut*.

- **Level-sets** : (Sethian, 1999b) Algorithme de segmentation populaire qui fournit une solution à l'équation eikonale. Beaucoup de publications ont été faites sur le sujet. Cet algorithme est complexe d'utilisation et coûteux en temps de calcul.
- **Fast Marching** : (Sethian, 1999a) Cet algorithme calcule une solution approximative à l'équation eikonale. Celui-ci fonctionne en faisant avancer un front continu de manière monotone, qui avance plus rapidement dans les milieux similaires au point de départ. Le fast marching est très souvent utilisé en imagerie pour segmenter les vaisseaux sanguins, en CT et en MR, et d'autres structures présentant un bon contraste. Il est également sensible au bruit, mais moins que l'algorithme de Dijkstra, car la fonction coût est habituellement liée aux tons de gris du point de départ du front. Il en résulte donc moins de dérives lorsqu'il est utilisé pour faire du suivi spatial de structures.

Nous précisons ici ce qu'est un "arbre des chemins les plus courts", car nous en ferons grand usage. Étant donné un graphe non orienté et connexe, la carte des chemins les plus courts, pour une source, est un arbre qui connecte tous les nœuds du graphe en minimisant la somme des poids des arêtes (voir la figure 2.2).

Pour que cette carte minimise le passage des gradients et favorise, de ce fait, les chemins qui parcourent le graphe en minimisant les variations des tons de gris, nous utiliserons comme valeur pour les arêtes la fonction poids $P(I_a, I_b) = |I_a - I_b|$, fonction dans laquelle les I_a et I_b sont les tons de gris des nœuds voisins a et b . Afin qu'elle soit une mesure de distance, cette fonction poids doit être une métrique. Vérifions si les propriétés de cette fonction respectent les exigences d'une métrique (Deza et Deza, 2012).

1. $|I_a - I_b| = 0$ si et seulement si $I_a = I_b$, la réflexivité, nulle preuve requise ;
2. $|I_a - I_b| \geq 0$ la non-négativité, I_a et I_b sont des nombres réels donc $|I_a - I_b|$ l'est également ;
3. $|I_a - I_b| = |I_b - I_a|$ les mesures de distances doivent être symétriques, la commutativité
4. $|I_a - I_c| \leq |I_a - I_b| + |I_b - I_c|$ la propriété de l'inégalité du triangle,

Étant donné que la métrique que nous avons choisie est la distance euclidienne, il est évident qu'elle rencontre toute les exigences requises.

Supposons un chemin C quelconque mais continu, de longueur m reliant les deux points S_1 et S_m . On peut écrire ce chemin comme une suite de points :

$$C_{1 \rightarrow m} = S_1 \rightarrow S_2 \rightarrow S_3 \rightarrow \dots \rightarrow S_{m-1} \rightarrow S_m$$

Pour chaque lieu S_i , il existe un ton de gris I_i . Les tons de gris le long du chemin peuvent



Figure 2.2 Les distances selon la métrique $|I_a - I_b|$. La source est en rouge

donc s'écrire :

$$C_{1 \rightarrow m} = I_1 \rightarrow I_2 \rightarrow I_3 \rightarrow \cdots \rightarrow I_{m-1} \rightarrow I_m$$

On peut définir la fonction de distance topologique dans l'espace des tons de gris comme suit :

$$D(C_{1 \rightarrow m}) = \sum_{n=1}^{m-1} |I_{n+1} - I_n| = \sum_{n=1}^{m-1} P(I_{n+1}, I_n)$$

Construisons l'arbre couvrant de poids minimal en utilisant S_1 comme point de départ et $|I_{n+1} - I_n|$ comme poids pour les arêtes. Cet arbre relie S_1 à tous les autres lieux par un chemin minimisant les différences entre les tons de gris. Écrivons $CM_{1 \rightarrow m}$ pour nommer le chemin de poids minimal reliant S_1 à S_m . La distance topologique $D(CM_{1 \rightarrow m})$ entre la source $S_1 = \{x_1, y_1, z_1\}$ ayant un ton de gris I_1 et un lieu $S_m = \{x_m, y_m, z_m\}$ ayant un ton de gris I_m sera nulle si et seulement si $I_1 = I_m$ et que le chemin reliant S_1 et S_m



Figure 2.3 Deux chemins les plus courts selon la métrique $|I_a - I_b|$. La source est en rouge. Une des destinations en bleu et l'autre en jaune

$(I_1 \rightarrow I_2 \rightarrow I_3 \rightarrow \dots \rightarrow I_m)$ est composé de tons de gris égaux $I = I_1 = I_2 = \dots = I_m$. Si $D(CM_{1 \rightarrow m}) = 0$, on en déduit que S_1 et S_m sont deux endroits dans la même structure anatomique. Plus $D(CM_{1 \rightarrow m})$ est petit, plus les lieux S_1 et S_m sont des tissus proches, donc soit ils sont dans la même structure anatomique, soit ils sont séparés par très peu de structures tissulaires. Également, plus $D(CM_{1 \rightarrow m})$ est grand, plus les points S_1 et S_m sont séparés par de grands gradients et sont donc séparés par de nombreuses structures tissulaires ou par des tissus ayant des tons de gris très distincts (voir la figure 2.3). Ces deux points peuvent être très proches dans l'espace et en même temps très lointains dans l'arbre des chemins les plus courts partant de S_1 vers tous les autres lieux.

2.4 Méthode de segmentation par partage des eaux : *Watershed*

La transformation *watershed* fut élaborée par Digabel et Lantuéjoul (Digabel et Lantuéjoul, 1978). Cette méthode de segmentation fait une analogie entre les tons de gris d'une image et le relief d'une carte topographique dont on simule l'inondation. On doit fournir à la transformation les lieux qui serviront de sources à l'inondation.

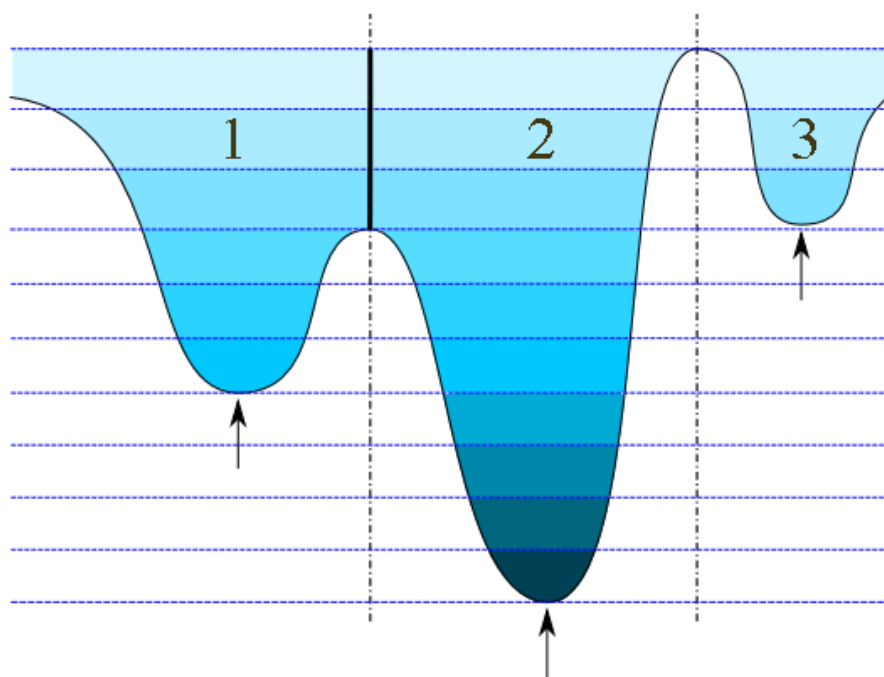


Figure 2.4 Analogie de la ligne de partage des eaux

Les lignes délimitant les différents bassins lors de leur rencontre sont les lignes de partage des eaux (voir la figure 2.4). Ces lignes de partage des eaux délimitent les régions *watershed*. On effectue donc la transformation *watershed* sur le module du gradient de l'image, ce qui force les frontières des régions à épouser les structures de l'image (voir la figure 2.5). On associe une étiquette aux différentes régions issues de cette transformation pour les distinguer.

La plus grande difficulté de l'algorithme de la transformation *watershed* est de faire l'initialisation des différents bassins. On procède généralement en choisissant les minimums du gradient pour un certain voisinage à N dimensions. La qualité du calcul du gradient et le niveau de bruit des images ont une grande importance. Le mauvais positionnement des lieux d'initialisation des bassins *watershed*, et leur trop grand nombre font en sorte que l'on obtient souvent une sursegmentation de l'image, c'est-à-dire que les objets dans l'image se font assigner plus d'un index et c'est pourquoi un regroupement des régions composant les objets

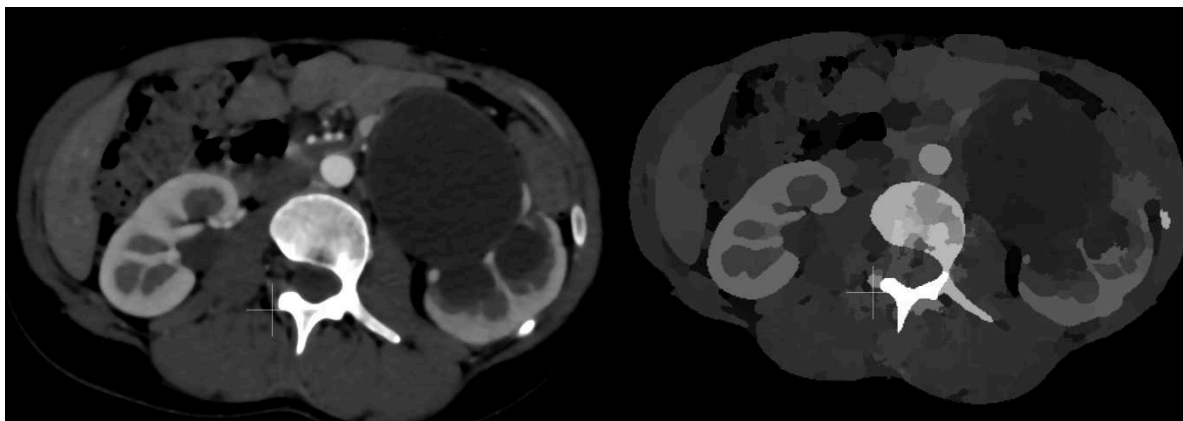


Figure 2.5 Exemple de résultat de la transformation *watershed*. À gauche l'image original et à droite le résultat après la transformation *watershed*.

doit être effectué. De nombreux algorithmes peuvent être utilisés pour faire ce regroupement : *Region Growing*, *Distance Map*, *Graph Cut*, *Grow Cut* et plusieurs autres. Ces algorithmes sont invariants aux rotations et autres transformations affines. En effet, les algorithmes de regroupement cités ont une propagation symétrique. Seule une transformation qui modifierait d'une manière non uniforme les gradients de l'image produirait une sursegmentation très différente.

De nombreux algorithmes ont été développés pour calculer cette transformation. Parmi les méthodes les plus populaires, on retrouve les méthodes immersives, les méthodes de type *tobogganing* et les méthodes utilisant les cartes de distances (Lin *et al.*, 2006). Nous avons déjà proposé un algorithme basé sur les méthodes par cartes de distances, (Kauffmann et Piché, 2008). Cette méthode a le net avantage de ne pas construire de surface frontière, c'est-à-dire que tous les voxels de l'image appartiennent à une région *watershed* donnée. De plus, nous avons développé notre algorithme de *watershed* sous la forme d'automate cellulaire, ce qui le rend massivement parallélisable. Notre algorithme a été conçu pour être exécuté sur les cartes graphiques (GPU) afin de profiter de leur puissance de calcul. Cela nous permet ainsi d'obtenir des temps de calcul très courts (Kauffmann et Piché, 2008).

2.5 Histogramme 2D utilisé comme descripteur topologique

Il semble que l'on ne mentionne pas dans la littérature l'utilisation des histogrammes 2D pour faire la description de la position topologique d'un lieu image. Par contre, il existe une abondante documentation sur l'indexation des images à l'aide de signatures histographiques (Cha et Srihari, 2002). En effet, la plupart des descripteurs image utilisent les distances

histographiques. La distance de Hamming (Hamming, 1950) est très couramment utilisée. On peut également noter qu'il existe plusieurs références sur le sujet de la segmentation par regroupement d'amas dans les histogrammes multidimensionnels, en particulier pour ce qui est des images couleur (Kurugollu *et al.*, 2001).

2.6 Distance histographique

Plusieurs métriques de comparaison des histogrammes ont été développées pour traiter différents types d'histogrammes. Cependant, pour qu'une méthode de comparaison d'histogrammes soit qualifiée de métrique, elle doit posséder certaines propriétés. Soit les histogrammes des images A, B et C quelconques, $H(A)$, $H(B)$ et $H(C)$, la mesure de distance $D(H(A), H(B))$ doit, pour être une métrique, vérifier les propriétés suivantes :

1. $D(H(A), H(B)) = 0$ si et seulement si $H(A) = H(B)$, c'est la propriété de réflexivité ;
2. $D(H(A), H(B)) \geq 0$ c'est la propriété de non-négativité ;
3. $D(H(A), H(B)) = D(H(B), H(A))$ les mesures de distance doivent être symétriques, c'est la propriété de commutativité ;
4. $D(H(A), H(C)) \leq D(H(A), H(B)) + D(H(B), H(C))$ c'est la propriété de l'inégalité du triangle.

Une bonne revue des différentes distances métriques se trouve dans l'article de Sung-Hyuk Cha, (voir Cha, 2007). Certaines de ces distances sont appropriées pour les histogrammes nominaux alors que d'autres s'avèrent plus efficaces pour traiter les histogrammes ordinaux. Dans les histogrammes ordinaux, contrairement aux histogrammes nominaux, l'ordre des classes a une certaine importance et cet ordre fait partie des informations contenues dans ceux-ci (pour des exemples d'histogrammes voir les figures 2.6 et 2.7). Le lecteur est en droit de poser la question : pourquoi exiger que la méthode de comparaison des histogrammes respecte la définition d'espace métrique ? En pratique, la raison est que cela facilite grandement l'indexation des histogrammes. En effet, si nous sommes en présence d'un espace métrique, nous pouvons effectuer des recherches par simple triangulation.

Nous croyons que les métriques ordinales sont plus pertinentes quand nous tentons de comparer des graphes, car l'information spatiale est très importante. Les métriques de comparaison de distribution sont fréquemment utilisées pour effectuer l'indexation des images dans les bases de données. Il existe une abondante documentation traitant de ce sujet (Hjaltason et Samet, 2003). Voici les principales distances que l'on retrouve dans la littérature contemporaine :

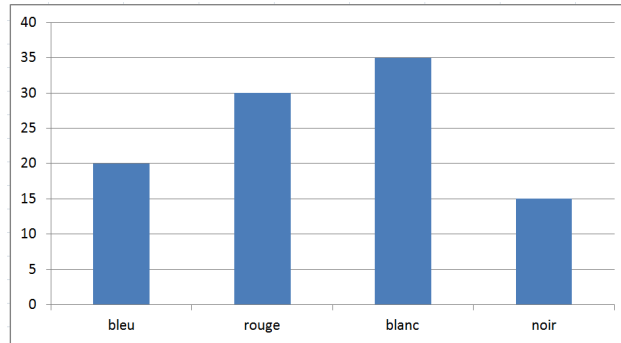


Figure 2.6 Histogramme nominal

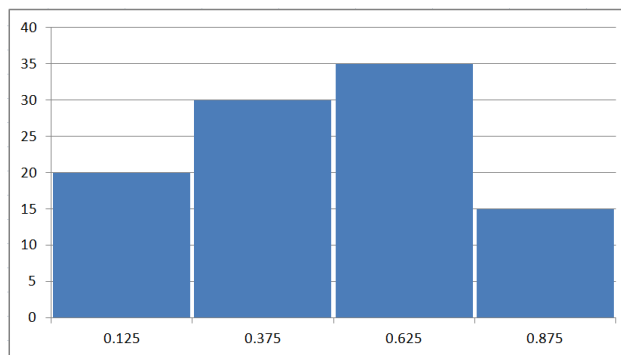


Figure 2.7 Histogramme ordinal

1. *City block* (Deza et Deza, 2009)

$$D(H_A, H_B) = \sqrt{\sum_{i=0}^{b-1} |H_A(i) - H_B(i)|}$$

2. *Euclidienne* (Deza et Deza, 2009)

$$D(H_A, H_B) = \sqrt{\sum_{i=0}^{b-1} (H_A(i) - H_B(i))^2}$$

3. *Non intersection* (Deza et Deza, 2009)

$$D(H_A, H_B) = n - \sum_{i=0}^{b-1} \min(H_A(i), H_B(i))$$

4. *Kullback Leibler (KL)* (Kullback et Leibler, 1951)

$$D(H_A, H_B) = \sum_{i=0}^{b-1} P_i(H_B(i)) \log \frac{P_i(H_B(i))}{P_i(H_A(i))}$$

5. *Matusita* (Matusita, 1955)

$$D(H_A, H_B) = \sqrt{\sum_{i=0}^{b-1} \left\{ \sqrt{P_i(H_A(i))} - \sqrt{P_i(H_B(i))} \right\}^2}$$

6. *Bhattacharyya* (Bhattacharyya, 1943)

$$D(H_A, H_B) = -\log \sum_{i=0}^{b-1} \sqrt{P_i(H_A(i))P_i(H_B(i))}$$

7. *earth mover's distance*, également nommée distance de *Wasserstein*

Cette métrique, popularisée par Rubner, Tomasi et Guibas (Rubner *et al.*, 1998), ne s'exprime pas de manière concise sous forme d'équation. Elle fut développée originellement par Leonid N. Wasserstein à la fin des années soixante et certains s'en servent pour segmenter (Ni *et al.*, 2009).

On peut en illustrer le principe à l'aide de l'analogie suivante : soit A et B , deux histogrammes, que nous considérerons comme étant des cartes de niveaux topographiques. La *earth mover's distance* serait dans ce cas la mesure de l'énergie minimale requise pour transformer le terrain A en terrain B .

Plusieurs algorithmes permettent d'effectuer ce calcul. La solution classique à ce problème est analogue au problème du transport à coût minimal, également appelé l'algorithme du simplexe (Dantzig *et al.*, 1955) alors que d'autres solutions sont des approximations (Cha et Srihari, 2002), (Shirdhonkar et Jacobs, 2008), (Pele et Werman, 2009a) et (Ling et Okada, 2007). FastEMD (Pele et Werman, 2009b), la version que nous utilisons de cette métrique, fournit le calcul de cette distance en un temps approximativement proportionnel au cube du nombre de classes $\mathcal{O}(n^3 \log n)$.

2.7 Appariement homomorphique de graphes

Il existe deux grandes familles d'appariement de graphes, l'appariement de graphes isomorphes pour les graphes qui possèdent un nombre de nœuds égaux et l'appariement homomorphe pour les graphes dont le nombre de nœuds diffère. Dans notre situation, nous aurons à utiliser un algorithme de comparaison de graphes homomorphes. Plusieurs approches sont

citées dans la littérature, nous devons donc faire un choix parmi maintes techniques (Ben-goetxea *et al.*, 2002). Nous serons en mesure d'effectuer ce choix lorsque nous aurons plus d'informations sur les tailles et formes de graphes de *DIT* que nous construirons. Certaines méthodes impliquent de faire un regroupement de nœuds pour que les graphes à comparer soient semblables. Plusieurs demandent un tri des nœuds des graphes. Beaucoup de travaux ont été publiés sur le sujet de l'analyse des similarités entre les graphes car cela est, entre autres, utile en biologie et pour l'étude des réseaux sociaux.

2.8 Indexation dans un espace métrique

L'indexation d'objets (de données) pour être en mesure de les retrouver rapidement est un problème fondamental de la gestion de l'information. Si les objets que l'on désire indexer sont comparables à l'aide d'une mesure de distance définissant une métrique, nous sommes en mesure de les trier efficacement (Hjaltason et Samet, 2003). Les propriétés qu'une mesure de distance doit respecter pour définir une métrique sont les mêmes que celles que nous avons mentionnées précédemment. On appelle base de données pour espace métrique, les bases de données indexant des objets selon une mesure de distance respectant les conditions citées ci-dessus. Soit $U = O_a, \dots, O_n$ un ensemble d'objets formant une base de données provenant d'un univers X , potentiellement infini. Si il existe une distance métrique $D(O_i, O_j)$ permettant de comparer ces objets deux à deux, nous pourrions construire un index permettant une recherche par similarité. Cet index nous permettra de trouver pour un objet O_i les k plus proches objets selon la distance $D(O_i, O_j)$. De nombreux travaux ont été publiés sur ce sujet. Étant donné l'énorme quantité d'informations numériques produites à chaque instant, on peut supposer que le problème de l'indexation d'objets complexes sera un sujet de recherche populaire pour encore de nombreuses années. La technique la plus fréquemment utilisée pour effectuer une recherche dans un espace métrique est basée sur la triangulation. Le but de la recherche pourrait être de construire la liste de tous les objets contenus dans la base de données qui sont à une distance x ou moins de l'objet que l'on veut étudier. Pour ce faire, il suffit de choisir parmi les objets gérés par la base de données un nombre restreint d'entre eux qui serviront de référence. Si on connaît la distance de chacun des objets par rapport à ceux-ci, nous pouvons déterminer efficacement le sous-ensemble des objets contenus dans la base de données qui sont à une distance égale ou inférieure.

2.9 Descripteur d'images

Il existe de nombreux descripteurs d'images. Certains sont très complexes et d'autres beaucoup plus simples. Ils sont utilisés pour décrire des points caractéristiques d'images, points que l'on tente par la suite de retrouver dans d'autres images. Ils sont fondamentalement différents du descripteur que l'on propose, car ils n'incluent pas d'informations sur les structures distantes dans l'image. En effet, aucun d'entre eux ne considère dans sa construction des pixels éloignés du pixel d'intérêt. Effectivement, ils sont tous construits en effectuant une analyse locale de l'image, autour du pixel d'intérêt. Pour les comprendre, nous avons, entre autres, consulté un bon résumé des descripteurs contemporains (Hassaballah *et al.*, 2016). Nous allons donc en décrire quelques-uns ci-dessous.

- *SIFT* (Scale-Invariant Feature Transform) Descripteur conçu par David Lowe en 1999 (Lowe, 1999) et breveté par l'Université de Colombie-Britannique. Ce descripteur est basé sur l'analyse des extremums de l'application du filtre de Laplace sur le résultat du filtre gaussien de l'image (LoG : i.e. Laplacian of Gaussian). En pratique pour avoir une approximation de ce coûteux opérateur, on se contente d'utiliser une différence de filtre gaussien (DoG, Difference de gaussienne). Un vecteur de 128 composantes forme le descripteur. Il est robuste et versatile. Il est utilisé dans de nombreux domaines : suivi temporel, suivi spatial, reconnaissance d'objets et recalage. On peut citer ici en exemple un article de conférence (Kisku *et al.*, 2007) sur la reconnaissance faciale fondée sur des graphes de descripteurs SIFT. Les *scale invariant feature transform* sont très populaires (*SIFT AND descriptor* retourne 54000 citations sur Google scholar). Cette méthode construit un descripteur de 128 éléments de type point flottant. Il pèse donc 512 octets. Il est impossible de lister les innombrables utilisations des SIFT. Nous nous contenterons de faire un petit survol de ses meilleurs usages. Il est couramment utilisé, sous sa forme originale, pour faire des appariements d'images. Par contre, pour arriver à l'utiliser pour faire des appariements d'images ou de sections d'images, il est nécessaire de faire des groupes de SIFT. Malgré leurs robustesses, il est connu que de trop grandes rotations (plus de 30 degrés) les confondent. En effet, le fait qu'ils soient basés sur une analyse des orientations des gradients d'un voisinage local les rend sensibles aux grandes rotations. Lorsque les conditions sont favorables, comme par exemple pour le suivi d'objets dans une scène captée à l'aide d'une caméra vidéo, et que les objets ne se déplacent pas beaucoup d'une trame à l'autre, le descripteur SIFT est très performant, comme le montre cet article sur la compensation de mouvement pour les acquisitions de vidéo (Zeng *et al.*, 2016). Une autre application très réussie de ce descripteur apporte une solution au problème difficile du recalage rigide ou

élastique (Saalfeld *et al.*, 2010). Dans cet article, les auteurs utilisent l'appariement des SIFT, en combinaison avec des contraintes sur les déformations permises, pour définir une grille de déformations permettant de recalibrer les nombreuses images formant une mosaïque. En microscopie tomographique SEM (*scanning electron microscope*), il existe une technique de prise d'images tomographiques à partir de tranches minces extraites d'un échantillon. Les tranches minces issues du découpage de l'échantillon sont souvent déformées. Il faut donc effectuer un recalage élastique pour corriger le volume tomographique. Un outil très populaire pour effectuer cette correction est accessible dans le logiciel ImageJ (Schindelin *et al.*, 2015) qui utilise des groupes de SIFT pour appliquer une déformation élastique aux images à recalibrer. Les SIFT sont fort utiles pour ce genre d'applications. Le défaut principal des SIFT auxquels nous voulons palier est leur manque de portée spatiale. En effet, les SIFT sont conçus en analysant un voisinage de 16 par 16 pixels. Ils ne recèlent donc pas d'information sur les pixels plus éloignés dans l'image.

- *SURF* (Speeded Up Robust Feature) Ils furent introduits par Herbert Bay (Bay *et al.*, 2006). Ils sont en quelque sorte une version améliorée des SIFT. Ils sont construits en utilisant des pyramides gaussiennes de l'image et une approximation de la matrice hessienne : les descripteurs SURF sont une variante des descripteurs SIFT. Ils ont les mêmes limitations que ceux-ci. Ils sont construits de la même manière que les SIFT, mais ils sont encodés sur un plus petit histogramme. Ceci permet de les comparer plus rapidement et ils sont plus concis, ce qui permet d'en conserver plus en mémoire. Les auteurs prétendent que leur descripteur est au moins deux ordres de grandeur plus rapide que les SIFT. Les SURF suscitent un grand intérêt comme descripteurs de remplacement au SIFT dans les applications industrielles car ils ne sont pas brevetés. Il en découle que plusieurs outils de suivi et de reconnaissance d'objets utilisent les SURF. La rapidité avec laquelle on peut les créer et les comparer en font un bon choix dans de nombreux contextes de vision artificielle.
- *BRIEF* (Binary Robust Independent Elementary Features) Le descripteur BRIEF est typiquement formé d'un vecteur binaire de 128bits = 16 octets. On note dans la littérature de nombreuses variantes de longueur de ce descripteur (Calonder *et al.*, 2010). Pour un lieu image donné, on construit les BRIEF en comparant l'intensité de 128 paires de pixels. Il existe une foule de patrons de sélection des paires. Malgré leur simplicité, ils fournissent de bons résultats (Calonder *et al.*, 2012). Par contre, le BRIEF est sensible aux rotations de plus de 35 degrés. Ce descripteur est lui aussi local et n'inclut pas d'information sur l'organisation des objets présents dans l'image. En effet, pour construire le descripteur BRIEF, on utilise typiquement des rectangles

de 16 par 16, donc 256 pixels carrés. Encore une fois, il est courant d'utiliser un grand nombre de descripteurs BRIEF pour effectuer des tâches de suivi ou de reconnaissance d'objets.

- *FREAK* (Fast Retina Keypoint descriptor) Le descripteur FREAK (Alahi *et al.*, 2012) est basé sur une analogie du champ de perception rétinien. Les lieux utilisés pour sa construction sont choisis en traçant des cercles autour du pixel d'intérêt. Comme les SIFT, les SURF et le BRIEF, ils sont utilisés pour faire du suivi d'objets dans les séquences vidéo, le recalage, la création de mosaïque et la reconnaissance d'objets. Ici encore, nous ne pouvons effectuer aucune tâche si nous ne créons pas une grande quantité de descripteurs. Encore un fois, nous constatons qu'ils n'intègrent pas d'information distante et ne peuvent donc pas être considérés comme étant structurel.

Les descripteurs que nous venons de décrire sont de bons représentants de ce qui se fait de mieux dans le domaine. Leur efficacité n'est plus à démontrer. Par contre, comme nous l'avons mentionné, chacun de ces descripteurs est construit en analysant un petit voisinage de points critiques. Aucun d'entre eux n'inclut de l'information distante. Ils ne recèlent pas d'information pouvant être utile à la détermination de la structure dans l'image. En cela, notre descripteur, le *DIT*, diffère totalement car il est conçu pour inclure de l'information structurelle. Nos descripteurs incluent de l'information distante car ils sont issus de l'analyse d'une représentation en graphe de toute l'image. En effet, tous les pixels de l'image sont utilisés pour sa création. Ces descripteurs sont très utiles et d'usage courant, mais ils ne sont pas optimisés pour notre tâche ultime, c'est-à-dire, la détection automatique de pathologies.

2.10 Résumé

Premièrement, nous avons décrit sommairement l'utilisation de certains algorithmes basés sur l'utilisation d'atlas volumétriques : ce sont des méthodes de classification et de segmentation ayant fait leurs preuves dans de nombreux contextes spécifiques. Nous avons plus précisément abordé leur utilisation pour la classification des structures du cerveau. Nous avons par la suite mentionné la technique des arbres de forêts décisionnels. Cette approche de détection des structures soulève de grands espoirs et apporte de nouvelles solutions aux problèmes de la segmentation des organes. Le reste du chapitre fut consacré à faire le point sur les différentes représentations et méthodes dont nous aurons besoin pour atteindre nos objectifs. Le prochain chapitre expose nos objectifs de recherche, visant le développement d'un descripteur.

CHAPITRE 3 HYPOTHÈSE ET OBJECTIFS

Nous pouvons exprimer notre problématique de recherche de la façon suivante : les descripteurs classiques ne sont pas adéquats pour faire des appariements de sous-sections d'images. Ils ont de la difficulté avec les appariements de régions car ils n'incluent aucune information sur la structure du lieu décrit. Pour pallier cette lacune, nous proposons de concevoir un descripteur iconique topologique qui inclura l'information nécessaire. Cette information proviendra des relations des tons de gris de l'image. Le descripteur que nous désirons créer utilisera l'information topologique de l'espace des tons de gris de l'image pour décrire un lieu topologique de manière unique, ce qui leur permettra d'être utilisés pour effectuer des appariements des structures anatomiques efficacement.

3.1 Objectif principal : création d'un descripteur iconique topologique

Notre objectif principal est de concevoir un descripteur basé sur l'étude des relations topologiques des tons de gris des images. Pour nous être utile, ce descripteur devra être en mesure de discerner les différences de structures tissulaires et permettre un appariement de structures similaires.

3.2 Objectifs spécifiques

Énumérons maintenant les objectifs spécifiques qui sont essentiels à l'atteinte de notre objectif principal.

3.2.1 Représentation en graphe de l'espace image

Notre premier objectif spécifique est la représentation de l'espace image en un graphe G . Nous envisageons deux représentations :

1. graphe dense et implicite issu directement des pixels de l'image selon une connectivité euclidienne.
2. graphe de la connectivité des régions issu d'un algorithme de sursegmentation de l'espace image, par exemple, en utilisant la transformée *watershed*.

3.2.2 Génération des arbres

Notre second objectif consiste en la création d'arbres A_i pour tout nœud i du graphe G , nœud associé à un lieu de l'image que nous désirons décrire. Notre descripteur est une représentation allégée d'arbres extraits du graphe G . Ces arbres peuvent être interprétés comme étant une vision de l'espace image tel que perçu par un lieu donné de celle-ci. C'est pour ainsi dire le point de vue topologique de l'image interprétée selon un lieu donné. La création de ces arbres s'effectuera par un processus de minimisation que nous décrirons plus loin au chapitre 4. Nous allons faire la démonstration expérimentale que ce processus de minimisation crée des arbres A_i à la fois uniques et correspondants aux arbres provenant de structures similaires. La difficulté réside ici dans le choix des paramètres du processus de minimisation.

3.2.3 Construction d'un descripteur iconique de la topologie (DIT)

Notre troisième objectif, notre principale contribution, consiste en la conception de représentations allégées des arbres A_i . Cette représentation sera nos descripteurs, les DIT . Nous désirons avoir la possibilité de produire un DIT_i pour tout lieu image que nous voulons décrire. Nous partons de l'hypothèse que l'information nécessaire à la description d'un lieu image est contenue dans l'arbre qui lui est associé. Les arbres étant trop lourds pour être conservés sous leur forme initiale, nous en proposons 2 formes abrégées. La première est un histogramme des distances des chemins les plus courts, calculé lors de la construction des arbres, la seconde consiste à utiliser les histogrammes 2D intensité / distance des chemins les plus courts comme DIT . Les DIT sont les descripteurs image que nous pourrions éventuellement compiler dans une base de données.

Voici les propriétés que doivent posséder les DIT et que nous désirons vérifier :

- **Robustesse au bruit** : Toute forme d'acquisition d'images est sujette au bruit. Par exemple en radiologie, les doses réduites et les temps d'expositions les plus courts possibles ont pour résultat que les images acquises ont un faible ratio signal/bruit. Les DIT doivent être peu influencés par le niveau de bruit qui peut être important. L'utilisation d'images radiologiques pour effectuer nos tests nous permet de valider cette propriété. En effet, les images que nous utilisons pour faire nos tests d'appariement sont bruitées.
- **Comparaisons efficaces** : Les DIT doivent être robustes aux transformations affines et élastiques, car les humains ont des géométries diverses. Des déformations peuvent également provenir de l'acquisition de données et des pathologies. Nous ne sommes pas dans un contexte de suivi de pathologies, mais bien de détection d'anomalies

topologiques. Il en résulte qu'il est important que des descripteurs provenant de tissus similaires, mais peut être n'ayant pas la même configuration géométrique, ne soient pas considérés comme étant très distants.

- **Représentation concise** : Il est possible que la compilation de nombreux *DIT* génère une grande quantité de données. La résolution à laquelle nous effectuerons notre analyse affectera directement la somme de *DIT* à conserver. Une représentation concise des *DIT* est souhaitable.
- **Unicité pour un lieu objet** : Les *DIT* doivent représenter de manière unique les lieux issus d'une région connexe de tons de gris constants, ou de textures similaires (provenant d'une seule région objet) toute en étant proche d'un autre *DIT* issu d'un lieu image similaire.

Toutes ces propriétés seront vérifiées dans les prochains chapitres.

3.2.4 Construction d'une métrique de comparaison de *DIT*

Notre quatrième objectif sera de faire le choix d'un espace métrique efficace pour comparer les *DIT*. Pour être en mesure de déterminer la similarité entre deux lieux images, nous aurons à comparer les *DIT* deux à deux. Les *DIT* que nous proposons sont soit des histogrammes 1D, soit des histogrammes 2D. De nombreuses métriques ont été développées pour comparer des histogrammes, certaines fort simples et d'autres beaucoup plus complexes. Les recherches de *DIT_i* similaires dans une base de données, seront grandement accélérées si les descripteurs forment un espace métrique. Pour être en mesure de déterminer la pertinence des métriques de *DIT*, nous devons valider la spécificité des *DIT* selon ces métriques. Afin de tester les *DIT*, nous utiliserons des acquisitions que nous aurons partiellement segmentées. En utilisant une mesure de la qualité de l'appariement des structures anatomiques, nous serons capables d'évaluer la pertinence des métriques disponibles pour comparer les *DIT*.

3.2.5 Élaboration de critères de succès

Notre dernier objectif vise à définir une procédure d'évaluation de la capacité d'appariement des *DIT*. Pour ce faire, nous proposons une mesure de la qualité des appariements de structures anatomiques, et ce, intra image et inter images. Nos futurs travaux se pencheront sur l'utilisation des *DIT* pour la détection des anomalies.

CHAPITRE 4 DESCRIPTEUR ICONIQUE TOPOLOGIQUE : REPRÉSENTATION EN GRAPHE DE L'ESPACE IMAGE

Certaines images présentent des objets qui forment des structures complexes. Un parfait exemple est celui des images radiologiques de tomographies médicales. Ces images nous montrent les structures internes du corps humain. Un organisme vivant tel que l'humain peut être considéré comme une machine ayant une organisation complexe, partiellement comprise, mais tout de même perceptible. Nous désirons que nos descripteurs soient en mesure de discriminer les structures internes de ce type d'images. Pour ce faire, ils doivent donc inclure de l'information sur l'organisation structurelle présente dans l'image. Pour inclure cette information, nous construisons notre descripteur en analysant les graphes construits à partir des images.

Nous suggérons deux représentations en graphe de l'image. La première est une représentation dense et implicite de l'espace image, la deuxième est, quant à elle, une version éparse basée sur une sursegmentation des images. Les représentations en graphe que nous proposons préservent les relations topologiques en conservant les relations géométriques des différentes parties de l'image car les relations entre les noeuds du graphe reproduisent les points de contacts des différents groupes de pixels. Pour nous être utiles, les *DIT* devront définir un espace métrique, ce qui nous permettra de les trier et de les indexer efficacement. De plus, il est nécessaire qu'ils forment un espace métrique si nous désirons pouvoir mesurer une distance de séparation ayant une signification. Si nous pouvons les indexer, nous pouvons construire des bases de données, ce qui nous permettra de trouver les descripteurs les plus proches de ceux qui décrivent un lieu quelconque d'une image donnée. Par le fait même, si on ne découvre pas de descripteur proche, nous pourrions étiqueter ce lieu comme étant anormal. Comme nous l'avons déjà mentionné, plusieurs tâches d'analyse d'images pourraient profiter d'un nouveau descripteur iconique topologique. On peut citer en exemple l'analyse d'images de circuits électroniques, de tissus neuronaux, de bassins hydrographiques, etc. De ces deux formes de graphe d'images nous ferons l'extraction d'arbres qui seront la base de nos descripteurs.

4.1 Construction d'un graphe représentant l'espace image

Pour construire une représentation en graphe de l'image, nous proposons deux approches : la première est de considérer le graphe implicite formé par la connectivité des pixels dans l'image, la seconde est de sursegmenter l'image en régions qui seront considérées comme les noeuds de notre graphe.

4.1.1 Graphe issu de la connectivité des pixels

Cette approche a l'avantage d'être simple à concevoir et à développer. Les graphes ainsi produits sont très denses, car ils possèdent autant de nœuds qu'il y a de pixels dans l'image, donc leur teneur informationnelle est maximum. En effet, un graphe G ainsi construit représente parfaitement l'image, car c'est une représentation implicite complète. Plus formellement, nous introduisons le graphe $G = (V, E, At)$ où le graphe G est composé de n nœuds V associés aux n pixels de l'image représenté par l'ensemble R , où les arêtes E représentent les contacts entre les pixels de R et où les At sont les attributs associés à chacun des pixels de R .

On peut donc considérer une image, ou un volume d'images, comme étant un graphe. Dans ce cas, la connectivité des nœuds du graphe est connue de manière implicite. Cette connectivité dépend du niveau de voisinage choisi. Par souci de symétrie, seuls 2 types de voisinage de niveau 1 existent pour des images 2D, ils comportent respectivement 4 ou 8 voisins. Pour des volumes d'images (pour les acquisitions volumétriques), il n'existe que 3 voisinages de niveau 1 possédant suffisamment de symétrie : 6, 18 ou 26 voisins. Pourquoi se soucier de la symétrie du voisinage ? Parce que cette contrainte favorise un bon comportement lorsque l'on applique des rotations aux images et assure qu'aucune orientation ne sera privilégiée. Plus précisément, si l'on considère les images comme étant définies par des mesure d'intensité sur une grille rectangulaire, pour tout pixel non membre des frontières on peut définir plusieurs connectivités de voisinage. Voici les connectivités les plus simples invariantes aux rotations : Pour les images en 2 dimensions il existe deux classes de voisinage :

1. 4 voisins à distance unitaire ;
2. 4 voisins à distance $\sqrt{2}$.

En effet, un pixel dans une image à 2 dimensions peut comporter 4 (cas 1) ou 8 (cas 1 et 2) voisins.

Pour les images à 3 dimensions, il existe trois classes de voisinage :

1. 6 voisins à distance unitaire ;
2. 12 voisins à distance $\sqrt{2}$;
3. 8 voisins à distance $\sqrt{3}$.

Un voxel dans une image à 3 dimensions peut posséder 6 (cas 1), 18 (cas 1 et 2) ou 26 (cas 1, 2 et 3) voisins.

4.1.2 Graphe issu de la sursegmentation de l'espace image

Le niveau de bruit inhérent à la plupart des appareils d'acquisition nous incite à découper les images que nous devons analyser en groupes de pixels connexes. Pour être en mesure



Figure 4.1 Graphe implicite

d'extraire de bonnes statistiques des régions construites, elles doivent être formées de pixels provenant d'un seul objet image et elles ne doivent pas chevaucher les frontières délimitant les composantes de l'image. Pour réduire l'influence du bruit, les régions doivent contenir suffisamment de pixels. Il est également souhaitable que la taille des régions soit la plus uniforme possible, car cela favorise un comportement statistique similaire de région en région. Plusieurs algorithmes peuvent être utilisés pour définir des régions respectant les contraintes que nous avons émises. Nous avons choisi de créer les régions en utilisant l'algorithme du *watershed* car contrairement au superpixel, nous n'avons pas à fournir de paramètres supplémentaires. Ceci n'est pas un avantage négligeable, car nos expérimentations, dont les résultats sont présentés plus loin, requièrent de long temps de calculs et, l'ajout d'un paramètre de contrôle, que nous devrions configurer, nous obligerait à répéter plusieurs fois nos expériences. Le *watershed* est un algorithme maintenant classique de sursegmentation que nous avons décrit dans l'introduction. Habituellement, les régions créées ont comme source les minimums, dans un certain voisinage, de la norme du gradient. Pour limiter le nombre de régions lorsque l'on traite des images très bruitées, le gradient est calculé sur une version filtrée de l'image, par exemple, en appliquant un filtre médian (Nixon et Aguado, 2012). La figure 4.2 présente le résultat de l'application de cet algorithme à une portion d'image radiologique présentant un rein.

Il faut noter que la qualité de notre descripteur, dans sa forme éparse, est sans doute influencée par l'algorithme de sursegmentation choisi. En effet, des régions mal définies qui chevauchent les frontières des objets d'intérêt ne seront pas bien caractérisées par nos descripteurs. Par

contre, notre descripteur peut être construit en utilisant n'importe quelle sursegmentation. Le sujet de cette thèse n'étant pas l'évaluation de la performance des algorithmes de sursegmentation, nous ne nous étendrons pas sur ce sujet. Nous avons donc fait le choix, arbitrairement, d'utiliser la transformation *watershed*.

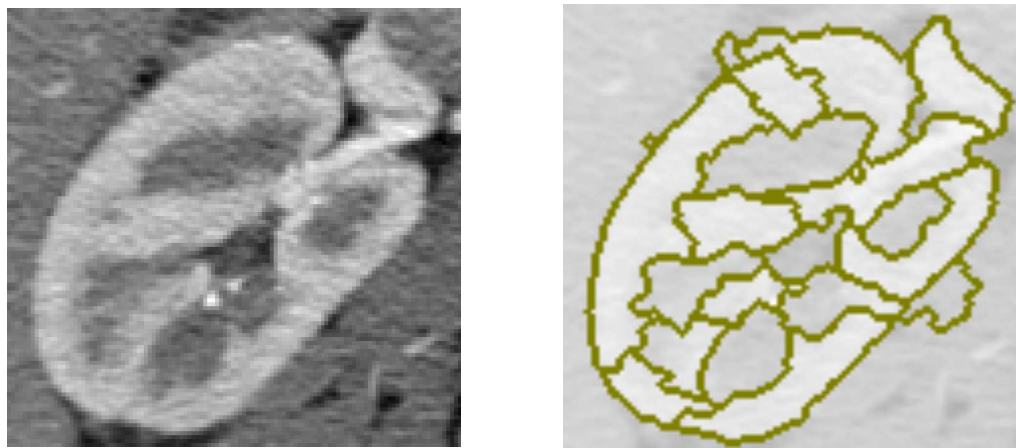


Image d'un rein

Transformation *watershed*Figure 4.2 Résultat de la tranformation *watershed*

Nous suggérons donc de diviser l'espace image en n régions R et, par la suite, de construire une représentation en graphe, G , où les nœuds sont définis par les régions. Les arêtes représentent la connectivité des régions, comme nous l'avons illustré dans la figure 4.3. En subdivisant l'espace image en régions, nous imposons au *DIT* d'avoir comme source les régions. Cela signifie que la plus petite unité image pouvant être décrite par un *DIT* sont les régions issues du processus de sursegmentation. Nous devons donc contrôler la densité des *DIT* lors de l'étape de subdivision de l'image en régions, pour qu'elle soit appropriée à l'échelle d'intérêt. Si on s'intéresse à de très petites structures tissulaires, nous devons créer un grand nombre de régions. Nous imposons aux régions qu'elles contiennent un nombre similaire de pixels, ce qui fait que la densité de régions dans l'image doit être approximativement uniforme. Il serait envisageable de moduler la taille des régions selon la complexité locale mesurée dans l'image, ce qui nous fournirait une densité non uniforme de régions. Nous n'avons pas abordé une telle approche dans nos travaux.

Les différentes techniques de sursegmentation que l'on peut utiliser pour définir les régions nous permettent de créer des régions comportant plus ou moins d'éléments. Les régions doivent être assez grandes pour posséder un échantillon de pixels statistiquement représentatif tout en étant assez petites pour décrire les objets d'intérêt les plus petits présents dans l'image. Certaines techniques de création de régions permettent une représentation implicite

de G . Un exemple de graphe implicite est celui formé par certains algorithmes superpixel ou supervoxel. D'autres algorithmes, tel le *watershed*, produisent quant à eux des graphes comportant une connectivité indéterminée. La connectivité d'un graphe est le nombre de nœuds voisins de chaque nœud du graphe, c'est-à-dire le nombre d'arrêtes par nœud. Le cas général étant le graphe de connectivité indéterminée, nous nous préoccupons de ceux-ci. Ici encore, nous écrivons en notation graphe : $G = (V, E, At)$ où le graphe G est composé de n nœuds V associés aux n régions R , où les arêtes E représentent les contacts entre les régions R et At sont les attributs associés à chacune des régions R . Les attributs des nœuds sont les informations décrivant les caractéristiques des régions R . Pour décrire une région R nous pouvons imaginer conserver au minimum un bit, par exemple pour spécifier si la valeur moyenne des éléments de la région est sous un seuil, et au maximum le nombre de bits requis pour représenter les pixels de la région ainsi que leurs connectivités. Nous proposons d'assigner aux attributs du nœud V_i , représentant la région R_i , l'histogramme de la région R_i .

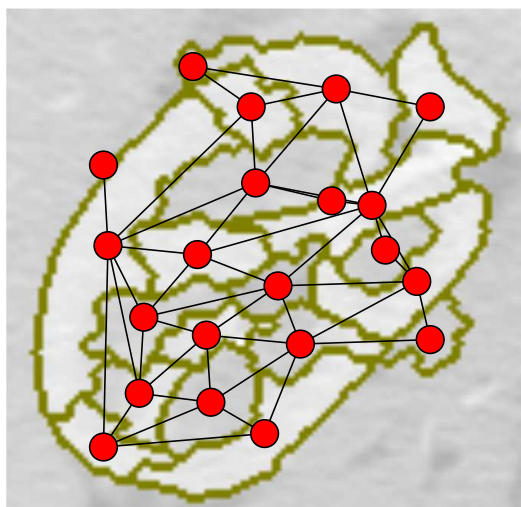


Figure 4.3 Graphe issu de la sursegmentation

4.1.3 Réduction de la complexité du graphe

Des algorithmes pouvant réduire le nombre d'arrêtes présentes dans le graphe G existent. Il sera intéressant de mesurer l'influence de ce prétraitement sur nos résultats. Par exemple, nous pourrions appliquer l'algorithme d'Edmonds au graphe et ainsi créer l'arbre couvrant minimum. Ceci a pour effet de réduire le nombre d'arêtes et de diminuer la complexité du

graphe duquel nous désirons extraire des descripteurs. Les arbres couvrants font fréquemment partie des algorithmes de segmentation utilisés en imagerie (Boykov et Funka-Lea, 2006). Lors de nos expérimentations nous évaluerons si l’approche de réduction de la complexité du graphe est pertinente.

4.2 Arbre des chemins les plus courts

Après avoir construit une représentation en graphe de l’image, nous voulons en extraire des descripteurs, et ce pour tout lieu d’intérêt. Pour ce faire, nous ferons l’extraction d’arbres A qui décriront de manière unique un lieu image. Les arbres extraits de G ont comme racine le noeud qu’ils décrivent et ils encodent les relations topologiques et géométriques selon le référentiel du noeud qui lui sert de source. L’arbre décrit la vision de l’image tel que *vue* par la région d’intérêt. Pour nos deux versions du graphe G , c’est-à-dire lorsque l’on considère l’image comme étant un graphe implicite ou que l’on construit le graphe à partir d’une sursegmentation, nous désirons construire un descripteur iconique topologique pouvant décrire les particularités de chaque noeud du graphe.

Nous décrivons maintenant les algorithmes de construction des arbres A , applicables à chacun des noeuds du graphe G . Les arbres A sont nos descripteurs topologiques locaux sous leur forme la plus complète. Par contre, les arbres que nous décrivons ici ne satisfont pas la contrainte de concision que nous avons imposée. Dans les prochains chapitres nous proposons deux représentations allégées des arbres A , qui satisfont les contraintes que nous avons imposées au *DIT*. Nous cherchons donc une fonction F qui a pour paramètres le graphe G et l’indice i de la région d’intérêt, c’est-à-dire $A_i = F(G, R_i)$, qui produirait l’arbre A le plus descriptif de R_i dans le graphe G . En fait, toute fonction F basée sur les caractéristiques de R_i et des voisinages des R_i devrait produire un arbre A unique à R_i . Peu importe si les noeuds de G sont ajoutés à A en fonction de la similarité ou de la dissimilarité des voisins, cela devrait nécessairement produire un arbre A caractéristique de R_i . Le but recherché est que l’arbre $A_i = F(G, R_i)$ produit soit unique à R_i tout en étant proche d’autres arbres issus de R similaires. Par exemple, des régions R_i et R_j , localisées respectivement dans le rein droit et le rein gauche d’une acquisition radiologique abdominale, doivent produire des arbres A_i et A_j similaires, c’est-à-dire que la distance inter-arbres $D_{ij} = D(A_i, A_j)$ doit être petite par rapport à la distance qu’aurait A_i ou A_j par rapport à A_t issue d’une région témoin R_t formée de tissus non rénaux : $D_{ij} \ll D_{it}$ et $D_{ij} \ll D_{jt}$. La similarité des A issus de lieux similaires dans l’image est la contrainte la plus importante imposée à la fonction F .

Un arbre est un cas particulier de graphe (Diestel, 2005). Il s’agit d’un graphe ne comportant aucun cycle. Étant donné un graphe G , on peut construire un arbre A_i (un nouveau graphe

comportant le même nombre de nœuds que G , mais qui ne comportera qu'un sous-ensemble des arêtes du graphe G) en partant d'un nœud V_i de G en y ajoutant tous les autres nœuds de G , de proche en proche, selon la connectivité des nœuds et en évitant de considérer tout nœud ayant déjà été ajouté à A . Un arbre peut être issu d'un processus de minimisation appliqué lors du parcours du graphe G . Par exemple, si une valeur scalaire est assignée à chaque nœud, le critère de sélection du prochain nœud de G à ajouter à l'arbre A pourrait être celui qui minimise la fonction FD , ou $FD = distance_{ij}(At_i, At_j) = |At_i, At_j|$.

Nous proposons de construire les A comme étant des arbres des chemins les plus courts issus de G . Pour ce faire, nous proposons l'utilisation de l'algorithme de Dijkstra avec comme point de départ le nœud V_i représentant la région R_i pour laquelle nous désirons extraire un DIT . L'algorithme de Dijkstra produit l'arbre des chemins les plus courts. L'arbre produit par cet algorithme dépend de la distance inter-nœuds choisie. Cette distance doit respecter la définition de métrique si l'on désire une bonne reproductibilité. La distance inter nœuds D_{ij} peut s'écrire comme suit : $D_{ij} = FD_{ij} = FD(At_i, At_j)$. Afin de favoriser la similarité des DIT issus de tissus similaires faisant partie de structures semblables dans l'image, nous utiliserons une fonction FD qui tend vers zéro quand At_i et At_j sont similaires et qui tend vers l'infini quand ils sont très différents. Autrement dit, le processus de minimisation utilisé doit favoriser la similarité inter-nœuds.

Si on prend note que le graphe G , ainsi que les arbres A , sont, par construction, des graphes planaires et que la distance inter-nœuds peut être, par analogie, interprétée comme une déformation spatiale, nous constatons la création d'amas de nœuds dans les organes. Ces différents amas et leurs relations avec les autres amas du graphe reproduisent les structures sous-jacentes des objets de l'image.

Lors de l'analyse d'images de grande taille, le graphe G pourrait comporter un grand nombre de nœuds (donc un grand nombre de régions R). Comme nous l'avons déjà mentionné, les attributs des nœuds de G , les At , sont un ensemble de données représentatives des régions R qui leurs sont associées. Pour être en mesure de calculer un grand nombre de DIT rapidement, nous décrirons les pixels des régions R d'une manière concise.

4.2.1 Graphe dense

Dans le cas du graphe dense, le ton de gris associé au pixel est l'attribut informationnel choisi pour les régions R . Il serait possible d'ajouter plusieurs autres informations telles que le HoG (Dalal et Triggs, 2005) *Histogram of oriented Gradients* d'un certain voisinage, la norme du gradient, etc. Cela aurait pour effet d'ajouter un contexte à chacun des pixels du graphe. Ici nous nous contenterons d'utiliser les tons de gris. Dans le cas d'un graphe issu d'une

sursegmentation, une multitude d'informations peuvent être extraites des régions comme, par exemple, de l'information sur la texture (HoG, transformée de Fourier local (Zhou *et al.*, 2001), *local binary pattern* (Guo *et al.*, 2010), etc.), sur les différents moments statistiques et même sur la géométrie des régions. Nous avons fait le choix d'assigner au At_i l'histogramme des tons de gris de la région R_i . Ce choix est naturel car les histogrammes décrivent les régions d'une manière que nous pouvons contrôler. En effet, nous avons le choix du nombre de classes que nous voulons représenter à l'aide de celui-ci. Les images n'ayant pas toutes les mêmes intervalles de valeurs de tons de gris, la normalisation des histogrammes est nécessaire. Plusieurs options s'offrent à nous, soit nous faisons une normalisation par région en utilisant les valeurs minimum et maximum de la région, soit nous faisons une normalisation sur les valeurs maximum et minimum extraites de toute l'image, soit nous utilisons les maximum et minimum possibles dans l'image (les valeurs maximum et minimum de la représentation binaire des pixels de l'image étudiée). Pour les images radiologiques à rayons X, la plage de tons de gris est habituellement encodée sur 12bits, ce qui permet à l'image de montrer 4096 tons de gris distincts. Nous avons fait le choix d'effectuer une normalisation sur la plage dynamique accessible, c'est-à-dire que nous avons choisi de normaliser les histogrammes des régions en utilisant la valeur maximum possible. On peut supposer que cela aura comme impact de rendre notre approche sensible à la transformation appliquée aux tons de gris. Nous reviendrons sur les conséquences de ce choix de normalisation dans les chapitres qui suivent.

4.2.2 Graphe épars

Dans le cas des graphes épars, de notre choix d'utiliser des histogrammes pour décrire les régions R découle le fait que la distance inter-nœuds sera, par définition, une distance histographique. Si, pour désigner l'histogramme de R_i , nous écrivons $H(R_i)$, nous avons donc $D_{ij} = FD(H(R_i), H(R_j))$. Il existe de nombreuses distances histographiques formant un espace métrique. Comme les histogrammes de petites régions sont potentiellement creux, nous devons choisir notre distance histographique avec discernement. Bien des distances histographiques, telle l'information mutuelle, Bhattacharyya et d'autres, se comportent mal lorsque les histogrammes sont creux. En effet, les distances entre les histogrammes présentés à la figure 5.1 nous montrent bien les problèmes associés aux différentes métriques. Seul la *earth mover's distance* a le comportement désiré pour tout histogramme qu'il soit plein, creux ou totalement disjoint. Les autres distances sont plus simples, mais sont inhéremment inadéquates lorsqu'elles ont à déterminer la distance entre deux histogrammes dont les classes ne se recouvrent pas.

La question qui nous intéresse maintenant est la suivante : comment former un espace métrique pour les arbres A , et ce, pour tout A_i provenant de n'importe quel G , même si les différents G sources des A ont un nombre de nœuds et d'arêtes différents ? En effet, il est improbable que toutes les images analysées produisent un graphe G comportant le même nombre de nœuds. Nous allons répondre à cette interrogation dans les prochains chapitres.

L'arbre $A = (V, E, At)$, produit par l'algorithme de minimisation de Dijkstra, où V représente les régions R , E un sous-ensemble des arêtes de G et où l'attribut associé au nœud At est la distance séparant le nœud j du nœud racine i est notre descripteur topologique.

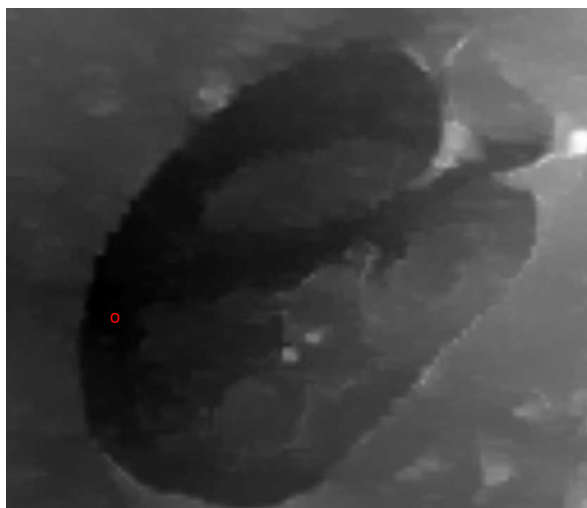


Figure 4.4 Exemple d'arbre implicite

4.2.3 Détails de la méthode proposée pour les graphes épars

Ici nous énumérons les différentes étapes de construction des arbres A associés aux régions R d'une image I selon l'approche basée sur la sursegmentation.

1. Sursegmentation de l'image. Cette transformation de l'image définira n régions R , régions ayant des propriétés internes à peu près constantes. Par exemple, on peut calculer $W(I)$, la transformation *watershed* de l'image pour générer les n régions.
2. Extraire le graphe G de l'image transformée par $W(I)$, les n nœuds étant les régions R_i et les arêtes représentant la connectivité de ces régions. Pour ce faire nous parcourons la sursegmentation et ajoutons un nœud V_i à G pour toute région R_i . Après avoir ajouté tous les nœuds, on procède alors à l'ajout des arêtes liant les V_i .
3. Compiler l'histogramme de chacune des régions R_i et le conserver sous forme d'attribut de V_i .

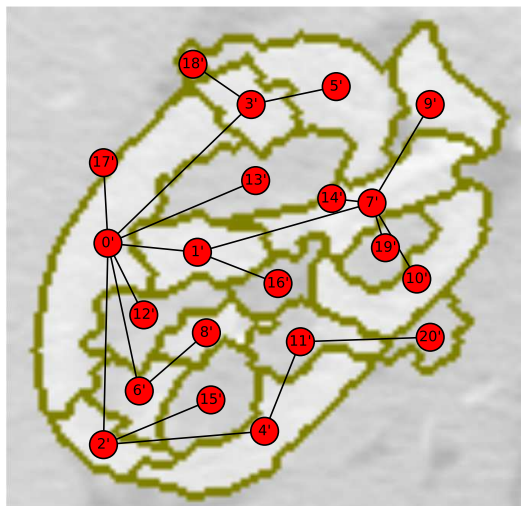


Figure 4.5 Exemple d'arbre explicite

4. Pour tous les n nœuds V_i du graphe G , nous pouvons construire un arbre A_i à l'aide de l'algorithme de minimisation choisi, Dijkstra, et selon la métrique $D_{ij} = FD(H(R_i), H(R_j))$ choisie pour comparer la distance inter-régions. Cette étape produit n arbres A_i , arbres dont les nœuds V ont les mêmes attributs que les nœuds du graphe duquel ils sont issus, G , plus un attribut supplémentaire, la distance les séparant du nœud source V_i

Nous obtenons ainsi un arbre pour chaque région image décrivant la distance de cette région à toutes les autres régions de l'image.

4.2.4 Détails de la méthode proposée pour des graphes denses

Dans le cas des graphes denses nous pouvons définir un arbre A pour chaque pixel de l'image. En pratique une telle solution est prohibitive et inefficace car les images issues de la scannographie comportent de nombreuses redondances. En effet, il est rare que les radiologues s'intéressent à des pixels individuels. Par contre, rien, si ce n'est le temps et l'espace mémoire requis, ne nous empêcherait de créer un *DIT* pour chaque pixel.

Nous proposons, pour notre analyse, de choisir un pas d'échantillonnage nous permettant de réduire le nombre d'arbres que nous utiliserons pour nos validations. Par exemple, pour une image radiologique classique de 512x512 on peut envisager de choisir un lieu racine pour chaque arbre à tous les 8 pixels selon l'axe des x et 8 pixels selon l'axe des y . Il en résulte un nombre plus raisonnable d'arbres à calculer. En l'occurrence, avec cet échantillonnage, nous

aurons à calculer 4096 arbres.

Voici les étapes nécessaires à la construction des arbres A dans le cas dense :

1. Faire une sélection des n pixels qui seront par la suite nos n régions R_i
2. Pour toutes les n régions R_i choisies dans l'image I , calculer l'arbre des chemins les plus courts $T(I, R_i)$ selon l'algorithme de Dijkstra.
3. Les n couples $(T(I, R_i), I)$ sont les n arbres A

4.3 Choix d'espace métrique associé aux arbres

Maintenant que nous avons défini la procédure menant à la construction des A_i , nous pouvons définir l'espace métrique des A_i . Notons que rien dans notre processus de sursegmentation de l'image en n régions R ne contraint leur nombre. De plus, même si nous utilisons un algorithme de segmentation déterministe, comme le super pixel, les variations de taille des images (en pixels) et/ou de magnification et/ou de taille des sujets font en sorte qu'il est pratiquement impossible de former des graphes de même ordre (graphe comportant le même nombre de nœuds) à partir de deux images différentes. Il en découle que si nous voulons utiliser des algorithmes d'appariement de graphes, ils doivent être en mesure de comparer la distance inter arbre pour des arbres ne comportant pas le même nombre de nœuds. Deux options s'offrent donc à nous pour définir un espace métrique pour les arbres A :

1. utiliser un algorithme de comparaison d'arbres non homéomorphe : beaucoup de recherche est en cours sur ce sujet fort complexe. Cette approche serait sans doute la plus efficace mais elle a l'inconvénient de nous forcer à conserver les arbres sous leur forme originale, ce qui demande beaucoup de mémoire. De plus, la complexité des algorithmes de comparaison de graphes est telle que les temps de calculs pour extraire des descripteurs similaires d'une base de données seraient très grands.
2. utiliser une représentation homogène des arbres A_i . Ici, une représentation homogène est une représentation ayant une taille fixe pour tous les arbres, quelque soit le nombre de noeuds qu'ils comportent. Plusieurs représentations uniformes peuvent être envisagées, chaque représentation véhiculant plus ou moins d'informations. Nous en présenterons deux dans cette thèse.

Il faut également noter que les n arbres A , dans le cas épars comme dans le cas dense, sont lourds. Pour le cas dense, cas le plus problématique au niveau de l'utilisation de la mémoire, chaque arbre est composé d'une image en nombres réels issus de la transformation $T_i(I)$ et de l'image source. Pour le cas épars, chaque arbre A est formé de n histogrammes, n étant le nombre de régions issues du processus de sursegmentation. On peut donc dire qu'une grande

quantité de mémoire est requise pour conserver les arbres A , qu'ils soient issus de la forme épars ou de la forme dense.

À titre d'exemple, faisons le calcul de la taille requise pour stocker un arbre lorsque nous les utilisons dans un contexte d'imagerie médicale classique. Prenons en exemple les images provenant d'un appareil de tomographie CT, qui sont habituellement composées de 512×512 pixels de 2 octets, c'est-à-dire qu'elles ont un poids mémoire de 512 kilooctet. On en déduit que pour le cas dense un arbre, qui est composé de l'image et d'une carte de distance en valeurs réelles (4 octet par pixel), une taille de 512 kilooctet plus 1024 kilooctet, donc 1.5 méga octets par arbre est nécessaire. La carte de distance doit être de 4 octets minimum par pixel car les chemins peuvent être long, donc la distance maximum peut être très grande. Dans le cas épars, le calcul du poids d'un arbre dépend du nombre de régions. Le nombre de régions est fonction de la taille des anomalies recherchées. Si nous nous intéressons aux anomalies capturées par une sursegmentation à l'échelle du centimètre carré, une acquisition abdominale typique comporte approximativement 1000 centimètres carrés. La résolution habituelle d'une acquisition de ce type est de 0.5 millimètre. On en déduit que chacune des régions couvre typiquement $20 \times 20 = 400$ pixels. Si nous optons pour une description en histogrammes des régions, ceux-ci devront être codés sur 2 octets par classe au minimum. Si nous optons pour des histogrammes de 64 classes, le calcul de la taille d'un arbre donne : $1000 \text{ régions} \times 64 \text{ classes} \times 2 \text{ octets} \cong 128 \text{ kilooctets}$ par arbre. Donc, pour sauvegarder tout les arbres d'une seule image nous aurions besoin de $1000 \times 128 \text{ kilooctets}$, soit environs 250 megaoctets. Il est donc impraticable de stocker une telle quantité d'arbres. Cela justifie notre recherche d'une représentation allégée des arbres.

Dans les deux prochains chapitres nous décrivons deux représentations des arbres A qui satisfont les contraintes que nous avons imposées.

CHAPITRE 5 DESCRIPTEUR ICONIQUE TOPOLOGIQUE : RÉSULTATS

Dans le chapitre précédent, nous avons présenté les arbres A qui sont la base de nos descripteurs topologiques. Nous avons également proposé deux méthodes pour les construire : la première se base sur le graphe implicite formé par l'image et la deuxième utilise les régions issues d'une sursegmentation de l'image ainsi que leurs connectivités pour construire le graphe G . Nous avons proposé d'utiliser l'algorithme de Dijkstra pour construire les arbres A à partir des graphes G . Nous avons également émis l'hypothèse que l'information contenue dans l'arbre A_i , arbre associé à la région R_i de l'image, est suffisante pour décrire approximativement la topologie de l'image telle qu'analysée selon le référentiel de la région R_i . Nous avons aussi imposé les contraintes suivantes au DIT : rapidité de comparaison, invariance aux transformations affines, robustesse au bruit et représentation concise. Même si la comparaison des A pourrait s'effectuer directement en utilisant des algorithmes de comparaisons d'arbres, nous avons délaissé cette approche pour les raisons suivantes :

- Comparer des arbres comportant un nombre de nœuds différents est complexe. En effet, les algorithmes de comparaison de graphes sont gourmands en temps de calcul (Foggia *et al.*, 2001), ce qui est contraire à la contrainte de rapidité de comparaison. De plus, ces algorithmes ne définissent pas toujours un espace métrique. La définition d'un espace métrique est essentielle à une recherche rapide dans une base de données.
- Conserver les DIT sous forme d'arbres demande beaucoup d'espace. Cela contrevient à la contrainte de concision que nous avons émise, comme nous l'avons présenté dans le chapitre précédent.

Dans ce chapitre nous présentons les résultats de nos investigations. La première partie du chapitre est consacrée à l'étude de notre évaluation portant sur 3 images. Nous avons choisi des images comportant de grandes différences pour tester notre approche. Par la suite, à la section 5.5, débute la présentation des résultats de nos expériences sur l'analyse de l'espace des paramètres, expériences effectuées sur un plus grand nombre d'images. Avant de présenter les résultats de nos expériences nous allons d'abord décrire la métrique utilisée pour évaluer la performance de notre approche ainsi que les représentations d'images testées.

5.1 Mesure de la qualité d'appariement à l'aide du rang médian

Avant d'effectuer des calculs, nous devons concevoir une méthode d'analyse des résultats que nous obtiendrons. Nous proposons de mesurer la capacité d'appariement des DIT en

effectuant une analyse des distances inter-descripteurs issues de régions que l'on sait être similaires. La logique de cette approche est la suivante : si nos descripteurs sont capables de faire des appariements de structures tissulaires, ils seront également capables de déterminer que des structures tissulaires ne sont pas similaires. Ceci pourrait nous permettre de déterminer si des structures tissulaires sont uniques ou inusitées. Étant donné un sous-ensemble s de l'ensemble d de tous les *DIT* issus d'une image, on peut écrire $s \cup \bar{s} = d$. Pour tout descripteur i de l'ensemble s nous pouvons compiler un vecteur ordonné Q_i de couples (distance, index de région), de la plus petite à la plus grande des distances le séparant de tous les autres descripteurs non s , c'est-à-dire au $\bar{s} = d \setminus s$ autres descripteurs. Si nous définissons un autre ensemble k de *DIT* disjoint de s , provenant lui aussi de l'ensemble d de tous les *DIT*, nous pouvons prendre note des rangs auxquels apparaissent dans Q_i les *DIT* de k , $Q_i \cap k$ où l'intersection s'effectue sur les index de régions. La valeur médiane des rangs de k dans Q_i , que nous écrirons m_i , nous fournit une mesure numérique de la proximité des k par rapport aux s . Il est préférable d'exprimer m_i sous sa forme normalisée, c'est-à-dire $M_i = m_i / \text{Card}(\bar{s})$, car cela rend la mesure indépendante du nombre de régions dans l'image. Nous pouvons maintenant former un vecteur ordonné, de manière croissante, de tous les M_i de s qui représentent la distance médiane de chaque région k avec les régions de s . La valeur médiane de ce vecteur est la médiane des rangs médians de distance de l'ensemble k par rapport à l'ensemble s . Cette valeur est une mesure normalisée de la proximité des ensembles k et s . La notation que nous utiliserons pour exprimer cette valeur est Ψ , nous appellerons cette valeur la distance de séparation. Nous utiliserons cette distance pour mesurer la capacité d'appariement des différentes versions de *DIT* que nous allons étudier. Nous le ferons en comparant la distance séparant deux structures anatomiques similaires à une région contrôle. En particulier, nous comparerons les distances de séparations des reins par rapport à une région contrôle choisie arbitrairement. Si les *DIT* sont efficaces, la distance de séparation inter-reins devrait être beaucoup plus petite que la distance séparant chacun des reins à la région contrôle. L'algorithme que nous venons de décrire est présenté sous forme de pseudo-code (voir algorithme 1). La complexité de cet algorithme est fonction de la mesure de distance utilisée pour comparer les *DIT*. Dans le pire des cas, c'est-à-dire lorsque nous mesurons les distances à l'aide de EMD, l'évaluation de la complexité algorithmique est la suivante : pour tous les s descripteurs, nous devons évaluer la distance EMD par rapport au \bar{s} , trier une liste de $l = \text{card}(\bar{s})$ éléments, extraire la valeur médiane de cette liste. Si on utilise un algorithme de tri ayant une performance équivalente au *Quicksort* pour les l tris et sélection de l'élément médian, on peut s'attendre que cette étape de l'algorithme ait une complexité de l'ordre de $\mathcal{O}(l \log l)$ (Knuth, 1997). La distance EMD a quant à elle une complexité de l'ordre de $\mathcal{O}(n^3 \log n)$, où n est le nombre de classes des histogrammes à comparer. Pour chacun des s *DIT*, nous

devrons mesurer la distance de séparation avec l *DIT*. Au total, la complexité algorithmique de notre mesure de distance est de l'ordre de $\mathcal{O}(\text{card}(s) \times l\{\log l + n^3 \log n\})$. On note que comme Ψ est la mesure d'un rang médian, il est impossible qu'elle soit inférieure ou égale à 0 et elle est nécessairement inférieure à 1, c'est-à-dire, $0 < \Psi < 1$.

```

Entrées :  $d$ , l'ensemble de tous les DIT de l'image
Entrées :  $s$  et  $k$ , ensembles de DIT de l'image associés aux deux régions à comparer
 $\bar{s} \leftarrow d \setminus s$  //  $\bar{s}$  est l'ensemble des DIT qui ne sont pas de la région  $s$ 
 $l \leftarrow \text{card}(\bar{s})$  // taille de l'ensemble  $\bar{s}$ 
 $M \leftarrow \{\}$ 
pour chaque  $s_i \in s$  faire
|    $Q \leftarrow \{\}$ 
|   pour chaque  $r_j \in \bar{s}$  faire
|   |    $Q \leftarrow Q \cup (j, |s_i, r_j|)$  //  $j$  est l'index du DIT de  $r_j$ 
|   fin
|    $Q \leftarrow \text{tri}(Q)$  // le tri, croissant, effectué sur la distance  $|s_i, r_j|$ 
|    $m \leftarrow \text{rang}(Q \cap k)$  // rang produit la liste des rangs des  $k$  DIT dans  $Q$ 
|    $M \leftarrow M \cup \text{médian}(m)/l$  // ajoute à  $M$  le rang médian normalisé des  $k$  selon  $s_i$ 
fin
retourner  $\text{médian}(M)$ 

```

Algorithme 1 : Mesure de la qualité d'appariement

Afin d'illustrer l'algorithme de calcul de la distance de séparation, supposons que la région rein droit comporte 5 descripteurs et que la région du rein gauche comporte quant à elle 3 descripteurs. Supposons également que le nombre total de régions de cette image est $d = 100$. Pour chacune des 5 régions incluses dans le rein droit, nous formons des couples (index de région, distance), vers toutes les autres régions, que nous trions selon la distance, du plus proche au plus distant. En gras, dans le tableau 5.1, nous trouvons les régions appartenant au rein gauche. Nous avons souligné les régions du rein gauche qui nous intéressent, c'est-à-dire celles qui ont la position médiane dans le sous-ensemble formé par les régions en gras. Nous pouvons donc noter le rang médian des régions du rein gauche par rapport à chacune des régions du rein droit. Ceci est présenté à droite de la flèche pour chacune des régions du rein droit. Si maintenant on forme un vecteur composé de ces 5 valeurs de rang médian, que l'on tri de manière croissante et que l'on prend la médiane, nous avons le rang médian des rangs médians de distance inter organe.

5.2 Représentation en histogramme 1D

Pour satisfaire les contraintes de rapidité et de concision, nous proposons une représentation en histogramme de l'information des A . En première approximation, nous proposons de

Tableau 5.1 Illustration de la distance de séparation

$D_{rd1} =$	$\{(34, 0.1), (516, 0.2), (\mathbf{122}, \mathbf{0.3}), (234, 0.4), (\mathbf{97}, \mathbf{0.5}), (145, 0.6), (\mathbf{453}, \mathbf{0.7}), (345, 0.8), \dots\}$	\rightarrow Rang médian= 5
$D_{rd2} =$	$\{(\mathbf{122}, \mathbf{0.1}), (156, 0.2), (132, 0.3), (\mathbf{97}, \mathbf{0.4}), (197, 0.5), (645, 0.6), (253, 0.7), (\mathbf{453}, \mathbf{0.8}), \dots\}$	\rightarrow Rang médian= 4
$D_{rd3} =$	$\{(\mathbf{97}, \mathbf{0.1}), (\mathbf{122}, \mathbf{0.2}), (622, 0.3), (134, 0.4), (297, 0.5), (\mathbf{453}, \mathbf{0.6}), (153, 0.7), (745, 0.8), \dots\}$	\rightarrow Rang médian= 2
$D_{rd4} =$	$\{(\mathbf{453}, \mathbf{0.1}), (237, 0.2), (112, 0.3), (634, 0.4), (397, 0.5), (\mathbf{122}, \mathbf{0.6}), (\mathbf{97}, \mathbf{0.7}), (845, 0.8), \dots\}$	\rightarrow Rang médian= 6
$D_{rd5} =$	$\{(26, 0.1), (\mathbf{122}, \mathbf{0.2}), (453, 0.3), (\mathbf{97}, \mathbf{0.4}), (597, 0.5), (\mathbf{453}, \mathbf{0.6}), (27, 0.7), (451, 0.8), \dots\}$	\rightarrow Rang médian= 4
$M =$	$\{2, 4, 4, 5, 6\}$	
$\Psi_{dg} \times 100 =$	$\frac{\text{médian}(M)}{\text{card}(\bar{s})} \times 100 = \frac{4}{95} \times 100 = 4.21\%$	

compiler l'histogramme des attributs des nœuds de A_i pour construire le DIT_i , $DIT_i = \text{Histogramme}(\text{attribut}(A_i))$. Les DIT sont donc des histogrammes. Nous nommerons cette représentation en histogramme 1D des arbres A les DIT de premier ordre. Plus loin, dans ce chapitre, nous proposerons une version de second ordre. Cette représentation en histogramme 1D, si elle répond adéquatement aux autres contraintes, a les nombreux avantages que nous énumérons ici :

1. La concision : un vecteur de valeurs entières non signées suffit à définir un histogramme. La taille du vecteur dépend du nombre de classes choisies. La taille du vecteur est un paramètre libre de l'algorithme et son impact sur l'unicité des DIT pourra être étudiée.
2. Définition d'un espace métrique : plusieurs opérateurs de distance inter-histogrammes forment un espace métrique. Notons ici que si l'histogramme des attributs des A forme la base d'un espace métrique, il n'est pas automatique que cet espace métrique soit adéquat pour l'appariement de structures images similaires. La qualité des appariements que nous obtiendrons démontrera, ou pas, si l'espace métrique ainsi construit est pertinent.
3. Rapidité de comparaison : le calcul de la distance

$$D_{ij} = D(DIT_i, DIT_j) = D(H(\text{Attribut}(A_i)), H(\text{Attribut}(A_j)))$$

est fonction de la complexité de D . On peut affirmer que, de manière générale, les algorithmes de calcul de distances inter-arbres sont d'une plus grande complexité que ceux utilisés pour la comparaison des histogrammes.

5.2.1 Construction

Comme nous l'avons proposé, nous construisons pour chacun des arbres A un histogramme des attributs aux nœuds. Les attributs des nœuds de l'arbre A_i qui nous intéressent ici sont les distances séparant chacun des nœuds de A_i au nœud V_i , la racine de l'arbre A_i , selon la métrique et l'algorithme que nous avons choisis pour le construire. Pour construire le DIT_i

associé à l'arbre A_i nous allons donc calculer l'histogramme du vecteur contenant les attributs de distance de l'arbre A_i . Encore une fois, nous sommes face au problème de comparaisons d'histogrammes comportant un nombre différent de classes. La normalisation est ici plus complexe car la valeur de distance maximum ne peut être calculée a priori. Une possibilité est de faire une normalisation basée sur la valeur de distance maximum contenue dans A_i . C'est cette méthode de normalisation que nous avons utilisée lors de nos expérimentations.

5.2.2 Mesure de la perte d'information

La perte d'information que fait subir notre représentation en histogramme à l'arbre A est grande. Cette perte est au maximum égale à la réduction de capacité de stockage du DIT de premier ordre en comparaison à l'information requise pour décrire un arbre A . Au chapitre précédent nous avons calculé le poids, en octets, des deux formes de A , c'est-à-dire dense et éparse. Pour une image de 512×512 , nous avons calculé que les arbres denses pèsent 1.5 méga octets. Les DIT denses doivent être stockés à l'aide de mots de 32 bits lorsque nous analysons des images de 512×512 car 16 bits ne sont pas suffisants. Un mot de 16 bits n'est pas suffisant car il est possible qu'il y ait plus de 65535 pixels membres d'une classe de l'histogramme. Si nous construisons un DIT de 256 classes, le nombre d'octets pour le stocker est 256×4 octets = 1 kilooctets. Donc le ratio de réduction est, dans les cas denses, 1 kilooctets/1.5 méga octets = $1/1536$. Pour les DIT épars, la perte de capacité d'information est moindre, 1 kilooctets / 128 kilooctets = $1/128$.

5.2.3 Mode de comparaison et espace métrique

L'utilisation d'une représentation allégée des arbres A comme descripteur a le grand avantage de nous soustraire à la construction d'un espace métrique. En effet, les DIT , $DIT_i = H(A_i)$ étant des histogrammes, nous pouvons utiliser toute distance histogrammique définissant une métrique. Un grand nombre d'entre elles existent pour les histogrammes unidimensionnels. Nous avons dressé une liste des plus populaires à la section 2.6. La comparaison des DIT revient donc à comparer deux histogrammes. Pour illustrer le comportement des mesures de distance inter-histogrammes, nous avons construit deux distributions gaussiennes, la première sera nommée l'histogramme de référence et la seconde l'histogramme glissant. Le processus d'analyse consiste à faire glisser la deuxième distribution et à mesurer la distance entre les deux distributions. La figure 5.1 présente graphiquement les résultats de cette étude comparative, où l'on peut constater que le comportement des distances simples, telles l'euclidienne et celle de Bhattacharyya n'est pas satisfaisant lorsqu'il n'y a pas d'intersection entre les distributions. Par contre, la distance EMD offre un comportement linéaire et ce, même lorsque les

distributions n'ont aucune intersection. Ce comportement est celui que nous allons rechercher lorsque l'on comparera des histogrammes creux ne comportant pas ou peu d'intersections. La particularité recherchée ici est un comportement adéquat même lorsque l'intersection des histogrammes est nulle. La qualité de cette distance vient cependant avec un coût de calcul très grand. Néanmoins, nous en ferons usage car son comportement est approprié pour nos descripteurs, surtout ceux présentés dans le chapitre 5.3. Pour nous assurer de faire le bon choix de métrique, nous avons effectué des mesures de qualité d'appariement à l'aide de chacune des métriques que nous avons mentionnées. Nous avons fait ces calculs pour toutes les permutations de métrique, que ce soit pour comparer les descripteurs ou dans le cas épars, pour comparer les histogrammes des régions. La mesure de distance inter-histogrammes la plus efficace est bel et bien la mesure EMD, du moins, pour les 3 images choisies.

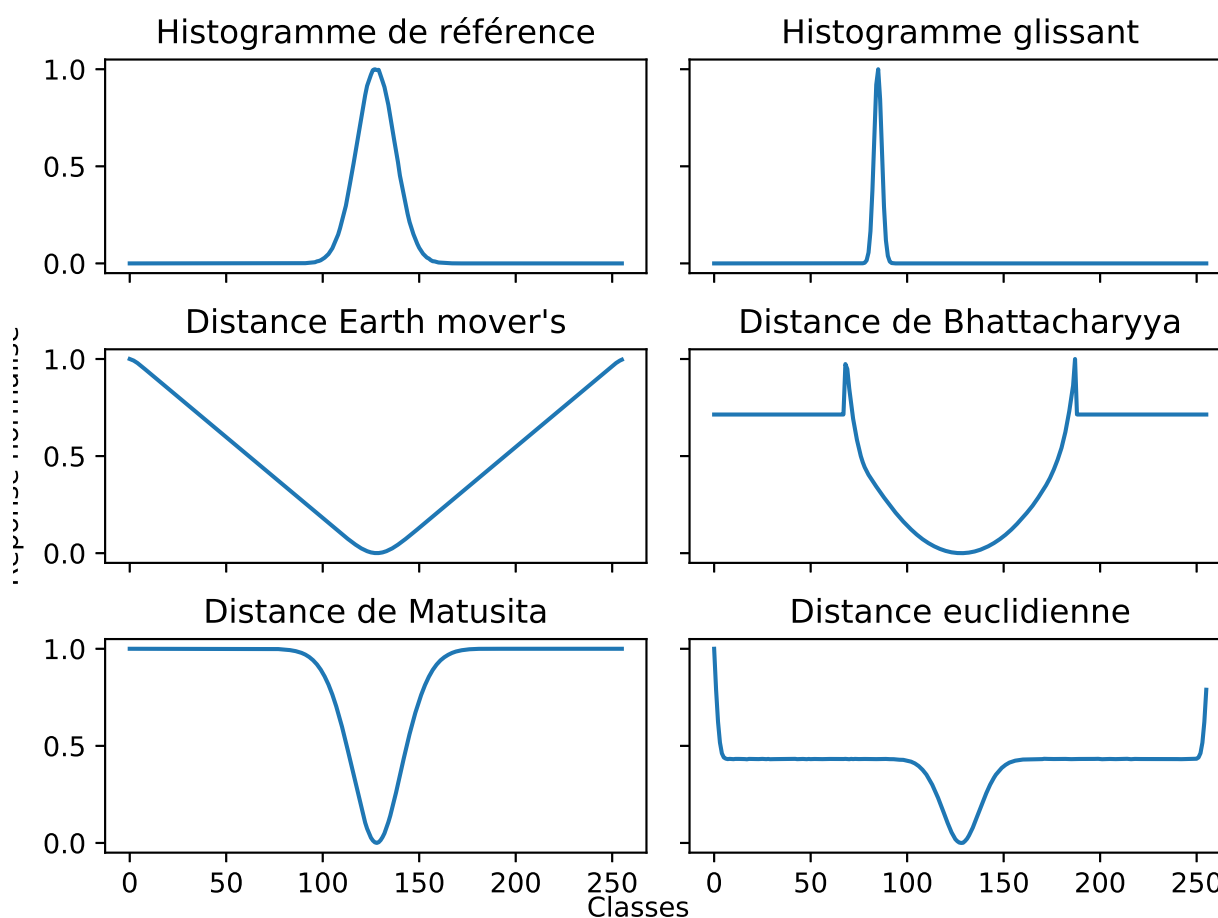


Figure 5.1 Comportement de différentes distances histogrammiques

5.2.4 Choix des images pour nos expériences préliminaires

Notre critère d'évaluation de la qualité de nos descripteurs demande une grande quantité de comparaisons d'histogrammes et cela a limité le nombre d'expériences que nous avons été en mesure d'effectuer comme preuve de concept. C'est pourquoi nous avons choisi les images que nous avons utilisées avec soin. L'image α (figure 5.2) provient d'une acquisition abdominale ayant une distribution de tons de gris que l'on retrouve dans la grande majorité des images CT. L'image β (figure 5.3) est quant à elle issue d'une acquisition effectuée avec un appareil de scanographie différent, comme on peut le constater en analysant la distribution de ses tons de gris. On constate que les valeurs de gris d'intérêt vont de 2000 à 4100. L'échelle des tons de gris des images CT sont en unités Hounsfield (HU) (Hounsfield, 1973), qui est la mesure relative de l'atténuation des rayons X par de l'eau distillée à TPN (Température et Pression Normal), atténuation fixée à 0 HU, par rapport à la mesure de l'atténuation de l'air, qui est quant à elle fixée à -1000 HU. L'image β n'implique pas la même transformation affine que la transformation fournie avec l'image α . La transformation des valeurs des tons de gris des images radiologiques en unités HU nous permet de comparer les tissus de différents patients, et des scans issus de différents appareils d'acquisition. L'image β fût choisie pour valider que les *DIT* sont invariants aux transformations affines des tons de gris. La troisième image que nous avons retenue pour nos expérimentations est l'image γ (voir la figure 5.4). Cette image a la particularité d'être une reconstruction coronale, ce qui nous permet d'y voir des structures anatomiques que nous ne pouvons percevoir dans les images α et β . Ces trois images permettent de visualiser les reins des patients mais elles ont chacune leurs particularités. En résumé, les images α et β toutes les deux des sections axiales, mais leurs distributions des tons de gris sont différentes. Quant à l'image γ , elle a une distribution de tons de gris très proche de l'image α , mais elle montre une vue coronale de l'abdomen du patient.

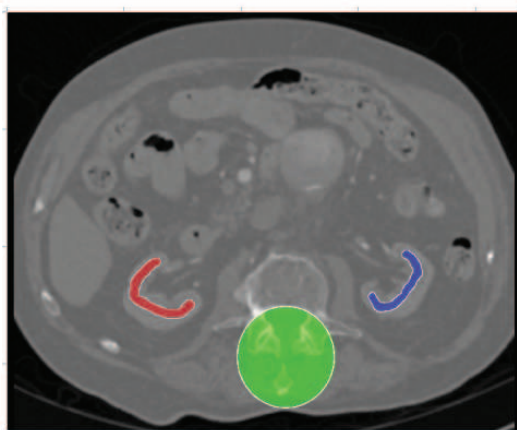
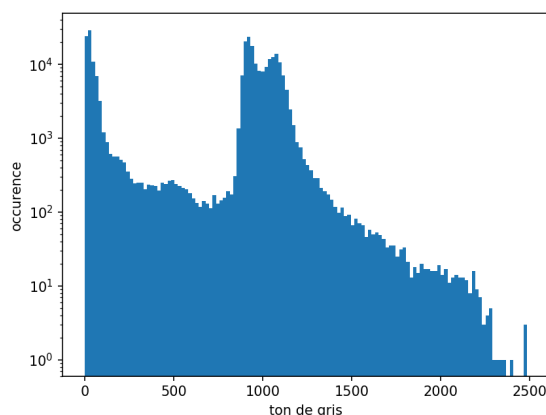
5.2.5 Évaluation préliminaire des *DIT* de premier ordre

5.2.5.1 Résultats intra image

Nous allons appliquer notre algorithme de génération de descripteurs aux trois images radiologiques image α , image β et image γ . Il s'agit de trois images de tomographie rayon-X provenant de trois individus. Elles présentent approximativement la même section de la cavité abdominale. On peut constater que ces images présentent de nombreuses différences de contraste et de détails des tissus. Plusieurs facteurs peuvent influencer la qualité des acquisitions radiologiques : le nombre de détecteurs du tomographe, la taille de la cavité abdominale

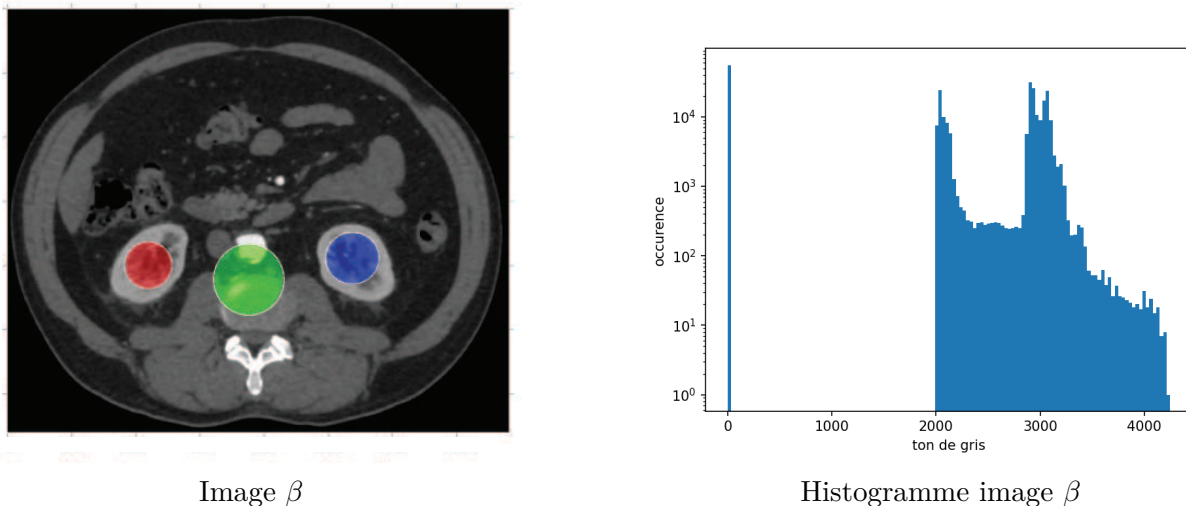
du patient, la présence ou non de produit de contraste et, bien entendu, le choix de la procédure de prise de données et de reconstruction. En effet, les paramètres de configuration des appareils de tomographie rayon-X peuvent être modifiés pour améliorer le contraste et la définition des tissus qui intéressent le radiologue au moment de l'acquisition des images.

Nous allons diviser notre présentation des résultats en deux sections, la première présente les résultats des graphes épars construits à partir de la sursegmentation et la seconde, les résultats des graphes denses produits en traitant l'image comme un graphe implicite. Sur chacune des images nous avons peint 3 régions d'intérêt : une dans le rein gauche, une dans le rein droit et une région de contrôle qui servira à des fins de comparaison lorsque nous effectuerons le calcul des distances de séparation. Nous avons appliqué l'algorithme de construction de graphe défini au chapitre précédent aux images α , β et γ . Un graphique qui résume les performances d'appariement rein gauche / rein droit, et cela pour les deux versions, épars et dense, est présenté à la fin de la section courante (figure 5.15). Deux versions de chaque courbe sont illustrées dans ce graphique, une présente les résultats moyens d'appariement des trois images et une autre présente les résultats sans l'image γ . On constate que l'image γ est plus difficile à appairer et qu'elle est la principale source de l'augmentation de l'écart-type.

Image α Histogramme image α Figure 5.2 Image α et histogramme

5.2.5.2 Résultats intra image : Graphe épars

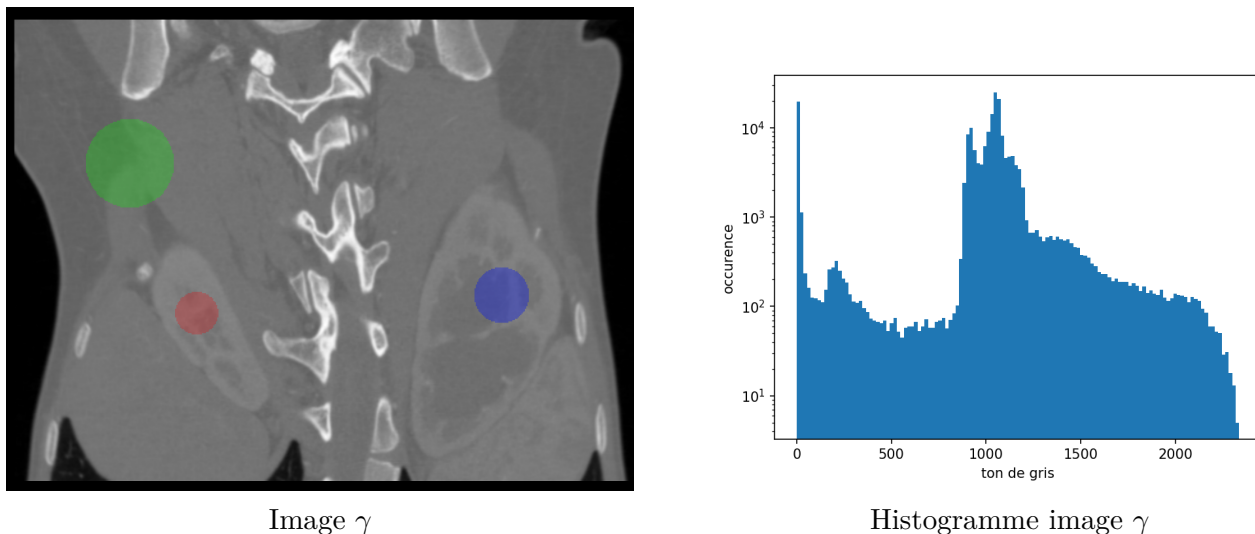
Récapitulons : nous avons subdivisé les images α , β et γ en n régions R à l'aide de la transformation *watershed*. Les résultats de la transformation *watershed* appliquée au trois images sont présentés à la figure 5.5, 5.6 et 5.7. La sursegmentation de l'image α comporte 1384 régions, celle de l'image β comporte 1096 régions et l'image γ est, quant-à-elle, divisée en

Figure 5.3 Image β et histogramme

1182 régions. Pour chacune de ces régions, nous avons compilé un histogramme. Les graphes G sont construits à partir des régions R , les nœuds de ceux-ci contiennent les histogrammes de leurs régions associées. Pour chacune des n régions R des graphes de l'image G_α , G_β et de l'image G_γ nous construisons tous les arbres A . Nous calculons tous les descripteurs pour être en mesure d'effectuer leur évaluation à l'aide des distances de séparation. Nous appellerons respectivement R_{rg} , R_{rd} et R_c les régions R des images ayant une intersection avec les régions peintes dans le rein gauche, le rein droit et la région de contrôle.

Pour valider notre approche, nous utilisons l'analyse du résultat des distances de séparation. Les distances issues de toutes les permutations intra-image rein gauche, droit et contrôle, sont présentées dans le tableau 5.2. Dans les tableaux 5.3, 5.4 et 5.5 nous présentons les résultats obtenus en suivant exactement la même procédure, mais cette fois appliquée à des versions filtrées des images. Nous avons ainsi soumis les images à un filtre médian de taille 5 par 5, 9 par 9 et 13 par 13. Le filtre médian est un filtre non-linéaire couramment utilisé en vision (Huang *et al.*, 1979). Lorsque les images ne souffrent pas d'un niveau de bruit trop grand (ce qui peut être difficile à caractériser), le filtrage médian offre une bonne réduction du bruit tout en préservant bien les contours des objets dans l'image. Il peut paraître étrange que les calculs des appariements ne soient pas symétriques. En effet, les appariements rein droit / gauche ne donnent pas les mêmes résultats que l'appariements rein gauche / droit. Cela découle de deux facteurs, le premier étant que les reins ne possèdent pas le même nombre de régions et le deuxième est que notre mesure de la qualité des appariements extrait la valeur médiane de toutes les distances des régions choisies par rapport aux autres régions.

On note que l'effet de retirer une partie du bruit présent dans l'image diffère d'une image

Figure 5.4 Image γ et histogramme

à l'autre. Pour certains appariements, les résultats sont meilleurs, mais pour d'autres c'est le contraire. L'utilisation du filtre médian réduit la quantité d'information présente dans l'image. Le lecteur averti sait que cela est vrai pour tout filtre, quel qu'il soit. C'est un fait que toute manipulation des tons de gris de l'image, sans injection de connaissance *a priori* du sujet imagé, ne peut qu'au mieux conserver l'information initialement présente dans l'image. Cette réduction du bruit rend les histogrammes des régions que nous analysons plus lisses et plus creux. Une mesure de la quantité d'information contenue dans un histogramme est l'entropie de Shannon (Shannon et Weaver, 1949). Nous définissons l'entropie normalisée, pour un histogramme, comme étant l'entropie de Shannon classique modifiée comme suit : si P est la distribution associée à un histogramme H , c'est-à-dire $P_i = H_i / \sum_j H_j$, nous écrivons l'entropie normalisée $E = \frac{-1}{\log_2 \text{card}(P)} \sum_i P_i \log_2 P_i$. Cette mesure est toujours comprise entre 0 et 1.0. Les histogrammes des régions filtrées contiennent donc moins d'information, comme on le présente dans le tableau 5.6. Par contre, on doit dire que la forme des régions produites a tendance à mieux épouser la forme des objets. On peut donc dire que l'influence de la réduction du bruit a pour effet de réduire l'information contenue dans chaque région, tout en améliorant la qualité des régions. Par contre, la teneur informationnelle des descripteurs en fonction du niveau de filtrage est beaucoup plus stable, tel que le montre les données présentées dans le tableau 5.7. Il ne semble pas y avoir de lien simple entre la quantité d'information contenue dans les régions, l'information contenue dans les descripteurs et leur capacité d'appariement. L'effet du filtrage sur les résultats d'appariement intra-image dans le cas éparé est différent selon l'image étudiée. En effet, les descripteurs des images α et γ sont perturbés par le filtrage médian tandis que pour l'image β les résultats d'appariement

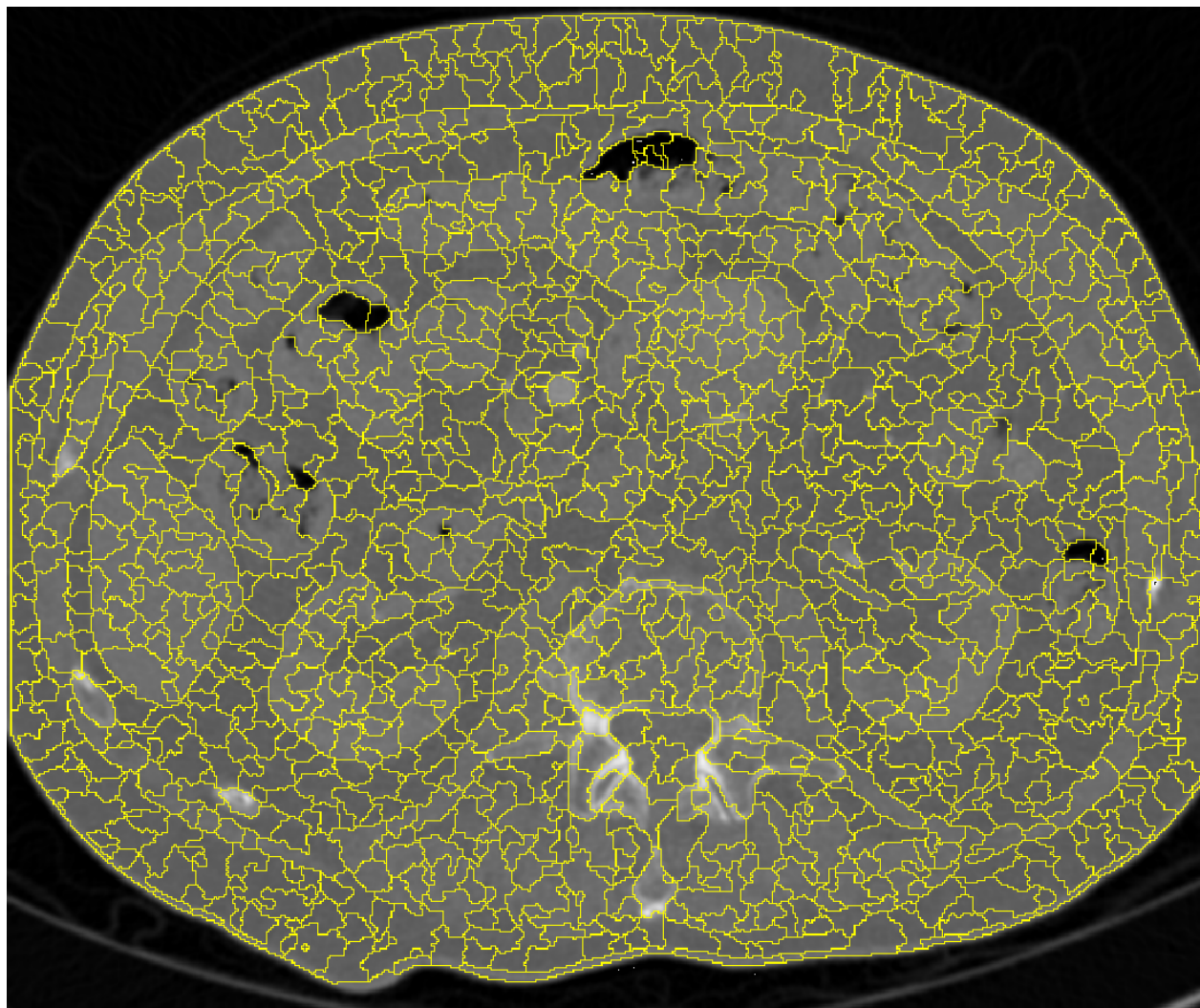


Figure 5.5 *Watershed* Image α , $n = 1384$

sont améliorés. Pour rendre les *DIT* un peu moins abstraits, nous pouvons les présenter sous forme d'histogrammes. Les figures 5.12, 5.13 et 5.14 nous montrent leurs comportements en fonction des niveaux de filtrages des images desquelles ils sont issus. On y voit des descripteurs provenant des deux reins ainsi que de la région de contrôle. Sur les figures, on présente également la distance EMD normalisée les séparant.

Une façon simple d'évaluer la qualité des appariements est de colorer les images en fonction des distances à une des régions d'intérêt. On peut observer les résultats de cette coloration des image α à la figure 5.8, image β à la figure 5.9 et image γ à la figure 5.10 en fonction de la distance à un des reins. La figure 5.11, quant à elle, nous montre les distances par rapport à la région de contrôle. On constate que les distances de séparation inter reins sont petites,

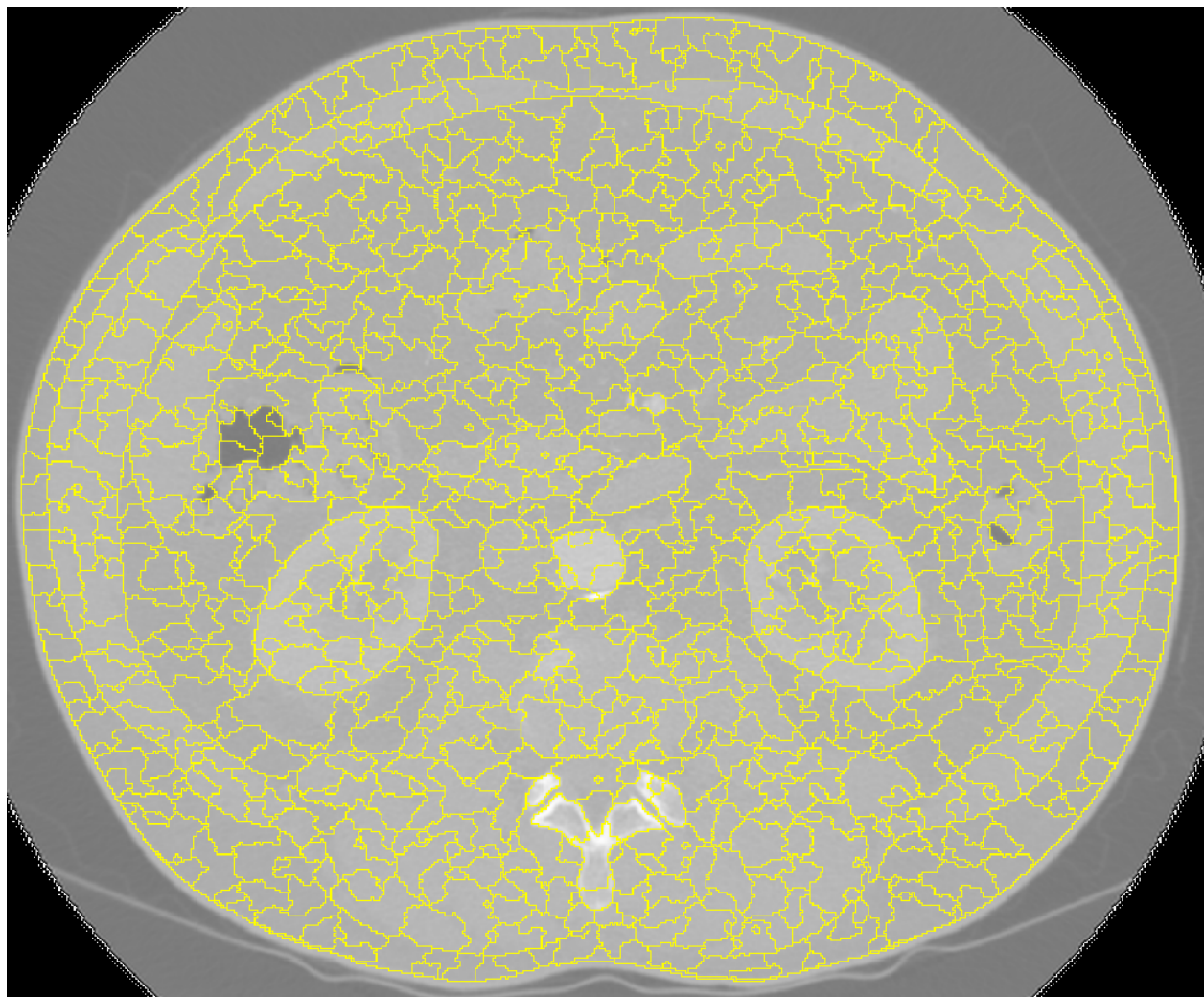


Figure 5.6 *Watershed* Image β , $n = 1096$

surtout pour l'image α et l'image β . Les distances de séparation de l'image γ , présentées à la figure 5.10 ne sont pas aussi convaincantes que pour les autres images. Cela est cohérent avec le reste des résultats observés. En effet, on remarque, en consultant les tableaux de rangs d'appariement, que l'image γ présente de moins bons résultats que les deux autres.

5.2.5.3 Résultats intra image : Graphe dense

Pour construire les *DIT* de premier ordre denses, il faut calculer la carte de Dijkstra de l'image, en choisissant comme sources les lieux qui nous intéressent. Dans le cas dense, nous pouvons associer un descripteur à chaque pixel de l'image. Pour faire l'analyse de la capacité d'appariement de ces *DIT*, il serait trop long, et inutile, d'en construire un par pixel. Les

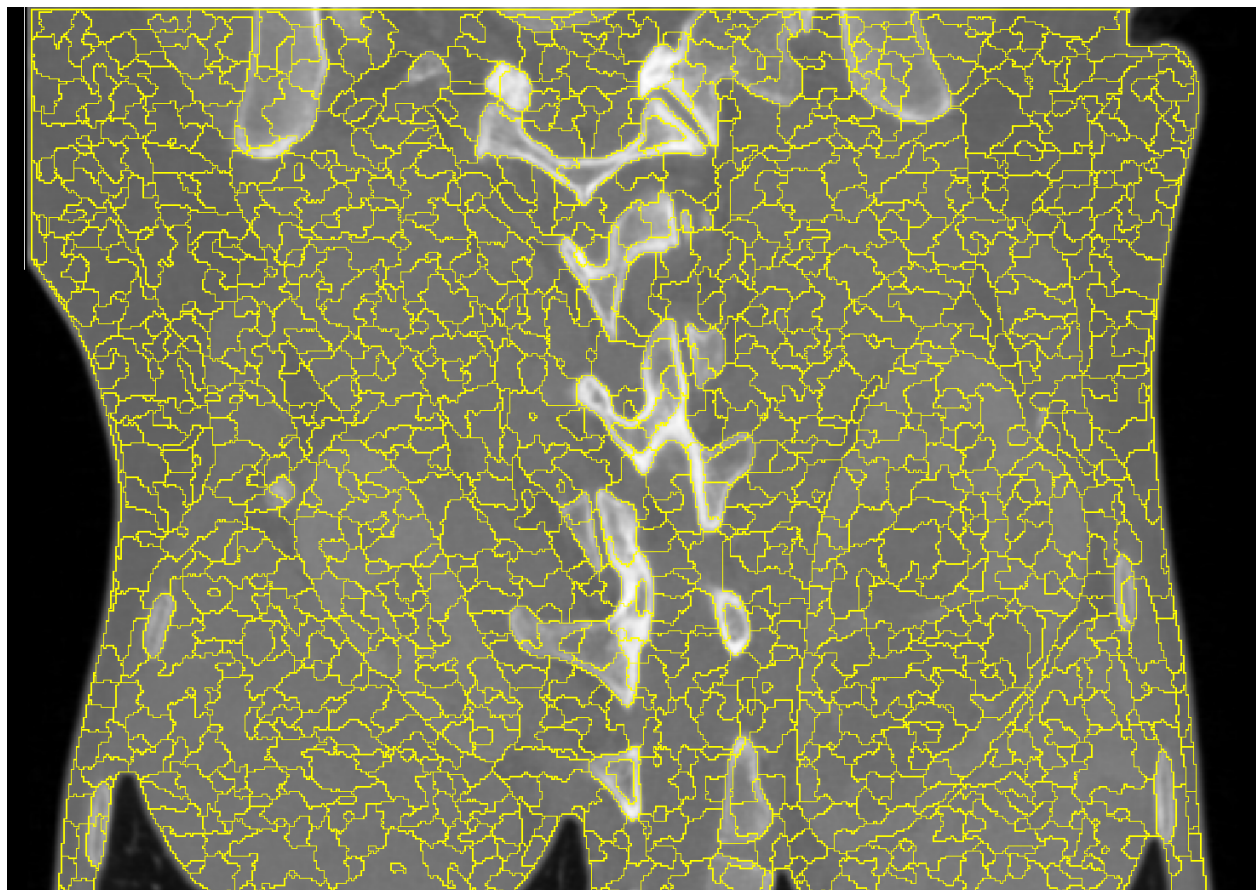


Figure 5.7 *Watershed Image γ , $n = 1182$*

images radiologiques ont typiquement une taille de 512 pixels au carré. Nous pourrions donc construire 262144 descripteurs. Pour réduire le temps de calcul et de comparaison, nous avons utilisé un processus de sous-échantillonnage des lieux de l'image pour choisir les lieux sources des *DIT*. Pour nos expérimentations, nous avons choisi de réduire le nombre de *DIT* par un facteur de 64. Ceci veut dire que nous avons choisi de calculer un *DIT* à tous les 8 pixels selon les axes x et y des images. Nous effectuons cette réduction du nombre de *DIT* pour accélérer nos recherches. Une autre approche possible aurait été de faire la détection des lieux particuliers de l'image comme le font les utilisateurs des SIFT et autres descripteurs de ce type. Cela aurait pour avantage de restreindre le nombre de *DIT* à construire et les lieux particuliers ainsi choisis le sont en des lieux qui présentent des variations significatives des tons de gris.

Nous avons donc construit, et ce pour chacune des images analysées, approximativement 4096 *DIT*. Pour évaluer la capacité d'appariement des *DIT* ainsi conçus, nous avons sélectionné

Tableau 5.2 Rang médian dans les cas épars, *DIT* de premier ordre

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	4.72%	30.18%
	Rein Droit	3.35%	-	23.99%
	Contrôle	26.13%	42.3%	-
β	Rein Gauche	-	4.82%	47.88%
	Rein Droit	4.73%	-	68.55%
	Contrôle	46.70%	79.03%	-
β	Rein Gauche	-	3.05%	50.31%
	Rein Droit	2.32%	-	49.63%
	Contrôle	92.52%	93.11%	-
Moyenne	Gauche Droit		3.83 %	
Écart Type			1.06 %	

Tableau 5.3 Rang médian dans les cas épars, *DIT* de premier ordre avec filtre médian 5×5

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	6.45%	43.75%
	Rein Droit	5.26%	-	42.52%
	Contrôle	57.25%	37.37%	-
β	Rein Gauche	-	2.65%	28.75%
	Rein Droit	2.01%	-	28.11%
	Contrôle	92.30%	93.77%	-
γ	Rein Gauche	-	6.36%	47.30%
	Rein Droit	4.35%	-	60.12%
	Contrôle	34.80%	77.60%	-
Moyenne	Gauche Droit		4.51 %	
Écart Type			1.87 %	

parmi les n *DIT* (parmi les 4096), ceux qui sont contenus dans les trois régions d'intérêt. La procédure d'évaluation de la capacité d'appariement est la même que celle que nous avons utilisée pour la version éparse de notre descripteur du premier ordre. Ici encore, nous appellerons respectivement R_{rg} , R_{rd} et R_c les *DIT* des images faisant partie des régions peintes dans le rein gauche, le rein droit et la région de contrôle. Les résultats de la version dense non filtrée, présentés dans le tableau 5.8, ne sont pas très intéressants, si on les compare aux résultats de la version éparse présentée plus haut. Nous avons l'intuition que la sensibilité au bruit présent dans les images est grande. Pour vérifier cette hypothèse nous avons effectué les mêmes analyses des appariements en soumettant les images à différents niveaux de suppression de bruit. Nous avons choisi d'étudier le comportement du rang médian en fonction de la taille d'application d'un filtre médian. Nous montrons dans les tableaux 5.8, 5.9, 5.10 et 5.11

Tableau 5.4 Rang médian dans les cas épars, *DIT* de premier ordre avec filtre médian 9×9

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	6.64%	51.49%
	Rein Droit	8.82%	-	50.07%
	Contrôle	72.53%	66.31%	-
β	Rein Gauche	-	2.16%	41.85%
	Rein Droit	2.02%	-	41.21%
	Contrôle	94.11%	94.2%	-
γ	Rein Gauche	-	13.85%	27.96%
	Rein Droit	6.83%	-	45.69%
	Contrôle	19.18%	43.77%	-
Moyenne	Gauche Droit		6.72 %	
Écart Type			4.43 %	

Tableau 5.5 Rang médian dans les cas épars, *DIT* de premier ordre avec filtre médian 13×13

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	7.6%	53.48%
	Rein Droit	9.99%	-	45.53%
	Contrôle	64.7%	72.15%	-
β	Rein Gauche	-	2.33%	37.39%
	Rein Droit	4.83%	-	35.49%
	Contrôle	96.02%	93.6%	-
γ	Rein Gauche	-	14.53%	39.27%
	Rein Droit	14.49%	-	51.45%
	Contrôle	24.44%	71.09%	-
Moyenne	Gauche Droit		8.96 %	
Écart Type			5.01 %	

les résultats que nous avons obtenus en utilisant trois tailles différentes de noyau du filtre médian : 5×5 , 9×9 , 13×13 . On peut constater que la qualité de l'appariement augmente en fonction de la taille du noyau pour les image α et β . La capacité d'appariement de la version dense est supérieure à celle des descripteurs épars pour l'image α à laquelle nous avons appliqué un filtre médian 13×13 . En ce qui a trait à l'image γ , les descripteurs denses sont un peu moins performants que les descripteurs épars. Par contre, pour l'image γ , la qualité de l'appariement des reins gauche et droit diminue. Le comportement des descripteurs denses en fonction du filtrage confirme notre hypothèse quant à la raison du piètre comportement de notre descripteur de premier ordre dense sur des images non filtrées. Si on ne considère que les images α et β auxquelles nous avons appliqué un filtre médian 13×13 , nous obtenons des résultats similaires aux *DIT* épars de premier ordre. De plus, les descripteurs denses sont

Tableau 5.6 Entropie médiane des régions, cas éparses *DIT* de premier ordre

Image	Original	Médian 5×5	Médian 9×9	Médian 13×13
α	0.4243	0.3355	0.2912	0.2818
β	0.3559	0.2719	0.2050	0.1630
γ	0.3264	0.2046	0.1728	0.1258

Tableau 5.7 Entropie médiane des *DIT*, cas éparses *DIT* de premier ordre

Image	Original	Médian 5×5	Médian 9×9	Médian 13×13
α	0.8426	0.8302	0.8199	0.8054
β	0.8341	0.8143	0.8100	0.7849
γ	0.7915	0.8257	0.8143	0.7797

plus performants pour exclure les appariements des reins avec les régions contrôles, comme le démontrent les distances Ψ mesurées entre les reins et les régions contrôles. Il y a beaucoup moins d'information contenu dans les descripteurs denses que dans les descripteurs épars et cela est visible lorsque l'on compare les mesures de l'entropie médiane des *DIT* épars, présentées au tableau 5.7 et de l'entropie médiane des *DIT* denses, présentée au tableau 5.12.

Tableau 5.8 Rang médian dans les cas dense, *DIT* de premier ordre : non filtré

Image	Région	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	15.63%	47.49%
	Rein Droit	11.43%	-	50.89%
	Contrôle	55.06%	55.46%	-
β	Rein Gauche	-	11.96%	44.79%
	Rein Droit	10.76%	-	50.81%
	Contrôle	38.29%	46.77%	-
γ	Rein Gauche	-	9.40%	36.96%
	Rein Droit	5.83%	-	39.71%
	Contrôle	28.92%	23.28%	-
Moyenne	Gauche Droit		10.83 %	
Écart Type			3.21 %	

5.2.5.4 Résultats inter images

Les analyses que nous avons effectuées dans la section précédente concernent l'appariement intra image. Nous abordons ici, à l'aide des mêmes outils, l'appariement de régions inter images. Nous utiliserons les images que nous avons déjà présentées, c'est-à-dire, les images α , β et γ . En observant leurs histogrammes, nous observons des différences de distribution

Tableau 5.9 Rang médian dans les cas dense, *DIT* de premier ordre, filtre médian 5x5

Image	Région	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	11.74%	29.85%
	Rein Droit	7.29%	-	42.52%
	Contrôle	42.87%	38.42%	-
β	Rein Gauche	-	2.24%	42.40%
	Rein Droit	1.62%	-	42.22%
	Contrôle	92.78%	93.59%	-
γ	Rein Gauche	-	6.75%	30.53%
	Rein Droit	8.80%	-	44.32%
	Contrôle	57.12%	41.61%	-
Moyenne	Gauche Droit		6.40 %	
Écart Type			3.88 %	

Tableau 5.10 Rang médian dans les cas dense, *DIT* de premier ordre, médian 9x9

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	4.85%	24.63%
	Rein Droit	5.01%	-	25.51%
	Contrôle	63.00%	58.62%	-
β	Rein Gauche	-	3.53%	16.14%
	Rein Droit	2.19%	-	15.97%
	Contrôle	91.92%	94.59%	-
γ	Rein Gauche	-	14.40%	70.17%
	Rein Droit	14.91%	-	71.84%
	Contrôle	58.08%	75.94%	-
Moyenne	Gauche Droit		7.48 %	
Écart Type			5.65 %	

des tons de gris. Malgré le fait que ces images de torse sont toutes issues d'un appareil de scanographie à rayon X médical, donc un appareil calibré, l'apparence des différents tissus et les contrastes aux frontières des organes ne sont pas similaires. Il n'est donc pas aisé d'apparier de telles images et ce, malgré le fait qu'elles proviennent d'appareils calibrés. Dans le cas inter images, nous devons analyser toutes les permutations des rangs médians des distances des deux reins des images α , β et γ , non filtrées ou soumises aux différents niveaux de filtrage déjà utilisés. Nous présentons les résultats sous forme de tableaux et ce pour chaque version de notre descripteur : dense et éparse.

Tableau 5.11 Rang médian dans les cas dense, *DIT* de premier ordre, filtre médian 13×13

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	3.14%	31.69%
	Rein Droit	2.11%	-	31.61%
	Contrôle	64.96%	58.10%	-
β	Rein Gauche	-	3.72%	29.78%
	Rein Droit	2.19%	-	29.92%
	Contrôle	91.94%	94.73%	-
γ	Rein Gauche	-	16.39%	68.55%
	Rein Droit	16.4%	-	68.11%
	Contrôle	66.42%	67.13%	-
Moyenne	Gauche Droit		7.35 %	
Écart Type			7.05 %	

Tableau 5.12 Entropie médiane, *DIT* de premier ordre pour le cas dense

Image	Original	Médian 5×5	Médian 9×9	Médian 13×13
α	0.6448	0.4326	0.3042	0.2516
β	0.7213	0.3793	0.2669	0.2600
γ	0.6025	0.4266	0.3371	0.2874

5.2.5.5 Résultats inter images : Graphe dense

Notre analyse des descripteurs *DIT* de premier ordre denses nous a montré qu'ils n'ont pas un grand pouvoir d'appariement intra image pour les images non filtrées. Il serait fort étonnant qu'ils se comportent mieux dans la tâche, beaucoup plus difficile, de l'appariement inter images. Encore une fois, le niveau de bruit élevé présent dans nos images perturbe le calcul des distances. Cela a pour effet de réduire la spécificité tissulaire du descripteur. L'étude des tableaux des rangs médians d'appariement inter images 5.13, 5.14, 5.15 et 5.16 nous montre, comme nous l'avons constaté dans le cas intra image, une amélioration de l'appariement en fonction du taux de réduction du bruit. Mais comme nous nous y attendions, les résultats d'appariements inter images sont moins bons que ceux obtenus pour la version éparsée. Un graphique comparant les résultats moyens d'appariement peut être consulté à la figure 5.16. Dans ce graphique nous pouvons constater que la capacité d'appariement moyenne inter images des reins est maximum, pour le cas dense, lorsque l'on considère les images ayant été filtrées à l'aide du filtre médian avec un noyau de 5×5 .

Tableau 5.13 Comparatif α β γ *DIT* de premier ordre dense, image non-filtrée

Image	rein	α		β		γ	
		Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche			33.48%	27.54%	29.17%	35.81%
	Droit			33.31%	27.10%	35.81%	29.17%
β	Gauche	34.89%	9.49%			27.88%	30.93%
	Droit	24.89%	9.98%			27.88%	20.93%
γ	Gauche	21.55%	30.36%	25.41%	20.02%		
	Droit	22.56%	30.36%	35.61%	20.31%		
Moyenne				26.85 %			
Écart Type				7.23 %			

Tableau 5.14 Comparatif α β γ *DIT* de premier ordre dense, filtre médian 5×5

Image	rein	α		β		γ	
		Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche			24.81%	24.27%	17.04%	10.80%
	Droit			24.91%	34.42%	36.80%	10.43%
β	Gauche	8.19%	23.51%			38.21%	23.85%
	Droit	8.19%	23.51%			38.21%	23.85%
γ	Gauche	39.24%	29.29%	24.74%	34.42%		
	Droit	22.52%	25.99%	24.74%	14.42%		
Moyenne				24.44 %			
Écart Type				9.43 %			

5.2.5.6 Résultats inter images : Graphe épars

Les descripteurs *DIT* de premier ordre, version épars, nous ont permis d'obtenir de bons résultats d'appariement intra image, selon notre mesure de performance basée sur les rangs médians. Comme nous en avons fait mention à la section précédente, la tâche d'appariement inter images est bien plus difficile. Nous ne pouvons donc pas espérer obtenir d'aussi bons résultats que lors de l'appariement intra image. La sursegmentation est en quelque sorte une technique de réduction de la complexité qui réduit le nombre d'éléments images à considérer et également l'influence du bruit. Malgré cela, les différences anatomiques inter individus, le fait que les images proviennent de scanners différents et la qualité apparemment variable des images quant à leur rapport signal/bruit, rendent ardue la tâche d'appariement. Nous pourrions aussi faire une analyse de l'influence de la réduction du bruit sur la qualité de l'appariement inter images. On constate, ici encore, que la capacité d'appariement diminue lorsque l'on soumet les images au filtre médian. En effet, la capacité d'appariement moyen, telle que présentée à la figure 5.16, diminue en fonction du niveau de filtrage des images.

Tableau 5.15 Comparatif α β γ *DIT* de premier ordre dense, filtre médian 9×9

Image	rein	α		β		γ	
		Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche			5.44%	2.62%	35.79%	16.43%
	Droit			5.42%	2.65%	35.72%	16.51%
β	Gauche	43.76%	43.32%			45.29%	32.85%
	Droit	22.96%	41.78%			45.13%	33.13%
γ	Gauche	43.42%	40.97%	5.20%	2.49%		
	Droit	33.42%	30.96%	5.19%	2.49%		
Moyenne				24.71 %			
Écart Type				16.88 %			

Tableau 5.16 Comparatif α β γ *DIT* de premier ordre dense, filtre médian 13×13

Image	rein	α		β		γ	
		Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche			5.37%	2.42%	24.44%	23.15%
	Droit			5.35%	2.42%	24.28%	23.07%
β	Gauche	49.89%	32.18%			48.32%	30.76%
	Droit	39.22%	42.11%			46.39%	48.96%
γ	Gauche	44.13%	42.28%	5.37%	2.42%		
	Droit	44.11%	42.28%	5.36%	2.42%		
Moyenne				26.53 %			
Écart Type				18.22 %			

5.2.6 Invariance aux rotations

Nos expériences étant très longues à effectuer, nous avons seulement vérifié l'invariance de nos descripteurs face aux rotations que l'on pourrait appliquer aux images en répétant nos mesures de premier ordre, dense et épars, sur les image α , β et γ ayant subi une rotation de 45 degrés. Nous épargnons au lecteur une répétition de tous les tableaux, car les résultats sont en pratique similaires. Nous avons observé de minuscules variations provenant de l'interpolation linéaire des valeurs de tons de gris que nous avons effectuée en appliquant la rotation. Les plus grandes variations que nous avons mesurées sont liées à la variation du nombre de régions *watershed* utilisées pour le descripteur épars. Cette variation ne fût toutefois pas assez significative pour changer les rangs médians des appariements. Nos descripteurs du deuxième ordre étant construits de la même façon que ceux du premier ordre, nous considérons qu'il n'est pas nécessaire de répéter nos expérimentations avec les images ayant subi une rotation. Aucune étape de notre algorithme n'utilise une notion liée à l'orientation. Le seul critère géométrique provient de la notion de voisinage des pixels, ou des régions, mais puisqu'on

Tableau 5.17 Comparatif α β γ *DIT* de premier ordre épars, image non-filtrée

Image		α		β		γ		
		reïn	Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche				20.99 %	23.44%	23.26%	12.04%
	Droit				2.50%	5.51%	29.01%	15.21%
β	Gauche	28.14%	2.59%			29.12%	16.65%	
	Droit	27.01%	4.87%			29.64%	16.90%	
γ	Gauche	23.88%	23.39%	25.80%	30.35%			
	Droit	24.00%	23.39%	25.80%	31.30%			
Moyenne				20.62 %				
Écart Type				9.08 %				

Tableau 5.18 Comparatif α β γ *DIT* de premier ordre épars, filtre médian 5×5

Image		α		β		γ		
		reïn	Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche				16.84 %	32.06%	33.46%	38.93%
	Droit				22.50%	27.47%	28.58%	32.79%
β	Gauche	20.01%	24.96%			33.82%	17.67%	
	Droit	14.84%	15.47%			29.40%	28.20%	
γ	Gauche	26.69%	26.88%	28.54%	34.96%			
	Droit	23.44%	21.30%	22.85%	29.44%			
Moyenne				26.71 %				
Écart Type				6.57 %				

utilise tous les voisins possibles en 2D, c'est-à-dire, 8 pour le cas dense, et toutes les régions connexes pour le cas épars, lors du calcul des cartes des chemins les plus courts, la rotation des images n'a aucun impact sur nos calculs.

5.2.7 Constatations au sujet des *DIT* du premier ordre

Nous avons montré que notre descripteur, sous sa forme la plus simple, offre un certain pouvoir de classification des tissus présents dans une image. Les résultats présentés mettent en évidence la pertinence de la version éparse de notre descripteur et nous invitent à poursuivre nos expérimentations. Expérimentations dont les résultats sont présentées à la prochaine section de ce chapitre. Comme on devait s'y attendre, les résultats inter images ne sont pas aussi bons que ceux obtenus lors de l'analyse intra images. Plusieurs raisons peuvent être évoquées pour expliquer ces résultats. Premièrement, nous comparons des acquisitions fort différentes, comme on peut s'en rendre compte en comparant leurs histogrammes. Deuxièmement, l'image γ ne présente pas le même angle de vue anatomique. En effet, les images α et

Tableau 5.19 Comparatif α β γ *DIT* de premier ordre épars, filtre médian 9×9

Image	rein	α		β		γ	
		Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche			28.58 %	26.78%	22.60%	17.55%
	Droit			38.35%	36.23%	33.11%	17.55%
β	Gauche	23.99%	25.21%			22.78%	25.21%
	Droit	23.87%	25.21%			22.44%	8.11%
γ	Gauche	31.46%	32.72%	28.62%	32.49%		
	Droit	33.64%	29.45%	22.04%	35.35%		
Moyenne				26.11 %			
Écart Type				7.87 %			

Tableau 5.20 Comparatif α β γ *DIT* de premier ordre épars, filtre médian 13×13

Image	rein	α		β		γ	
		Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche			38.53 %	36.20%	32.04%	28.09%
	Droit			28.22%	31.96%	24.95%	5.23%
β	Gauche	33.62%	14.66%			26.50%	9.51%
	Droit	33.21%	14,49%			24.95%	7.80%
γ	Gauche	38.61%	36.28%	21.00%	26.65%		
	Droit	38.61%	36.20%	42.45%	34.38%		
Moyenne				27.67 %			
Écart Type				10.58 %			

β sont des images axiales (vue de haut) tandis que l'image β est une image coronale (vue de face). Compte tenu du peu d'information que peut contenir un histogramme de 256 classes pourvu de 4 octets par classes, c'est-à-dire 1 kilooctets, nous sommes impressionnés pas la capacité d'appariement des descripteurs *DIT*. De plus, si on exclut les appariements faisant participer l'image γ , nous obtenons des résultats encore plus intéressants.

5.3 Représentation en histogramme 2D

Les résultats obtenus grâce à la représentation de premier ordre des *DIT* sont somme toute intéressants. Mais il est tout de même souhaité d'accentuer le pouvoir discriminant des *DIT*. La perte d'information entre l'arbre A et sa représentation en histogramme 1D est potentiellement grande, comme nous l'a montré l'évaluation que l'on en a faite précédemment. Nous proposons ici une représentation plus riche de l'arbre A , c'est-à-dire que nous préconisons encore une représentation en histogramme, mais cette fois-ci multidimensionnelle. Cela nous

permet d'inclure plus d'informations tout en conservant la facilité de manipulation et de comparaison inhérente aux histogrammes. Nous souhaitons conserver l'information de distance qui nous sert de première approximation des A . En deuxième approximation, nous allons définir une représentation des A sous forme d'histogramme 2D. La première dimension de cet histogramme sera composée de la distance que nous avons calculée pour notre représentation de premier ordre, combinée à une autre donnée image.

Les choix qui s'offrent à nous sont nombreux et dépendent du type de graphe G , épars ou dense, qui sera utilisé. Nous pourrions très bien inclure plus d'informations en ajoutant davantage de dimensions à notre représentation en histogramme, mais à quelle amélioration de leurs pouvoirs discriminants pourrions-nous nous attendre? Cela dépend des données ajoutées à notre histogramme multidimensionnel. Si les dimensions ajoutées ne sont pas des combinaisons linéaires (ou autre) des autres dimensions déjà utilisées, nous sommes portés à croire que leur pouvoir discriminant augmenterait. On peut supposer, sans démonstration, que si la quantité d'informations sur un lieu image tend vers l'infini, nous tendons vers une discrimination infinie de ce dit lieu. Mais n'oublions pas que le but ultime de nos recherches est la construction d'un descripteur permettant la détection des lieux inusités présents dans les images (donc potentiellement pathologiques). Pour ce faire, un pouvoir discriminant absolu n'est pas souhaitable car il rend tout descripteur totalement unique. Autrement dit, si tout lieu, pixel ou région, se voit assigné une étiquette unique via un descripteur infiniment discriminant, chaque lieu devient unique et ce descripteur perd sa capacité de généralisation. Cela nous forcerait à avoir une banque de données quasi infinie, compilant toutes les instances non pathologiques de notre descripteur. De plus, l'ajout de dimensions rend les descripteurs plus lourds et ralentit leurs comparaisons. Si nous passons outre le fait que les histogrammes multidimensionnels sont souvent creux, la taille en mémoire croît de manière géométrique et cette croissance est bien entendu insoutenable. C'est pour toutes ces raisons que nous nous contenterons, en deuxième approximation, d'une représentation en histogramme 2D.

5.3.1 Construction des histogrammes bidimensionnels

Les images ou graphes A et B sont composés d'un nombre fini d'éléments ayant des valeurs comprises entre $\{a_{min}, a_{max}\}$ et $\{b_{min}, b_{max}\}$, ces derniers (a et b) sont appelés les classes de l'histogramme. Un histogramme bidimensionnel (histogramme joint) contient la somme des cooccurrences spatiales des valeurs a, b ; il représente donc la distribution des couples de valeurs. La définition d'un histogramme 2D H_{AB} de deux acquisitions A et B est :

$$H_{AB}(a, b) = \sum_i \{A_i = a \wedge B_i = b\}$$

Nous proposons d'utiliser comme *DIT*, les histogrammes 2D des tons de gris et carte des distances des chemins les plus courts issus du processus de minimisation utilisé pour la création des arbres *A*.

Lorsque l'on observe un grand nombre de scans, on constate la grande variabilité géométrique des organes, mais beaucoup moins de variations inter tissus. Par exemple, le cerveau peut prendre plusieurs formes mais il est toujours dans le crâne, le foie est toujours plus haut que les intestins et plus bas que le cœur et ainsi de suite. Les tissus que l'on doit traverser pour joindre deux lieux anatomiques sont les mêmes pour des individus sains et ayant des organes normaux. Il en résulte que les distances dans l'espace des tons de gris entre les organes, ou des tissus particuliers, seront à peu près constantes, peu importe la taille du sujet. Ce qui revient à dire que la distance inter amas dans les *DIT* sera à peu près constante. Par contre, si nous sommes en présence d'anomalies, une tumeur ou une malformation congénitale, certaines distances seront perturbées. La distance entre les deux reins pourrait être hors norme si, par exemple, le lieu source est une tumeur à l'intérieur du rein. L'augmentation de la distance entre les deux reins (l'un sain, l'autre pourvu d'une tumeur) serait proportionnelle au gradient de la tumeur par rapport aux tissus environnants. Ce sont précisément ces variations de distance que nous voulons détecter.

Si nous utilisons la représentation dense, le choix le plus simple est d'utiliser le ton de gris au nœud considéré. En termes simples, il s'agit du co-histogramme de l'image et de sa carte de distance, obtenu à partir du pixel que nous voulons décrire à l'aide d'un descripteur. Pour éliminer une partie du bruit, on peut envisager de filtrer les images avant d'en extraire les descripteurs. Pour ce faire, il existe de nombreux filtres qui nous semblent adéquats, citons en quelques-uns : médian, gaussien, *Mean shift* (Cheng, 1995) ou le *Non local mean* (Buades *et al.*, 2005). Comme au chapitre précédent, nous réduirons le bruit des images en les soumettant au filtre médian. Si nous utilisons la représentation en graphe formé à partir de la sursegmentation de l'image, nous avons également un grand choix d'informations pertinentes que nous pouvons utiliser comme dimension secondaire. Par exemple, nous pouvons utiliser la valeur médiane des pixels des régions. Lors de la construction du graphe *G* nous aurons donc pris soin d'inclure cette information comme attribut supplémentaire au nœud. Pour construire l'histogramme, nous ferons le décompte des cooccurrences des valeurs de distances et des valeurs médianes des tons de gris des régions.

5.3.2 Mesure de la perte d'information

Nous allons ici faire une évaluation de l'information nécessaire pour la représentation en histogramme 2D des deux types de graphes, c'est-à-dire, de la forme dense issue directement

du graphe implicite formé par l'image, et de la forme épars issue du graphe construit à partir de la sursegmentation. Chaque descripteur *DIT* est composé d'un histogramme 2D dans lequel on retrouve la cooccurrence ton de gris/ distance Dijkstra. Les descripteurs *DIT* du second ordre contiennent potentiellement beaucoup plus d'informations. Prenons pour exemple un descripteur *DIT* de 128 classes en tons de gris et de 128 classes pour les distances. Ce descripteur utilise comme mémoire, lorsqu'utilisé à sa capacité maximale, c'est-à-dire lorsque toutes les classes comportent au moins un élément, $128 \times 128 \times 4$ octets = 65536 octets. Selon les paramètres utilisés lors de nos analyses, ils ont une capacité de stockage d'information 64 fois plus grande que les histogrammes 1D.

5.3.2.1 Graphe dense

En ce qui a trait à la version dense, les cooccurrences de tous les pixels de l'image et de la carte de distance calculée au niveau pixel sont comptabilisées. Pour une image médicale typique de 512 par 512 et la carte de distance correspondante, il y aura $512 \times 512 = 262144$ éléments dans les classes du descripteur. Donc pour un histogramme de 128×128 , il y aura une moyenne de 16 éléments par classe.

5.3.2.2 Graphe épars

Pour ce qui est de la version épars, la réduction de l'espace par le processus de sursegmentation a pour effet de réduire le nombre de nœuds dans le graphe G à environ 1000, dépendamment des paramètres utilisés lors de nos investigations. Le résultat de cette énorme réduction de l'espace image fait en sorte que nous aurons pour un histogramme 2D de 128×128 une moyenne de 0.06 élément par classe ($1000 / 128 \times 128$). On constate ainsi que la version épars est, selon les paramètres de nos expérimentations, approximativement 260 fois plus creuse que la version dense.

5.3.3 Mode de comparaison et espace métrique

Le mode de comparaison des *DIT* de deuxième ordre est le même que pour celui du premier ordre, c'est-à-dire que nous utilisons des métriques de distances d'histogramme. En effet, la plupart des distances inter histogramme peuvent très bien s'accommoder d'histogrammes de n'importe quelle dimension si on les représente en un vecteur unidimensionnel. Et la plupart d'entre elles ont un temps de calcul proportionnel au nombre de classes. En ce qui a trait à notre distance inter histogramme privilégiée, nous parlons ici de la distance EMD, son temps de calcul croît de manière géométrique, ce qui la rend moins attrayante pour les grands

histogrammes. Par contre, il est à noter que les histogrammes 2D sont creux et n'ont pas ou peu d'intersection, ce qui est un souci pour bien des distances inter histogramme, car elles ne se comportent pas très bien dans ces conditions, comme nous l'avons illustré à la figure 5.1. Comme nous l'avons montré pour les histogrammes 1D, seule la distance EMD nous permet de comparer adéquatement deux histogrammes ayant une intersection nulle. Cette démonstration est valable ici si l'on traite les histogrammes 2D comme de grands histogrammes 1D. Cependant, il faut se rappeler que les distances inter histogrammes simples ne prennent pas en compte la position des classes, contrairement à la distance EMD. Si l'on change l'ordre des classes dans les deux histogrammes que l'on compare, on arrive à la même valeur de distance. Dans le cas des descripteurs *DIT*, la position des classes dans les histogrammes est une part importante de l'information qu'ils contiennent. En effet, cette distance est une mesure des gradients que nous avons à traverser pour joindre deux lieux. On suppose donc qu'il faut que la métrique inter histogrammes choisie considère la distance inter classes.

Pour ce qui est de l'espace métrique, les *DIT* du second ordre étant des histogrammes, ils forment un espace métrique lorsqu'on les compare à l'aide d'une distance définissant un espace métrique, ce qui est d'ailleurs le cas de la distance EMD.

5.3.4 Évaluation préliminaire des *DIT* de second ordre

Le lecteur peut se référer à la section 5.1, section où l'on décrit en détail la procédure d'analyse des résultats d'appariement que nous avons utilisée. Ici encore, nous utiliserons les régions d'intérêt que nous avons tracées dans les trois images telles qu'illustrées à la figure 5.2, 5.3 et à la figure 5.4.

5.3.4.1 Résultats intra image

Comme dans le cas du descripteur *DIT* de premier ordre, nous allons appliquer notre algorithme de génération des descripteurs aux trois images radiologiques utilisées à la section 5.2.4. Nous allons diviser notre présentation des résultats en deux sections, la première présentant les résultats obtenus grâce aux descripteurs épars construits à partir de la sursegmentation et la seconde, grâce à des graphes denses.

5.3.4.2 Résultats intra image : Graphe épars

Ici, nous présentons les résultats de nos investigations sur les descripteurs *DIT* de second ordre. Il est opportun que nous fassions un rappel des étapes nécessaires à leur création. On

début par une sursegmentation de l'image : le nombre de régions produites à cette étape est un paramètre libre de l'algorithme qui dépend de l'échelle d'intérêt que nous avons fixée ici, approximativement, au centimètre. Par la suite, on construit un graphe en utilisant les régions de la sursegmentation comme nœuds et leurs connectivités comme arêtes. On complexifie le graphe en ajoutant à chaque nœud l'histogramme de la région qui lui est associée. Dans le chapitre 4, nous avons nommé ce graphe G . Pour chacun des pixels de l'image qui nous intéresse, nous pouvons construire un DIT de second ordre, version éparsée. Il suffit pour cela de trouver le nœud dans lequel se situe le pixel. Par la suite, on construit, comme dans le cas des descripteurs de premier ordre, l'arbre A suivant l'algorithme de Dijkstra, en utilisant la distance EMD pour comparer les histogrammes des nœuds deux-à-deux. Les tableaux 5.21, 5.22, 5.23 et 5.24 présentent les résultats que nous avons obtenus en effectuant les analyses d'appariement de structures anatomiques grâce au DIT de second ordre version éparsée et ce, pour les images non-filtrées et les images soumises à trois niveaux de filtrage médian. Nous constatons en comparant les résultats obtenus ici à ceux présentés à la section 5.2, que la qualité de l'appariement est marginalement meilleure. La comparaison des DIT du deuxième ordre demande un grand temps de calcul qui n'est peut-être pas justifié si l'on ne considère que leur capacité d'appariement intra image. À la figure 5.18, on présente sous forme d'image la distance séparant les DIT du rein gauche à tous les autres DIT de l'image β . La figure 5.19 présente, quant à elle, la même information en prenant comme source les DIT de la région de contrôle.

Les DIT de deuxième ordre étant des histogrammes 2D, nous pouvons les présenter sous forme d'images. À titre d'exemple, nous présentons quatre triplets de descripteurs issus de l'image β , voir la figure 5.20. On constate que le filtrage a l'effet de condenser les valeurs des histogrammes. En effet, plus le niveau de filtrage est élevé, plus les histogrammes sont creux. Sous chaque triplet nous présentons les valeurs de distance normalisée qui séparent un DIT choisi au hasard parmi ceux représentant les régions associées, provenant du rein gauche, du rein droit et de la région de contrôle.

Tableau 5.21 Rang médian, *DIT* du second ordre épars, image non-filtrée

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	4.78%	41.50%
	Rein Droit	4.02%	-	23.03%
	Contrôle	26.31%	28.73%	-
β	Rein Gauche	-	2.19%	29.78%
	Rein Droit	2.19%	-	29.92%
	Contrôle	94.73%	91.94%	-
γ	Rein Gauche	-	4.15%	32.92%
	Rein Droit	3.44%	-	68.63%
	Contrôle	44.71%	79.03%	-
Moyenne	Gauche Droit		3.76 %	
Écart Type			0.68 %	

Tableau 5.22 Rang médian, *DIT* du second ordre épars, filtre médian 5×5

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	3.88%	41.50%
	Rein Droit	3.66%	-	42.16%
	Contrôle	55.91%	35.99%	-
β	Rein Gauche	-	2.79%	27.51%
	Rein Droit	2.47%	-	27.08%
	Contrôle	92.30%	93.77%	-
γ	Rein Gauche	-	2.79%	27.51%
	Rein Droit	2.47%	-	27.08%
	Contrôle	92.3%	93.77%	-
Moyenne	Gauche Droit		3.32 %	
Écart Type			0.61 %	

Tableau 5.23 Rang médian, *DIT* du second ordre épars, filtre médian 9×9

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	4.44%	47.63%
	Rein Droit	6.81%	-	51.49%
	Contrôle	79.78%	71.74%	-
β	Rein Gauche	-	2.11%	31.50%
	Rein Droit	1.97%	-	31.09%
	Contrôle	94.38%	94.11%	-
γ	Rein Gauche	-	11.12%	30.47%
	Rein Droit	5.53%	-	47.11%
	Contrôle	23.49%	56.33%	-
Moyenne	Gauche Droit		5.33 %	
Écart Type			3.41 %	

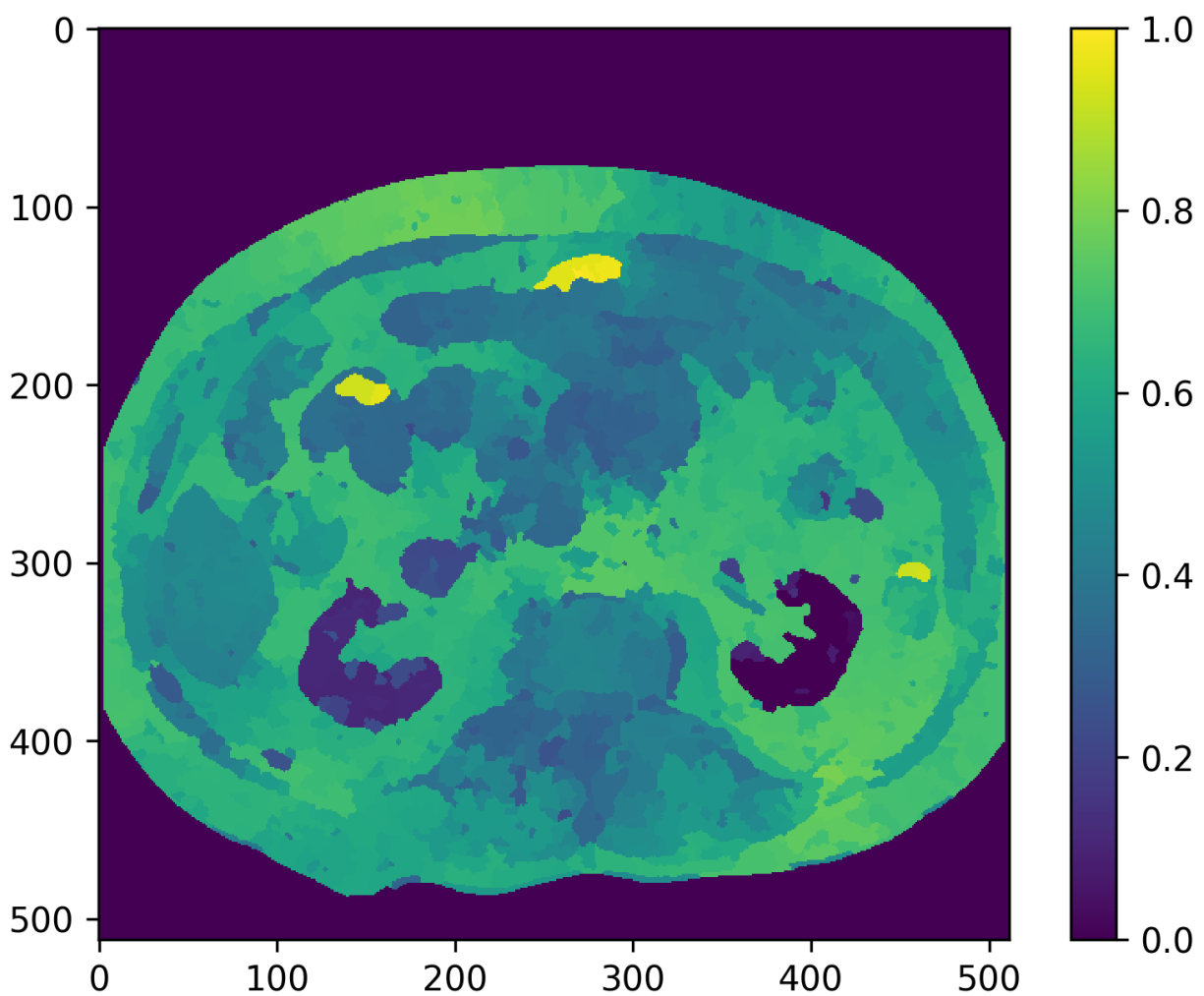


Figure 5.8 Distance médiane normalisée à partir du rein droit, image α non-filtrée, DIT de premier ordre épars

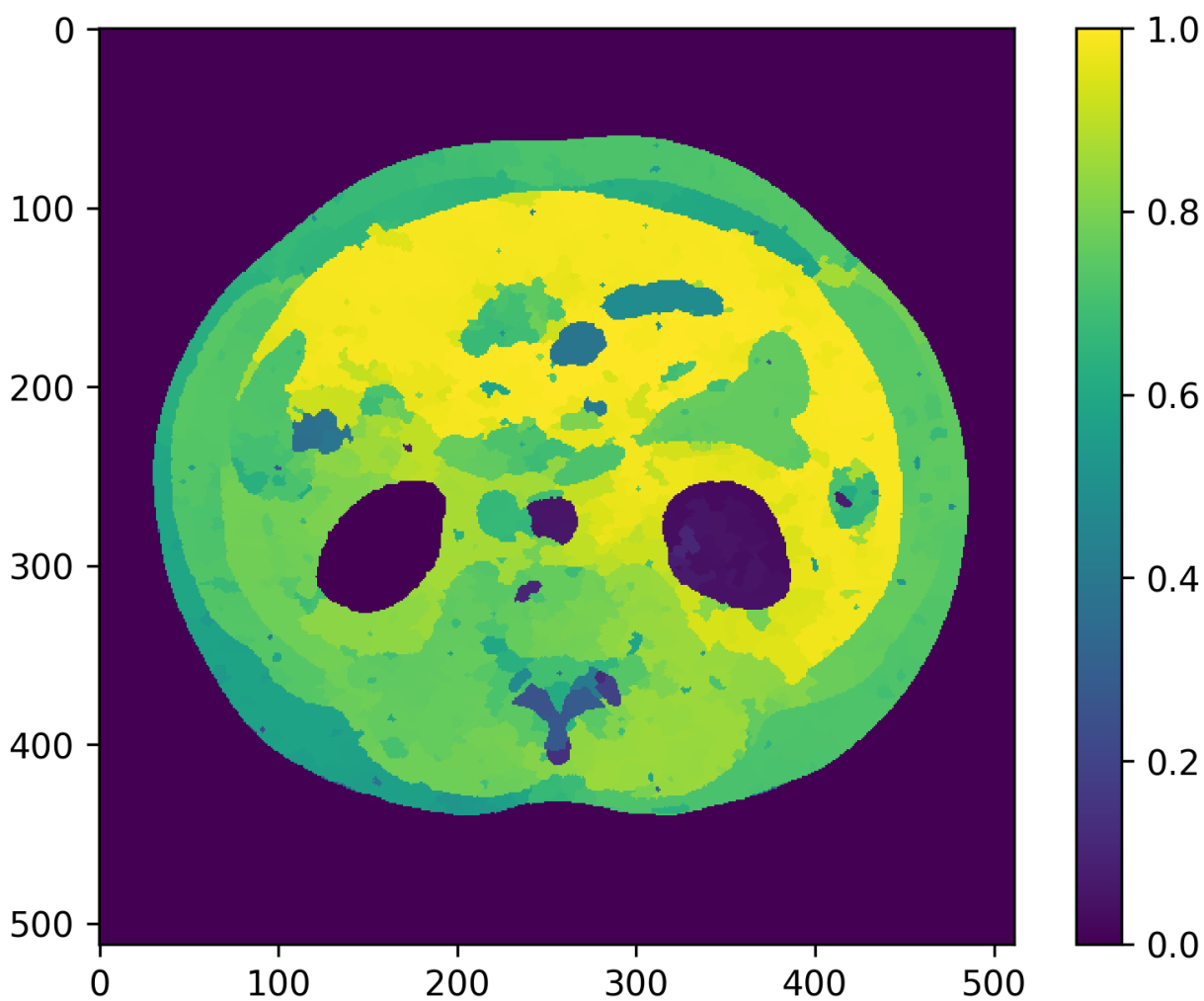


Figure 5.9 Distance médiane normalisée à partir du rein gauche, image β non-filtrée, DIT de premier ordre épars

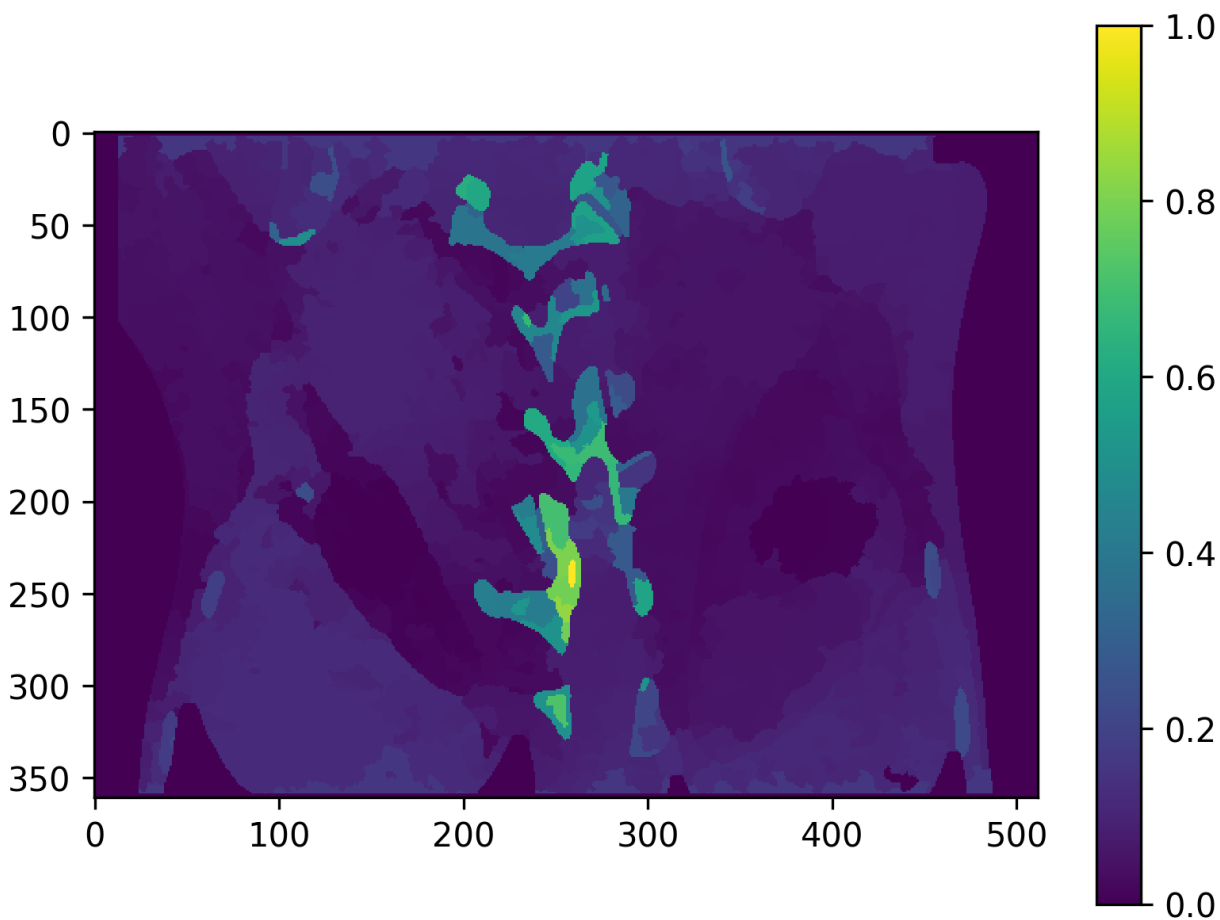


Figure 5.10 Distance médiane normalisée à partir du rein gauche, image γ non-filtrée, DIT de premier ordre épars

Tableau 5.24 Rang médian, DIT du second ordre épars, image médian 13×13

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	4.45%	93.69%
	Rein Droit	7.51%	-	91.85%
	Contrôle	85.74%	47.17%	-
β	Rein Gauche	-	2.39%	46.54%
	Rein Droit	2.98%	-	46.02%
	Contrôle	61.31%	40.06%	-
γ	Rein Gauche	-	10.17%	35.60%
	Rein Droit	8.83%	-	71.01%
	Contrôle	79.67%	68.43%	-
Moyenne	Gauche Droit		6.05 %	
Écart Type			3.23 %	

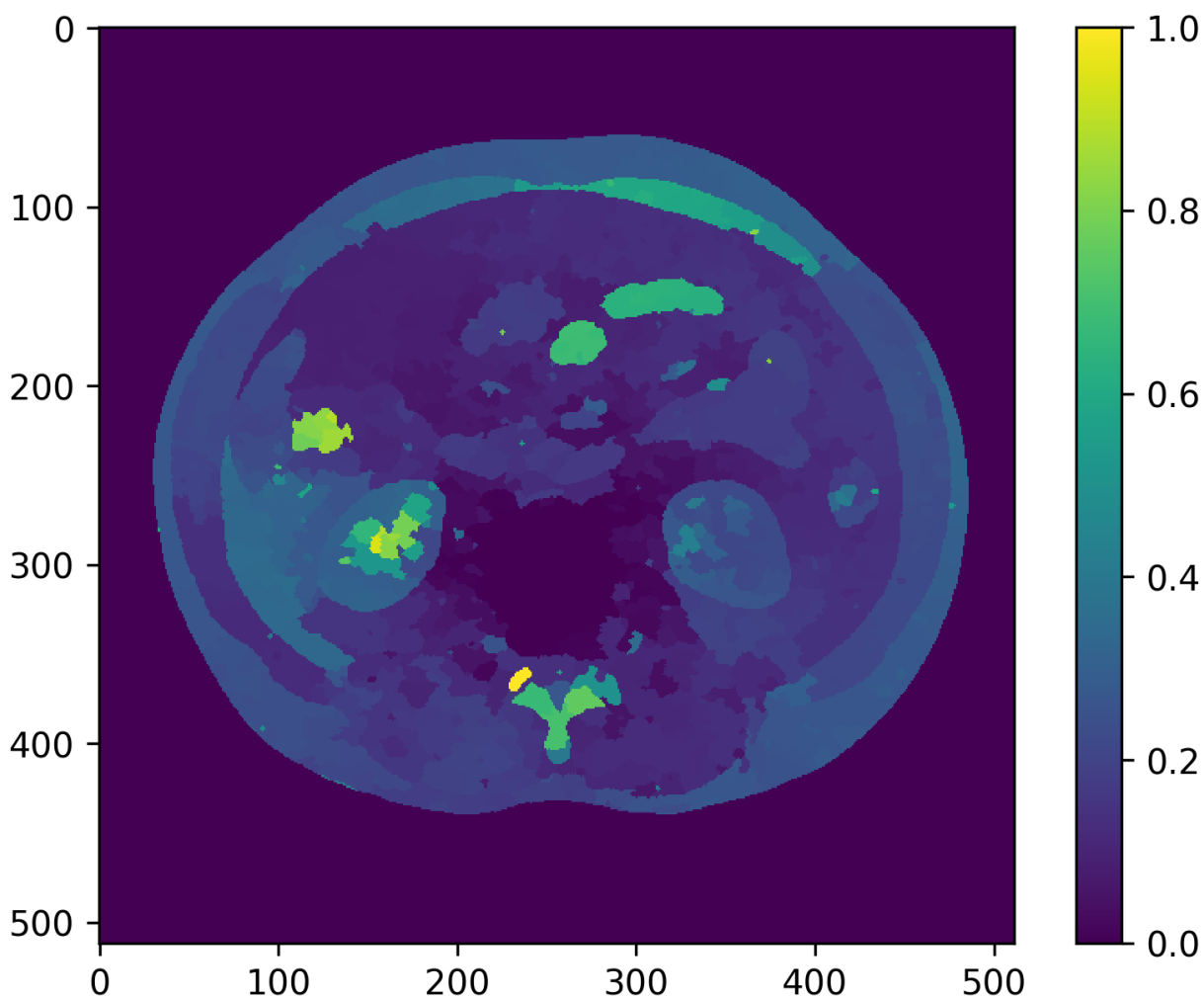


Figure 5.11 Distance médiane normalisée à partir de la région contrôle, image β non-filtrée, DIT de premier ordre épars

Tableau 5.25 Entropie moyenne, DIT du second ordre épars

Image	Original	Médian 5×5	Médian 9×9	Médian 13×13
α	0.6269	0.6178	0.5938	0.5872
β	0.6085	0.5909	0.5696	0.5352
γ	0.6393	0.6581	0.6365	0.5971

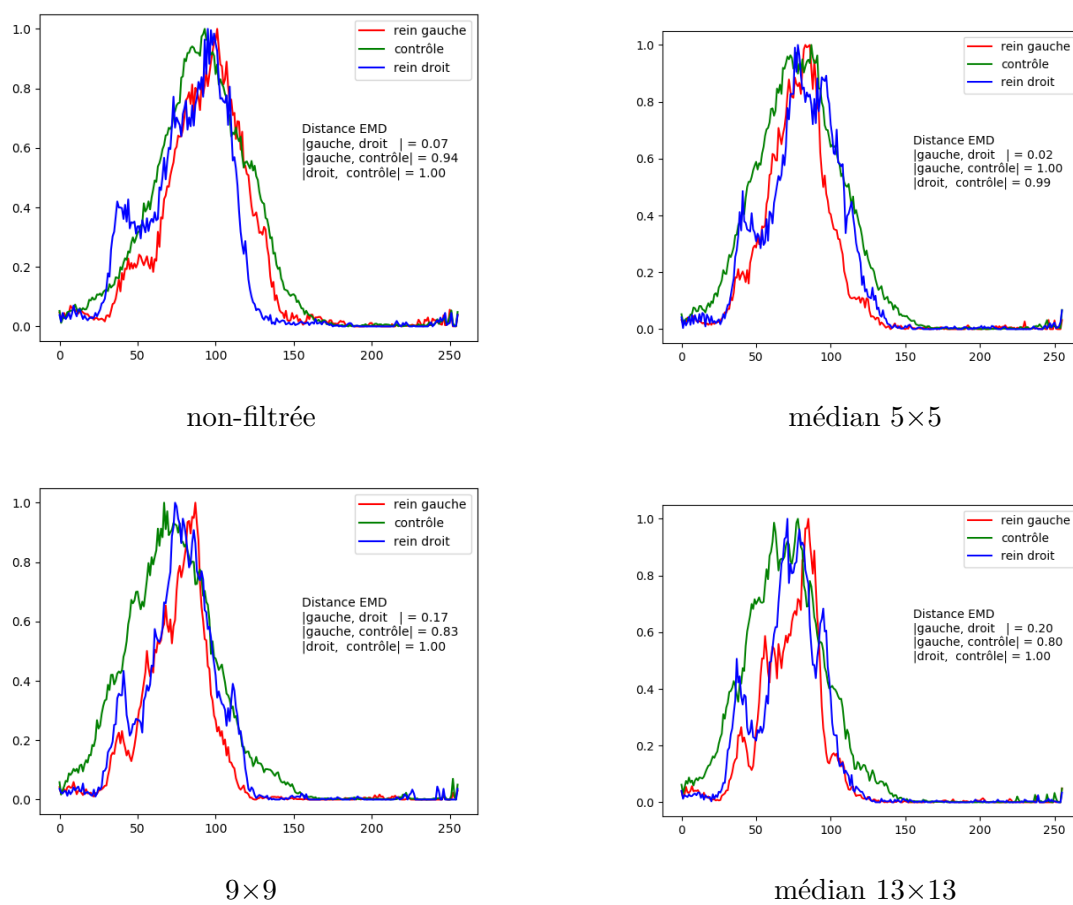


Figure 5.12 Différents DIT éparés du premier ordre de l'image α et calculs de distances

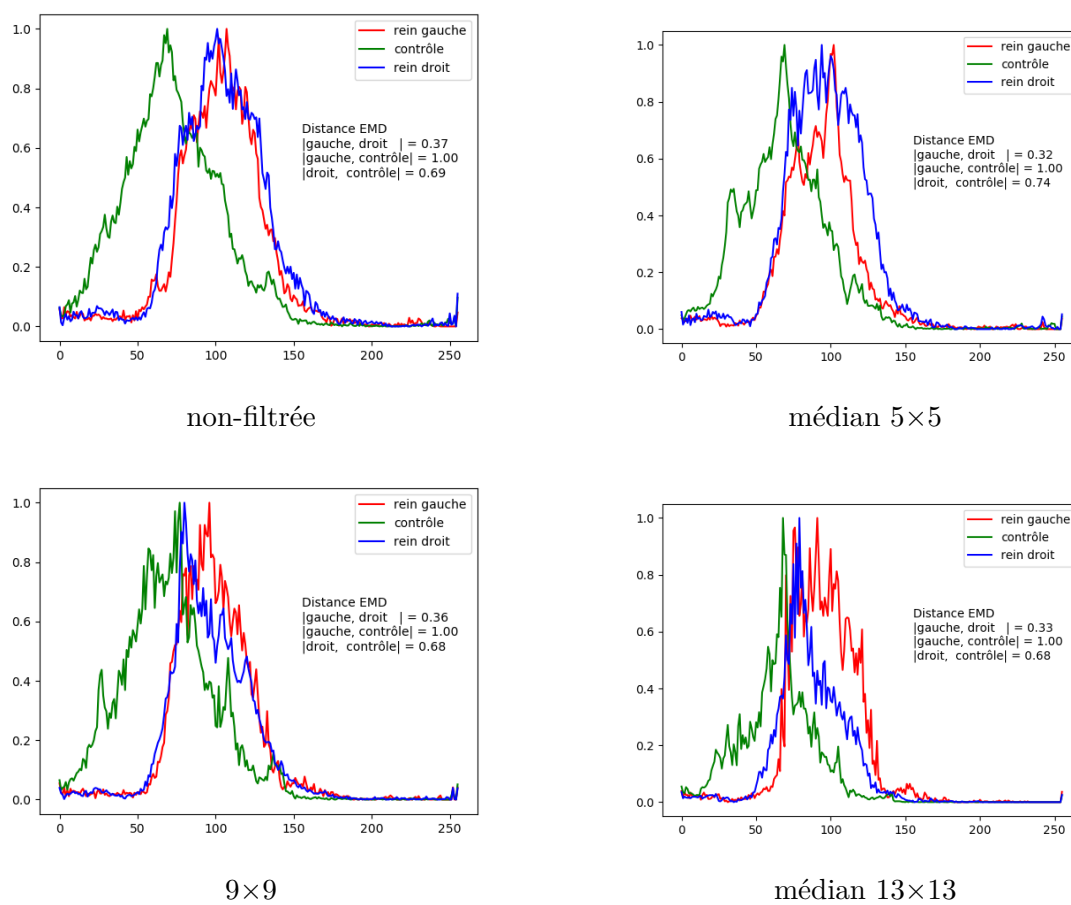


Figure 5.13 Différents *DIT* épars du premier ordre de l'image β et calculs de distances

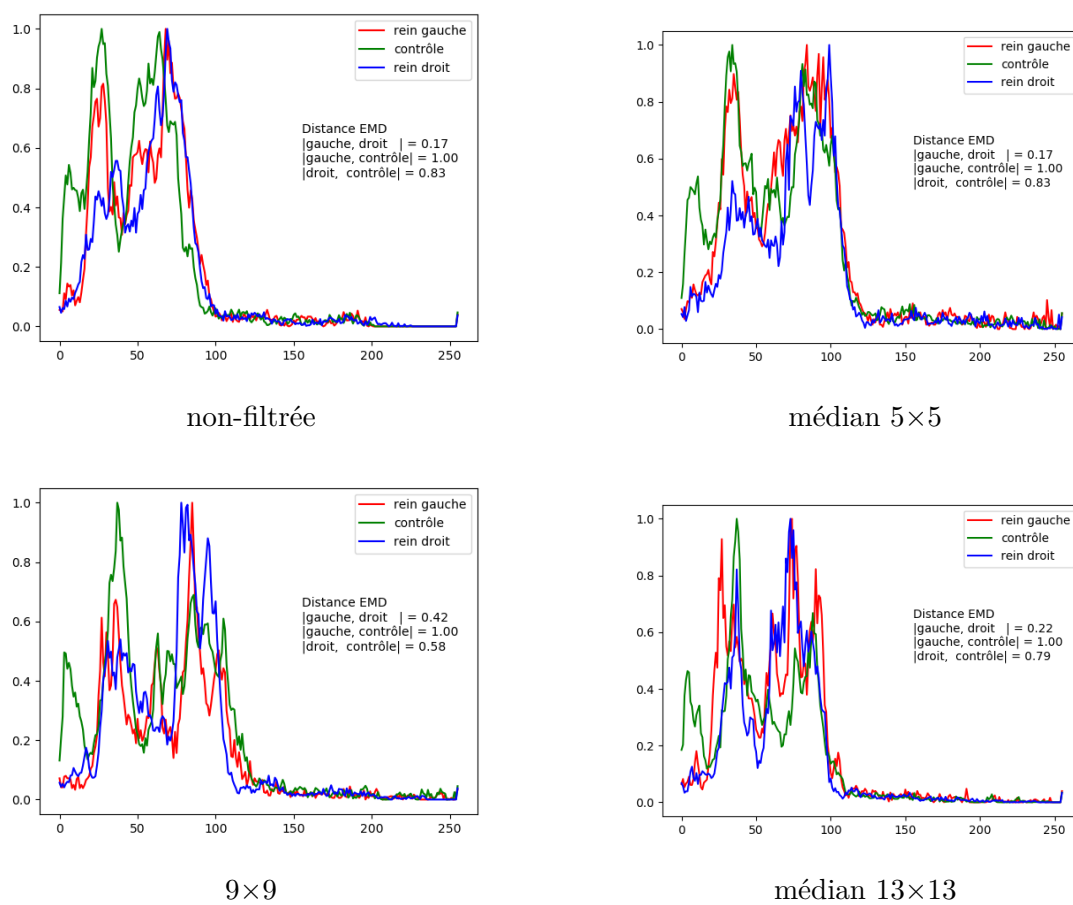


Figure 5.14 Différents *DIT* épars du premier ordre de l'image γ et calculs de distances

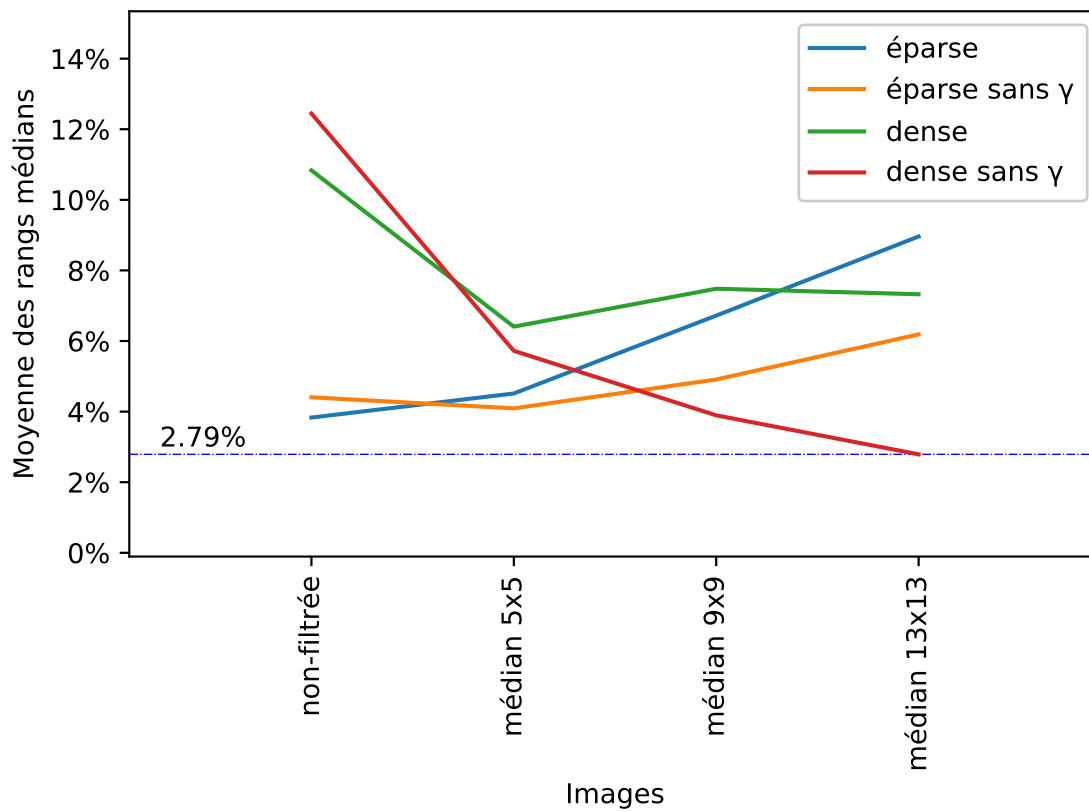


Figure 5.15 Comportement des rangs médians moyens intra images des appariements, rein gauche / rein droit, *DIT* dense du premier ordre

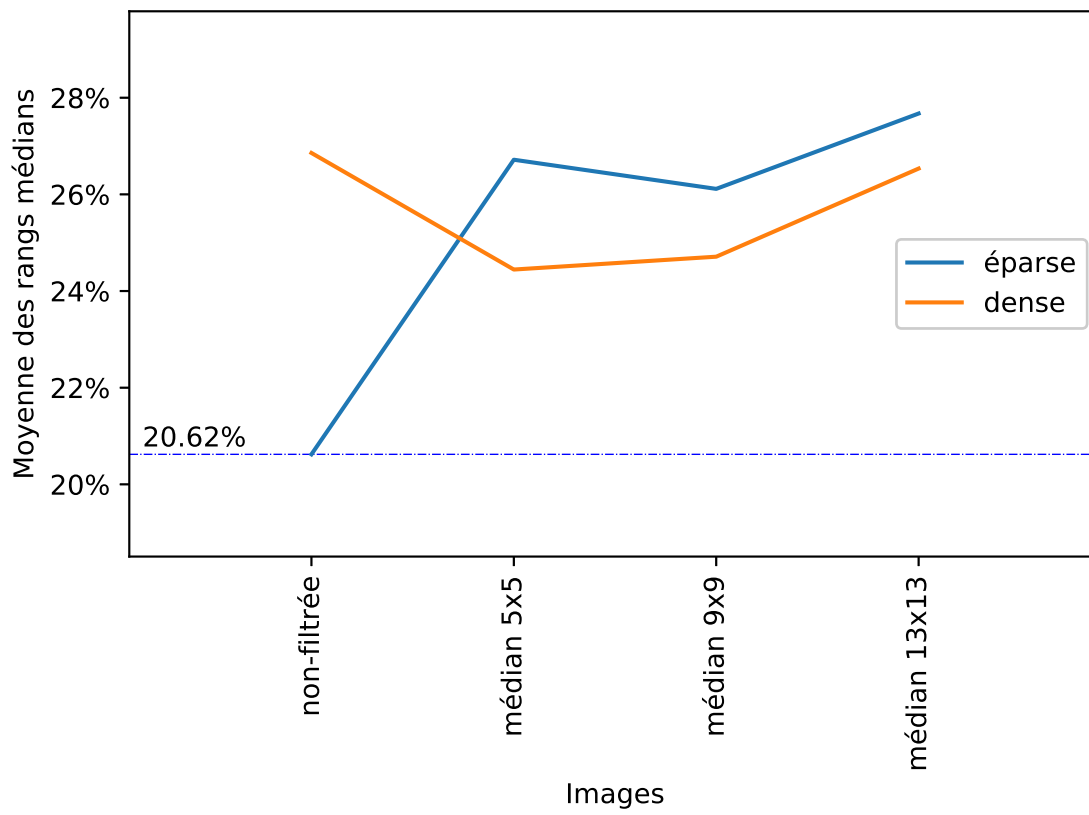


Figure 5.16 Comportement des rangs médians moyens inter images des appariements rein gauche / rein droit, *DIT* du premier ordre

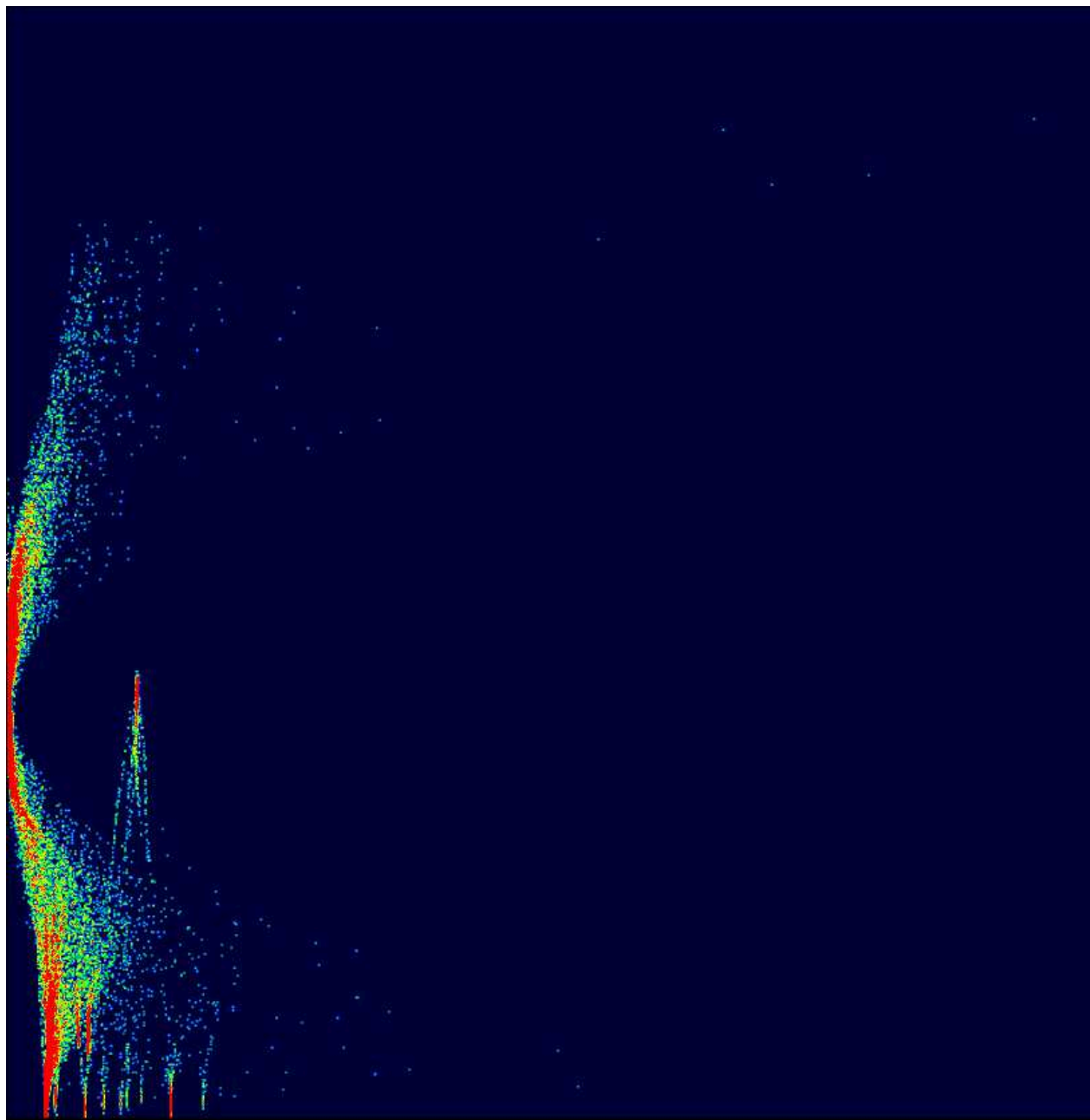


Figure 5.17 Exemple d'histogramme 2D. Selon l'abscisse, nous avons la distance des chemins croissants, selon la métrique $|I_i - I_j|$, vers la droite, selon l'ordonnée nous avons les tons de gris croissants vers le haut. *DIT* provenant de la version volumique de l'image β .

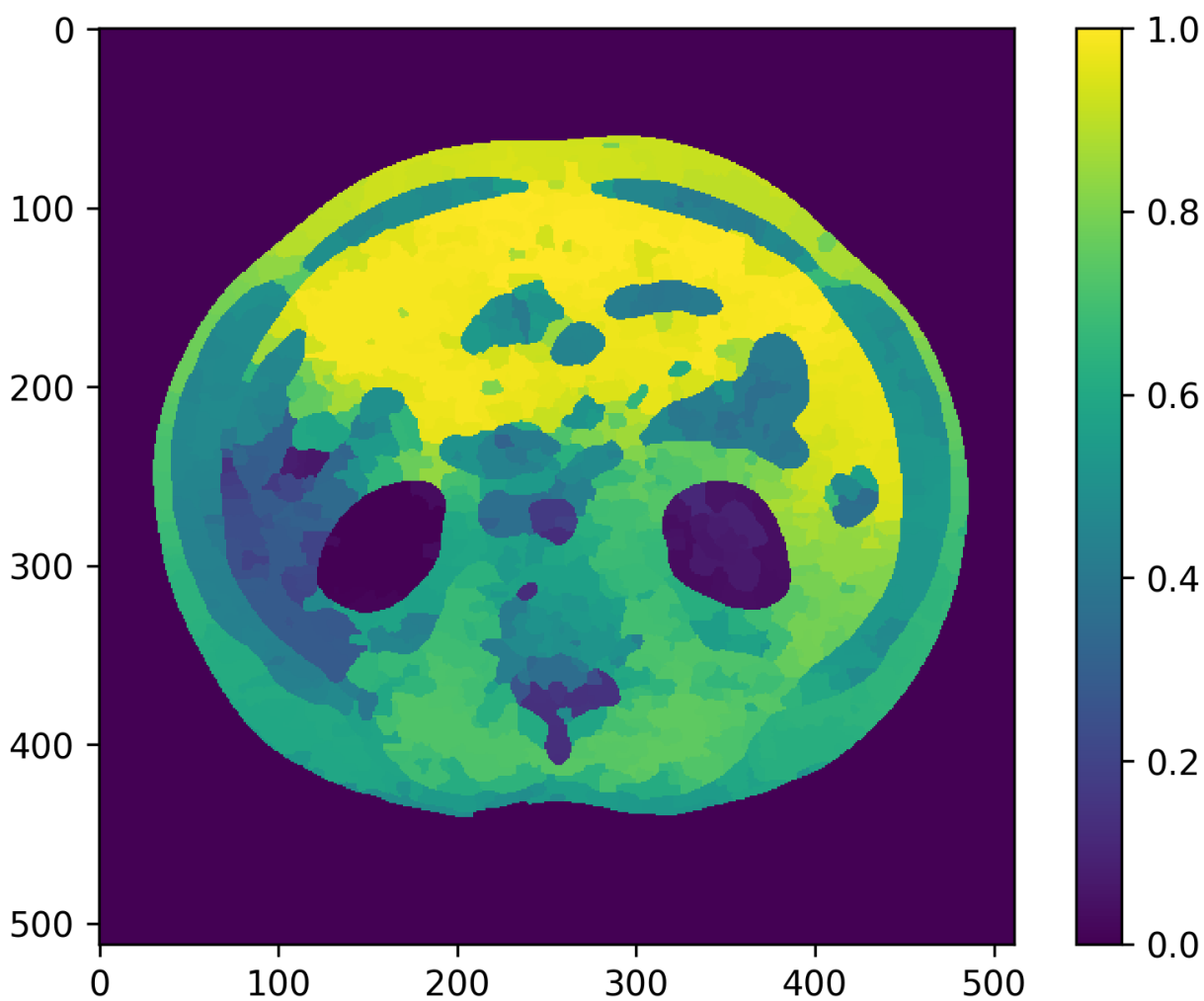


Figure 5.18 Distance médiane normalisée à partir du rein gauche, image γ , filtre médian 9×9 , *DIT* du second ordre épars

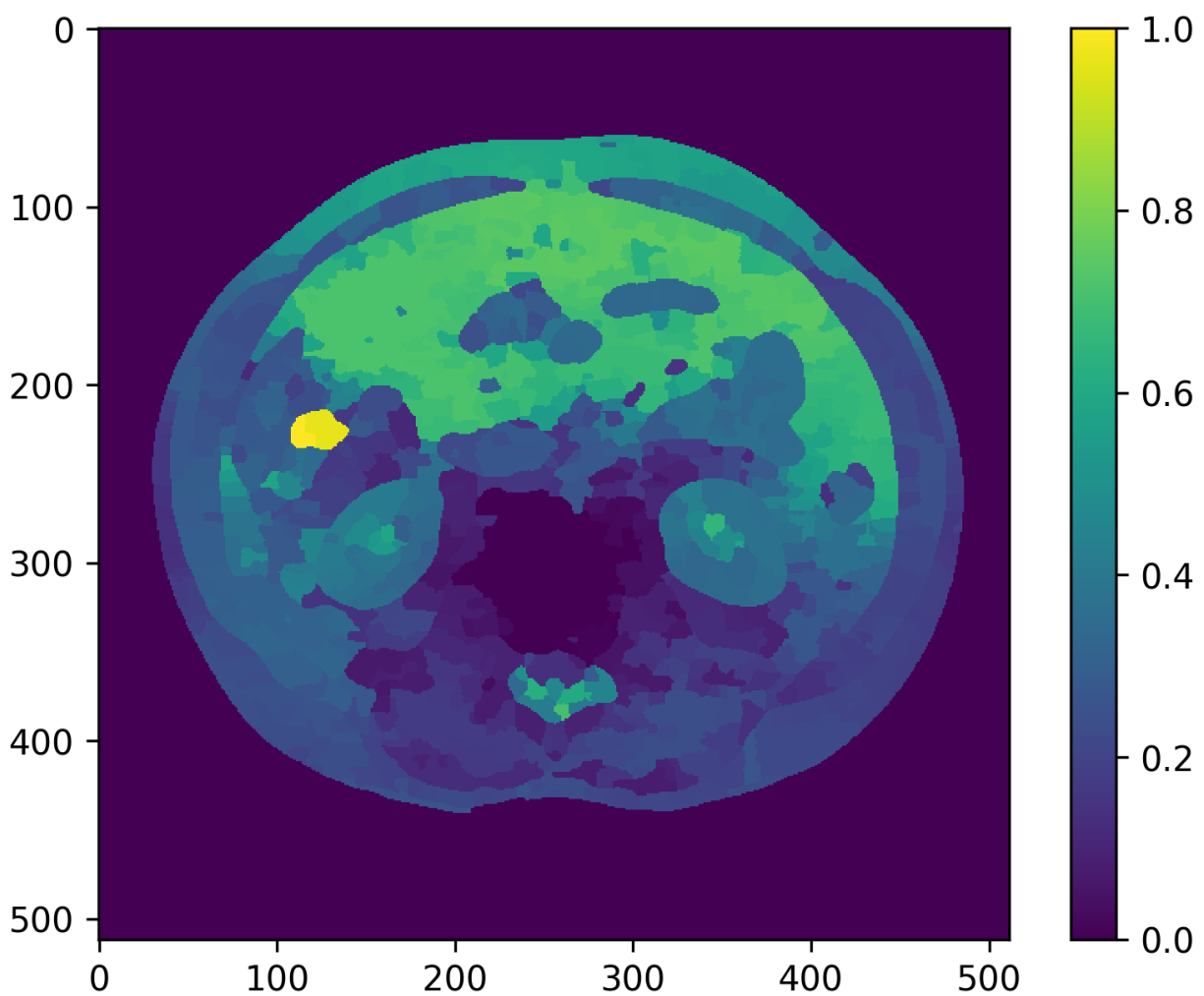


Figure 5.19 Distance médiane normalisée à partir de la région contrôle, image β , filtre médian 9×9 , *DIT* du second ordre épars

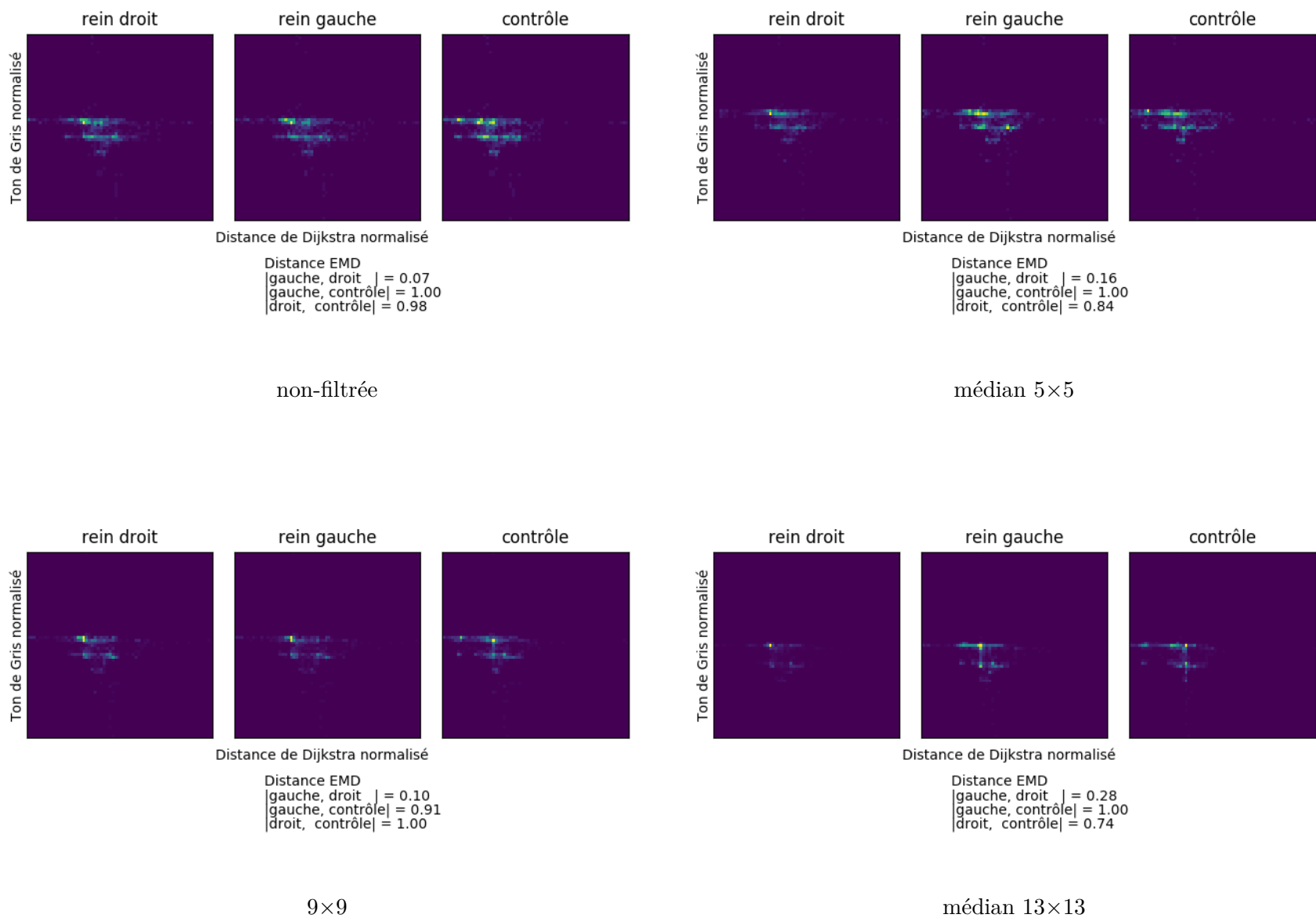


Figure 5.20 Différents *DIT* du second ordre épars de l'image β et calculs de distances

5.3.4.3 Résultats intra image : Graphe dense

Comme nous l'avons constaté lors de l'étude des descripteurs denses de premier ordre, l'effet du bruit présent dans les images a un impact marqué sur les résultats. En effet, l'amélioration de la capacité d'appariement en fonction du niveau de filtrage est notable, comme on peut le constater dans les tableaux 5.26, 5.27, 5.28 et 5.29. Les meilleurs résultats proviennent ici des images filtrées à l'aide du filtre médian de noyau 9×9 . Filtrer davantage les images, ici avec un noyau de 13×13 , nous donne de moins bons résultats. La figure 5.21 nous montre 4 triplets de *DIT* denses de second ordre. On constate que le filtrage a l'effet de réduire énormément la quantité d'information des descripteurs. Cependant, on constate, grâce aux distances calculées, que les descripteurs denses de second ordre sont efficaces, malgré le fait qu'ils semblent être pauvres en information.

Tableau 5.26 Rang médian, *DIT* du second ordre dense, image non-filtrée

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	15.31%	49.18%
	Rein Droit	8.76%	-	45.92%
	Contrôle	60.48%	66.89%	-
β	Rein Gauche	-	11.22%	36.38%
	Rein Droit	13.20%	-	27.50%
	Contrôle	66.58%	68.01%	-
γ	Rein Gauche	-	11.73%	35.10%
	Rein Droit	13.56%	-	43.35%
	Contrôle	59.12%	50.79%	-
Moyenne	Gauche Droit		12.29 %	
Écart Type			2.25 %	

Tableau 5.27 Rang médian, *DIT* du second ordre dense, filtre médian 5×5

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	9.75%	86.49%
	Rein Droit	7.42%	-	51.28%
	Contrôle	46.85%	51.74%	-
β	Rein Gauche	-	3.15%	34.57%
	Rein Droit	4.79%	-	22.06%
	Contrôle	89.68%	90.83%	-
γ	Rein Gauche	-	7.51%	34.57%
	Rein Droit	8.43%	-	55.31%
	Contrôle	57.23%	68.88%	-
Moyenne	Gauche Droit		6.84%	
Écart Type			2.43 %	

Tableau 5.28 Rang médian, *DIT* du second ordre dense, filtre médian 9×9

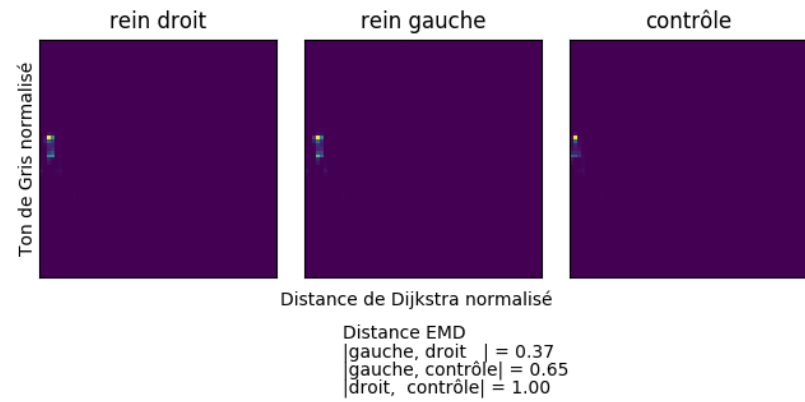
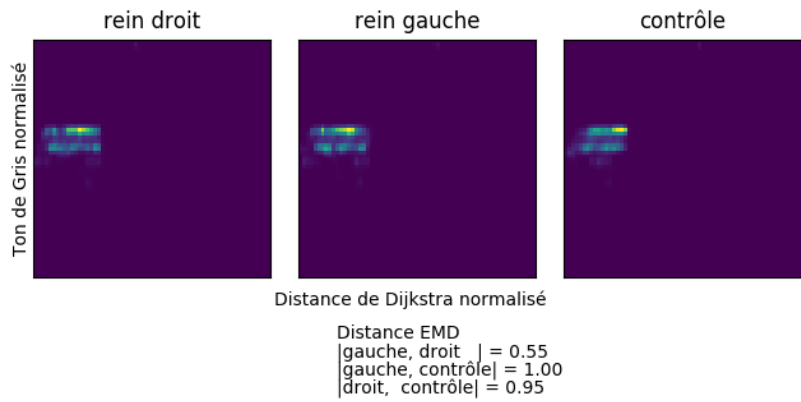
Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	4.68%	54.26%
	Rein Droit	5.91%	-	55.60%
	Contrôle	88.67%	87.08%	-
β	Rein Gauche	-	2.65%	64.65%
	Rein Droit	2.43%	-	65.37%
	Contrôle	92.54%	93.26%	-
γ	Rein Gauche	-	7.31%	28.86%
	Rein Droit	8.744%	-	36.73%
	Contrôle	55.43%	73.79%	-
Moyenne	Gauche Droit		5.28%	
Écart Type			2.52 %	

Tableau 5.29 Rang médian, *DIT* du second ordre dense, médian 13×13

Image	Region	Rein Gauche	Rein Droit	Contrôle
α	Rein Gauche	-	3.01%	42.31%
	Rein Droit	2.93%	-	40.55%
	Contrôle	90.83%	88.90%	-
β	Rein Gauche	-	2.29%	65.16%
	Rein Droit	4.48%	-	71.12%
	Contrôle	93.33%	92.18%	-
γ	Rein Gauche	-	11.26%	42.06%
	Rein Droit	14.95%	-	42.91%
	Contrôle	74.51%	72.17%	-
Moyenne	Gauche Droit		6.48%	
Écart Type			5.30 %	

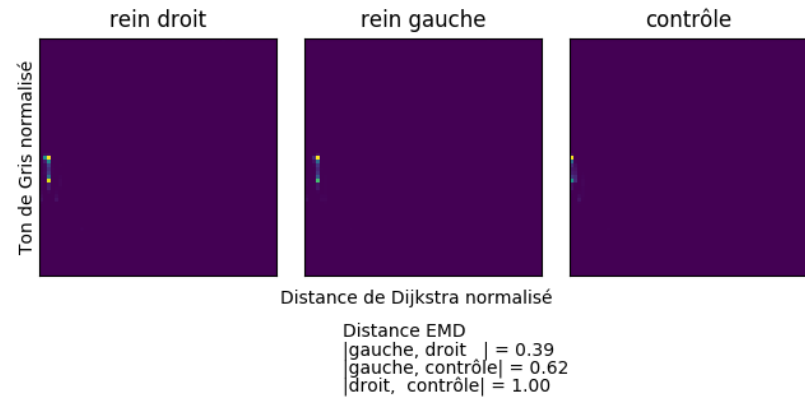
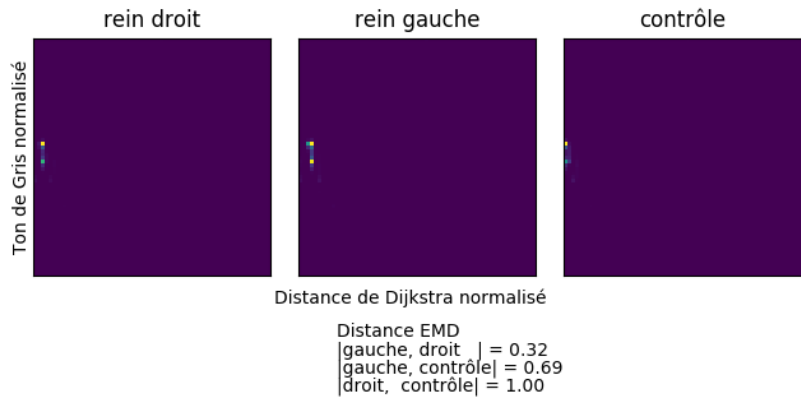
Tableau 5.30 Entropie moyenne, *DIT* du second ordre dense

Image	Original	Médian 5×5	Médian 9×9	Médian 13×13
α	0.5363	0.4071	0.3407	0.3267
β	0.5800	0.3471	0.2941	0.3033
γ	0.5535	0.4605	0.4123	0.3267



non-filtrée

médian 5×5



9×9

médian 13×13

Figure 5.21 Différents *DIT* du second ordre denses de l'image β et calculs de distances

Le graphique présenté à la figure 5.22 permet une compréhension rapide du comportement des *DIT* de second ordre, denses et épars, en fonction du niveau de filtrage appliqué aux images.

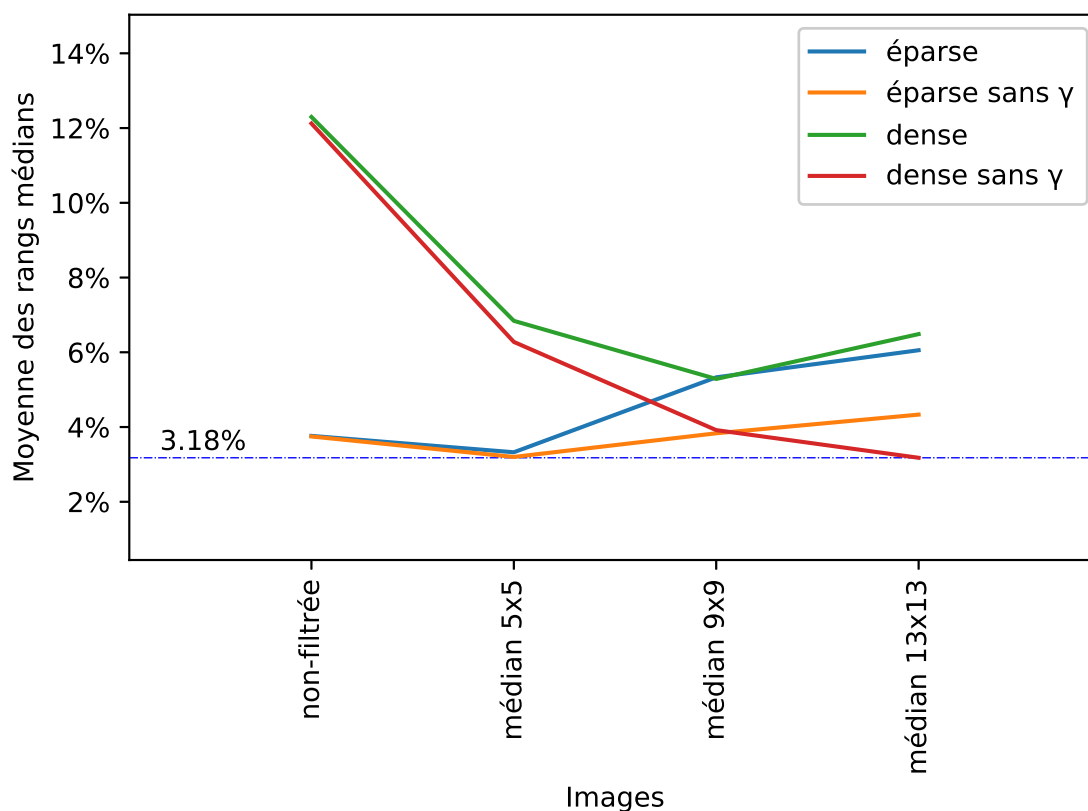


Figure 5.22 Comportement des rangs médians moyen intra images des appariements, rein gauche / rein droit, *DIT* du second ordre

5.3.4.4 Résultats inter images

Nous avons appliqué ici la même procédure qu'à la section 5.2.5.4. En résumé, pour chacune des deux méthodes de création de descripteurs de deuxième ordre, nous évaluons la qualité de l'appariement des structures anatomiques que nous avons sélectionnées d'une image à l'autre. Pour ce faire, et pour être en mesure d'évaluer l'amélioration de la mesure de l'appariement, nous utilisons encore une fois les images suivantes : l'image α (figure 5.2), l'image β (figure 5.3) et l'image γ (figure 5.4). Nous avons divisé notre présentation des résultats en deux

sections, la première présente les résultats des graphes denses et la seconde, ceux des graphes épars construits à partir de la sursegmentation.

5.3.4.5 Résultats inter images : Graphe dense

La capacité d'appariement de ce descripteur est faible lorsque nous utilisons des images bruitées. En effet, l'influence du bruit sur la qualité de l'appariement est importante, comme le montrent les tableaux 5.31, 5.32, 5.33 et 5.34. Lorsque les images sont filtrées avec le filtre médian de noyau 9×9 , nous obtenons les meilleurs résultats, toutes versions confondues. Ces résultats sont pratiquement similaires aux résultats obtenus en utilisant les descripteurs du second ordre, épars sur les images non filtrées. L'utilisation de filtres réduisant le bruit offre une amélioration, mais elle se fait au détriment de l'information sur les textures des objets, ainsi que leurs frontières. Il en résulte que l'emploi de filtres a des limites. On constate qu'un filtrage médian à l'aide d'un noyau de 13×13 s'avère trop agressif, car, dans ce cas, la qualité des résultats diminue.

Tableau 5.31 Comparatif α β γ *DIT* du second ordre dense

Image	rein	α		β		γ	
		Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche			38.76%	39.97%	40.00%	38.29%
	Droit			38.76%	39.68%	42.65%	36.43%
β	Gauche	42.42%	29.37%			48.77%	35.63%
	Droit	43.12%	29.37%			40.10%	37.76%
γ	Gauche	45.32%	45.95%	46.89%	40.16%		
	Droit	45.32%	45.86%	37.36%	39.69%		
Moyenne				40.30 %			
Écart Type				4.85 %			

5.3.4.6 Résultats inter images : Graphe épars

C'est la version la plus complexe des *DIT* que nous présentons ici dans les tableaux 5.35, 5.36, 5.37 et 5.38. Elle semble également être généralement la plus performante, selon notre mesure de succès, qui est la mesure de qualité des appariements grâce à la comparaison des rangs médians. Les meilleurs résultats d'appariement se trouvent dans le tableau 5.35 où le rang médian de l'appariement du rein gauche de l'image β avec le rein gauche de l'image α est de 2.09 %. Il est vrai que le tableau 5.35 présente des valeurs qui sont en moyenne un peu moins bonnes que celles présentées dans le tableau 5.33, mais il contient les meilleurs appariements que nous avons été en mesure de produire.

Tableau 5.32 Comparatif α β γ *DIT* du second ordre dense, filtre médian 5×5

Image	rein	α		β		γ	
		Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche			11.46%	12.03%	30.31%	28.73%
	Droit			30.40%	25.70%	30.85%	26.32%
β	Gauche	10.72%	33.12%			30.31%	33.93%
	Droit	8.85%	21.95%			15.15%	28.77%
γ	Gauche	30.68%	27.39%	31.25%	33.86%		
	Droit	42.97%	33.69%	31.02%	31.53%		
Moyenne				26.71 %			
Écart Type				8.80 %			

Tableau 5.33 Comparatif α β γ *DIT* du second ordre dense, filtre médian 9×9

Image	rein	α		β		γ	
		Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche			13.40%	15.41%	15.00%	13.40%
	Droit			23.40%	25.70%	25.26%	13.13%
β	Gauche	6.29%	12.58%			26.32%	23.67%
	Droit	6.29%	12.58%			25.95%	23.93%
γ	Gauche	20.25%	22.26%	9.79%	16.55%		
	Droit	28.79%	22.26%	8.85%	14.91%		
Moyenne				17.75 %			
Écart Type				6.83 %			

5.3.5 Constatations au sujet des *DIT* du second ordre

Le passage des *DIT* du premier au second ordre a des conséquences non négligeables. Cela impose une capacité de calcul accrue et une capacité de stockage beaucoup plus grande. Par contre, l'effet sur les performances d'appariement est, elle aussi, non négligeable. Nous rappelons au lecteur que l'appariement de structures anatomiques provenant de patients et d'appareils d'acquisition d'images différents est une tâche complexe. Nous avons présenté les distributions des tons de gris des trois images utilisées pour illustrer nos résultats et on constate aisément de grandes différences. Compte tenu de la difficulté inhérente de la tâche à accomplir, il semble que notre descripteur ait une grande capacité d'appariement. Il est vrai que de très bons résultats peuvent être atteints en utilisant des descripteurs de type SIFT, mais ces résultats sont basés sur l'utilisation de graphes de SIFT ou autre concaténation de plusieurs SIFT. Les résultats que nous avons obtenus l'ont été en n'utilisant qu'une mesure du rang médian des *DIT* lors de leur appariement. Donc, aucune technique n'a été utilisée pour augmenter la qualité des appariements. Il est normal de croire qu'une utilisation plus

Tableau 5.34 Comparatif α β γ *DIT* du second ordre dense, filtre médian 13×13

Image		α		β		γ	
		reïn	Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche
α	Gauche			23.12%	26.27%	30.85%	22.23%
	Droit			33.12%	36.27%	40.85%	32.23%
β	Gauche	7.45%	13.05%			31.38%	32.76%
	Droit	7.45%	13.05%			33.51%	34.62%
γ	Gauche	32.75%	35.41%	7.69%	14.45%		
	Droit	31.91%	35.41%	7.69%	14.21%		
Moyenne				24.90%			
Écart Type				11.15 %			

Tableau 5.35 Comparatif α β γ *DIT* du second ordre éparse

Image		α		β		γ	
		reïn	Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche
α	Gauche			3.19%	5.05%	19.03%	16.39%
	Droit			17.83%	17.36%	26.75%	13.94%
β	Gauche	2.09%	19.27%			29.88%	17.15%
	Droit	3.42%	19.09%			30.24%	17.54%
γ	Gauche	25.35%	26.35%	25.23%	22.02%		
	Droit	25.35%	26.37%	25.23%	22.02%		
Moyenne				19.01%			
Écart Type				8.35 %			

sophistiquée des *DIT* permettrait d'atteindre de meilleurs résultats d'appariement. Mais le but de nos recherches n'est pas de permettre un appariement parfait, mais bien de construire un outil qui ouvre la voie à une détection automatique des anomalies. En cela, nous avons la conviction que les *DIT* nous permettront d'avancer dans cette quête. Les graphiques 5.24 et 5.25 résument bien les résultats de nos essais préliminaire.

5.4 Performance de la métrique EMD

Avant de poursuivre nos expérimentations, il est intéressant de se pencher sur les temps de calcul nécessaires à la comparaison des *DIT*. Le temps requis pour construire les *DIT* sont non négligeables, environ 20 secondes par image pour construire tous les descripteurs (denses ou épars, premier ou second ordre), mais ce qui nous intéresse plus particulièrement ce sont les temps requis pour calculer les distances inter *DIT*. Cela a un grand intérêt, car pour faire une recherche dans une base de données pour déterminer si un *DIT* est inusité, nous aurons à

Tableau 5.36 Comparatif α β γ *DIT* du second ordre épars, filtre médian 5×5

Image	rein	α		β		γ	
		Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche			11.19%	10.57%	23.41%	20.00%
	Droit			19.23%	22.32%	25.17%	9.48%
β	Gauche	23.80%	18.43%			35.21%	12.13%
	Droit	23.73%	18.28%			34.70%	12.22%
γ	Gauche	22.87%	21.53%	22.17%	20.16%		
	Droit	23.83%	20.88%	25.79%	28.46%		
Moyenne				21.06%			
Écart Type				6.70 %			

Tableau 5.37 Comparatif α β γ *DIT* du second ordre épars, filtre médian 9×9

Image	rein	α		β		γ	
		Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche			21.72%	25.84%	25.44%	21.16%
	Droit			31.24%	25.10%	29.95%	26.04%
β	Gauche	9.69%	10.14%			33.56%	20.09%
	Droit	10.08%	10.48%			35.56%	30.09%
γ	Gauche	33.52%	36.11%	30.03%	34.15%		
	Droit	32.51%	35.74%	30.45%	30.10%		
Moyenne				26.41%			
Écart Type				8.48 %			

effectuer plusieurs mesures de distances. À la figure 5.26 nous présentons les temps de calcul des descripteurs denses et épars du premier ordre. Le comportement de ces courbes met en évidence le fait que le temps de calcul de la distance EMD n'a pas un comportement linéaire. On constate également que les distances éparses sont beaucoup plus rapides à calculer. Cela est dû au fait que la distance EMD a un temps de calcul qui dépend du nombre de classes et du contenu de ces classes. En effet, plus les histogrammes sont pleins, plus le temps de calcul sera long. Il résulte que compte tenu des paramètres de construction des *DIT* que nous avons utilisés pour nos expérimentations, les distances inter descripteurs, versions denses, sont approximativement 10 fois plus longues à calculer que les distances inter descripteurs, versions éparses, pour des histogrammes de 1024 classes.

Les temps de calcul mesurés pour les *DIT* du second ordre peuvent être consultés à la figure 5.27. On constate un écart encore plus significatif entre les temps de calcul d'une distance inter *DIT* dense et épars, les denses prenant approximativement 60 fois plus de temps que les éparses pour un histogramme 2D de 128 par 128 classes. Même si les *DIT* denses du second

Tableau 5.38 Comparatif α β γ *DIT* du second ordre éparse, filtre médian 13×13

Image	reïn	α		β		γ	
		Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
α	Gauche			34.52%	35.13%	32.96%	39.39%
	Droit			34.52%	41.48%	32.55%	28.08%
β	Gauche	8.35%	14.26%			23.84%	32.98%
	Droit	8.27%	34.26%			11.66%	32.98%
γ	Gauche	36.26%	25.30%	7.28%	42.50%		
	Droit	35.04%	42.00%	38.96%	43.20%		
Moyenne				29.82%			
Écart Type				11.53 %			

ordre nous procurent de bons résultats, après application d'un filtrage, ils sont pratiquement inutilisables tant ils sont longs à comparer.

Fort des résultats présentés à la première partie du présent chapitre, nous avons concentré nos expérimentations sur les différentes versions épars de nos descripteurs, c'est-à-dire, les *DIT* du premier et second ordre épars. L'analyse de la figure 5.24 à justifié plusieurs des décisions que nous avons prises en ce qui a trait aux expérimentations dont nous présentons maintenant les résultats. On constate que les versions denses des *DIT* offrent peu d'intérêt par ce qu'elles ne fournissent pas de bons appariements et cela malgré le fait qu'elles soient très coûteuses en temps de calcul. Il est vrai que si nous appliquons un filtrage aux images, les résultats sont meilleurs, mais un algorithme qui nécessite un filtrage est souvent problématique. En effet, on doit alors se poser la question, quel niveau de filtrage dois-je appliquer pour cette image ? Il est toujours préférable de ne pas avoir à répondre à cette question. Après avoir constaté que filtrer les images était nuisible aux appariements effectués à l'aide des *DIT* épars, nous avons pris la décision de ne pas tester la réponse de nos descripteurs épars face au filtrage des images. Nous avons plutôt pris la décision de mettre nos efforts sur l'analyse des différentes métriques de comparaisons d'histogrammes.

5.5 Évaluation de la performance des descripteurs *DIT*

Aux sections précédentes, nous avons présenté les résultats de nos expérimentations préliminaires effectuées sur 3 images. Pour être en mesure de valider le bien-fondé de notre approche, il est nécessaire d'étendre nos recherches à un échantillon plus important. De plus, cette comparaison permet de mettre en lumière les avantages et inconvénients de la méthode proposée. Nos expérimentations préliminaires nous ont permis de constater que la version dense de nos descripteurs est trop coûteuse et moins pertinente que les versions éparses. C'est le constat

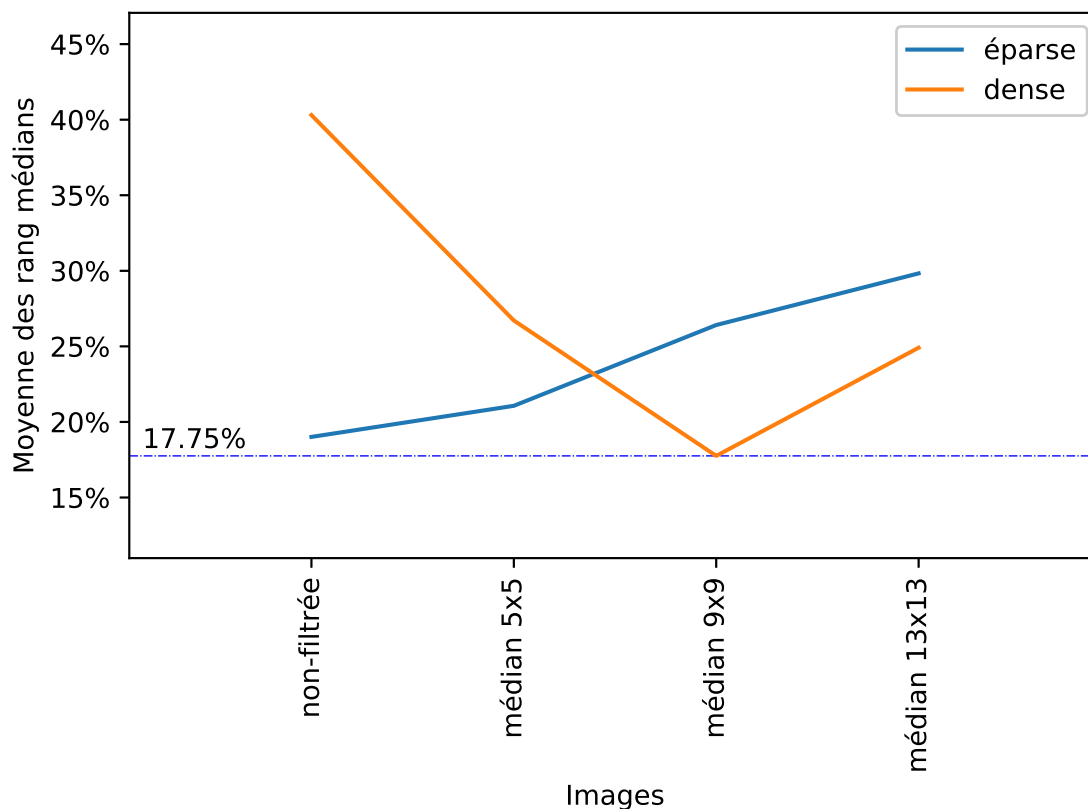


Figure 5.23 Comportement des rangs médians moyens inter images des appariements rein gauche / rein droit, *DIT* du second ordre

auquel nous arrivons après avoir mesuré leurs capacités à effectuer des appariements. Également, le fait que les temps de calcul qu'ils requièrent sont si prohibitifs rend leurs utilisations impraticables. Nous allons donc concentrer nos efforts à l'étude des descripteurs épars du premier et du second ordre.

5.6 Protocol expérimental

5.6.1 Sélection d'images

Pour compléter notre recherche, nous avons sélectionné 15 images abdominales. Ici encore, les images choisies proviennent d'acquisitions CT, avec produit de contraste, de la cavité abdominale. Ces images ont été validées comme étant exemptes de pathologie par le Dr

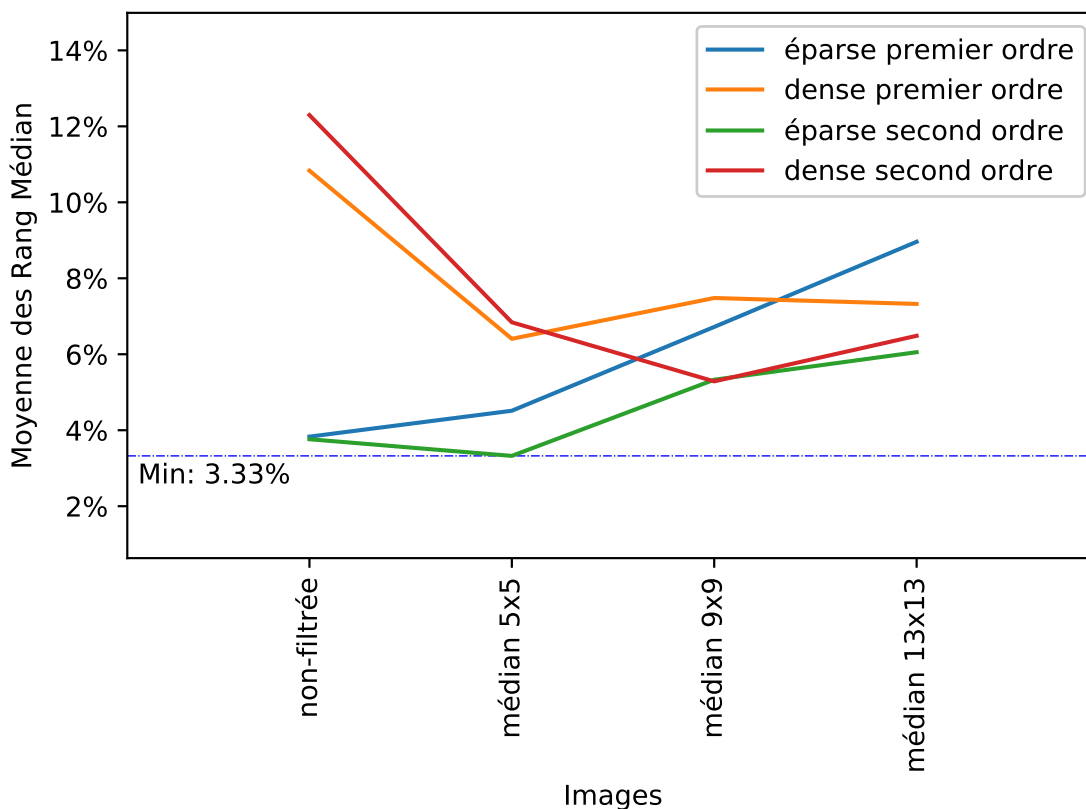


Figure 5.24 Comportement des rangs médians moyens intra image des appariements rein gauche / rein droit, comparaison entre premier et second ordre

Claude Kauffman, chercheur en imagerie au CRCHUM. Ces images proviennent de 15 patients différents et sont de qualité fort variable. Ces images, ainsi que leurs histogrammes, sont présentées à l'annexe A.

5.6.2 Étude des métriques

Les distances inter régions peuvent être mesurées selon plusieurs métriques. Cela est également vrai pour les distances inter descripteurs lorsque l'on compare ceux du premier ordre. Les descripteurs du deuxième ordre sont, quant à eux, plus problématiques à comparer. Le fait qu'ils soient des histogrammes 2D limite nos choix de métriques à celles qui peuvent bien se comporter dans ce cas. Pour la comparaison des histogrammes des régions, nous avons choisi de tester les distances métriques suivantes : Bhattacharyya, *earth mover's distance*,

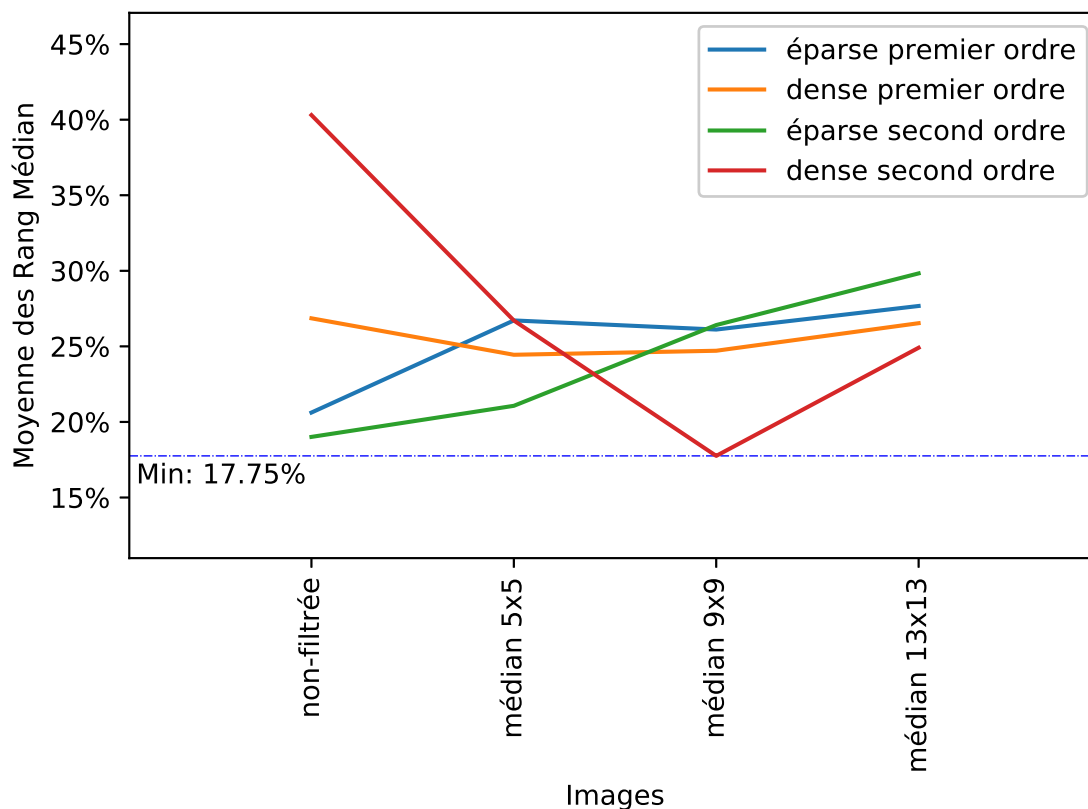


Figure 5.25 Comportement des rangs médians moyens inter images des appariements rein gauche / rein droit, comparaison entre premier et second ordre

euclidienne, Matusita, Kulbackleiber. De plus, l'information que nous pouvons associer aux nœuds du graphe G n'étant pas limitée aux histogrammes des régions, nous avons construit des graphes dont les nœuds contiennent un descripteur connu. Nous avons choisi de fabriquer des graphes de BRIEF, un descripteur dont nous avons fait mention à la section 2.9. Pour ce faire, nous avons calculé le centre géométrique de chacune des régions *watershed*. De ce lieu, nous avons extrait un descripteur BRIEF que nous avons associé à cette région. Cela porte à 6 le nombre de distances inter régions que nous avons étudiées. En ce qui a trait aux distances inter *DIT*, pour les descripteurs du premier ordre nous avons utilisé les métriques suivantes : Bhattacharyya, *earth mover's distance*, euclidienne, Matusita, Kulbackleiber. Pour les *DIT* du deuxième ordre, nous avons utilisé la distance EMD et la distance de Bhattacharyya.

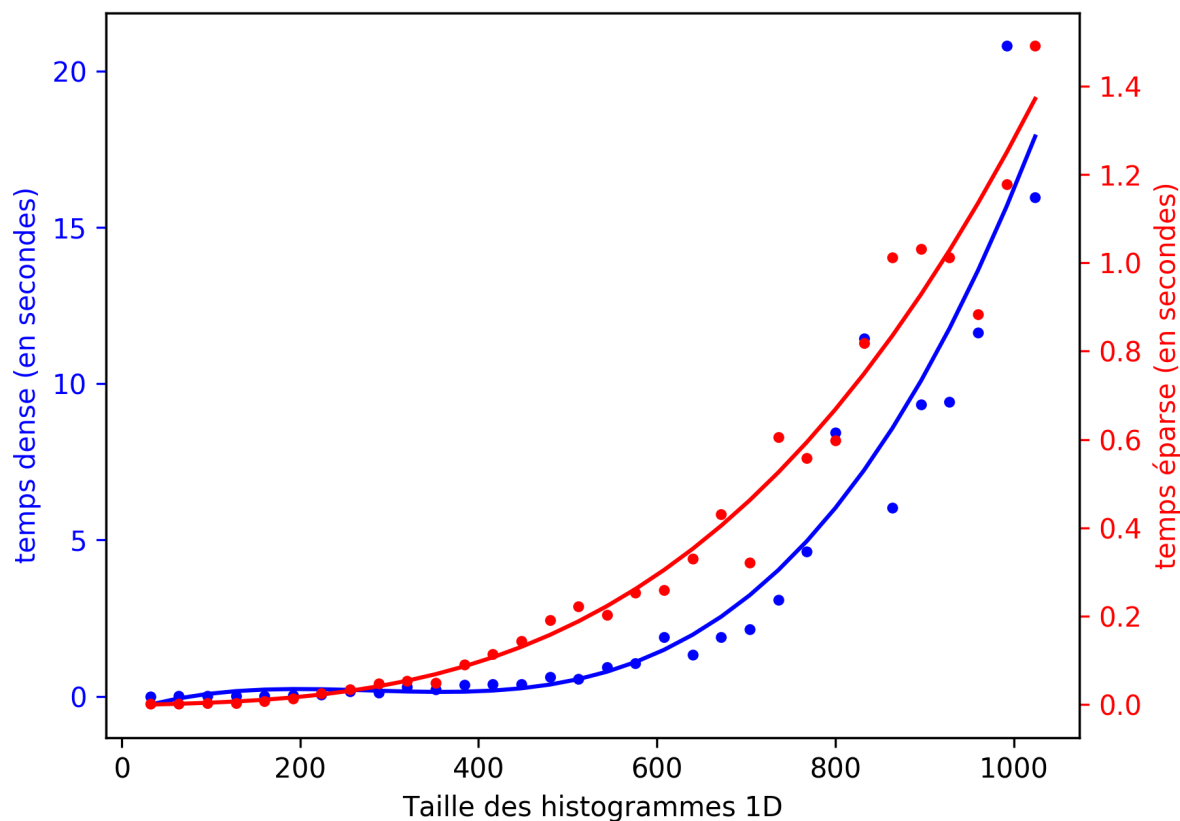


Figure 5.26 Temps de calculs de la distance entre deux *DIT* du premier ordre

5.6.3 Réduction de la complexité du graphe G

La complexité du graphe G peut être réduite si nous le soumettons à un algorithme de calcul de l'arbre couvrant minimum. Étant donné que le calcul de l'arbre couvrant minimum prend en considération la connectivité et le poids des connectivités et que les poids varient selon la métrique de comparaison des régions choisies, il existe un arbre couvrant minimum par métrique de comparaison des régions. En réduisant la complexité de G , nous perdons de l'information sur la connectivité des régions. Lors de nos expériences, nous déterminerons si cela a un effet bénéfique sur les capacités d'appariement de nos descripteurs.

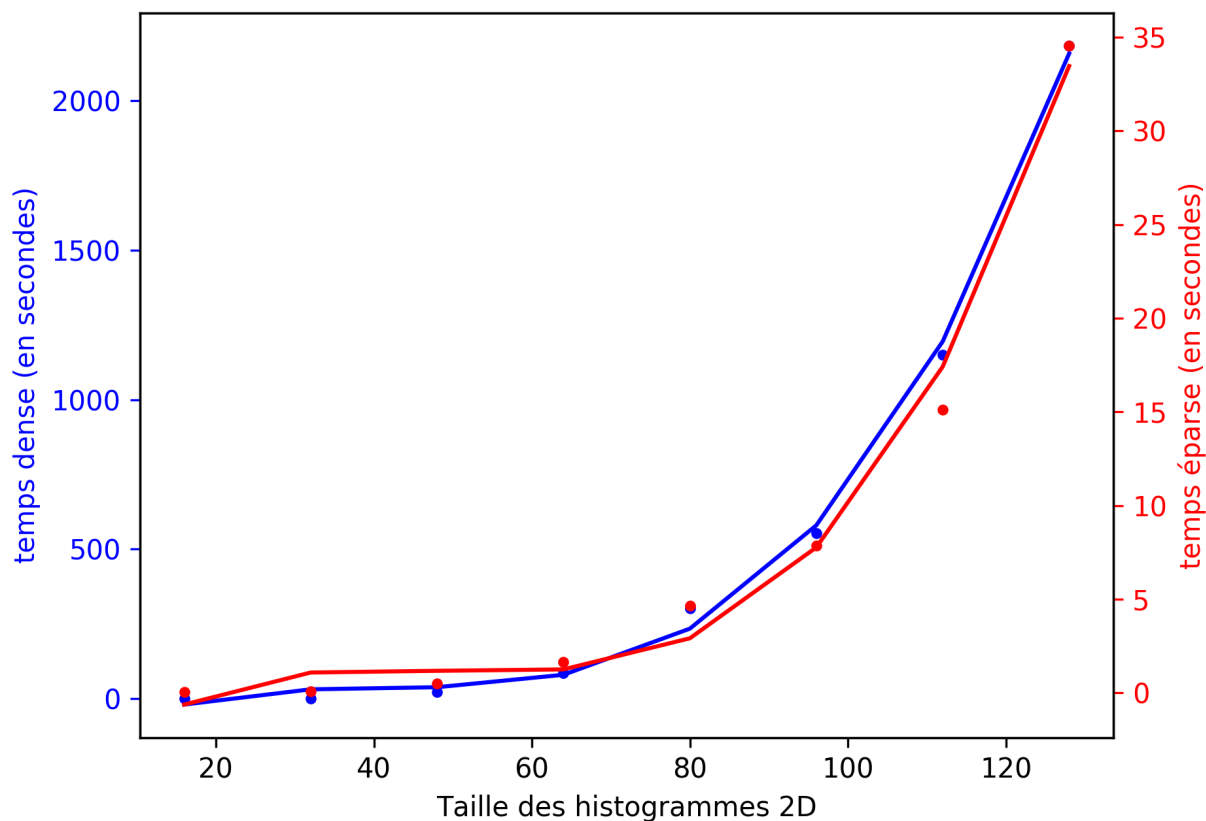


Figure 5.27 Temps de calculs de la distance entre deux *DIT* du second ordre

5.6.4 Effet du bruit sur les descripteurs épars

Les processus de réduction du bruit ne sont pas souhaitables pour les descripteurs épars, comme nous l'ont montré nos expérimentations préliminaires. Cette déduction provient de l'analyse des résultats présentée aux sections précédentes. Nous avons donc pris la décision de ne pas effectuer de nouvelles expériences concernant cet aspect.

5.6.5 Taille des régions issues de la transformation *watershed*

La taille des régions créées par la transformation *watershed* a sans doute un impact sur les résultats d'appariement. C'est pourquoi nous avons choisi 3 tailles de noyaux. Ils découpent en moyenne l'image en 1003, 553, 279 régions. Nous appellerons ces trois versions de découpages grande densité, moyenne densité et faible densité.

5.6.6 Mesure de la qualité des appariements en fonction des paramètres

Étant donné que nous allons effectuer de nombreuses expériences, nous devons être en mesure de les évaluer et de déterminer quelles sont les plus pertinentes. Notre approche d'analyse des distances de séparation (voir la section 5.1) nous procure une mesure de la capacité d'appariement entre deux régions d'intérêt. Cependant, nous effectuons plusieurs mesures de cette distance telle la distance rein droit / rein gauche, reins / région de contrôle. Pour déterminer quelle combinaison des paramètres libres est la plus pertinente, nous avons défini une nouvelle mesure tenant compte des distances inter organes et des distances organes - contrôle, voir l'équation 5.1. Dans cette équation nous utilisons la distance Ψ telle que définie par l'algorithme 1.

$$Q = \frac{\max(\Psi(R_g, R_d), \Psi(R_d, R_g))}{\min(\Psi(R_d, R_c), \Psi(R_g, R_c), \Psi(R_c, R_d), \Psi(R_c, R_g))} \quad (5.1)$$

Cette mesure n'est valide que dans le cas où les régions comparées sont distinctes. On justifie cette mesure de la manière suivante, nous composons le ratio du moins bon appariement par rapport à la moins bonne valeur des appariements reins / région de contrôle. Notons que le moins bon appariement entre les reins correspond à la valeur maximal de Ψ alors que l'appariement rein / région de contrôle qui donne la valeur de Ψ est le moins souhaitable. Ce ratio est donc fonction des pires performances d'appariement d'une expérience donnée. Plus la valeur de Q est faible, meilleurs sont les appariements de cette combinaison de paramètres. Comme toutes les expériences sont répétées sur les 15 images, ou dans le cas des appariements inter images sur toutes les combinaisons des 15 images, nous prenons la valeur moyenne de Q , \bar{Q} , comme critère de qualité des appariements. Q étant, en fin de compte, le rapport entre deux mesures Ψ , elle est nécessairement plus grande que 0. La borne supérieure de Q est plus difficile à évaluer. Elle dépend du nombre total de nœud dans G et du nombre de nœuds présents dans les reins et dans la région de contrôle. Par exemple, si les distances rein droit / rein gauche sont plus grandes qu'une des distances de rein / contrôle, Q sera supérieure à 1.

5.7 Résultats

5.7.1 Descripteur épars de premier ordre, résultats intra images

Les meilleurs résultats obtenus parmi toutes les permutations de métriques que nous avons testées l'ont été avec la combinaison de comparaisons de régions à l'aide de la distance EMD et la distance inter DIT avec la distance de Bhattacharyya. Le tableau 5.40 présente la moyenne de cette mesure sur les 15 images selon toutes les permutations de métriques

étudiées, toutes les densités de régions, toutes les tailles d’histogrammes et selon le fait que l’on ait réduit le graphe ou non selon l’algorithme d’Edmond. Le nombre total d’expériences exécutées pour effectuer cette analyse exhaustive de tous les paramètres libres est : 2 pour la version réduite ou non du graphe, 3 densités de régions extraites des images, 4 tailles d’histogrammes pour les régions, 6 métriques de comparaison des régions, 5 métriques de comparaison des *DIT*, 3 tailles de *DIT* et ce pour 15 images. Nous avons donc effectué $2 \times 3 \times 4 \times 6 \times 5 \times 3 \times 15 = 32400$ expériences. Dans le tableau 5.39, nous présentons les dix meilleures combinaisons de paramètres, triées selon notre mesure \overline{Q} , de la meilleure à la moins bonne. On constate que dans ce tableau nous ne retrouvons aucune permutation ayant profité de la réduction de la complexité du graphe, que la qualité de l’appariement est meilleure lorsque l’on découpe les images en un grand nombre de régions, que les graphes de BRIEF ne semblent pas être efficaces (ils arrivent en 200^{ième} position selon la mesure \overline{Q}), que la distance EMD est la meilleure pour mesurer les distances inter régions et que la distance de Bhattacharyya donne les meilleurs résultats en ce qui a trait à la comparaison des *DIT* du premier ordre. De plus, on constate que la taille la plus efficace pour les histogrammes des régions ainsi que pour les *DIT* est de 128 classes.

Tableau 5.39 Résultats des différentes permutations de paramètres pour les *DIT* du premier ordre intra images selon la mesure \overline{Q}

Edmond	Densité de Régions	Histogramme de Région	Métrique Région	Taille <i>DIT</i>	Métrique <i>DIT</i>	\overline{Q}
Faux	Grande	128	EMD	128	Bhattacharyya	0.2384
Faux	Grande	128	EMD	256	Matusita	0.2605
Faux	Grande	128	EMD	256	Bhattacharyya	0.2620
Faux	Grande	256	EMD	256	Matusita	0.2674
Faux	Grande	256	EMD	256	Bhattacharyya	0.2730
Faux	Grande	256	EMD	128	Matusita	0.2892
Faux	Grande	256	EMD	128	Bhattacharyya	0.2895
Faux	Grande	256	EMD	128	Matusita	0.2933
Faux	Grande	256	EMD	64	Bhattacharyya	0.295
Faux	Grande	256	EMD	64	Matusita	0.3175

Dans le tableau 5.40, nous présentons les résultats des appariements intra images calculés en utilisant le meilleur choix de paramètres, c.-à-d. les paramètres présentés à la première ligne du tableau 5.39. Ces choix sont une grande densité de régions, la distance *earth mover’s distance* pour comparer les histogrammes des régions, des histogrammes de 128 classes pour les régions comme pour les *DIT* et la distance de Bhattacharyya pour comparer les *DIT* entre eux.

Tableau 5.40 Rang médian des appariements de *DIT* du premier ordre, cas intra images

Image	Droit / Gauche	Gauche / Droit	Droit / Contrôle	Gauche / Contrôle	Contrôle / Droit	Contrôle / Gauche
1	8.52%	16.27%	44.30%	56.91%	42.34%	52.14%
2	4.80%	4.15%	46.06%	39.67%	48.14%	49.78%
3	5.16%	4.63%	66.69%	64.75%	89.88%	86.74%
4	6.67%	5.84%	87.70%	89.75%	88.26%	85.54%
5	17.33%	9.27%	45.94%	38.69%	87.46%	66.58%
6	5.62%	4.56%	57.01%	55.06%	87.58%	86.97%
7	5.42%	13.12%	58.84%	51.61%	53.33%	89.65%
8	7.24%	9.23%	52.46%	48.18%	55.61%	60.16%
9	6.39%	4.41%	89.06%	91.74%	89.18%	80.34%
10	11.73%	14.26%	56.31%	53.89%	45.22%	58.88%
11	19.31%	13.11%	56.77%	56.48%	55.83%	57.14%
12	4.36%	12.70%	68.96%	53.26%	65.65%	89.59%
13	7.71%	8.06%	46.58%	41.78%	39.84%	41.94%
14	7.13%	19.59%	79.92%	75.98%	87.80%	91.95%
15	19.98%	19.10%	42.29%	74.62%	41.75%	53.93%
moyenne	9.15%	10.55%	59.92%	59.49%	65.19%	70.08%
écart-type	5.17%	5.16%	14.95%	16.16%	19.91%	17.00%

On constate que les résultats d'appariements inter reins sont toujours meilleurs que les appariements impliquant les régions de contrôles. Ce qui importe, c'est que la différence entre les résultats du calcul de la distance de séparation rein/rein et reins / contrôle soient la plus grande. Certains appariements sont très bons, comme celui de l'image 9, car l'appariement rein gauche / droit, 4.41 % et inversement 6.39 %, sont très petits par rapport aux appariements impliquant la région de contrôle, appariement ayant comme plus petite valeur 80.43%. Certaines images ne se comportent pas si bien. Par exemple pour l'image 15, les appariements rein / rein ne sont pas si différents des appariements impliquant la région de contrôle. Par contre, leur rapport est au pire $19.98/41.75 \approx 0.5$, ce qui est tout de même bien mieux que les résultats obtenus avec la méthode concurrente présentée plus loin, voir la section 5.7.5.

5.7.2 Descripteur épars de premier ordre, résultats inter images

Pour évaluer la capacité d'appariement inter image de nos descripteurs du premier ordre, nous avons effectué un très grand nombre d'expériences. Voici, en détail, toutes les permutations de paramètres libres pour lesquelles nous avons évalué la performance : deux pour la réduction de la complexité du graphe G , trois densités de régions, quatre tailles d'histogrammes de régions, cinq métriques de comparaisons des histogrammes des régions plus un descripteur BRIEF, cinq métriques de comparaisons des DIT , trois tailles de DIT et cela pour toutes les permutations de 15 images deux à deux. Ceci nous donne donc $2 \times 3 \times 4 \times 6 \times 5 \times 3 \times 210 = 453600$ permutations des paramètres libres. Pour déterminer laquelle de ces permutations est la plus efficace, nous avons utilisé le même stratagème que nous avons employé à la section précédente, c'est-à-dire, le score \bar{Q} . On peut consulter les dix meilleures combinaisons de paramètre dans le tableau 5.41. En consultant le tableau 5.41, on constate que la différence

Tableau 5.41 Résultats des différentes permutations de paramètres pour les DIT du premier ordre inter images selon la mesure \bar{Q}

Edmond	Densité de Régions	Histogramme de Région	Métrique Région	Taille DIT	Métrique DIT	\bar{Q}
Faux	Grande	64	Bhattacharyya	64	Bhattacharyya	0.4195
Faux	Grande	32	Bhattacharyya	64	Bhattacharyya	0.4520
Faux	Grande	64	Bhattacharyya	256	Bhattacharyya	0.4595
Faux	Grande	64	Bhattacharyya	128	Bhattacharyya	0.4663
Faux	Grande	32	Bhattacharyya	128	Bhattacharyya	0.4748
Faux	Grande	32	Bhattacharyya	256	Bhattacharyya	0.4830
Faux	Moyenne	128	Bhattacharyya	128	Euclide	0.5165
Faux	Grande	32	Bhattacharyya	64	EMD	0.5309
Faux	Grande	64	Bhattacharyya	256	EMD	0.5442
Faux	Grande	64	Bhattacharyya	128	EMD	0.5464

entre la meilleure combinaison des paramètres et la deuxième meilleure est plus grande qu'entre la deuxième et la troisième meilleure combinaison. Les résultats fournis par l'expérience issue de la meilleure combinaison sont présentés au tableau 5.42. Ce tableau présente les

valeurs moyennes et les écarts-types de tous les appariements effectués entre toutes les images. Par exemple, pour l'image 1 nous présentons la moyenne des résultats des appariements effectués avec les 14 autres images.

Tableau 5.42 Rang médian moyen des appariements pour les *DIT* du premier ordre, cas inter images

Image	Droit/ Gauche		Gauche/ Droit		Droit/ Contrôle		Gauche/ Contrôle		Contrôle/ Droit		Contrôle/ Gauche	
	μ	σ	μ	σ	μ	σ	μ	σ	μ	σ	μ	σ
1	11.15 %	4.55%	12.40%	6.67%	51.56%	7.56%	57.80%	6.86%	45.78%	7.60%	45.45%	6.24%
2	16.09 %	6.68%	15.61%	8.34%	61.05%	7.78%	56.37%	8.25%	77.50%	7.79%	68.77%	5.55%
3	22.31 %	8.73%	14.85%	9.60%	54.35%	8.17%	50.32%	7.75%	89.70%	5.97%	87.89%	5.42%
4	13.88 %	6.90%	8.60 %	4.55%	65.04%	6.25%	60.81%	7.95%	51.08%	9.84%	39.44%	7.24%
5	27.80 %	8.49%	19.45%	7.14%	60.97%	6.65%	57.91%	7.81%	89.61%	6.07%	88.34%	5.72%
6	11.37 %	3.82%	10.73%	4.00%	56.58%	7.97%	55.15%	8.40%	66.28%	7.48%	56.73%	5.21%
7	11.86 %	3.24%	24.88%	4.97%	63.44%	7.97%	61.47%	8.10%	79.52%	7.90%	57.89%	7.51%
8	18.73 %	7.27%	23.01%	6.45%	54.85%	7.33%	59.87%	6.81%	88.05%	4.22%	84.64%	5.33%
9	21.80 %	8.31%	18.43%	8.41%	53.38%	6.54%	52.86%	7.12%	89.44%	6.52%	87.90%	4.84%
10	11.69 %	6.45%	15.23%	6.25%	54.81%	7.41%	55.42%	7.52%	47.81%	5.57%	32.74%	4.70%
11	17.62%	7.01%	25.13%	7.65%	58.32%	6.88%	58.68%	6.47%	90.34%	6.46%	88.36%	6.91%
12	26.87%	4.41%	21.22%	6.41%	66.48%	5.81%	61.29%	6.23%	85.92%	4.33%	79.33%	5.17%
13	18.58%	9.09%	25.14%	9.28%	54.42%	8.20%	60.77%	7.62%	89.60%	6.53%	85.29%	6.82%
14	16.70%	4.84%	19.96%	8.91%	52.46%	7.83%	52.90%	6.68%	88.12%	5.99%	88.01%	5.03%
15	9.84%	4.76%	18.75%	7.73%	63.00%	8.56%	64.35%	6.05%	54.35%	10.53%	48.58%	7.84%
μ	17.08%		18.22%		58.04%		57.73%		75.53%		69.29%	
σ	5.49%		5.07%		4.73%		3.74%		16.80%		19.78%	

5.7.3 Descripteur épars du second ordre, résultats intra images

Les descripteurs du second ordre étant des histogrammes 2D, il nous paraît naturel que seules des mesures de distances tenant compte de la position des classes puissent fournir de bons résultats. Pour s'en convaincre, nous avons également effectué des mesures en utilisant la distance de Bhattacharyya. Ici encore, nous avons effectué un grand nombre d'expériences. Les permutations des paramètres que nous avons testés sont : 2 pour le graphe réduit ou non par Edmond, 3 densités de régions, 4 tailles d'histogrammes de régions, 5 distances inter histogrammes de régions plus la distance inter BRIEF, 4 tailles de *DIT*, 2 distances inter *DIT* et cela appliqué à 15 images. Les temps de calculs de distances inter *DIT* du second ordre grimpe très rapidement et c'est pourquoi nous avons limité leurs tailles maximums à 64^2 . Nous avons testé les tailles suivantes : 16^2 , 32^2 , 48^2 , 64^2 . Le nombre total d'expériences est donc : $2 \times 3 \times 4 \times 6 \times 4 \times 2 \times 15 = 17280$. Pour déterminer quelle est la meilleure des permutations, nous avons utilisé la même mesure que pour les descripteurs du premier ordre, c'est-à-dire la valeur \overline{Q} . Nous présentons les résultats obtenus dans le tableau 5.43.

Tableau 5.43 Résultats de mesure des différentes permutations de paramètres pour les *DIT* du second ordre intra images selon la mesure \overline{Q}

Edmond	Densité de Régions	Histogramme de Région	Métrique Région	Taille <i>DIT</i>	Métrique <i>DIT</i>	\overline{Q}
Faux	Grande	32	Bhattacharyya	48^2	EMD	0.2123
Faux	Grande	32	Bhattacharyya	48^2	Bhattacharyya	0.3635
Faux	Grande	64	Bhattacharyya	48^2	Bhattacharyya	0.3739
Faux	Grande	128	Bhattacharyya	48^2	Bhattacharyya	0.3858
Faux	Grande	64	Bhattacharyya	48^2	Bhattacharyya	0.3889
Faux	Grande	64	Bhattacharyya	32^2	EMD	0.4079
Faux	Moyenne	32	Bhattacharyya	64^2	EMD	0.4686
Faux	Moyenne	64	Bhattacharyya	64^2	EMD	0.4857
Faux	Grande	128	Bhattacharyya	48^2	EMD	0.5383
Faux	Moyenne	64	Bhattacharyya	64^2	Bhattacharyya	0.5489

À la lecture de ce tableau, on constate que le choix optimum de paramètres est le suivant : une grande densité de régions, des histogrammes de régions de 32 classes, la comparaison des histogrammes de régions effectuée à l'aide de la distance de Bhattacharyya, des *DIT* exprimés en histogrammes de 48^2 classes et la comparaison des *DIT* en utilisant la distance EMD, ce qui corrobore en tous points les résultats préliminaires présentés à la section 5.3.4. Dans le tableau 5.44, on peut consulter la capacité d'appariement des *DIT* du second ordre, dans le contexte intra images, pour nos 15 images.

Tableau 5.44 Rang médian des appariements de *DIT* du second ordre, cas intra images

Image	Droit / Gauche	Gauche / Droit	Droit / Contrôle	Gauche / Contrôle	Contrôle / Droit	Contrôle / Gauche
1	8.26%	6.99%	44.96%	30.02%	49.92%	95.63%
2	7.74%	15.59%	53.92%	53.44%	42.58%	61.93%
3	4.90%	3.33%	37.02%	38.80%	94.43%	90.66%
4	7.14%	10.01%	30.25%	30.14%	90.60%	49.71%
5	3.93%	3.16%	32.69%	26.78%	79.77%	74.58%
6	4.04%	2.97%	50.79%	45.21%	89.36%	87.34%
7	9.79%	8.63%	53.76%	46.11%	73.11%	92.12%
8	11.76%	5.46%	55.33%	54.87%	89.43%	86.35%
9	2.19%	2.83%	77.34%	79.76%	92.48%	88.61%
10	8.42%	7.42%	57.29%	50.49%	40.57%	38.36%
11	10.00%	11.22%	46.26%	46.53%	83.70%	87.96%
12	8.05%	8.00%	45.82%	43.37%	44.94%	44.01%
13	6.22%	6.85%	66.13%	63.50%	82.48%	85.97%
14	7.30%	11.08%	72.51%	70.66%	88.33%	95.20%
15	9.17%	9.61%	32.60%	34.53%	38.45%	94.37%
moyenne	7.25%	7.54%	50.44%	47.61%	72.01%	78.18%
écart - type	2.50%	3.53%	13.76%	14.68%	21.05%	19.08%

Les résultats présentés au tableau 5.44 sont meilleurs que ceux que nous avons atteints avec les descripteurs du premier ordre (voir le tableau 5.40). En effet, notre descripteur du second ordre offre des performances impressionnantes, comme on peut le constater en consultant les résultats pour l'image numéro 9. De plus, la moyenne des valeurs de séparations calculée pour les appariements rein/rein est presque symétrique, c'est-à-dire, que la valeur droit / gauche est très similaire à la valeur gauche / droit. On note également que l'écart-type pour les appariements rein droit / rein gauche est faible. On en conclut que les *DIT* du second ordre donnent de meilleurs résultats que ceux du premier ordre dans le contexte d'utilisation d'appariement de structures intra image. Par contre, ils sont beaucoup plus coûteux en temps de calcul, comme nous allons le préciser.

5.7.4 Descripteur épars du second ordre, résultats inter images

Les *DIT* du second ordre sont long à comparer. Et cela surtout si on utilise la distance EMD. La complexité algorithmique de cette distance est de l'ordre de $\mathcal{O}(n^3 \log n)$ (Rubner *et al.*, 2000). Les *DIT* du second ordre étant décrits par des histogrammes 2D, n croit donc au carré. À la figure 5.27, nous nous avons présenté les temps de calcul pour des histogrammes de 128^2 classes. Ici, nous avons limité nos expériences à 3 tailles de *DIT*, toutes plus petites que 128 classes au carré. Nous avons évalué les résultats pour des *DIT* de tailles 16, 32, 48 au carré. Comme pour les *DIT* du premier ordre, nous avons effectué les expériences sur toutes les permutations des 15 images tests. En nous basant sur les résultats obtenus pour les appariements intra image, nous avons limité le nombre de métriques inter histogrammes de régions à la distance de Bhattacharyaa et à la distance EMD. De plus, nous avons limité la taille des histogrammes représentant les *DIT* à 48 au carré. Nous avons donc testé les permutations suivantes : avec ou sans réduction du graphe à l'arbre couvrant minimum, 3 densités de régions, 4 tailles d'histogrammes de régions, 2 distances inter histogrammes, 3 tailles de représentation en histogrammes des *DIT*, 2 métriques de distance inter *DIT*, c'est-à-dire Bhattacharyaa et EMD et ce pour toutes les permutations des 15 images. Nous avons donc effectué $2 \times 3 \times 4 \times 2 \times 3 \times 2 \times 210 = 60480$ expériences. Pour évaluer la pertinence des permutations, nous avons évalué leurs capacités à produire de bons appariements à l'aide de la mesure \bar{Q} . Le lecteur peut consulter les 10 meilleures combinaisons de paramètres, les 10 plus petits \bar{Q} , dans le tableau 5.45. Les résultats présentés dans le tableau 5.45 furent obtenus grâce à la puissance de calcul mise à notre disposition par Calcul Québec. Toutes les expériences ont été effectuées sur le super ordinateur Mammouth-Mp2 de l'Université de Sherbrooke. Les unités de traitements de ce super ordinateur sont des AMD Opteron 6172 à 12 cœurs ayant une cadence de 2.1 GHz. Pour illustrer la complexité de la tâche, lorsque l'on analyse les distances entre deux images le calcul de la qualité des appariements, en utilisant

Tableau 5.45 Résultats de mesure des différentes permutations de paramètres pour les *DIT* du second ordre inter image selon la mesure \bar{Q}

Edmond	Densité de Régions	Histogramme de Région	Métrie Région	Taille <i>DIT</i>	Métrie <i>DIT</i>	\bar{Q}
Faux	Grande	32	Bhattacharyya	32^2	EMD	0.4812
Faux	Grande	64	Bhattacharyya	32^2	EMD	0.4821
Faux	Grande	32	Bhattacharyya	32^2	EMD	0.5524
Faux	Grande	64	Bhattacharyya	32^2	Bhattacharyya	0.6067
Faux	Moyenne	32	Bhattacharyya	16^2	EMD	0.6954
Faux	Moyenne	128	Bhattacharyya	32^2	EMD	0.7253
Faux	Moyenne	64	Bhattacharyya	16^2	EMD	0.8300
Faux	Moyenne	128	Bhattacharyya	16^2	EMD	0.8358
Faux	Grande	64	Bhattacharyya	32^2	EMD	0.8389
Faux	Moyenne	128	Bhattacharyya	32^2	EMD	0.9015

l'algorithme 1, pour toutes les permutations rein droit, rein gauche et région de contrôle, et pour la plus grande représentation de *DIT*, c'est-à-dire 48 au carré et pour la plus grande densité de régions étudiées, prend approximativement 75 000 secondes. Il faut ajouter que ce temps inclus également toutes les permutations de métriques inter régions et les deux mesures de distances inter *DIT*. Les résultats présentés dans le tableau 5.46 sont le fruit d'expériences effectuées avec les paramètres que l'on trouve à la première ligne du tableau 5.45. Ce choix de paramètres est le suivant : pas de réduction du graphe G , grande densité de régions, histogramme de régions de 32 classes, distance inter régions de Bhattacharyaa, tailles de la représentation en histogrammes des descripteurs de 32^2 et distance inter descripteurs calculée grâce à la distance EMD. Il semble que la représentation des descripteurs en histogrammes de 48^2 classes n'est pas aussi performante que celle en un histogramme de 32^2 classes. Ceci est une bonne nouvelle, car comme nous l'avons mentionné, le coût de la distance EMD croît très rapidement. Pour effectuer l'analyse complète, entre deux images, pour la représentation en histogrammes de 32^2 il suffit d'environ 6500 secondes, analyse qui prend 75000 secondes pour la représentation en histogrammes de 48^2 classes. Pour ce qui est de la représentation la plus petite que nous avons évaluée, c'est-à-dire 16^2 classes, les calculs sont complétés après environ 60 secondes.

Tableau 5.46 Rang médian moyen des appariement pour les *DIT* du second ordre, cas inter images

Image	Droit/	Gauche	Gauche/	Droit	Droit/	Contrôle	Gauche/	Contrôle	Contrôle/	Droit	Contrôle/	Gauche
	μ	σ	μ	σ	μ	σ	μ	σ	μ	σ	μ	σ
1	9.40%	5.70%	12.99%	8.04%	52.25%	7.44%	48.77%	6.17%	42.36%	10.31%	55.08%	9.76%
2	10.78%	5.30%	8.11%	3.24%	57.84%	7.65%	56.41%	7.62%	48.97%	3.57%	68.92%	4.28%
3	23.29%	10.57%	22.82%	8.92%	55.78%	6.69%	41.66%	7.92%	88.93%	4.92%	88.28%	4.75%
4	11.33%	4.82%	8.46%	3.54%	58.11%	5.80%	57.16%	6.55%	35.85%	11.20%	21.83%	9.11%
5	12.25%	8.09%	26.36%	10.83%	54.79%	5.59%	54.77%	6.72%	85.99%	8.20%	75.53%	8.48%
6	10.25%	5.45%	8.76%	3.14%	59.84%	8.08%	60.94%	8.09%	69.11%	9.73%	41.85%	8.35%
7	9.55%	5.41%	24.10%	11.74%	51.77%	7.51%	52.53%	7.38%	70.38%	10.10%	50.45%	8.79%
8	15.40%	9.84%	27.92%	11.25%	45.73%	7.40%	48.68%	6.26%	89.51%	6.54%	87.63%	7.41%
9	19.01%	7.21%	26.18%	11.04%	53.17%	7.41%	57.70%	7.35%	89.98%	3.63%	88.69%	3.85%
10	10.89%	6.86%	34.22%	10.36%	50.19%	6.53%	52.38%	6.00%	48.62%	4.00%	45.59%	3.57%
11	10.81%	4.95%	20.95%	11.34%	48.13%	6.92%	48.19%	6.39%	87.38%	8.94%	78.93%	8.70%
12	24.41%	5.67%	28.98%	6.58%	61.87%	4.62%	57.49%	4.83%	89.90%	2.01%	88.84%	2.81%
13	8.81%	5.64%	21.66%	9.17%	49.78%	7.96%	55.37%	7.27%	89.98%	7.87%	89.21%	8.88%
14	11.23%	6.50%	28.16%	11.79%	65.37%	7.24%	49.52%	6.55%	89.24%	3.64%	88.78%	3.87%
15	9.50%	5.79%	20.63%	12.31%	60.70%	7.22%	60.41%	5.83%	74.95%	10.02%	63.75%	7.85%
μ	13.12%		21.35%		55.02%		53.46%		73.41%		68.89%	
σ	4.90%		7.92%		5.37%		5.13%		19.22%		20.84%	

5.7.5 Comparaison avec une méthode concurrente

Cette évaluation ne serait pas complète, si, nous ne déterminions pas si notre approche permet de meilleurs appariements qu'une méthode comparable. Ici, nous comparons nos résultats d'appariement avec les appariements que proposent les descripteurs BRIEF. Pour ce faire, nous avons utilisé la même méthode d'évaluation des appariements que nous avons utilisée tout au long de nos expériences, c'est-à-dire, la distance de séparation 5.1. Pour déterminer les lieux sources des BRIEF, nous avons utilisé l'approche suivante : elle consiste à utiliser les centres géométriques des régions issues de la transformation *watershed*. Nous avons utilisé la sursegmentation qui nous procure la plus grande densité de régions. Nous avons effectué les calculs de qualité d'appariement intra image pour les 15 images. Le calcul de la qualité des appariements inter images a également été effectué. Il n'est pas utile de présenter les résultats des permutations d'appariement de 15 images dans le détail. Il est plus utile, et plus informatif pour le lecteur, de présenter les statistiques de leurs capacités d'appariement. Dans le tableau 5.47 nous présentons les résultats des appariements intra image effectués sur les 15 images choisies. La même procédure que nous utilisons pour évaluer la capacité d'appariement de nos descripteurs fût utilisée pour caractériser les appariements rein gauche/ droit ainsi que région de contrôle versus les deux reins. À la lecture de ce tableau, on constate que les rangs médians mesurés à l'aide de notre distance de séparation sont proches des valeurs auxquelles on s'attend si l'on faisait des appariements entre des régions de l'image choisies de façon aléatoire.

Tableau 5.47 Rang médian des appariements de BRIEF, cas intra images

Image	Droit / Gauche	Gauche / Droit	Droit / Contrôle	Gauche / Contrôle	Contrôle / Droit	Contrôle / Gauche
1	45.16%	44.48%	46.08%	47.35%	47.17%	47.45%
2	40.87%	40.94%	33.93%	46.82%	44.87%	50.03%
3	45.35%	43.89%	53.45%	53.68%	57.57%	53.51%
4	44.07%	43.20%	47.21%	47.12%	43.53%	47.64%
5	41.25%	36.76%	51.77%	53.74%	56.57%	56.69%
6	39.29%	37.74%	38.52%	46.83%	46.52%	47.64%
7	41.80%	43.48%	54.43%	50.17%	48.57%	51.73%
8	38.69%	37.34%	46.94%	56.40%	46.85%	57.39%
9	41.22%	41.22%	50.03%	50.0%	52.51%	51.14%
10	39.17%	39.23%	40.59%	52.02%	37.30%	45.79%
11	37.77%	34.02%	40.59%	48.19%	40.97%	47.06%
12	49.18%	49.51%	55.50%	42.01%	56.87%	43.66%
13	46.08%	42.28%	48.71%	50.01%	45.99%	49.26%
14	42.94%	43.36%	46.06%	53.61%	48.00%	49.83%
15	41.77%	46.12%	46.42%	44.23%	46.30%	47.59%
moyenne	42.30%	41.57%	46.68%	49.47%	47.97%	49.76%
écarts-types	3.05%	3.88%	5.94%	3.80%	5.59%	3.70%

Les résultats présentés dans le tableau 5.47 ne sont pas de bon augure pour nos tentatives d'appariement des reins entre les 15 images. Nous avons tout de même effectué toutes les permutations d'appariements, sans répétition. Un résumé des résultats obtenus peut être consulté au tableau 5.48. Pour chacune des images, nous avons fait la moyenne des résultats des distances de séparation, telles que définies dans la section précédente, pour toutes les combinaisons d'appariements rein gauche / droit, région de contrôle. Nous avons également évalué l'écart-type des appariements. Les résultats obtenus sont décevants. Cette méthode semble donc inefficace pour appairer des régions. En effet, les capacités d'appariement mesurées sont pratiquement nulles, car très proches de 50 %. Cela revient à dire que l'on ne peut déterminer si un rein est plus similaire à un rein présent dans une autre image qu'à la région de contrôle. La mesure \overline{Q} des données dans ce tableau est 0.9677.

Tableau 5.48 Rang médian des appariement de BRIEF, cas inter images

Image	Droit/ Gauche		Gauche/ Droit		Droit/ Contrôle		Gauche/ Contrôle		Contrôle/ Droit		Contrôle/ Gauche	
	μ	σ	μ	σ	μ	σ	μ	σ	μ	σ	μ	σ
1	42.27%	3.88%	44.13%	2.82%	47.37%	4.90%	49.62%	4.55%	45.60%	4.93%	46.53%	2.46%
2	43.30%	3.67%	41.54%	3.73%	49.44%	3.84%	50.78%	4.65%	42.93%	3.73%	47.90%	3.96%
3	42.61%	3.55%	43.73%	2.82%	46.24%	3.37%	49.86%	3.31%	55.53%	2.93%	55.64%	4.74%
4	43.22%	3.71%	43.33%	3.34%	49.11%	4.84%	48.89%	4.64%	44.91%	4.10%	46.12%	2.40%
5	40.61%	4.70%	42.01%	2.91%	42.91%	6.08%	46.55%	4.89%	52.63%	2.59%	52.06%	2.75%
6	42.94%	4.27%	41.28%	4.34%	47.31%	4.76%	50.61%	5.50%	42.54%	6.31%	46.39%	2.91%
7	42.60%	3.84%	41.66%	3.67%	46.68%	5.35%	48.94%	4.86%	49.06%	2.67%	51.78%	3.70%
8	43.42%	3.29%	42.18%	2.79%	44.36%	5.37%	51.70%	6.81%	48.17%	3.75%	49.59%	1.96%
9	42.61%	3.55%	41.60%	4.53%	45.48%	4.72%	49.38%	5.26%	52.90%	3.83%	52.59%	4.05%
10	43.28%	3.99%	42.12%	3.51%	46.60%	5.26%	48.77%	5.23%	44.04%	7.53%	45.78%	2.50%
11	43.04%	3.36%	41.03%	3.47%	44.55%	5.72%	49.56%	5.21%	46.18%	2.98%	46.98%	3.07%
12	52.01%	1.78%	52.54%	1.80%	54.98%	7.41%	45.39%	4.20%	48.42%	2.23%	50.66%	2.28%
13	41.12%	3.47%	43.97%	3.79%	46.88%	3.62%	49.73%	4.52%	44.43%	3.89%	48.20%	2.24%
14	43.50%	3.88%	41.51%	3.44%	46.30%	3.21%	49.45%	4.68%	47.12%	1.97%	49.94%	3.27%
15	43.58%	3.60%	42.53%	4.40%	45.89%	4.16%	49.17%	3.26%	45.69%	5.35%	48.23%	3.20%
μ	43.34%		43.01%		46.93%		49.22%		47.34%		49.22%	
σ	2.45%		2.72%		2.69%		1.49%		3.70%		2.77%	

Pourquoi obtenons-nous de si mauvais résultats d'appariement ? Notre hypothèse est que les BRIEF et les autres descripteurs de ce type sont utiles pour décrire des points particuliers des images et ne sont pas utilisés à leur plein potentiel lorsqu'on leur impose le lieu d'intérêt dans des régions non particulières. Ils sont très sensibles aux lieux choisis dans l'image. Les BRIEF sont peu performants, lorsque l'on impose le lieu d'intérêt. À la différence de nos descripteurs qui sont des descripteurs de régions, les BRIEF, SIFT, SURF et toutes leurs variantes, sont des descripteurs dédiés à la détection et l'appariement de points particuliers dans l'images

5.8 Performance intra image

Nous avons présenté les résultats des nombreuses expériences que nous avons effectuées, sur 15 images choisies par un expert en imagerie, pour trouver les meilleures combinaisons des paramètres de nos algorithmes en vue d'effectuer des appariements inter organes de manière efficace. À la section 5.7.1, nous avons présenté les résultats de 32400 permutations de paramètres utilisés pour fabriquer des descripteurs du premier ordre épars. Nous rappelons que nous avons testé 5 distances inter histogrammes de régions plus une version où nous avons remplacé les histogrammes des régions par des descripteurs BRIEF, 3 densités de régions dans les images, 4 tailles d'histogrammes de régions, 5 distances inter descripteurs et 3 tailles de représentation en histogrammes des descripteurs. Il n'est pas aisé de trouver la meilleure de si nombreuses combinaisons. Pour ce faire, nous avons conçu une mesure de qualité (voir la section 5.6.6). Cette mesure de qualité nous a permis de trier les permutations de paramètres en ordre décroissant de performance. Les résultats de cette mesure de qualité pour les *DIT* du premier ordre épars, lorsqu'utilisée à effectuer des appariements intra image, peuvent être consultés au tableau 5.39. On constate que la combinaison de paramètres la plus intéressante utilise la distance EMD pour comparer les histogrammes des régions et la distance de Bhattacharyya pour déterminer la distance inter descripteurs. La première ligne de ce tableau a un score \bar{Q} sensiblement meilleur que les autres choix de paramètres. Les distances de séparation, tel que définie à la section 5.1, des rein droit, rein gauche et région de contrôle pour les descripteurs du premier ordre épars dans le cas intra images peuvent être consultées au tableau 5.40. Pour toutes les images, nous remarquons que la distance inter reins est toujours bien plus petite que les distances contrôle/reins et reins/contrôle. Il est vrai que la qualité des appariements, tel que nous les avons mesurés, varie beaucoup. Mais il faut mentionner que les images choisies sont, au minimum qualitativement, très différentes les unes des autres. Si nous choisissons parmi les valeurs moyennes le moins bon des appariements rein droit / gauche, c'est-à-dire, 10.55% et que l'on choisit la moins bonne des combinaisons

rein/contrôle, 59.49%, et que nous faisons leurs rapports nous obtenons $59.49/10.55 \approx 5.5$. On en déduit que les appariements moyens souhaités sont au pire 5.5 fois plus proches que les appariements avec les régions de contrôle.

Nous avons également effectué de nombreuses combinaisons de paramètres pour découvrir quels sont les meilleurs paramètres pour effectuer des appariements intra image à l'aide des descripteurs épars du second ordre. Pour valider notre intuition voulant que les distances simples telles que la distance de Bhattacharyya ne puissent pas nous fournir une distance inter *DIT* robuste, pour les descripteurs du second ordre, nous avons testé cette distance en plus de la distance EMD pour comparer les *DIT*. Pour tester les *DIT* du second ordre épars dans le contexte intra images nous avons effectué des calculs de distances de *DIT* sur 17280 versions de ceux-ci. Les descripteurs du second ordre étant des histogrammes 2D, la somme de calculs nécessaire à nos expérimentations fut grande. À la lecture du tableau 5.45, on constate que le meilleur choix de paramètres, selon la mesure \bar{Q} , est encore une fois bien meilleur que les choix suivants. En effet, la différence entre le premier et le deuxième choix est beaucoup plus grande que la différence que nous mesurons entre le deuxième et le troisième choix. La meilleure combinaison de paramètres est la suivante : pas de réduction de la complexité du graphe G de l'image à l'aide de l'algorithme d'Edmonds, une grande densité de régions issues de l'algorithme de sursegmentation, des histogrammes de régions ne comportant que 32 classes, la distance de Bhattacharyya pour comparer les histogrammes des régions, une représentation en histogrammes 2D de 48^2 classes et la distance EMD pour évaluer la distance inter descripteurs. Ici encore, nous pouvons évaluer le rapport entre le moins bon appariement moyen des régions contrôle sur le moins bon des appariements rein droit / rein gauche. Pour les *DIT* du second ordre nous arrivons à un rapport approximatif à une valeur de 6.3. Ce qui revient à dire que les appariements rein droit / rein gauche sont au pire 6.3 fois meilleurs que les appariements reins / région de contrôle. Les valeurs moyennes des appariements sont meilleures et les écarts-types sont également plus faibles. On constate également que les valeurs d'appariements rein droit / rein gauche et inversement sont plus symétriques. Ceci nous permet de supposer que les *DIT* du second ordre sont plus robustes aux variations du nombre et de la forme des régions. En effet, rien ne force la transformation *watershed* à produire le même nombre de régions pour le rein droit et pour le rein gauche d'une image. Après vérification, nous avons validé qu'aucune des images n'a vu ses reins découpés en un nombre identique de régions. Il est vrai que les résultats obtenus sont meilleurs que ceux que nous avons mesurés pour le descripteur du premier ordre, mais les efforts de calculs sont approximativement 5000 fois supérieurs. Le lecteur est en droit de se demander si l'amélioration des résultats obtenus grâce aux descripteurs du deuxième ordre, dans le contexte de leur utilisation intra images, est suffisant pour justifier

leurs grands coûts en ressource de calcul. Pour apprécier nos *DIT* à leurs juste valeur, nous avons effectué les mêmes tâches d'appariement en utilisant des descripteurs BRIEF (voir description du descripteur BRIEF la section 2.9). On constate en consultant le tableau 5.47 que leur capacité à effectuer cette tâche est pratiquement nulle et n'est guère meilleur qu'un choix d'appariement de régions aléatoires. On peut y voir que la moyenne des distances rein droit / rein gauche est inférieure aux appariements mettant en jeu les régions de contrôle. Si on prend la plus faible distance moyenne rein / contrôle et on la divise par la moins bonne moyenne d'appariement des reins, nous obtenons un rapport approximatif de 1.1. On peut alors conclure que les BRIEF sont vraiment moins performants que les *DIT* pour effectuer des appariements de régions inter images.

5.9 Performance inter images

Au tableau 5.41 nous avons présenté le score \bar{Q} des 10 meilleures combinaisons de paramètres pour l'appariement inter images pour nos descripteurs du premier ordre. Encore une fois, nous sommes heureux de constater que le score associé au choix de paramètres le plus performant est notablement plus bas que le score de la seconde meilleure combinaison de paramètres. Contrairement aux résultats obtenus, et à nos expériences préliminaires sur les descripteurs du premier ordre, lorsqu'ils sont utilisés pour faire des appariements intra images, la distance la plus efficace est la distance de Bhattacharyya, et ce pour la comparaison des histogrammes des régions ainsi que pour l'évaluation de la différence entre deux *DIT*. Ceci est vraiment intéressant, car la distance de Bhattacharyya est aisée à calculer et peu coûteuse à évaluer. Les résultats des appariements moyens sont présentés au tableau 5.42. Si on les compare aux valeurs obtenues, pour les mêmes tâches avec les descripteurs BRIEF (voir le tableau 5.48), nous constatons que cette version de nos descripteurs est beaucoup plus efficace pour effectuer des appariements de régions d'organes. Pour toutes les images étudiées, les appariements rein droit / gauche, et inversement, sont toujours bien meilleurs que ceux effectués avec les régions de contrôles. Notre expérience démontre, du moins pour les 15 images que nous avons sélectionnées pour conduire nos recherches, que nos évaluations préliminaires n'étaient pas suffisantes pour déterminer la distance optimale et que dans le cas des descripteurs du premier ordre épars, la meilleure distance est celle de Bhattacharyya.

En ce qui a trait aux résultats obtenus à l'aide des descripteurs du deuxième ordre pour l'appariement inter images, le lecteur peut consulter la mesure \bar{Q} des dix meilleures combinaisons de paramètres au tableau 5.45. Les deux premières lignes de ce tableau de paramètres offrent approximativement le même score \bar{Q} , la première étant légèrement meilleure que la seconde. Il s'avère que la première et la seconde ligne de ce tableau ne diffèrent que par la

taille des histogrammes de régions, la meilleure étant de 32 classes et la seconde de 64 classes. Les résultats sont en moyenne meilleurs que ceux atteints par les descripteurs du premier ordre, mais lorsque l'on examine plus attentivement les valeurs présentées dans le tableau 5.46 on s'aperçoit qu'ils sont en fait composés de valeurs beaucoup plus extrêmes. En effet, on retrouve dans ce tableau des valeurs d'appariement rein droit / gauche qui vont de 8.11% jusqu'à 34.22% , tandis que pour la même tâche d'appariement les descripteurs du premier ordre ont des valeurs qui s'étalent de 8.60% à 27.80%. Encore ici, notre descripteur offre de meilleurs appariements que les descripteurs BRIEF lorsqu'utilisé pour accomplir la même tâche.

CHAPITRE 6 DISCUSSION

Ce travail nous a permis de proposer un nouveau descripteur pour l'appariement de structures anatomiques dans les images médicales en exploitant les relations topologiques des intensités. La présentation de nos résultats d'appariement de structures anatomiques démontre la pertinence de notre descripteur. Le choix des images utilisées pour conduire nos expérimentations nous a permis de vérifier plusieurs de leurs propriétés.

- **Robustesse au bruit** : Pour démontrer la robustesse de notre descripteur au bruit nous avons effectué sa validation sur des images bruitées. Les descripteurs épars utilisent l'information texturale, comme l'a démontré leurs réactions au filtrage des images. C'est le descripteur que nous avons conçu qui est le plus robuste au bruit. Les descripteurs denses, plus sensibles au bruit, profitent d'un filtrage des images.
- **Invariant aux transformations affines** : De plus, nos descripteurs sont invariants aux transformations affines car ils n'utilisent aucune propriété géométrique autre que le voisinage des pixels ou la connectivité des régions de la sursegmentation. En effet, les transformations affines, ou élastiques, ne changent pas la connectivité des régions ou des pixels de l'image. Nous avons effectué une mesure de l'impact de l'application d'une rotation aux images (voir section 5.2.6) et nous n'avons pas constaté de changement dans notre mesure de qualité des appariements.
- **Comparaisons efficaces** : Les résultats d'appariement obtenus démontrent que nous avons effectué une comparaison adéquate des descripteurs. Les temps de comparaisons de nos descripteurs sont longs surtout pour ceux de la version dense du deuxième ordre. Nous sommes d'avis que les avancées matérielles et théoriques fourniront des solutions à nos soucis de vitesse de comparaisons des descripteurs. Pour l'instant, nous suggérons au lecteur d'utiliser nos descripteurs du premier ordre épars car ils offrent un bon compromis entre vitesse de calcul et puissance d'appariement.
- **Représentation concise** : La représentation de nos descripteurs sous forme d'histogrammes apporte une solution élégante au problème de sauvegarde des arbres A . Elle apporte également une grande facilité de manipulation et de comparaison des arbres.
- **Unicité pour un lieu objet** : Enfin, nos expérimentations ont démontré que les descripteurs que nous avons conçus représentent bien les lieux images auxquels ils se rattachent tout en étant assez flexibles pour permettre l'appariement d'organes présentant des tons de gris et des textures différentes.

Plus spécifiquement nous avons proposé deux versions de descripteurs dont les avantages et les inconvénients sont discutés dans les sections suivantes.

6.1 *DIT* de premier ordre

Les *DIT* de premier ordre, qui sont en fait des histogrammes 1D, sont une représentation simple des arbres A , qui offre pourtant un pouvoir discriminant étonnant. Leur concision en font des descripteurs utiles pour l'appariement d'objets intra/inter images et, on l'espère, pour la détection des anomalies. Nous avons présenté deux modes de construction du descripteur de premier ordre. En ce qui a trait aux descripteurs de premier ordre denses, nous pouvons affirmer que les attraits de ce mode de construction des *DIT* sont la simplicité du code et de leur compréhension. Nos expérimentations préliminaires ont toutefois mis en évidence leur faible utilité lorsque construits à partir d'images non filtrées, car nos tests ont démontré que leur capacité d'appariement des structures anatomiques est alors limitée. Leur manque d'invariance au bruit semble être la source de leur incapacité à faire l'appariement de tissus similaires provenant de différentes sections de l'image. Nos expériences préliminaires présentées au chapitre 5 ont démontré que l'utilisation d'algorithmes de débruitage a un impact positif sur leur puissance d'appariement, mais cette amélioration ne permet pas de passer sous le cap des 6.4% de rang médian moyen pour les appariements intra image. Nous avons donc abandonné nos investigations sur les descripteurs denses pour nous concentrer sur les descripteurs épars. Les résultats atteints avec ces descripteurs sont très intéressants. Après avoir effectué une étude exhaustive des paramètres libres qui leurs sont propres, nous sommes arrivées à obtenir ce que l'on croit être de bons résultats d'appariement. De plus, contrairement à notre intuition et aux résultats préliminaires, les *DIT* du premier ordre, utilisés dans le contexte inter images, peuvent être comparés avec succès en utilisant une distance inter histogrammes simple et peu coûteuse, c'est-à-dire, la distance de Bhattacharyya. Un immense espace de paramètres fût exploré pour en arriver à cette constatation, qui, nous le répétons, est contre-intuitive. En effet, étant donné la diversité des plages dynamiques des images test, nous avions l'impression qu'une mesure plus robuste aux changements d'échelle des tons de gris serait plus performante. En fait, il est intéressant que dans ce contexte d'utilisation de la distance de Bhattacharyya soit la plus adéquate, car elle est bien plus facile à évaluer. Bien sûr, il pourrait nous être reproché, avec raison, que nos tests ne comprennent que 15 images et qu'en plus nous nous sommes restreints à une analyse 2D des tomogrammes. Peut-être en sera-t-il autrement lorsque nous étendrons nos expérimentations à des analyses volumétriques. Peut-être qu'alors notre intuition se trouvera vérifiée. Nous devons ici ajouter que nous sommes convaincus que la qualité des appariements devrait s'améliorer lorsque nous considérerons des régions volumiques. Pourquoi en sommes-nous convaincus, car les structures topologiques que nous cherchons à capturer à l'aide de nos descripteurs sont beaucoup plus simplement perceptibles si on fait une analyse 3D des images tomographiques. En effet,

on ne peut pas percevoir toutes les connexions topologiques présentes dans un organisme seulement en observant un plan interne. L'étude des structures anatomiques, structures qui définissent la topologie que nous désirons utiliser, est impossible à effectuer parfaitement sur une vue bidimensionnelle. C'est un problème qui se doit d'être abordé en 3 dimensions. Mais maintenant, fort de la constatation qu'une métrique simple comme celle de Bhattacharyya peut offrir de bons résultats, nous pourrions aborder les problèmes 3D avec succès.

6.2 *DIT* de second ordre

Les *DIT* de second ordre, qui sont en fait des histogrammes 2D, sont plus complexes que les descripteurs du premier ordre. Nous avons fait des expériences qui couvrent un grand nombre de paramètres libres de cette version de nos descripteurs. C'est avec ces descripteurs que nous avons atteint nos meilleurs résultats. Ils nous ont donné les meilleurs appariements, que ce soit dans un contexte intra image ou inter images. Cependant, les comparer est très coûteux en temps de calcul. Nous rappelons au lecteur que la meilleure métrique que nous avons trouvée pour les comparer, et ce après avoir analysé un immense espace de paramètres libres, est la distance EMD. Cette distance, une des plus élaborées que l'on puisse trouver pour comparer deux histogrammes, a une complexité de l'ordre de $\mathcal{O}(n^3 \log n)$. Le coût pour son calcul croît très rapidement et cela limite l'utilité de nos descripteurs du deuxième ordre. En effet, si nous désirons un jour faire l'analyse de volumes tomographiques, nous devons utiliser une version optimisée de cette distance, car le nombre de régions que produit une sursegmentation, à une densité équivalente à celle que nous avons considérée en 2D pour nos expériences, sera de l'ordre de 10 000. Les performances courantes des algorithmes EMD nous empêchent d'envisager l'utilisation des descripteurs du second ordre sur des acquisitions tomographiques 3D.

Les *DIT* de second ordre sont des descripteurs plus complexes qui recèlent beaucoup plus d'information. Ils sont en fait des histogrammes bidimensionnels. Pour passer du premier au second ordre de représentation, nous avons fait le choix d'inclure une information relative aux tons de gris, que ce soit les tons de gris des pixels pour la version dense ou bien les tons de gris médians des régions pour la version éparsée basée sur la sursegmentation. Nous aurions pu faire le choix d'inclure une information d'ordre supérieur, tels l'écart-type local ou l'entropie locale. Cela dit, nous avons démontré que les *DIT* du deuxième ordre, compte tenu des choix de paramètres libres que nous avons fait (taille des histogrammes des régions, taille des régions issues de la sursegmentation), offrent un pouvoir discriminant supérieur aux *DIT* du premier ordre. Par contre, l'effort de calcul supplémentaire requis lors de leur construction et de leur comparaison restreint leur utilisation à l'analyse hors ligne et sur des

images 2D. On doit souligner que les problèmes de capacité de calcul et de stockage sont, pour cette classe d'algorithmes, des limites qui restent présentes pour le moment. Cependant, les capacités de calculs et de mémoire sont en constante progression. Il est donc vrai que les algorithmes trop lents aujourd'hui seront demain utilisables. Le goulot d'étranglement se situe présentement au niveau de la comparaison, et cela surtout pour les *DIT* de second ordre. Le calcul robuste de distances entre deux histogrammes bidimensionnels, à l'aide du *earth mover's distance*, devient rapidement très long lorsque l'on désire avoir plus de classes. De nombreux chercheurs travaillent au développement de nouvelles solutions au problème du simplex (qui est le problème de distribution que l'on doit résoudre pour calculer cette distance) et cela, jumelé à l'amélioration des performances des CPU, entretient en nous l'espoir que ce goulot d'étranglement ne sera plus problématique dans un futur proche.

Par contre, nos descripteurs du premier ordre offrent un bon compromis. Ils sont bien moins coûteux à comparer et offrent de bonnes performances lorsqu'on les compare au descripteur de type BRIEF. Nous préconisons donc leur utilisation à la place des descripteurs du second ordre, du moins jusqu'à ce que la communauté scientifique découvre une solution efficace au calcul de la distance EMD.

CHAPITRE 7 CONCLUSION

L'objectif de recherche que nous nous étions fixé était de développer un nouveau descripteur iconique topologique pouvant servir à l'appariement des structures anatomiques. Le nouveau descripteur que nous avons conçu a été validé en démontrant sa capacité à effectuer des appariements inter images et intra image. Nous avons donc atteint notre objectif de recherche principal. Au chapitre 4, nous avons présenté les étapes menant à la construction des différentes versions de notre descripteur, en expliquant toutes les étapes menant à la création de la représentation en graphe de l'image et la procédure d'extraction des arbres qui peut être appliquée en tout point d'intérêt de l'image. À la section 5.2, nous avons formulé une représentation uniforme en histogramme 1D des arbres. Cette représentation uniforme nous permet de comparer aisément nos descripteurs. Les résultats expérimentaux que nous avons présentés mettent en valeur leurs capacités à effectuer des appariements d'organes. À la section 5.3, nous proposons une version de nos descripteurs encore plus performante. Nous avons montré comment l'ajout d'une dimension supplémentaire a permis d'améliorer la capacité d'appariement inter images. On y note également le fait que cette dimension additionnelle est un nouveau paramètre libre de notre descripteur, qui peut être utilisée pour inclure d'autres informations utiles. Ceci confère une flexibilité accrue à nos descripteurs du deuxième ordre. Les résultats des expériences que nous avons présentées dans ce chapitre ont démontré la puissance additionnelle que l'ajout d'une dimension à la version en histogramme des arbres procure aux descripteurs. Le pouvoir discriminant de nos descripteurs nous permet maintenant d'aborder la tâche de détection des anomalies avec confiance.

7.1 Représentation en graphe de l'espace image

Les objectifs spécifiques que nous nous étions fixés furent eux aussi atteints. Deux représentations en graphe de l'image ont été utilisées ; une implicite et une explicite basée sur la sursegmentation de l'image. Cette étape nous permet de convertir les images en un graphe G . La méthode basée sur la sursegmentation nous permet de contrôler l'échelle d'intérêt, ce qui est utile lorsque l'on veut éliminer les objets trop petits de nos investigations.

7.2 Construction d'une métrique de comparaison de DIT

Nos travaux ont montré que la représentation en histogrammes permet l'utilisation d'espaces métriques définis par différentes distances inter histogramme existantes. Nos expériences

nous ont permis de démontrer que l'espace métrique généré par la distance EMD est la plus adéquate pour nos descripteurs du second ordre et que la distance de Bhattacharyya est la plus performante pour comparer nos descripteurs du premier ordre dans un contexte d'utilisation inter images.

7.3 Élaboration d'un critère de succès

De plus, nous avons élaboré un algorithme pour évaluer la performance de nos descripteurs (voir la section 5.1), ce qui nous a permis de comparer leurs différentes versions. La sensibilité de cet algorithme a été mise en évidence par la comparaison directe des descripteurs de différentes régions d'intérêt. Nous dûmes également concevoir une mesure de qualité plus générale (voir section 5.6.6), pour être en mesure de comparer les résultats des nombreuses expériences que nous avons effectuées sur les ordinateurs de Calcul Québec.

7.4 Améliorations futures

Plusieurs avenues d'amélioration sont envisageables :

- Restreindre la portée spatiale du descripteur : on pourrait ne considérer que les régions où les pixels ne sont pas à une distance euclidienne supérieure à Z . Ceci aurait pour effet d'agrandir le champ d'application du descripteur car il pourrait alors être utilisé pour analyser des portions d'images.
- Ajout de dimensions spatiales supplémentaires : Il est facile de faire l'ajout d'une dimension de distance, en nombre de nœuds dans le graphe, séparant la région de la source de l'arbre A . Ceci aurait pour effet de nous offrir un paramètre qui nous servirait à moduler les contributions des nœuds lointains. Autrement dit, nous aurions un contrôle sur la localité du descripteur. Cela pourrait être la base d'une version multi-échelle des *DIT*. Nous devons cependant nous rappeler que tout ajout de dimension complique énormément le calcul des distances inter descripteurs. Pour être en mesure d'ajouter plusieurs autres dimensions, nous aurons à trouver une alternative valable au *earth mover's distance*. Il serait également possible de moduler le processus de minimisation de Dijkstra en ajoutant un ϵ pour chaque nœud ajouté à l'arbre. Cela procurerait un effet similaire à une dimension spatiale supplémentaire sans le surcoût de calcul relié à l'ajout d'une dimension aux histogrammes.

La suite de nos recherches sur l'analyse de la pertinence des *DIT* pourra porter sur des images provenant de différents détecteurs telles que les images photographiques, images de microscopie électronique ou autre. Un descripteur tel que le *DIT* peut être utilisé à de multiples

fins comme la segmentation, la classification, l'appariement de sections d'image en vue de faire du recalage, etc. Nous pouvons donc affirmer que de nombreuses avenues d'utilisation pourront faire l'objet de futures recherches. Nous désirons également étudier l'efficacité de nos descripteurs pour des tâches de classification. Il sera facile de fournir les *DIT* d'une image à une forêt d'arbres décisionnels et de mesurer leur capacité de segmentation.

Il est intéressant de noter que rien ne limite les *DIT* à l'analyse des images. L'algorithme que nous proposons peut servir à décrire n'importe quel graphe duquel on est en mesure d'extraire un arbre augmenté d'un attribut de distance. En tant que tel, les *DIT* peuvent être utilisés pour décrire les nœuds de n'importe quel graphe comportant des attributs, ce qui fait d'eux des outils très polyvalents. Les graphes avec attributs sont des outils mathématiques versatiles qui peuvent être utilisés pour décrire et comprendre de nombreux problèmes, et ce, dans de nombreuses disciplines scientifiques comme la génétique, la linguistique, les transports, etc.

RÉFÉRENCES

- Alahi, Alexandre and Ortiz, Raphael and Vandergheynst, Pierre (2012). Freak : Fast retina keypoint. *Computer vision and pattern recognition (CVPR), 2012 IEEE conference on. IEEE*, 510–517.
- Bay, Herbert and Tuytelaars, Tinne and Van Gool, Luc (2006). Surf : Speeded up robust features. *European conference on computer vision*. Springer, 404–417.
- Bellman, R. (1956). On a routing problem. *NOTES*, 16(1).
- Bengoetxea, Endika and Larrañaga, Pedro and Bloch, Isabelle and Perchant, Aymeric and Boeres, Claudia (2002). Inexact graph matching by means of estimation of distribution algorithms. *Pattern Recognition*, 35(12), 2867–2880.
- Berti Kolbow-Lehadt (2016). Photo and imaging market trend report 2016. Rapport technique.
- Bhattacharyya, A. (1943). On a measure of divergence between two statistical populations defined by their probability distribution. *Bulletin of the Calcutta Mathematical Society*, 35, 99–110.
- Boykov, Y. and Funka-Lea, G. (2006). Graph cuts and efficient nd image segmentation. *International Journal of Computer Vision*, 70(2), 109–131.
- Brady, Adrian and Laoide, Risteárd Ó and McCarthy, Peter and McDermott, Ronan (2012). Discrepancy and error in radiology : concepts, causes and consequences. *The Ulster medical journal*, 81(1), 3.
- Leo Breiman (2001). Random forests. *Machine Learning*, 45(1), 5–32.
- Brenner and 160 and J., D. (2010). *Slowing the Increase in the Population Dose Resulting from CT Scans*, vol. 174. Radiation Research Society, Lawrence, KS, USA.
- Buades, Antoni and Coll, Bartomeu and Morel, J-M (2005). A non-local algorithm for image denoising. *Computer Vision and Pattern Recognition, 2005. CVPR 2005. IEEE Computer Society Conference on. IEEE*, vol. 2, 60–65.
- Mariano Cabezas and Arnau Oliver and Xavier Lladó and Jordi Freixenet and Meritxell Bach Cuadra (2011). A review of atlas-based segmentation for magnetic resonance brain images. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 104(3), e158 – e177.
- Calonder, Michael and Lepetit, Vincent and Ozuysal, Mustafa and Trzcinski, Tomasz and Strecha, Christoph and Fua, Pascal (2012). Brief : Computing a local binary descriptor very fast. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 34(7), 1281–1298.

- Calonder, Michael and Lepetit, Vincent and Strecha, Christoph and Fua, Pascal (2010). Brief : Binary robust independent elementary features. *Computer Vision–ECCV 2010*, 778–792.
- Cha, S.H. (2007). Comprehensive survey on distance/similarity measures between probability density functions. *City*, 1(2), 1.
- Cha, Sung-Hyuk and Srihari, Sargur N. (2002). On measuring the distance between histograms. *Pattern Recognition*, 35(6), 1355–1370.
- Cheng, Yizong (1995). Mean shift, mode seeking, and clustering. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 17(8), 790–799.
- Olivier Commowick (2007). *Création et Utilisation d’Atlas Anatomiques Numériques pour la Radiothérapie (Design and Use of Anatomical Atlases for Radiotherapy)*. Thèse de sciences (phd thesis), Université de Nice-Sophia Antipolis.
- Antonio Criminisi and Jamie Shotton and Duncan P. Robertson and Ender Konukoglu (2010). Regression forests for efficient anatomy detection and localization in ct studies. *MCV*. 106–117.
- Criminisi, Antonio and Juluru, Krishna and Pathak, Sayan (2011). A discriminative-generative model for detecting intravenous contrast in ct images. *Proceedings of the 14th international conference on Medical image computing and computer-assisted intervention - Volume Part III*. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, MICCAI’11, 49–57.
- Dalal, Navneet and Triggs, Bill (2005). Histograms of oriented gradients for human detection. *Computer Vision and Pattern Recognition, 2005. CVPR 2005. IEEE Computer Society Conference on*. IEEE, vol. 1, 886–893.
- Dantzig, G.B. and Orden, A. and Wolfe, P. (1955). The generalized simplex method for minimizing a linear form under linear inequality restraints. *Pacific Journal of Mathematics*, 5(2), 183–195.
- Christos Davatzikos (1997). Spatial transformation and registration of brain images using elastically deformable models. *Computer Vision and Image Understanding*, 66(2), 207 – 222.
- Deza, Michel Marie and Deza, Elena (2009). Encyclopedia of distances. *Encyclopedia of Distances*, Springer. 1–583.
- Deza, Michel Marie and Deza, Elena (2012). *Encyclopedia of distances*. Springer Science & Business Media.
- Diestel, Reinhard (2005). *Graph Theory*, vol. 173 de *Graduate Texts in Mathematics*. Springer-Verlag, Heidelberg, troisième édition.

- H. Digabel and C. Lantuéjoul (1978). Iterative algorithms. *Quantitative analysis of microstructures in materials sciences, biology and medicine*, 85–99.
- Dijkstra, E. W. (1959). A note on two problems in connexion with graphs. *Numerische Mathematik*, 1(1), 269–271.
- Edmonds, Jack (1967). Optimum branchings. *Journal of Research of the National Bureau of Standards B*, 71(4), 233–240.
- Erasmus, J. J. and Connolly, J. E. and McAdams, H. P. and Roggli, V. L. (2000). Solitary pulmonary nodules : Part i. morphologic evaluation for differentiation of benign and malignant lesions. *Radiographics*, 20(1), 43–58.
- Foggia, Pasquale and Sansone, Carlo and Vento, Mario (2001). A performance comparison of five algorithms for graph isomorphism. *Proceedings of the 3rd IAPR TC-15 Workshop on Graph-based Representations in Pattern Recognition*. 188–199.
- Ford, L.R. and Fulkerson, D.R. (1956). Maximal flow through a network. *Canadian Journal of Mathematics*, 8(3), 399–404.
- Fredman, Michael L and Tarjan, Robert Endre (1987). Fibonacci heaps and their uses in improved network optimization algorithms. *Journal of the ACM (JACM)*, 34(3), 596–615.
- Gee, Jim C and Reivich, Martin and Bajcsy, Ruzena (1993). Elastically deforming 3d atlas to match anatomical brain images. *Journal of computer assisted tomography*, 17(2), 225–236.
- Alexandre Guimond and Jean Meunier and Jean-Philippe Thirion (1999). Average brain models : A convergence study. *Computer Vision and Image Understanding*, 77(77), 192–210.
- Guo, Zhenhua and Zhang, Lei and Zhang, David (2010). A completed modeling of local binary pattern operator for texture classification. *IEEE Transactions on Image Processing*, 19(6), 1657–1663.
- Hamming, Richard W (1950). Error detecting and error correcting codes. *Bell Labs Technical Journal*, 29(2), 147–160.
- Han, X. and Fischl, B. (2007). Atlas renormalization for improved brain mr image segmentation across scanner platforms. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 26(4), 479–486.
- Hassaballah, M and Abdelmgeid, Aly Amin and Alshazly, Hammam A (2016). Image features detection, description and matching. *Image Feature Detectors and Descriptors*, Springer. 11–45.
- Hjaltason, Gisli R. and Samet, Hanan (2003). Index-driven similarity search in metric spaces (survey article). *ACM Trans. Database Syst.*, 28(4), 517–580.
- Tin Kam Ho (1995). Random decision forests. *ICDAR*. 278–

- Hounsfield, Godfrey N (1973). Computerized transverse axial scanning (tomography) : Part 1. description of system. *The British journal of radiology*, 46(552), 1016–1022.
- Huang, T and Yang, GJTG and Tang, G (1979). A fast two-dimensional median filtering algorithm. *IEEE Transactions on Acoustics, Speech, and Signal Processing*, 27(1), 13–18.
- Kauffmann, C. and Piché, N. (2008). Cellular automaton for ultra-fast watershed transform on gpu. *19th International Conference on Pattern Recognition (ICPR 2008), December 8-11, 2008, Tampa, Florida, USA*. IEEE, 1–4.
- Kisku, Dakshina Ranjan and Rattani, Ajita and Grosso, Enrico and Tistarelli, Massimo (2007). Face identification by sift-based complete graph topology. *Automatic Identification Advanced Technologies, 2007 IEEE Workshop on*. IEEE, 63–68.
- Knuth, Donald Ervin (1997). *The art of computer programming*, vol. 3. Pearson Education.
- Kullback, Solomon and Leibler, Richard A. (1951). On information and sufficiency. *The Annals of Mathematical Statistics*, 22(1), 79–86.
- Kurugollu, Fatih and Sankur, Bülent and Harmancl, A. Emre (2001). Color image segmentation using histogram multithresholding and fusion. *Image and Vision Computing*, 19(13), 915–928.
- Lin, Yung-Chieh and Tsai, Yu-Pao and Hung, Yi-Ping and Shih, Zen-Chung (2006). Comparison between immersion-based and toboggan-based watershed image segmentation. *IEEE Transactions on image processing*, 15(3), 632–640.
- Ling, H. and Okada, K. (2007). An efficient earth mover’s distance algorithm for robust histogram comparison. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 29(5), 840–853.
- Linguraru, M. and Sandberg, J. and Li, Z. and Pura, J. and Summers, R. (2009). Atlas-based automated segmentation of spleen and liver using adaptive enhancement estimation. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2009*, 1001–1008.
- Lowe, David G (1999). Object recognition from local scale-invariant features. *Computer vision, 1999. The proceedings of the seventh IEEE international conference on*. IEEE, vol. 2, 1150–1157.
- Jyrki MP. Lötjönen and Robin Wolz and Juha R. Koikkalainen and Lennart Thurfjell and Gunhild Waldemar and Hilka Soininen and Daniel Rueckert (2010). Fast and robust multi-atlas segmentation of brain magnetic resonance images. *NeuroImage*, 49(3), 2352 – 2365.
- Matusita, K. (1955). Decision rules, based on the distance, for problems of fit, two samples, and estimation. *The Annals of Mathematical Statistics*, 26(4), 631–640.

- Ni, K. and Bresson, X. and Chan, T. and Esedoglu, S. (2009). Local histogram based segmentation using the wasserstein distance. *International journal of computer vision*, 84(1), 97–111.
- Nixon, Mark S and Aguado, Alberto S (2012). *Feature extraction & image processing for computer vision*. Academic Press.
- Pele, O. and Werman, M. (2009a). Fast and robust earth mover’s distances. *Computer Vision, 2009 IEEE 12th International Conference on*. IEEE, 460–467.
- Pele, Ofir and Werman, Michael (2009b). Fast and robust earth mover’s distances. *2009 IEEE 12th International Conference on Computer Vision*. IEEE, 460–467.
- Rubner, Y. and Tomasi, C. and Guibas, L.J. (1998). A metric for distributions with applications to image databases. *Computer Vision, 1998. Sixth International Conference on*. IEEE, 59–66.
- Rubner, Yossi and Tomasi, Carlo and Guibas, Leonidas J. (2000). The earth mover’s distance as a metric for image retrieval. *Int. J. Comput. Vision*, 40(2), 99–121.
- Saalfeld, Stephan and Cardona, Albert and Hartenstein, Volker and Tomančák, Pavel (2010). As-rigid-as-possible mosaicking and serial section registration of large sstem datasets. *Bioinformatics*, 26(12), i57–i63.
- Schindelin, Johannes and Rueden, Curtis T and Hiner, Mark C and Eliceiri, Kevin W (2015). The imagej ecosystem : An open platform for biomedical image analysis. *Molecular reproduction and development*, 82(7-8), 518–529.
- Schmidt, Charles W (2012). Ct scans : balancing health risks and medical benefits. *Environmental health perspectives*, 120(3), a118.
- Sethian, James A (1999a). Fast marching methods. *SIAM review*, 41(2), 199–235.
- Sethian, James Albert (1999b). *Level set methods and fast marching methods : evolving interfaces in computational geometry, fluid mechanics, computer vision, and materials science*, vol. 3. Cambridge university press.
- Shannon, Claude E and Weaver, Warren (1949). The mathematical theory of information.
- Shirdhonkar, S. and Jacobs, D.W. (2008). Approximate earth mover’s distance in linear time. *Computer Vision and Pattern Recognition, 2008. CVPR 2008. IEEE Conference on*. IEEE, 1–8.
- Stawiaski, J. (2008). *Mathematical morphology and graphs : Application to interactive medical image segmentation*. Thèse de doctorat, Ph. D. dissertation, Paris School Mines, Paris, France.

Thompson, P.M. and Toga, A.W. (1997). Detection, visualization and animation of abnormal anatomic structure with a deformable probabilistic brain atlas based on random vector field transformations. *Medical image analysis*, 1(4), 271–294.

Zeng, Ke and Erus, Guray and Sotiras, Aristeidis and Shinohara, Russell T and Davatzikos, Christos (2016). Abnormality detection via iterative deformable registration and basis-pursuit decomposition. *IEEE transactions on medical imaging*, 35(8), 1937–1951.

Zhou, Feng and Feng, Ju Fu and Shi, Qing Yun (2001). Texture feature based on local fourier transform. *Image Processing, 2001. Proceedings. 2001 International Conference on*. IEEE, vol. 2, 610–613.

ANNEXE A IMAGES CHOISIES POUR LES TESTS

Nous présentons ici les images que nous avons utilisées pour tester nos descripteurs. Elles proviennent toutes d'une base de données radiologique mise à notre disposition par le CHU de Nancy. Elles furent sélectionnées de manière aléatoire dans cette base de données. On constate que peuvent prendre de nombreuses formes et que la texture des tissus varie d'image en image. Elles ont toutes été validées comme étant dépourvues de pathologie rénale apparente par Dr Claude Kauffmann, chercheur au CRCHUM.

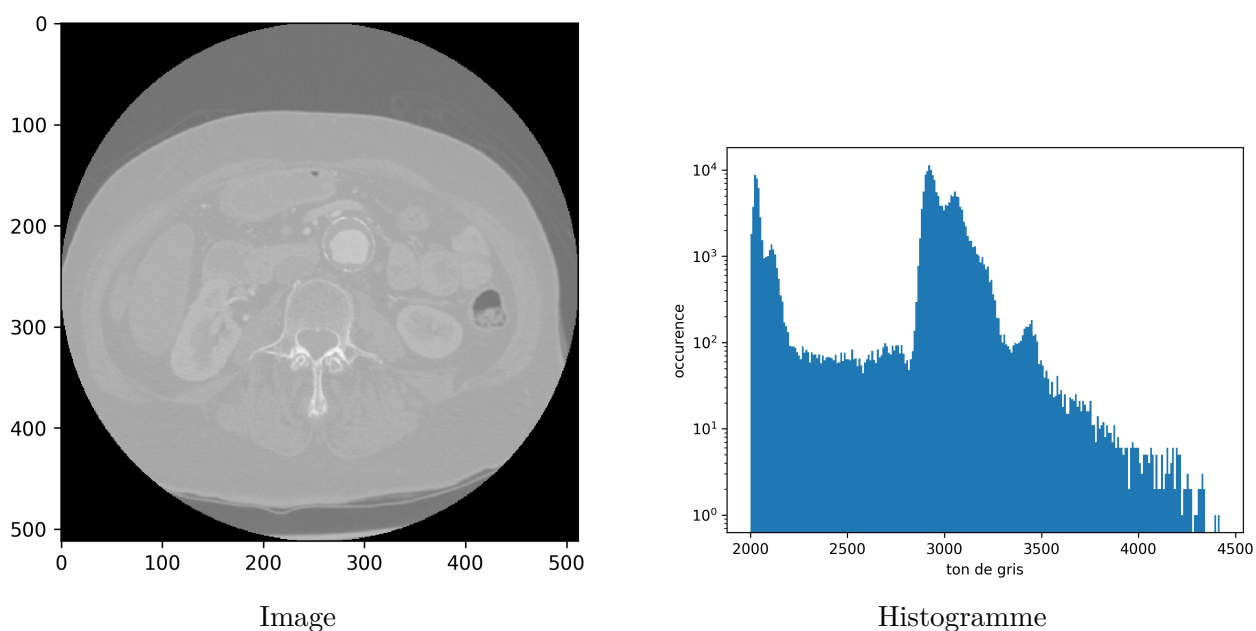
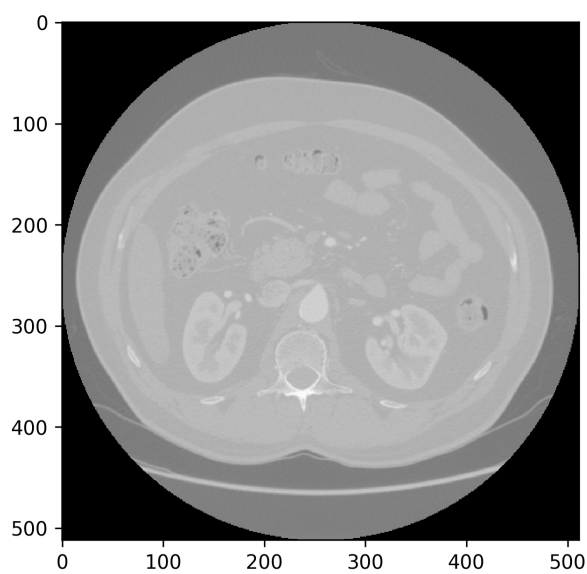
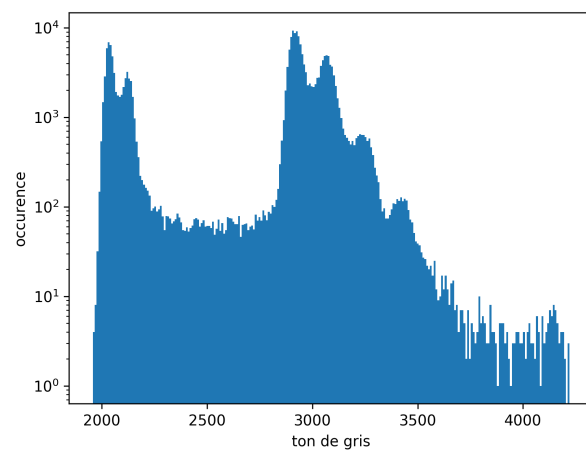


Figure A.1 Image 1 et son histogramme

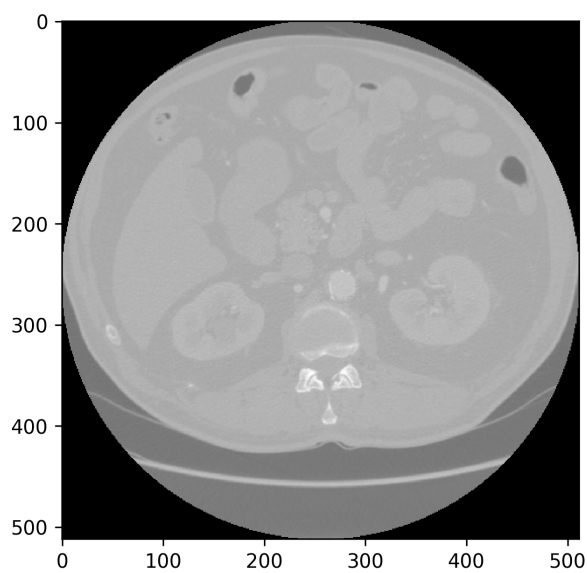


Image

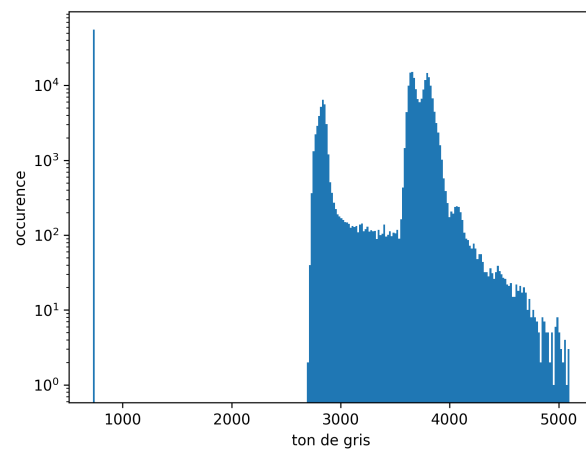


Histogramme

Figure A.2 Image 2 et son histogramme

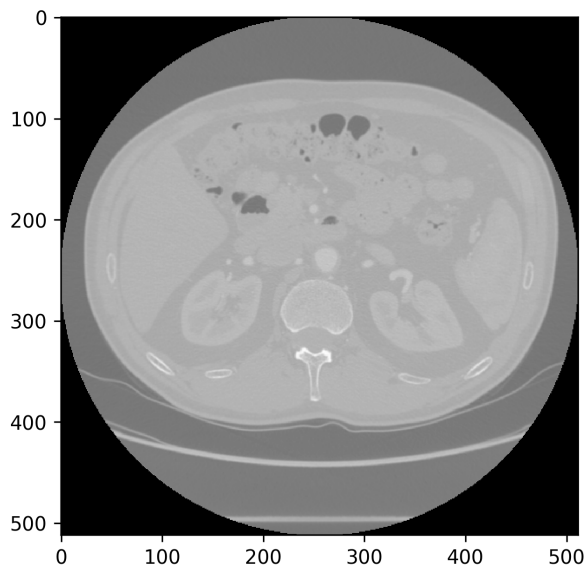


Image

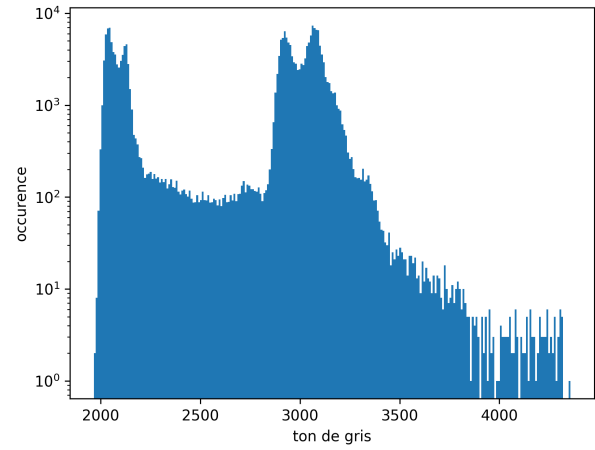


Histogramme

Figure A.3 Image 3 et son histogramme

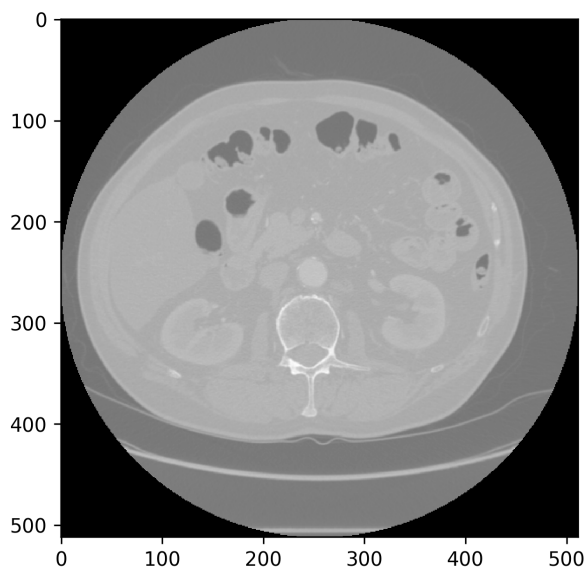


Image

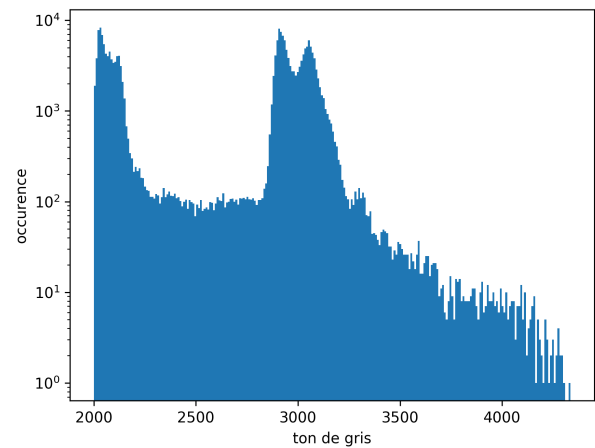


Histogramme

Figure A.4 Image 4 et son histogramme

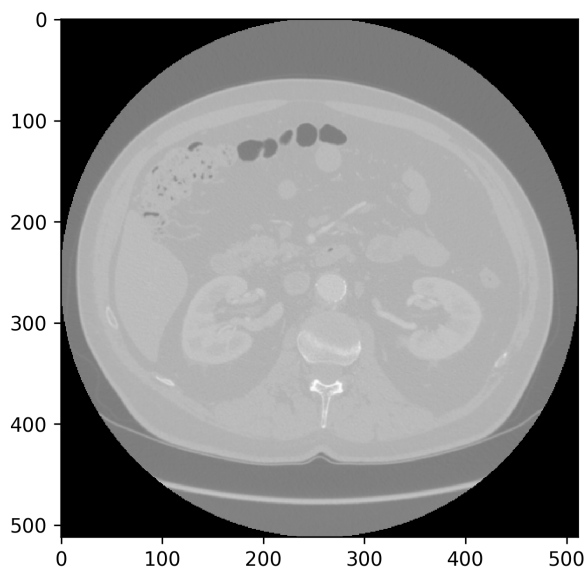


Image

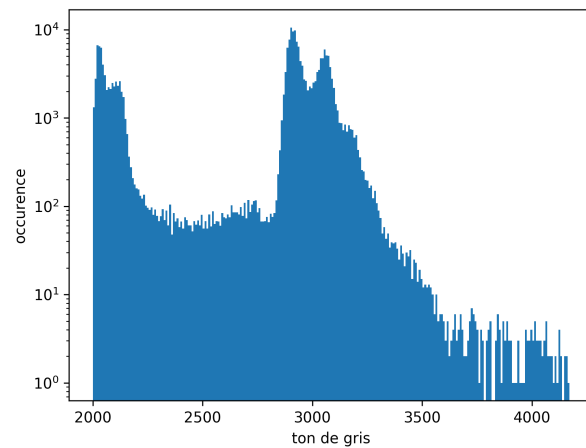


Histogramme

Figure A.5 Image 5 et son histogramme

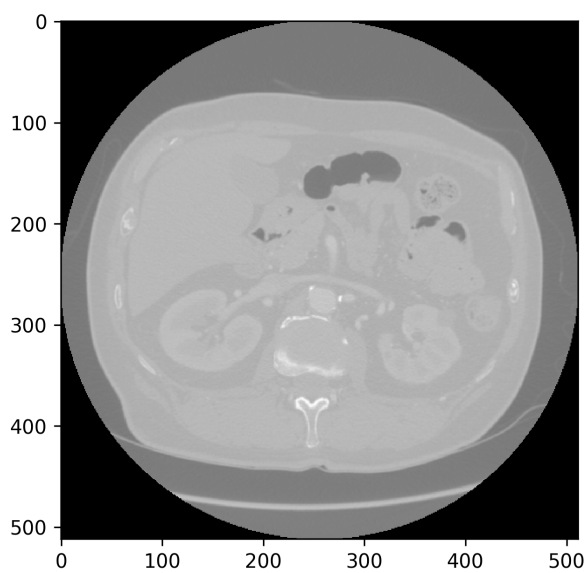


Image

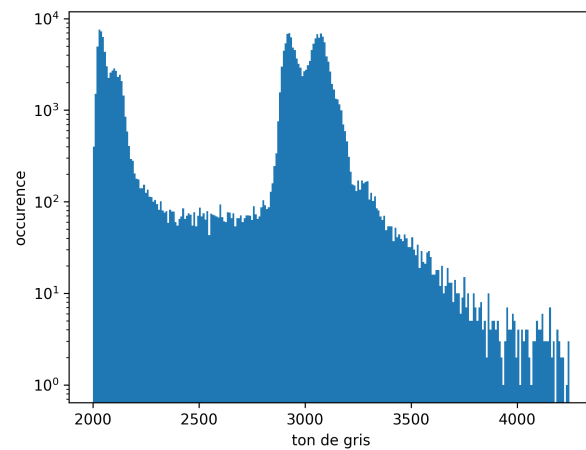


Histogramme

Figure A.6 Image 6 et son histogramme

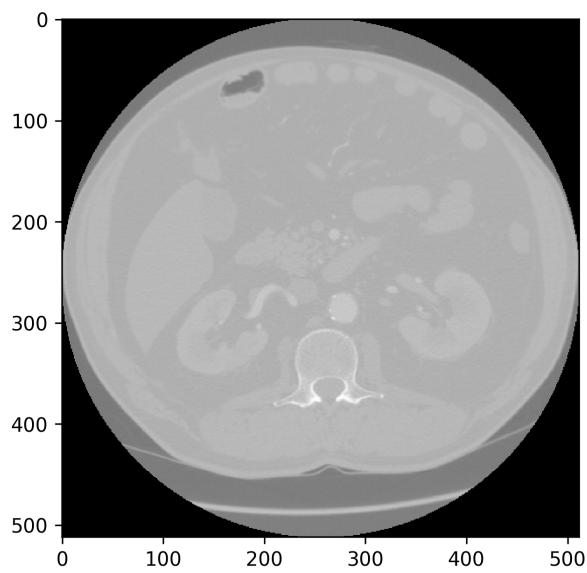


Image

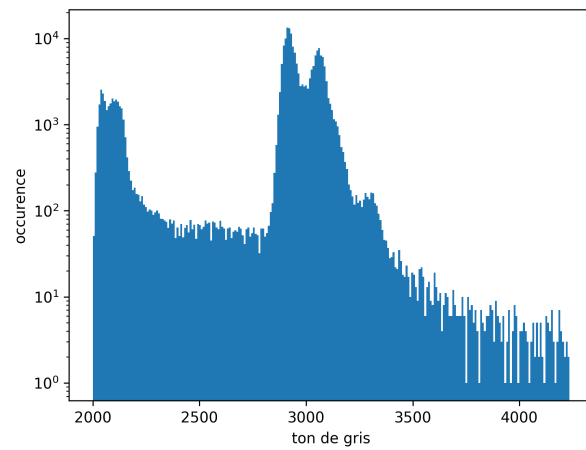


Histogramme

Figure A.7 Image 7 et son histogramme

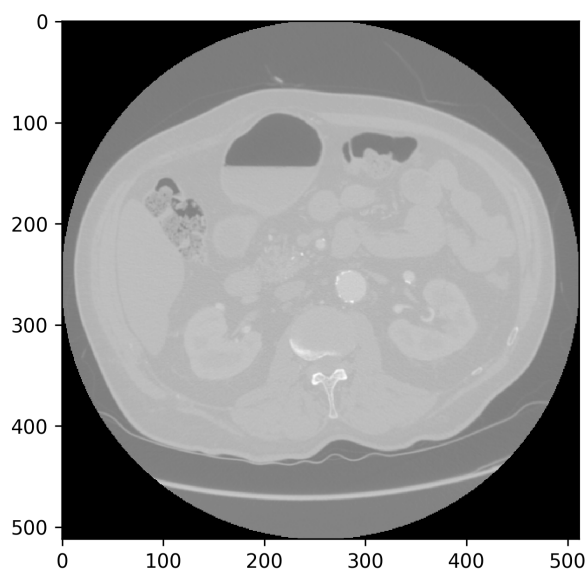


Image

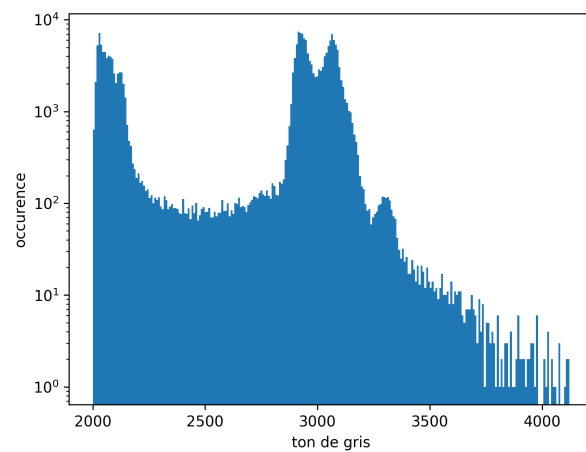


Histogramme

Figure A.8 Image 8 et son histogramme

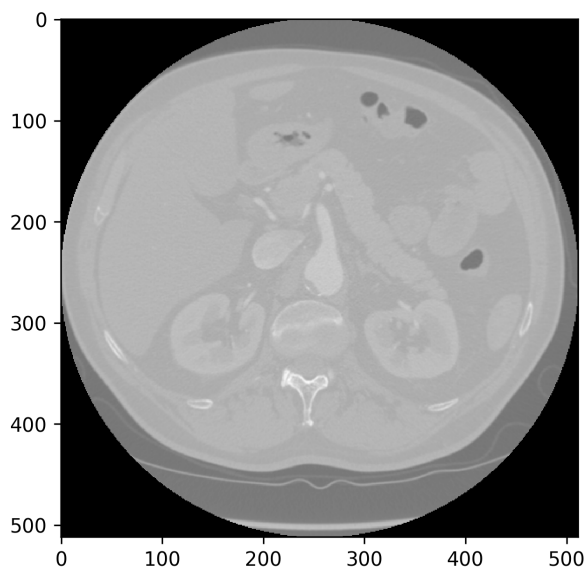


Image

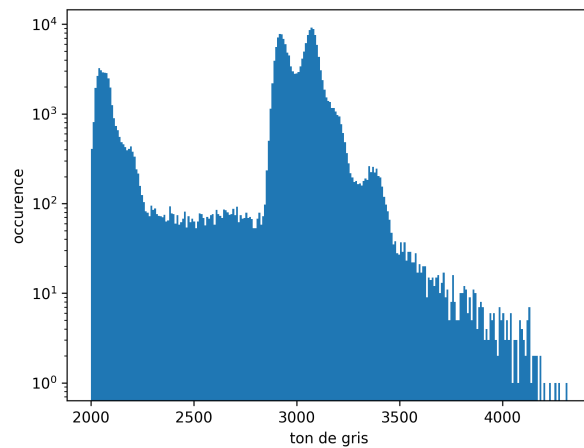


Histogramme

Figure A.9 Image 9 et son histogramme

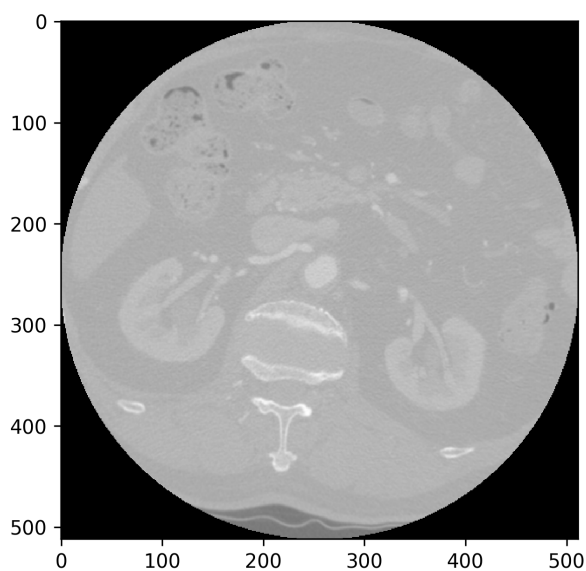


Image

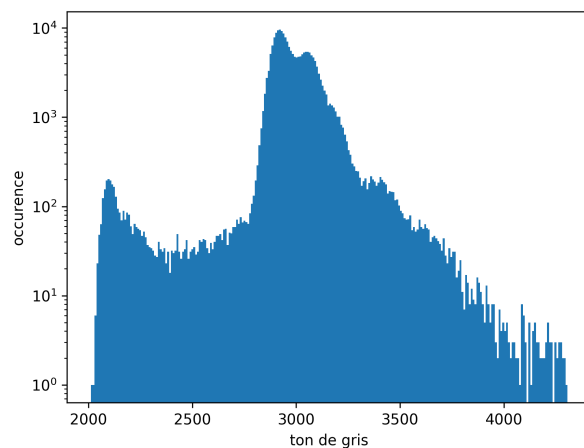


Histogramme

Figure A.10 Image 10 et son histogramme

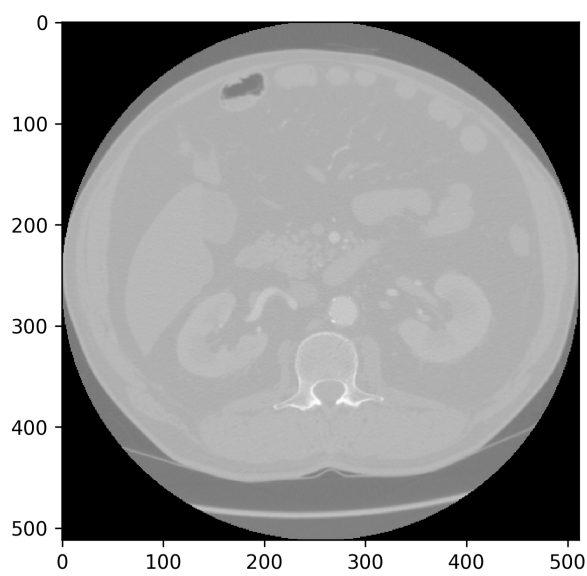


Image

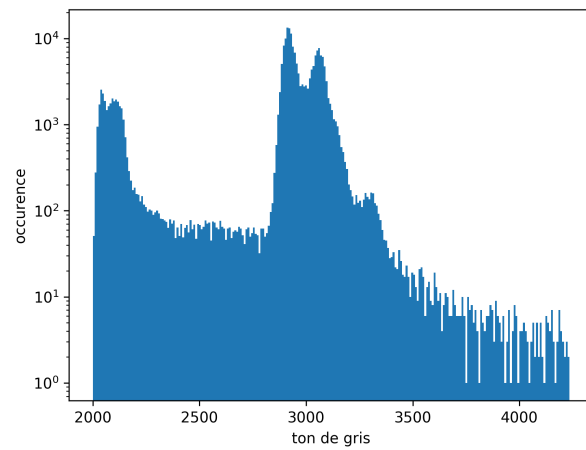


Histogramme

Figure A.11 Image 11 et son histogramme

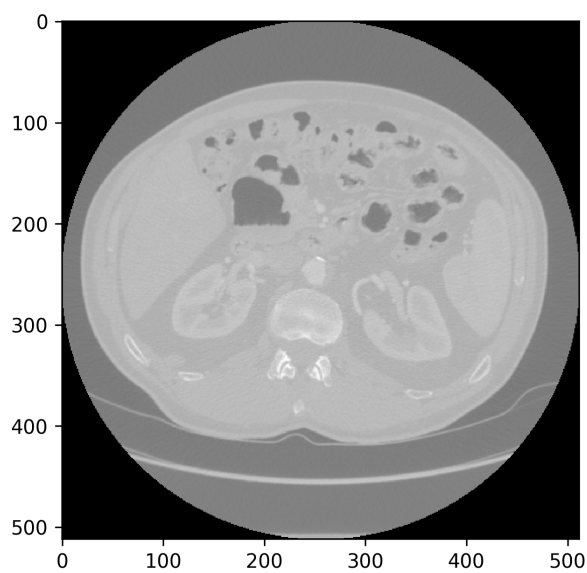


Image

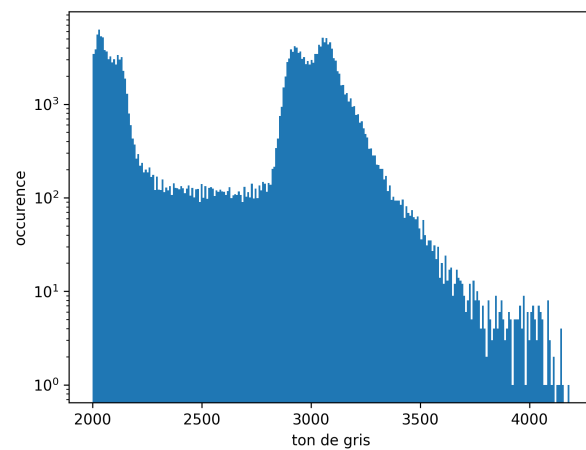


Histogramme

Figure A.12 Image 12 et son histogramme

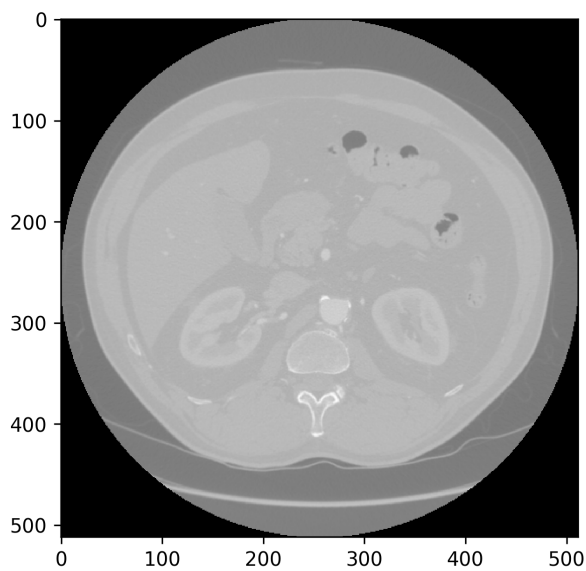


Image

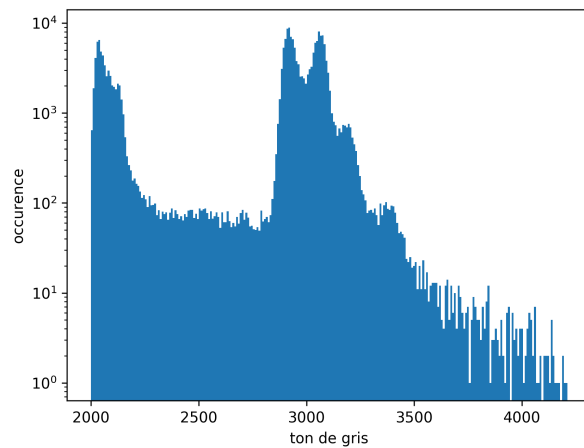


Histogramme

Figure A.13 Image 13 et son histogramme

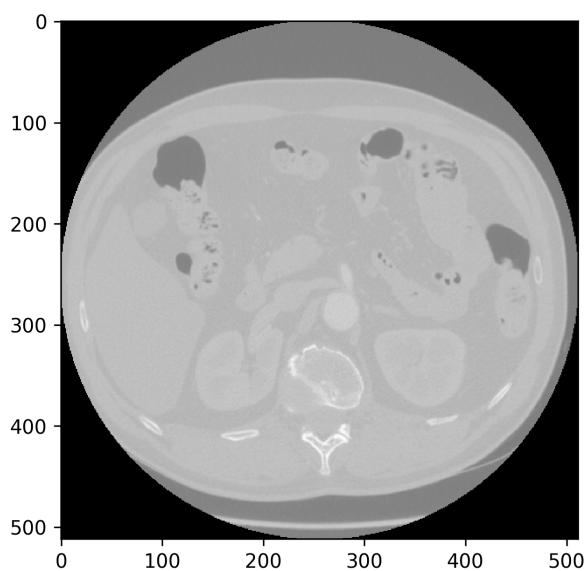


Image

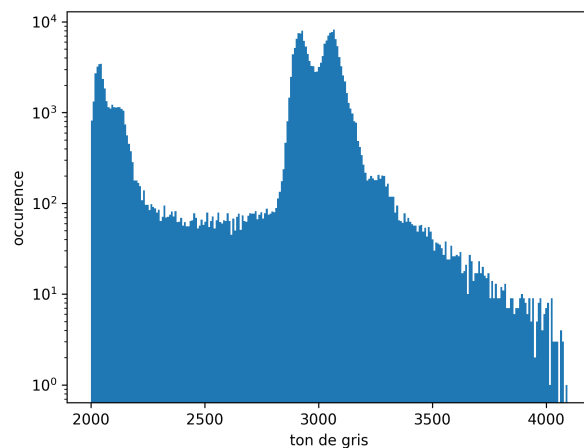


Histogramme

Figure A.14 Image 14 et son histogramme



Image



Histogramme

Figure A.15 Image 15 et son histogramme