

UNIVERSITÉ DE MONTRÉAL

Restauration markovienne tridimensionnelle d'images
tomographiques ; application à la conception de
prothèses personnalisées du genou

NICOLAS VILLAIN
INSTITUT DE GÉNIE BIOMÉDICAL
ÉCOLE POLYTECHNIQUE DE MONTRÉAL

MÉMOIRE PRÉSENTÉ EN VUE DE L'OBTENTION
DU DIPLOME DE MAÎTRISE ÈS SCIENCES APPLIQUÉES
(GÉNIE BIOMÉDICAL)
DÉCEMBRE 1997

© Nicolas VILLAIN, 1997.



National Library
of Canada

Acquisitions and
Bibliographic Services

395 Wellington Street
Ottawa ON K1A 0N4
Canada

Bibliothèque nationale
du Canada

Acquisitions et
services bibliographiques

395, rue Wellington
Ottawa ON K1A 0N4
Canada

Your file Votre référence

Our file Notre référence

The author has granted a non-exclusive licence allowing the National Library of Canada to reproduce, loan, distribute or sell copies of this thesis in microform, paper or electronic formats.

The author retains ownership of the copyright in this thesis. Neither the thesis nor substantial extracts from it may be printed or otherwise reproduced without the author's permission.

L'auteur a accordé une licence non exclusive permettant à la Bibliothèque nationale du Canada de reproduire, prêter, distribuer ou vendre des copies de cette thèse sous la forme de microfiche/film, de reproduction sur papier ou sur format électronique.

L'auteur conserve la propriété du droit d'auteur qui protège cette thèse. Ni la thèse ni des extraits substantiels de celle-ci ne doivent être imprimés ou autrement reproduits sans son autorisation.

0-612-33194-6

Canada

UNIVERSITÉ DE MONTRÉAL

ÉCOLE POLYTECHNIQUE

Ce mémoire intitulé :

Restauration markovienne tridimensionnelle d'images
tomographiques ; application à la conception de
prothèses personnalisées du genou

présenté par : Nicolas VILLAIN

en vue de l'obtention du diplôme de : Maîtrise ès sciences appliquées

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

M. Marc MOORE, Ph.D., président

M. Yves GOUSSARD, Ph.D., membre et directeur de recherche

Mme Sylvie DORÉ, Ph.D., membre

*À mes parents,
pour leur irremplaçable contribution,*

Remerciements

Je tiens avant tout à remercier mon directeur de recherche, le professeur Yves Goussard, pour l'attention et la rigueur qu'il a apportées à orienter, enrichir, et aussi corriger, mon travail. Il a su dès le départ susciter mon intérêt pour ce projet et j'ai beaucoup profité de son expérience, dans nos contacts quotidiens, mais aussi au cours de conférences ou de collaborations avec d'autres laboratoires.

Je veux ensuite remercier les membres du jury, Sylvie Doré et Marc Moore, pour l'intérêt qu'ils ont accepté de porter à la lecture et à l'évaluation de mon travail. Je suis conscient du travail que cela représente et je leur en suis reconnaissant.

Ce travail a été rendu possible en partie grâce à l'aide financière que mon directeur m'a accordée. Je profite aussi de cette occasion pour le remercier de son aide décisive pour mon contrat de coopération avec Électricité de France.

Les personnes suivantes m'ont aussi aidé au cours de mon projet de recherche et je les en remercie: Shelby Pereira et Marc Fayolle pour les échanges et discussions au sein du laboratoire, Stéfan Finke pour son aide en anglais, Stéphane Brette pour avoir gentiment répondu à mes questions sur son algorithme, Jérôme Idier pour ses commentaires pertinents et sa maîtrise de xblast, Manuel Fortin pour son soutien informatique ainsi que Louise Clément et Diane Giroux pour leur disponibilité.

Je remercie aussi tous ceux dont j'ai apprécié la compagnie pendant ces deux années passées en génie biomédical à l'École Polytechnique, et tout particulièrement Pascale Pigeon, l'âme souriante et toujours attentive du laboratoire.

Merci surtout à Nathalie pour son soutien inestimable, l'amour et la compréhens-

sion qu'elle ne cesse de me témoigner. Je lui voue toute mon admiration pour avoir accepté de son plein gré de relire les épreuves de ce mémoire.

Enfin, il est important que je remercie mes parents qui ont si bien su m'encourager et me soutenir sans jamais me retenir, même lorsque j'ai pris la décision de partir étudier au Québec. Aujourd'hui, je mesure mieux les efforts et le dévouement qu'ils m'ont consacrés, sans toujours trouver les mots pour exprimer ma gratitude.

Résumé

Ce travail s'inscrit dans le cadre d'un projet commun dont le but est de concevoir et de fabriquer des prothèses personnalisées du genou. Pour cela, les caractéristiques géométriques de l'articulation du patient sont extraites d'une série d'images tomo-graphiques. Afin d'assurer une durée de vie suffisante à la prothèse qui subit des contraintes importantes, l'écart entre sa surface et celle de l'os lui-même devrait être inférieur à 1 mm. D'où la nécessité d'extraire avec précision la géométrie de la surface osseuse.

Pour améliorer cette extraction, une solution consiste à introduire une restauration des images comme première étape avant la reconstruction de la surface. En réduisant à la fois le flou et le bruit, le but est de restaurer précisément les discontinuités nettes qui séparent les régions quasi homogènes correspondant à l'os et aux autres tissus. Nous présentons une approche tridimensionnelle (3D) conçue pour répondre à ces deux exigences souvent considérées comme contradictoires.

Le problème de restauration d'images est connu pour être mal posé, ce qui se traduit en pratique par un mauvais conditionnement des matrices à manipuler. Les méthodes de régularisation peuvent être interprétées comme l'ajout de contraintes *a priori* pour résoudre ce problème. Nous adoptons ici une approche bayésienne dans laquelle l'information *a priori* est introduite sous la forme des lois de probabilités de l'objet original à restaurer et du bruit. On peut souvent se satisfaire d'un modèle simple pour le bruit, mais un modèle *a priori* adéquat de l'objet original est plus difficile à définir. Pour modéliser des régions homogènes séparées par des discontinuités

nettes, les champs de Markov (MRF, pour *Markov Random Fields*) ont souvent été choisis car ils sont définis par des interactions locales entre pixels. De plus, en adaptant spécialement les potentiels de Gibbs utilisés, on obtient une restauration plus nette qu'avec les simples modèles *a priori* quadratiques (c-à-d gaussiens). Cependant, les MRF conçus pour restaurer les discontinuités conduisent en général à un critère non convexe et nécessitent alors des techniques d'optimisation complexes.

Néanmoins, l'utilisation de MRF qui conduisent à un critère convexe associée à l'application de résultats d'analyse convexe simplificateurs nous a permis de développer une méthode de restauration efficace. Dans ce travail, nous proposons d'appliquer ces principes à la restauration des images tomographiques. De plus, comme ce sont des coupes d'un objet 3D, l'information selon la troisième dimension est aussi être prise en compte. Nous définissons donc un champ de Markov 3D, qui est une extension naturelle des champs 2D, nous l'utilisons comme modèle de l'objet sous-jacent et nous développons la méthode de restauration correspondante.

Les questions de mise en œuvre sont cruciales pour une utilisation pratique de modèles complexes comme les MRF. Les principales hypothèses et choix qui nous permettent de simplifier le traitement sont les suivants :

- la PSF du tomographe est supposée connue (elle est estimée préalablement), bidimensionnelle (ce qui permet de ramener partiellement le traitement 3D en 2D), invariante spatialement (car il a été montré que les effets des variations sont négligeables) et séparable (ce qui permet un calcul récursif judicieux du terme de convolution) ;
- le MRF choisi ne comprend que des cliques à deux éléments, avec un potentiel associé convexe (d'où un critère convexe facile à minimiser) dont la forme préserve les discontinuités (ce qui améliore la restauration).

Les résultats obtenus avec des images simulées montrent que le bruit est réduit sans adoucir les discontinuités. La comparaison avec une méthode rapide (filtrage de

Wiener) démontre une amélioration quantitative significative. En utilisant un fantôme de dimensions connues, la précision de localisation des contours a pu être évaluée dans des conditions réalistes. Il apparaît que le traitement 3D permet d'améliorer sensiblement la précision. Dans notre cas particulier, l'écart entre les contours originaux et ceux obtenus après restauration 2D est tout juste inférieur à 1 mm. En 3D, cet écart est réduit à environ 0,5 mm, ce qui répond mieux à nos objectifs. Or, les volumes de calculs des deux méthodes sont comparables.

Finalement, pour faciliter l'utilisation pratique de notre méthode de restauration, il serait souhaitable de développer une approche non supervisée. Un certain nombre de possibilités ont été envisagées ; elles posent les bases d'une étude plus approfondie.

Abstract

Our work is part of a joint project whose aim is to design and manufacture custom-fitted prostheses of the knee joint from a series of computed tomography (CT) images. In order to ensure a sufficient life span for the prosthesis which undergoes important stress, the congruence between its surface and the bone itself should be less than 1 mm. Hence the need for a very accurate extraction of bone surface geometry.

To improve this extraction, we can introduce image restoration as a first step before surface reconstruction. If both blur and noise are reduced, the sharp discontinuities separating the fairly homogeneous areas of bone from soft tissue can be restored accurately. In this work we present a three dimensional (3-D) approach designed to meet these somewhat contradictory requirements.

The problem of image restoration is known to be ill-posed. Regularization methods can be seen as the addition of *a priori* constraints to solve this problem. Here, we adopt a Bayesian approach in which the *a priori* information is specified under the form of probability density functions (PDFs) of the original object to be restored and of the noise. A simple noise model is often satisfactory, while finding a well adapted *a priori* model of the original object is more complicated. To model homogeneous regions separated by sharp discontinuities, Markov-Gibbs random fields (MRFs) have often been chosen because they are based upon local pixel interactions. Moreover, Gibbs potentials used in MRFs can be customized to achieve sharper restoration than with the classical quadratic (i.e., Gaussian) *a priori* models. But the MRFs designed to restore sharp discontinuities often yield non-convex criteria, and require complex

optimization techniques.

However, the use of specific MRFs yielding convex criteria associated with the application of convex analysis results allows us to design efficient restoration methods. In this work, we propose to apply these principles to the edge-preserving restoration of CT images. Moreover, since tomographic images are slices of a 3-D object, 3-D information is taken into account. We thus define a 3-D MRF which is a natural extension of 2-D MRFs, use it as the *a priori* model of the object under investigation and develop the corresponding 3-D restoration method.

The implementation is crucial in the practical use of complex models such as MRFs. This process can be simplified with the following hypothesis and choices:

- the PSF of the CT scanner is assumed to be known (it is previously estimated), bidimensional (which partially reduces the 3D problem to 2D), spatially invariant (because the effects of the variations are negligible) and separable (allowing the recursive calculation of the convolution terms);
- the MRF is chosen to include only two-element cliques with edge-preserving (improving the restoration) convex (yielding an easily minimized convex criterion) interaction potential.

The results obtained using computer generated images show that the noise is reduced without smoothing the discontinuities. The comparison with a fast method (Wiener filtering) exhibits a significant quantitative improvement. A phantom of known dimensions allowed the realistic estimation of the precision of contour localization. The 3-D restoration proved to be clearly more precise. For the cases considered, the error between the original contours and those obtained using 2-D restoration is barely less than 1 mm. In 3-D, this error is reduced to around 0.5 mm, which better fulfills our objective. Moreover, computational cost is similar for both methods.

To facilitate the practical use of our restoration method, an unsupervised approach would be desirable. A number of possibilities were considered, laying the ground work for further study.

Table des matières

| | |
|--|-------|
| Dédicace | iv |
| Remerciements | v |
| Résumé | vii |
| Abstract | x |
| Table des matières | xiii |
| Liste des tableaux | xvii |
| Liste des figures | xviii |
| Liste des sigles et abréviations | xxii |
| Liste des notations | xxiii |
| Liste des annexes | xxvi |
| Avant-propos | xxvii |
| Introduction | 1 |
| 1 Cadre de l'étude | 3 |
| 1.1 La restauration d'images | 3 |

| | | |
|----------|--|----------|
| 1.2 | Définition du problème et hypothèses | 4 |
| 1.3 | Objectifs | 6 |
| 2 | Revue de littérature | 8 |
| 2.1 | Introduction | 8 |
| 2.2 | Méthodes de restauration classiques | 9 |
| 2.2.1 | Choix du domaine de travail | 9 |
| 2.2.2 | Méthodes de résolution par inversion directe | 10 |
| 2.2.2.1 | Inversion directe | 11 |
| 2.2.2.2 | Estimateur des moindres carrés | 11 |
| 2.2.2.3 | Inversion généralisée | 12 |
| 2.2.2.4 | Influence du bruit | 12 |
| 2.2.3 | Problèmes mal posés et régularisation | 14 |
| 2.2.3.1 | Principe | 15 |
| 2.2.3.2 | Choix des distances de régularisation | 17 |
| 2.2.3.3 | Exemple-type : l'utilisation de distances quadratiques pondérées | 21 |
| 2.2.4 | Interprétation bayésienne | 23 |
| 2.2.4.1 | Modèle gaussien | 26 |
| 2.2.4.2 | Maximum d'entropie | 26 |
| 2.2.4.3 | Champs aléatoires de Markov et de Gibbs | 26 |
| 2.3 | Méthodes d'optimisation itératives | 40 |
| 2.3.1 | Méthodes de relaxation classiques | 41 |
| 2.3.1.1 | Méthode de Jacobi | 41 |
| 2.3.1.2 | Méthode de Gauss-Siedel | 41 |
| 2.3.1.3 | Techniques de sur-relaxation et de sous-relaxation | 42 |
| 2.3.2 | Méthodes de gradient | 43 |
| 2.3.2.1 | Gradient à pas fixe | 43 |
| 2.3.2.2 | Gradient à descente maximale | 44 |

| | | |
|----------|--|-----------|
| 2.3.3 | Exemples de méthodes d'optimisation non convexe | 44 |
| 2.3.3.1 | Recuit simulé | 45 |
| 2.3.3.2 | Méthode GNC | 46 |
| 3 | Méthode utilisée | 48 |
| 3.1 | Description générale | 48 |
| 3.2 | Traitement tridimensionnel | 49 |
| 3.2.1 | Définition de l'objet original tridimensionnel | 49 |
| 3.2.2 | Propriétés des images tomographiques et de l'objet sous-jacent | 49 |
| 3.2.3 | Formulation tridimensionnelle du problème | 51 |
| 3.3 | Champ de Markov 3D | 53 |
| 3.4 | Choix du potentiel d'interaction | 56 |
| 3.5 | Expression du critère | 59 |
| 3.6 | Optimisation du critère : approche duale | 60 |
| 3.6.1 | Minimisation par rapport aux variables de lignes | 65 |
| 3.6.2 | Minimisation par rapport aux pixels | 66 |
| 3.7 | Mise en œuvre | 68 |
| 3.7.1 | Résumé du modèle | 68 |
| 3.7.2 | Description générale de l'algorithme | 69 |
| 3.7.3 | Algorithme optimisé | 70 |
| 3.7.3.1 | Principe | 71 |
| 3.7.3.2 | Réduction du problème en deux dimensions | 72 |
| 3.7.3.3 | Calcul récursif du terme de convolution | 73 |
| 3.7.3.4 | Récapitulation détaillée de l'algorithme | 77 |
| 4 | Résultats obtenus et discussion | 79 |
| 4.1 | Rappel des objectifs | 79 |
| 4.2 | Images simulées 2D | 80 |
| 4.3 | Images simulées 3D | 84 |

| | | |
|-----|---|------------|
| 4.4 | Images tomographiques d'un fantôme | 88 |
| 4.5 | Application au fémur | 92 |
| 4.6 | Comparaison des volumes de calcul en 2D et 3D | 94 |
| | Conclusion | 98 |
| | Références | 100 |
| | Annexes | 106 |

Liste des tableaux

| | | |
|-----|--|----|
| 3.1 | Coefficients d'atténuation massique de divers tissus biologiques pour une énergie photonique de 40 keV donnés par Macovski (1983). | 51 |
| 4.1 | Volumes de données des deux séries d'images tomographiques traitées. | 96 |
| 4.2 | Temps de calcul pour les deux séries d'images tomographiques traitées. | 96 |

Liste des figures

| | | |
|-----|---|--------|
| 1 | Schéma d'une prothèse totale du genou de type Maxim commercialisée par Biomet et quelques unes des étapes chirurgicales nécessaires à son implantation : (a) vue générale de la prothèse (b) résection du tibia (c), (d), (e) et (f) résection du fémur (images tirées du site Internet de Biomet à l'adresse: http://www.biomet.com). | xxviii |
| 2 | Photographie comparative de la partie fémorale de deux prothèses du genou différentes : modèle commercial à gauche et prothèse personnalisée du Dr. Gariépy à droite | xxix |
| 3 | Schéma de principe des étapes du projet commun de fabrication de prothèses personnalisées du genou | 2 |
| 2.1 | Exemple de restauration par la méthode des moindres carrés : (a) image simulée originale, (b) image brute (floue et bruitée, avec un RSB de 25 dB) et (c) image restaurée. | 13 |
| 2.2 | Voisinages hiérarchisés les plus simples et types des cliques correspondantes : (a) premier ordre et (b) deuxième ordre. | 29 |
| 2.3 | Valeurs des potentiels de cliques à 4 éléments suivant les configurations des variables de lignes proposées par Geman et Geman (1984). | 34 |

- 2.4 Fonctions de pénalité conçues pour préserver les discontinuités et comparées au modèle gaussien (en pointillés): (a) potentiel quadratique tronqué de Blake et Zisserman (1987) (b) proposition de Geman et McClure (1987), de la forme $\rho(u) = \frac{u^\gamma}{(1+u^\gamma)}$, tracée pour $\gamma = 2$, qui tend vers 1 pour les grandes valeurs. 38
- 2.5 De petites variations entre deux réalisations du même signal aléatoire peuvent conduire à des estimées très différentes dans le cas non convexe, du fait de la présence de minima locaux. 39
- 2.6 Fonctions de pénalité convexes conçues pour restaurer les discontinuités comparées au modèle gaussien (en pointillés): (a) potentiel de la forme $\rho(u) \propto \log \cosh(u)$, proposé par Green (1990), (b) fonction de Huber, proposée par Stevenson et Delp (1990), qui est symétrique et définie par :
$$\begin{cases} \rho(u) = u^2 & \text{si } 0 \leq |u| \leq T \\ \rho(u) = T^2 + 2T|u - T| & \text{si } |u| > T \end{cases}$$
 tracée pour $T = 0,5$ et (c) modèle gaussien généralisé proposé par Sauer et Bouman (1993) qui conduit à la forme $\rho(u) \propto |u|^q$ tracée pour $q = 1,4$ 39
- 3.1 Schéma illustrant la relation entre les images et l'objet 3D sous-jacent. 50
- 3.2 Apparence de différents tissus biologiques présents au niveau de la cuisse : (a) coupe anatomique du fémur (b) image tomographique correspondante (images tirées de *The Visible Human Data Set* accessible à l'adresse Internet : <http://www.nlm.nih.gov/research/visible>). 52
- 3.3 Géométrie du champ de Markov 3D choisi comme modèle *a priori* : (a) voisinage d'un pixel (région grise) dans son propre plan de coupe et dans les plans adjacents et (b) cliques à deux éléments correspondantes. 56
- 3.4 Différents types de potentiels d'interaction : (a) potentiel quadratique, (b) quadratique tronqué et (c) compromis convexe. 57

| | | |
|-----|---|----|
| 3.5 | Comparaison du potentiel de variation totale utilisé dans notre algorithme avec le modèle gaussien (en pointillés). Les asymptotes ont aussi été représentées (en traits mixtes). | 58 |
| 3.6 | Représentation schématique de la façon dont les images sont balayées par l'algorithme (en 2D) et des variables qui sont mises à jour à chaque itération. | 70 |
| 4.1 | Illustration des dégradations induites par le tomographe: (a) image originale qui serait produite par un appareil parfait, (b) réponse impulsionnelle (PSF) du tomographe, qui n'est pas ponctuelle, (c) image floue, résultat de la convolution par la PSF de l'image originale et (d) image finalement recueillie (avec un niveau de bruit de 10 dB). | 82 |
| 4.2 | Résultats de la restauration d'images simulées à différents niveaux de bruit. | 83 |
| 4.3 | Résultats de la restauration d'une image simulée par filtrage de Wiener et par notre approche par champ de Markov, puis segmentation, comparés aux images brute et originale. | 85 |
| 4.4 | Superposition des contours de la série d'images simulées. | 86 |
| 4.5 | Exemples de restaurations 2D et 3D d'une coupe particulière (tirée d'une série d'images simulées) et contours obtenus par segmentation. | 87 |
| 4.6 | Superposition de tous les contours restaurés de l'ellipsoïde. | 88 |
| 4.7 | Exemples de restaurations 3D tirés d'une série d'images tomographiques d'un ellipsoïde de dimensions connues. | 89 |
| 4.8 | Contours d'une suite de coupes obtenus après restauration (trait plein) comparés aux contours réels (pointillés): (a) méthode 2D et (b) méthode 3D. | 90 |
| 4.9 | Exemples de restaurations tirés d'une série d'images tomographiques d'un fémur humain. | 93 |

| | |
|---|-----|
| 4.10 Comparaison des profils : (a) une image tomographique et (b) la même image restaurée. | 94 |
| 4.11 Contours extraits de la restauration d'une série d'images tomographiques d'un fémur humain : (a) projection dans le plan de coupe et (b) représentation 3D. | 95 |
| A.1 Résultats comparés de restauration d'un signal dégradé par une PSF variable : (a) signal original, (b) signal brut, (c) signal restauré avec la PSF correcte, (d) avec la PSF moyenne, (e) avec la PSF la plus étroite et (f) avec la plus large. Les erreurs quadratiques avec l'original sont respectivement : 1,61 ; 1,62 ; 1,68 et 1,60. | 108 |
| A.2 Simulation des effets de volume partiel sur les images tomographiques : (a) schéma de l'objet imagé (cylindre d'environ 1 cm de diamètre, 4 mm de hauteur et 1 mm d'épaisseur), (b) coupes simulées avec un faisceau de rayons X infiniment fin aux endroits indiqués A, B et C et (c) coupes simulées avec un faisceau d'une épaisseur de 1 mm aux mêmes endroits. | 109 |
| B.1 Photographie extérieure du fantôme utilisé pour déterminer la PSF. | 112 |
| B.2 Image tomographique du fantôme : (a) image brute complète et (b) détail du centre de l'image précédente. | 113 |
| C.1 Sous-ensembles utilisés pour le codage (le pixel marqué k appartient à $L^{(k)}$) : (a) voisinage du premier ordre (4 voisins) et (b) du deuxième ordre (8 voisins). | 119 |

Liste des sigles et abréviations

2D : bidimensionnel ;

3D : tridimensionnel ;

EM : formulation de l'espérance puis maximisation (*Expectation-Minimization*) ;

GCV : validation croisée généralisée (*Generalized Cross-Validation*) ;

GNC : non convexité graduelle (*Graduated Non-Convexity*) ;

GRF : champ aléatoire de Gibbs (*Gibbs Random Field*) ;

MAP : maximum *a posteriori* ;

MF : champ moyen (*Mean Field*) ;

ML : maximum de vraisemblance (*Maximum Likelihood*) ;

MRF : champ aléatoire de Markov (*Markov Random Field*) ;

OCV : validation croisée ordinaire (*Ordinary Cross-Validation*) ;

PSF : réponse impulsionnelle (*Point Spread Function*) ;

SIG : *Silicon Graphics, Inc.* ;

SSUA : algorithme de mise à jour pixel par pixel (*Single Site Update Algorithm*).

Liste des notations

Notations en 2D (chapitre 2) :

\mathbf{X} : matrice représentant l'image originale ;

\mathbf{Z} : matrice représentant l'image brute ;

\mathbf{B} : matrice représentant le bruit additif présent dans l'image brute ;

h : PSF du système d'imagerie (fonction 2D) ;

\mathbf{h} : matrice représentant la PSF ;

\mathbf{x} : vecteur formé par la concaténation des colonnes (ou des lignes) de \mathbf{X} et représentant donc l'image originale ;

\mathbf{z} : vecteur formé par la concaténation des colonnes (ou des lignes) de \mathbf{Z} et représentant donc l'image brute ;

\mathbf{b} : vecteur formé par la concaténation des colonnes (ou des lignes) de \mathbf{B} et représentant donc le bruit additif présent dans l'image brute ;

\mathbf{H} : matrice de convolution.

Notations en 3D (chapitre 3) :

$\mathbf{X}^{(i)}$: matrice représentant l'image originale d'indice i ;

$\mathbf{Z}^{(i)}$: matrice représentant l'image brute d'indice i ;

$\mathbf{B}^{(i)}$: matrice représentant le bruit additif présent dans l'image brute d'indice i ;

h : PSF du système d'imagerie (fonction 2D) ;

\mathbf{h} : matrice représentant la PSF ;

$\mathbf{x}^{(i)}$: vecteur formé par la concaténation des colonnes (ou des lignes) de $\mathbf{X}^{(i)}$ et représentant donc l'image originale d'indice i ;

$\mathbf{z}^{(i)}$: vecteur formé par la concaténation des colonnes (ou des lignes) de $\mathbf{Z}^{(i)}$ et représentant donc l'image brute d'indice i ;

$\mathbf{b}^{(i)}$: vecteur formé par la concaténation des colonnes (ou des lignes) de $\mathbf{B}^{(i)}$ et représentant donc le bruit additif présent dans l'image brute d'indice i ;

\mathbf{C} : matrice de convolution 2D ;

\mathbf{x} : vecteur formé par la concaténation de tous les vecteurs $\mathbf{x}^{(i)}$ et représentant donc l'objet 3D original ;

\mathbf{z} : vecteur formé par la concaténation de tous les vecteurs $\mathbf{z}^{(i)}$ et représentant donc l'objet 3D brut ;

\mathbf{b} : vecteur formé par la concaténation de tous les vecteurs $\mathbf{b}^{(i)}$ et représentant donc le bruit additif présent dans l'ensemble 3D des images ;

\mathbf{H} : matrice de convolution 3D.

Notations communes :

\mathbf{x} : vecteur inconnu à estimer ;

\mathcal{X} : ensemble des valeurs admissibles de \mathbf{x} ;

$\hat{\mathbf{x}}$: estimé de \mathbf{x} ;

$J(\mathbf{x})$: critère qui définit l'estimé $\hat{\mathbf{x}}$;

λ : paramètre de pondération entre la fidélité aux données et celle au modèle ;

L : support des champs aléatoires (de Markov ou Gibbs) ;

η_i : voisinage du pixel i ;

η : système de voisinage, ensemble des voisinages de tous les pixels ;

\mathcal{C} : ensemble des cliques ;

\mathcal{C}_2 : ensemble des cliques à deux éléments, c'est-à-dire des paires de pixels voisins ;

u_c : gradient d'intensité au sein de la clique c ;

V_c : potentiel de clique associé à la clique c ;

φ ou φ_δ : fonction de pénalité (qui dépend de δ) ;

δ : paramètre d'échelle de la fonction de pénalité ;

l_c : variable de ligne correspondant à la clique c ;

\mathbf{l} : vecteur des variables de ligne ;

$J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l})$: critère augmenté par l'introduction des variables de lignes ;

$[\mathbf{v}]_i$: élément d'indice i du vecteur \mathbf{v} ;

$[\mathbf{M}]_{i,j}$: élément d'indice (i, j) de la matrice \mathbf{M} ;

τ : bijection qui associe un indice dans $\{1, 2, \dots, nm\}$ à chaque couple d'indices dans $\{1, 2, \dots, n\} \times \{1, 2, \dots, m\}$ et qui définit la façon dont les éléments d'une image matricielle sont ordonnés dans le vecteur correspondant.

Liste des annexes

| | |
|--|------------|
| A Sources de dégradation de l'image | 106 |
| A.1 Réponse impulsionnelle non-ponctuelle | 106 |
| A.1.1 Modèle linéaire | 106 |
| A.1.2 Approximation stationnaire | 107 |
| A.2 Effets de volume partiel | 109 |
| B Identification de la PSF | 111 |
| C Estimation des hyperparamètres | 114 |
| C.1 Définition du problème | 114 |
| C.2 Maximum de vraisemblance et méthodes reliées | 116 |
| C.2.1 Pseudo-vraisemblance | 117 |
| C.2.2 Méthode de codage | 119 |
| C.2.3 Approximation de point de selle | 120 |
| C.2.4 Approximation de champ moyen | 121 |
| C.3 Ajustement par moindres carrés | 123 |
| C.4 Méthode EM | 123 |
| C.5 Méthodes de validation croisée | 125 |

Avant-propos

Bien que la pose d'une prothèse du genou soit de plus en plus fréquente (1915 cas au Québec en 1994), c'est une opération chirurgicale assez lourde puisqu'elle nécessite de retailler les os fémoral et tibial. En effet, la forme interne de la prothèse est très simple (quelques faces planes) et ne correspond pas à celle des os sur lesquels elle doit s'adapter. En voyant quelques unes des étapes chirurgicales nécessaires à la pose d'une telle prothèse (cf. figure 1), il est facile de comprendre que, une fois la prothèse implantée, il est très délicat de la retirer. En règle générale, ce type de prothèse ne permet qu'une seule révision. Or, il est actuellement inévitable que la prothèse s'use ou que l'interface avec l'os se détériore. Ceci limite sa durée de vie à environ 8–10 ans.

Toutes ces raisons font que les prothèses de ce type, qui sont commercialisées et implantées à l'heure actuelle, sont généralement réservées à des patients assez âgés (au moins 55 ans en pratique). À partir de ces constatations, l'ambition du projet dans lequel s'inscrit mon travail est de fournir, dans certains cas, une alternative à cette prothèse « classique » sous la forme d'une prothèse adaptée à la morphologie du patient. Cette nouvelle prothèse « personnalisée » s'adapterait à la surface osseuse telle quelle, avec les avantages suivants :

- des opérations chirurgicales réduites, d'où des coûts plus faibles et un confort accru pour le patient ;
- pas de découpe des os, ce qui permettrait ultérieurement d'implanter une pro-

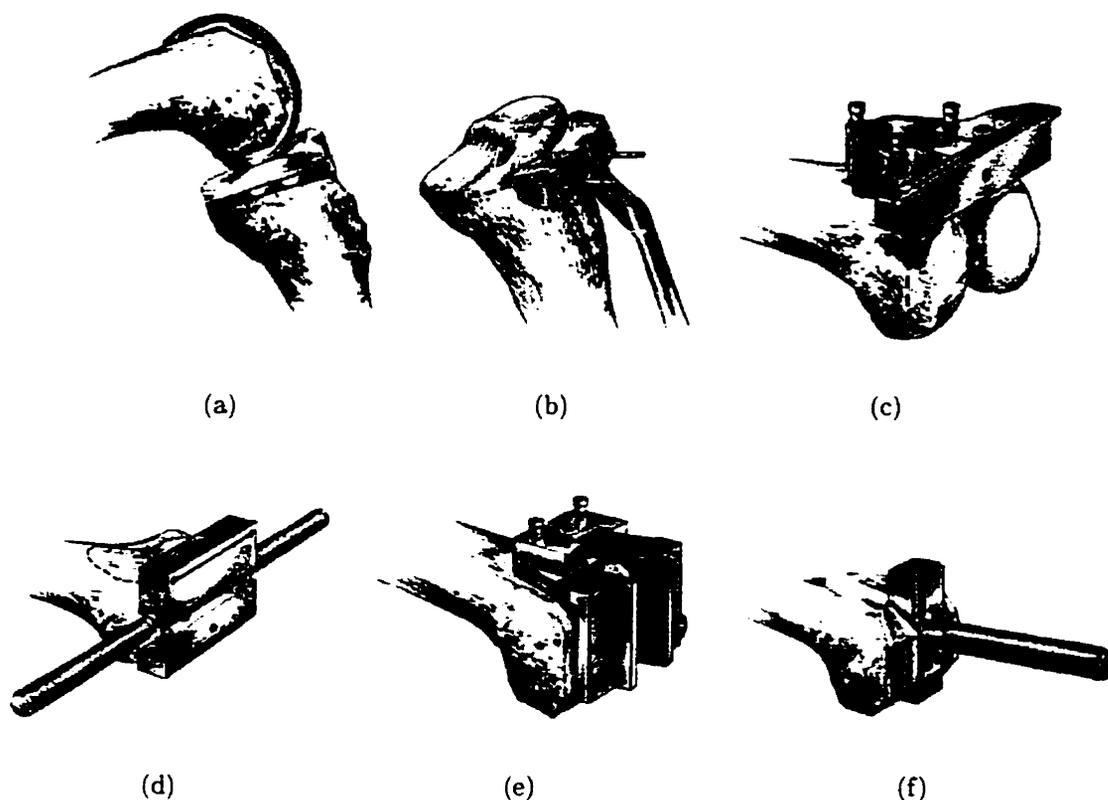


FIGURE 1 – Schéma d'une prothèse totale du genou de type Maxim commercialisée par Biomet et quelques unes des étapes chirurgicales nécessaires à son implantation : (a) vue générale de la prothèse (b) résection du tibia (c), (d), (e) et (f) résection du fémur (images tirées du site Internet de Biomet à l'adresse : <http://www.biomet.com>).

thèse classique si nécessaire ;

- une forme qui respecterait celle de l'articulation, d'où la possibilité de n'implanter qu'une demi-prothèse sur le fémur (hémiarthroplastie).

Même si ce nouveau type de prothèse ne convient que dans certains cas, notamment lorsque les os eux-mêmes ne sont pas abîmés (ostéoarthrite par exemple), il permet d'envisager le traitement de patients plus jeunes et dans de meilleures conditions.

En fait, cette idée n'est pas nouvelle. Le point de départ de notre travail s'appuie sur les travaux du docteur Gariépy, dans les années 1960–1970. À titre d'exemple, la figure 2 représente une prothèse du Dr. Gariépy comparée à un modèle du commerce.



FIGURE 2 – Photographie comparative de la partie fémorale de deux prothèses du genou différentes : modèle commercial à gauche et prothèse personnalisée du Dr. Gariépy à droite

Cependant, ses travaux ont été entravés par la difficulté de reproduire avec précision la forme de la surface du fémur des patients. Sa méthode nous paraît en effet bien invasive : il procédait à une opération préliminaire pendant laquelle il prenait l’empreinte des parties accessibles à l’aide de plâtre de Paris, comme pour des empreintes dentaires. Les parties cachées étaient quant à elles reproduites approximativement à partir d’images radiologiques. Il faisait ensuite fabriquer la prothèse à partir de ce moule par un laboratoire dentaire et il l’implantait au cours d’une seconde opération. Malgré ces difficultés, il a démontré que les prothèses personnalisées offraient une alternative avantageuse le cas échéant et certaines de ses prothèses ont duré jusqu’à 15 ans.

Aujourd’hui, les progrès spectaculaires de l’imagerie médicale relancent l’intérêt des prothèses personnalisées parce qu’elle offre des moyens peu invasifs d’accéder à l’anatomie bidimensionnelle (2D) ou tridimensionnelle (3D) des patients.

Introduction

Ce travail, mené sous la direction du professeur Yves Goussard, n'est qu'une étape d'un projet commun¹ de fabrication de prothèses personnalisées du genou. Le schéma de la figure 3 illustre les différentes étapes qui aboutissent à la prothèse adaptée à la géométrie particulière du genou d'un patient. La pierre d'achoppement d'une prothèse sur mesure est la précision avec laquelle elle coïncide avec la surface osseuse. En effet, l'articulation du genou est soumise à des contraintes énormes et le moindre écart entre les surfaces de l'os et de la prothèse engendrerait une fatigue accrue et éventuellement une rupture du matériau. Or, la durée de vie d'une prothèse conventionnelle étant d'environ 8–10 ans, la prothèse personnalisée devrait résister au moins aussi longtemps pour être acceptée dans les milieux médicaux. Des études ont estimé que cette exigence correspond à une précision entre les surfaces de l'os et de la prothèse inférieure à un millimètre. C'est cet objectif qui préside à la réalisation du projet commun et qui nécessite que toutes les étapes soient soigneusement optimisées.

En particulier, l'étape qui nous intéresse est l'étape de restauration des images tomographiques. Dans le chapitre 1 nous décrivons le cadre général de la restauration d'images et nous essayons d'analyser ce qui fait la particularité du cas étudié. Ensuite, dans le chapitre 2, nous passons en revue les techniques de restauration les plus utilisées afin de déterminer laquelle s'adapte le mieux aux contraintes définies précédemment. Cette revue de littérature est prolongée par l'étude des principales

1. génie biomédical à l'École polytechnique de Montréal, génie mécanique à l'École de technologie supérieure de Montréal et Groupe des problèmes inverses dépendant du CNRS en France

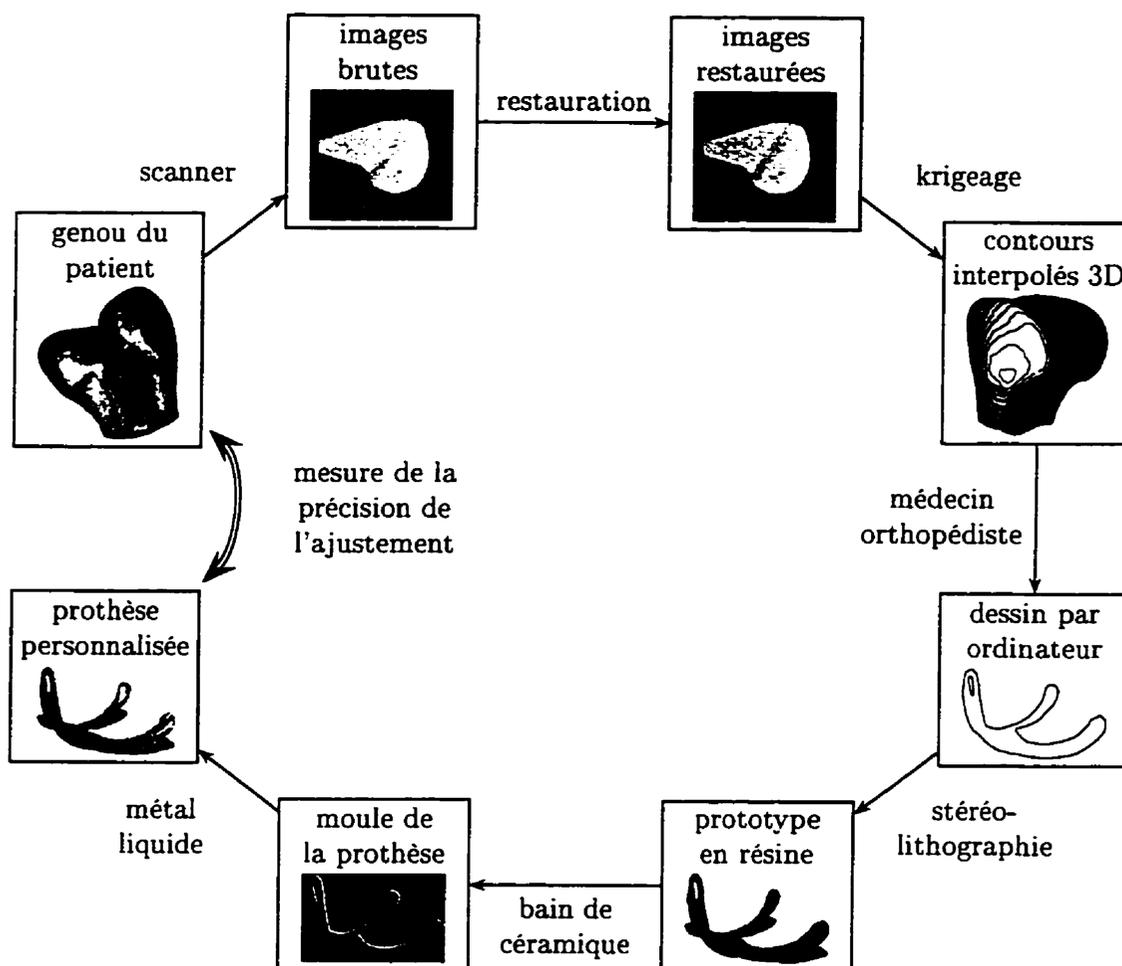


FIGURE 3 – Schéma de principe des étapes du projet commun de fabrication de prothèses personnalisées du genou

méthodes d'optimisation. À partir de ces comparaisons, dans le chapitre 3, nous décrivons en détails la méthode que nous avons utilisée, en définissant notamment les champs de Markov 3D et les potentiels de cliques. Puis, dans le chapitre 4, nous analysons les résultats obtenus, avec des images simulées ainsi que des images réelles. Enfin, nous concluons à la lumière des résultats et des objectifs fixés par les exigences du projet commun.

Chapitre 1

Cadre de l'étude

1.1 La restauration d'images

L'origine des techniques de restauration d'images coïncide avec le développement des programmes spatiaux américain et soviétique des années 1950–1960. En effet, lors des missions spatiales comme Ranger, Lunar Orbiter ou Mariner, de nombreuses images de la Terre et des planètes, jusqu'alors inaccessibles, furent transmises. Les conditions difficiles (vibration et rotation des astronefs) engendraient de nombreuses dégradations qui réduisaient la valeur scientifique de ces photographies. Pour une des premières fois, il devenait important de récupérer le maximum d'information d'une image dégradée et les techniques de traitement du signal ont vite été étendues à deux dimensions pour donner ce que l'on connaît aujourd'hui sous le nom de «restauration d'images».

Les applications les plus courantes incluent toujours l'astronomie et l'observation satellite (civile et militaire), mais aussi des applications de plus en plus nombreuses dans l'électronique grand-public (télévision, vidéo, téléconférence) et surtout, puisque c'est ce qui nous intéresse ici, l'imagerie médicale.

Signalons aussi que depuis quelques années, la restauration d'images est utilisée par la police pour récolter des indices, le plus souvent à partir de cassettes de vidéo-

surveillance de mauvaise qualité ou de photographies floues de plaques d'immatriculation. Banham et Katsaggelos (1997) citent même l'exemple d'images restaurées par leur laboratoire qui ont été pour la première fois présentées dans un procès et acceptées comme preuves. Malheureusement, les résultats sont encore loin de ceux présentés par certains films comme *Patriot Games*¹ où la restauration d'une image satellite permet de distinguer un homme d'une femme!

1.2 Définition du problème et hypothèses

Le but de la restauration est de retrouver la scène originale alors que tout ce dont on dispose est une image dégradée ou image brute.

Notons que, pour améliorer la précision des images tomographiques, on pourrait penser travailler directement à partir des projections. Cependant, une telle approche requiert la connaissance du fonctionnement du tomographe qui peut être différent d'un appareil à l'autre. En pratique, les fabricants ne divulguent pas facilement ce genre d'informations et, pour y avoir accès, il faudrait choisir un modèle particulier de tomographe. Dans le but de proposer une méthode applicable quel que soit le type de scanner, nous avons, au contraire, choisi de travailler sur les images tomographiques reconstruites.

Dans notre cas, les données brutes sur lesquelles nous travaillons sont des images tomographiques en deux dimensions qui représentent les coupes du genou du patient. Ce sont des images numériques décrites par une matrice $Z = \{Z(i, j)\}$, tandis que les objets originaux (les coupes du genou) sont représentées par des matrices $X = \{X(i, j)\}$, où les indices (i, j) appartiennent au support L . Le fonctionnement physique du tomographe axial induit deux distorsions dans le processus de formation d'image (cf. annexe A):

- la convolution par la réponse impulsionnelle bidimensionnelle (en anglais *Point*

1. film de Phillip Noyce (1992) adapté du roman de Tom Clancy

Spread Function, PSF) du tomographe, qui n'est pas ponctuelle ;

- la présence de bruit aléatoire additif.

Dans notre cas, la PSF, h , est supposée connue et surtout invariante spatialement (cf. annexe A, paragraphe A.1.2). En pratique, la PSF de chaque tomographe est estimée préalablement suivant le protocole expérimental décrit dans l'annexe B. L'image résultante s'écrit alors :

$$Z(i, j) = \sum_{(k,l) \in L} h(i - k, j - l) X(k, l) + B(i, j), \quad (1.1)$$

soit

$$\mathbf{Z} = \mathbf{h} * \mathbf{X} + \mathbf{B}. \quad (1.2)$$

Cependant, en concaténant les lignes ou les colonnes des images, (1.2) peut s'écrire sous forme d'un produit matrice-vecteur :

$$\mathbf{z} = \mathbf{H}\mathbf{x} + \mathbf{b}, \quad (1.3)$$

où \mathbf{z} , \mathbf{x} et \mathbf{b} sont les vecteurs image, objet et bruit respectivement et \mathbf{H} est la matrice de convolution. Cette forme linéaire est le point de départ de toutes les méthodes de restauration d'images que nous étudierons et c'est la forme que nous utiliserons dans la suite.

De plus, le bruit est supposé être un bruit blanc gaussien, c'est-à-dire qu'il est modélisé par un champ de variables aléatoires indépendantes qui suivent une loi normale centrée de variance donnée $\sigma_b^2(i, j)$. En pratique, cette hypothèse n'est pas exactement vérifiée. En particulier, il est connu que le bruit des images tomographiques est corrélié. Mais c'est avant tout une hypothèse simplificatrice qui n'a que peu d'influence sur le résultat final.

Dans ce contexte, le but de la restauration d'images est ici de retrouver l'objet \mathbf{x} à partir de son image dégradée \mathbf{z} . Cependant, à cause de la présence du bruit aléatoire,

l'image restaurée n'est jamais qu'une estimée de l'objet de départ.

1.3 Objectifs

Les images tomographiques présentent une particularité rarement rencontrée en traitement de l'image : ce sont des coupes 2D d'un objet 3D. Par conséquent, elles sont reliées entre elles et cette connaissance supplémentaire, si elle est prise en compte, doit permettre d'améliorer la restauration. C'est pour cette raison que nous pensons que les images doivent être considérées dans leur ensemble et restaurées simultanément. De plus, les hypothèses *a priori* habituelles (douceur, continuité par morceaux) doivent s'appliquer à l'objet 3D sous-jacent et non pas seulement à la section que représente une image particulière.

Dans l'optique du projet auquel nous prenons part, l'objectif de la restauration des images tomographiques n'est pas tant d'améliorer leur qualité visuelle que d'augmenter la précision de la prothèse. Or, son dessin s'appuie sur les contours obtenus après restauration. Notre objectif principal sera donc d'obtenir une localisation très précise des discontinuités. Parmi les systèmes d'imagerie disponibles, la tomographie par rayons X est un de ceux qui fournit les images les plus fidèles. De plus, cette technique a été choisie parce qu'elle permet de bien distinguer les os des autres tissus. Cependant, pour obtenir un bon contraste et donc des images de bonne qualité, le patient doit subir une dose de rayons X élevée et le flou caractéristique de l'appareil demeure. Comme nous l'avons mentionné en introduction, la précision requise est de moins d'un millimètre, ce qui est de l'ordre de un à deux pixels, d'où la nécessité de réduire les effets du flou et du bruit pour délimiter avec une plus grande exactitude les contours osseux.

Enfin, pour une application médicale à un coût raisonnable, il est important que la restauration ne soit pas trop exigeante en puissance de calcul. Parmi les différentes techniques qui ont déjà été utilisées et que nous allons passer en revue, ces considé-

rations vont nous aider à sélectionner l'approche qui nous paraît la mieux adaptée à notre cas.

Chapitre 2

Revue de littérature

2.1 Introduction

Dans le domaine de la restauration d'images, le nombre de méthodes particulières qui ont déjà été proposées rend la situation un peu confuse. Nous avons regroupé les principales d'entre elles dans un effort pour dégager les différentes approches théoriques. Cette revue de littérature reflète en quelque sorte la démarche que nous avons suivie afin de choisir l'approche permettant de résoudre notre problème particulier. Elle n'est pas exhaustive, mais plutôt progressive, du plus simple au plus complexe. En général, lorsque les méthodes les plus simples ne suffisent pas à résoudre le problème de façon satisfaisante, il faut faire appel à des techniques plus raffinées. Cependant, le maître mot de cette quête de l'approche la mieux adaptée à notre situation est « compromis ». En effet, il faut bien comprendre que l'introduction de modèles plus complexes se fait au détriment de la facilité de mise en œuvre. À l'extrême, la lourdeur des calculs peut rendre une méthode trop complexe inutilisable dans une situation donnée. Nous allons essayer de justifier nos choix en examinant les alternatives et en répondant à chaque fois à la question suivante : « Est-il nécessaire d'avoir recours à une méthode plus complexe pour résoudre notre problème de façon satisfaisante ? »

2.2 Méthodes de restauration classiques

2.2.1 Choix du domaine de travail

Les méthodes de restauration d'images peuvent être séparées en deux groupes distincts suivant qu'elles opèrent directement dans le domaine spatial ou dans un autre domaine (domaine fréquentiel pour la transformation de Fourier par exemple). Bien que ces dernières soient très utilisées pour le traitement de signaux quelconques parce que leurs caractéristiques connues *a priori* s'expriment facilement en termes de fréquence ou de bande-passante, les images sont plus facilement décrites dans le domaine spatial. Ainsi, les notions de flou, de douceur d'une image ou de texture, traduisent des connaissances *a priori* visuelles. Cependant, lorsque les images ne sont que des représentations abstraites en deux dimensions (champ de potentiel pour détecter la présence de particules et les caractériser ou carte des résistivités au sein d'un matériau pour détecter les fissures ou les impuretés), une transformation dans un autre domaine peut faciliter leur traitement.

C'est pour ces raisons que nous nous cantonnerons au domaine spatial. D'ailleurs, dans bien des cas, le formalisme reste le même. Par exemple, la transformation de Fourier de l'équation (1.2) conduit directement à l'analogie de l'équation (1.3) puisque la convolution devient simplement un produit. Cela explique que certaines méthodes, comme le filtrage de Wiener, sont utilisées aussi bien dans le domaine spatial que dans le domaine fréquentiel (Andrews et Hunt, 1977).

Notons, enfin, qu'une autre transformation joue depuis plus récemment un rôle important pour la restauration d'images : les ondelettes (Banham et Katsaggelos, 1996; Kim et Woods, 1994; Malfait et Roose, 1997; Starck et Bijaoui, 1994). Dans ce cas, le problème est aussi transposé dans un autre domaine où la restauration est opérée. Malgré des résultats parfois très convaincants, cette approche présente l'inconvénient de manquer d'un cadre théorique suffisamment cohérent. Le choix de l'onde-mère ainsi que les opérations effectuées sur la décomposition (troncature par

exemple) sont encore très fortement heuristiques et liés à une application particulière. Il est donc important de signaler son utilisation, mais nous ne décrirons pas cette méthode en détails car cette revue de littérature se veut la plus analytique possible.

L'accent est mis sur la progression depuis les méthodes les plus simples jusqu'aux méthodes les plus abouties en essayant de rendre clairs les apports de chaque méthode et ses limitations, dans l'optique du choix pour une application particulière. Ainsi, les méthodes les plus simples sont les méthodes explicites d'inversion directe.

2.2.2 Méthodes de résolution par inversion directe

Ces méthodes permettent l'écriture explicite de l'estimée (directement en fonction des données). Par leur caractère universel et leur simplicité, ce sont des méthodes fréquemment utilisées pour résoudre des problèmes linéaires simples sans information *a priori*.

Sans tenir compte du bruit dans (1.3), ce qui revient à supposer un rapport signal/bruit (RSB) infini, la solution du problème inverse est l'image \mathbf{x} qui, transformée par le tomographe en $\mathbf{H}\mathbf{x}$ est la plus proche de l'image brute \mathbf{z} effectivement recueillie. Pour cela, il faut définir une mesure d'erreur entre les données observées \mathbf{z} et le résultat du modèle $\mathbf{H}\mathbf{x}$. Par simplicité, on utilise le plus souvent une distance quadratique pour mesurer cette erreur. Avec ce choix, la solution estimée est celle qui minimise le critère des moindres carrés :

$$\hat{\mathbf{x}}_0 = \arg \min_{\mathbf{x}} \{\|\mathbf{z} - \mathbf{H}\mathbf{x}\|^2\}. \quad (2.1)$$

D'après cette équation, l'estimée des moindres carrés fournit le résultat $\mathbf{H}\hat{\mathbf{x}}_0$ le plus proche des données brutes (au sens de la distance quadratique). Nous verrons plus loin comment cette solution optimale $\hat{\mathbf{x}}_0$ servira de référence pour évaluer la fidélité aux données d'une solution quelconque.

2.2.2.1 Inversion directe

Le cas le plus simple se produit pour \mathbf{H} inversible (donc nécessairement carrée), ce qui donne immédiatement :

$$\hat{\mathbf{x}}_0 = \mathbf{H}^{-1} \mathbf{z}. \quad (2.2)$$

2.2.2.2 Estimateur des moindres carrés

Dans le cas plus général où \mathbf{H} n'est pas inversible (dans notre cas, \mathbf{H} n'est même pas carrée), $\mathbf{H}^t \mathbf{H}$ est toujours carrée. Si, de plus, il est possible de l'inverser, la solution du problème des moindres carrés prend la forme habituelle :

$$\hat{\mathbf{x}}_0 = (\mathbf{H}^t \mathbf{H})^{-1} \mathbf{H}^t \mathbf{z}. \quad (2.3)$$

La simplicité apparente de cette écriture cache la difficulté d'inverser une matrice de grande dimension. En effet, la taille de la matrice \mathbf{H} augmente comme le carré de la taille des images. Ainsi, pour une image de 320×320 pixels, ce qui est notre cas, \mathbf{H} sera une matrice 100 000×100 000 environ. Pour éviter de lourds calculs, il est possible de tirer parti de certaines approximations. La plus courante consiste à compléter l'image originale par des zéros jusqu'à ce que les convolutions linéaire et circulaire soient équivalentes. \mathbf{H} qui est en général une matrice Toeplitz par blocs Toeplitz devient une matrice circulante par blocs circulants. Or, une matrice circulante est facilement diagonalisable par une transformée de Fourier discrète (TFD). Dans ce cas, \mathbf{H} peut s'écrire :

$$\mathbf{H} = \mathbf{U}^t \mathbf{D} \mathbf{U}, \quad (2.4)$$

où \mathbf{U} est une matrice orthogonale et \mathbf{D} une matrice diagonale formée des coefficients de la TFD de \mathbf{H} . En notant \mathcal{Z} , \mathcal{X} et \mathcal{H} les TFD respectives de l'image brute \mathbf{z} , de l'image originale \mathbf{x} et de la matrice de convolution \mathbf{H} , la TFD de l'équation 2.3 donne :

$$\mathcal{H}^* \mathcal{H} \mathcal{X} = \mathcal{H}^* \mathcal{Z}. \quad (2.5)$$

Cette forme définit la TFD de \mathbf{x} pour toutes les fréquences discrètes ν :

$$\mathcal{X}(\nu) = \frac{\mathcal{H}^*(\nu)\mathcal{Z}(\nu)}{|\mathcal{H}(\nu)|^2}, \quad (2.6)$$

et il suffit, pour trouver l'image originale \mathbf{x} , d'opérer la transformation inverse.

2.2.2.3 Inversion généralisée

Enfin, dans le cas où $\mathbf{H}^t \mathbf{H}$ n'est pas inversible, on peut définir l'inverse généralisé de \mathbf{H} , noté \mathbf{H}^\dagger , par la formule :

$$\mathbf{H}^\dagger = \lim_{u \rightarrow 0} (\mathbf{H}^t \mathbf{H} + u\mathbf{I})^{-1} \mathbf{H}^t. \quad (2.7)$$

D'où l'estimée :

$$\hat{\mathbf{x}}_0 = \mathbf{H}^\dagger \mathbf{z}. \quad (2.8)$$

qui est la solution de norme minimale dans l'ensemble des solutions admissibles.

2.2.2.4 Influence du bruit

Malheureusement, dans notre cas, la construction de la matrice de convolution rend ces méthodes inutilisables. En effet, en termes d'optimisation, la matrice \mathbf{H} est dite « mal conditionnée » et l'estimée $\hat{\mathbf{x}}_0$ qui en découle est très instable vis-à-vis du bruit. Une variation minime de l'image brute liée au bruit peut entraîner de grandes variations de l'estimée : le bruit est en quelque sorte amplifié. La figure 2.1 présente un exemple de restauration par la méthode des moindres carrés d'une image simulée pourtant assez peu bruitée. Sur l'image restaurée, le bruit brouille complètement les contours de l'image originale, qui sont à peine perceptibles. Le résultat médiocre obtenu montre clairement que cette approche est inadaptée à notre situation.

Notons, tout de même, qu'il existe des méthodes pour réduire l'influence du bruit dans le calcul de l'inverse généralisé (Saint-Felix, 1988). La version la plus commune

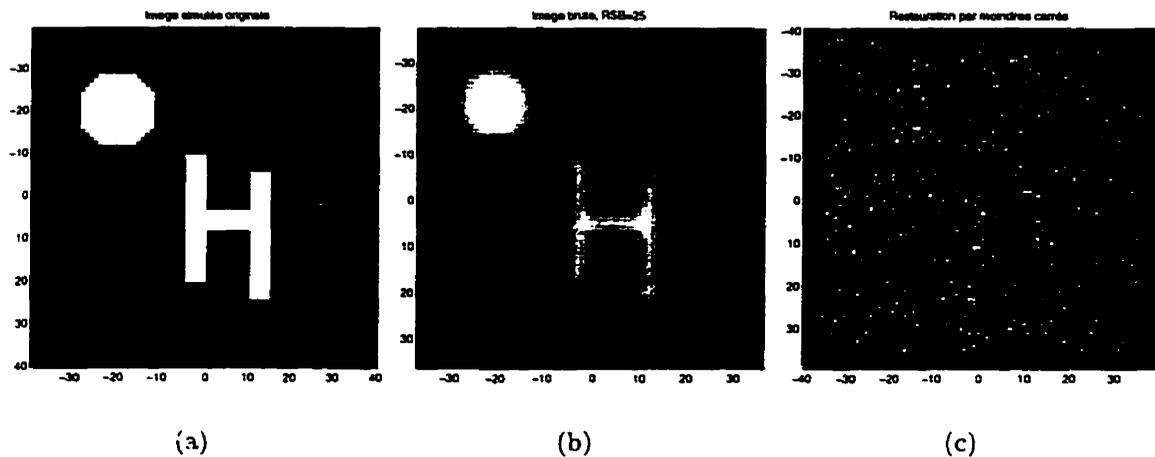


FIGURE 2.1 – Exemple de restauration par la méthode des moindres carrés : (a) image simulée originale, (b) image brute (floue et bruitée, avec un RSB de 25 dB) et (c) image restaurée.

est la méthode connue sous le nom de «décomposition tronquée en valeurs singulières» ou TSVD, de l'anglais *truncated singular value decomposition* (Andrews et Hunt, 1977). Cette troncature permet de contrôler la dimension de l'espace des solutions, qui sont alors bien conditionnées. Cette méthode revient à exploiter un contraste entre un signal «basse-fréquence» et un bruit à «large bande», mais elle ne supprime vraiment que les composantes «haute-fréquence» du bruit. Des variantes plus raffinées ont donc été proposées sous la forme de «décompositions pondérées en valeurs singulières» (Whaba, 1982). Cependant, elles sont plus difficiles à interpréter et sont très peu utilisées.

En fait, d'un point de vue plus général, ces techniques, utilisées pour réduire l'instabilité en présence de bruit, peuvent aussi être interprétées comme des exemples particuliers de régularisation. La régularisation est en effet une approche plus générale qui s'applique aux situations (comme la nôtre) où les estimées explicites obtenues avec les méthodes précédentes ne donnent pas des résultats satisfaisants. Ces cas peu favorables sont désignés par le terme de problèmes « mal posés », que nous allons définir dans le paragraphe suivant.

2.2.3 Problèmes mal posés et régularisation

Les méthodes précédentes (2.2), (2.3) et (2.8) ne tiennent pas compte du bruit. Par conséquent, pour que les solutions ainsi obtenues restent valables, il faudrait que l'influence du bruit soit négligeable. Or, ce n'est pas le cas et la figure 2.1 montre clairement que ces méthodes explicites sont inadaptées à notre situation. Plus rigoureusement, une solution est acceptable si les trois conditions suivantes, données par Hadamard (Tikhonov et Arsenin, 1977) comme définition d'un problème « bien posé », sont vérifiées :

- (i) il existe une solution pour toute image observée ;
- (ii) cette solution est définie de façon unique ;
- (iii) elle dépend continûment des données.

Ces conditions, dans le cas du problème « inverse » de $\mathbf{z} = \mathbf{H}\mathbf{x}$ qui nous intéresse, sont équivalentes, respectivement, aux conditions suivantes (Demoment, 1989) :

- (i) $\mathbf{z} \in \text{Im}(\mathbf{H})$;
- (ii) $\text{Ker}(\mathbf{H}) = 0$;
- (iii) $\text{Im}(\mathbf{H})$ est un espace fermé.

Dans le cas d'une PSF h de carré sommable (c'est le cas dans la plupart des applications pratiques, dont la nôtre), le théorème de Riesz-Frechet indique que l'opérateur \mathbf{H} est borné et compact. Cependant, l'image $\text{Im}(\mathbf{H})$ d'un opérateur compact n'est pas fermée en général donc la condition (iii) n'est pas remplie et le problème est mal posé au sens d'Hadamard. Dans le cas particulier où \mathbf{H} est de dimension finie (ce qui correspond à notre cas), $\text{Im}(\mathbf{H})$ est en fait fermée et le problème n'est pas mal posé au sens strict, il est mal conditionné. Cette notion théoriquement distincte se traduit en pratique par un comportement similaire des solutions et nous ne ferons pas la distinction.

Dans tous les cas, il en résulte une grande variabilité des images restaurées face au bruit présent (cf. figure 2.1). Cela rend les méthodes explicites vues jusqu'ici inutilisables en pratique et impose la redéfinition du problème pour qu'il devienne bien posé. C'est justement le propos de la régularisation.

2.2.3.1 Principe

Pour diminuer l'influence du bruit, l'idée est d'adoucir l'image restaurée. En fait, il est plus ou moins implicite que l'objet de départ présente une certaine continuité qui est perdue par les estimateurs directs parce qu'ils font apparaître de grandes variations « locales » dues au bruit. Le principe est donc de lisser l'image restaurée, le moins possible pour qu'elle reste fidèle à l'objet de départ, mais suffisamment pour que le problème devienne bien-posé. En contrepartie, alors que l'estimateur des moindres carrés est non biaisé et de variance minimale, le lissage introduit nécessairement un biais. Le compromis de la régularisation consiste à accepter un certain biais pour permettre de diminuer la variance de l'estimée, ce qui se traduit par un meilleur comportement vis-à-vis du bruit. Bien sûr, si le biais est trop grand, l'image restaurée est trop lissée et reflète trop les contraintes qui lui ont été imposées *a priori* plutôt que l'information contenue dans l'image brute.

Ainsi, la situation peut être décrite par deux extrêmes : une solution non biaisée que nous avons notée \hat{x}_0 et une solution complètement lissée, \hat{x}_∞ . Cette dernière est souvent une image uniforme mais permet, dans d'autres cas, d'introduire des connaissances *a priori* sur la structure de l'image. Il est ainsi possible d'effectuer un compromis entre l'information contenue dans les données et celle connue *a priori*. En effet, entre ces deux extrêmes, il existe une infinité de choix. On appellera alors « prescription » un parcours paramétré permettant de passer de \hat{x}_0 à \hat{x}_∞ et « paramètre de régularisation » l'abscisse sur ce parcours (Titterington, 1985).

Le problème ainsi énoncé se ramène au choix, tout d'abord, de critères pour optimiser la solution, puis d'une prescription qui en découle et, enfin, du paramètre de

régularisation optimal. Plaçons-nous dans l'ensemble \mathcal{X} de toutes les solutions possibles. Pour évaluer la fidélité d'une solution \mathbf{x} par rapport aux données d'une part et à la version lissée ou modélisée $\hat{\mathbf{x}}_\infty$ d'autre part, on définit des distances $\Delta_1(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}_0)$ et $\Delta_2(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}_\infty)$ respectivement. Nous verrons plus tard comment choisir ces distances en accord avec le modèle choisi pour $\hat{\mathbf{x}}_\infty$. On peut ensuite les pondérer suivant l'importance relative accordée à la fidélité à $\hat{\mathbf{x}}_\infty$ par rapport à la fidélité à $\hat{\mathbf{x}}_0$ (notée μ et comprise entre 0 et $+\infty$). Dès lors, on définit une prescription raisonnable, qui est une fonction de μ , de la façon suivante :

$$\mu \longmapsto \hat{\mathbf{x}}(\mu) = \arg \min_{\mathbf{x} \in \mathcal{X}} \{J_\mu(\mathbf{x})\}, \quad (2.9)$$

$$\text{avec } J_\mu(\mathbf{x}) = \Delta_1(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}_0) + \mu \Delta_2(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}_\infty), \quad (2.10)$$

où μ est par définition le paramètre de régularisation.

La régularisation a été définie de manière très générale : le choix d'une prescription se ramène au choix des distances Δ_1 et Δ_2 . Les propriétés requises pour ces distances sont assez faibles. En fait, ce ne sont pas nécessairement des distances au sens strict, seulement des fonctions positives qui ne s'annulent que pour des arguments identiques et elles peuvent ne pas être symétriques sans que cela pose problème. Si $\hat{\mathbf{x}}_\infty$ est bien une image régulière, ces quelques propriétés sur les distances Δ_1 et Δ_2 suffisent à régulariser le problème.

Notons que, en pratique, on peut choisir ces distances pour que le critère régularisé $J_\mu(\mathbf{x})$ soit convexe ; il n'existe alors qu'un minimum global et la minimisation est simplifiée.

Nous allons maintenant discuter des différents choix qui ont été proposés pour ces distances de régularisation. Ils dépendent notamment du modèle lissé $\hat{\mathbf{x}}_\infty$ choisi.

2.2.3.2 Choix des distances de régularisation

$\Delta_1(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}_0)$ mesure la fidélité aux données de \mathbf{x} . Dans le cas où la matrice de covariance du bruit est $\sigma^2 \mathbf{I}$, on utilise souvent la distance quadratique pondérée :

$$\Delta_1(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}_0) = \|\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0\|_{\mathbf{W}}^2 \text{ avec } \mathbf{W} = \mathbf{H}^t \mathbf{H}. \quad (2.11)$$

En effet, en comparant la distance ainsi définie et la distance entre les données et l'erreur quadratique entre les données \mathbf{z} et la prédiction du modèle $\mathbf{H}\mathbf{x}$, on obtient :

$$\begin{aligned} \|\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0\|_{\mathbf{H}^t \mathbf{H}}^2 - \|\mathbf{z} - \mathbf{H}\mathbf{x}\|^2 &= (\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0)^t \mathbf{H}^t \mathbf{H} (\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0) - (\mathbf{z} - \mathbf{H}\mathbf{x})^t (\mathbf{z} - \mathbf{H}\mathbf{x}) \\ &= \mathbf{x}^t \mathbf{H}^t \mathbf{H} \mathbf{x} - 2\mathbf{x}^t \underbrace{\mathbf{H}^t \mathbf{H} \hat{\mathbf{x}}_0}_{\mathbf{H}^t \mathbf{z}} + \hat{\mathbf{x}}_0^t \mathbf{H}^t \mathbf{H} \hat{\mathbf{x}}_0 \\ &\quad - \mathbf{z}^t \mathbf{z} + 2\mathbf{x}^t \mathbf{H}^t \mathbf{z} - \mathbf{x}^t \mathbf{H}^t \mathbf{H} \mathbf{x} \\ &= \hat{\mathbf{x}}_0^t \mathbf{H}^t \mathbf{H} \hat{\mathbf{x}}_0 - \mathbf{z}^t \mathbf{z} \\ &= -(\mathbf{z}^t \mathbf{z} - 2\hat{\mathbf{x}}_0^t \underbrace{\mathbf{H}^t \mathbf{H} \hat{\mathbf{x}}_0}_{\mathbf{H}^t \mathbf{z}} + \hat{\mathbf{x}}_0^t \mathbf{H}^t \mathbf{H} \hat{\mathbf{x}}_0) \\ &= -(\mathbf{z} - \mathbf{H}\hat{\mathbf{x}}_0)^t (\mathbf{z} - \mathbf{H}\hat{\mathbf{x}}_0) \end{aligned}$$

Finalement, on voit que cette distance se ramène à l'erreur quadratique entre les données \mathbf{z} et la prédiction du modèle $\mathbf{H}\mathbf{x}$ diminuée de la valeur minimale que cette erreur peut prendre (d'après la définition de l'estimée des moindres carrés (2.1)) :

$$\|\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0\|_{\mathbf{H}^t \mathbf{H}}^2 = \|\mathbf{z} - \mathbf{H}\mathbf{x}\|^2 - \|\mathbf{z} - \mathbf{H}\hat{\mathbf{x}}_0\|^2. \quad (2.12)$$

Dans d'autres cas, on peut considérer que la variance du bruit dépend des régions de l'image observée, avec une matrice de covariance correspondante $\Sigma = \text{diag}(\sigma_i^2)$, et on choisira la distance :

$$\Delta_1(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}_0) = \|\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0\|_{\mathbf{W}}^2 \text{ avec } \mathbf{W} = \mathbf{H}^t \Sigma^{-1} \mathbf{H}. \quad (2.13)$$

De la même façon, cette distance est égale à une constante près à une mesure d'erreur pondérée entre les données \mathbf{z} et la prédiction du modèle $\mathbf{H}\mathbf{x}$:

$$\|\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0\|_{\mathbf{H}^t \boldsymbol{\Sigma}^{-1} \mathbf{H}}^2 = \sum_i [z_i - (\mathbf{H}\mathbf{x})_i]^2 / \sigma_i^2 + \text{Constante}. \quad (2.14)$$

Pour Δ_2 , le choix est plus large et dépend de $\hat{\mathbf{x}}_\infty$. Cependant, les choix pratiques sont beaucoup moins variés que pourraient le laisser supposer les faibles contraintes sur les Δ . Voici les formes les plus courantes :

Distance quadratique ou euclidienne

$$\begin{aligned} \Delta_Q(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) &= \sum_i (\mathbf{x}_{1i} - \mathbf{x}_{2i})^2 \\ &= (\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2)^t (\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2) \\ &= \|\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2\|^2. \end{aligned} \quad (2.15)$$

C'est une des façons les plus simples de mesurer l'écart entre deux images (l'estimée et un modèle *a priori*). Cette distance est donc surtout choisie parce qu'elle conduit à un critère simple à minimiser.

Distance quadratique pondérée

$$\begin{aligned} \Delta_{QP}(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) &= \sum_i \sum_j w_{ij} (\mathbf{x}_{1i} - \mathbf{x}_{2i})(\mathbf{x}_{1j} - \mathbf{x}_{2j}) \\ &= (\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2)^t \mathbf{W} (\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2) \\ &= \|\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2\|_{\mathbf{W}}^2, \end{aligned} \quad (2.16)$$

avec une matrice \mathbf{W} symétrique définie positive.

Cette distance est un peu plus élaborée que la simple distance euclidienne, ce qui permet d'attribuer des pondérations différentes aux pixels de l'image. La mise en œuvre est aussi un peu plus compliquée.

Distances de Kullback-Liebler

Dans le cas où les images ne sont composées que de valeurs positives (intensités par exemple), il est possible de travailler sur une « image normalisée » qui est définie par les proportions : $p_i = x_i / \sum_j x_j$.

Bien que la distance quadratique (pondérée) soit aussi applicable aux proportions p , une distance fréquemment utilisée dans ce cas est :

$$\Delta_{KL}(p_1, p_2) = \sum_i p_{1i} \log(p_{1i}/p_{2i}). \quad (2.17)$$

qui, d'ailleurs, est un exemple non symétrique en général. Il peut être interprété comme la variation d'entropie de la distribution x_1 par rapport à la distribution x_2 (Burch *et al.*, 1983; Frieden, 1972; Gull et Skilling, 1984; Kikuchi et Soffer, 1977). On souhaite parfois obtenir des images restaurées positives. Cette distance permet d'introduire cette condition de façon indirecte et donne de meilleurs résultats de restauration qu'en imposant directement la positivité. En contrepartie, les critères qui en découlent sont complexes et la mise en œuvre est plus lourde.

Mesures d'irrégularité

La plupart du temps, en l'absence d'une connaissance *a priori* suffisante de l'objet, le choix pour \hat{x}_∞ est une image « ultra-lissée » de densité uniforme. Par conséquent, puisqu'il s'agit d'un critère à minimiser, l'expression de la distance $\Delta_2(x, \hat{x}_\infty)$ omet souvent \hat{x}_∞ et devient celle d'une fonction de x uniquement, qui est appelée « mesure d'irrégularité ». Ces fonctions traduisent des propriétés locales de continuité ; en voici quelques exemples :

- $\Phi_0(x) = \sum_i \sum_j (x_i - x_j)^2$;
- à partir d'une distance quadratique pondérée : $\Phi_{QP}(x) = x^t W x = \|x\|_W^2$ où W est une matrice définie positive qui traduit des continuités supposées de l'objet à plus ou moins grande échelle (Hunt, 1970) ;

– à partir de la distance de Kullback-Liebler :

$$- \Phi_{KL1}(\mathbf{x}) = \sum_i p_i \log p_i,$$

$$- \text{ou } \Phi_{KL2}(\mathbf{x}) = - \sum_i \log p_i.$$

Finalement, avec cette formulation, le critère à minimiser s'écrit :

$$J_\mu(\mathbf{x}) = \Delta_1(\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0) + \mu\Phi(\mathbf{x}). \quad (2.18)$$

Le nom «mesures d'irrégularité» reflète le fait que le critère favorise les images pour lesquelles ces fonctions Φ sont faibles ; c'est-à-dire les images les plus uniformes – les plus lissées – possible. A la limite, on voit bien que, dans tous les cas, $\Phi(\mathbf{x}) \rightarrow 0$ quand $\mathbf{x} \rightarrow \text{image uniforme}$.

Notons qu'il est facile de réécrire ces fonctions sous la forme des distances définies précédemment. Ainsi, si l'on suppose que $\hat{\mathbf{x}}_\infty$ est une image uniforme de valeur a pour tous les pixels :

$$\Phi_0(\mathbf{x}) = \sum_i \sum_j (x_i - x_j)^2 = \sum_i \sum_j ((x_i - a) - (x_j - a))^2 = \Phi_0(\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_\infty). \quad (2.19)$$

De même, dans ce cas, les proportions de $\hat{\mathbf{x}}_\infty$ sont toutes égales à a/N où N est le nombre de pixels, et on a :

$$\Phi_{KL1}(\mathbf{x}) = \sum_i p_i \log p_i = \sum_i p_i \log \frac{p_i}{a/N} + \log(a/N) = \Delta_{KL}(p, \hat{p}_\infty) + \log(a/N). \quad (2.20)$$

Fonctions d'énergie locales

Dans le même cadre, il arrive que ces fonctions soient définies par des potentiels qui traduisent des propriétés locales que l'on attend de l'objet, comme l'uniformité ou la présence de bords (Besag, 1986; Chalmond, 1988; Geman et Geman, 1984). En combinant plusieurs types d'énergie (potentiel de bord, interaction avec les pixels), ces potentiels modélisent la structure favorisée. La solution doit minimiser ces énergies,

qui sont bien difficiles à déterminer à partir des mesures et donc choisies empiriquement. Nous verrons que cette approche s'intègre mieux à l'approche bayésienne mais le principe reste la minimisation du critère :

$$J_\mu(\mathbf{x}) = \Delta_1(\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0) + \underbrace{\mu[E_1(\mathbf{x}) + \cdots + E_k(\mathbf{x})]}_{\text{énergie totale}}. \quad (2.21)$$

Il faut remarquer qu'une situation particulièrement favorable est obtenue en choisissant pour Δ_1 et Δ_2 des distances quadratiques (pondérées). Nous avons vu que c'était presque toujours le cas pour Δ_1 et cela permet de calculer explicitement et simplement le gradient du critère par rapport à \mathbf{x} et donc de trouver l'expression formelle du minimum $\hat{\mathbf{x}}(\mu)$.

Même si de nombreux exemples de distances ont été proposés, les distances les plus souvent utilisées sont les distances quadratiques. Nous allons donc développer cet exemple pour aborder le problème de la mise en œuvre d'une méthode de régularisation, sachant que la matrice \mathbf{H} , comme nous l'avons déjà souligné, est de très grande taille. Il faut noter que la popularité de cette approche réside surtout dans le fait qu'il existe des solutions explicites et des méthodes numériques efficaces pour les calculer.

2.2.3.3 Exemple-type: l'utilisation de distances quadratiques pondérées

C'est un des cas classiques de régularisation, peut-être le plus courant, qui utilise des formes quadratiques pondérées comme distances. La solution est définie comme l'argument qui minimise le critère $J_\mu(\mathbf{x})$ sous sa forme habituelle (2.10). Précisément, les choix sont les suivants :

$$\Delta_1(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}_0) = \|\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0\|_{\mathbf{H}^t \mathbf{H}}^2 = (\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0)^t \mathbf{H}^t \mathbf{H} (\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0) \quad (2.22)$$

$$\text{et } \Delta_2(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}_\infty) = \|\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_\infty\|_Q^2 = (\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_\infty)^t \mathbf{Q} (\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_\infty), \quad (2.23)$$

où \mathbf{Q} est une matrice définie positive.

Ils permettent le calcul explicite du gradient du critère par rapport à \mathbf{x} :

$$\frac{\partial J_\mu(\mathbf{x})}{\partial \mathbf{x}} = 2\mathbf{H}^t \mathbf{H}(\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_0) + 2\mu \mathbf{Q}(\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_\infty). \quad (2.24)$$

La valeur minimale est donc obtenue pour $\hat{\mathbf{x}}(\mu)$ qui annule le gradient, i.e. :

$$\hat{\mathbf{x}}(\mu) = \hat{\mathbf{x}}_\infty + (\mathbf{H}^t \mathbf{H} + \mu \mathbf{Q})^{-1} \mathbf{H}^t (\mathbf{z} - \mathbf{H} \hat{\mathbf{x}}_\infty), \quad (2.25)$$

$$\text{car } \begin{cases} \mathbf{H}^t \mathbf{H} \hat{\mathbf{x}}_0 = \mathbf{H}^t \mathbf{z}, \\ (\mathbf{H}^t \mathbf{H} + \mu \mathbf{Q})^{-1} \mu \mathbf{Q} \hat{\mathbf{x}}_\infty = \hat{\mathbf{x}}_\infty - (\mathbf{H}^t \mathbf{H} + \mu \mathbf{Q})^{-1} \mathbf{H}^t \mathbf{H} \hat{\mathbf{x}}_\infty. \end{cases} \quad (2.26)$$

Nous ne discuterons pas ici de la façon dont la matrice \mathbf{Q} (définie positive) et le paramètre μ peuvent être choisis (Fortier *et al.*, 1993), mais lorsqu'ils sont fixés, la résolution se réduit à l'inversion de la matrice $(\mathbf{H}^t \mathbf{H} + \mu \mathbf{Q})$, ce qui peut être délicat en raison de sa grande taille.

Pour éviter cela dans les cas les plus courants, plusieurs méthodes ont été proposées, comme par exemple les techniques de filtrage itératif de Kalman (Saint-Felix *et al.*, 1987; Woods et Radewan, 1977). Souvent, ces méthodes tirent parti de cas particuliers :

- dans le cas où $(\mathbf{H}^t \mathbf{H} + \mu \mathbf{Q})$ est presque Toeplitz, le calcul itératif de son inverse, par filtrage de Kalman rapide (Chandrashakar), réduit considérablement la place requise en mémoire ;
- dans le cas où $(\mathbf{H}^t \mathbf{H} + \mu \mathbf{Q})$ est circulante, elle peut être diagonalisée par transformée de Fourier et son inverse est facilement calculé.

Pour résumer, toutes ces approches de régularisation définissent l'image restaurée en pondérant une solution non-biaisée mais instable $\hat{\mathbf{x}}_0$ (celle des moindres carrés) et une solution très régulière $\hat{\mathbf{x}}_\infty$ par l'intermédiaire d'un paramètre de régularisation μ . Nous avons vu que les choix pour définir la mesure d'irrégularité sont nombreux et

pas toujours définis de façon convaincante. Cette approche nous semble bien adaptée, avec le cas des distances quadratiques que nous venons de décrire, à l'introduction d'un lissage de l'image restaurée. Mais, dans notre cas, l'information *a priori* dont nous disposons sur les images tomographiques est plus complexe. En effet, une coupe tomographique idéale est formée de zones uniformes séparées par des discontinuités nettes. Si la seule condition de régularisation est un lissage de l'image, les contours des zones de l'image seront adoucis et ils perdront de leur précision. Or, pour délimiter la surface du fémur afin de fabriquer une prothèse, il est crucial de conserver ces discontinuités. Dans ce contexte, l'approche précédente se prête mal à l'introduction de façon cohérente d'un modèle plus élaboré. C'est pourquoi il est nécessaire de définir une approche plus générale, qui considère la formation d'image comme un processus stochastique. Il est alors possible de définir un modèle probabiliste plus complexe pour les images. Par opposition, l'approche précédente est parfois qualifiée de régularisation déterministe.

2.2.4 Interprétation bayésienne

Jusqu'à présent, toutes les formulations énoncées considéraient un objet déterministe auquel s'ajoute un bruit aléatoire. Au contraire, l'approche stochastique consiste à attribuer aussi à l'objet des caractéristiques stochastiques par le biais d'une densité de probabilité *a priori*, $p(\mathbf{x})$. À partir de cette hypothèse, la loi de Bayes fournit une relation entre les probabilités conditionnelles résultantes :

$$p(\mathbf{x}|\mathbf{z})p(\mathbf{z}) = p(\mathbf{z}|\mathbf{x})p(\mathbf{x}). \quad (2.27)$$

Dans ce cadre, $p(\mathbf{z}|\mathbf{x})$ est une connaissance *a priori* qui résulte de la connaissance du phénomène physique qui conduit de \mathbf{x} à \mathbf{z} (dans notre cas $\mathbf{z} = \mathbf{H}\mathbf{x} + \mathbf{b}$) puisqu'elle donne les probabilités des images possibles \mathbf{z} en fonction d'un objet de départ donné \mathbf{x} . Suivant la même logique, $p(\mathbf{x}|\mathbf{z})$ est dite « probabilité *a posteriori* » parce qu'elle

décrit les probabilités des objets de départ possibles \mathbf{x} susceptibles d'aboutir à une image donnée \mathbf{z} .

Le problème de restauration qui nous intéresse revient en fait à chercher \mathbf{x} connaissant \mathbf{z} , ce qui conduit à deux approches classiques (maximum de vraisemblance et maximum *a posteriori*).

La première ne nécessite aucune connaissance *a priori* de \mathbf{x} . Elle consiste à choisir comme estimateur pour \mathbf{x} la valeur qui donne la plus grande probabilité à l'image \mathbf{z} réellement obtenue connaissant \mathbf{x} . Cet estimateur est dit du « maximum de vraisemblance » (en anglais *Maximum Likelihood*, ML) et s'écrit :

$$\hat{\mathbf{x}}_{ML} = \arg \max_{\mathbf{x} \in \mathcal{X}} p(\mathbf{z}|\mathbf{x}). \quad (2.28)$$

La seconde conduit à l'estimateur du « maximum *a posteriori* » (MAP) qui est l'objet \mathbf{x} le plus probable connaissant \mathbf{z} . Cette définition est celle qui est la plus proche de l'interprétation intuitive de la restauration d'images, mais elle requiert de tenir compte de la probabilité *a priori* de \mathbf{x} . En effet, de la loi de Bayes découle directement la relation :

$$p(\mathbf{x}|\mathbf{z}) = p(\mathbf{z}|\mathbf{x})p(\mathbf{x})/p(\mathbf{z}). \quad (2.29)$$

Or, comme l'image \mathbf{z} est connue, la recherche d'un tel \mathbf{x} ne dépend pas de la valeur exacte de $p(\mathbf{z})$ qui est une constante. Pour \mathbf{z} fixé, ceci s'écrit :

$$p(\mathbf{x}|\mathbf{z}) \propto p(\mathbf{z}|\mathbf{x})p(\mathbf{x}). \quad (2.30)$$

D'où la forme de l'estimateur du maximum *a posteriori* (MAP) :

$$\hat{\mathbf{x}}_{MAP} = \arg \max_{\mathbf{x} \in \mathcal{X}} p(\mathbf{z}|\mathbf{x})p(\mathbf{x}). \quad (2.31)$$

L'introduction d'information *a priori* sur \mathbf{x} est l'élément qui permet de réduire l'instabilité causée par le bruit car tous les objets de départ ne sont plus aussi probables

les uns que les autres. Cette connaissance *a priori* de l'objet qui favorise certains objets plus uniformes et en pénalise d'autres plus chaotiques sera particulièrement explicite avec la notion de fonction de pénalité définie dans le cadre des potentiels de Gibbs (2.40).

Maintenant, si l'on revient à la forme générale du problème (1.3), $\mathbf{z} = \mathbf{H}\mathbf{x} + \mathbf{b}$, et si l'on suppose que le bruit \mathbf{b} est indépendant de \mathbf{x} , le comportement aléatoire de \mathbf{z} , lorsque \mathbf{x} est donné, ne provient que du bruit \mathbf{b} car le terme $\mathbf{H}\mathbf{x}$ est parfaitement déterminé. Ainsi, \mathbf{z} suit la même loi que \mathbf{b} simplement décalée en moyenne de $\mathbf{H}\mathbf{x}$.

Comme nous avons supposé un bruit blanc gaussien, centré et de matrice de covariance Σ , la densité de probabilité de \mathbf{b} s'écrit :

$$p(\mathbf{b}) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{N}{2}} |\Sigma|^{\frac{1}{2}}} \exp\left\{-\frac{1}{2} \mathbf{b}^t \Sigma^{-1} \mathbf{b}\right\}, \quad (2.32)$$

où N est la taille du vecteur \mathbf{b} , i.e. le nombre de pixels.

Donc, \mathbf{z} suivra la même loi que \mathbf{b} mais centrée en $\mathbf{H}\mathbf{x}$, c'est-à-dire :

$$p(\mathbf{z}|\mathbf{x}) \propto \exp\left\{-\frac{1}{2} (\mathbf{z} - \mathbf{H}\mathbf{x})^t \Sigma^{-1} (\mathbf{z} - \mathbf{H}\mathbf{x})\right\}, \quad (2.33)$$

où l'on reconnaît la distance Δ_1 définie par (2.13) avec Σ , la matrice de covariance du bruit. D'où :

$$p(\mathbf{z}|\mathbf{x}) \propto \exp\left\{-\frac{1}{2} \underbrace{\Delta_1(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}_0)}_D\right\}. \quad (2.34)$$

La correspondance avec la régularisation apparaît clairement. Pour compléter l'équivalence, il suffit d'exprimer la densité de probabilité *a priori* $p(\mathbf{x})$ sous la forme :

$$p(\mathbf{x}) \propto \exp\left\{-\frac{1}{2} \underbrace{\mu \Delta_2(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}_\infty)}_M\right\}. \quad (2.35)$$

Nous verrons que cette notation peut être retrouvée à partir des modèles *a priori* les plus courants que nous allons passer en revue.

On notera parfois D la fidélité aux données et M la fidélité au modèle *a priori*; le critère à minimiser s'écrira alors $E = D + M$.

2.2.4.1 Modèle gaussien

Si l'objet est modélisé par un champ uniforme gaussien de moyenne $\hat{\mathbf{x}}_\infty$ et de matrice de covariance \mathbf{W}^{-1} , sa densité de probabilité s'écrit :

$$p(\mathbf{x}) \propto \exp\{(\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_\infty)^t \mathbf{W} (\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}_\infty)\}, \quad (2.36)$$

où l'on reconnaît justement la distance quadratique pondérée définie par l'équation (2.17).

2.2.4.2 Maximum d'entropie

L'expression de l'entropie de l'image comme somme des entropies des pixels a amené la définition de la distance de Kullback-Liebler (2.17). En termes stochastiques, la densité de probabilité de l'image complète est donnée par le produit des densités de probabilité marginales à condition que l'on suppose tous les pixels indépendants. Cette hypothèse est difficile à vérifier en pratique.

2.2.4.3 Champs aléatoires de Markov et de Gibbs

Les champs aléatoires de Markov (en anglais *Markov Random Field*, MRF) sont des représentations d'objets dont les propriétés sont régies par des interactions locales (Derin et Kelly, 1989). Cette propriété est particulièrement adéquate pour modéliser des images dont les propriétés locales sont plutôt homogènes (zones uniformes ou de même texture) et nettement séparées (pas d'interaction à grande échelle). Les champs de Markov sont donc souvent utilisés comme modèles d'image aussi bien pour la restauration que pour la segmentation lorsque les images sont composées de parties distinctes soit uniformes (comme dans notre cas) soit de même texture

(décomposition d'images satellites).

Par définition, pour un champ de Markov, la probabilité conditionnelle d'un point connaissant tous les autres points ne dépend que des valeurs des points voisins. En posant que le support de l'objet est un maillage rectangulaire L (fini ou infini), on obtient la définition suivante : on appelle « champ aléatoire de Markov » par rapport à (L, η) tout champ X de support L tel que les densités de probabilités conditionnelles de ses éléments X_{ij} vérifient la relation suivante :

$$p(X_{ij}|X_{kl}, (k, l) \in \Omega) = p(X_{ij}|X_{kl}, (k, l) \in \eta_{ij}), \quad (2.37)$$

pour tout sous-ensemble Ω de L contenant le voisinage η_{ij} de (i, j) et ne contenant pas (i, j) .

Il reste simplement à définir plus rigoureusement la notion de « système de voisinages » η sur ce maillage. C'est l'ensemble :

$$\eta = \{\eta_{ij} \subset L, (i, j) \in L\}, \quad (2.38)$$

où η_{ij} , appelé « voisinage du pixel » (i, j) , doit simplement vérifier les propriétés suivantes :

$$\begin{cases} (i, j) \notin \eta_{ij}, \\ (k, l) \in \eta_{ij} \Rightarrow (i, j) \in \eta_{kl}. \end{cases} \quad (2.39)$$

La première signifie que le voisinage d'un pixel est un sous-ensemble du support qui ne contient pas le pixel lui-même. La seconde est une propriété de réciprocité : si un pixel donné appartient au voisinage d'un second pixel, alors ce dernier doit aussi appartenir au voisinage du premier (on dit que les deux pixels sont voisins).

Cette définition n'est pas très restrictive (tout processus aléatoire sur un domaine fini L est un MRF pour les voisinages $\eta_{ij} = L \setminus (i, j)$). Elle permet donc de construire une grande variété de modèles du type MRF. Il faut cependant noter que les MRF ne sont utiles qu'avec des voisinages restreints. En effet, leur intérêt réside, d'abord,

dans la description locale qui permet d'appliquer des méthodes de résolution locales et, ensuite, dans la possibilité d'écrire la probabilité *a priori* de l'objet, $p(\mathbf{x})$, sous une forme générale qui fait intervenir les potentiels de Gibbs.

En fait, dans le domaine de l'imagerie, les notions de champs aléatoires de Markov et de Gibbs sont souvent employées indifféremment. Rigoureusement, sur un support fini L , on appelle « champ de Gibbs » associé au système de voisinage η (en anglais *Gibbs Random Field*, GRF), tout champ X dont la densité de probabilité est de la forme :

$$p(X = \mathbf{x}) = \frac{1}{Z} \exp\left\{-\frac{1}{k_0 T} \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(\mathbf{x})\right\}, \quad (2.40)$$

où k_0 est une constante universelle, T est une constante (appelée température), Z est une constante de normalisation (appelée fonction de partition) et $U(\mathbf{x}) = \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(\mathbf{x})$ est la fonction d'énergie. Cette formulation est empruntée à la physique statistique, ce qui explique les noms qui ont été conservés.

L'ensemble c est une « clique », c'est-à-dire un ensemble de pixels (y compris les singletons) tels que deux pixels quelconques de cet ensemble sont toujours voisins au sens de l'équivalence :

$$(k, l) \in \eta_{ij} \Leftrightarrow (i, j) \in \eta_{kl}. \quad (2.41)$$

\mathcal{C} est l'ensemble des cliques associées au système (L, η) . Enfin, $V_c(\mathbf{x})$ est le potentiel associé à la clique c , qui peut être choisi arbitrairement, pour peu qu'il ne dépende que de la restriction de X à la clique c .

La figure 2.2 illustre les deux voisinages les plus utilisés. Celui dit du premier ordre comprend les 4 pixels adjacents et celui du deuxième ordre les 8 pixels les plus proches. Les cliques associées sont aussi représentées et l'on voit que le nombre de cliques différentes augmente rapidement avec la taille du voisinage.

Le résultat qui justifie, en pratique, l'amalgame entre les champs aléatoires de Markov et de Gibbs est le théorème de Hammersley-Clifford (Besag, 1974) valable

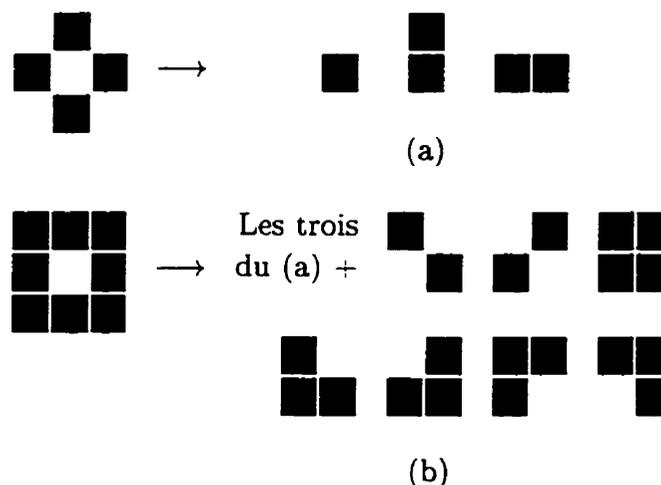


FIGURE 2.2 – *Voisinages hiérarchisés les plus simples et types des cliques correspondantes : (a) premier ordre et (b) deuxième ordre.*

sur tout support **fini** L :

X est un MRF associé à (L, η) tel que $p(X = \mathbf{x}) > 0$ pour tout \mathbf{x}

$\iff X$ est un GRF associé à (L, η) avec les cliques correspondantes. (2.42)

Comme nous travaillons toujours sur des supports finis, dans la suite, en supposant la condition $p(X = \mathbf{x}) > 0$, nous parlerons de MRF en leur associant des densités de probabilité de Gibbs.

Interprétation physique

Le principe qui préside à l'utilisation des MRF est hérité de la physique statistique. L'analogie avec la physique permet de bien comprendre le but et l'intérêt de cette modélisation. La situation la plus souvent citée en exemple est le problème d'un matériau ferromagnétique soumis à un champ magnétique. En modélisant le matériau par un ensemble d'aimants élémentaires ponctuels disposés sur une grille régulière, on obtient le modèle d'Ising (Ellis, 1985). L'hypothèse est que chaque aimant n'interagit

qu'avec ses plus proches voisins car, à plus grande distance, les effets magnétiques sont négligeables. Il existe un potentiel d'interaction entre deux aimants voisins : c'est le potentiel de clique pour cette clique formée de deux voisins. Pour toute autre clique, le potentiel est nul et on en déduit l'énergie totale en sommant sur tout le support. En physique statistique, d'après la loi de Boltzmann, la probabilité d'une configuration dépend de son énergie suivant une loi exponentielle négative. En exprimant l'énergie en fonction des potentiels d'interaction, on retrouve exactement (2.40). Ainsi, dans le domaine du traitement de l'image, en choisissant des cliques et les potentiels qui y sont associés, il est possible de définir des propriétés « physiques » souhaitables qui vont rendre certaines images plus probables que d'autres. Par exemple, pour le modèle d'Ising, il est probable que les orientations des aimants soient identiques sur des zones bien délimitées. Inversement, si les images que nous voulons restaurer sont formées de zones uniformes séparées par des discontinuités nettes, on peut choisir des cliques et des potentiels qui vont « favoriser » ce type de configuration : c'est ainsi qu'intervient la connaissance *a priori* des images. Idéalement, si l'on connaissait le modèle physique (si l'image représentait une carte de l'orientation des dipôles magnétiques du matériau précédent par exemple), il suffirait de l'intégrer tel quel dans le modèle. À défaut, le modèle *a priori* :

- (i) doit favoriser les images que l'on sait plus probables ;
- (ii) ne doit pas être trop compliqué, pour limiter le coût des calculs et pour rester facile à interpréter.

Nous allons décrire certaines classes de MRF conçues pour répondre à ces deux exigences dans des situations diverses. Par souci de concision, nous ne pouvons pas en faire l'inventaire complet, mais nous avons essayé de les regrouper pour en extraire les particularités pouvant être utiles dans notre cas particulier.

Exemples simples

Parmi les nombreux modèles envisagés par Besag (1986, section 4), le cas des

champs à valeurs discrètes (nombre fini de niveaux de gris ou de couleurs distinctes) suggère une façon simple de procéder. Notons $\{1, 2, \dots, m\}$ l'ensemble des couleurs possibles (ou des niveaux de gris dans l'ordre). L'image originale est modélisée par un champ de Markov avec une densité de probabilité de la forme définie par l'équation (2.47) :

$$p(\mathbf{x}) \propto \exp\left\{-\sum_{c \in \mathcal{C}} V_c\right\}, \quad (2.43)$$

où V_c est le potentiel d'une clique c particulière. Plus le terme $\sum_{c \in \mathcal{C}} V_c$ est grand, plus la probabilité de cette configuration est faible. En ramenant cette somme aux potentiels de cliques, on peut ainsi favoriser ou au contraire pénaliser certaines propriétés de l'image en choisissant convenablement V_c . Ainsi, en partant de l'hypothèse de régions uniformes dans l'image, l'auteur attribue une pénalité $V_c = \beta_{kl} > 0$ pour les cliques formées de deux pixels de couleurs différentes (avec la convention que $\beta_{kl} = \beta_{lk}$ et bien sûr $\beta_{kk} = 0$). Pour les cliques formées d'un singleton $\{i\}$ (le pixel i), si toutes les couleurs ne sont pas équiprobables, il définit un potentiel $V_c = \alpha_k$ qui dépend de la couleur du pixel i . Ainsi, la densité de probabilité prend une forme générale :

$$p(\mathbf{x}) \propto \exp\left\{-\sum_{1 \leq k \leq m} \alpha_k n_k - \sum_{1 \leq k < l \leq m} \beta_{kl} n_{kl}\right\}, \quad (2.44)$$

où n_k représente le nombre de pixels de couleur k et n_{kl} le nombre de paires de pixels de couleurs différentes k et l .

Dans la plupart des cas pratiques, en l'absence de connaissance *a priori* sur la répartition des couleurs (ou des niveaux de gris), le terme α_k est toujours pris égal à une valeur constante α , et peut donc être mis en facteur.

De plus, dans le cas de couleurs, la pénalité imposée à une clique formée de deux pixels de couleurs distinctes ne dépend pas, en général, des deux couleurs en question. On pose donc $\beta_{kl} = \beta$ pour toute paire de pixels voisins $\{k, l\}$. Ces deux hypothèses

simplicient énormément la formule de l'équation (2.44) qui devient :

$$p(\mathbf{x}) \propto \exp\{-\beta n_{\neq}\}, \quad (2.45)$$

où n_{\neq} représente le nombre de paires de pixels de couleurs différentes.

D'autre part, dans le cas de niveaux de gris régulièrement échelonnés, la différence entre deux pixels peut être quantifiée. Ainsi, si l'on suppose une certaine douceur des images, on peut pénaliser plus lourdement des écarts plus importants entre les pixels. Par exemple, l'auteur propose $\beta_{kl} = b_{|k-l|}$ où $\{b_1, b_2, \dots, b_{m-1}\}$ est une suite croissante (au sens large) de constantes. De même, si l'on ne veut pas trop pénaliser les discontinuités entre deux zones de l'image, il faut que cette suite soit rapidement constante. Quels que soient les choix pour β_{kl} , la forme générale utilisée en pratique est :

$$p(\mathbf{x}) \propto \exp\left\{-\sum_{1 \leq k < l \leq m} \beta_{kl} n_{kl}\right\}. \quad (2.46)$$

Cette méthode donne de bons résultats pour un nombre restreint de couleurs ou de niveaux de gris. De plus, la mise en œuvre de l'algorithme proposé (ICM pour *Iterated Conditional Modes*) est efficace et rapide. Malheureusement, l'approche discrète est mal adaptée dans le cas d'un grand nombre de niveaux de gris comme dans notre cas, car le traitement devient très lourd. C'est pourquoi nous avons plutôt choisi de modéliser l'image originale par un champ à valeurs continues.

Dans le cas de valeurs continues, pour répondre aux deux critères définissant le modèle *a priori*, la forme la plus communément utilisée en pratique ne prend en compte que les cliques formées de paires de pixels voisins, et, plus simplement encore, elle utilise des potentiels qui ne dépendent que de la différence entre les paires de pixels voisins. En effet, il est plus simple et plus facile à interpréter de définir des potentiels d'interaction de deux éléments voisins. Ce cas simplifié s'écrit :

$$p(\mathbf{x}) = \frac{1}{Z} \exp\left\{-\sum_{(i,j) \in L} \sum_{(k,l) \in \eta_{ij}} a_{kl}^{(ij)} \rho(x_{ij} - x_{kl})\right\}, \quad (2.47)$$

où les $a_{kl}^{(ij)}$ sont des constantes, Z est toujours une constante de normalisation, η_{ij} est le voisinage du pixel (i, j) (souvent du premier ou second ordre pour réduire la complexité) et, enfin, $\rho(\cdot)$ est une fonction dite de «pénalité». Dans la suite, nous allons nous restreindre à cette classe de MRF, la plus souvent décrite dans la littérature.

L'appellation « fonction de pénalité » vient du fait que cette fonction assigne une plus faible probabilité aux images ayant des propriétés indésirables, ce qui les empêche d'être choisies comme solution. Le choix de ρ est donc dicté par deux considérations :

- ρ doit refléter les informations *a priori* disponibles sur l'objet ;
- les propriétés de ρ doivent faciliter la résolution (notamment avec l'estimateur MAP).

La forme qui satisfait le plus immédiatement le second critère est :

$$\rho(u) = \left(\frac{u}{\sigma}\right)^2, \quad (2.48)$$

puisqu'on y reconnaît une distance quadratique pondérée qui se prête au calcul du gradient, donc au calcul de l'estimateur MAP. C'est tout simplement le cas gaussien étudié précédemment, qui apparaît alors comme un cas particulier de MRF.

Cependant, cette forme remplit mal la première condition. En effet, ρ devient vite grande pour des écarts importants entre pixels, ce qui pénalise trop les changements brusques qui se rencontrent fréquemment à l'interface entre deux milieux physiologiques aux propriétés différentes. Il en résulte que le modèle gaussien (c'est-à-dire une fonction de pénalité quadratique) est mal adapté à notre situation. Avec un tel modèle, restaurer avec précision les contours des zones d'une image nécessite, en contrepartie, de peu supprimer le bruit. Pour nous en convaincre, dans le chapitre consacré aux résultats, nous avons appliqué une méthode basée sur un modèle gaussien (le filtrage de Wiener) à une image simulée en essayant d'obtenir des contours précis. L'image restaurée ainsi obtenue (cf. figure 4.3) affiche un très haut niveau de bruit qui la rend presque illisible.

Il faut donc faire appel, dans notre cas, à une fonction de pénalité plus complexe. Ceci peut être fait en choisissant pour modèle une classe de MRF qui prend en compte les discontinuités entre les zones uniformes par le biais des lignes entre pixels.

Introduction d'un processus de ligne

Nous avons vu que la définition d'un MRF est basée sur la restriction à des interactions locales (2.37). Tant que cette condition est respectée, il est possible de construire n'importe quelle forme de MRF. En particulier, en attribuant des potentiels de cliques bien choisis, on peut jouer sur le comportement du MRF associé. Cette approche permet notamment de faire intervenir la notion de ligne entre les régions d'une image. Cette notion est essentielle dans le domaine de la segmentation d'image et très intéressante dans notre cas puisque nous recherchons justement un contour (le contour osseux du fémur).

Un exemple désormais classique est celui proposé par Geman et Geman (1984). Entre chaque pixel et ses plus proches voisins, ils définissent des variables appelées lignes (l) qui symbolisent la présence d'une frontière entre deux zones de l'image. Ces variables sont des variables binaires : $l_{ij} = 0$ si les deux pixels i et j appartiennent à la même région, et $l_{ij} = 1$ sinon. Le motif dessiné par ces lignes (les contours) n'est pas toujours cohérent surtout lorsque l'image est dégradée. C'est pourquoi les auteurs proposent de favoriser les configurations des lignes les plus vraisemblables et de pénaliser les autres, en s'intéressant aux cliques formées d'un carré de 4 pixels. Suivant le même modèle qu'au paragraphe précédent (2.43), cela se fait en définissant des potentiels de clique V_c différents suivant les cas, qui sont illustrés à la figure 2.3.

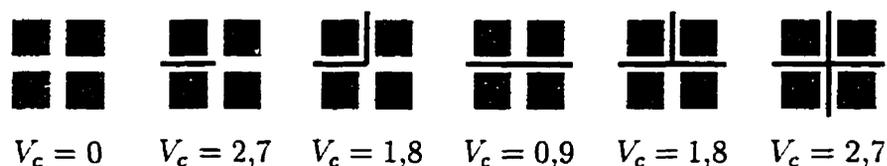


FIGURE 2.3 – Valeurs des potentiels de cliques à 4 éléments suivant les configurations des variables de lignes proposées par Geman et Geman (1984).

De plus, pour les interactions entre pixels, les cliques à deux éléments $c = \{i, j\}$ reçoivent un traitement particulier. En présence d'une ligne ($l_{ij} = 1$), les deux pixels appartiennent à des régions différentes et l'interaction est rompue. Dans ce cas, $V_c = 0$ quelles que soient les valeurs des pixels. Au contraire, en l'absence de ligne ($l_{ij} = 0$), l'interaction locale entre les pixels se traduit par le choix du potentiel de clique suivant : $V_c = -1$ si $i = j$ et $V_c = 1$ sinon.

Avec ces deux groupes de variables (les pixels et les lignes) la taille du problème est augmentée. Les exemples fournis se limitent à un petit nombre de valeurs possibles pour les pixels (3) car la mise en œuvre est très lourde. En effet, avec ce modèle composite, l'optimisation du critère pose un problème complexe. La méthode proposée fait appel au recuit simulé (cf. paragraphe 2.3.3.1). Toutes les autres variables étant fixées, «l'échantillonneur de Gibbs» génère une nouvelle valeur de la variable courante suivant sa loi de probabilité conditionnelle. Cette loi conditionnelle est contrôlée par un paramètre qui, lorsqu'il est ramené convenablement vers 0, assure la convergence vers le minimum global du critère. Cette approche stochastique exige de nombreuses itérations et est appliquée à un cas discret avec un nombre réduit de valeurs possibles, ce qui n'est pas notre cas, les images tomographiques étant typiquement constituées de 256 niveaux d'intensité (obtenus à partir des nombres CT variant généralement de -1000 à 1000 en ajustant le niveau et la largeur d'une fenêtre de visualisation). Notons qu'une extension aux variables continues a été proposée par Jeng et Woods (1990), mais elle requiert aussi l'utilisation du recuit simulé qui est une méthode très lourde à mettre en pratique.

Dans le même ordre d'idée, pour des champs à valeurs continues, Blake et Zisserman (1987) ont développé un modèle qui permet d'inclure le processus de ligne dans la fonction de pénalité. Les auteurs lui ont donné le nom de «modèle de chaîne faible» (en anglais *weak string model*) par analogie avec un modèle physique où l'interaction entre deux pixels voisins (ressort) peut être rompue si les pixels appartiennent à des zones distinctes. Ceci conduit à créer des « variables de lignes », $l_{kl}^{(ij)}$ qui sont des

variables binaires traduisant la présence d'une discontinuité entre les pixels (i, j) et (k, l) . S'ils appartiennent à des régions différentes ($l_{kl}^{(ij)} = 1$), alors il existe une énergie de ligne $\alpha_{kl}^{(ij)}$, mais plus d'énergie d'interaction entre les pixels. Au contraire, en l'absence de bords entre (i, j) et (j, k) ($l_{kl}^{(ij)} = 0$), on ne prend en compte que l'énergie d'interaction sous la forme gaussienne habituelle : $(x_{ij} - x_{kl})^2$. Au total, l'énergie, telle qu'elle a été définie précédemment, peut se mettre sous la forme :

$$-\frac{U(\mathbf{x}, l)}{k_0 T} = \sum_{(i,j) \in L} \sum_{(k,l) \in \eta_{ij}} (1 - l_{kl}^{(ij)}) a_{kl}^{(ij)} (x_{ij} - x_{kl})^2 + l_{kl}^{(ij)} \alpha_{kl}^{(ij)} = M. \quad (2.49)$$

Dans ce contexte, il faut minimiser le critère E du type $E = D + M$ où D est la fidélité aux données définie par $\Delta_1(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}_0)$, et M est la fidélité au modèle *a priori* que nous venons de définir avec un processus de ligne. En fait, M est une fonction des variables $(x_{ij} - x_{kl})$ et $l_{kl}^{(ij)}$ qui peut se mettre sous la forme :

$$M(\mathbf{x}, l) = \sum_{(i,j) \in L} \sum_{(k,l) \in \eta_{ij}} h_{a_{kl}^{(ij)}, \alpha_{kl}^{(ij)}}(x_{ij} - x_{kl}, l_{kl}^{(ij)}), \quad (2.50)$$

$$\text{avec } h_{a,\alpha}(u, l) = (1 - l)a(u)^2 + l\alpha. \quad (2.51)$$

Or, comme D ne dépend pas de l , on a :

$$\min_{\mathbf{x}, l} E = \min_{\mathbf{x}, l} (D(\mathbf{x}) + M(\mathbf{x}, l)) = \min_{\mathbf{x}} \underbrace{(D(\mathbf{x}) + \min_l M(\mathbf{x}, l))}_F. \quad (2.52)$$

Ainsi, en effectuant préalablement la minimisation par rapport aux $l_{kl}^{(ij)}$, on peut se débarrasser du processus de ligne en remplaçant le critère E par le nouveau critère à minimiser simplement par rapport à \mathbf{x} :

$$F = D + \sum_{(i,j) \in L} \sum_{(k,l) \in \eta_{ij}} g_{a_{kl}^{(ij)}, \alpha_{kl}^{(ij)}}(x_{ij} - x_{kl}), \quad (2.53)$$

$$\text{avec } g_{a,\alpha}(u) = \min_l h_{a,\alpha}(u, l). \quad (2.54)$$

En intégrant cette minimisation dans la nouvelle fonction g , les variables de ligne disparaissent. L'équation (2.53) définit donc g comme une fonction de pénalité, comme définie précédemment par l'équation (2.47). Avec une telle fonction de pénalité (tracée à la figure 2.4.a), le processus de ligne n'est pas explicite mais il est sous-jacent et définit le modèle. Cette approche est plus simple puisque seules les valeurs des pixels sont utiles pour restaurer l'image, sans devoir définir (et mettre à jour) les variables de lignes. Cependant, la minimisation du critère reste aussi problématique car ce dernier n'est pas convexe. Blake et Zisserman (1987) développent une méthode dite GNC (cf. paragraphe 2.3.3.2) pour mener à bien l'optimisation dans ce cas, mais sa mise en œuvre est aussi assez lourde (mais tout de même moins lourde que le recuit simulé).

Notons que nous avons décrit l'application du processus de ligne au modèle gaussien et à un potentiel de bord d'un type α_l très simple. Ces deux choix mènent à l'obtention de la fonction de pénalité quadratique tronquée. Cependant, il est facile de généraliser à d'autres modèles et d'obtenir toutes sortes de fonctions de pénalité, ce qui ne restreint pas le choix de ρ et encourage à ne pas mentionner explicitement le processus de ligne. Sachant que ce qui importe le plus dans les propriétés du champ défini par une fonction de pénalité donnée est son comportement vers 0 et $+\infty$, l'idée est de faire en sorte que, pour les grandes différences, ρ tende vers une limite qui ne force plus la suppression des discontinuités. On parle alors de processus de ligne implicite puisque la forme de la fonction de pénalité en dérive. Plusieurs propositions ont été faites, dont la figure 2.4 donne un exemple. D'autres fonctions ayant le même comportement conduisent à des résultats comparables, c'est-à-dire que les discontinuités sont bien restaurées.

Ces méthodes offrent l'avantage d'un modèle spécialement conçu pour tenir compte de zones uniformes séparées par des discontinuités nettes. Cependant, les critères obtenus ne sont pas convexes et cela rend l'étape de minimisation très lourde à mettre en œuvre en pratique. Pour notre application, la complexité numérique rend ces méthodes difficiles à implanter sur des systèmes informatiques modestes.

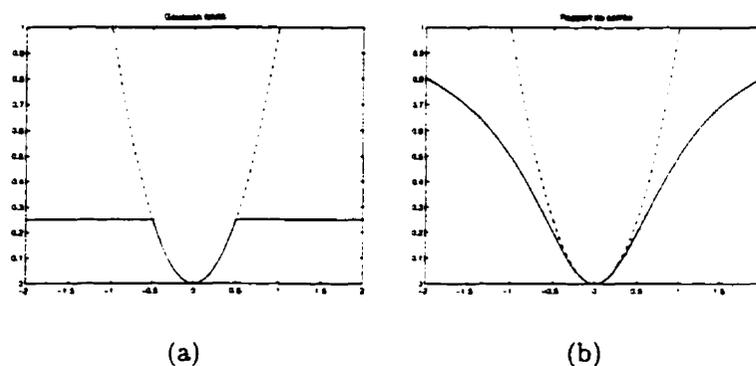


FIGURE 2.4 – Fonctions de pénalité conçues pour préserver les discontinuités et comparées au modèle gaussien (en pointillés): (a) potentiel quadratique tronqué de Blake et Zisserman (1987) (b) proposition de Geman et McClure (1987), de la forme $\rho(u) = \frac{u^2}{(1+u^2)^\gamma}$, tracée pour $\gamma = 2$, qui tend vers 1 pour les grandes valeurs.

Considérations de convexité

Les modèles fondés sur des MRF qui préservent les discontinuités permettent une bien meilleure restauration, mais, si la fonction de pénalité est choisie sans précautions, le critère est en général non convexe (comme tous les cas que nous venons de voir), ce qui ajoute au moins deux complications.

La première est que la solution estimée, \hat{x} , n'est plus assurée d'être une fonction continue de l'objet de départ, x . En effet, il peut arriver que le minimum global diffère peu d'un minimum local atteint en un point éloigné, comme illustré dans la figure 2.5. Dans ce cas, une faible variation due au bruit peut faire passer l'un pour l'autre et, par là même, conduire à deux estimées nettement différentes. Dans le cas convexe, l'absence de minima locaux réduit les fluctuations de \hat{x} en présence de bruit aux fluctuations du minimum global, qui peuvent néanmoins être importantes, comme dans le cas de l'estimateur des moindres carrés.

La seconde est que l'utilisation de potentiels non-convexes peut rendre la recherche du minimum du critère beaucoup plus compliquée. En particulier, avec des méthodes de descente, la solution calculée peut se situer dans un minimum local, qui peut dépendre des conditions initiales. Nous verrons qu'il existe cependant des méthodes

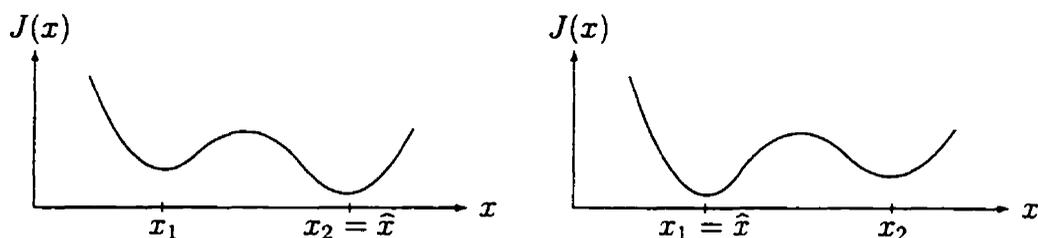


FIGURE 2.5 – De petites variations entre deux réalisations du même signal aléatoire peuvent conduire à des estimées très différentes dans le cas non convexe, du fait de la présence de minima locaux.

mieux adaptées, comme le recuit simulé qui permet, par itérations, d'obtenir la solution globale; mais, en pratique, on ne répète pas toujours l'algorithme un nombre de fois suffisant pour être sûr du résultat.

Pour alléger la résolution numérique, il est donc souhaitable d'utiliser des potentiels convexes dont le comportement se rapproche le plus possible des fonctions non convexes précédentes. La figure 2.6 donne quelques exemples de ces potentiels convexes conçus pour restaurer les discontinuités. La forme convexe la plus simple est

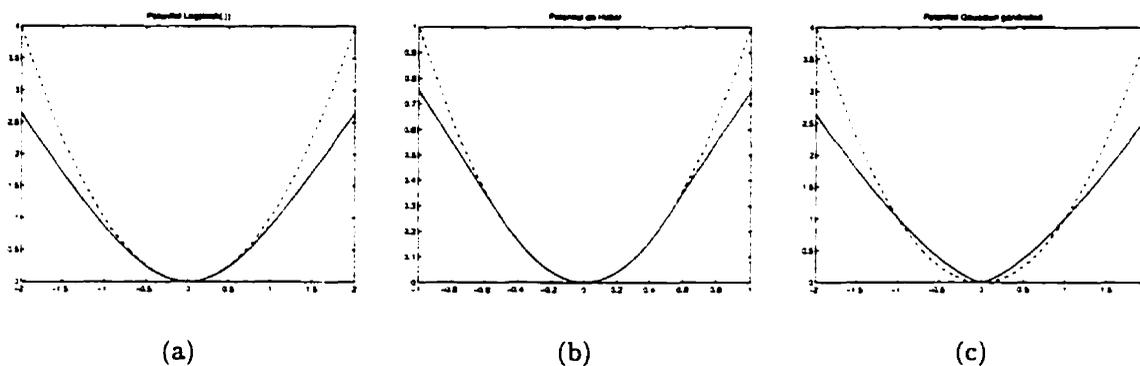


FIGURE 2.6 – Fonctions de pénalité convexes conçues pour restaurer les discontinuités comparées au modèle gaussien (en pointillés): (a) potentiel de la forme $\rho(u) \propto \log \cosh(u)$, proposé par Green (1990), (b) fonction de Huber, proposée par Stevenson et Delp (1990), qui est symétrique et définie par:
$$\begin{cases} \rho(u) = u^2 & \text{si } 0 \leq |u| \leq T \\ \rho(u) = T^2 + 2T|u - T| & \text{si } |u| > T \end{cases}$$
 tracée pour $T = 0,5$ et (c) modèle gaussien généralisé proposé par Sauer et Bouman (1993) qui conduit à la forme $\rho(u) \propto |u|^q$ tracée pour $q = 1,4$.

la fonction « valeur absolue », mais elle pose des problèmes à cause de la singularité à l'origine. Pour y remédier, on peut lui substituer la fonction gaussienne généralisée $|u|^q$, avec un exposant légèrement supérieur à 1 (cf. figure 2.6(c)). Une autre approche consiste à choisir une fonction équivalente à x^2 en 0 (pour assurer une bonne réduction du bruit) et à x en $+\infty$ pour rester convexe tout en limitant la progression de la pénalité pour de grandes différences entre pixels. Ceci simplifie certains aspects de mise en œuvre.

Le choix de potentiels convexes ou non est une question de compromis. Les potentiels non-convexes qui respectent exactement le modèle avec processus de ligne sont très lourds à mettre en œuvre. Au contraire, en acceptant un modèle qui est moins bien conçu pour la restauration des discontinuités alliée à une réduction satisfaisante du bruit, il est possible de faciliter énormément l'étape d'optimisation qui en découle. Dans notre cas, nous avons finalement choisi de travailler avec des potentiels convexes car la qualité des résultats obtenus est satisfaisante et la possibilité d'implanter cette méthode en un temps raisonnable avec un matériel modeste est essentielle.

Une fois le modèle défini, le calcul de l'estimateur est un problème d'optimisation. La méthode numérique choisie dépend alors de la formulation du critère à optimiser et nous allons décrire rapidement les principaux algorithmes utilisés dans ce but.

2.3 Méthodes d'optimisation itératives

Nous présentons ici les principaux algorithmes itératifs utilisés pour résoudre les problèmes d'optimisation rencontrés pour la restauration d'images (Culioli, 1994; Lascoux et Theodor, 1987).

2.3.1 Méthodes de relaxation classiques

Le problème d'optimisation est le suivant :

$$\hat{U} = \arg \min_{U \in \mathcal{U}} J(U), \quad (2.55)$$

où J est le critère décrit précédemment dans le cas convexe. Puisque J est supposé convexe, ce problème a une solution unique. L'idée « naturelle » de la relaxation va alors consister à initialiser l'algorithme avec une valeur arbitraire $U^{(0)}$ quelconque et à minimiser J composante par composante.

2.3.1.1 Méthode de Jacobi

Dans le cas le plus simple, à partir du vecteur $U^{(k)}$ on calcule les composantes du vecteur suivant $U^{(k+1)}$ une par une de façon à minimiser le critère sur la composante considérée. Ainsi, la i -ème composante $u_i^{(k+1)}$ est solution du problème :

$$u_i^{(k+1)} = \arg \min_{v_i \in \mathcal{U}_i} \{J(u_1^{(k)}, \dots, u_{i-1}^{(k)}, v_i, u_{i+1}^{(k)}, \dots, u_n^{(k)})\}. \quad (2.56)$$

Dans le cas où J est une forme quadratique, le gradient de J peut être calculé explicitement et on a l'équivalence dans le cas convexe :

$$\hat{U} = \arg \min_U \{J(U)\} \iff J'(\hat{U}) = 0. \quad (2.57)$$

Sinon, le problème n'est qu'à une dimension et le minimum est facile à obtenir.

2.3.1.2 Méthode de Gauss-Siedel

Cette méthode est très proche de la méthode de Jacobi. Cependant, la i -ème composante de $U^{(k+1)}$ est calculée à partir des $(i - 1)$ premières composantes de

$U^{(k+1)}$ et les $(n - i - 1)$ dernières composantes de $U^{(k)}$, ce qui s'écrit :

$$u_i^{(k+1)} = \arg \min_{v_i \in \mathcal{U}_i} \{J(u_1^{(k+1)}, \dots, u_{i-1}^{(k+1)}, v_i, u_{i+1}^{(k)}, \dots, u_n^{(k)})\}. \quad (2.58)$$

Cette différence avec la méthode de Jacobi est doublement avantageuse :

- on peut remplacer au fur et à mesure les composantes du vecteur \mathbf{x} en cours, ce qui n'oblige pas à conserver le vecteur précédent en mémoire ;
- de plus, la convergence s'en trouve accélérée.

2.3.1.3 Techniques de sur-relaxation et de sous-relaxation

Pour accélérer la vitesse de convergence, on peut définir un «facteur de relaxation» ω qui donne les composantes du vecteur $U^{(k+1)}$ en deux étapes. Premièrement, on calcule $\bar{u}_i^{(k+1)}$ comme précédemment, puis on pondère la correction apportée avec ω . Ces deux étapes s'écrivent ainsi :

$$\begin{cases} \bar{u}_i^{(k+1)} = \arg \min_{v_i \in \mathcal{U}_i} \{J(u_1^{(k+1)}, \dots, u_{i-1}^{(k+1)}, v_i, u_{i+1}^{(k)}, \dots, u_n^{(k)})\}, \\ u_i^{(k+1)} = (1 - \omega)u_i^{(k)} + \omega\bar{u}_i^{(k+1)}. \end{cases} \quad (2.59)$$

Dans le cas où la convergence est trop rapide et qu'il se produit des oscillations autour de la solution, il est préférable d'amortir le processus en choisissant $w < 1$, on dit que c'est une méthode de sous-relaxation. Le choix $w = 1$, correspond à la méthode de Gauss-Siedel classique. Enfin, dans la plupart des cas, pour accélérer la convergence, on choisit $w > 1$ et on dit que c'est une méthode de sur-relaxation. Cependant, si w est trop grand, la méthode risque d'osciller autour de la solution sans jamais s'en approcher suffisamment.

Les techniques de sous-relaxation et sur-relaxation sont générales et s'appliquent à de nombreuses méthodes de résolution pour supprimer les oscillations inefficaces (pour une illustration géométrique du processus, voir par exemple (Neal, 1995)). Suivant le même principe, avec les méthodes de gradient, il est aussi possible d'ajuster le pas de

descente. En pratique, alors que pour le gradient les résultats sont meilleurs avec un pas inférieur à 1, c'est le contraire pour une mise à jour composante par composante : la convergence est améliorée par la sur-relaxation.

2.3.2 Méthodes de gradient

Toujours dans le cas où J est convexe, le but est encore de résoudre :

$$\hat{U} = \arg \min_{U \in \mathcal{U}} J(U). \quad (2.60)$$

Les méthodes de gradient sont des méthodes dites de « descente » dans le sens où ce sont des méthodes itératives partant d'une valeur initiale quelconque $U^{(0)}$ avec une formule de récurrence du type :

$$U^{(k+1)} = U^{(k)} - \rho_k P^{(k)} \text{ avec } \rho_k > 0, \quad (2.61)$$

où la direction de descente $P^{(k)}$ est choisie de telle sorte que $J(U^{(k+1)}) < J(U^{(k)})$.

Un choix « naturel » est la plus grande pente locale, i.e. $J'(U^{(k)})$, d'où une famille d'algorithmes dits « algorithmes de gradient » :

$$U^{(k+1)} = U^{(k)} - \rho_k J'(U^{(k)}) \text{ avec } \rho_k > 0. \quad (2.62)$$

Il ne reste plus qu'à choisir ρ_k , ce qui conduit par exemple aux deux variantes suivantes.

2.3.2.1 Gradient à pas fixe

Il est possible de choisir une valeur commune ρ pour tous les ρ_k qui assure la convergence de l'algorithme, mais cela suppose des hypothèses supplémentaires sur J (α -convexité ou convexité stricte) que nous n'explicitons pas. En pratique cette méthode est peu utilisée et on lui préfère la variante suivante.

2.3.2.2 Gradient à descente maximale

La méthode consiste à choisir ρ_k tel qu'à chaque pas la descente soit maximale, i.e. :

$$J(U^{(k+1)}) = J(U^{(k)} - \rho_k J'(U^{(k)})) = \inf_{\rho > 0} J(U^{(k)} - \rho J'(U^{(k)})). \quad (2.63)$$

Encore une fois, ce problème n'est qu'à une dimension, ce qui rend le calcul de ρ_k très simple.

Notons qu'il existe d'autres directions de descente pouvant être utilisées. La plus courante est celle employée dans la méthode du «gradient conjugué». Le nom provient de considérations géométriques : deux directions de descentes successives $P^{(k)}$ et $P^{(k+1)}$ sont conjuguées par rapport à l'ellipse $J^{-1}(J(U^{(k)}))$ qui est une section de l'ellipsoïde de la forme quadratique associée au problème d'optimisation. Cette méthode converge plus rapidement car les corrections successives n'interfèrent pas entre elles (Sauer et Bouman, 1993).

La différence avec ce qui précède (Gauss-Siedel) est que, pour les méthodes de gradient, la mise à jour est faite sur le vecteur complet tandis que, pour les méthodes de relaxations classiques, c'est composante par composante que le vecteur U est modifié.

2.3.3 Exemples de méthodes d'optimisation non convexe

Dans les cas non convexes, l'optimisation est beaucoup plus délicate du fait de la présence possible de minima locaux. L'approche déterministe commune à toutes les méthodes précédentes fait constamment décroître de façon itérative le critère à minimiser. S'il existe des minima locaux, ces algorithmes risquent de converger vers l'un d'eux et de s'y bloquer. Les conditions initiales déterminent alors quel minimum est atteint et elles peuvent ainsi conditionner la réussite ou l'échec de l'optimisation.

Il faut donc faire appel à des approches plus raffinées, mais dont la mise en œuvre est beaucoup plus lourde. C'est donc avant tout à titre de comparaison avec le cas convexe, auquel nous allons nous restreindre dans la suite de notre étude, que nous

citons ici les deux méthodes d'optimisation non convexe les plus utilisées. Ce ne sont que deux exemples, mais ils donnent un aperçu des solutions possibles pour pallier les difficultés inhérentes au cas non convexe.

2.3.3.1 Recuit simulé

Alors que les techniques de relaxation déterministes font méthodiquement décroître le critère à minimiser, la relaxation stochastique autorise des variations aléatoires qui peuvent faire évoluer le critère dans les deux directions. Cela doit ainsi permettre de sortir d'un minimum local le cas échéant.

Cette méthode tire son nom d'une technique utilisée pour conduire certains systèmes chimiques vers leur état stable de plus faible énergie, le « recuit ». L'apport d'énergie sous forme de chaleur permet au système de s'extraire d'états d'équilibre dont l'énergie n'est pas la plus faible pour finalement atteindre celui de plus basse énergie au fur et à mesure que la température est réduite.

Le recuit simulé permet de minimiser le critère de façon globale, même (et surtout) dans les cas de champs de Gibbs à potentiels non convexes (Geman et Geman, 1984; Jeng et Woods, 1990; Yang, 1993). L'idée revient à Kirkpatrick *et al.* (1983) d'avoir introduit l'analogie de ce processus chimique dans le domaine de l'optimisation. L'algorithme peut se résumer de la façon suivante :

- les variables sont initialisées à une valeur de départ ;
- de petites variations des variables sont tirées aléatoirement suivant une loi de probabilité conditionnelle locale (dépendant des autres variables) ;
- ces lois de probabilité sont modulées par un paramètre de contrôle global T (appelé « température » par analogie avec le recuit physique) et ce paramètre est diminué progressivement selon un programme prédéfini ;
- la solution finale est atteinte lorsque $T \rightarrow 0$.

L'influence du paramètre T sur les lois de probabilité permet la convergence vers le minimum global du critère. Lorsque T est faible, la loi de probabilité est telle que les variations qui font diminuer le critère sont beaucoup plus probables. Le cas limite $T = 0$ correspond ainsi à la relaxation déterministe décrite précédemment. Au contraire, lorsque T augmente, la loi de probabilité devient plus uniforme jusqu'à la limite $T \rightarrow \infty$ où les variations ne sont plus dirigées mais purement aléatoires.

En partant d'une haute température, l'algorithme ne reste pas piégé dans un minimum local. Ensuite, quand la température est diminuée, il se comporte de plus en plus comme un algorithme de relaxation déterministe. La convergence est alors assurée par un choix correct de la séquence des températures. Cependant, la température tend asymptotiquement vers 0 et le nombre d'itérations requises pour s'approcher suffisamment de la solution peut être très élevé. Par conséquent, en pratique, il est difficile de s'assurer que le minimum global est bien atteint.

2.3.3.2 Méthode GNC

Une autre proposition est fondée sur la construction d'une approximation convexe du critère J à minimiser. Cette nouvelle fonction J^* peut être minimisée par l'une des méthodes précédentes car elle est convexe. Le choix du point de départ de l'algorithme est ici indifférent. Malheureusement, les minima de J et de J^* ne coïncident pas nécessairement et il faut utiliser une méthode itérative :

- des approximations successives de J sont construites ($J^{(1)} = J^*$ est convexe et les $J^{(k)}$ successives tendent vers J) ;
- on cherche leur minimum successivement, en prenant comme point de départ pour minimiser $J^{(k+1)}$ le point minimum de $J^{(k)}$.

Finalement, les approximations successives s'éloignent graduellement de l'approximation convexe et s'approchent du critère original, d'où le nom de méthode GNC, de l'anglais *Graduated Non-Convexity* (Blake et Zisserman, 1987). Encore une fois, cette

méthode est lourde à mettre en œuvre, ce qui est inévitable pour pouvoir s'appliquer aux cas non convexes, mais moins lourde que le recuit simulé par exemple.

En conclusion, dans notre situation, le choix d'un critère convexe est une quasi-nécessité pour réduire la complexité numérique de la méthode de restauration. Ce compromis entre un modèle le plus complet possible et une mise en œuvre la plus simple possible est toujours présent. Nous avons finalement penché vers une restauration plus précise (le champ de Markov est un modèle assez complexe) sans toutefois accepter de manipuler un critère non convexe pour toutes les raisons énoncées précédemment. Dans ce contexte, les méthodes itératives de relaxation offrent l'avantage de permettre un traitement local (la remise à jour se fait pixel par pixel) grâce aux propriétés d'interactions locales du modèle par champ de Markov. Il est alors possible de restreindre la place requise en mémoire puisque seul un sous-ensemble restreint de l'image (de l'ordre de la taille de la PSF) doit être stocké à chaque itération. De plus, dans notre cas, la surrelaxation permet d'accélérer la convergence, c'est pourquoi nous avons finalement choisi cette méthode.

Chapitre 3

Méthode utilisée

3.1 Description générale

De l'exposé de toutes ces méthodes, il ressort que l'utilisation de champs de Markov, dans un contexte d'estimation bayésienne du maximum *a posteriori*, offre de bonnes performances sur plusieurs points :

- en choisissant des potentiels adaptés, il est possible d'obtenir une bonne réduction du bruit en conservant les transitions brusques que sont les contours ; or, dans notre cas, la précision des contours est particulièrement importante ;
- les potentiels convexes assurent l'unicité du minimum, qui peut être obtenu par tous les algorithmes d'optimisation décrits précédemment ;
- le modèle est souple et permet des ajustements sur la forme des potentiels d'une part et sur le compromis entre la suppression du bruit et la netteté des contours d'autre part.

C'est pour cela que nous avons retenu cette approche pour le problème qui nous intéresse. Cependant, dans le contexte particulier des coupes tomographiques (que nous avons décrit dans le premier chapitre), il est important d'étendre la méthode en trois dimensions.

3.2 Traitement tridimensionnel

Dans la plupart des cas de restauration d'images, chaque image est traitée individuellement. Mais dans notre cas, une série d'images tomographiques représente les coupes d'un unique objet. Or, c'est cet objet dont nous avons quelques connaissances *a priori*. Par conséquent, ses propriétés restent vraies dans les trois dimensions. Cela fournit donc de l'information supplémentaire qui peut être utilisée pour améliorer la restauration des images.

3.2.1 Définition de l'objet original tridimensionnel

Chaque image tomographique représente une coupe de la distribution de l'atténuation des rayons X. L'objet tridimensionnel sous-jacent est donc la distribution elle-même, dont la série d'images tomographiques est une représentation discrète. La figure 3.1 montre bien que chaque pixel représente un point d'un maillage discret de l'espace. Pour rendre plus présente cette notion de volume, nous pourrions parler de « voxel » (*volume element*) mais, comme ils sont issus d'images, l'appellation « pixel » reste plus appropriée. L'objet « original » que nous voulons retrouver est alors la distribution 3D de l'opacité aux rayons X du genou du patient (plus exactement sa version discrète, sur un maillage discret de l'espace). La série d'images tomographiques observée, considérée dans son ensemble, est une version dégradée (floue et bruitée) de cette distribution (et non plus une simple superposition d'images).

3.2.2 Propriétés des images tomographiques et de l'objet sous-jacent

Une des propriétés que nous connaissons *a priori* concerne la structure des images tomographiques, à savoir qu'elles sont formées de régions uniformes aux frontières nettes. Cette propriété découle de la structure anatomique du genou (qui est constitué de quelques composants distincts) et des coefficients d'atténuation des rayons X

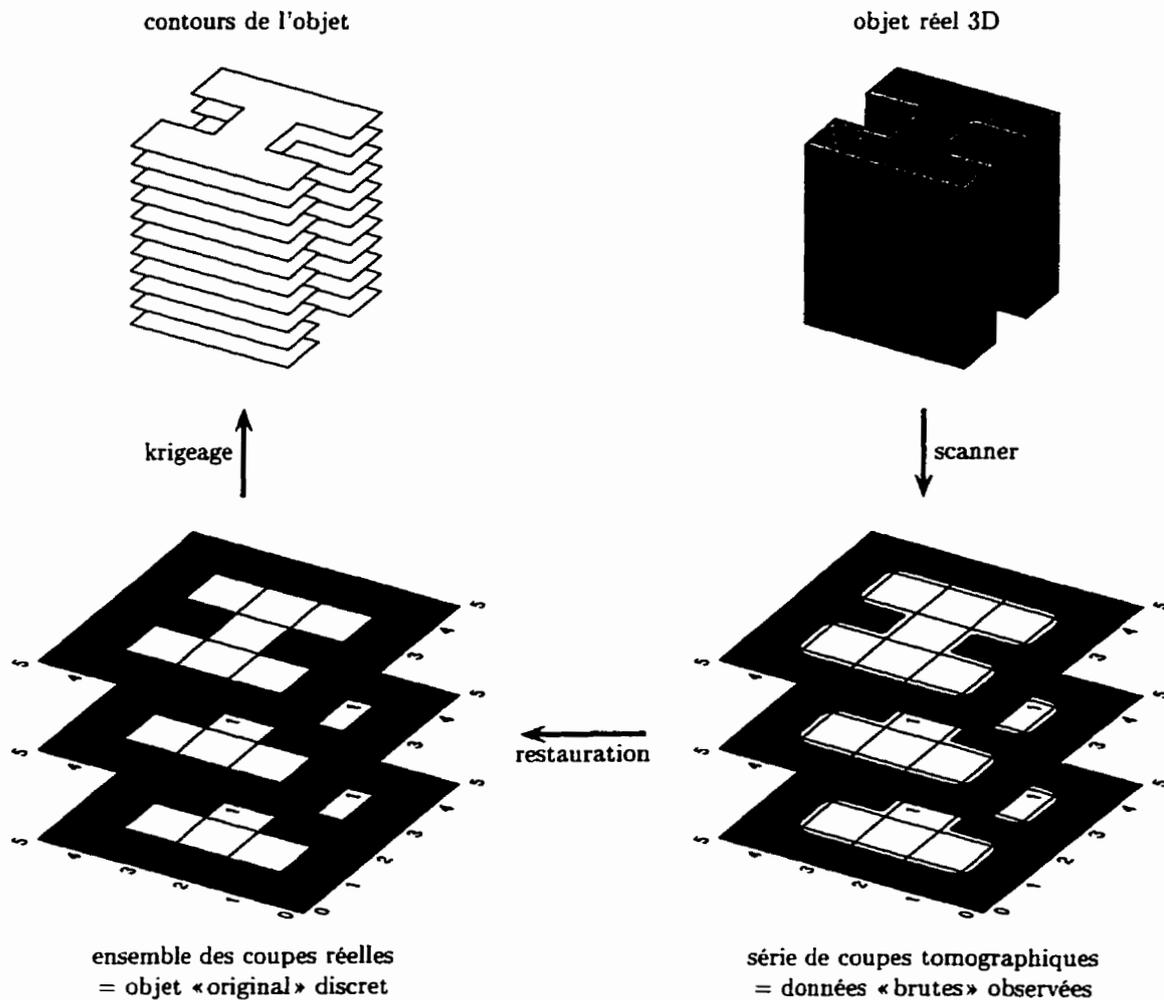


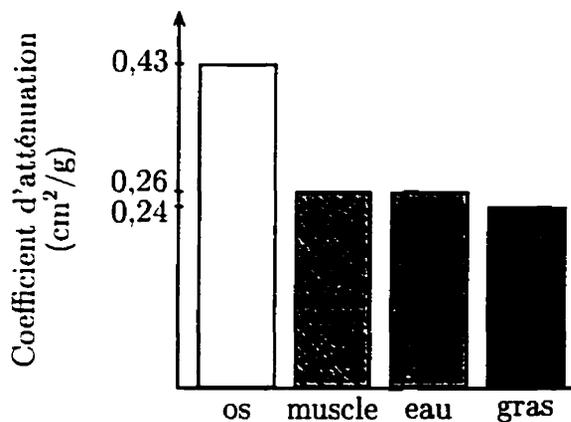
FIGURE 3.1 - Schéma illustrant la relation entre les images et l'objet 3D sous-jacent.

des différents tissus (listés dans le tableau 3.1). Une image tomographique du genou permet donc de distinguer seulement quelques groupes, qui sont les tissus osseux d'une part et le reste des tissus d'autre part (y compris le cartilage). En pratique, elle est formée d'un petit nombre de régions uniformes nettement séparées comme le montre la figure 3.2.

Cette structure des images (interactions locales entre les pixels d'une même région et présence de frontières nettes) justifie en général le choix des champs de Markov comme modèle *a priori* pour la restauration de divers types d'images (Geman et

TABLEAU 3.1 – Coefficients d'atténuation massique de divers tissus biologiques pour une énergie photonique de 40 keV donnés par Macovski (1983).

| tissu | coefficient d'atténuation (cm ² /g) |
|--------|--|
| os | 0,43 |
| muscle | 0,26 |
| eau | 0,26 |
| gras | 0,24 |



Geman, 1984). En fait, cette structure est présente en trois dimensions, même si, en général, elle n'est observée qu'en deux dimensions dans les images tomographiques. L'objet sous-jacent 3D est lui-aussi composé de régions uniformes séparées par des discontinuités nettes. Pour tenir compte de ces caractéristiques, il est souhaitable d'étendre la définition des champs de Markov en 3D et donc d'introduire des interactions locales dans les trois directions.

Maintenant que l'objet sous-jacent est bien défini, il convient de formuler le problème en trois dimensions avant de décrire plus en détail le modèle de champ de Markov 3D.

3.2.3 Formulation tridimensionnelle du problème

Le processus de formation d'image dont nous avons déjà parlé traduit le fait qu'une image tomographique particulière est une version dégradée de la coupe correspondante de l'objet 3D original.

Pour formuler le problème avec les mêmes conventions que précédemment, les valeurs de la distribution en tout point du maillage peuvent être disposées dans un seul vecteur \mathbf{x} en concaténant toutes les colonnes de toutes les coupes dans l'ordre lexico-



FIGURE 3.2 – Apparence de différents tissus biologiques présents au niveau de la cuisse : (a) coupe anatomique du fémur (b) image tomographique correspondante (images tirées de The Visible Human Data Set accessible à l'adresse Internet : <http://www.nlm.nih.gov/research/visible>).

graphique. De même, la série d'images tomographiques se réduit à un autre vecteur z . Ce vecteur n'est en fait que la concaténation des vecteurs respectifs correspondant à chaque coupe et, formellement, le processus de formation d'image reprend la même forme :

$$z = Hx + b, \quad (3.1)$$

en conservant l'hypothèse d'invariance spatiale de la PSF (cf. annexe A, paragraphe A.1.2).

Cependant, à ce point, la formation d'image par le tomographe doit être considérée comme un processus tridimensionnel. Qu'en est-il, alors, de la composante de la PSF suivant le troisième axe (longitudinal) ? En pratique, le faisceau de rayons X qui balaie l'objet à imager a une épaisseur non nulle (et souvent réglable). Or, dans le cas qui nous intéresse, l'écart entre deux coupes distinctes est supérieur à cette épaisseur (2 mm contre 1 mm). À titre d'exemple, pour l'appareil que nous avons utilisé, l'épaisseur du faisceau est d'un millimètre et les coupes sont séparées de deux millimètres. Il est donc justifié de considérer la PSF comme bidimensionnelle, sa composante longitudinale se réduisant à une impulsion de Dirac.

Avec cette simplification, la nouvelle matrice de convolution \mathbf{H} est une matrice diagonale par blocs dont les blocs sont les matrices correspondant à la convolution 2D de chacun des plans de coupe. Ainsi, bien que nous considérons un objet 3D, le principe de fonctionnement du tomographe est décrit par une convolution 2D avec une PSF bidimensionnelle.

Notons que la taille de la matrice de convolution est encore plus importante puisque les vecteurs sur lesquels nous travaillons contiennent les informations de tous les pixels de toutes les images tomographiques. Ainsi, pour une série de 30 coupes de 320×320 pixels, \mathbf{H} est une matrice de taille $3\,000\,000 \times 3\,000\,000$ environ, mais qui, heureusement, est creuse. En pratique, il s'ensuit évidemment qu'il est impossible de manipuler cette matrice. Au contraire, il faut toujours revenir à sa définition (une matrice de convolution) pour bien se rendre compte que son effet sur un pixel est très localisé (de la taille de la PSF). Ainsi, par exemple, le produit $\mathbf{H}\mathbf{x}$ est calculé en parcourant tous les pixels des images qui interviennent dans le résultat de la convolution en un pixel donné, et en ajoutant tous les résultats élémentaires par superposition.

Dans ce contexte (traitement 3D d'une série complète d'images tomographiques), nous allons maintenant définir en détail le modèle que nous avons mis en œuvre.

3.3 Champ de Markov 3D

Le premier pas, puisqu'un modèle *a priori* par champ de Markov paraît bien adapté à notre situation, est d'étendre les définitions classiques (Derin et Kelly, 1989) à un champ 3D.

La définition (2.37) s'exprime facilement en 3D. En posant que le support de l'objet est un maillage rectangulaire L de l'espace (fini ou infini), on obtient la définition suivante: on appelle « champ aléatoire de Markov 3D » par rapport à (L, η) tout champ X de support L tel que les densités de probabilités conditionnelles de ses

éléments X_{ijk} vérifient la relation suivante :

$$p(X_{ijk}|X_{lmn}, (l, m, n) \in \Omega) = p(X_{ijk}|X_{lmn}, (l, m, n) \in \eta_{ijk}), \quad (3.2)$$

pour tout sous-ensemble Ω de L contenant le voisinage η_{ijk} de (i, j, k) et pas (i, j, k) .

Il faut aussi généraliser la notion de «système de voisinages» η sur ce maillage de l'espace. C'est l'ensemble :

$$\eta = \{\eta_{ijk} \subset L, (i, j, k) \in L\}, \quad (3.3)$$

où η_{ijk} , appelé «voisinage» du pixel (i, j, k) , est tel que :

$$\begin{cases} (i, j, k) \notin \eta_{ijk}, \\ (l, m, n) \in \eta_{ijk} \Rightarrow (i, j, k) \in \eta_{lmn}. \end{cases} \quad (3.4)$$

De la même façon, deux pixels (i, j, k) et (l, m, n) qui vérifient les termes de l'équivalence $(l, m, n) \in \eta_{ijk} \Leftrightarrow (i, j, k) \in \eta_{lmn}$ sont dits voisins.

Le théorème de Hammersley-Clifford (2.42) reste toujours vrai et un champ de Markov 3D non-nul sur un support fini est aussi un champ de Gibbs 3D dont la loi de probabilité s'écrit de façon simplifiée:

$$p(X = \mathbf{x}) = \frac{1}{Z} \exp\{-\lambda \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(\mathbf{x})\}, \quad (3.5)$$

où λ est une constante dont l'influence peut être analysée par analogie avec la physique. Plus λ est grand (ce qui correspond à une température faible), plus l'argument de l'exponentielle augmente vite en valeur absolue : les configurations où les potentiels sont plus élevés sont donc plus fortement pénalisées au profit de celles qui minimisent l'énergie d'interaction. Au contraire, plus λ est faible (ce qui correspond à une température élevée, donc une grande agitation thermique), plus la différence de probabilité entre les différentes configurations tend à s'atténuer. En simplifiant, plus λ augmente,

plus la contrainte imposée par le modèle est forte.

Par définition, caractériser un champ de Markov revient à choisir le système de voisinage η (avec les cliques qui en découlent) et les potentiels de cliques associés. Dans notre cas, les exigences sont contradictoires :

- introduire le plus d'information *a priori* pour améliorer la restauration ;
- obtenir le modèle le plus simple pour faciliter le calcul de l'estimée.

Pour satisfaire le premier point de ces exigences, il faut impérativement que le voisinage d'un pixel s'étende aux coupes voisines. C'est la raison qui nous a amené à choisir un traitement 3D et qui en justifie la complexité supplémentaire. En deux dimensions, il est courant de considérer des voisinages dits hiérarchisés, c'est-à-dire comprenant les voisins les plus proches en augmentant progressivement le rayon du voisinage. Ainsi, le voisinage du premier ordre est constitué des 4 plus proches voisins, celui du deuxième ordre des 8 plus proches voisins, etc. Dans notre cas, le maillage de l'espace n'est pas cubique puisque la distance entre coupes est de 2 mm pour des distances entre pixels de 0,4 à 0,8 mm. Si l'on prend un rayon assez long pour atteindre le pixel le plus proche de la coupe voisine, le voisinage ainsi obtenu comprend au moins les 20 plus proches voisins de la coupe courante auxquels s'ajoutent les 2 des coupes adjacentes : c'est trop pour permettre une résolution en un temps raisonnable. Le compromis que nous avons choisi est de ne retenir que les 8 plus proches voisins dans la coupe courante (quelle que soit la résolution du tomographe) plus les 2 des coupes adjacentes. La justification est que deux pixels de tranches adjacentes apportent plus d'information car ils sont issus de deux reconstructions tomographiques distinctes. En effet, certaines dégradations, comme le bruit qui peut être corrélé en pratique ou les artefacts de reconstruction, peuvent toucher toute une zone d'une même coupe, mais pas deux coupes distinctes. Le voisinage choisi est illustré à la figure 3.3.

Pour le choix des cliques et des potentiels associés, nous avons déjà discuté de l'intérêt des cliques à deux éléments qui sont le plus souvent utilisées. Dans notre

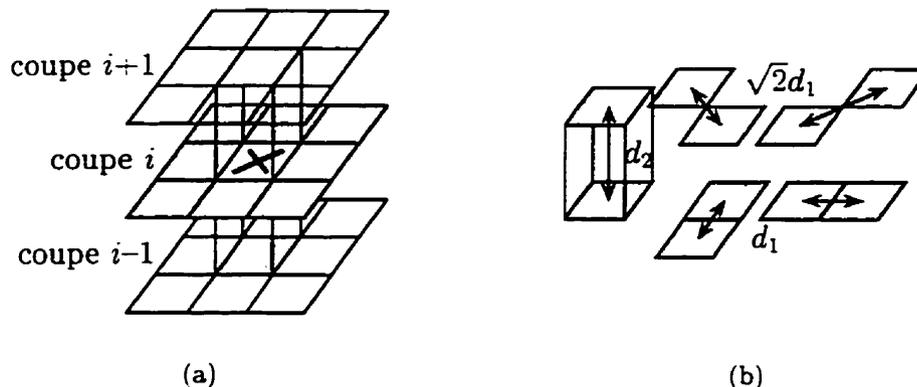


FIGURE 3.3 – Géométrie du champ de Markov 3D choisi comme modèle a priori : (a) voisinage d'un pixel (région grise) dans son propre plan de coupe et dans les plans adjacents et (b) cliques à deux éléments correspondantes.

cas, pour les mêmes raisons de simplicité et de plus grande facilité d'interprétation, nous n'avons retenu que les cliques à deux éléments, avec la même forme de potentiel d'interaction pour toutes. Ces cliques sont représentées à la figure 3.3.

Il reste encore à déterminer le potentiel de clique, ce qui est le point le plus délicat et fait l'objet de la section suivante.

3.4 Choix du potentiel d'interaction

Il ressort de la revue de littérature du chapitre 2 que le choix du potentiel d'interaction a une influence déterminante à la fois sur la fidélité du modèle *a priori* aux phénomènes physiques sous-jacents et sur la complexité du critère résultant. Dans notre cas, le choix peut se résumer aux trois possibilités illustrées à la figure 3.4 :

- le potentiel quadratique qui est le plus simple puisqu'il permet même d'exprimer l'estimée sous une forme explicite (c'est le cas pour le filtrage de Kalman par exemple) mais qui pénalise trop les grandes différences entre pixels voisins, ce qui impose des transitions douces alors que nous désirons des contours francs ;
- le potentiel quadratique tronqué de Blake et Zisserman qui traduit exactement

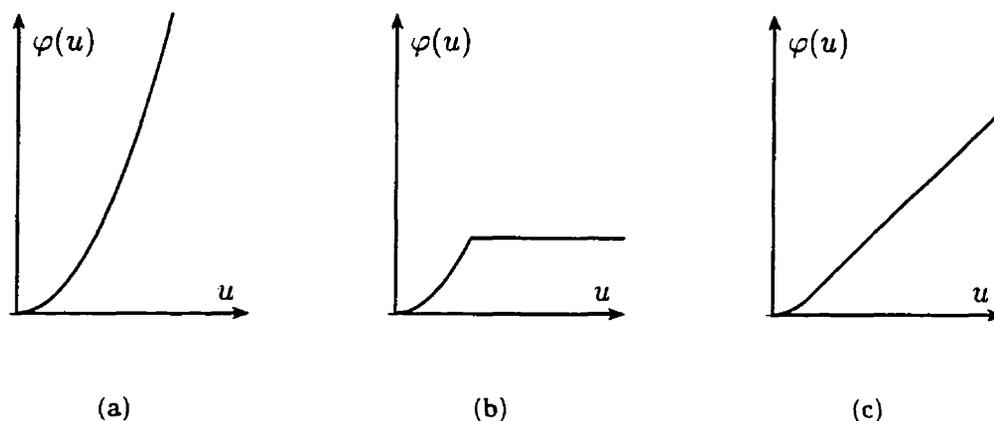


FIGURE 3.4 – *Différents types de potentiels d'interaction : (a) potentiel quadratique, (b) quadratique tronqué et (c) compromis convexe.*

ce que nous attendons des images restaurées, à savoir des zones uniformes séparées par des discontinuités nettes (représentées par les variables de ligne) mais qui n'est pas convexe et de ce fait entraîne les difficultés de mise en œuvre dont nous avons déjà discuté dans le chapitre 2 ;

- un potentiel qui réalise un compromis entre ces deux extrêmes : il doit être convexe, pénaliser les petites variations locales pour modéliser des zones uniformes, mais ne pas trop pénaliser les grandes différences entre pixels voisins pour permettre à des discontinuités nettes d'apparaître.

C'est finalement le compromis que nous avons choisi, et plusieurs fonctions particulières ont déjà été proposées qui répondent à ces critères. Notre choix s'est porté sur une fonction dont le comportement est équivalent à celui de u^2 quand $u \rightarrow 0$, ce qui assure une convergence rapide près de l'origine, et à celui de u quand $u \rightarrow \infty$, qui est la fonction convexe qui pénalise le moins les grandes valeurs de u . Toutes les fonctions qui ont un comportement de ce type confèrent les mêmes propriétés au champ de Markov associé ; celle-ci a été choisie parce qu'elle s'exprime simplement de la façon suivante :

$$\varphi(u) = \sqrt{1 + \left(\frac{u}{\delta}\right)^2}, \quad (3.6)$$

où δ est un paramètre de réglage qui permet d'ajuster la transition du comportement de φ suivant les écarts entre les zones uniformes. Cette fonction est tracée à la figure 3.5 pour plus de clarté.

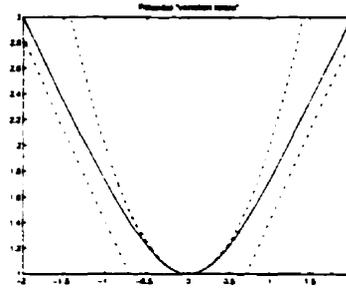


FIGURE 3.5 – *Comparaison du potentiel de variation totale utilisé dans notre algorithme avec le modèle gaussien (en pointillés). Les asymptotes ont aussi été représentées (en traits mixtes).*

Enfin, du fait du maillage de l'espace sur lequel nous travaillons, les distances entre deux pixels d'une clique sont très différentes et sont illustrées à la figure 3.3 (typiquement : de 0,7 mm pour d_1 jusqu'à 2 mm pour d_2). Par conséquent, pour traduire l'uniformité d'une région de l'image, nous avons considéré que la différence entre pixels était moins représentative que le gradient d'intensité entre deux pixels. Aussi la variable sur laquelle opère le potentiel de clique est-elle le gradient discret entre les pixels, c'est-à-dire, pour les deux pixels r et s de la clique c :

$$u_c = \frac{x_r - x_s}{d(r, s)}, \quad (3.7)$$

où $d(r, s)$ est tout simplement la distance entre les pixels r et s qui peut prendre trois valeurs distinctes à savoir d_1 , $\sqrt{2}d_1$ et d_2 (cf. figure 3.3).

Ces choix caractérisent le champ de Markov 3D utilisé et définissent donc le modèle *a priori* à partir duquel le critère défini dans le chapitre 2 va pouvoir être complètement exprimé.

3.5 Expression du critère

Pour aboutir au critère, dans le cadre de l'approche bayésienne, il faut formuler les lois de probabilité *a posteriori* et *a priori* du modèle.

La première loi conditionnelle traduit le comportement des données mesurées connaissant l'objet original. D'après le modèle (3.1), le comportement stochastique de \mathbf{z} sachant \mathbf{x} est complètement déterminé par celui du bruit \mathbf{b} . Par hypothèse, nous supposons que le bruit est simplement blanc, gaussien, de moyenne nulle et de variance connue σ_n^2 uniforme sur tout l'espace d'intérêt. Sa densité de probabilité s'écrit alors :

$$p(\mathbf{b}) \propto \exp \left\{ -\frac{\|\mathbf{b}\|^2}{2\sigma_n^2} \right\}. \quad (3.8)$$

Et on en déduit que la loi conditionnelle est une loi normale vectorielle de même variance et dont la moyenne est cette fois décalée et égale à $\mathbf{H}\mathbf{x}$, c'est-à-dire :

$$p(\mathbf{z}|\mathbf{x}) \propto \exp \left\{ -\frac{\|\mathbf{z} - \mathbf{H}\mathbf{x}\|^2}{2\sigma_n^2} \right\}. \quad (3.9)$$

La seconde loi est celle du modèle *a priori*. En résumant les choix détaillés précédemment, la loi *a priori* s'exprime ainsi :

$$p(\mathbf{x}) \propto \exp \left\{ -\lambda \sum_{c \in \mathcal{C}_2} \sqrt{1 + \left(\frac{u_c}{\delta} \right)^2} \right\}, \quad (3.10)$$

où \mathcal{C}_2 est l'ensemble des cliques à deux éléments et u_c est le gradient au sein de la clique défini par (3.7).

De plus, comme $p(\mathbf{x}|\mathbf{z}) \propto p(\mathbf{z}|\mathbf{x})p(\mathbf{x})$ et que ces deux probabilités sont exprimées par des exponentielles, il est plus pratique de considérer le logarithme naturel de $p(\mathbf{x}|\mathbf{z})$ comme le critère à maximiser. Finalement, l'estimateur de notre modèle s'écrit :

$$\hat{\mathbf{x}} = \arg \min_{\mathbf{x} \in \mathcal{X}} \{J(\mathbf{x})\}, \quad (3.11)$$

$$\text{avec } J(\mathbf{x}) = \underbrace{\frac{\|\mathbf{y} - \mathbf{H}\mathbf{x}\|^2}{2\sigma_n^2}}_D + \lambda \underbrace{\sum_{c \in \mathcal{C}_2} \sqrt{1 + \left(\frac{u_c}{\delta}\right)^2}}_M. \quad (3.12)$$

Dans le cadre de la restauration d'images, les deux termes du critère peuvent être clairement identifiés. Le premier terme (D) est un terme de fidélité aux données (estimateur non biaisé) et le second (M) est un terme de régularisation qui traduit les connaissances *a priori* sur le modèle. Le poids relatif de ces deux termes est contrôlé par le paramètre λ : la contrainte imposée par le modèle augmente avec λ . Grâce à ce paramètre, il est possible d'ajuster l'image restaurée entre les deux extrêmes qui sont, d'un côté, une image trop bruitée et, de l'autre, une image trop régularisée (souvent trop lissée).

Le critère ainsi obtenu est convexe, ce qui facilite grandement la résolution numérique. Cependant, une autre caractéristique souhaitable, pour que le gradient du critère soit directement et explicitement calculable, serait d'exprimer le critère en utilisant une forme quadratique. Pour cela, de nouvelles variables « auxiliaires » sont introduites et un processus dual est mis en place (Geman et Yang, 1995).

3.6 Optimisation du critère : approche duale

Pour trouver le minimum du critère qui définit l'estimée de l'objet original, plusieurs méthodes d'optimisation ont été proposées. Comme le critère est convexe, les méthodes de relaxation ou de descente classiques sont suffisantes : elles ne risquent pas de converger vers un minimum local car il n'existe qu'un minimum global. Cependant, les méthodes du gradient exigent de calculer le critère et son gradient au moins une fois par itération, ce qui demande une quantité colossale de calculs dans notre situation où les vecteurs à manipuler sont de très grande taille. En pratique, si l'on se rappelle que la taille de \mathbf{x} est d'environ 3 000 000, ces méthodes sont impraticables. Au contraire, les méthodes de relaxation qui ne mettent à jour qu'une variable à la fois sont mieux adaptées à notre cas : le calcul du gradient du critère par rapport à

un seul pixel ne requiert que la manipulation de sous-ensembles réduits du vecteur \mathbf{x} , environ de la taille du support de la PSF. C'est pourquoi nous avons choisi la méthode de sur-relaxation successive. Suivant la méthode de Gauss-Siedel normale, à partir d'une configuration initiale, chaque pixel x_i est remis à jour suivant la formule suivante :

$$x_i \leftarrow x_i^{\text{new}} = m_i = \arg \min_{x_i} J(x). \quad (3.13)$$

Pour accélérer la convergence, la correction est ensuite multipliée par un facteur α choisi tel que $1 < \alpha < 2$, ce qui donne finalement :

$$x_i \leftarrow x_i^{\text{new}} = x_i + \alpha(m_i - x_i). \quad (3.14)$$

Le problème est alors d'évaluer m_i . Avec des potentiels non quadratiques, comme celui que nous avons choisi, le minimum ne s'exprime pas de façon explicite. Encore une fois, étant donné le nombre de pixels, trouver m_i par itérations successives demanderait des calculs interminables. Bien souvent, les méthodes de restauration par champs de Markov se heurtent à cette limitation et elles sont connues pour être très exigeantes en temps de calcul.

Une solution astucieuse a néanmoins été proposée récemment, notamment par Geman et Reynolds (1992). Elle tire parti de l'analyse convexe pour simplifier l'optimisation (Luenberger, 1969). En effet, pour chaque pixel x_i , moyennant l'introduction d'une variable auxiliaire, il est possible de transformer le critère convexe en un autre critère quadratique par rapport à x_i .

Définissons tout d'abord les notations utilisées dans le cadre classique de l'analyse convexe (Rockafellar, 1970). On appelle «fonction concave conjuguée» d'une fonction f , et on note f^* , la fonction définie par :

$$y \mapsto f^*(y) = \inf_x \{xy - f(x)\}. \quad (3.15)$$

L'application $f \mapsto f^*$ est aussi appelée « transformation de Legendre ».

Cette fonction f^* est concave et, dans le cas où la fonction f l'est aussi, la fonction concave conjuguée de f^* est $(f^*)^* = f$, ce qui définit deux espaces duaux. Ainsi, on dira que deux fonctions concaves f et g sont « conjuguées » si et seulement si on a :

$$\begin{cases} g(y) = \inf_x \{xy - f(x)\} \\ f \text{ concave} \end{cases} \iff \begin{cases} f(x) = \inf_y \{xy - g(y)\} \\ g \text{ concave} \end{cases} . \quad (3.16)$$

Dans notre cas, réécrivons le critère de l'équation (3.12) :

$$J(\mathbf{x}) = \frac{\|\mathbf{y} - \mathbf{H}\mathbf{x}\|^2}{2\sigma_n^2} + \lambda \sum_{c \in \mathcal{C}_2} \varphi(u_c) \quad (3.17)$$

$$\text{avec } \varphi(u_c) = \sqrt{1 + \left(\frac{u_c}{\delta}\right)^2} . \quad (3.18)$$

Pour remplacer la dépendance complexe du critère aux valeurs des pixels (fonction φ) par une simple forme quadratique (qui est facile à minimiser), on introduit de nouvelles variables. Ces « variables de lignes¹ », stockées dans un vecteur noté \mathbf{l} , permettent de reformuler le critère sous une forme dite augmentée $J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l})$ qui est plus facile à manipuler. Pour que la substitution soit avantageuse :

- $J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l})$ doit avoir le même minimum que $J(\mathbf{x})$;
- $J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l})$ doit être plus facile à minimiser que une $J(\mathbf{x})$, et pour cela il suffit que :
 - $J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l})$ soit une forme quadratique par rapport à chaque pixel ;
 - la minimisation de $J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l})$ par rapport à chaque variable de ligne soit immédiate.

1. à ne pas confondre avec les processus de ligne décrits précédemment

La forme qui est proposée pour répondre à ces deux exigences est la suivante :

$$J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l}) = \underbrace{\frac{\|\mathbf{y} - \mathbf{H}\mathbf{x}\|^2}{2\sigma_n^2}}_A + \lambda \sum_{c \in \mathcal{C}_2} \underbrace{[u_c^2 l_c + \psi(l_c)]}_B, \quad (3.19)$$

où l_c est une variable définie pour chaque paire c de pixels voisins de l'ensemble \mathcal{C}_2 .

Pour un pixel donné, le premier terme (A) est bien une forme quadratique. Dans la somme qui constitue le deuxième terme (B), seul $u_c^2 l_c$ dépend du pixel et c'est bien une forme quadratique quelle que soit la fonction ψ choisie. Or, grâce à l'utilisation des fonctions concaves conjuguées, nous allons voir qu'il est possible de choisir ψ pour que :

$$J(\mathbf{x}) = \inf_{\mathbf{l}} J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l}) \quad (3.20)$$

Si cette condition est vérifiée, la valeur $\hat{\mathbf{x}}$ de \mathbf{x} qui minimise le critère original $J(\mathbf{x})$ minimise aussi le critère augmenté $J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l})$. Il est donc équivalent, pour la recherche de l'estimée $\hat{\mathbf{x}}$ qui nous intéresse, de travailler avec le critère augmenté $J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l})$ qui est plus facile à manipuler bien qu'il semble plus complexe.

Pour obtenir la relation (3.20), l'idée est alors de choisir la fonction ψ telle qu'elle vérifie l'équation suivante :

$$\varphi(u) = \inf_l \{u^2 l + \psi(l)\} \quad (3.21)$$

$$\text{(que l'on peut réécrire } (\varphi \circ \sqrt{\cdot})(v) = \inf_l \{vl + \psi(l)\} \text{ avec } v = u^2\text{).} \quad (3.22)$$

En effet, il suffit de comparer les formes des deux critères (3.17) et (3.19) pour constater que les égalités (3.21) et (3.20) sont équivalentes.

Un tel choix de ψ peut s'interpréter en fonction des définitions précédentes. En effet, l'équation (3.22) définit $\varphi \circ \sqrt{\cdot}$ comme la transformée de Legendre de la fonction $-\psi$ que l'on cherche. Notons que c'est possible car $v \mapsto (\varphi \circ \sqrt{\cdot})(v) = \sqrt{1 + v/\delta^2}$ est une fonction concave de v . Par conséquent, une façon de résoudre l'équation (3.22) est

de choisir pour $-\psi$ la conjuguée concave de $\varphi \circ \sqrt{\cdot}$ qui est concave. D'après le résultat de dualité précédent (3.16), $-\psi$ et $\varphi \circ \sqrt{\cdot}$ sont alors conjuguées concaves et on a :

$$\begin{cases} -\psi = (\varphi \circ \sqrt{\cdot})^* \\ \varphi \text{ concave} \end{cases} \implies \varphi \circ \sqrt{\cdot} = -\psi^*, \quad (3.23)$$

ce qui satisfait l'équation (3.22) ou encore (3.21).

Finalement, comme cette dernière équation est équivalente à la condition (3.20), le critère augmenté est équivalent au critère original. De plus, la minimisation est simplifiée aussi bien par rapport aux pixels (forme quadratique) que par rapport aux variables de cliques (forme explicite).

En résumé, il est possible de définir un critère augmenté qui remplit les deux conditions précédentes en définissant $-\psi(l)$ par la formule :

$$-\psi(l) = \inf_v \{vl - (\varphi \circ \sqrt{\cdot})(v)\}. \quad (3.24)$$

L'optimisation du critère augmenté (qui dépend des variables \mathbf{x} et l) se fait alors en deux étapes successives pixel par pixel:

1. recherche de la valeur optimale \hat{l}_c qui minimise $u_c^2 l_c + \psi(l_c)$ pour chaque paire de pixels impliquant le pixel courant ;
2. mise à jour du pixel courant de \mathbf{x} en minimisant explicitement le gradient du critère par rapport au pixel courant, tout le reste étant fixé.

La convergence est alors assurée par la convexité du critère original.

Nous allons maintenant décrire plus en détails ces deux étapes de minimisation.

3.6.1 Minimisation par rapport aux variables de lignes

Il n'est même pas nécessaire de connaître la forme explicite de ψ puisque ce qui nous intéresse est de trouver \hat{l}_c , qui est simplement défini par :

$$\hat{l}_c = \arg \min_{l_c} \{u_c^2 l_c + \psi(l_c)\}. \quad (3.25)$$

Une condition nécessaire est alors :

$$\left. \frac{\partial}{\partial l_c} [u_c^2 l_c + \psi(l_c)] \right|_{\hat{l}_c} = u_c^2 + \psi'(\hat{l}_c) = 0. \quad (3.26)$$

De plus, l'équation (3.21) peut aussi s'exprimer en fonction de \hat{l}_c :

$$\varphi(u_c) = u_c^2 \hat{l}_c + \psi(\hat{l}_c). \quad (3.27)$$

Or, \hat{l}_c est une fonction de u_c et en dérivant les deux membres par rapport à u_c , on obtient :

$$\varphi'(u_c) = 2u_c \hat{l}_c + u_c^2 \frac{\partial \hat{l}_c}{\partial u_c} + \frac{\partial \hat{l}_c}{\partial u_c} \psi'(\hat{l}_c) \quad (3.28)$$

$$= 2u_c \hat{l}_c + \frac{\partial \hat{l}_c}{\partial u_c} \underbrace{[u_c^2 + \psi'(\hat{l}_c)]}_{0 \text{ d'après (3.26)}} \quad (3.29)$$

$$= 2u_c \hat{l}_c. \quad (3.30)$$

D'où, finalement, la formule explicite de \hat{l}_c en fonction du potentiel choisi :

$$\hat{l}_c = \varphi'(u_c) / 2u_c. \quad (3.31)$$

Et, dans notre cas particulier où $\varphi(u_c) = \sqrt{1 + (u_c/\delta)^2}$:

$$\hat{l}_c = \frac{1}{2\delta \sqrt{\delta^2 + u_c^2}}. \quad (3.32)$$

3.6.2 Minimisation par rapport aux pixels

Grâce à cette construction, il est possible de calculer formellement la valeur du pixel courant qui minimise le critère lorsque tous les autres sont fixés (ainsi que les variables de lignes). Soit x_i la valeur du pixel courant i . Le critère augmenté peut être réécrit pour bien faire apparaître les valeurs des pixels :

$$J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l}) = \frac{1}{2\sigma_b^2} \|\mathbf{z} - \mathbf{H}\mathbf{x}\|^2 + \frac{\lambda}{2} \sum_{j \in \mathcal{L}} \sum_{k \in \eta_j} \left[(x_j - x_k)^2 \frac{l_{j,k}}{d_{j,k}^2} + \psi(l_{j,k}) \right], \quad (3.33)$$

où $d_{j,k} = d(j, k)$ est la distance entre les pixels j et k , et $l_{j,k}$ est la variable de ligne associée à ces deux pixels.

Soit m_i la valeur du pixel i qui minimise le critère (toutes choses restant identiques par ailleurs). Notons $\mathbf{x}^{(m_i)}$ le vecteur \mathbf{x} où x_i a été remplacé par m_i .

En tant que minimum local, m_i vérifie l'équation :

$$\left. \frac{\partial J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l})}{\partial x_i} \right|_{m_i} = 0; \quad (3.34)$$

ou encore, en dérivant la formule du critère exprimée en(3.33), l'équation équivalente suivante :

$$-\frac{2}{2\sigma_b^2} \left[\mathbf{H}^t (\mathbf{z} - \mathbf{H}\mathbf{x}^{(m_i)}) \right]_i + \frac{\lambda}{2} \sum_{k \in \eta_i} \left[2 \frac{l_{i,k}}{d_{i,k}^2} (m_i - x_k) \right] = 0, \quad (3.35)$$

où la notation $(\mathbf{v})_i$ représente l'élément i du vecteur \mathbf{v} .

Pour extraire la valeur de m_i en fonction des autres paramètres, il faut procéder à quelques manipulations. Tout d'abord, les vecteurs \mathbf{x} et $\mathbf{x}^{(m_i)}$ ne diffèrent que par leur élément i , ce qui implique que :

$$\left[\mathbf{H}^t \mathbf{H} \mathbf{x}^{(m_i)} \right]_i - \left[\mathbf{H}^t \mathbf{H} \mathbf{x} \right]_i = \left[\mathbf{H}^t \mathbf{H} \right]_{i,i} (m_i - x_i). \quad (3.36)$$

D'autre part, en introduisant x_i , on a l'égalité :

$$\sum_{k \in \eta_i} \left[\frac{l_{i,k}}{d_{i,k}^2} (m_i - x_k) \right] = \sum_{k \in \eta_i} \left[\frac{l_{i,k}}{d_{i,k}^2} (m_i - x_i + x_i - x_k) \right] \quad (3.37)$$

$$= \left[\sum_{k \in \eta_i} \frac{l_{i,k}}{d_{i,k}^2} \right] (m_i - x_i) + \sum_{k \in \eta_i} \left[\frac{l_{i,k}}{d_{i,k}^2} (x_i - x_k) \right] \quad (3.38)$$

En injectant les résultats précédents (3.36) et (3.38) dans l'équation (3.35), on en déduit que m_i doit satisfaire l'équation :

$$\begin{aligned} & [\mathbf{H}^t \mathbf{z}]_i - [\mathbf{H}^t \mathbf{H} \mathbf{x}]_i - [\mathbf{H}^t \mathbf{H}]_{i,j} (m_i - x_i) \\ & - \lambda \sigma_b^2 \left[\sum_{k \in \eta_i} \frac{l_{i,k}}{d_{i,k}^2} \right] (m_i - x_i) - \lambda \sigma_b^2 \sum_{k \in \eta_i} \left[\frac{l_{i,k}}{d_{i,k}^2} (x_i - x_k) \right] = 0. \end{aligned} \quad (3.39)$$

D'où, en regroupant les termes :

$$\begin{aligned} & \left([\mathbf{H}^t \mathbf{H}]_{i,j} - \lambda \sigma_b^2 \sum_{k \in \eta_i} \frac{l_{i,k}}{d_{i,k}^2} \right) (m_i - x_i) = \\ & [\mathbf{H}^t \mathbf{z}]_i - [\mathbf{H}^t \mathbf{H} \mathbf{x}]_i - \lambda \sigma_b^2 \sum_{k \in \eta_i} \frac{l_{i,k}}{d_{i,k}^2} (x_i - x_k). \end{aligned} \quad (3.40)$$

Et finalement, on obtient l'expression de m_i :

$$m_i - x_i = \frac{[\mathbf{H}^t \mathbf{z}]_i - [\mathbf{H}^t \mathbf{H} \mathbf{x}]_i - \lambda \sigma_b^2 \sum_{k \in \eta_i} \left[\frac{l_{i,k}}{d_{i,k}^2} (x_i - x_k) \right]}{[\mathbf{H}^t \mathbf{H}]_{i,j} - \lambda \sigma_b^2 \sum_{k \in \eta_i} \left(\frac{l_{i,k}}{d_{i,k}^2} \right)}. \quad (3.41)$$

Cette expression explicite de m_i est utilisée pour mettre à jour le pixel courant, par sur-relaxation :

$$x_i \leftarrow x_i + \alpha (m_i - x_i). \quad (3.42)$$

3.7 Mise en œuvre

L'application de modèles de champs de Markov aux problèmes de restauration d'images se heurte principalement à des difficultés de mise en œuvre. Comme nous l'avons montré dans la revue de littérature, les modèles raffinés débouchent sur des formulations du critère très difficiles à manipuler (recuit simulé, GNC). À l'opposé, des modèles restreints (quelques niveaux discrets) sont utilisés, surtout pour des problèmes de classification ou de segmentation. Dans notre cas, aucune de ces deux approches n'est satisfaisante. Cependant, l'utilisation de plusieurs simplifications (PSF invariante, restriction aux cliques à deux éléments, potentiels d'interaction convexe) permet des simplifications considérables. Enfin, le problème de déconvolution qui nous intéresse apporte une charge de calcul supplémentaire, d'autant plus importante que le support de la PSF est large. Cependant, grâce au travail de Brette et Idier (1996) du Groupe Problèmes Inverses (GPI) avec lequel nous collaborons, nous avons pu adapter un algorithme spécialement optimisé pour tirer parti de la séparabilité de la PSF pour réduire les calculs.

3.7.1 Résumé du modèle

À ce stade, il est important de résumer les caractéristiques du modèle avant de décrire plus en détail l'algorithme. Les différents éléments du modèle sont les suivants :

- scène originale : le modèle *a priori* des coupes tomographiques est un champ de Markov 3D avec des potentiels convexes (pour faciliter la restauration) choisis pour bien restaurer les discontinuités et définis par (3.6);
- système d'imagerie : le tomographe est caractérisé par sa PSF 2D (supposée gaussienne et estimée grâce à un fantôme connu) ;
- formation d'image : comme la PSF est supposée invariante spatialement, le processus 3D, défini par l'équation linéaire (3.1), est modélisé par une simple convo-

lution 2D à laquelle s'ajoute du bruit (blanc, gaussien centré) de variance supposée connue.

Dans le cadre de l'approche bayésienne du maximum *a posteriori*, le critère obtenu est alors un critère convexe $J(\mathbf{x})$. En introduisant les variables de lignes \mathbf{l} , on obtient un critère équivalent augmenté $J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l})$, plus simple à manipuler. Il est possible, pour minimiser $J_a(\mathbf{x}, \mathbf{l})$, de partir d'une solution initiale arbitraire et de remettre à jour chacune des variables (pixels et variables de lignes) successivement par relaxation. Le balayage de tous les pixels de toutes les coupes est répété jusqu'à ce qu'une règle d'arrêt soit vérifiée. La convergence vers le minimum commun, à savoir l'estimée recherchée, est assurée par la convexité du critère original et sa relation avec le critère augmenté (3.20).

3.7.2 Description générale de l'algorithme

Pour chaque site, on procède à la mise à jour du pixel ainsi que des variables de lignes associées. En fait, suivant la séquence de balayage, seules certaines variables de lignes sont utiles pour les mises à jour des pixels suivants et donc seules celles-ci sont remises à jour. Dans le cas d'un balayage colonne par colonne, comme illustré à la figure 3.6, il s'agit des quatre variables de lignes notées NE (Nord-Est), E (Est), SE (Sud-Est) et S (Sud) auxquelles s'ajoute la variable de la clique entre deux coupes adjacentes, par exemple celle du bas, B.

L'algorithme pour restaurer l'image originale \mathbf{x} peut se résumer ainsi :

1. on part d'une valeur initiale \mathbf{x}_{init} ;
2. tant que la règle d'arrêt n'est pas vérifiée :
 - (a) le pixel courant est mis à jour :

$$\mathbf{x}_i \leftarrow \mathbf{x}_i + \alpha(m_i - \mathbf{x}_i)$$
 où $m_i - \mathbf{x}_i$ est défini par l'équation (3.41) ;
 - (b) les variables de lignes utiles sont remises à jour :

$$l_c \leftarrow \widehat{l}_c = \varphi'(u_c)/2u_c$$
 pour les cliques NE, E, SE, S et B par exemple ;

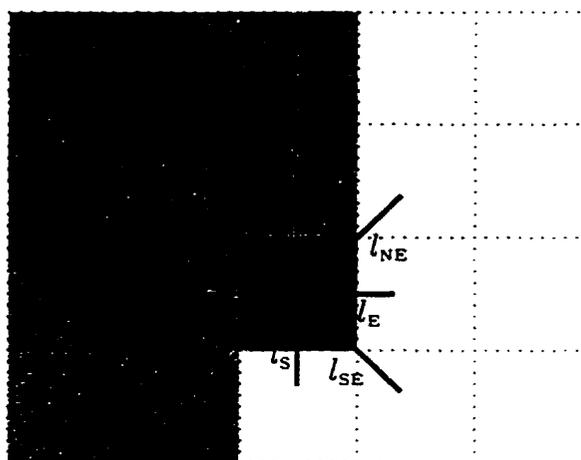


FIGURE 3.6 – Représentation schématique de la façon dont les images sont balayées par l'algorithme (en 2D) et des variables qui sont mises à jour à chaque itération.

(c) on passe au pixel suivant.

3.7.3 Algorithme optimisé

L'approche que nous avons choisie permet de traiter les données localement. Bien que le problème soit posé de façon globale en trois dimensions, la mise en œuvre de l'algorithme se fait coupe après coupe, séquentiellement, ce qui réduit la taille de la mémoire requise pour implanter l'algorithme. En contrepartie, ce type d'algorithme (appelé SSUA de l'anglais *Single Site Update Algorithm*) nécessite de nombreuses itérations pour assurer la convergence en balayant tous les pixels un nombre suffisant de fois. Il est donc important que le nombre d'opérations élémentaires requises à chaque itération soit le plus réduit possible. La mise à jour des variables de lignes ne fait intervenir que quelques pixels voisins. Cependant, pour chaque pixel, la convolution par la PSF du tomographe implique tous les pixels dans une région de la taille du support de la PSF. Pour une PSF de taille $p \times q$, cela représente un nombre de multiplications de l'ordre de $2pq$. Même si, dans notre cas, la PSF est souvent étroite, l'agrandissement de la zone d'intérêt augmente la taille du support de la PSF du même facteur. Encore une fois, cela peut devenir un obstacle à une application pra-

tique de la méthode proposée, surtout lorsqu'il faut traiter une série d'une trentaine de coupes successives.

Pour réduire le nombre d'opérations élémentaires, Brette et Idier (1996) ont proposé un algorithme SSUA optimisé. Par une manipulation astucieuse, l'hypothèse de séparabilité de la PSF permet d'effectuer le calcul du terme impliquant la PSF de façon récursive. Pour passer d'un pixel au suivant, le nombre de multiplications élémentaires est réduit à $p+q$ (au lieu de $2pq$). Pour le cas d'une image astronomique de taille 200×460 , et une PSF séparable de taille 37×41 , leur algorithme est au moins 35 fois plus rapide que la version non optimisée.

Dans notre cas, la PSF peut être considérée comme séparable. D'ailleurs, le modèle *a priori* qui a été choisi pour estimer la PSF est une gaussienne 2D qui est séparable (cf. annexe B). En pratique, nous utilisons donc des PSF séparables et nous avons appliqué l'algorithme optimisé (qui est environ 10 fois plus rapide dans notre cas). Le principe est directement généralisable à notre traitement en 3D puisque la PSF reste bidimensionnelle. Nous allons présenter le détail des calculs dans les paragraphes suivants.

3.7.3.1 Principe

À chaque itération, la valeur courante du pixel est corrigée d'une quantité $\alpha(m_i - x_i)$ où $m_i - x_i$ est défini par la relation (3.41). En examinant cette expression, on peut constater que les termes $[\mathbf{H}^t \mathbf{z}]_i$ et $[\mathbf{H}^t \mathbf{H}]_{i,j}$ ne dépendent pas de l'image en cours \mathbf{x} et peuvent donc être calculés et stockés préalablement. En fait, le seul terme qui fait intervenir la PSF et les valeurs courantes des pixels est $[\mathbf{H}^t \mathbf{H} \mathbf{x}]_i$. Pour calculer ce terme, il faut revenir à la définition de la matrice \mathbf{H} qui traduit la convolution dans chaque plan de coupe. Il n'est donc pas nécessaire de calculer le produit matriciel sur tous les pixels, mais il suffit de sommer les contributions des pixels sur une région correspondant au support de la PSF. Même ainsi, nous avons déjà fait remarquer que les calculs sont trop lourds.

L'enjeu de l'optimisation de l'algorithme est donc d'utiliser la séparabilité de la PSF pour proposer une façon récursive plus efficace de calculer le terme $[\mathbf{H}^t \mathbf{H} \mathbf{x}]_i$.

3.7.3.2 Réduction du problème en deux dimensions

Le processus de formation d'image dans chaque plan de coupe peut se résumer à une convolution bruitée décrite par la relation :

$$\mathbf{Z}^{(i)} = \mathbf{h} * \mathbf{X}^{(i)} + \mathbf{B}^{(i)}, \quad (3.43)$$

où les matrices $\mathbf{Z}^{(i)}$ et $\mathbf{X}^{(i)}$ représentent les images brutes et originales respectivement. En concaténant toutes les colonnes de chaque image en un seul vecteur contenant les valeurs de tous les pixels, cela équivaut à :

$$\mathbf{z}^{(i)} = \mathbf{C} \mathbf{x}^{(i)} + \mathbf{b}^{(i)}, \quad (3.44)$$

où \mathbf{C} est la matrice de convolution, c'est-à-dire la matrice de l'opérateur linéaire de convolution par \mathbf{h} . En considérant le problème à trois dimensions, la relation précédente reste vraie pour chacune des coupes i puisque la PSF est supposée bidimensionnelle. Encore une fois, en concaténant tous les vecteurs représentant les coupes dans un unique vecteur, la relation globale qui définit notre modèle est :

$$\mathbf{z} = \mathbf{H} \mathbf{x} + \mathbf{b}. \quad (3.45)$$

Mais, comme l'action de la PSF est limitée à une seule coupe à la fois, la structure de la matrice \mathbf{H} de convolution 3D est une structure par blocs. En effet, la convolution ne fait intervenir qu'une coupe à la fois et la matrice \mathbf{H} résultante se construit de la

façon suivante :

$$\mathbf{H}\mathbf{x} \equiv \begin{bmatrix} \mathbf{C}\mathbf{x}^{(1)} \\ \mathbf{C}\mathbf{x}^{(2)} \\ \vdots \\ \mathbf{C}\mathbf{x}^{(s)} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \boxed{\mathbf{C}} & & & 0 \\ & \boxed{\mathbf{C}} & & \\ & & \ddots & \\ 0 & & & \boxed{\mathbf{C}} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{x}^{(1)} \\ \mathbf{x}^{(2)} \\ \vdots \\ \mathbf{x}^{(s)} \end{bmatrix}, \quad (3.46)$$

pour une série de s images $\{\mathbf{x}^{(i)}\}_{1 \leq i \leq s}$ de taille $n \times m$ et une PSF de taille $p \times q$. La matrice \mathbf{C} (de taille $(n-p+1)(m-q+1) \times nm$) est la même partout et elle correspond à la convolution 2D. Par conséquent, le terme qui nous intéresse s'écrit :

$$\mathbf{H}^t \mathbf{H}\mathbf{x} \equiv \begin{bmatrix} \boxed{\mathbf{C}^t \mathbf{C}} & & & 0 \\ & \boxed{\mathbf{C}^t \mathbf{C}} & & \\ & & \ddots & \\ 0 & & & \boxed{\mathbf{C}^t \mathbf{C}} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{x}^{(1)} \\ \mathbf{x}^{(2)} \\ \vdots \\ \mathbf{x}^{(s)} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{C}^t \mathbf{C}\mathbf{x}^{(1)} \\ \mathbf{C}^t \mathbf{C}\mathbf{x}^{(2)} \\ \vdots \\ \mathbf{C}^t \mathbf{C}\mathbf{x}^{(s)} \end{bmatrix}. \quad (3.47)$$

Pour calculer $[\mathbf{H}^t \mathbf{H}\mathbf{x}]_i$, le problème se ramène donc simplement au calcul du terme $[\mathbf{C}^t \mathbf{C}\mathbf{x}^{(k)}]_i$ en deux dimensions, dans la coupe où se trouve le pixel courant x_i . Le paragraphe suivant décrit comment ce calcul peut être fait de façon récursive en 2D.

3.7.3.3 Calcul récursif du terme de convolution

Même en 2D, les valeurs des pixels sont rangées dans des vecteurs pour obtenir la version matricielle de la convolution :

$$\mathbf{C}\mathbf{x} \Leftrightarrow \mathbf{h} * \mathbf{X}. \quad (3.48)$$

Ce rangement assigne de façon unique la valeur du pixel (i, j) de l'image \mathbf{X} à la composante d'indice $\tau(i, j)$ du vecteur \mathbf{x} . Il est donc défini par le choix d'une bijection $\tau : \{1, 2, \dots, n\} \times \{1, 2, \dots, m\} \rightarrow \{1, 2, \dots, nm\}$ qui, à chaque couple (i, j) , associe un indice $\tau(i, j)$. Dans notre cas, le vecteur \mathbf{x} est formé par la concaténation des

colonnes de l'image \mathbf{X} , c'est-à-dire que $\tau(i, j) = i + n(j - 1)$. Les résultats suivants sont indépendants du rangement choisi, mais il est important de définir τ pour la clarté des équations.

L'écriture sous forme matricielle se traduit par les équivalences suivantes :

$$x_{\tau(i,j)} = X(i, j), \quad (3.49)$$

$$[\mathbf{C}\mathbf{x}]_{\tau(i,j)} = (\mathbf{h} * \mathbf{X})(i, j). \quad (3.50)$$

Développons le premier terme de l'égalité précédente (3.50):

$$[\mathbf{C}\mathbf{x}]_{\tau(i,j)} = \sum_{u=1}^{nm} C_{\tau(i,j),u} x_u. \quad (3.51)$$

Or, par définition, τ est une bijection et pour tout $u = 1, \dots, nm$, on peut définir (k, l) tel que $\tau(k, l) = u$. Avec cette notation, la somme sur u devient une double somme sur (k, l) :

$$[\mathbf{C}\mathbf{x}]_{\tau(i,j)} = \sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^m C_{\tau(i,j),\tau(k,l)} x_{\tau(k,l)} \quad (3.52)$$

$$= \sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^m C_{\tau(i,j),\tau(k,l)} X(k, l). \quad (3.53)$$

De même, en développant le produit de convolution, on obtient :

$$(\mathbf{h} * \mathbf{X})(i, j) = \sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^m h(i - k, j - l) X(k, l). \quad (3.54)$$

En remplaçant (3.53) et (3.54) dans (3.50) et en identifiant les termes, on en déduit la définition de \mathbf{C} :

$$C_{\tau(i,j),\tau(k,l)} = h(i - k, j - l). \quad (3.55)$$

Il est alors facile de calculer le produit suivant :

$$[\mathbf{C}^t \mathbf{C}]_{\tau(i,j),\tau(k,l)} = \sum_{u=1}^{nm} C_{u,\tau(i,j)} C_{u,\tau(k,l)}. \quad (3.56)$$

De la même façon, il est possible de réécrire cette somme comme une somme double :

$$[\mathbf{C}^t \mathbf{C}]_{\tau(i,j),\tau(k,l)} = \sum_{a=1}^n \sum_{b=1}^m C_{\tau(a,b),\tau(i,j)} C_{\tau(a,b),\tau(k,l)} \quad (3.57)$$

$$= \sum_{a=1}^n \sum_{b=1}^m h(a-i, b-j) h(a-k, b-l). \quad (3.58)$$

L'hypothèse que Brette et Idier (1996) introduisent est la séparabilité de la PSF. Nous avons vu que cette hypothèse est vérifiée dans notre cas. La PSF h peut alors se décomposer en un produit de deux fonctions à une variable f et g tel que $h(x, y) = f(x)g(y)$. La PSF h est en fait définie sur un support discret fini par la matrice \mathbf{h} qui s'écrit alors $\mathbf{h} = \mathbf{f}\mathbf{g}^t$ où les deux vecteurs \mathbf{f} et \mathbf{g} représentent les fonctions f et g respectivement. Avec cette hypothèse, la relation (3.58) devient :

$$[\mathbf{C}^t \mathbf{C}]_{\tau(i,j),\tau(k,l)} = \sum_{a=1}^n \sum_{b=1}^m f(a-i)g(b-j)f(a-k)g(b-l) \quad (3.59)$$

$$= \sum_{a=1}^n f(a-i)f(a-k) \sum_{b=1}^m g(b-j)g(b-l). \quad (3.60)$$

En notant α et β les vecteurs d'autocorrélation de \mathbf{f} et \mathbf{g} respectivement, cette relation se simplifie en :

$$[\mathbf{C}^t \mathbf{C}]_{\tau(i,j),\tau(k,l)} = \alpha(i-k)\beta(j-l). \quad (3.61)$$

Il en découle alors que :

$$[\mathbf{C}^t \mathbf{C} \mathbf{x}]_{\tau(i,j)} = \sum_{u=1}^{nm} [\mathbf{C}^t \mathbf{C}]_{\tau(i,j),u} x_u \quad (3.62)$$

$$= \sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^m [\mathbf{C}^t \mathbf{C}]_{\tau(i,j),\tau(k,l)} x_{\tau(k,l)} \quad (3.63)$$

$$= \sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^m \alpha(k-i)\beta(l-j)X(k,l). \quad (3.64)$$

Comme les vecteurs d'autocorrélation n'ont qu'un nombre limité de valeurs non nulles, les sommes précédentes peuvent être simplifiées. En posant $a = k-i$ et $b = l-j$ dans (3.64), on obtient :

$$[C^t C x]_{\tau(i,j)} = \sum_{a=-(p-1)}^{p-1} \sum_{b=-(q-1)}^{q-1} \alpha(a)\beta(b)X(i+a, j+b) \quad (3.65)$$

$$= \sum_{a=-(p-1)}^{p-1} \alpha(a) \sum_{b=-(q-1)}^{q-1} \beta(b)X(i+a, j+b). \quad (3.66)$$

Finalement, cette équation fournit une façon efficace de calculer le terme qui nous intéresse, à savoir :

$$[C^t C x]_{\tau(i,j)} = \sum_{a=-(p-1)}^{p-1} \alpha(a)R^{i,j}(a) = \alpha^t R^{i,j}, \quad (3.67)$$

où $R^{i,j}$ est un vecteur de longueur $2p-1$ défini par :

$$R^{i,j}(a) = \sum_{b=-(q-1)}^{q-1} \beta(b)X(i+a, j+b). \quad (3.68)$$

En effet, les deux formules (3.67) et (3.68) ne nécessitent que p et q multiplications car les vecteurs α et β sont des vecteurs d'autocorrélation, donc symétriques, ce qui permet des factorisations.

Ce qui est encore plus astucieux est que le vecteur $R^{i,j}$ n'a pas besoin d'être recalculé au complet lors du passage du pixel (i, j) à son voisin. Il suffit de revenir à sa définition (3.68) pour constater que :

$$R^{i+1,j}(a) = R^{i,j}(a+1). \quad (3.69)$$

Quand le pixel courant est remis à jour, cela affecte seulement la valeur de $R^{i,j}(0)$ qui

est alors immédiatement changée suivant la formule :

$$R^{i,j}(0) \leftarrow R^{i,j}(0) + \beta(0)(X^{\text{new}}(i, j) - X(i, j)). \quad (3.70)$$

Si le pixel suivant est dans la même colonne, il suffit alors d'appliquer (3.69) et il reste seulement à calculer la dernière composante $R^{i+1,j}(p-1)$.

3.7.3.4 Récapitulation détaillée de l'algorithme

En reprenant toutes les étapes décrites précédemment, l'algorithme s'écrit ainsi :

I. Pour chaque image $k = 1, \dots, s$: initialisation. $C^t C$, $C^t z^{(k)}$, α et β sont calculés et stockés une fois pour toutes.

A. Pour chaque colonne $j = 1, \dots, m$: calcul complet du vecteur $R^{0,j}$.

1. Pour chaque pixel $p = (i, j, k)$ pour $i = 1, \dots, n$:

(a) calcul du terme $[C^t C]_p = \alpha^t R^{i,j}$;

(b) calcul de $m_p - x_p$ suivant la formule (3.41) en ajoutant les termes précalculés et ceux faisant intervenir les pixels voisins :

(c) mise à jour du pixel courant par sur-relaxation :

$$x_p^{\text{new}} \leftarrow x_p + \omega(m_p - x_p) ;$$

(d) mise à jour de la composante du vecteur récursif impliquant le pixel courant : $R_0^{i,j} \leftarrow R_0^{i,j} + \beta_0(x_p^{\text{new}} - x_p)$;

(e) mise à jour des variables de lignes :

$$l_c \leftarrow \hat{l}_c = \varphi'(u_c)/2u_c \text{ pour les cliques NE, E, SE, S et B ;}$$

(f) décalage du vecteur récursif pour le pixel suivant :

$$R_a^{i+1,j} = R_{a+1}^{i,j} ;$$

(g) calcul de la dernière composante du vecteur récursif $R_{p-1}^{i+1,j}$ par la formule (3.68).

2. La boucle 1. est répétée jusqu'à la fin de la colonne.

B. La boucle A. est répétée jusqu'à la fin de l'image.

II. La boucle I. est répétée jusqu'à convergence

(ou, en pratique, jusqu'à ce qu'une règle d'arrêt soit vérifiée).

Il faut préciser que toutes les opérations qui sont répétées à chaque itération ont été réduites. De plus, la règle d'arrêt (par exemple lorsque le critère a fini de décroître significativement) est atteinte après un nombre raisonnable d'itérations complètes. Ainsi, malgré sa complexité apparente, l'algorithme permet le traitement 3D d'une série d'images tomographiques en un temps raisonnable sur des stations de travail modestes (cf. chapitre 4 pour une évaluation quantitative).

Finalement, pour évaluer cette méthode, il reste à présenter les résultats obtenus et leur analyse en fonction des objectifs fixés. C'est le propos du chapitre suivant.

Chapitre 4

Résultats obtenus et discussion

4.1 Rappel des objectifs

Le but de la restauration d'images est d'améliorer la qualité d'images dégradées. Dans notre cas, améliorer la qualité est nécessaire pour augmenter la précision avec laquelle les contours des zones de l'image sont définis. En effet, il faut bien garder en mémoire l'objectif final du projet commun auquel nous participons : la fabrication de prothèses personnalisées du genou. Après restauration, les images tomographiques doivent permettre d'extraire avec exactitude le contour du fémur dans chaque plan de coupe.

Ensuite, les autres étapes du projet vont elles aussi introduire des erreurs. La première source d'incertitude vient de la reconstruction de la surface osseuse à partir d'un nombre limité de contours (environ une trentaine de coupes). Cette étape fait appel à une méthode de modélisation par « krigage » qui utilise toutes les images pour définir la surface. Il est ensuite possible d'obtenir des coupes suivant n'importe quel plan. Le dessin de la prothèse elle-même s'appuie sur la surface du fémur ainsi définie. Une autre imprécision découle de la fabrication d'un positif de la prothèse par prototypage rapide (stéréolithographie par exemple). La fabrication du moule à partir du positif et, finalement, le moulage de la prothèse introduisent aussi d'autres

erreurs. Il est donc difficile de juger de la précision de la prothèse seulement d'après les images.

Cependant, certaines étapes sont plus précises que d'autres et les implants du Dr. Gariépy ont donné des exemples de prothèses dont la durée de vie *in vivo* a été mesurée. Dans le but d'obtenir une prothèse personnalisée suffisamment durable, l'objectif que nous nous sommes fixé est d'obtenir un ajustement entre os et prothèse de l'ordre du millimètre. Les contours obtenus après restaurations doivent donc présenter une précision nettement inférieure au millimètre. Cela permet donc d'évaluer la restauration des images tomographiques sur une base quantitative.

Nous avons donc appliqué notre méthode de restauration à différentes images. Certaines sont des images simulées dont toutes les caractéristiques (PSF, bruit) sont connues exactement. D'autres sont des images tomographiques de fantômes de dimensions connues pour pouvoir mesurer les écarts avec l'original. Enfin, nous traitons les images d'une réplique de fémur humain.

Pour obtenir les contours, nous avons segmenté les images suivant un seuil à mi-hauteur. Cette méthode simple est utilisée uniquement à des fins de comparaison. car, ultimement, les contours seront obtenus par krigeage à partir de toutes les coupes. Le krigeage introduit aussi des erreurs et c'est pour s'affranchir de toute interférence dans l'évaluation de la restauration que nous avons simplement utilisé un seuillage.

4.2 Images simulées 2D

Dans notre mise en équation du problème, nous avons supposé que la PSF et la nature du bruit étaient connues. L'estimation des paramètres de la PSF et de la variance du bruit est faite préalablement et une première erreur difficile à quantifier est introduite. Pour évaluer la méthode de restauration en tant que telle, nous avons donc procédé à une première série de tests sur des images de synthèse.

Dans ce cas très favorable, l'image originale est connue. L'image brute est alors

simplement obtenue en lui appliquant les dégradations décrites par le modèle (1.3) avec une PSF et un bruit choisis au préalable. En pratique, nous avons choisi la PSF estimée sur un tomographe commercial¹ et différents niveaux de bruit. La figure 4.1 montre le résultat de telles dégradations sur l'image originale utilisée pour nos tests. Nous avons choisi une image binaire car les images réelles le sont presque (cf. chapitre 1). Les deux zones représentent le tissu osseux d'une part et les autres tissus d'autre part. De plus, la forme des contours inclut des angles droits et des arrondis pour juger des effets de bord de la restauration.

Les résultats de la restauration de ces images de test sont présentés à la figure 4.2. Les images restaurées sont très proches de l'original, même lorsque le niveau de bruit est élevé. À titre de comparaison, le rapport signal sur bruit (RSB) des images recueillies expérimentalement était d'environ 15 dB. Comme ce rapport peut varier suivant les réglages choisis sur le tomographe, nous présentons ici deux cas comparables (10 dB et 20 dB). Nous avons aussi illustré un cas beaucoup plus défavorable (0 dB) pour tester les limites de la méthode. Rappelons que le modèle *a priori* (le champ de Markov) favorise la présence de zones uniformes. Cette caractéristique est bien visible dans les images restaurées.

À titre de référence, nous avons comparé la méthode proposée avec une technique développée parallèlement par Pereira (1997) pour la même application : le filtrage de Wiener. C'est une approche qui utilise un modèle plus simple mais beaucoup plus rapide. De plus, une version non-supervisée a été développée qui la rend mieux adaptée à une utilisation pratique (pas de paramètre de réglage à ajuster). Comme le choix d'une méthode est souvent un compromis entre la complexité numérique et la qualité de la restauration, le filtrage de Wiener offre une alternative qui privilégie la simplicité de mise en œuvre aux dépens de la précision atteinte. On peut donc s'attendre à des résultats de moins bonne qualité, mais la simplicité de la méthode doit être prise en considération. La figure 4.3 présente les images restaurées par les

1. modèle PQ 5000 commercialisé par Picker

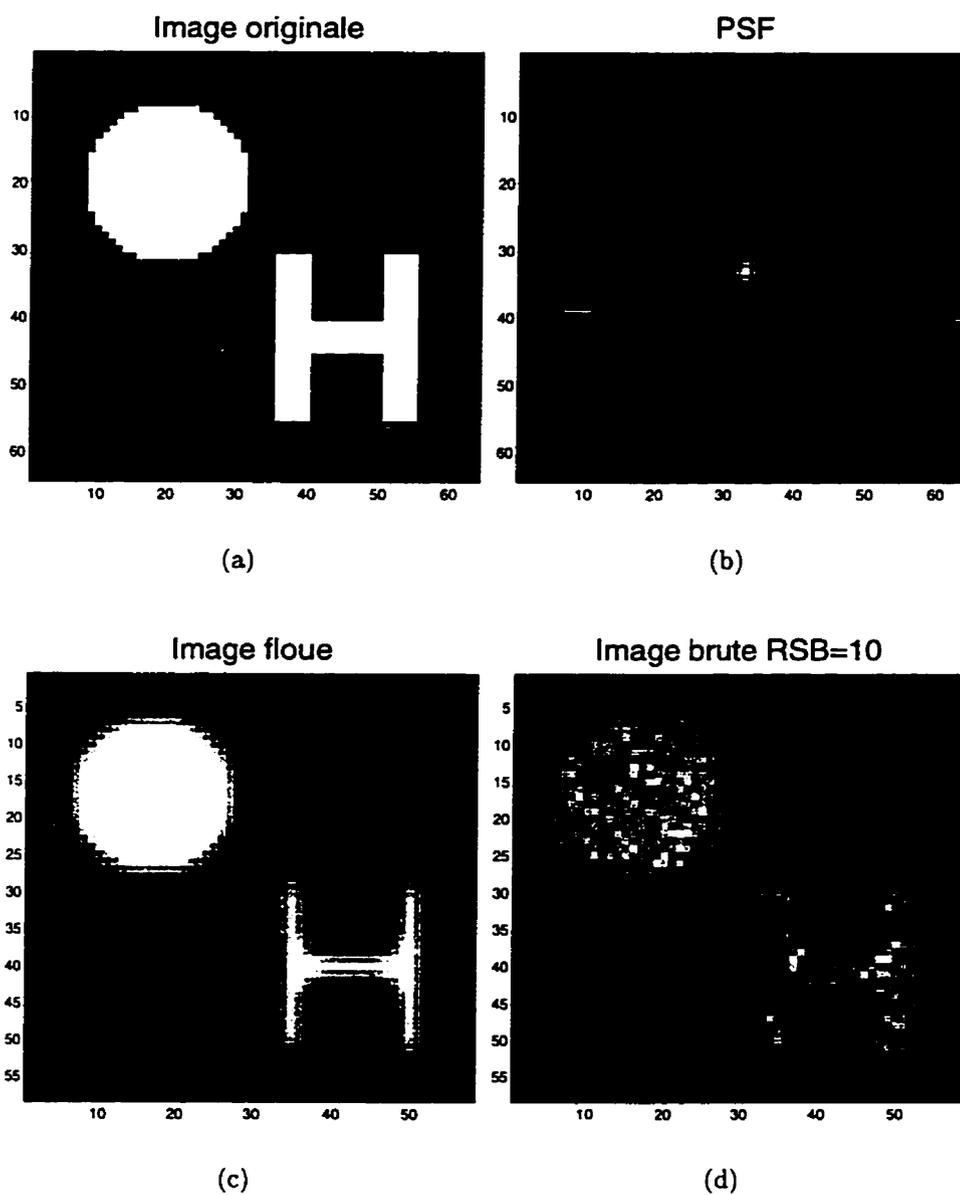


FIGURE 4.1 – *Illustration des dégradations induites par le tomographe : (a) image originale qui serait produite par un appareil parfait, (b) réponse impulsionnelle (PSF) du tomographe, qui n'est pas ponctuelle, (c) image floue, résultat de la convolution par la PSF de l'image originale et (d) image finalement recueillie (avec un niveau de bruit de 10 dB).*

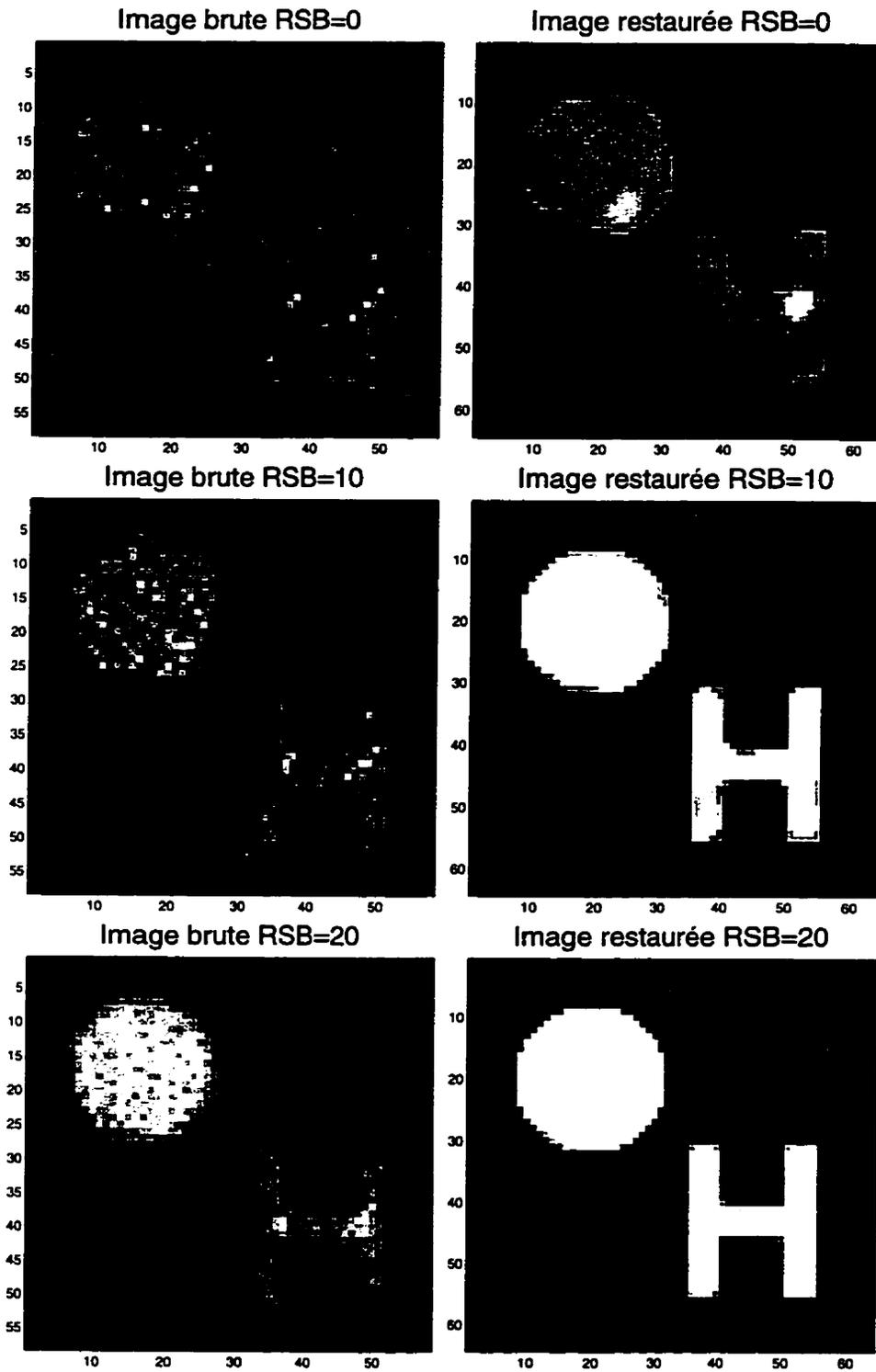


FIGURE 4.2 – Résultats de la restauration d'images simulées à différents niveaux de bruit.

deux techniques ainsi que les résultats d'une segmentation.

Comme prévu, l'image restaurée par filtrage de Wiener est de moins bonne qualité car les contours sont difficiles à discerner. Certes, après segmentation, l'image originale est plus facilement reconnaissable. Si l'on compare la délimitation des régions (car c'est notre objectif), dans le cas du filtrage de Wiener, 92 pixels sont mal classés contre seulement 20 en utilisant notre méthode. Si l'on ramène ce nombre au nombre de pixels qui forment les frontières des régions, les erreurs de classification sont d'environ 23 % et 5 % respectivement. Une telle différence justifie, nous semble-t-il, la plus grande complexité de l'approche que nous proposons. En effet, une méthode rapide comme le filtrage de Wiener ne permet pas d'obtenir des résultats vraiment satisfaisants.

Au contraire, il serait possible d'envisager de raffiner encore le modèle pour obtenir de meilleurs résultats. La figure 4.2 montre que le potentiel d'interaction que nous avons choisi pour le champ de Markov conduit à une image restaurée où les zones homogènes sont clairement définies, même avant la segmentation. Ce choix est un compromis qui permet une mise en œuvre optimisée alors qu'une méthode plus lourde à implanter serait difficile à utiliser en pratique. De plus, la taille d'un pixel est en général inférieure à un millimètre. Par conséquent, la précision des contours sur ces images simulées est bien inférieure à un millimètre, ce qui est en accord avec notre objectif.

Pour toutes les images précédentes, nous avons utilisé la méthode en 2D et les résultats sont très satisfaisants, bien meilleurs qu'avec des méthodes plus simples comme le filtrage de Wiener. Or, le traitement 3D demande évidemment plus de calculs. La question se pose donc de savoir si ce coût supplémentaire est justifié.

4.3 Images simulées 3D

Afin de comparer les approches 2D et 3D, nous avons simulé un objet 3D, dont la forme approche celle du fémur. À partir de cet objet, nous avons calculé une série

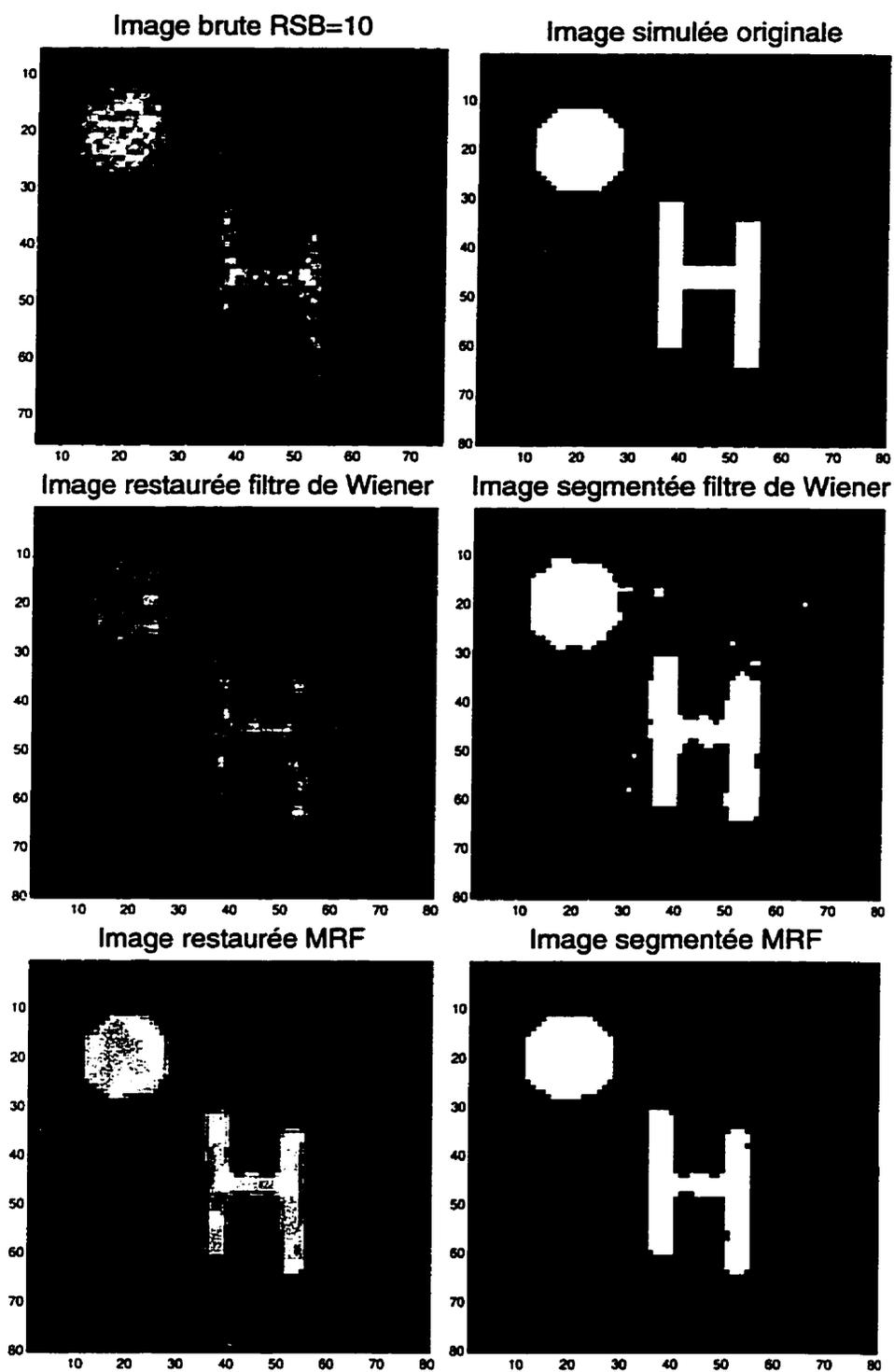


FIGURE 4.3 – Résultats de la restauration d'une image simulée par filtrage de Wiener et par notre approche par champ de Markov, puis segmentation, comparés aux images brute et originale.

de coupes qui sont représentées à la figure 4.4. Nous en avons utilisé les versions

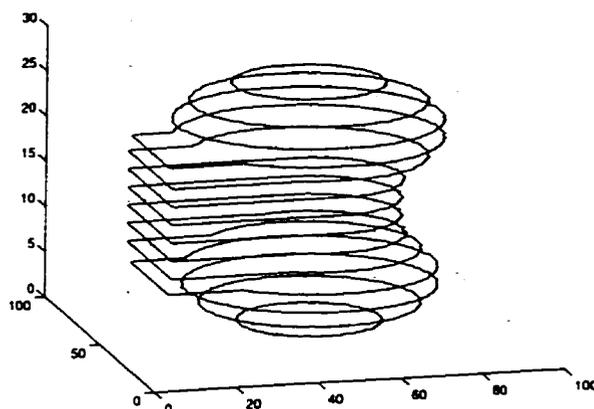


FIGURE 4.4 – *Superposition des contours de la série d'images simulées.*

dégradées comme images brutes d'une deuxième série de tests. Encore une fois, le cas est très favorable puisque les caractéristiques de la dégradation sont connues précisément. Comme précédemment, la PSF utilisée est une PSF estimée sur le même tomographe commercial. Le rapport signal sur bruit a été fixé à 10 dB, soit un niveau de bruit supérieur à celui des images recueillies expérimentalement afin de compenser ces conditions idéales. La figure 4.5 montre les résultats obtenus en 2D et 3D pour une coupe particulière. Visuellement, la différence entre ces deux restaurations est imperceptible. Nous avons aussi tracé les contours obtenus par les deux méthodes comparés aux contours originaux. Encore une fois, les résultats sont presque identiques et l'écart entre les contours originaux et restaurés ne dépasse pas un demi-millimètre environ. C'est un résultat excellent compte tenu de notre objectif. Il est donc normal que l'apport du traitement 3D soit négligeable. Cependant, dans des conditions moins idéales, on peut s'attendre à ce que les résultats soient moins bons et que la méthode 3D apporte une réelle amélioration.

La suite logique consiste alors à tester notre méthode sur de vraies images tomographiques.

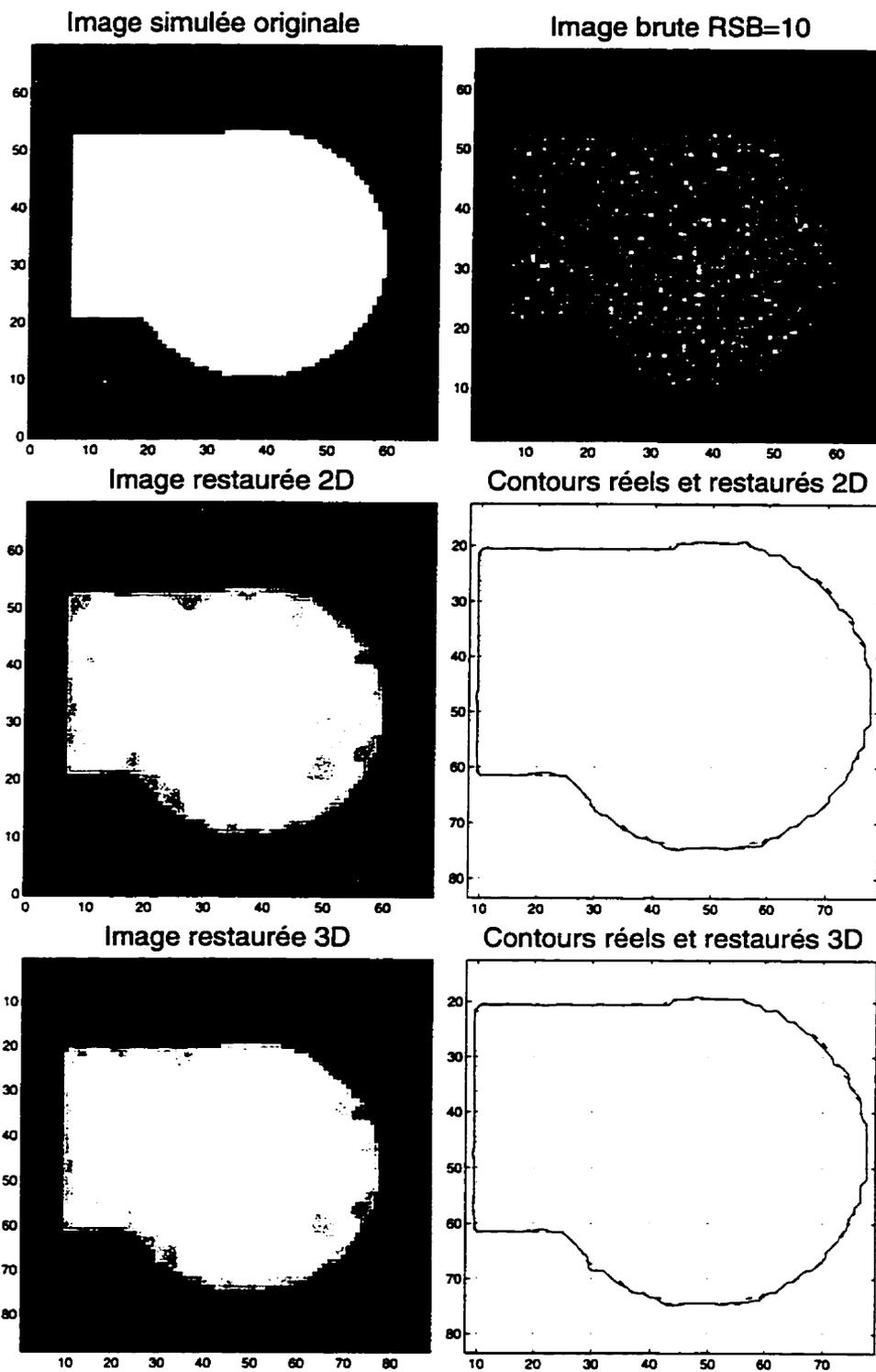


FIGURE 4.5 – Exemples de restaurations 2D et 3D d'une coupe particulière (tirée d'une série d'images simulées) et contours obtenus par segmentation.

4.4 Images tomographiques d'un fantôme

Toutes les images tomographiques présentées ont été obtenues à l'aide d'un tomographe à rayons X² de l'hôpital Notre-Dame de Montréal. L'appareil a été utilisé en mode axial et non hélicoïdal pour limiter les artefacts de reconstruction.

Dans un premier temps, et pour pouvoir juger de la qualité des restaurations, nous avons utilisé un fantôme de dimensions connues. Nous avons choisi un ellipsoïde de révolution plongé dans de l'eau. Le choix du matériau du fantôme et de l'eau reflète la différence d'opacité aux rayons X entre le tissu osseux et des autres tissus illustrée par le tableau 3.1. Pour décrire plus concrètement la forme du fantôme, la figure 4.6 représente les contours obtenus après traitement, à partir de la trentaine d'images tomographiques recueillies.

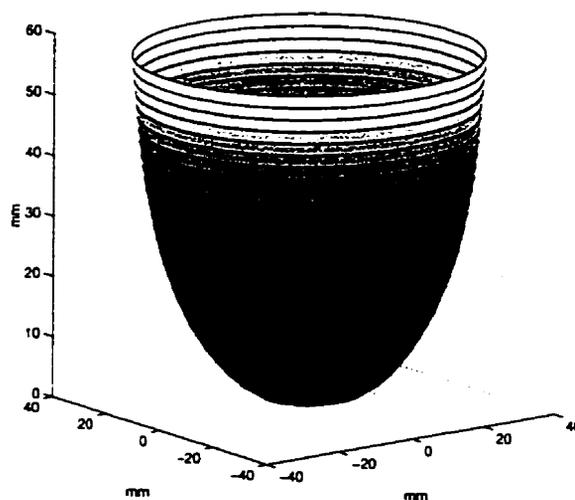


FIGURE 4.6 – *Superposition de tous les contours restaurés de l'ellipsoïde.*

Étant donnée la symétrie de révolution de l'ellipsoïde, les coupes sont, aux imprécisions près, des disques dont le diamètre varie le long de l'axe. La figure 4.7 donne quelques exemples des images tomographiques à différentes positions sur l'axe de révolution et les images restaurées correspondantes.

2. modèle PQ 5000 commercialisé par Picker

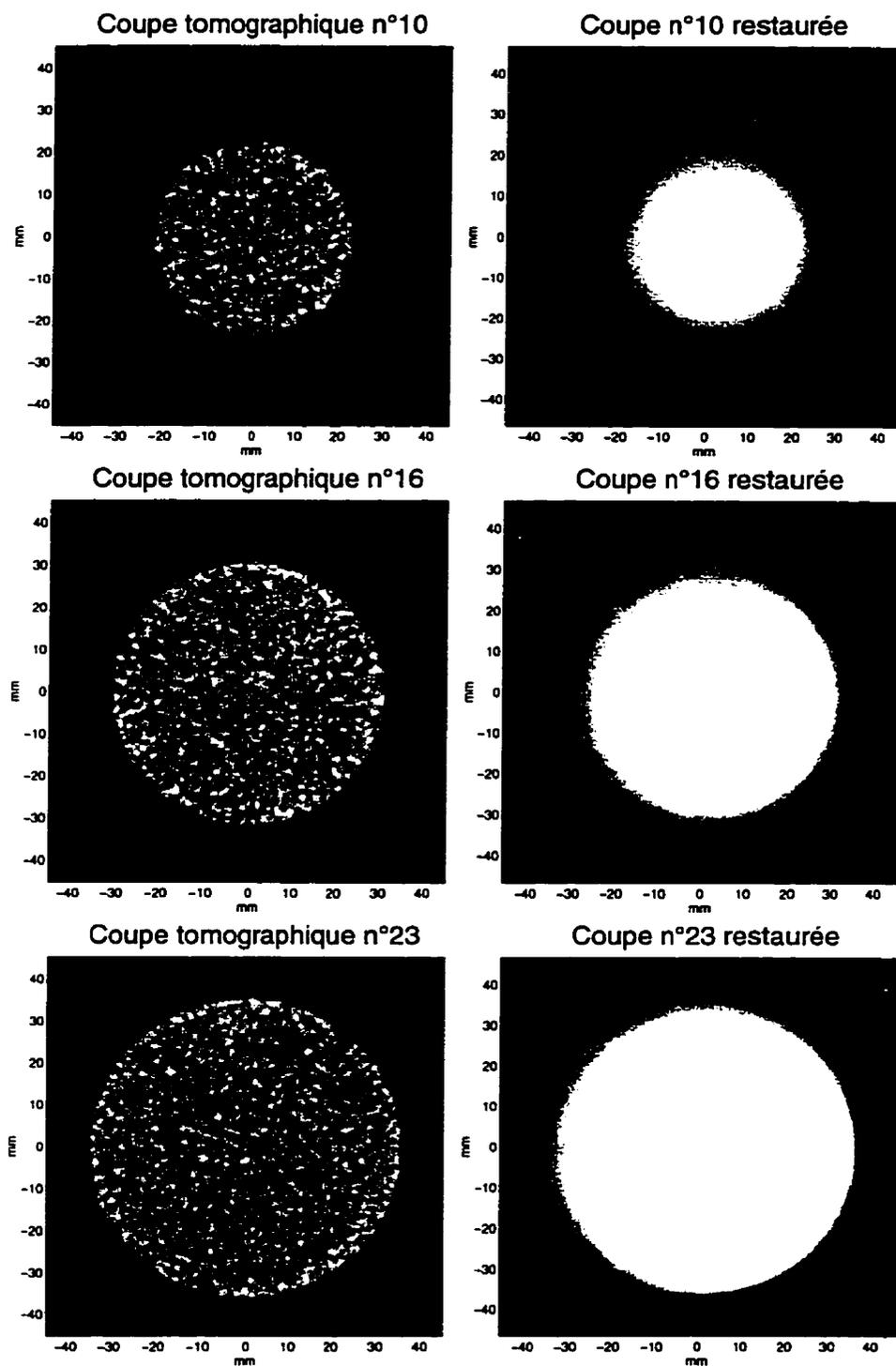


FIGURE 4.7 – Exemples de restaurations 3D tirés d'une série d'images tomographiques d'un ellipsoïde de dimensions connues.

Seules les images restaurées en 3D ont été représentés car, encore une fois, les résultats obtenus en utilisant la méthode 2D ou 3D sont semblables visuellement. Cependant, quantitativement, s'il l'on compare les contours tirés d'une suite de coupes restaurées aux contours originaux, il apparaît clairement que la méthode 3D offre une plus grande précision. Pour illustrer cela, la figure 4.8 superpose les contours issus de la restauration de quatre coupes successives. En fonction de la position de la coupe, le contour de l'ellipsoïde est aussi tracé (en pointillés). Pour permettre un grossissement et faciliter la lecture, seul un quart environ de chaque contour a été représenté.

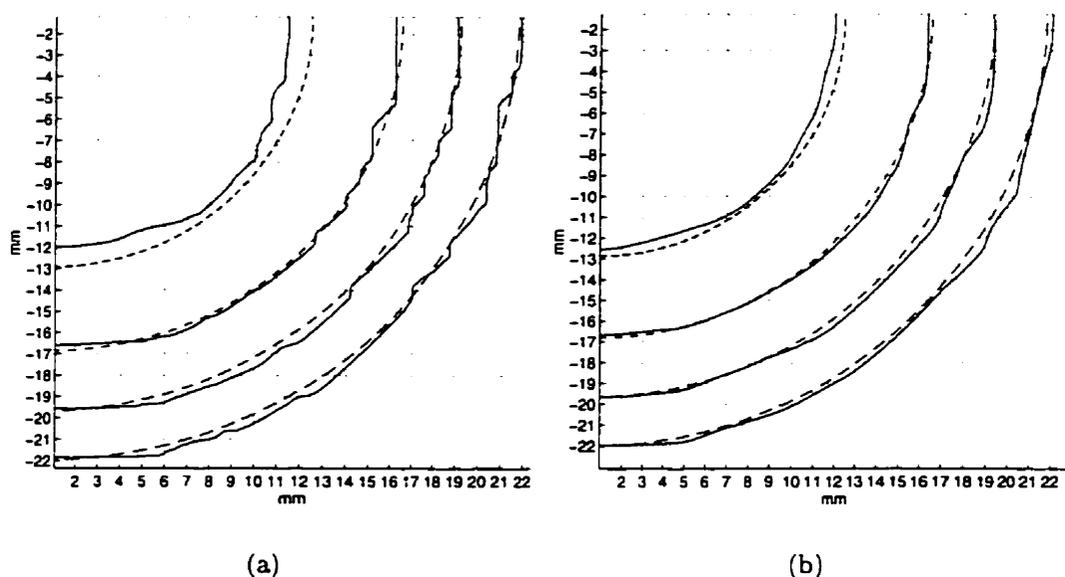


FIGURE 4.8 – Contours d'une suite de coupes obtenus après restauration (trait plein) comparés aux contours réels (pointillés) : (a) méthode 2D et (b) méthode 3D.

Avec la méthode 2D, l'écart entre les contours restaurés et réels est assez irrégulier et dépasse parfois légèrement un millimètre. Il est possible d'obtenir des contours plus lisses en augmentant le paramètre de lissage λ , mais la précision diminue. La valeur qui conduit aux résultats présentés est celle qui donne les contours les plus exacts, bien qu'un peu irréguliers. Ce choix se justifie par notre objectif de définir les contours osseux avec la plus grande précision. Pour la méthode 3D, les résultats

sont meilleurs. L'écart entre les contours restaurés et réels est toujours inférieur à environ un demi-millimètre. L'amélioration quantitative est donc significative. En rappelant que notre objectif était d'obtenir une précision supérieure à un millimètre, la méthode 3D répond pleinement à nos exigences alors que la méthode 2D n'est pas complètement satisfaisante.

La plus grande précision et le tracé moins irrégulier des contours restaurés par la méthode 3D s'expliquent par le fait que plus de connaissance *a priori* est prise en compte dans le modèle 3D. Ainsi, la fidélité du modèle est augmentée et l'influence des distorsions (bruit, flou), qui ne sont pas toujours connues précisément, est réduite. En effet, la continuité des images dans la troisième dimension (suivant l'axe du tomographe) apporte un surplus d'information qui améliore le résultat quand, par ailleurs, les conditions ne sont pas idéales. Or, les sources d'imperfection sont nombreuses et notamment :

- la PSF varie d'un point à l'autre de l'image ;
- le bruit peut être corrélé ou dépendant du signal ;
- on ne dispose que d'une estimée des paramètres de la PSF
- on ne dispose que d'une estimée de la variance du bruit
- le modèle *a priori* n'est qu'une approximation.

Par conséquent, dans des conditions réelles, l'avantage du traitement 3D est significatif. D'ailleurs, sur cet exemple, ce n'est qu'à ce prix que la précision requise est atteinte.

De tels tests, sur un fantôme de dimensions connues, montrent que l'amélioration visuelle des images est accompagnée d'une meilleure définition des contours. L'écart quantitatif entre les contours restaurés et les contours réels a été évalué précisément. Pour des conditions expérimentales semblables, il est raisonnable d'espérer la même

précision dans la reconstruction de la surface d'éléments anatomiques osseux, notamment le fémur sur lequel doit s'adapter la prothèse personnalisée.

4.5 Application au fémur

Bien que ce soit le but de notre travail, l'application de notre méthode aux images tomographiques à une réplique obtenue par moulage d'un vrai fémur n'apporte pas d'informations directes sur la qualité de la restauration. En effet, sans points de repère géométriques précis, il est difficile de mesurer exactement les dimensions du fémur. De plus, le placement du fémur par rapport à l'axe du tomographe n'est pas connu avec précision, pas plus que l'endroit exact où les images sont prises. Il est donc impossible en pratique de comparer les contours obtenus après restauration aux contours « réels » du fémur.

Cependant, il est toujours possible de juger de la qualité visuelle des images. Dans cette optique, la figure 4.9 compare quelques unes des 35 coupes tomographiques d'un fémur humain avec leur version restaurée.

Encore une fois, la restauration permet d'améliorer l'image sur deux points, parfois considérés comme contradictoires :

- le bruit est très fortement atténué, ce qui correspond un peu à un lissage, et cela permet de réduire l'incertitude autour des contours de chaque région ;
- le flou dû à la PSF est réduit, ce que ne permet pas un lissage, et les contours sont définis avec une plus grande précision.

Pour bien se rendre compte de ces deux effets, nous avons tracé à la figure 4.10 le profil d'une coupe tomographique du fémur avant et après restauration. Le bruit de fond est nettement moindre et les discontinuités sont plus abruptes dans l'image restaurée, ce qui concourt à une meilleure reconstruction de la surface osseuse.

En fait, pour évaluer la qualité de la restauration, il faudrait comparer la surface déterminée par les contours de la série d'images restaurées illustrés à la figure 4.11 et

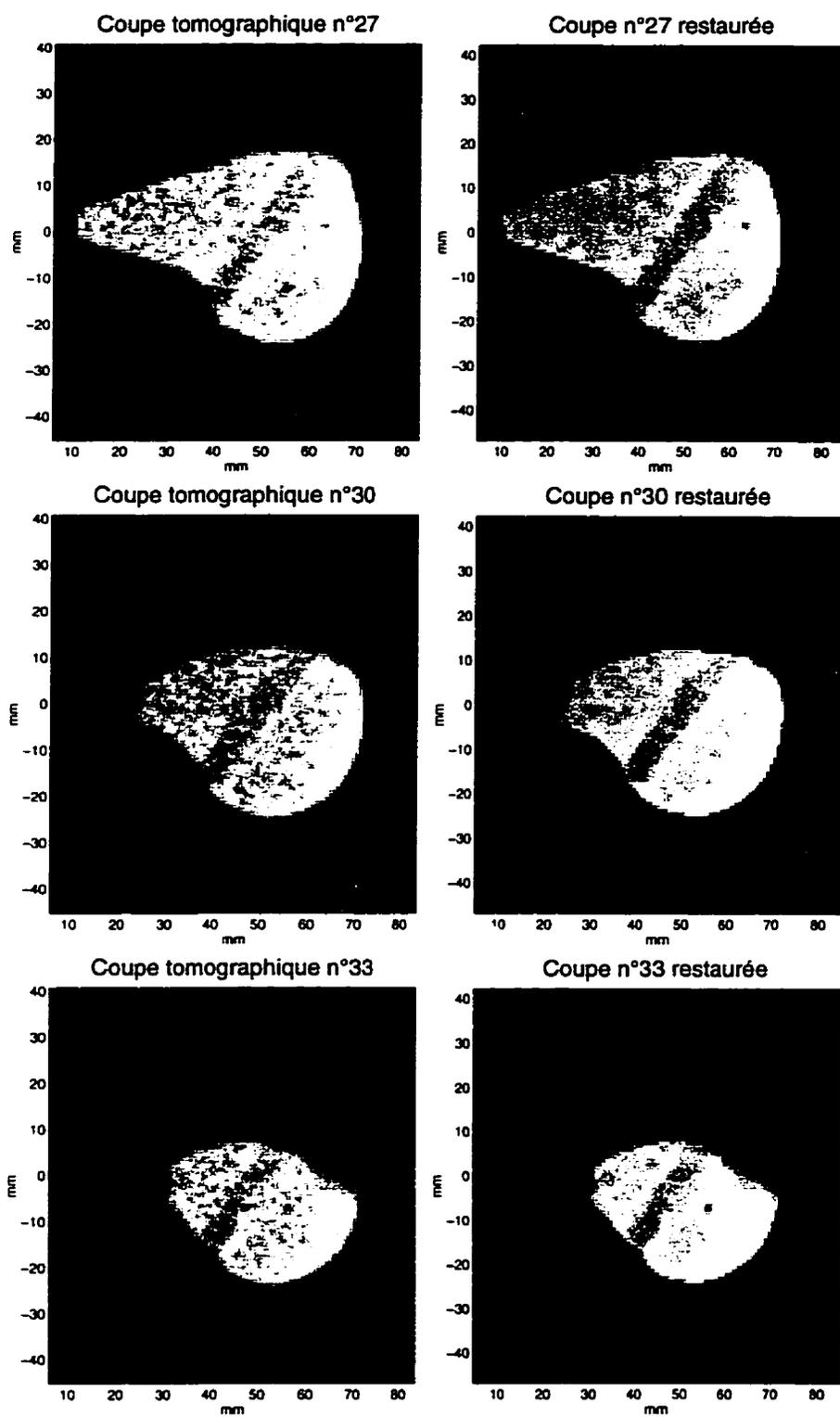


FIGURE 4.9 – Exemples de restaurations tirés d'une série d'images tomographiques d'un fémur humain.

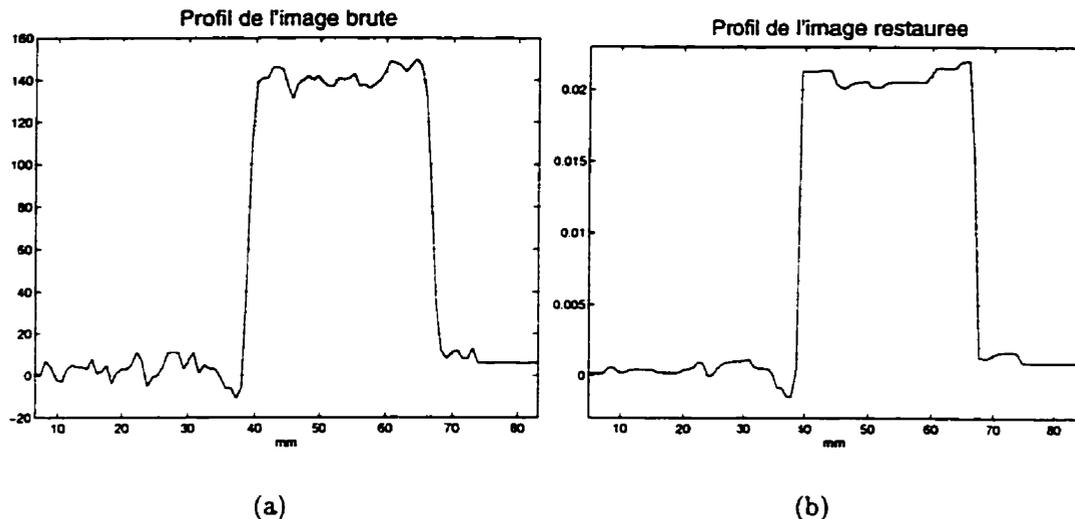


FIGURE 4.10 – *Comparaison des profils : (a) une image tomographique et (b) la même image restaurée.*

la surface définie par un ensemble de points mesurés sur le fémur. Les coordonnées de ces points peuvent être fournies par une machine à mesurer, mais il faut encore procéder à un changement de repère pour faire coïncider ces deux représentations de la surface du fémur. C'est un problème difficile en l'absence de points de référence.

4.6 Comparaison des volumes de calcul en 2D et 3D

Dans le cadre de notre projet, nous avons déjà souligné l'importance de maintenir la complexité numérique à un niveau raisonnable pour permettre l'implantation de la méthode sur des machines courantes et abordables. Nous avons déjà montré que le traitement 3D apportait un gain de précision. Il faut aussi reconnaître qu'il requiert, en contrepartie, plus de calculs.

La source de cette augmentation est l'extension des voisinages des pixels dans le modèle de champ de Markov. Alors qu'en deux dimensions chaque pixel interagit avec ses 8 plus proches voisins, la prise en compte des interactions avec les coupes adjacentes ajoute 2 pixels. À chaque itération, la mise à jour du pixel courant passe par

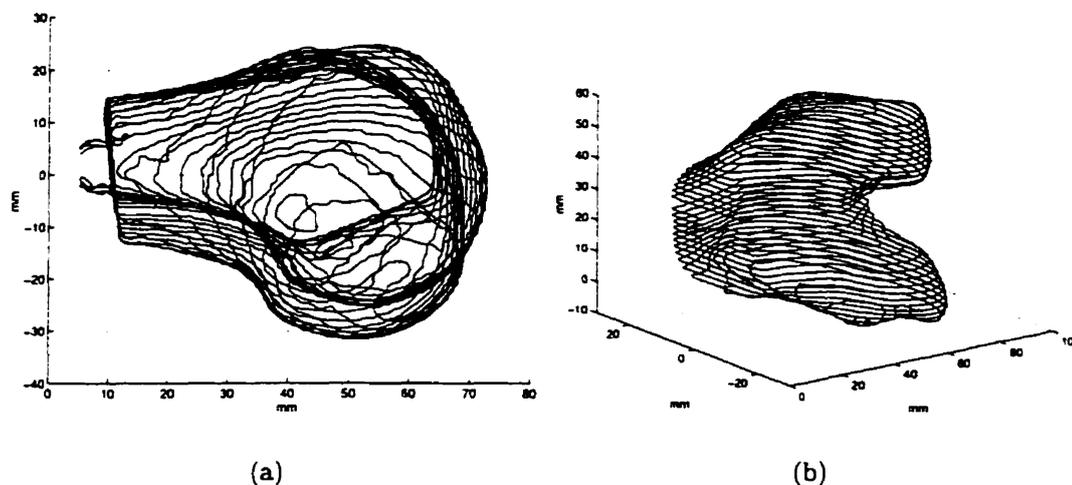


FIGURE 4.11 – *Contours extraits de la restauration d'une série d'images tomographiques d'un fémur humain : (a) projection dans le plan de coupe et (b) représentation 3D.*

l'évaluation de la formule (3.41). Elle fait intervenir des termes correspondants à la déconvolution ($[\mathbf{H}^t \mathbf{z}]_i$, $[\mathbf{H}^t \mathbf{H} \mathbf{x}]_i$ et $[\mathbf{H}^t \mathbf{H}]_{i,j}$) et d'autres correspondants aux interactions locales ($\sum_{k \in \eta_i} [(l_{i,k}/d_{i,k}^2)(x_i - x_k)]$). Seuls les calculs de ces derniers augmentent proportionnellement au nombre de voisins (+25 % en passant de 8 à 10 voisins). Les calculs nécessaires aux mises à jour des variables de lignes (dont le nombre passe de 4 à 5) sont aussi augmentés du même facteur.

Du fait que certaines étapes de l'algorithme (qui sont liées à la déconvolution) sont identiques en 2D et 3D, l'augmentation relative du volume de calculs dépend de la taille de la PSF. Expérimentalement, nous avons travaillé sur deux séries d'images tomographiques, à savoir celle du fantôme et celle du fémur. Le tableau 4.1 compare leur taille, ce qui donne une idée du volume de données à traiter. Les deux séries d'images ont été obtenues avec des réglages différents du facteur d'agrandissement. Cela explique la différence de taille des PSF. Il faut aussi noter que la taille originale des images était la même dans les deux cas (320×320) mais, pour le fémur, le traitement a pu être limité à une zone d'intérêt plus petite. L'algorithme a été programmé en langage C sous MATLAB. Le tableau 4.2 donne les temps de calcul (en secondes) sur

TABLEAU 4.1 – *Volumes de données des deux séries d'images tomographiques traitées.*

| objet imagé | nombre d'images | taille des images | taille de la PSF |
|-------------|-----------------|-------------------|------------------|
| fantôme | 30 | 320 × 320 | 11 × 11 |
| fémur | 35 | 110 × 100 | 5 × 5 |

TABLEAU 4.2 – *Temps de calcul pour les deux séries d'images tomographiques traitées.*

| objet imagé | restauration 2D (30 itérations) | restauration 3D (30 itérations) | restauration 3D (5 × 6 itérations) |
|-------------|------------------------------------|------------------------------------|---------------------------------------|
| fantôme | 764 s | 894 s (+17 %) | 1098 s (+44 %) |
| fémur | 78 s | 94 s (+20 %) | 120 s (+54 %) |

une station de travail SGI Power Indigo 2 utilisant un processeur MIPS R8000.

Deux stratégies de balayage des pixels ont été comparées pour la méthode 3D. La première consiste à répéter le balayage d'une image le nombre total de fois (30) avant de passer à la suivante. Cette façon de procéder est calquée sur la méthode 2D où chaque image est restaurée successivement. La convergence est alors peu rapide mais la comparaison avec la méthode 2D est plus facile. Le surcoût est de l'ordre de 20 %, légèrement inférieur dans le cas du fantôme où la PSF est plus grande. Dans des cas où la PSF est plus grande, on peut s'attendre à un surcoût encore plus faible. La deuxième méthode de balayage consiste à balayer une image 5 fois avant de passer à la suivante et de répéter 6 fois le balayage de la série. Ainsi, la convergence est plus rapide. Bien que procéder de la sorte conduise au même nombre d'itérations par pixels, le traitement complet est plus long. Cela s'explique par le fait que certaines quantités sont précalculées et stockées au début de chaque image ($[H^t z]$ et $[H^t H]$). En fait, $[H^t H]$ pourrait être calculé une fois pour toutes au début. Au contraire, les termes $[H^t z]$ sont différents pour chaque image et les stocker tous prendrait trop d'espace mémoire. Il est donc possible d'optimiser partiellement le programme pour

un balayage plus efficace, mais nous avons conservé la même structure que la méthode 2D. Ainsi, le développement a été plus simple et la comparaison est plus facile.

Dans les deux cas, la différence de volume de calcul est limitée et le temps requis pour un traitement complet est compatible avec une utilisation pratique. De plus, la place requise en mémoire reste quasi identique. Ces résultats ne pénalisent donc pas la méthode 3D face aux exigences du projet de fabrication d'une prothèse personnalisée du genou. Au contraire, le traitement 3D permet d'obtenir une précision supplémentaire qui peut être très précieuse, avec une complexité numérique comparable à la restauration 2D correspondante.

Finalement, la dernière étape de validation du projet consistera à construire effectivement une prothèse personnalisée du genou pour évaluer la précision de toute la chaîne de traitement. La précision de l'ajustement de la prothèse avec la surface du fémur pourra être mesurée expérimentalement et comparée aux objectifs fixés dans le cadre du projet commun. Cependant, cela représente un problème délicat de mesure d'écart entre surfaces gauches qui n'est pas complètement résolu.

Conclusion

La restauration d'images est un problème mal posé. De nombreuses méthodes permettent de régulariser le problème, de manière déterministe ou stochastique. Nous nous sommes orientés vers une approche bayésienne de type «maximum *a posteriori*» (MAP) car elle s'insère dans un cadre théorique rigoureux, cohérent avec la nature stochastique des phénomènes physiques de formation d'image. En effet, en introduisant de l'information *a priori* sous la forme de densités de probabilité, il est possible de traduire nos connaissances sur la structure des images. Le choix d'un modèle simple permet un calcul rapide de l'estimée, tandis qu'un modèle plus fidèle améliore la qualité de la restauration au détriment du temps de calcul. Pour répondre aux exigences de notre projet, nous avons choisi de privilégier la précision de la restauration. Pour cela, nous avons trouvé que les champs de Markov forment une classe de modèles souples qui permet d'imposer diverses contraintes, de la plus simple à la plus complexe (corrélation entre pixels voisins, suppression des corrélations en présence d'une frontière, pénalisation des configurations les moins probables).

Cependant, la complexité du critère MAP augmente rapidement lorsque des composantes sont ajoutées au modèle. Dans le cadre de notre projet, il est important de pouvoir traiter des séries d'images tomographiques avec un matériel courant en un temps raisonnable. Nous nous sommes donc efforcés de formuler des hypothèses et de trouver des compromis qui facilitent la mise en œuvre. Ainsi, la PSF du tomographe est considérée comme invariante spatialement (le contraire n'améliore pas la restauration), bidimensionnelle (ce qui diminue le volume de calcul d'un traitement 3D) et

séparable (pour utiliser un algorithme optimisé). Dans la même optique, le potentiel d'interaction que nous avons choisi ne supprime pas les discontinuités et conduit à un critère convexe qui ne nécessite pas de méthode d'optimisation spécialisée (recuit simulé ou graduated non-convexity par exemple). Enfin, les résultats expérimentaux ont montré que l'extension du modèle en 3D apporte une meilleure précision pour un volume de calculs comparable.

Un prolongement souhaitable de notre travail consisterait à développer une version non supervisée. Pour une utilisation pratique par des opérateurs peu ou pas familiers avec l'algorithme, il est en effet préférable de pouvoir régler automatiquement le paramètre de pondération entre la fidélité aux données et la fidélité au modèle. Ce choix est un problème d'estimation de paramètre qui n'est pas complètement résolu, bien que plusieurs méthodes intéressantes aient été explorées (cf. annexe C). Aucune d'entre elles n'apporte de solution satisfaisante dans le cas de champs de Markov à valeurs continues avec des potentiels d'interaction complexes. D'autres approches doivent donc être envisagées comme, par exemple, l'estimation complètement bayésienne proposée tout récemment par Higdon *et al.* (1997).

Finalement, cette méthode offre un compromis intéressant entre la qualité de la restauration et le temps de calcul. Grâce à un soin particulier apporté à la mise en œuvre, il est possible d'utiliser un modèle de champ de Markov 3D bien adapté à la structure des images tomographiques. Les résultats expérimentaux obtenus pour un fantôme de dimensions connues rendent compte d'une précision très satisfaisante de l'ordre du demi-millimètre. L'étape de restauration remplit ainsi les exigences du projet de conception de prothèses personnalisées du genou.

Références

- ALLEN, D. M. (1974). The relationship between variable selection and data augmentation and a method for prediction. *Technometrics*, 16, 125–127.
- ANDREWS, H. et HUNT, B. (1977). *Digital Image Restoration*. Prentice-Hall signal processing series, Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ.
- BANHAM, M. et KATSAGGELOS, A. (1997). Digital image resoration. *IEEE Signal Processing Magazine*, pp. 24–41.
- BANHAM, M. R. et KATSAGGELOS, A. K. (1996). Spatially-adaptative wavelet-based multiscale image restoration. *IEEE Trans. Image Processing*, 3, 619–634.
- BESAG, J. E. (1974). Spatial interaction and the statistical analysis of lattice systems (with discussion). *J. Roy. Statist. Soc. B*, 36(2), 192–236.
- BESAG, J. E. (1975). Statistical analysis of nonlattice data. *The Statistician*, 24, 179–195.
- BESAG, J. E. (1986). On the statistical analysis of dirty pictures (with discussion). *J. Roy. Statist. Soc. B*, 48(3), 259–302.
- BLAKE, A. et ZISSERMAN, A. (1987). *Visual reconstruction*. MIT Press, Cambridge, MA.
- BRETTE, S. et IDIER, J. (1996). Optimized single site update algorithms for image deblurring. *Proc. Intl. Conf. Image Proc.*, Lausanne, Switzerland.

- BURCH, S., GULL, S. et SKILLING, J. (1983). Image restoration by a powerful maximum entropy method. *Computer Vision and Graphics and Image Processing*, 23, 113–128.
- CHALMOND, B. (1988). Image restoration using an estimated Markov model. *Signal Processing*, 15, 1.
- CHAMPAGNAT, F., GOUSSARD, Y. et IDIER, J. (1996). Unsupervised deconvolution of sparse spike trains using stochastic approximation. *to appear in IEEE Trans. Signal Processing*.
- CHANDLER, D. (1987). *Introduction to modern statistical mechanics*. Oxford University Press, New York, NY.
- CULIOLI, J.-C. (1994). *Introduction à l'optimisation*. Ellipses, Paris, France.
- DEMOMENT, G. (1989). Image reconstruction and restoration: Overview of common estimation structure and problems. *IEEE Trans. Acoust. Speech, Signal Processing*, ASSP-37(12), 2024–2036.
- DEMPSTER, A. P., LAIRD, N. M. et RUBIN, D. B. (1977). Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *J. Roy. Statist. Soc. B*, 39, 1–38.
- DERIN, H. et ELLIOTT, H. (1987). Modeling and segmentation of noisy and textured images using Gibbs random fields. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, PAMI-9, 39–55.
- DERIN, H. et KELLY, P. A. (1989). Discrete-index Markov-type random processes. *Proc. IEEE*, 77, 1485–1510.
- DORÉ, S. et GOUSSARD, Y. (1997). Experimental determination of CT point spread function anisotropy and shift-variance. *19th Annual International Conference of the IEEE-EMBS*, Chicago, IL, pp. 788–791.

- ELLIS, R. S. (1985). *Entropy, large deviations, and statistical mechanics*. Springer-Verlag, New York, NY.
- FORTIER, N., DEMOMENT, G. et GOUSSARD, Y. (1993). GCV and ML methods of determining parameters in image restoration by regularization: Fast computation in the spatial domain and experimental comparison. *J. Visual Communication and Image Representation*, 4(2), 157–170.
- FRIEDEN, B. (1972). Restoring with maximum likelihood and maximum entropy. *J. Opt. Soc. Amer.*, 62(4), 511–518.
- GALATSANOS, N. et KATSAGGELOS, A. (1992). Methods for choosing the regularization parameter and estimating the noise variance in image restoration and their relation. *IEEE Trans. Image Processing*, IP-1(3), 322–336.
- GEIGER, D. et GIROSI, F. (1991). Parallel and deterministic algorithms from MRF's: Surface reconstruction. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, PAMI-13(5), 401–412.
- GEISSER, S. (1975). The predictive sample reuse method with applications. *J. Amer. Statist. Assoc.*, 70(350), 320–328.
- GEMAN, D. et YANG, C. (1995). Nonlinear image recovery with half-quadratic regularization. *IEEE Trans. Image Processing*, IP-4(7), 932–946.
- GEMAN, S. et GEMAN, D. (1984). Stochastic relaxation, Gibbs distributions, and the Bayesian restoration of images. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, PAMI-6, 721–741.
- GEMAN, S. et MCCLURE, D. (1987). Statistical methods for tomographic image reconstruction. *Proc. of the 46-th Session of the ISI, Bulletin of the ISI*, Vol. 52, pp. 22–26.

- GEMAN, S. et REYNOLDS, G. (1992). Constrained restoration and recovery of discontinuities. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, *PAMI-14*(3), 367–383.
- GOLUB, G. H., HEATH, M. et WAHBA, G. (1979). Generalized cross-validation as a method for choosing a good ridge parameter. *Technometrics*, *21*(2), 215–223.
- GREEN, P. J. (1990). Bayesian reconstructions from emission tomography data using a modified EM algorithm. *IEEE Trans. Medical Imaging*, *9*, 84–93.
- GULL, S. et SKILLING, J. (1984). Maximum entropy method in image processing. *Proc. IEE*, *131-F*, 646–659.
- HIGDON, D. M., BOWSER, J. E., JOHNSON, V. E., TURKINGTON, T. G., GILLAND, D. R. et JASZCZK, R. J. (1997). Fully Bayesian estimation of Gibbs hyperparameters for emission computed tomography data. *IEEE Trans. Medical Imaging*, *16*(5), 516–526.
- HUNT, B. R. (1970). The inverse problem of radiography. *Math. Biosci.*, *8*, 161–179.
- JENG, F.-C. et WOODS, J. W. (1990). Simulated annealing in compound Gaussian random fields. *IEEE Trans. Inform. Theory*, *IT-36*(1), 94–107.
- KIKUCHI, R. et SOFFER, B. (1977). Maximum entropy image restoration. i. the entropy expression. *J. Opt. Soc. Amer.*, *67*(12), 1656–1665.
- KIM, J. et WOODS, J. W. (1994). Image identification and restoration in the subband domain. *IEEE Trans. Image Processing*, *3*, 312–314.
- KIRKPATRICK, S., GELATT, C. et VECCHI, M. (1983). Optimization by simulated annealing. *Science*, *220*, 3.
- LAGENDIJK, R., BIEMOND, J. et BOEKEE, D. E. (1990). Identification and restoration of noisy blurred images using the expectation minimization algorithm. *IEEE Trans. Acoust. Speech, Signal Processing*, *ASSP-38*, 1180–1191.

- LASCAUX, P. et THEODOR, R. (1987). *Analyse numérique appliquée à l'art de l'ingénieur*. Vol. 2, Masson, Paris, France.
- LI, S. Z. (1995). *Markov random field modeling in computer vision*. Computer science workbench, Springer-Verlag, Tokyo, Japan.
- LUENBERGER, D. (1969). *Optimization by vector space methods*. 1 éd., Wiley, New York, NY.
- MACOVSKI, A. (1983). *Medical imaging systems*. Prentice-Hall information and system sciences series, Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ.
- MALFAIT, M. et ROOSE, D. (1997). Wavelet-based image denoising using a Markov random field *a priori* model. *IEEE Trans. Image Processing*, 6(4), 549–565.
- NEAL, R. M. (1995). Suppressing random walks in Markov chain monte carlo method using ordered overrelaxation. *Technical Report 9508*, Department of Statistics, University of Toronto, <http://www.cs.toronto.edu/~radford>.
- PEREIRA, S. (1997). *Restauration 3D d'images tomographiques*. Mémoire de maîtrise, École Polytechnique de Montréal, Canada.
- ROCKAFELLAR, R. T. (1970). *Convex Analysis*. Princeton University Press.
- SAINT-FELIX, D. (1988). Problèmes inverses en imagerie : difficultés, méthodologie et algorithmes. *2ème atelier scientifique TIPI, Traitement d'Images : du Pixel à l'Interprétation*, Aussois, France.
- SAINT-FELIX, D., DU, X. C. et DEMOMENT, G. (1987). Filtres de Kalman 2-D rapides à modèle d'état non causal pour la restauration d'image. *Traitement du signal*, 4, 399–410.
- SAUER, K. et BOUMAN, C. (1993). A local update strategy for iterative reconstruction from projections. *IEEE Trans. Signal Processing*, SP-41(2), 534–548.

- STARCK, J. L. et BIJAOU, A. (1994). Filtering and deconvolution by the wavelet transform. *Signal Processing*, 35, 195–211.
- STEVENSON, R. et DELP, E. (1990). Fitting curves with discontinuities. *Proc. of the First International Workshop on Robust Computer Vision*, pp. 127–136.
- THOMPSON, A., BROWN, J. C., KAY, J. W. et TITTERINGTON, D. M. (1991). A study of methods of choosing the smoothing parameter in image restoration by regularization. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, PAMI-13(4), 326–339.
- TIKHONOV, A. N. et ARSENIN, V. Y. (1977). *Solution of ill-posed problems*. John Wiley & Sons, New York, NY.
- TITTERINGTON, D. M. (1985). General structure of regularization procedures in image reconstruction. *Astronomy and Astrophysics*, 144, 381–387.
- WHABA, G. (1982). Constrained regularization for ill-posed linear operator equations, with applications in meteorology and medicine. *Statistical decision theory and related topics III*, S. S. Gupta and J. O. Berger, Ed., New York, NY, pp. 383–417.
- WOODS, J. W. et RADEWAN, C. H. (1977). Kalman filtering in two dimensions. *IEEE Trans. Inform. Theory*, 23(4), 473–482.
- YANG, C. (1993). Efficient stochastic algorithms on locally bounded image space. *CVGIP: Graphical Models and Image Processing*, 55(6), 494–506.
- ZHANG, J. (1993). The mean field theory in EM procedures for Markov random fields. *IEEE Trans. Image Processing*, 2(1), 27–40.

Annexe A

Sources de dégradation de l'image

A.1 Réponse impulsionnelle non-ponctuelle

A.1.1 Modèle linéaire

Dans le cas de la tomographie axiale à rayons X, comme dans de nombreux autres systèmes d'imagerie, l'image obtenue n'est pas parfaite et peut être considérée comme le résultat d'une dégradation linéaire bidimensionnelle (2D) de la scène originale à laquelle s'ajoute un bruit aléatoire. Cette image originale X — ici une carte de l'opacité aux rayons X suivant le plan de coupe — est l'image que fournirait un appareil parfait et que nous cherchons à obtenir en traitant l'image brute Z fournie par le tomographe.

Un tel système discret de support $L = \{(i, j) \mid i = 1, 2, \dots, M \text{ et } j = 1, 2, \dots, N\}$ est caractérisé par sa réponse impulsionnelle 2D (en anglais *Point Spread Function*, PSF) h et par le bruit additif aléatoire B , que l'on suppose indépendant des valeurs des pixels. La relation entre l'image originale X de taille $M \times N$ et l'image Z recueillie par le tomographe est alors :

$$Z(i, j) = \sum_{(k, l) \in L} h(i, j; k, l) X(k, l) + B(i, j). \quad (\text{A.1})$$

A.1.2 Approximation stationnaire

En général, la PSF varie suivant les zones de l'image. Ainsi, dans le cas du tomographe utilisé pour nos tests, les valeurs de la largeur à mi-hauteur de la PSF variaient d'environ 20% entre le centre de l'image et sa périphérie. Pour en mesurer les effets sur la restauration, nous avons fait des tests en une dimension, où les calculs sont moins lourds. Les conclusions sont que, même pour des variations notables de la PSF (jusqu'à un facteur 3 sur la largeur à mi-hauteur), l'image restaurée n'est pas vraiment meilleure si l'on en tient compte. Mieux, l'erreur est même réduite en surstimant les écarts-types de la PSF (cf. figure A.1). La conclusion de cette comparaison est que la PSF peut être supposée constante quelle que soit la zone de l'image. Cette approximation permet d'écrire la relation de dégradation linéaire (A.1) sous la forme d'une convolution :

$$Z(i, j) = \sum_{(k, l) \in L} h(i - k, j - l) X(k, l) + B(i, j). \quad (\text{A.2})$$

Ceci peut aussi s'écrire :

$$\mathbf{Z} = \mathbf{h} * \mathbf{X} + \mathbf{B}, \quad (\text{A.3})$$

où \mathbf{Z} , \mathbf{h} , \mathbf{X} et \mathbf{B} sont des matrices représentant les différentes fonctions. Pour permettre une écriture matricielle qui simplifie les calculs formels, il est possible de réécrire les quantités \mathbf{Z} , \mathbf{X} et \mathbf{B} sous la forme de vecteurs formés de la concaténation de toutes les colonnes ou de toutes les lignes de ces matrices. La convolution $\mathbf{h} * \mathbf{X}$ devient alors un produit $\mathbf{H}\mathbf{x}$ où \mathbf{H} est la matrice de convolution obtenue à partir de la PSF 2D. D'où la notation simplifiée que nous adopterons par la suite pour décrire le processus de formation d'image :

$$\mathbf{z} = \mathbf{H}\mathbf{x} + \mathbf{b}. \quad (\text{A.4})$$

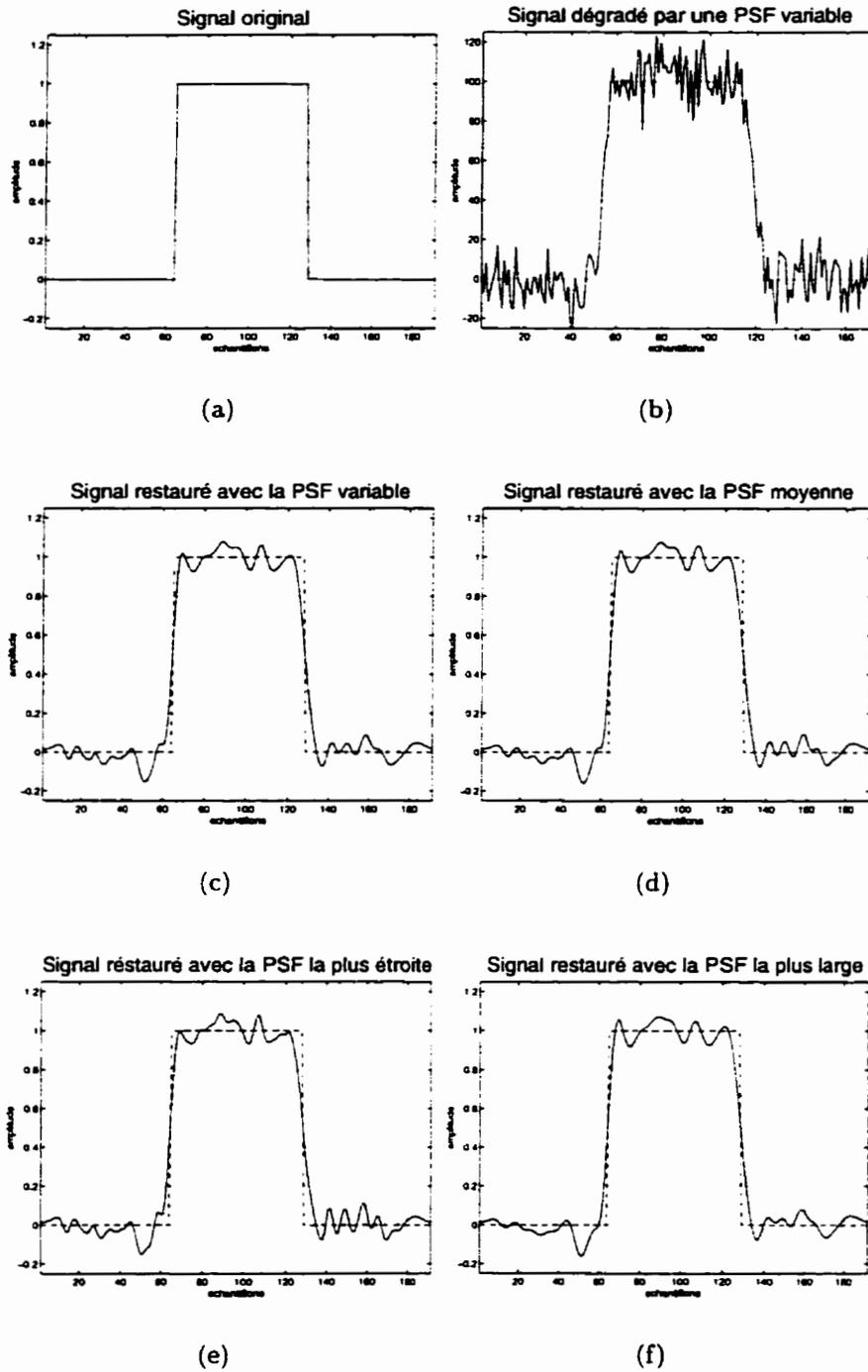


FIGURE A.1 – Résultats comparés de restauration d'un signal dégradé par une PSF variable : (a) signal original, (b) signal brut, (c) signal restauré avec la PSF correcte, (d) avec la PSF moyenne, (e) avec la PSF la plus étroite et (f) avec la plus large. Les erreurs quadratiques avec l'original sont respectivement : 1,61 ; 1,62 ; 1,68 et 1,60.

A.2 Effets de volume partiel

Une autre source de dégradation provient du fait que la tranche de l'objet qui conduit à la formation d'une image a une épaisseur non-négligeable. Typiquement, l'épaisseur d'une tranche est 1 mm et des images sont prises tous les 2 mm. Lorsque la géométrie de l'objet varie beaucoup à l'intérieur de cette épaisseur, il apparaît des artefacts notables appelés effets de volume partiel. Comme leur nom l'indique, ils sont dus au fait que toute l'épaisseur de la tranche n'est pas uniforme et que l'absorption des rayons X en un point résulte des différents matériaux présents dans ce volume élémentaire. La figure A.2 permet de se rendre compte que ces effets ajoutent

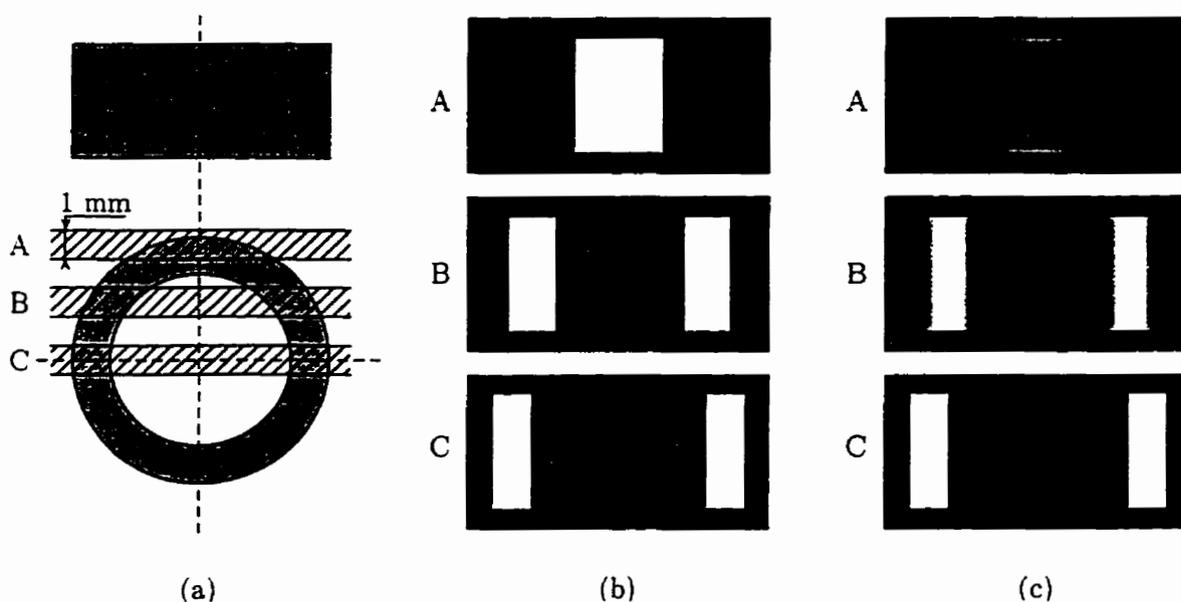


FIGURE A.2 – Simulation des effets de volume partiel sur les images tomographiques : (a) schéma de l'objet imagé (cylindre d'environ 1 cm de diamètre, 4 mm de hauteur et 1 mm d'épaisseur), (b) coupes simulées avec un faisceau de rayons X infiniment fin aux endroits indiqués A, B et C et (c) coupes simulées avec un faisceau d'une épaisseur de 1 mm aux mêmes endroits.

un flou supplémentaire à l'image originale. Malheureusement, ce flou n'est pas une caractéristique de l'appareil, comme peut l'être la PSF, mais il dépend de la forme de l'objet imagé qui est inconnue *a priori*. Il est donc très difficile d'en tenir compte pour

restaurer les images brutes, mais il est important de ne pas l'oublier dans l'analyse des résultats et dans le choix de l'orientation de l'objet dans le scanner. En effet, comme le montre la figure A.2, les effets de volume partiel sont amplifiés lorsque la section se fait tangentiellement à la surface de l'objet : il convient donc d'éviter cette configuration au niveau des zones d'intérêt de l'objet imagé.

Annexe B

Identification de la PSF

La restauration des images tomographiques nécessite une connaissance assez précise de la PSF des appareils utilisés. De plus, la condition d'invariance spatiale de la PSF est une hypothèse simplificatrice souvent utilisée et rarement validée en pratique. Le travail mené par Doré et Goussard (1997) que nous allons décrire brièvement porte sur ces deux points. Il nous a permis de disposer de descriptions paramétriques de la PSF et des variations de ces paramètres suivant les régions des images.

Le balayage de l'objet se faisant par rotation, il est naturel d'adopter le système de coordonnées polaires. Exprimée dans le repère tournant (u_s, u_t) , la PSF est alors considérée comme indépendante de la position angulaire. Pour vérifier cette hypothèse, ainsi que pour décrire précisément sa forme et sa taille, l'approche adoptée a été de choisir un modèle paramétrique de la PSF et d'en estimer les paramètres expérimentalement. Comme pour d'autres phénomènes physiques (turbulence atmosphérique par exemple), la modélisation du fonctionnement du tomographe conduit à approcher la PSF par une gaussienne (bidimensionnelle et séparable). Ainsi, à chaque point P , la PSF ϕ_P s'exprime en fonction des coordonnées radiale (s) et tangentielle (t):

$$\phi_P(s, t) = M \exp\{-s^2/p_s\} \exp\{-t^2/p_t\} \quad (\text{B.1})$$

Finalement, la PSF est complètement décrite par les paramètres M (amplitude),

p_s et p_t (paramètres de forme). Pour les mesurer, la solution retenue a été de simuler des impulsions en divers points et d'obtenir ainsi des images tomographiques des PSF en ces points. Le problème revient donc à l'estimation des paramètres ainsi que des positions exactes des impulsions à partir des images recueillies. Nous n'entrons pas ici dans les détails de l'estimation (Doré et Goussard, 1997), mais nous présentons la démarche expérimentale et quelques résultats.

En pratique, un fantôme a été spécialement conçu (cf. figure B.1) pour créer ces impulsions à différents endroits du champ de vision du tomographe. Il est constitué de



FIGURE B.1 – Photographie extérieure du fantôme utilisé pour déterminer la PSF.

fils métalliques parallèles tendus entre les faces supérieure et inférieure d'un cylindre de plexiglass rempli d'eau. Les fils sont disposés perpendiculairement au plan des images. Leur section est un disque de 0,25 mm de diamètre, inférieur à la résolution du tomographe et qui peut donc être considéré comme un point. Par définition, et aux incertitudes expérimentales près, l'image de chaque fil représente la PSF au point correspondant. Cela peut être observé à la figure B.2 où les images des fils apparaissent comme des taches avec un grossissement suffisant.

L'approche adoptée fournit un moyen efficace d'estimer la PSF qui nous a été très utile. D'autre part, les résultats ont montré que la PSF était, en effet, variante spa-

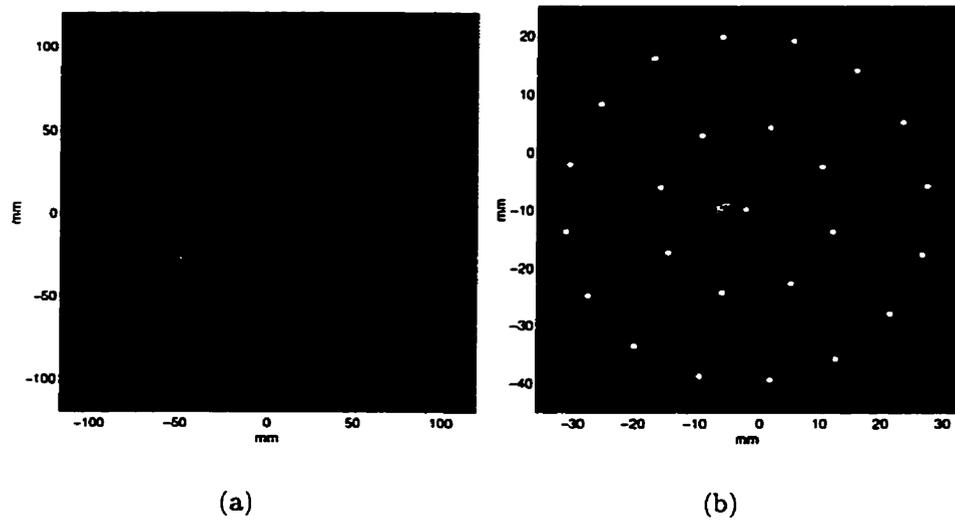


FIGURE B.2 – *Image tomographique du fantôme: (a) image brute complète et (b) détail du centre de l'image précédente.*

tialement. La largeur de la PSF augmente quand la distance au centre (ρ) augmente. De plus, la taille suivant la direction tangentielle (p_t) augmente plus rapidement, de sorte que la forme de la PSF devient de plus en plus elliptique loin du centre. Finalement, l'ampleur des variations peut atteindre environ 20 % (pour p_t) entre le centre et la périphérie du champ de vision du tomographe. Bien que ces variations soient importantes, leur effet sur la restauration est négligeable dans notre cas et l'hypothèse d'invariance spatiale de la PSF reste donc valide.

Annexe C

Estimation des hyperparamètres

C.1 Définition du problème

La méthode de restauration que nous avons appliquée suppose la connaissance d'un certain nombre de paramètres. En pratique, ces paramètres sont :

- la description exacte de la PSF ;
- la variance du bruit (σ_b^2) ;
- les paramètres du champ de Markov qui est utilisé comme modèle (λ et δ).

L'annexe B décrit la démarche suivie pour estimer la PSF. D'autre part, la nature des images tomographiques permet d'isoler des régions homogènes où la variance du bruit peut être facilement estimée. Finalement, le problème le plus délicat concerne l'estimation des hyperparamètres du modèle *a priori*.

Dans le cadre de notre travail, nous avons étudié les possibilités offertes par différentes méthodes dans le cas d'un champ de Markov. Formulons tout d'abord le problème avec les notations habituelles.

Soit X un champ de Markov défini par un ensemble de paramètre θ . Le théorème de Hammersley-Clifford permet d'exprimer la probabilité d'une réalisation \mathbf{x}

connaissant θ à l'aide de potentiels de Gibbs :

$$p(\mathbf{x}; \theta) = Z^{-1}(\theta) \exp \{-U(\mathbf{x}; \theta)\}, \quad (\text{C.1})$$

où Z est la fonction de partition, qui dépend en général des paramètres et. En introduisant les potentiels de cliques V_c , l'expression précédente devient :

$$p(\mathbf{x}; \theta) = Z^{-1}(\theta) \exp \left\{ - \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(\mathbf{x}; \theta) \right\}. \quad (\text{C.2})$$

Dans notre cas, l'expression est simplifiée par la restriction aux cliques à deux éléments, ainsi que par le choix d'une forme de potentiel identique pour toutes les cliques :

$$p(\mathbf{x}; \lambda, \delta) = Z^{-1}(\lambda, \delta) \exp \left\{ -\lambda \sum_{c \in \mathcal{C}_2} \varphi_\delta(u_c) \right\}. \quad (\text{C.3})$$

Le paramètre λ est l'équivalent de la température en physique : plus il est grand plus les variations de probabilité sont accentuées. Le paramètre δ est conçu pour ajuster le comportement de la fonction de pénalité φ suivant les images. En particulier, la transition entre l'intervalle où $\varphi(u) \sim u^2$ et celui où $\varphi(u) \sim u$ doit correspondre à l'écart minimal entre les niveaux de deux régions homogènes distinctes (ramené à la distance entre pixels).

En déduisant les valeurs des paramètres utiles à partir des données, il serait alors possible de développer des méthodes de traitement d'images dites « non supervisées » (ou « aveugles ») car aucun choix des paramètres n'est nécessaire. Une telle caractéristique est très utile pour des méthodes devant être utilisées par des non-spécialistes ou à l'intérieur de procédures automatiques. À cette fin, il est donc important de résoudre le problème d'estimation des hyperparamètres, soit comme un problème à part, soit en même temps que la restauration des images.

Dans le cas de la restauration d'images, les données observées ne sont pas directement une réalisation du champ de Markov X . Dans ces conditions, estimer les pa-

ramètres de X est un problème très difficile. Néanmoins, certaines méthodes, comme l'algorithme EM que nous présentons un peu plus loin, permettent parfois une estimation des paramètres du champ sous-jacent à partir des données observées. Malgré tout, le préalable est de pouvoir traiter le problème plus simple de l'estimation connaissant une réalisation \mathbf{x} .

C'est pourquoi, dans un premier temps, nous nous avons étudié la possibilité d'estimer les paramètres d'un champ de Markov X à partir d'une réalisation \mathbf{x} . Pour cela, nous avons envisagé plusieurs approches simplificatrices. Bien qu'il existe de nombreuses méthodes pour estimer les hyperparamètres (cf., par exemple, Thompson *et al.* (1991) ou Galatsanos et Katsaggelos (1992)), peu semblent pouvoir s'adapter au cas difficile des champs de Markov (Li, 1995). Nous présentons dans le cas général celles qui nous ont paru intéressantes et nous discutons des difficultés qui compromettent leur application directe à notre cas.

C.2 Maximum de vraisemblance et méthodes reliées

À partir d'une réalisation \mathbf{x} du champ X , une méthode statistique classique consiste à chercher les paramètres qui maximisent la probabilité de \mathbf{x} en fonction des paramètres. Cette estimée du maximum de vraisemblance (ML) s'écrit :

$$\hat{\boldsymbol{\theta}}_{\text{ML}} = \arg \max_{\boldsymbol{\theta}} p(\mathbf{x}; \boldsymbol{\theta}). \quad (\text{C.4})$$

Ce choix est justifié par ses propriétés statistiques : à la limite asymptotique, l'estimateur du maximum de vraisemblance est non biaisé et de variance minimale.

Pour un champ de Markov, d'après la forme de la vraisemblance (C.1), le calcul de $\hat{\boldsymbol{\theta}}_{\text{ML}}$ nécessite la connaissance de la fonction de partition Z car elle dépend des paramètres. En effet, par définition :

$$Z(\boldsymbol{\theta}) = \int_{\mathbf{x} \in \mathcal{X}} \exp \{-U(\mathbf{x}; \boldsymbol{\theta})\} d\mathbf{x}, \quad (\text{C.5})$$

où \mathcal{X} est l'espace des configurations du champ X , c'est-à-dire l'ensemble des valeurs possibles de l'image \mathbf{x} . Même pour un champ à valeurs discrètes dans un ensemble fini (cas de la segmentation d'un nombre fini de régions), la taille de \mathcal{X} augmente exponentiellement avec la taille du champ. À défaut de connaître une solution analytique de l'intégrale, la fonction de partition ne peut pas être calculée directement.

Dans notre cas, comme souvent en restauration d'images, X est un champ à valeurs continues non bornées et le calcul direct est impossible, sauf pour des cas simples comme le cas d'un champ gaussien. Néanmoins, il existe plusieurs approximations qui permettent d'évaluer la fonction de partition à partir de formules approchées de la vraisemblance.

C.2.1 Pseudo-vraisemblance

En notant L le support de X et $L \setminus \{i\}$ l'ensemble obtenu en retirant le pixel i du support L , l'énergie de Gibbs associée à \mathbf{x} peut s'écrire :

$$U(\mathbf{x}; \boldsymbol{\theta}) = \sum_{i \in L} U_i(x_i, \{x_j\}_{j \in L \setminus \{i\}}; \boldsymbol{\theta}) \quad (\text{C.6})$$

$$= \sum_{i \in L} U_i(x_i, \{x_j\}_{j \in \eta_i}; \boldsymbol{\theta}) \quad (\text{C.7})$$

$$= \sum_{i \in L} U_i(x_i, x_{\eta_i}; \boldsymbol{\theta}), \quad (\text{C.8})$$

par définition du champ de Markov et de η_i , voisinage du pixel i . Les fonctions U_i sont appelées « énergies locales ». On peut aussi en déduire les probabilités conditionnelles :

$$p(x_i | x_{\eta_i}; \boldsymbol{\theta}) = \frac{\exp\{-U_i(x_i, x_{\eta_i}; \boldsymbol{\theta})\}}{\int_{x \in \mathcal{S}} \exp\{-U_i(x, x_{\eta_i}; \boldsymbol{\theta})\} dx}. \quad (\text{C.9})$$

À partir des probabilités conditionnelles, il existe une approximation simple de la vraisemblance, appelée « pseudo-vraisemblance » (PL, de l'anglais *pseudo-likelihood*) (Besag, 1975). En procédant comme si les valeurs des pixels du voisinage de i étaient

fixées, les probabilités conjointes sont traitées comme si elles étaient indépendantes. La pseudo-vraisemblance est définie simplement comme le produit des probabilités conditionnelles :

$$p_L(\mathbf{x}; \boldsymbol{\theta}) = \prod_{i \in L} p(x_i | x_{\eta_i}; \boldsymbol{\theta}) = \prod_{i \in L} \frac{\exp\{-U_i(x_i, x_{\eta_i}; \boldsymbol{\theta})\}}{\int_{x \in \mathcal{S}} \exp\{-U_i(x, x_{\eta_i}; \boldsymbol{\theta})\} dx}. \quad (\text{C.10})$$

On peut aussi en déduire la forme approchée de la fonction de partition qui en découle :

$$Z_{PL}(\boldsymbol{\theta}) = \prod_{i \in L} \int_{x \in \mathcal{S}} \exp\{-U_i(x, x_{\eta_i}; \boldsymbol{\theta})\} dx. \quad (\text{C.11})$$

Cette expression est à rapprocher de la formule exacte qui découle de la définition de Z (C.5):

$$Z(\boldsymbol{\theta}) = \int_{\mathbf{x} \in \mathcal{X}} \prod_{i \in L} \exp\{-U_i(x_i, x_{\eta_i}; \boldsymbol{\theta})\} d\mathbf{x}. \quad (\text{C.12})$$

En comparaison, le problème est ramené au calcul d'un produit d'intégrales à une dimension. Dans le cas d'un champ de taille N à V valeurs discrètes, il suffit d'évaluer N sommes de V termes au lieu de V^N termes sans approximation. En général, pour le cas discret, cela suffit à ramener le problème à une dimension raisonnable et cette formule est utilisable en pratique. Cependant, dans notre cas continu, avec une fonction d'énergie locale quelconque, l'intégrale n'est pas résolue analytiquement. De plus, nous avons trouvé que les résultats obtenus en calculant numériquement l'intégrale ne sont pas satisfaisants. En effet, si l'ensemble des valeurs du champ n'est pas borné, l'intégrale est une intégrale généralisée et les méthodes numériques classiques conduisent à des approximations insuffisantes.

Les autres approximations de la vraisemblance que nous avons étudiées et que nous présentons dans la suite mènent malheureusement à la même conclusion dans notre cas.

C.2.2 Méthode de codage

Par définition d'un champ de Markov, le comportement d'un pixel x_i , sachant les valeurs des pixels du voisinage x_{η_i} est indépendant du pixel x_j si les pixels i et j ne sont pas voisins. Cette constatation conduit à une autre approximation de la vraisemblance dite méthode de « codage » (Besag, 1974). L'idée est de découper le support L du champ en un certain nombre de sous-ensembles $L^{(k)}$ tels que deux pixels d'un même sous-ensemble ne soient jamais voisins. La figure C.1 illustre les sous-ensembles retenus (les plus grands possibles) pour les voisinages du premier et deuxième ordre. Pour le premier, il suffit de deux sous-ensembles distincts pour

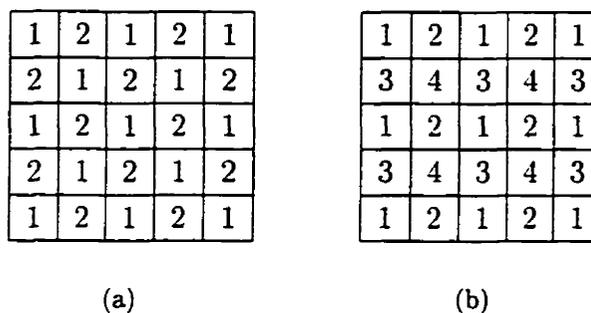


FIGURE C.1 – *Sous-ensembles utilisés pour le codage (le pixel marqué k appartient à $L^{(k)}$) : (a) voisinage du premier ordre (4 voisins) et (b) du deuxième ordre (8 voisins).*

recouvrir tout le support, tandis qu'avec le deuxième, il faut partitionner le support en quatre sous-ensembles.

Pour chacun de ces sous-ensembles, comme leurs éléments sont conditionnellement indépendants, on obtient une expression de la vraisemblance :

$$p^{(k)}(\mathbf{x}; \boldsymbol{\theta}) = \prod_{i \in L^{(k)}} p(x_i | x_{\eta_i}; \boldsymbol{\theta}) = \prod_{i \in L^{(k)}} \frac{\exp\{-U_i(x_i, x_{\eta_i}; \boldsymbol{\theta})\}}{\int_{x \in S} \exp\{-U_i(x, x_{\eta_i}; \boldsymbol{\theta})\} dx}. \quad (\text{C.13})$$

En maximisant chacune de ces vraisemblances, on obtient plusieurs estimées des paramètres $\hat{\boldsymbol{\theta}}^{(k)}$ qui sont, en général, différentes les unes des autres. La manière de les combiner de façon optimale n'a pas été établie et la simple moyenne arithmétique

est généralement choisie pour l'estimée finale :

$$\hat{\theta} = \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K \arg \max_{\theta} p^{(k)}(\mathbf{x}; \theta). \quad (\text{C.14})$$

Dans notre cas, la situation reste impraticable, car cette définition de la vraisemblance (C.13) fait toujours intervenir une intégrale qui n'a pas de forme analytique.

C.2.3 Approximation de point de selle

Pour le calcul de la fonction de partition, une approximation radicale consiste à négliger les fluctuations statistiques du champ X . Seule la contribution du terme maximal est considérée dans le calcul de l'intégrale. C'est l'approximation du point de selle :

$$Z(\theta) \approx C \exp \{-U(\bar{\mathbf{x}}; \theta)\}, \quad (\text{C.15})$$

où C est une constante et $\bar{\mathbf{x}}$ est la valeur du champ qui minimise l'énergie U , c'est-à-dire que $\bar{\mathbf{x}}$ vérifie :

$$\left. \frac{\partial U(\mathbf{x}; \theta)}{\partial x_i} \right|_{\bar{x}_i} = 0 \text{ pour tout } i \in L, \quad (\text{C.16})$$

ou encore :

$$\left. \frac{\partial \sum_{c \ni i} V_c(u_c; \theta)}{\partial x_i} \right|_{\bar{x}_i} = 0 \text{ pour tout } i \in L. \quad (\text{C.17})$$

Cet ensemble d'équations différentielles partielles couplées ne suffit pas, en général à calculer explicitement $\bar{\mathbf{x}}$. En particulier, dans notre cas, chaque pixel est lié à 8 voisins (voire 10 en 3D) par l'intermédiaire d'une fonction φ complexe, ce qui empêche de trouver $\bar{\mathbf{x}}$. Cette approche est parfois utilisée en conjonction avec une autre approximation : le champ moyen (Geiger et Girosi, 1991).

C.2.4 Approximation de champ moyen

La théorie du champ moyen est héritée de la physique statistique (Chandler, 1987). L'idée est de trouver une formule approchée de la vraisemblance en utilisant la valeur moyenne du champ.

On appelle champ moyen la moyenne *a posteriori* du champ, notée $\langle \mathbf{x} \rangle$. Il est facile de montrer que cette moyenne est l'estimateur de variance minimale. En effet, la variance d'une estimée $\hat{\mathbf{x}}$ s'écrit :

$$\text{var}(\hat{\mathbf{x}}) = E[(\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}})^2] = \int_{\mathbf{x}} (\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}})^2 p(\mathbf{x}) d\mathbf{x}. \quad (\text{C.18})$$

En cherchant l'estimée qui minimise cette variance, on obtient la définition du champ moyen $\langle \mathbf{x} \rangle$:

$$\frac{\partial \text{var}(\hat{\mathbf{x}})}{\partial \hat{\mathbf{x}}} = 0 \Leftrightarrow \int_{\mathbf{x}} 2(\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}) p(\mathbf{x}) d\mathbf{x} = 0 \quad (\text{C.19})$$

$$\Leftrightarrow \hat{\mathbf{x}} = \int_{\mathbf{x}} \mathbf{x} p(\mathbf{x}) d\mathbf{x} = \langle \mathbf{x} \rangle. \quad (\text{C.20})$$

Ainsi, en chaque point, le champ moyen $\langle x_i \rangle$ s'exprime simplement comme l'espérance mathématique :

$$\langle x_i \rangle = \int_{\mathbf{x}} x_i p(\mathbf{x}) d\mathbf{x}. \quad (\text{C.21})$$

La théorie du champ moyen suggère l'hypothèse suivante : la contribution de x_j dans le calcul de $\langle x_i \rangle$ peut être approchée par celle de $\langle x_j \rangle$. Rigoureusement, cela est vrai pour un champ dans son état d'équilibre. En remplaçant x_j par $\langle x_j \rangle$, les fonctions d'énergie deviennent $U_i(x_i, \langle x_{\eta_i} \rangle)$. Dans ce cas, les probabilités conditionnelles correspondantes $p(x_i | \langle x_{\eta_i} \rangle)$ deviennent indépendantes car le champ moyen dans le voisinage de chaque site est supposé donné.

$$p(x_i | \langle x_{\eta_i} \rangle) = Z_{i\text{MF}}^{-1} \exp\{-U_i(x_i, \langle x_{\eta_i} \rangle)\}, \quad (\text{C.22})$$

$$\text{avec } Z_{i\text{MF}}^{-1} = \int_{\mathbf{x}} \exp\{-U_i(x, \langle x_{\eta_i} \rangle)\} dx. \quad (\text{C.23})$$

Comme les interactions locales sont ainsi découplées, l'approximation par champ moyen de la probabilité conjointe est simplement obtenue par le produit des probabilités conditionnelles :

$$p_{MF}(\mathbf{x}) = \prod_{i \in L} p(x_i | \langle x_{\eta_i} \rangle). \quad (\text{C.24})$$

Encore une fois, le calcul de la fonction de partition se ramène au calcul d'intégrales à une seule dimension : $Z = \prod_{i \in L} Z_{iMF}^{-1}$. Dans notre cas, et pour les mêmes raisons que précédemment, le calcul de cette intégrale n'est pas résolu de façon satisfaisante, ni de façon analytique, ni par une méthode numérique.

De plus, il faut aussi calculer le champ moyen en tout point. L'approximation de champ moyen s'applique aussi à la définition (C.21). On en déduit que :

$$\langle x_i \rangle \approx \int_{\mathbf{x}} x_i p(x_i | \langle x_{\eta_i} \rangle) d\mathbf{x}. \quad (\text{C.25})$$

En pratique, le calcul du $\langle \mathbf{x} \rangle$ se fait de façon itérative à partir d'une valeur initiale $\langle \mathbf{x}^{(0)} \rangle$. Dans le cas discret, l'approximation précédente (C.25) est utilisée avec les définitions (C.22) et (C.23). Dans le cas continu, le calcul de l'intégrale peut être contourné en faisant appel à l'approximation du point de selle (Zhang, 1993) ou par une technique d'échantillonnage. Le champ moyen est celui qui minimise l'énergie locale ; il vérifie :

$$\left. \frac{\partial U_i(x_i, \langle x_{\eta_i} \rangle)}{\partial x_i} \right|_{\langle x_i \rangle} = 0. \quad (\text{C.26})$$

Encore une fois, cette minimisation peut poser des problèmes de calcul pratique. Néanmoins, contrairement au cas précédent, les équations différentielles partielles ne sont pas couplées et chacune d'elle peut être résolue séparément à chaque itération. En contrepartie, le calcul itératif augmente rapidement le volume de calcul.

C.3 Ajustement par moindres carrés

Cette méthode a été proposée pour estimer les paramètres d'un champ à valeurs discrètes (Derin et Elliott, 1987). Son application dans le cas continu n'est pas vraiment réalisable, c'est pourquoi nous ne la décrivons pas en détail. Le principe est le suivant :

1. exprimer la relation entre la probabilité conjointe $p(x_i, x_{n_i})$ et l'ensemble des paramètres θ ;
2. utiliser des techniques d'histogramme pour évaluer ces probabilités à partir d'une ou plusieurs réalisations ;
3. construire un système sur-déterminé d'équations qui relie les probabilités et les paramètres ;
4. résoudre ce système par la méthode des moindres carrés.

C.4 Méthode EM

Malgré l'utilisation d'approximations adaptées, il ressort de ce qui précède que l'estimateur du maximum de vraisemblance (ML) pose des problèmes considérables pour de nombreuses applications pratiques. L'algorithme EM (de l'anglais *Expectation-Minimization*) présenté par Dempster *et al.* (1977) est une méthode itérative générale utilisée pour calculer l'estimée ML à partir des données observées.

Cette méthode est aussi utilisée pour obtenir des méthodes non supervisée où les paramètres et l'image originale sont estimés en même temps à partir des données observées (Legendijk *et al.*, 1990). Il est aussi possible d'introduire certaines variantes, en particulier à l'aide d'approximations statistiques (Champagnat *et al.*, 1996), pour permettre des restaurations non supervisés.

L'idée est de faciliter le calcul de la vraisemblance en introduisant un nouvel ensemble de variables \mathbf{z} qui seront désignées par le terme de « variables augmentées ». Par opposition, les données observées \mathbf{y} sont supposées découler des variables inaccessibles \mathbf{z} . Les données augmentées sont choisies pour faciliter le calcul de la vraisemblance. En pratique, choisir le champ sous-jacent comme objet augmenté permet de ramener le problème d'estimation à partir des données observées à celui, plus simple, d'estimation à partir du champ lui-même.

Connaissant l'estimée des paramètres $\hat{\theta}^{(k)}$ à l'itération k , les deux étapes de l'algorithme EM sont les suivantes :

1. formulation de l'espérance conditionnelle de la vraisemblance des données augmentées, sachant les données observées ;
2. minimisation de cette espérance par rapport à θ , ce qui conduit à l'estimée à l'itération $k+1$.

En alternant les deux étapes E (espérance) et M (maximisation), on obtient l'algorithme EM. La convergence vers un point stable de la vraisemblance est assurée par des conditions de continuité.

Avec certains champs de Markov qui se prêtent bien au calcul du champ moyen, Zhang (1993) propose d'utiliser l'algorithme EM pour estimer simultanément les paramètres et l'image à restaurer. En effet, à chaque itération, l'approximation du champ moyen sert à simplifier la vraisemblance et l'étape de minimisation (E) est facilitée. Finalement, quand l'algorithme EM converge vers les paramètres du champ, on dispose aussi sans autres calculs d'une estimée (par champ moyen) de l'image originale.

Dans notre cas, la méthode EM devrait permettre de traiter l'estimation à partir des données observées si le calcul de la vraisemblance du champ sous-jacent (le champ de Markov) était faisable. Cependant, comme ce problème plus simple n'est pas résolu, même avec l'approximation du champ moyen, cette méthode n'apporte rien.

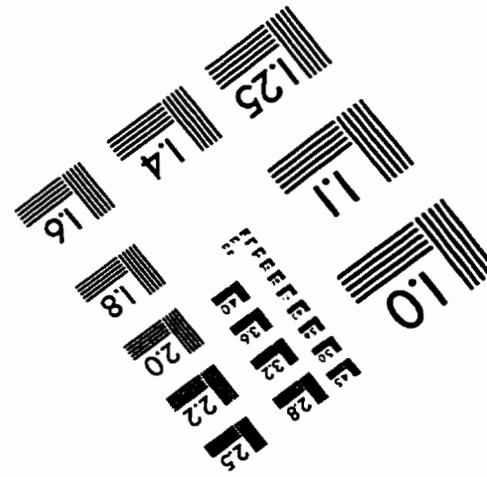
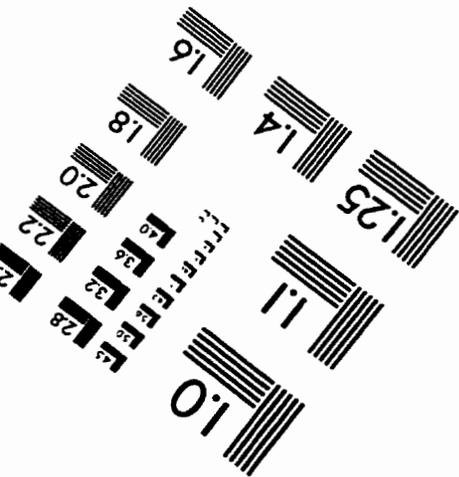
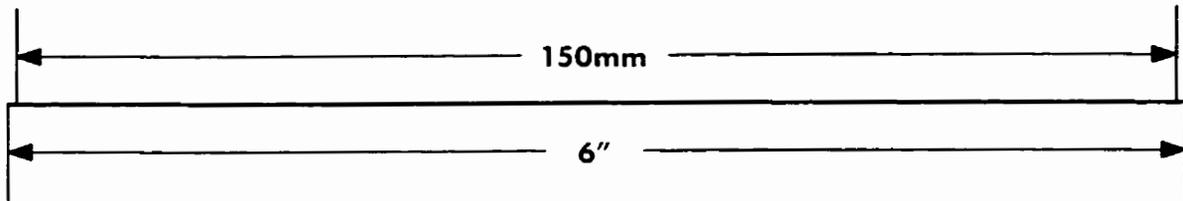
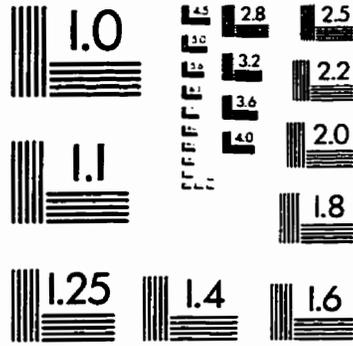
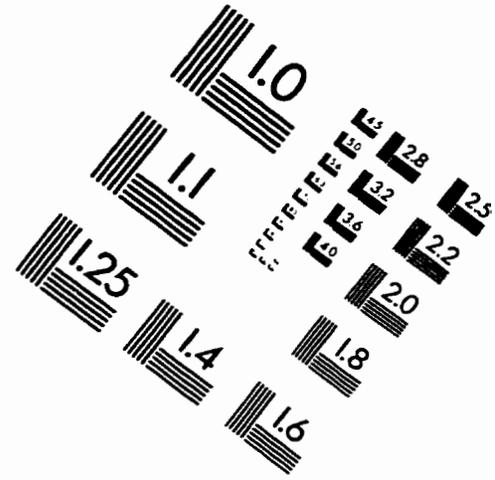
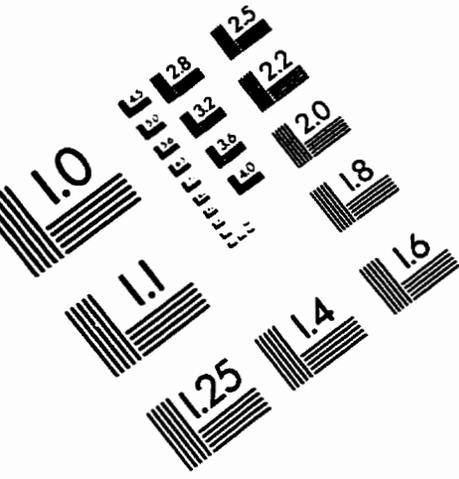
C.5 Méthodes de validation croisée

La méthode de validation croisée est une méthode largement reconnue dans le domaine de l'analyse de données statistiques (Allen, 1974; Geisser, 1975). Elle est basée sur le concept d'erreur de prédiction. Chaque élément de l'ensemble des données observées est retiré, puis réestimé à partir des données restantes. La somme des différences quadratiques entre chaque élément et son estimée ainsi obtenue forme le critère de validation croisée. Pour trouver un ensemble de paramètres, l'estimateur de validation croisée consiste à choisir celui qui minimise ce critère représentant l'erreur de prédiction. La validation croisée généralisée (Golub *et al.*, 1979) est une version invariante par rotation qui présente un comportement plus robuste dans certaines situations.

La justification mathématique de ces estimateurs (validation croisée ordinaire OCV ou généralisée GCV) doit être généralisable à des modèles comme les champs de Markov. Cependant, la mise en œuvre de ces estimateurs est toujours très exigeante numériquement, même dans des cas simples. Par conséquent, dans notre cas, il semble difficile d'adapter ces méthodes de façon satisfaisante.

Il ressort de cette étude que l'estimation des hyperparamètre d'un champ de Markov non trivial est un problème difficile que les approximations classiques ne parviennent pas à simplifier suffisamment. Il faut donc se tourner vers d'autres méthodes plus complexes. Une possibilité prometteuse est apparue récemment : elle consiste à traiter ce problème d'estimation de façon complètement bayésienne, en attribuant aussi aux paramètres inconnus des lois de probabilité *a priori* (Higdon *et al.*, 1997).

IMAGE EVALUATION TEST TARGET (QA-3)



APPLIED IMAGE, Inc
 1653 East Main Street
 Rochester, NY 14609 USA
 Phone: 716/482-0300
 Fax: 716/288-5989

© 1993, Applied Image, Inc., All Rights Reserved