

**SEGMENTATION DES FIBRES DE LA MATIÈRE
BLANCHE**

par

Marc-Alexandre Côté

Mémoire présenté au Département d'informatique
en vue de l'obtention du grade de maître ès sciences (M.Sc.)

FACULTÉ DES SCIENCES

UNIVERSITÉ DE SHERBROOKE

Sherbrooke, Québec, Canada, 20 novembre 2012



Library and Archives
Canada

Published Heritage
Branch

395 Wellington Street
Ottawa ON K1A 0N4
Canada

Bibliothèque et
Archives Canada

Direction du
Patrimoine de l'édition

395, rue Wellington
Ottawa ON K1A 0N4
Canada

Your file Votre référence

ISBN: 978-0-494-91665-0

Our file Notre référence

ISBN: 978-0-494-91665-0

NOTICE:

The author has granted a non-exclusive license allowing Library and Archives Canada to reproduce, publish, archive, preserve, conserve, communicate to the public by telecommunication or on the Internet, loan, distribute and sell theses worldwide, for commercial or non-commercial purposes, in microform, paper, electronic and/or any other formats.

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

AVIS:

L'auteur a accordé une licence non exclusive permettant à la Bibliothèque et Archives Canada de reproduire, publier, archiver, sauvegarder, conserver, transmettre au public par télécommunication ou par l'Internet, prêter, distribuer et vendre des thèses partout dans le monde, à des fins commerciales ou autres, sur support microforme, papier, électronique et/ou autres formats.

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

In compliance with the Canadian Privacy Act some supporting forms may have been removed from this thesis.

While these forms may be included in the document page count, their removal does not represent any loss of content from the thesis.

Conformément à la loi canadienne sur la protection de la vie privée, quelques formulaires secondaires ont été enlevés de cette thèse.

Bien que ces formulaires aient inclus dans la pagination, il n'y aura aucun contenu manquant.

Canada

Le 21 novembre 2012

*le jury a accepté le mémoire de Monsieur Marc-Alexandre Côté-Harnois
dans sa version finale.*

Membres du jury

Professeur Shengrui Wang
Directeur de recherche
Département d'informatique

Professeur Maxime Descoteaux
Codirecteur de recherche
Département d'informatique

Professeure Pierre-Marc Jodoin
Membre
Département d'informatique

Professeur Hugo Larochelle
Président rapporteur
Département d'informatique

Sommaire

Ce mémoire porte sur la segmentation des fibres de la matière blanche et sur le développement d'outils visuels permettant d'interagir avec les résultats. Pour y parvenir, une métrique innovatrice permettant de quantifier la différence entre deux fibres de la matière blanche est créée. Cette mesure fait appel à des notions de multirésolution, de courbure, de torsion afin de caractériser la forme géométrique d'une fibre. Elle regroupe également des mesures plus simples telles la distance du cosinus, la distance euclidienne entre les centres de masse et la différence des longueurs d'arc pour capter respectivement l'orientation, la translation et la taille d'une fibre. Ensuite, une nouvelle technique de segmentation permettant de gérer des quantités importantes de données est développée. Finalement, ces nouvelles méthodes sont validées sur différents jeux de données.

Mots-clés: fibres de la matière blanche ; segmentation ; imagerie de diffusion par résonance magnétique ; *tractographie* ; multirésolution ; courbure ; torsion.

Remerciements

Au cours de ma maîtrise, j'ai eu la chance de côtoyer de nombreuses personnes. C'est maintenant venu le temps de les remercier de m'avoir épaulé lors de cette aventure.

Je tiens d'abord à remercier mes directeurs, Shengrui Wang et Maxime Descoteaux. Merci pour vos précieux conseils et votre jugement éclairé. Cela m'a souvent permis de voir mes problèmes sous un oeil nouveau. Merci à Shengrui d'avoir su aiguïser mon raisonnement scientifique. Merci à Maxime de m'avoir initié aux problématiques liées à l'imagerie cérébrale.

Je suis ravi des joyeux moments passés en compagnie de mes collègues du SCIL : Gab, Max C., Mic, Ben, JC, Caro, Soheil, Sam. Sans oublier ceux du ProspectUS : Simon, Alexei, Belkacem, Fei, Jean-Pierre, Shu et Tengke. Merci aussi à Nil, Julien et les autres pour ces midis d'aki endiablés.

Je souhaite remercier tout spécialement Catherine qui a su me soutenir moralement tout au long de ma maîtrise. Merci de ta compréhension et pour tes encouragements lors de ces nombreuses soirées de travail.

Merci à tous, ce fut une expérience inoubliable.

Marc

Abréviations

- ACP** *Analyse en composantes principales*
- CHUS** *Centre hospitalier universitaire de Sherbrooke*
- CSS** *Curvature Scale Space*
- IRM** *Imagerie par résonance magnétique*
- IRMd** *Imagerie par résonance magnétique de diffusion*
- LSS** *Linear Scale Space*
- MDF** *Minimum average Direct-Flip*
- RCSS** *Resampled Curvature Scale Space*
- RII** *Filtre à réponse impulsionnelle infinie*
- RTSS** *Resampled Torsion Scale Space*
- SVD** *Singular Value Decomposition*
- TSS** *Torsion Scale Space*

Noms de faisceau :

- CC** *Corps calleux*
- Cg** *Cingulum*
- CST** *Corticospinal Tract*
- IFO** *Inferior Fronto-Occipital Fasciculus*

ABRÉVIATIONS

ILF *Inferior Longitudinal Fasciculus*

MCP *Middle Cerebellar Peduncle*

SCP *Superior Cerebellar Peduncle*

SLF *Superior Longitudinal Fasciculus*

Table des matières

Sommaire	i
Remerciements	ii
Abréviations	iii
Table des matières	v
Liste des figures	vii
Liste des algorithmes	x
Introduction	1
1 Contexte de la segmentation de <i>tractes</i>	2
1.1 Neuro-imagerie structurale	2
1.1.1 Estimation et reconstruction	3
1.1.2 Interaction	5
1.2 Segmentation automatique	7
1.2.1 Regroupement hiérarchique	8
1.2.2 Alignement de séquences	12
1.3 Multirésolution	15
1.3.1 <i>Scale Space</i>	15
2 Données et état de l'art	18
2.1 Données	18

TABLE DES MATIÈRES

2.1.1	Données synthétiques	19
2.1.2	Données réelles	21
2.2	État de l'art	27
2.2.1	Mesures de distance	27
2.2.2	Segmentation de <i>tractes</i>	32
3	Nouvelle mesure de distance	35
3.1	Contributions du mémoire	35
3.2	Objectif	36
3.3	Termes de la distance unifiée	37
3.3.1	Distance géométrique : d_G	39
3.3.2	Distance d'orientation : d_O	62
3.3.3	Distance de translation : d_T	68
3.3.4	Distance de longueur : d_L	71
3.4	Avantages et inconvénients	73
4	Segmentation de <i>tractes</i>, résultats et discussion	74
4.1	Segmentation de <i>tractes</i>	74
4.1.1	Regroupement hiérarchique	75
4.1.2	QuickBundles modifié	77
4.1.3	Avantages et inconvénients	78
4.2	Résultats et discussion	80
4.2.1	Données synthétiques	80
4.2.2	Données réelles	83
4.2.3	Temps réel	95
4.2.4	Apprentissage des poids	96
4.2.5	Discussion	98
	Conclusion	100

Liste des figures

1.1	Structure de la matière blanche dans le cerveau	3
1.2	Exemple d'une <i>tracte</i> et d'un <i>tractogramme</i>	4
1.3	Exemple de <i>Tractographie</i> déterministe	5
1.4	Segmentation manuelle d'un <i>tractogramme</i>	6
1.5	Mesures de fusion	10
1.6	Dendrogrammes associés aux mesures de fusion	11
1.7	Deux familles d'algorithmes d'alignement de séquences	14
1.8	Exemple de multirésolution linéaire	15
1.9	Évolution d'un signal et d'une version bruitée	17
2.1	Analogie entre le FiberCup et le cerveau	19
2.2	Vérité terrain du FiberCup	20
2.3	Différents faisceaux identifiés par un expert	21
2.4	Corps calleux	22
2.5	<i>Corticospinal Tract</i>	22
2.6	Cingulum	22
2.7	<i>Inferior Longitudinal Fasciculus</i>	23
2.8	<i>Inferior Fronto-Occipital Fasciculus</i>	23
2.9	<i>Middle Cerebellar Peduncle</i>	23
2.10	<i>Superior Cerebellar Peduncle</i>	24
2.11	<i>Uncinate</i>	24
2.12	<i>Tractogramme</i> complet superposé à l'anatomie d'un cerveau	26
2.13	Exemple de segmentation d'un <i>tractogramme</i>	27

LISTE DES FIGURES

2.14	Mesures de distance simple	30
3.1	Diagramme expliquant la mesure de la distance unifiée	38
3.2	Différentes formes que peuvent prendre les <i>tractes</i> neuronales	40
3.3	Intuition des mesures de courbure et de torsion	41
3.4	Images CSS et TSS denses	45
3.5	Images CSS et TSS creuses	48
3.6	Impact de la convolution avec un noyau gaussien discret et du filtrage RII sur le signal de courbure	54
3.7	Impact de la convolution avec un noyau gaussien discret et du filtrage RII sur le signal de torsion	54
3.8	Impact de la variance sur le signal de courbure	55
3.9	Impact de la variance sur le signal de torsion	56
3.10	Concaténation des signaux creux	58
3.11	Impact de la distance géométrique sur les données du FiberCup	60
3.12	Impact de la distance géométrique sur les données réelles segmentées	61
3.13	Axes principaux des points d'une <i>tracte</i>	64
3.14	Impact de la distance d'orientation sur les données du FiberCup	65
3.15	Impact de la distance d'orientation sur les données réelles segmentées	66
3.16	Zoom sur les <i>tractes</i> en U se comportant anormalement à la figure 3.14	67
3.17	Impact de la distance de translation sur les données du FiberCup	69
3.18	Impact de la distance de translation sur les données réelles segmentées	70
3.19	Impact de la distance de longueur sur les données réelles segmentées	72
3.20	Détection d'erreurs de <i>tractographie</i>	72
4.1	Résultat de la distance unifiée sur les données du FiberCup	81
4.2	Résultat de la distance minimale sur les données du FiberCup	82
4.3	Résultat de la distance MDF sur les données du FiberCup	82
4.4	Résultat de la distance d'Hausdorff sur les données du FiberCup	83
4.5	Résultat de la distance unifiée sur les données réelles segmentées	86
4.6	Découpage du dendrogramme	87
4.7	Résultat de la méthode QuickBundles modifié sur les données réelles segmentées	88

LISTE DES FIGURES

4.8	Résultat de la méthode QuickBundles originale sur les données réelles segmentées	89
4.9	Vue d'ensemble des faisceaux récupérés par la mesure de distance unifiée combinée au QuickBundles modifié	91
4.10	Corps calleux retrouvé par la mesure de distance unifiée combinée au QuickBundles modifié	91
4.11	CST retrouvé par la mesure de distance unifiée combinée au QuickBundles modifié	92
4.12	SLF retrouvé par la mesure de distance unifiée combinée au QuickBundles modifié	92
4.13	Faisceaux récupérés par la technique du QuickBundles sur les données réelles	93
4.14	CC retrouvé par la technique du QuickBundles sur les données réelles	93
4.15	CST retrouvé par la technique du QuickBundles sur les données réelles	94
4.16	Faisceau erroné causé par la mesure de distance utilisée par le QuickBundles	94
4.17	Prototype de l'interface graphique pour segmenter interactivement un <i>tractogramme</i> chargé dans le FiberNavigator	95
4.18	Outils <i>Python</i> de traitement et visualisation	97
4.19	<i>Tractes</i> erronées	101

Liste des algorithmes

1	Regroupement Hiérarchique	8
2	Calcul du CSS et du TSS	44
3	Calcul du <i>Resampled</i> TSS	46
4	Calcul des <i>Resampled</i> CSS et TSS discrets	57

Introduction

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est utilisée dans de nombreux domaines médicaux. Elle est un outil essentiel à l'étude du cerveau en permettant d'imager sa structure interne. Un des domaines de recherche les plus chauds de l'heure est l'étude de la matière blanche et tout particulièrement l'étude de la connectivité entre les neurones via les fibres (axones) qui la composent. Or, le cerveau possède des dizaines de milliards de neurones [Williams and Herrup, 1988] et pratiquement autant d'axones. Le thème de ce mémoire tourne donc autour d'une simple question : « Comment bien segmenter les fibres de la matière blanches ? » Plusieurs ont déjà tenté de résoudre ce problème difficile, mais l'absence de vérité terrain complique grandement les choses. Ce mémoire se veut donc un apport à la communauté de la neuro-imagerie en proposant une nouvelle façon de quantifier la différence entre les fibres de la matière blanche et en offrant des outils de segmentation interactifs, ceci dans l'optique de comprendre davantage le fonctionnement du cerveau humain et des maladies neuro-dégénératives.

Ce mémoire est découpé en quatre chapitres. Le chapitre 1 fournit les outils nécessaires au lecteur pour une bonne compréhension du mémoire. Le chapitre 2 décrit les différents jeux de données utilisés pour la validation de la nouvelle mesure de distance proposée dans ce mémoire. Il présente également l'état de l'art en ce qui concerne les mesures de distance et les méthodes de segmentation adaptées aux fibres de la matière blanche. Le chapitre 3 est le coeur du mémoire et explique en détails la nouvelle mesure de distance. Le chapitre 4 traite de la nouvelle méthode de segmentation utilisant la mesure de distance couverte au chapitre 3. Le chapitre 4 inclut également une analyse des résultats obtenus et des améliorations possibles.

Chapitre 1

Contexte de la segmentation de *tractes*

Ce chapitre contient les notions essentielles à la bonne compréhension de ce mémoire. Ces brefs survols portent sur la neuro-imagerie structurale, la segmentation automatique et la multirésolution.

1.1 Neuro-imagerie structurale

L'imagerie cérébrale, communément appelée neuro-imagerie, désigne l'ensemble des techniques issues de l'imagerie médicale permettant d'observer le cerveau. Plus particulièrement, l'imagerie par résonance magnétique (IRM) est l'un de ces outils capables de voir l'intérieur du corps de façon non invasive. Une des branches de l'IRM est l'IRM de diffusion (IRMd). Elle permet de mesurer la distribution décrivant la diffusion des molécules d'eau. Appliquée au cerveau, l'IRMd est capable d'estimer l'architecture de la matière blanche. La matière blanche représente les voies de communication, portant le nom d'axones, entre les noyaux des neurones qui composent la matière grise. En raison de leur aspect fibreux, elles sont également appelées fibres de la matière blanche et sont regroupées en faisceaux. Leur diamètre varie de 1 à 30 μm [Blinkov and Gle-

1.1. NEURO-IMAGERIE STRUCTURELLE

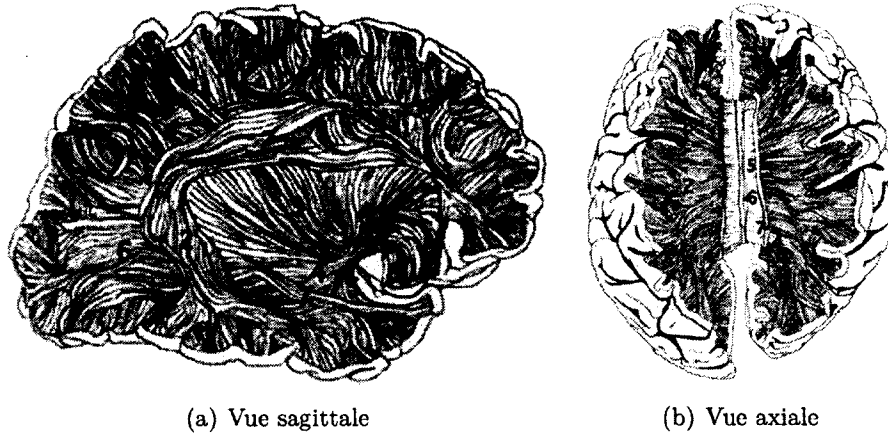


figure 1.1 – Croquis illustrant la structure de la matière blanche dans le cerveau. Les chiffres représentent différents faisceaux. Images extraites de [Williams et al., 1997]

zer, 1968]. Comme les molécules d'eau diffusent en moyenne plus facilement le long de ces fibres plutôt que perpendiculairement, l'IRMd permet d'obtenir la structure de ce câblage cérébral. Il est alors question d'imagerie structurelle de la matière blanche. L'étude de la connectivité cérébrale joue un rôle majeur dans la compréhension des maladies neurodégénératives telles la sclérose en plaques et l'Alzheimer [Salat et al., 2005]. Elle contribue aussi grandement à l'étude du développement du cerveau [Salat et al., 1997], à l'élaboration de *connectomes humains* [Sporns et al., 2005] et à la neurochirurgie [Descoteaux et al., 2011].

1.1.1 Estimation et reconstruction

À partir des images produites par l'IRMd, il est possible de reconstruire une version 3D de cette structure, c'est-à-dire les fibres neuronales (figure 1.2). Il est important de mentionner que les fibres reconstruites, appelées *tractes*, sont des approximations, car elles proviennent habituellement d'images ayant une résolution de l'ordre du millimètre cube. En général, cette reconstruction est basée sur un modèle local servant à exprimer la distribution des directions de diffusion à chaque voxel (c'est-à-dire un pixel volumique). Un exemple peut être vu à la figure 1.3 où chaque petite ellipse

1.1. NEURO-IMAGERIE STRUCTURELLE

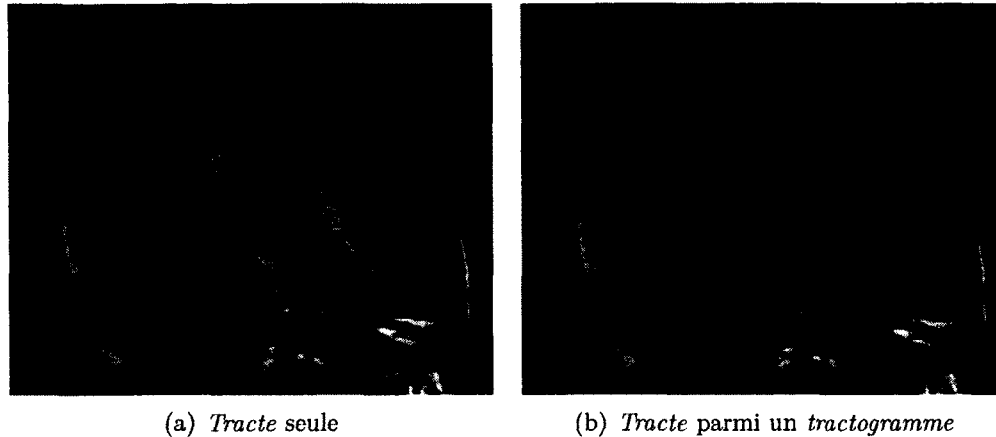


figure 1.2 – Exemple d’une *tracte* et d’un *tractogramme* superposés aux coupes axiale, sagittale et coronale d’une image T1 possédant une résolution de 1 mm^3 .

représente les paramètres du modèle local connu sous le nom de *Diffusion Tensor Imaging* (DTI). Or, le présent mémoire porte principalement sur le résultat de la reconstruction et se veut le plus indépendant que possible du modèle local utilisé. Toutefois, il faut garder en tête qu’il existe de nombreux modèles [Descoteaux and Poupon, 2012], chacun produisant des reconstructions différentes.

Une fois le modèle local choisi, les *tractes* peuvent être construites. La technique pour y parvenir se nomme la *tractographie*. À partir d’une position dans le cerveau, son principe se résume à déterminer la direction optimale en ce point (souvent la plus forte), à avancer dans cette direction d’un pas prédéterminé et à recommencer jusqu’à ce qu’un certain critère d’arrêt soit satisfait (courbure, longueur parcourue, position, etc.). Le processus est répété pour plusieurs positions initiales, appelées *seeds*, dans le cerveau afin d’obtenir un *tractogramme*, c’est-à-dire un ensemble de *tractes*. L’intuition derrière cette technique peut être visualisée à la figure 1.3.

Il existe deux grandes familles de *tractographie*, soit les méthodes déterministes et celles dites probabilistes [Jbabdi and Johansen-Berg, 2011]. La majeure distinction entre ces deux types d’algorithme est lors du calcul de la direction optimale. La première utilise la direction associée au maxima de la distribution, alors que la seconde la choisit aléatoirement en fonction des probabilités associées aux directions. De plus,

1.1. NEURO-IMAGERIE STRUCTURELLE

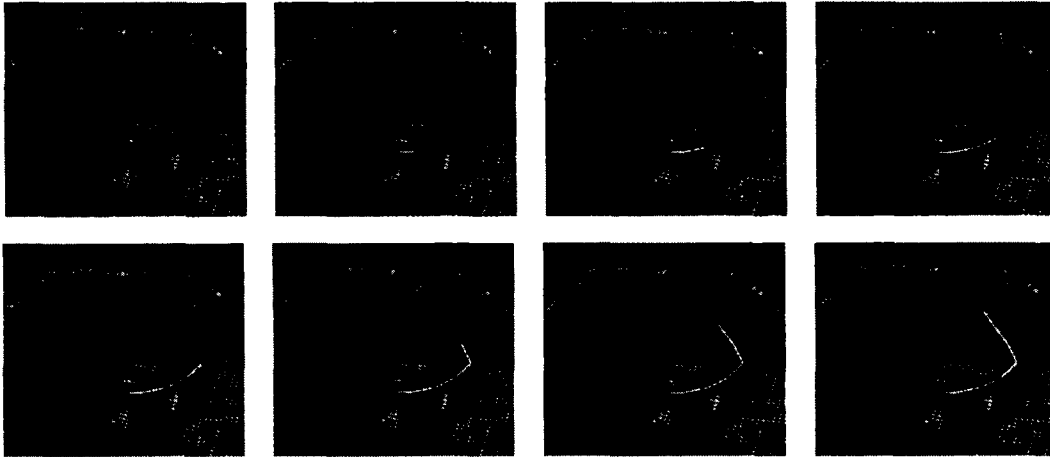


figure 1.3 – *Tractographie* déterministe où quelques étapes intermédiaires de l’algorithme sont affichées. Images provenant de l’INRIA : Odyssee et les données créées par *Center for Magnetic Resonance Research, University of Minnesota*

le choix de l’algorithme de *tractographie* influence grandement les résultats, mais la technique proposée dans ce mémoire se veut indépendante de ces *a priori*.

1.1.2 Interaction

L’utilisation de *tractogrammes* en clinique est encore à ses débuts. Au Québec, seulement quelques neurochirurgiens commencent à les intégrer au bloc opératoire comme le Dr David Fortin et Dr David Matthieu du Centre hospitalier universitaire de Sherbrooke (CHUS). La situation est similaire ailleurs dans le monde. L’obstacle majeur rencontré est la problématique liée à la visualisation d’un *tractogramme*. En effet, la *tractographie* génère en pratique quelques centaines de milliers de *tractes* par *tractogramme* selon les paramètres et la résolution des images IRM_d utilisés. Ceci implique que pour visionner des sous-ensembles de *tractes*, l’utilisation de volumes d’intérêt (ex. des boîtes) pour effectuer la sélection est essentielle. La figure 1.4 illustre un exemple de segmentation manuelle réalisée à l’aide du logiciel FiberNavigator [Vaillancourt and Girard, 2010].

Or, tel que rapporté [Côté et al., 2010], la tâche de bien sélectionner un faisceau peut

1.1. NEURO-IMAGERIE STRUCTURELLE

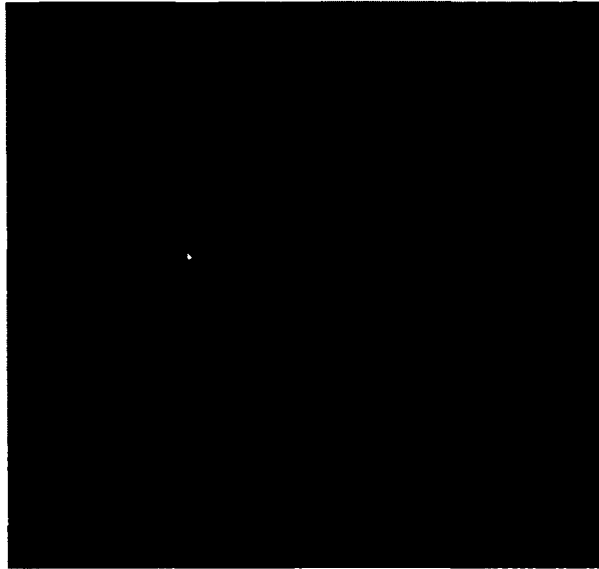


figure 1.4 – Segmentation manuelle d'un *tractogramme* dans le FiberNavigator [Vaillancourt and Girard, 2010]. La boîte bleu-verte indique la sélection alors que les rouges signifient l'exclusion.

parfois être longue et laborieuse. Par exemple, lorsque plusieurs faisceaux se croisent ou bien que certains faisceaux comprennent moins de fibres ou des fibres plus courtes. De plus, il est fort probable que les faisceaux identifiés varient d'un expert à l'autre. Or, il est difficile de concevoir des méthodes automatiques capables de retrouver exactement les faisceaux recherchés par un expert en particulier. Néanmoins, l'automatisation de ce processus peut être utilisée comme présegmentation et faciliterait ainsi la visualisation des *tractogrammes*. De plus, la segmentation automatique des *tractes* pourrait servir à détecter les erreurs de *tractographie* (c'est-à-dire des *tractes* qui ne ressemblent à aucun faisceau connu) et à simplifier la création d'atlas anatomiques de fibres neuronales [Mori et al., 2005; Wakana et al., 2004; Bloy et al., 2011; O'Donnell and Westin, 2007] qui sont utilisés pour comparer des groupes d'individus. Bref, la segmentation automatique est essentielle pour qu'un jour l'information contenue dans les *tractogrammes* puisse être pleinement utilisée en clinique.

1.2. SEGMENTATION AUTOMATIQUE

1.2 Segmentation automatique

La segmentation consiste à partitionner des éléments en plusieurs groupes à l'intérieur duquel tous les éléments sont plus similaires entre eux qu'avec ceux des autres groupes. Autrement dit, les éléments d'un sous-ensemble partagent des caractéristiques communes. Il existe trois raisons principales pour segmenter données. La première est de dévoiler la structure cachée des données permettant ainsi d'émettre des hypothèses, de détecter les anomalies ou d'identifier les caractéristiques importantes. La deuxième vise à identifier le degré de corrélation entre certaines données. La dernière est la compression, c'est-à-dire réduire la dimension des données. L'embûche principale réside dans le fait que la définition d'un groupe est souvent floue et dépendante de l'application.

Il existe une panoplie d'algorithmes permettant de segmenter des données : *Hierarchical Clustering* [Karypis, 1999; Tan et al., 2005], *K-Means* [Jain, 2010], *DBSCAN* [Ester et al., 1996], *Affinity Propagation* [Frey and Dueck, 2007], *Expectation-Maximization* [Dempster and Laird, 1977], *Spectral Clustering* [Shi, 2000], etc. Leur utilisation nécessite une mesure de similarité (resp. dissemblance) permettant de quantifier la ressemblance (distance) entre deux éléments. Il existe également quelques algorithmes n'utilisant pas de mesure de similarité. Par contre, l'avantage de la première famille d'algorithmes est qu'une fois la mesure de similarité définie, elle peut être utilisée avec tous les algorithmes segmentation nécessitant une mesure de similarité. La contribution première de ce mémoire consiste donc à revenir à la source et étudier ce qui fait en sorte que deux *tractes* se ressemblent ou pas. Cette recherche repose sur l'hypothèse que même le meilleur algorithme de segmentation ne sert à rien sans une mesure de similarité (ou de dissemblance) adaptée aux données. La problématique de ces travaux de recherche est donc centrée autour de la création d'une nouvelle métrique de distance entre deux *tractes*.

1.2. SEGMENTATION AUTOMATIQUE

1.2.1 Regroupement hiérarchique

Parmi les algorithmes mentionnés à la section précédente, c'est le regroupement hiérarchique (*Hierarchical Clustering*) qui servira à tester l'efficacité de la nouvelle mesure. La motivation derrière ce choix repose sur l'aspect visuel, en forme d'arbre, qu'offre le regroupement hiérarchique et par la possibilité de contrôler manuellement la formation des groupes.

Cette méthode regroupe les données en suivant une approche agglomérative ou bien par division. Probablement due à sa simplicité d'interprétation et d'implémentation, cette technique est l'une des plus répandues pour faire de la segmentation de données. L'approche agglomérative, étant plus intuitive, sera utilisée pour décrire le fonctionnement de l'algorithme. Au départ, tous les éléments sont dans des groupes distincts. Ils sont ensuite fusionnés deux à deux, jusqu'à ce qu'il ne reste plus qu'un seul groupe (voir algorithme 1). Le résultat de ces fusions peut être illustré sous la forme d'arbre. Cet arbre est appelé « dendrogramme » et chacune de ses branches correspond à un groupe.

Algorithm 1 Regroupement Hiérarchique

```
1: procedure REGROUPER( $\mathbf{X}, d_{\text{Fusion}}$ )
2:    $G \leftarrow \{\{\mathbf{x}^{(0)}\}, \dots, \{\mathbf{x}^{(K)}\}\}$ 
3:   fusions  $\leftarrow [ ]$  ▷ Liste ordonnée de triplets
4:   while  $|G| > 1$  do
5:      $g_1, g_2 \leftarrow \operatorname{argmin}_{g_1, g_2 \in G} d_{\text{Fusion}}(g_1, g_2), \quad \text{where } g_1 \neq g_2$ 
6:      $g' \leftarrow g_1 \cup g_2$ 
7:      $G \leftarrow ((G \setminus g_1) \setminus g_2) \cup g'$ 
8:     fusions[end + 1]  $\leftarrow (g_1, g_2, d_{\text{Fusion}}(g_1, g_2))$ 
9:   end while
10:  return fusions
11: end procedure
```

Tout d'abord, deux mesures doivent être déterminées avant d'entamer le processus de segmentation. La première définit la distance entre deux éléments. Elle est spécifique à l'application puisqu'elle dépend presque toujours du type des données à segmenter. La deuxième mesure définit la distance entre les groupes. Basés sur cette dernière,

1.2. SEGMENTATION AUTOMATIQUE

les groupes les plus proches seront fusionnés en priorité. Il existe quatre mesures conventionnelles pour la fusion :

1. La première se nomme la fusion minimale (*Single Linkage*) [Sibson, 1973] et représente la distance entre deux groupes comme étant la distance de leurs éléments les plus proches. Cette mesure tend à former des groupes allongés. Ce phénomène est connu sous le nom de chaînage, c'est-à-dire que les branches les plus longues possèdent plus d'attraction et donc seront privilégiées lors de la fusion. Ce phénomène peut être observé à la figure 1.5(b).
2. La seconde mesure est la fusion maximale (*Complete Linkage*) [Everitt et al., 2001] et représente la distance entre deux groupes comme étant la distance de leurs éléments les plus loin. Cette mesure a tendance à former des groupes isotropes. La figure 1.5(c) montre clairement la forme isotrope des regroupements.
3. La troisième est la fusion moyenne (*Average Linkage*) [Sokal and Michener, 1958] et représente la distance entre deux groupes comme étant la moyenne de toutes les distances entre leurs éléments. Cette mesure a également tendance à former des groupes isotropes. Par contre, cette mesure comporte plusieurs biais. En particulier, elle suppose que la croissance des branches du dendrogramme est constante, c'est-à-dire que chaque sous-branches contiennent le même nombre d'élément. Par conséquent, si une branche croît plus rapidement que les autres, elle ne sera rattachée au reste de l'arbre qu'à la toute fin, lorsque les autres branches auront une taille similaire. Ce phénomène est similaire à celui du chaînage. Ces différents biais font en sorte que cette mesure a perdu en popularité depuis quelques années.
4. La quatrième se nomme la fusion de Ward [Ward, 1963]. Dans cette méthode, chaque groupe est associé à un centroïde. La distance entre deux groupes est donc représentée par la somme des carrés des erreurs (entre les éléments et leur centroïde) suite à la fusion de ces groupes. Autrement dit, cette méthode consiste à fusionner les groupes qui font en sorte que l'entropie interclasses demeure maximale et inversement que l'entropie intraclasses demeure minimale.

Une fois la segmentation hiérarchique complétée, tous les éléments se retrouvent dans

1.2. SEGMENTATION AUTOMATIQUE

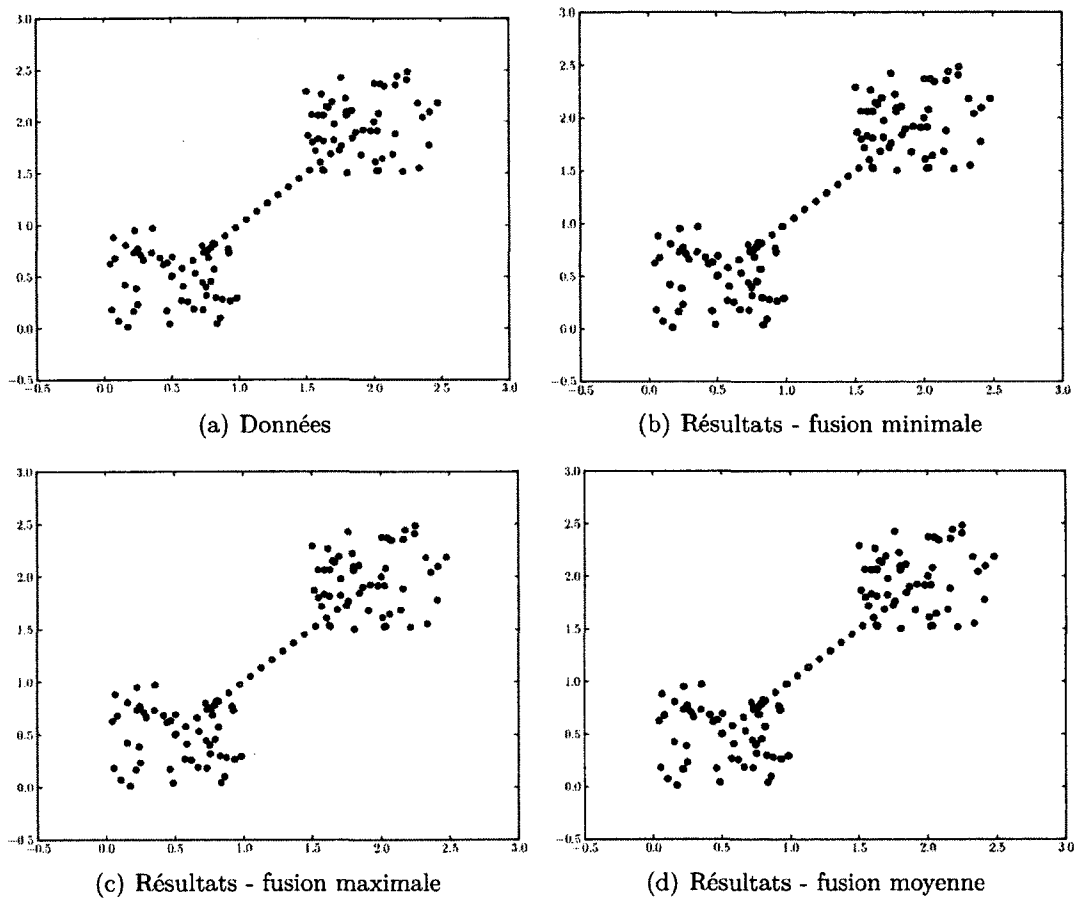


figure 1.5 – Comparaison entre les différentes mesures de fusion. Images extraites de [Wassermann, 2010].

1.2. SEGMENTATION AUTOMATIQUE

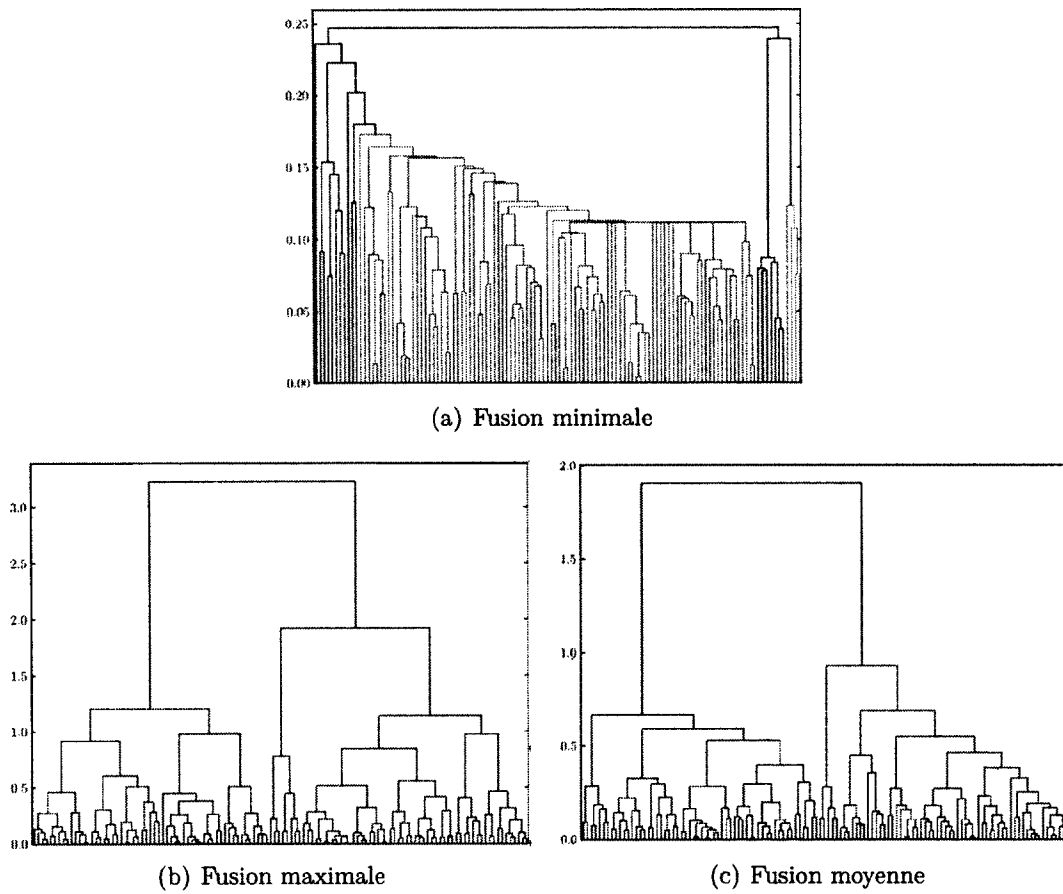


figure 1.6 – Comparaison entre les différents dendrogrammes associés aux mesures de fusion. Images extraites de [Wassermann, 2010].

1.2. SEGMENTATION AUTOMATIQUE

le même groupe. La figure 1.5 illustre bien le concept de regroupement hiérarchique. La mesure de fusion de Ward n'y est pas représentée, mais ressemble à la fusion moyenne. Or, à l'aide du dendrogramme, il est possible d'effectuer des « coupes », là où la variance entre deux groupes fusionnés est élevée, permettant ainsi d'obtenir des groupes homogènes.

Tel que mentionné, les forces de cette technique de segmentation résident dans sa simplicité, sa visualisation et son interprétation. Aussi, un autre avantage est que l'optimisation utilise des critères locaux de fusion (fonctions convexes) au lieu d'une fonction globale (fortement non-convexe). Par contre, l'inconvénient majeur provient de sa complexité en temps $\mathcal{O}(N^3)$, qui dans certains cas peut être ramenée à $\mathcal{O}(N^2)$ [Sibson, 1973; Everitt et al., 2001], où N est le nombre de données à regrouper.

1.2.2 Alignement de séquences

L'alignement de séquences (ou de chaînes) est une technique permettant de réorganiser les caractères contenus dans ces séquences afin d'identifier les zones de concordances. Il est principalement utilisé en bio-informatique afin d'identifier les régions de similarité dans les chaînes d'ADN, RNA ou de protéines. Lors de l'alignement, trois opérations peuvent être utilisées pour réorganiser une séquence, soit l'insertion, la suppression et la substitution. Un coût est associé à chaque opération. Ainsi, l'objectif est de trouver la suite d'opérations nécessaire pour aligner la première séquence sur la deuxième tout en minimisant le coût total.

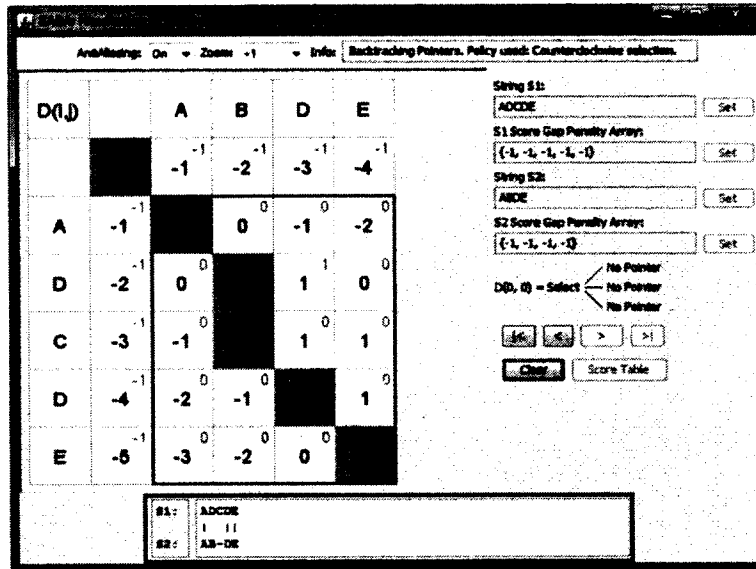
Il existe deux grandes familles d'alignement, soit l'alignement global [Needleman and Wunsch, 1970] et local [Smith and Waterman, 1981]. Leur principale différence est que l'alignement global cherche à aligner les deux séquences complètes, alors que la version locale met l'emphase sur l'identification de la sous-séquence commune de longueur maximale. Les figures 1.7(a) et 1.7(b) illustrent bien leur principe respectif, où chaque encadré rouge représente le résultat de l'alignement.

Aussi bien dans l'une ou l'autre de ces méthodes, le coût d'alignement d'un caractère S_i^1 à un caractère S_j^2 (entre deux séquences S^1 et S^2) dépend du coût aux étapes

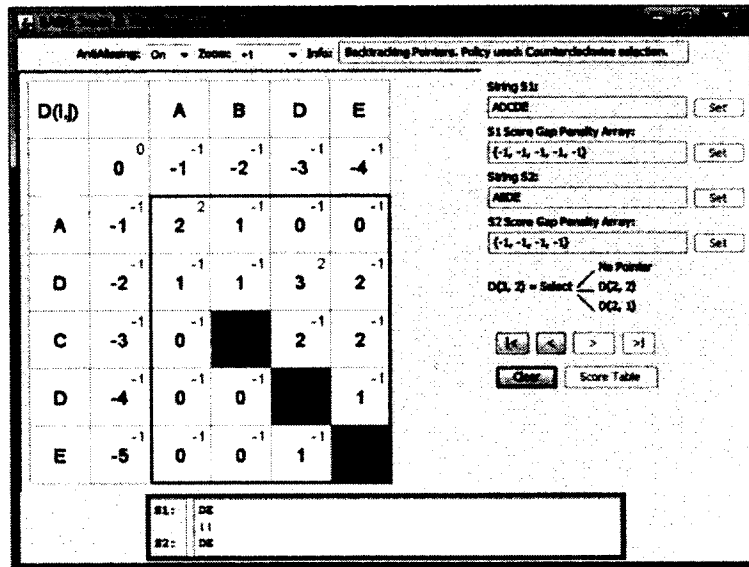
1.2. SEGMENTATION AUTOMATIQUE

précédentes, c'est-à-dire $c(S_{i-1}^1, S_j^2) + d$, $c(S_i^1, S_{j-1}^2) + d$ et $c(S_{i-1}^1, S_{j-1}^2)$, où d dénote le coût d'alignement entre deux caractères. En pratique, une approche par programmation dynamique est utilisée pour résoudre ce type de problème. L'approche repose sur le principe de « diviser pour régner ». Plus spécifiquement, cela suppose qu'un problème peut être divisé en plusieurs sous-problèmes plus simples à résoudre et qui, à leur tour, peuvent être redivisés jusqu'à ce que la solution devienne triviale. Cette approche permet de résoudre l'équation en temps $\mathcal{O}(MN)$ et possède une complexité en espace mémoire de $\mathcal{O}(MN)$, où M et N sont les tailles des séquences à aligner.

1.2. SEGMENTATION AUTOMATIQUE



(a) Alignement global



(b) Alignement local

figure 1.7 – Deux familles d’algorithmes d’alignement de séquences. Images créées à l’aide de l’outil B.A.B.A. [Casagrande, 2010].

1.3. MULTIRÉSOLUTION

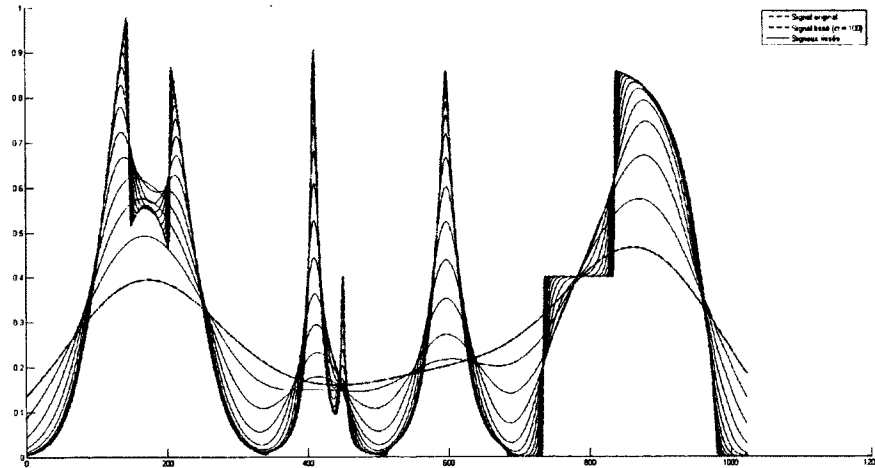


figure 1.8 – Multirésolution d'un signal 1D obtenue à l'aide de filtres gaussiens d'écart-type allant de 0 à 100.

1.3 Multirésolution

La multirésolution (ou multiéchelle) est une façon de représenter un objet mathématique (fonction, courbe, image, etc.) à l'aide de plusieurs résolutions différentes de cet objet. Il existe plusieurs techniques pour obtenir une multirésolution, incluant ondelettes [Mallat, 1989a,b] et pyramide laplacienne [Burt, 1983].

1.3.1 *Scale Space*

Cette théorie, proposée par Witkin [Witkin, 1984] en 1984, provient des communautés de la vision par ordinateur et des traitements de signal et de l'image. Elle met de l'avant une représentation efficace des signaux et des images en les décomposant à l'aide de la multirésolution. Le type principal de multirésolution est le *Linear Scale Space* (LSS) [Lindeberg, 1990; Sporring et al., 1997; Florack et al., 1994] qui utilise des filtres gaussiens pour obtenir les différentes résolutions de la courbe ou de l'image. Un exemple est montré à la figure 1.8.

1.3. MULTIRÉSOLUTION

Pour un signal 1D donné $f(x)$, sa représentation LSS est composée d'une famille de signaux $\mathcal{F}(x, \sigma)$ obtenus en convoluant $f(x)$ avec la fonction gaussienne suivante

$$g(x, \sigma) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} e^{-\frac{x^2}{2\sigma^2}} \quad (1.1)$$

tel que

$$\mathcal{F}(x, \sigma) = f(x) * g(x, \sigma) \quad (1.2)$$

où $*$ est l'opérateur de convolution.

Autrement dit, il s'agit d'une série de convolutions entre la courbe et une gaussienne dont la largeur varie selon σ . Cette approche permet d'obtenir pour une même courbe des versions d'elle-même de plus en plus lisses, d'où l'emploi du terme « évolution de la courbe ». Le choix de la convolution repose sur le fait que si deux signaux sont semblables, alors il existe des versions lissées de ces signaux (leur niveau de résolution n'étant pas forcément le même) qui auront une très forte corrélation. Par exemple, la figure 1.9(a) montre deux signaux, l'un étant une version fortement bruité de l'autre et possèdent une erreur quadratique cumulative de 78.1477. Après quelques évolutions des signaux, l'erreur chute abruptement à 10.5036 (voir figure 1.9(b)). En plus d'offrir une résistance au bruit, le choix de la gaussienne est motivé par une série de propriétés mathématiques intéressantes, expliquées dans [Mokhtarian, 1997]. En plus de permettre la reconstruction, les propriétés importantes sont la monotonie et la convergence. En effet, il a été prouvé [Mokhtarian, 1997], qu'après avoir été décomposée en plusieurs échelles avec cette méthode, une courbe peut être reconstruite modulo la classe définie par sa courbure et sa torsion (plus de détails au chapitre 3). La monotonie garantit que la courbe demeure lisse au fil des convolutions. La convergence assure que la décomposition tend vers une courbe droite.

L'inconvénient majeur du LSS est la nécessité d'une gestion des bords lorsque le signal impliqué n'est pas cyclique. Également, un autre désavantage est la dépendance à la position du signal, c'est-à-dire que cette technique n'est pas invariante à la translation. Par exemple, un décalage dans le temps entre deux signaux se reflétera dans les

1.3. MULTIRÉSOLUTION

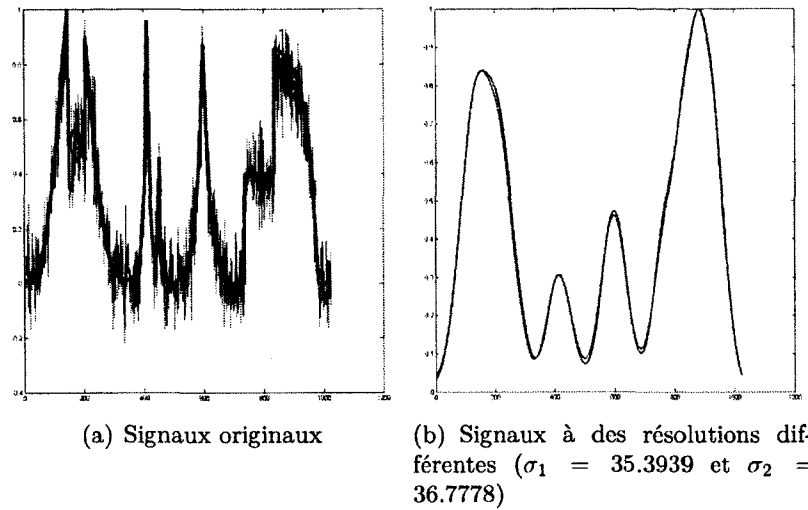


figure 1.9 – Évolution d'un signal (rouge) et d'une version bruitée (bleue). À la résolution $\sigma = 0$ les signaux possèdent une erreur quadratique cumulative de 78.1477 (a), alors qu'après un certain lissage individuel (écarts-type différents pour les signaux) l'erreur chute à 10.5036 (b).

résolutions. Ainsi, peu importe à quelle étape de l'évolution, le décalage sera toujours présent et devra être tenu en compte lors de l'évaluation de la corrélation. Or, des améliorations du LSS existent dont deux qui seront approfondies au chapitre 3.

Chapitre 2

Données et état de l'art

Ce chapitre se décompose en deux parties. Dans un premier temps, les jeux de données utilisés dans ce mémoire sont présentés. Par la suite, une revue de la littérature est effectuée sur les méthodes permettant de mesurer la distance entre les *tractes* ainsi que les techniques de segmentation automatique appliquées aux *tractes*.

2.1 Données

Cette section présente les jeux de données servant à tester et à valider les résultats obtenus. La principale difficulté en neuro-imagerie est le manque de vérité terrain. La précision limitée des IRMs ne permet pas d'examiner exactement où sont les fibres neuronales et où elles vont. C'est pourquoi les données synthétiques sont essentielles à la validation des algorithmes touchant à la neuro-imagerie : estimation de modèles locaux, tractographie, segmentation des fibres de la matière blanche, etc.

2.1. DONNÉES

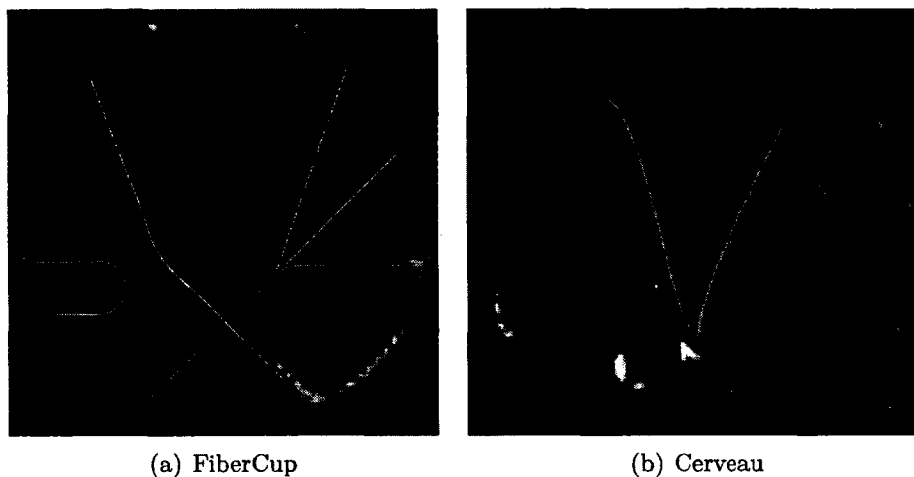


figure 2.1 – Analogie entre le FiberCup et une coupe coronale dans le cerveau.

2.1.1 Données synthétiques

Au cours des recherches effectuées dans le cadre de ce mémoire, un jeu de données synthétiques, surnommé FiberCup [Fillard et al., 2011], a été utilisé. Ce jeu de données se veut une reproduction des zones complexes qui se retrouvent dans la structure fibreuse du cerveau. Pour le réaliser Fillard et son équipe ont placé des fils tressés dans une solution liquide avant d'en acquérir les données via l'IRMd. La figure 2.1, tirée du mémoire d'Arnaud Boré [Boré, 2012], montre bien la similarité avec une coupe coronale du cerveau. Ce jeu de données sert également à valider la précision des techniques de débruitage, des modèles locaux et des algorithmes de *tractographie* dans le cadre d'un système d'évaluation [Côté et al., 2012]. Les 16 *tractes* synthétiques utilisées pour la validation de mes travaux sont illustrées à la figure 2.2. Elles ont été tracées manuellement à l'ordinateur et donc ne résultent pas d'un algorithme de *tractographie*.

2.1. DONNÉES

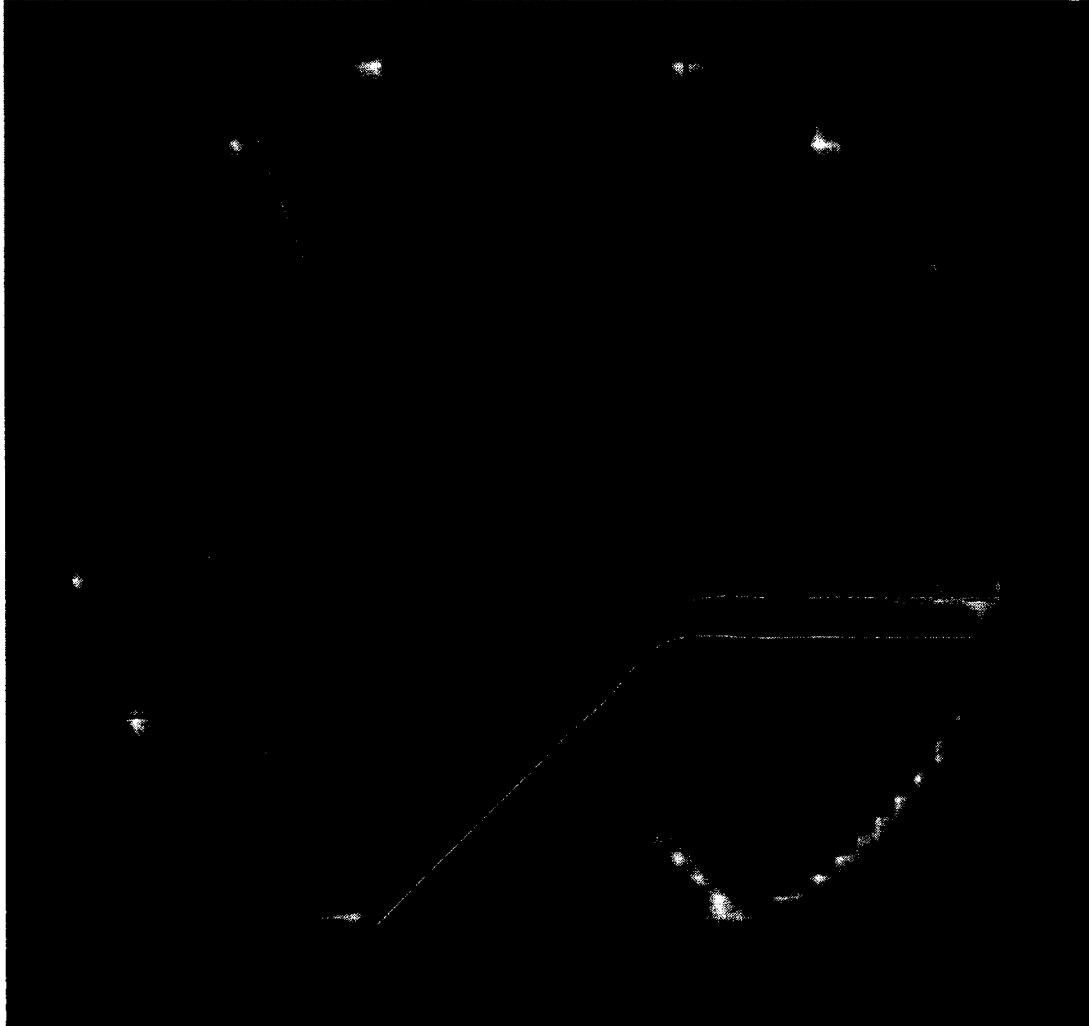


figure 2.2 – Vérité terrain du FiberCup 16 *tractes* constituant les 7 faisceaux de la figure 2.1(a).

2.1. DONNÉES

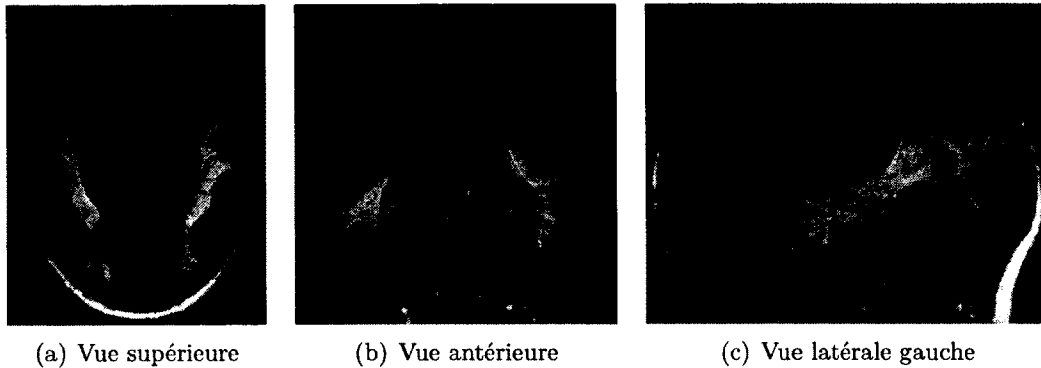


figure 2.3 – Fusion des différents faisceaux identifiés par un expert : CC (rouge), CST (violet), cingulum (vert forêt), ILF (jaune), IFO (vert lime), MCP (rouge sang), SCP (cyan), *uncinate* (beige)

2.1.2 Données réelles

Deux jeux de données réelles, issus d'un cerveau, ont été utilisés afin de valider la méthode proposée dans ce mémoire. Ils proviennent tous les deux d'une *tractographie* déterministe.

Données segmentées

Ce *tractogramme* est composé de 8 faisceaux segmentés à la main par un expert pour un total de 8 609 *tractes* [Aubin-Lemay et al., 2012]. Le faisceau cible est donc connu pour chaque *tracte*. La figure 2.3 illustre l'ensemble des *tractes* et leur couleur indique à quel faisceau elles appartiennent. Les figures 2.4 à 2.11 montrent les différents faisceaux à retrouver. Les données IRM, utilisées pour produire ces *tractes*, proviennent du *Max Planck Institute*. Les images de diffusion proviennent d'un imageur 3 Tesla avec 64 directions, un *b-value* de 1000 s/mm². Ensuite, un algorithme de *tractographie* déterministe a été utilisé pour générer le *tractogramme* complet.

2.1. DONNÉES

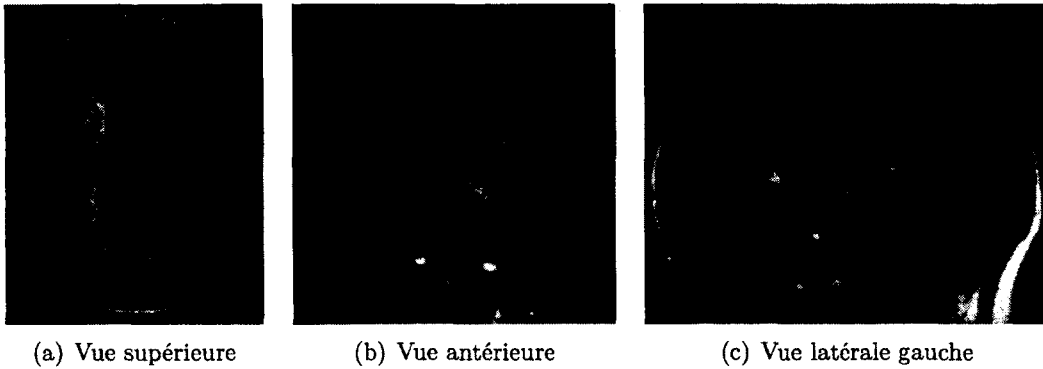


figure 2.4 – Corps calleux (CC)

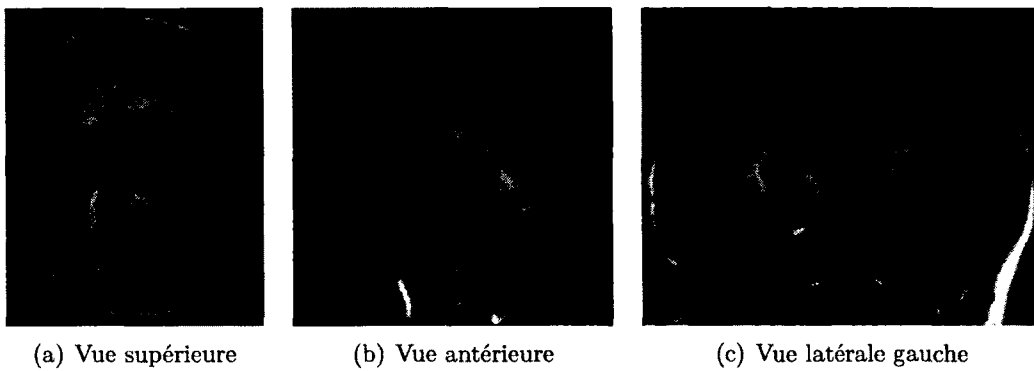


figure 2.5 – *Corticospinal Tract* (CST)

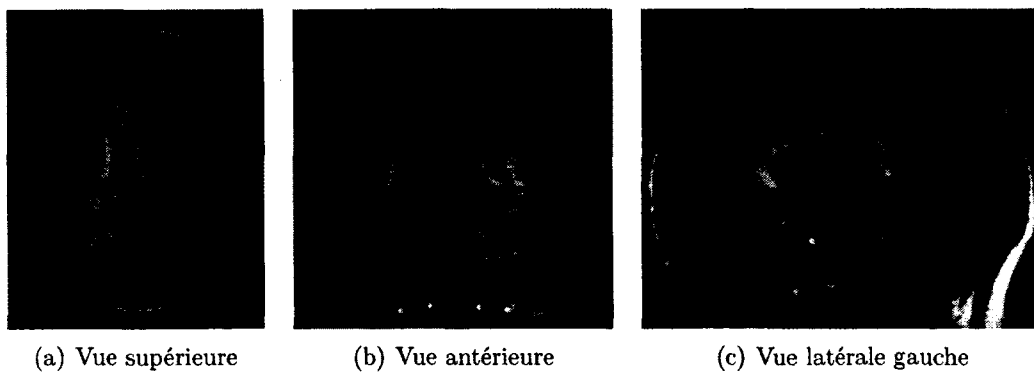


figure 2.6 – Cingulum (Cg)

2.1. DONNÉES

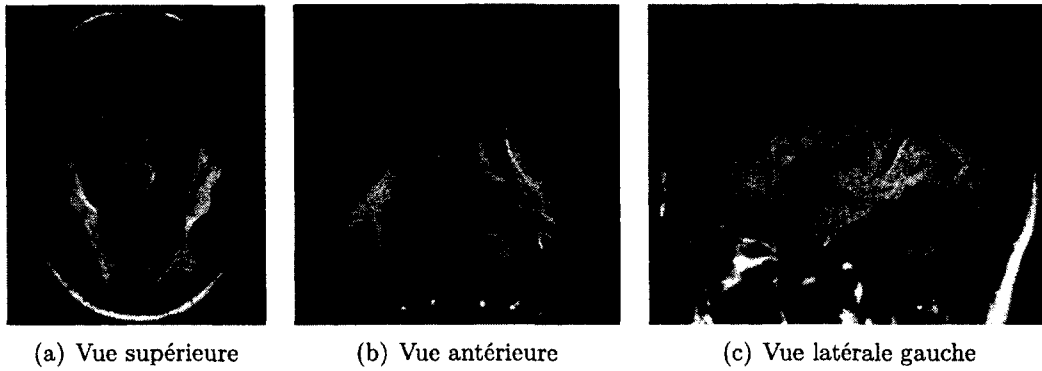


figure 2.7 – *Inferior Longitudinal Fasciculus (ILF)*

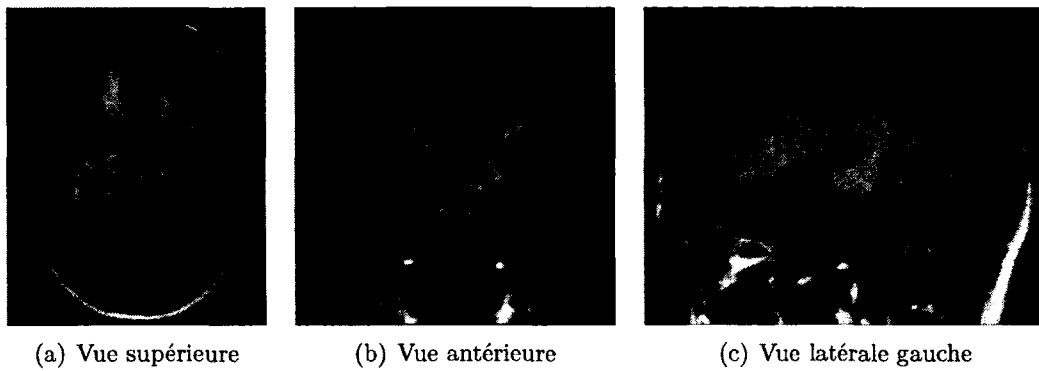


figure 2.8 – *Inferior Fronto-Occipital Fasciculus (IFO)*

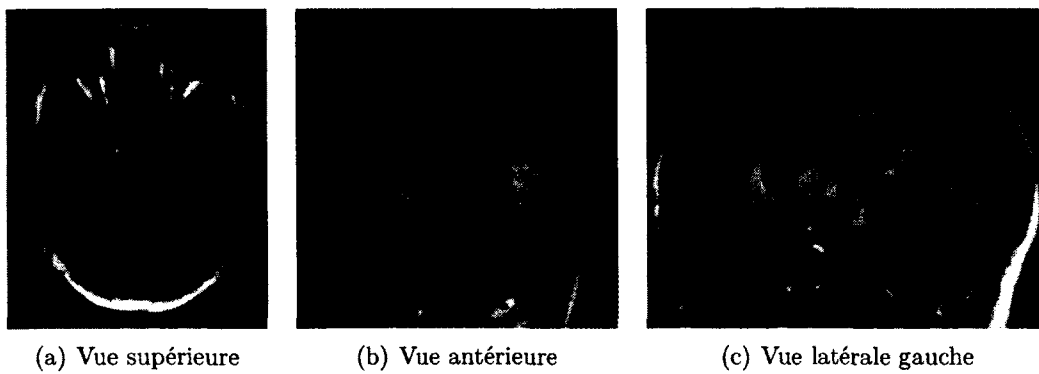


figure 2.9 – *Middle Cerebellar Peduncle (MCP)*

2.1. DONNÉES

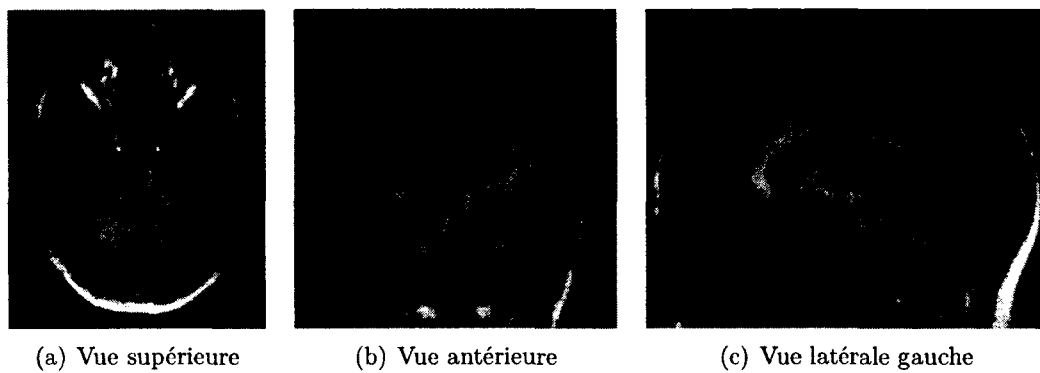


figure 2.10 – *Superior Cerebellar Peduncle (SCP)*

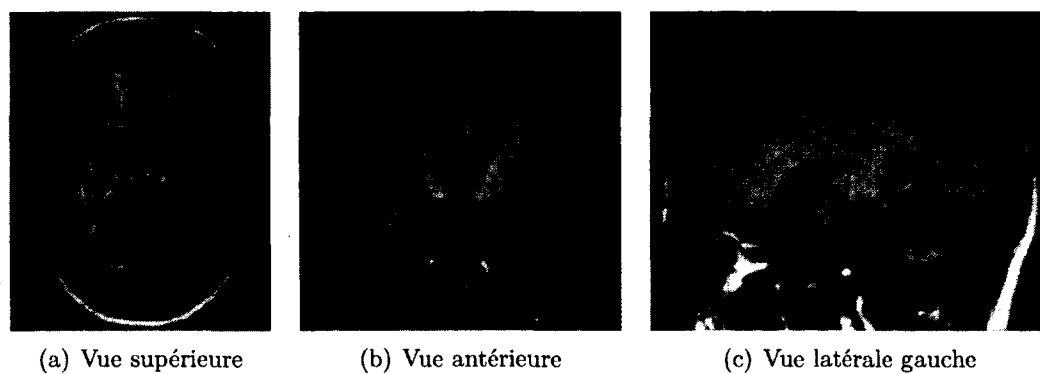


figure 2.11 – *Uncinate*

2.1. DONNÉES

Cerveau entier

Ce deuxième *tractogramme* représente les *tractes* d'un cerveau entier. Il est composé de 74 313 *tractes*, mais le nombre de faisceaux n'est évidemment pas connu. Ce jeu de données sert donc à valider visuellement si l'algorithme proposé réussit à obtenir les faisceaux les plus connus. Les images de diffusion sont les mêmes que celles utilisées pour le jeu de données segmentées (section 2.1.2). Elles proviennent donc d'un imageur 3 Tesla au *Max Planck Institute* avec 64 directions, un *b-value* de 1000 s/mm². Un algorithme de *tractographie* déterministe a également été utilisé pour obtenir le *tractogramme*. La figure 2.12 donne un aperçu de ce volumineux *tractogramme*.

2.1. DONNÉES

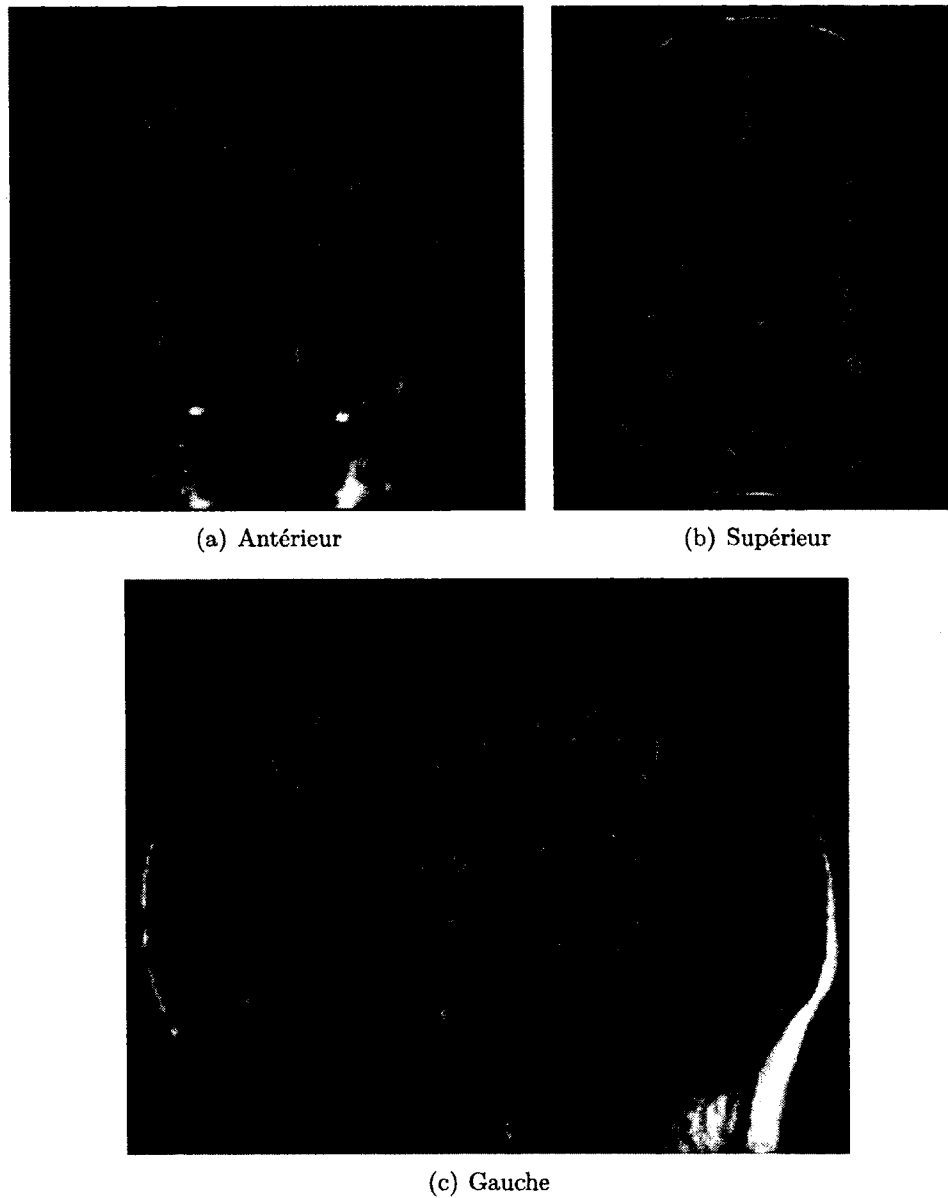


figure 2.12 – Différentes vues du *tractogramme* superposées à l'anatomie d'un cerveau. La couleur des *tractes* dénote l'orientation du vecteur liant le premier point d'une *tracte* au dernier : haut-bas (bleu), gauche-droite (rouge) et avant-arrière (vert).

2.2. ÉTAT DE L'ART

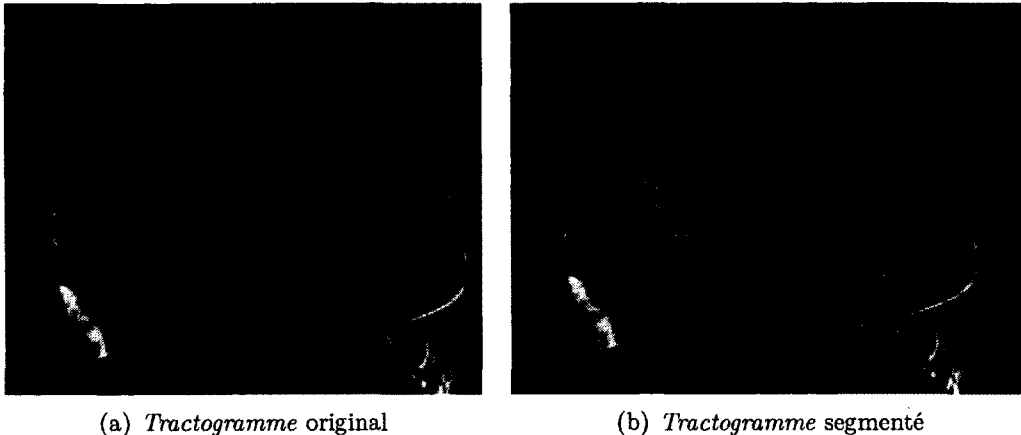


figure 2.13 – Exemple d'un *tractogramme* avant et après la segmentation effectuée manuellement par un expert [Aubin-Lemay et al., 2012] à l'aide du FiberNavigator [Vaillancourt and Girard, 2010].

2.2 État de l'art

Cette section présente les différentes approches utilisées pour segmenter les *tractes*. Ces *tractes* peuvent être vues comme des séquences de points dans un espace 3D. Un exemple de segmentation est illustré à la figure 2.13. La segmentation automatique appliquée aux *tractes* est un domaine de recherche très récent. Une difficulté majeure des algorithmes visant à regrouper les *tractes* en faisceaux est le manque de connaissance sur le nombre exact de faisceaux dans le cerveau. Il est alors difficile d'obtenir de bons résultats avec des techniques nécessitant le nombre de classes comme paramètre d'initialisation.

2.2.1 Mesures de distance

La plupart des algorithmes présentés dans ce chapitre reposent sur une ou plusieurs mesures de distance. Or, il existe de nombreuses façons de quantifier la distance entre deux *tractes*. Afin d'alléger la lecture des prochains chapitres, les mesures les plus utilisées sont décrites dans cette section. À moins d'indications contraires, s^A et s^B

2.2. ÉTAT DE L'ART

désignent deux *tractes* qui n'ont pas nécessairement le même nombre de points.

Une première mesure est la distance entre le centre de masse des *tractes*. Le centre de masse est obtenu en prenant la moyenne de tous les points d'une *tracte*. Ensuite, la distance est simplement définie comme la distance euclidienne entre les centres. Bien que cette mesure tient implicitement compte de chaque points, elle n'est, en général, pas assez juste pour permettre une bonne segmentation. En effet, deux *tractes* peuvent avoir un centre de masse très près l'un de l'autre, mais avoir des formes géométriques complètement différentes. Cette mesure a été utilisée entre autres par [Corouge et al., 2004].

D'autres métriques utilisent plutôt la comparaison point à point, ce qui implique que les *tractes* comparées doivent posséder le même nombre de points. Une de ces mesures est la distance définie par l'erreur quadratique moyenne (MSE pour *Mean Squared Error*). Autrement dit, c'est la norme euclidienne moyenne des différences entre les *tractes* : $\mathbb{E}(\|s^A - s^B\|)$. Il faut également mentionner la distance *Minimum average Direct-Flip* MDF [Visser et al., 2010] qui a été reprise par [Garyfallidis, 2012].

$$MDF(s^A, s^B) = \min(d_{\text{direct}}, d_{\text{flipped}})$$

$$d_{\text{direct}}(s^A, s^B) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|s_i^A - s_i^B\|_2$$

$$d_{\text{flipped}}(s^A, s^B) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|s_i^A - s_{N-i}^B\|_2$$

Pour cette distance, en plus d'exiger que les *tractes* aient le même nombre de points N , il faut que leurs points soient équidistants. L'avantage premier de ces deux précédentes métriques est leur rapidité d'exécution $\mathcal{O}(N)$, puisqu'elles ne reposent que sur une comparaison point à point directe. Par contre, il est nécessaire d'effectuer en prétraitement une interpolation linéaire (le sous-échantillonnage est privilégié pour un gain en rapidité), car les *tractes* ont rarement le même nombre de points.

D'un autre côté, il existe une catégorie de mesures où les *tractes* n'ont pas besoin d'avoir le même nombre de points. Par contre, leur temps d'exécution est plus long,

2.2. ÉTAT DE L'ART

de l'ordre de $\mathcal{O}(N_A N_B)$ où, N_A , N_B sont respectivement le nombre de points que possèdent les *tractes* s^A et s^B . La distance minimale (*Closest Distance*) [Corouge et al., 2004; Gerig et al., 2004] en est une et représente la plus petite distance séparant deux *tractes*. L'intuition de cette mesure est illustrée à la figure 2.14(a) et est définie par l'équation suivante :

$$d_C(s^A, s^B) = \min_{i,j} |s_i^A - s_j^B|$$

La faiblesse de cette mesure réside dans le fait que la distance entre deux *tractes* est définie en utilisant qu'une seule paire de points. Donc, deux *tractes* qui se croisent en un point quelconque auront une distance nulle. Une solution est d'utiliser la moyenne des distances minimales, surnommée distance minimale moyenne (*Mean Closest Distance*) [Corouge et al., 2004; Gerig et al., 2004], en chaque point :

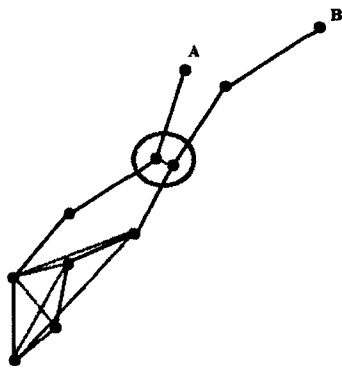
$$d_M(s^A, s^B) = \frac{1}{2} \left(\frac{1}{N_A} \sum_{i=1}^{N_A} \min_j |s_i^A - s_j^B| + \frac{1}{N_B} \sum_{j=1}^{N_B} \min_i |s_i^A - s_j^B| \right)$$

Cette mesure permet entre autres d'éviter de pénaliser les faisceaux qui terminent en éventail comme c'est le cas pour le faisceau cortico-spinal (figure 2.5). En effet, la moyenne permet de réduire l'impact des points aux extrémités qui sont souvent peu nombreux.

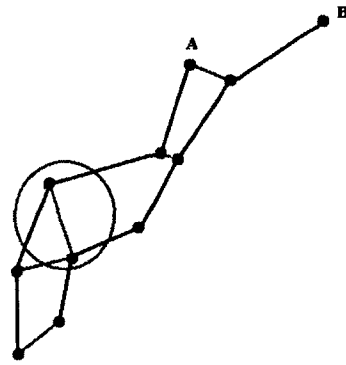
Zhang et al. [Zhang et al., 2008] ont développé une métrique nommée la distance minimale moyenne avec seuillage (*Mean of Thresholded Closest Distance*). Cette distance reprend le concept de la distance minimale moyenne, mais permet d'éviter que des points bruités puissent contribuer au résultat de la mesure. Avec cette mesure, un faisceau comme celui du corticospinal sera pénalisé puisqu'une de ses extrémités se termine en éventail (voir figure 2.5) augmentant ainsi la distance entre deux *tractes* contenues dans le CST. Ceci étant dit, il se peut que ce soit une propriété désirable dépendamment de l'objectif de la segmentation, par exemple pour séparer le corps calleux en plusieurs sections (voir figure 2.4).

Afin de considérer la forme des *tractes*, une mesure a été envisagée en se basant sur la distance d'Hausdorff [Rockafellar and Wets, 1998] qui estime la similarité entre

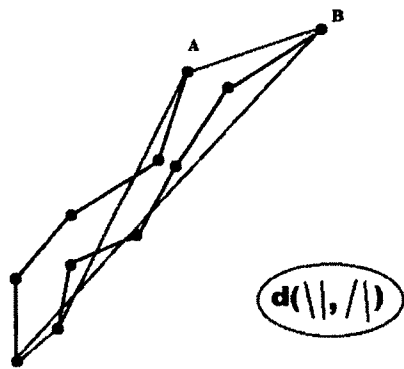
2.2. ÉTAT DE L'ART



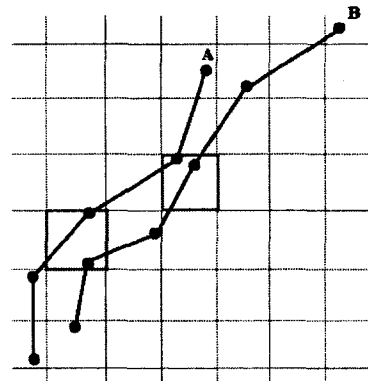
(a) Distance minimale



(b) Distance d'Hausdorff (non symétrique)



(c) Distance entre les extrémités



(d) Distance en nombre de voxels partagés

figure 2.14 – Illustration des différentes mesures de distance calculées entre deux courbes jouets. Les segments de couleurs vertes représentent la valeur qui sera choisie par l'algorithme de distances utilisé. Les autres couleurs représentent d'autres valeurs (non exhaustives) calculées lors de l'application de l'algorithme.

2.2. ÉTAT DE L'ART

deux formes géométriques. Pour chaque point de s^A , le point le plus près dans s^B est trouvé. La valeur maximale de ces distances représente la mesure d'Hausdorff. L'intuition de cette mesure est montrée à la figure 2.14(b). Cette mesure n'étant pas symétrique, elle peut le devenir à l'aide de l'équation suivante :

$$d_H(s^A, s^B) = \max \left(\max_i \min_j |s_i^A - s_j^B|, \max_j \min_i |s_i^A - s_j^B| \right)$$

Bien que la littérature regorge de métriques, celle qui est la plus utilisée pour segmenter les *tractes* reste la distance d'Hausdorff [Corouge et al., 2004; Gerig et al., 2004; Ding et al., 2003; O'Donnell and Westin, 2007; Wassermann, 2010; Maddah et al., 2008].

Voici quelques autres mesures populaires qui ont été proposées. Brun et al. [Brun et al., 2004] définissent simplement la similarité entre deux *tractes* comme étant la distance entre leurs extrémités. La figure 2.14(c) donne un aperçu de cette mesure. Par contre, l'inconvénient est que deux *tractes* ayant des extrémités éloignées peuvent appartenir au même faisceau, par exemple le corps calleux et le corticospinal (figure 2.4 et figure 2.5). Au lieu de regarder seulement les extrémités, Jonasson et al. [Jonasson et al., 2005] utilisent le nombre de voxels partagés entre deux *tractes* comme mesure de similarité. La figure 2.14(d) contient un exemple 2D de cette mesure. En 2011, Böhm et al. [Böhm et al., 2011] adaptent un algorithme d'alignement basé sur les plus longues sous-séquences communes afin de calculer la similarité entre deux *tractes*.

Les métriques précédentes sont toutes basées sur la position absolue des points dans l'espace. Elles sont basées sur l'hypothèse que si des *tractes* commencent au même endroit, suivent le même chemin et terminent ensemble, alors elles doivent appartenir au même faisceau. Or, ce n'est pas toujours le cas. Tel que mentionné, le corps calleux est défini principalement par sa forme en U (figure 2.4). C'est pourquoi des mesures dites locales existent. Il s'agit des mesures qui font appel à la position relative des points par rapport aux points adjacents. Par exemple, les mesures de courbure et de torsion peuvent être appliquées aux *tractes* comme l'ont fait plusieurs déjà [Ding et al., 2003; Corouge et al., 2004; Gerig et al., 2004; Batchelor et al., 2006].

2.2. ÉTAT DE L'ART

Il est importe de noter que les *tractes* ne possèdent pas de sens. Or, les métriques présentées sont pour la plupart sensibles à l'ordre des points, affectant ainsi leur résultat. Heureusement, un moyen simple de surmonter cet obstacle est de calculer la distance désirée une seconde fois, mais en ayant pris soin d'inverser l'ordre des points d'une des deux *tractes* [Garyfallidis, 2012]. Ensuite, il suffit de choisir le minimum entre les deux distances obtenues.

2.2.2 Segmentation de *tractes*

En neuro-imagerie, en fonction de ce qui doit être étudié, différents types de données peuvent être utilisées pour la segmentation. En effet, la neuro-imagerie peut être appliquée aux données de diffusion [Clark et al., 1998; Prastawa et al., 2004], aux modèles locaux [Wiegell et al., 2003; Rousson and Lenglet, 2004; Lenglet et al., 2006; Wassermann et al., 2008; Descoteaux and Deriche, 2008], aux voxels par où passent les *tractes* [Wang and Vemuri, 2005; Jonasson et al., 2007] et dans ce cas-ci aux *tractes*. Bien qu'il en soit à ses débuts, ce domaine possède une littérature riche et diversifiée. Les approches existantes pour segmenter les *tractogrammes* peuvent être divisées en trois catégories : manuelles, automatiques ou basées sur un atlas. Le présent mémoire se concentre sur la deuxième catégorie pouvant à son tour être divisée en deux sous-catégories : celles où une mesure de distance entre les *tractes* est requise et celles où elle ne l'est pas. Les deux algorithmes de segmentation de *tractes* les plus utilisés sont la segmentation hiérarchique (section 1.2.1) et le *Spectral Clustering* [Shi, 2000].

Corouge et al. [Corouge et al., 2004] ont testé diverses mesures de distance (minimale, Hausdorff et centre de masse) en utilisant la segmentation hiérarchique avec la méthode de fusion minimale (*Single Linkage*) sur les faisceaux du corticospinal et sur celui du corps calleux. Ils ont également examiné les résultats des mesures de courbure et de torsion calculées sur ces deux faisceaux. Dans le même ordre d'idées, Gerig et al. [Gerig et al., 2004] propose l'ébauche d'une segmentation interactive, en combinant ces mesures une à la fois de façon séquentielle. C'est-à-dire qu'une mesure (ex. Hausdorff) peut d'abord être utilisée pour filtrer les données bruitées et ensuite séparer les faisceaux de l'hémisphère gauche de ceux de l'hémisphère droit à l'aide

2.2. ÉTAT DE L'ART

des centres de masse.

Batchelor et al. [Batchelor et al., 2006] ont exploré plus en détail différentes mesures locales pour les *tractes*. En plus de la courbure et de la torsion, ils ont testé les descripteurs de Fourier, la théorie des noeuds et le recalage des *tractes* en utilisant l'analyse en composantes principales (ACP) [Pearson, 1901].

Dans [O'Donnell and Westin, 2007], O'Donnell et Westin utilisent d'abord le *Spectral Clustering* pour former des faisceaux qui seront par la suite identifiés par un expert dans le but de créer un atlas. La même projection spectrale est alors appliquée aux nouvelles *tractes* pour ensuite les classifier automatiquement. Une fois dans l'espace projeté, l'étiquette d'une *tracte* est déterminée en calculant la distance minimale moyenne entre cette nouvelle *tracte* et la *tracte* moyenne de chaque groupe contenu dans l'atlas. L'étiquette choisie sera celle du groupe ayant la plus petite distance.

Zhang et al. [Zhang et al., 2008] ont utilisé leur métrique (distance minimale seuillée) combinée à une segmentation hiérarchique avec fusion minimale. Ils ont appliqué leur algorithme à la segmentation intersujets, mais contrairement aux autres, ils effectuent leur segmentation avant d'effectuer le recalage dans le but de conserver l'espace original entre les faisceaux.

En 2009, une récente technique de segmentation, *Affinity Propagation* (AP) [Frey and Dueck, 2007], est appliquée à la segmentation de *tractes* par Leemans et Jones [Leemans and Jones, 2009]. Cette méthode itérative vise à identifier automatiquement des représentants de groupes via l'échange de messages entre les éléments du système. Ils présentent également une comparaison entre différents algorithmes de segmentation (hiérarchique, *Spectral Clustering* et AP) appliqués à la problématique.

Guevara et al. [Guevara et al., 2011] combinent plusieurs algorithmes allant de la segmentation hiérarchique jusqu'à des techniques de lignes de partage des eaux. Ils utilisent beaucoup de prétraitement afin de réduire le temps de calcul, comme la séparation des *tractes* en fonction de leur longueur et de leur position dans le cerveau (hémisphère gauche/droite, avant/arrière). Ensuite, la segmentation est d'abord effectuée sur les voxels et puis sur les extrémités pour former des sous-faisceaux. La distance d'Hausdorff est alors utilisée afin de fusionner les différents sous-faisceaux.

2.2. ÉTAT DE L'ART

Garyfallidis [Garyfallidis, 2012] met l'emphase sur la rapidité de la segmentation plutôt que sur le fait de trouver des faisceaux anatomiquement significatifs. Il propose un algorithme, QuickBundles, inspiré de *BIRCH* [Zhang and Ramakrishnan, 1997], permettant de fournir une segmentation des *tractes* en moyenne dans un temps linéaire. Le principe de cette méthode repose sur l'utilisation d'une *tracte*-moyenne pour représenter un groupe. Ensuite, pour chaque *tracte*, la distance au modèle de chaque groupe existant est comparée à un certain seuil T . Si, pour un groupe donné, la distance est sous ce seuil, la *tracte* est ajoutée au groupe et une nouvelle *tracte*-modèle est calculée. Si, au contraire, elle est plus élevée, alors un nouveau groupe est formé. Un avantage important mis à part sa vitesse est que le nombre de faisceaux n'a pas besoin d'être connu à l'avance.

À mentionner également, Moberts et *al.* [Moberts et al., 2005] évaluent l'impact de trois variantes de segmentation hiérarchique ainsi que d'une autre méthode nommée *Shared Nearest Neighbors* (SNN) appliquées à la segmentation de *tractes*. Ils en concluent que le regroupement hiérarchique avec fusion minimale combiné à la distance minimale moyenne performe le mieux.

Il existe très peu d'algorithmes de segmentation qui ne requièrent pas une mesure de distance entre les éléments à partitionner. Maddad et *al.* [Maddah and Zollei, 2008] et Wang et *al.* [Wang and Grimson, 2011] proposent des méthodes basées sur les processus de Dirichlet. Wassermann [Wassermann, 2010] propose un cadre mathématique basé sur les processus gaussiens afin d'analyser quantitativement les *tractogrammes*. Dans son approche, les *tractes* sont d'abord représentées comme des « fonctions indicatrices » floues, c'est-à-dire qu'un filtre de flou a été appliqué sur les fonctions indicatrices. Grâce à cela, une *tracte* peut être maintenant perçue comme étant un processus gaussien permettant l'application d'opérations statistiques.

Chapitre 3

Nouvelle mesure de distance

Ce chapitre porte sur une nouvelle mesure de distance pour segmenter les voies neuronales. Il est important de rappeler qu'une *tracte* est considérée comme une suite de points dans un espace à trois dimensions. Or, la mesure de distance proposée fait abstraction du domaine d'où proviennent les courbes, c'est-à-dire qu'elle n'utilise que l'information euclidienne des points et de leur ordonnancement. Pour cette raison, le terme « courbe » sera préféré à « *tracte* » au cours de ce chapitre, sauf en de rares occasions où un certain *a priori* permet de légères simplifications.

3.1 Contributions du mémoire

Bien que la littérature regorge de métriques, aucune n'offre la flexibilité comparable à celle proposée dans ce mémoire. D'ailleurs, il n'existe aucune technique de segmentation permettant d'interagir aisément avec les paramètres influençant la formation des faisceaux. Celles qui s'y rapprochent le plus sont le QuickBundles [Garyfallidis, 2012] par sa rapidité et la méthode de Guevara et al. [Guevara et al., 2011] par l'intégration d'*a priori* anatomique dans son processus de segmentation. Dans ce mémoire, nous proposons d'abord une méthode originale permettant de mesurer la distance entre les

3.2. OBJECTIF

tractes de la matière blanche. Par la suite, une version améliorée du QuickBundles est présentée permettant de traiter des *tractogrammes* gigantesques en temps linéaire. Au final, cette nouvelle approche rend possible la segmentation interactive de la matière blanche. Par exemple, à l'aide du logiciel FiberNavigator¹ [Vaillancourt and Girard, 2010], il serait possible de faire varier des paramètres de segmentation à l'aide de curseurs et de voir en temps réel l'impact sur les faisceaux de fibres retrouvés (c'est-à-dire regroupements de *tractes*). D'ailleurs, quelques librairies *Python*, développées dans le cadre de cette maîtrise et permettant d'interagir avec les paramètres, seront incluses prochainement dans le FiberNavigator.

3.2 Objectif

L'objectif premier de ce mémoire est la création d'une nouvelle mesure de distance permettant de représenter indépendamment et le plus fidèlement la différence entre les caractéristiques propres aux courbes (ex. position spatiale, forme géométrique, orientation, longueur, etc.). Cette indépendance est une propriété désirable lors de la segmentation puisqu'elle permet d'éviter les interactions complexes entre les caractéristiques les plus difficiles à modéliser. Or, le plus grand inconvénient des métriques existantes, comme il a été discuté à la section 2.2, est leur incapacité à capter ces caractéristiques de façon indépendante. Pour la plupart (ex. Hausdorff, MDF, distance minimale), la valeur retournée reflète avant tout la distance entre les positions euclidiennes des courbes, alors que d'autres se concentrent plutôt sur l'aspect géométrique des courbes. Au final, aucune ne fournit autant de flexibilité et d'indépendance que la nouvelle mesure de distance proposée dans ce mémoire : la **distance unifiée**.

Cette mesure consiste en une somme pondérée de quatre termes. Les termes, ciblant chacun une caractéristique importante, représentent différentes mesures de distance entre deux courbes. Les poids associés à chaque terme doivent sommer à un et peuvent donc être perçus comme des ratios. La figure 3.1 donne l'intuition générale de cette mesure, alors que l'équation (3.1) l'explique de façon mathématique :

1. <http://code.google.com/p/fibernavigator/>

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

$$d(c_i, c_j) = w_1 d_G(c_i, c_j) + w_2 d_O(c_i, c_j) + w_3 d_T(c_i, c_j) + w_4 d_L(c_i, c_j), \quad (3.1)$$

où d_G est la distance géométrique (3.19), d_O est la distance d'orientation (3.21), d_T est la distance de translation (3.22), et d_L est la distance de longueur (3.23) entre les courbes c_i et c_j . De plus, $\sum_i w_i = 1$ avec $w_i \geq 0$. Il est important de mentionner que chaque mesure est normalisée. Cela vise à s'assurer que toutes les mesures impliquées dans (3.1) seront prises en compte équitablement et que seuls les poids contrôleront l'influence de chaque terme sur la distance unifiée. De plus, les poids de la distance unifiée peuvent être déterminés en utilisant des techniques d'apprentissage automatique. Ainsi à partir de *tractes* préalablement identifiées par un expert, il est possible de modéliser ces poids. Ce modèle peut ensuite être réutilisé pour segmenter automatiquement des *tractogrammes* provenant de cerveaux inconnus, c'est-à-dire qui n'ont pas été préalablement étiquetés par un expert.

3.3 Termes de la distance unifiée

Chaque terme de l'équation (3.1) représente une caractéristique particulière d'une courbe. L'ensemble de ces caractéristiques doit être le plus discriminant possible afin d'être en mesure de différencier les courbes similaires des autres. Ces quatre termes représentent donc l'essentiel d'une courbe, mais rien n'empêche d'ajouter d'autres mesures dans le but de raffiner le modèle. Des informations *a priori* sur l'environnement d'où proviennent les courbes peuvent grandement améliorer cette mesure de distance. Dans le cadre de ce mémoire, ce type de métrique a été mis de côté et les efforts ont été concentrés autour des quatre mesures de distance et tout particulièrement la distance géométrique. En effet, la majorité des travaux de recherche, effectués dans le cadre de ce mémoire, portent sur cette distance. Pour cette raison, une section plus étoffée lui est réservée.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

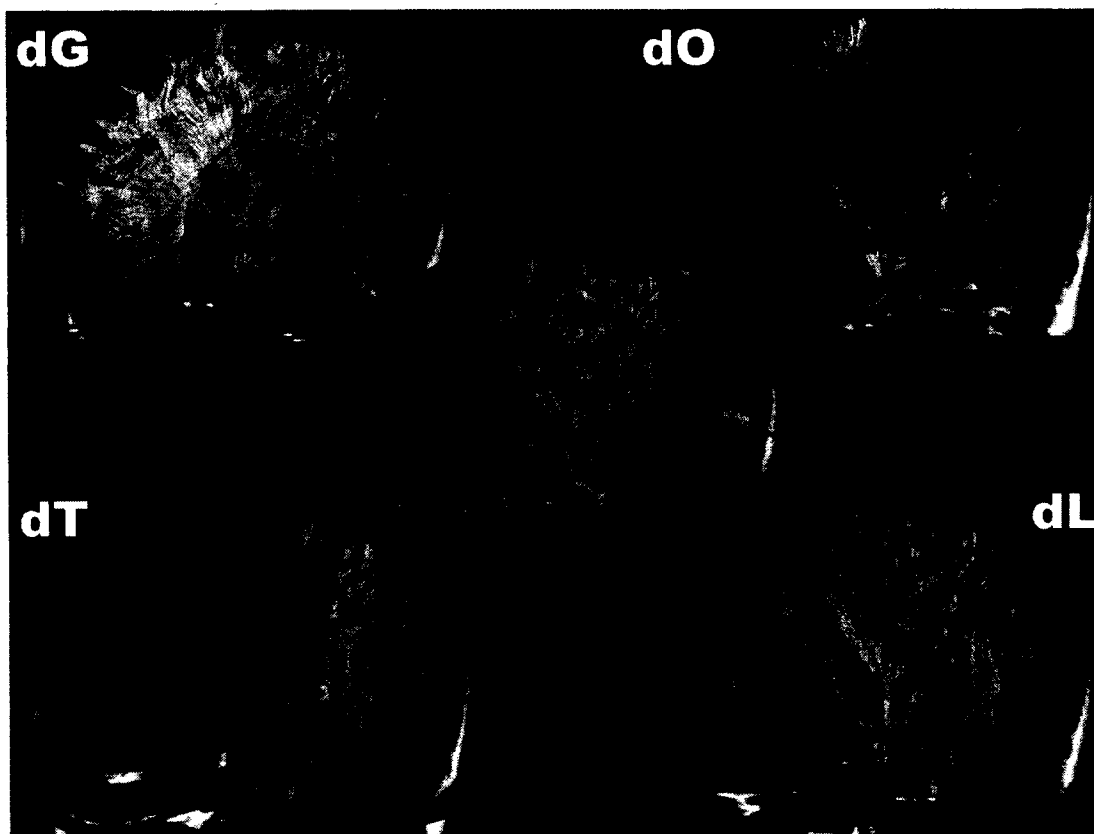


figure 3.1 – Diagramme expliquant la mesure de la distance unifiée. d_G : distance géométrique, d_O : distance d'orientation, d_T : distance de translation et d_L : distance de longueur.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

3.3.1 Distance géométrique : d_G

La distance géométrique $d_G(\Gamma_1, \Gamma_2)$ permet de quantifier la dissimilitude entre deux courbes en ce qui a trait à leur forme : **U**, **S**, **L**, hélice, rectiligne, etc. (figure 3.2). Elle est le terme le plus discriminant des quatre, puisqu'elle reflète bien la perception humaine. Ceci explique pourquoi la pondération de ce terme est généralement plus élevée que les autres. Afin de bien définir cette mesure, on doit éviter d'utiliser les coordonnées canoniques des points d'une courbe dans la base canonique. Autrement dit, la mesure doit être invariante à la translation, à l'orientation et à la longueur.

Afin de bien définir cette mesure, on doit s'affranchir des dépendances liées à la base canonique.

La technique utilisée pour y parvenir exploite les principes du *Curvature Scale Space* (CSS) [Mokhtarian, 1986] et du *Torsion Scale Space* (TSS) [Mokhtarian, 1988] toutes deux basées sur la théorie du *Scale Space* 1.3.1.

Curvature Scale Space et Torsion Scale Space

Le *Curvature Scale Space* [Mokhtarian, 1986] et le *Torsion Scale Space* [Mokhtarian, 1988] sont deux théories améliorant celle du LSS par une représentation multirésolution qui est invariante à la translation, à l'orientation et à l'échelle. De plus, elles s'appliquent aux courbes 2D et 3D, et peuvent également être généralisées aux dimensions supérieures. Dans ces théories, Mokhtarian utilise deux propriétés intrinsèques des courbes, soit : la courbure et la torsion. Ces propriétés évaluées en chaque point de la courbe sont dites locales puisque leur calcul dépend uniquement des voisins et non du cadre de référence (ex. l'origine d'un espace euclidien). Autrement dit, la courbure et la torsion de chaque point d'une courbe sont mesurées à partir de leur position relative et non pas avec leur position absolue dans l'espace.

Tout d'abord, il faut pouvoir définir la paramétrisation d'une courbe sans se soucier de sa dimensionnalité. Une façon d'y parvenir est d'utiliser la longueur d'arc s , c'est-à-dire la longueur d'une ficelle qui épouserait parfaitement la forme de la courbe. Supposons que $\mathbf{x}(t)$ est une courbe quelconque commençant à t_0 , alors la longueur

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

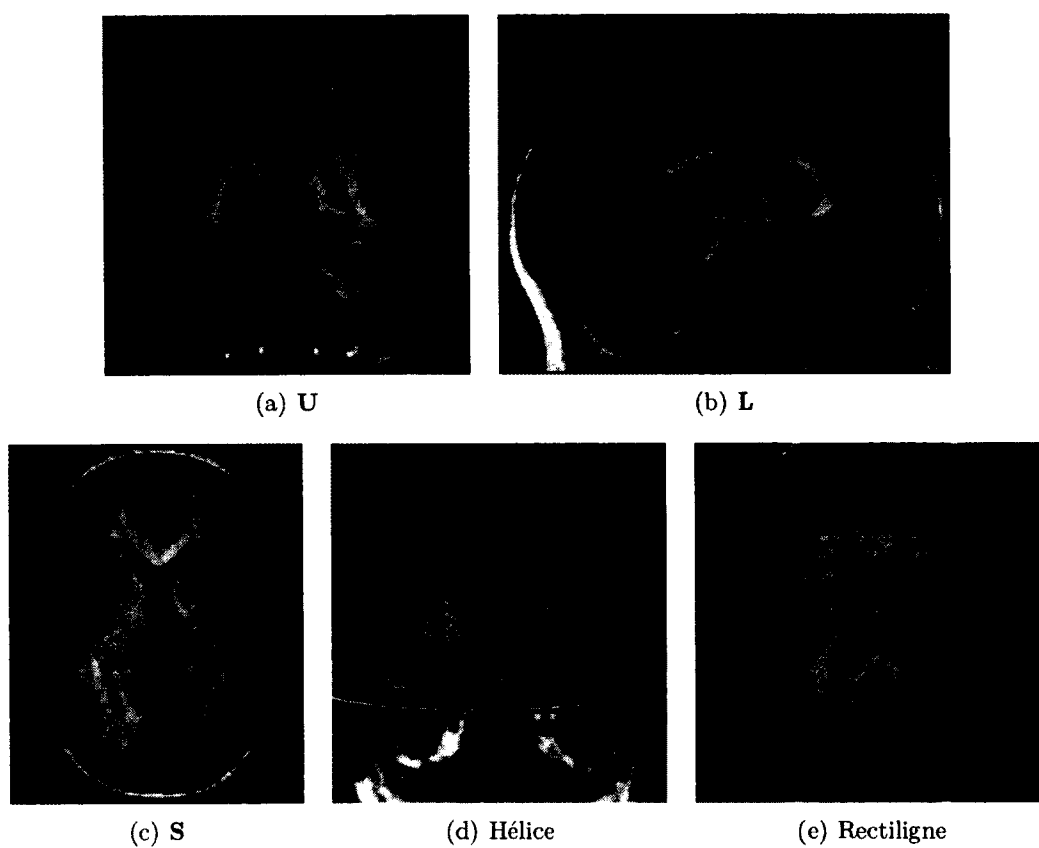


figure 3.2 – Différentes formes que peuvent prendre les *tractes* neuronales.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

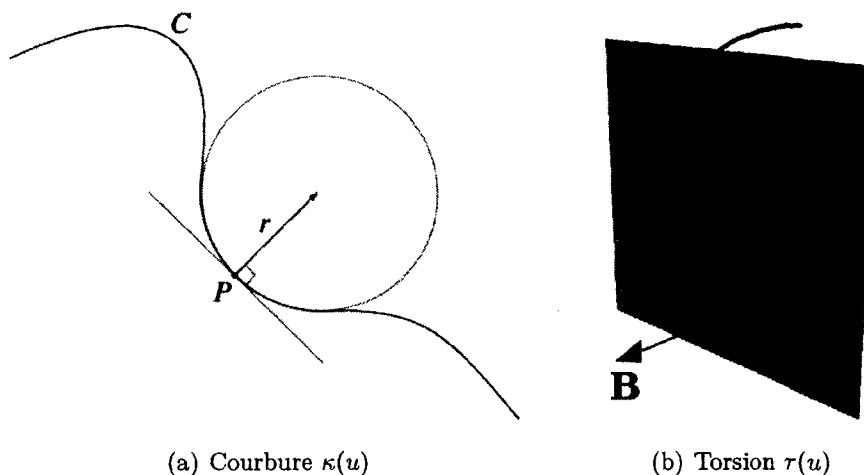


figure 3.3 – Intuition des mesures de courbure et de torsion. (a) représente le cercle osculateur d’une courbe en un point donné, son rayon définissant l’inverse de la courbure. (b) représente le plan osculateur d’une courbe en un point donné.

d’arc est définie par la fonction suivante :

$$s(t) = \int_{t_0}^t \left\| \frac{d\mathbf{x}(t)}{dt} \right\| dt \quad (3.2)$$

Pour reprendre la définition de Mokhtarian [Mokhtarian, 1997], l’équation paramétrique d’une courbe 3D en fonction de la longueur d’arc est la concaténation des composantes en x , y et z :

$$\Gamma(u) = (x(u), y(u), z(u)), \quad (3.3)$$

où $x(u), y(u), z(u)$ sont les composantes (coordonnées) de la courbe et u est une fonction de la longueur d’arc s (paramètre naturel) de la courbe.

Une fois la paramétrisation de la courbe effectuée, la courbure et la torsion peuvent être calculées. La courbure est une mesure quantitative reflétant le degré d’opposition qu’une courbe possède par rapport à une ligne droite (la tangente). En 2D, la courbure d’une courbe en un point donné correspond à l’inverse du rayon du cercle

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

osculateur, c'est-à-dire le cercle unique épousant le mieux la courbe en ce point (figure 3.3(a))².

En 3D, la courbure se généralise en utilisant la tangente \mathbf{T} , la normale \mathbf{N} et la binormale \mathbf{B} en un point donné. Cet outil d'étude du comportement local des courbes provient de la géométrie différentielle et est nommé le repère de Frenet [Do Carmo, 1976]. Également obtenue à partir du repère de Frenet, la torsion est une généralisation de la courbure en 3D. Cette mesure quantifie le degré d'écartement que possède une courbe avec le plan osculateur, c'est-à-dire le plan unique épousant le mieux la courbe en ce point (figure 3.3(b))³. La torsion est donc ce qui fait qu'une courbe ne reste pas dans un plan.

La courbure et la torsion, s'expriment en fonction des dérivées de $x(u)$, $y(u)$ et $z(u)$ par rapport à u . Elles s'obtiennent à l'aide des formules suivantes :

$$\kappa(u) = \frac{\sqrt{(\dot{y}\ddot{z} - \dot{z}\ddot{y})^2 + (\dot{z}\ddot{x} - \dot{x}\ddot{z})^2 + (\dot{x}\ddot{y} - \dot{y}\ddot{x})^2}}{(\dot{x}^2 + \dot{y}^2 + \dot{z}^2)^{3/2}} \quad (3.4)$$

$$\tau(u) = \frac{\dot{x}(\ddot{y}\ddot{z} - \ddot{z}\ddot{y}) - \dot{y}(\ddot{x}\ddot{z} - \ddot{z}\ddot{x}) + \dot{z}(\ddot{x}\ddot{y} - \ddot{y}\ddot{x})}{(\dot{y}\ddot{z} - \dot{z}\ddot{y})^2 + (\dot{z}\ddot{x} - \dot{x}\ddot{z})^2 + (\dot{x}\ddot{y} - \dot{y}\ddot{x})^2} \quad (3.5)$$

où \dot{x} représente la première dérivée par rapport à u , \ddot{x} est la deuxième dérivée et $\ddot{\ddot{x}}$ la dérivée troisième. Les équations (3.4) et (3.5) permettent donc de calculer respectivement la courbure $\kappa(u)$ et la torsion $\tau(u)$ en fonction de u .

Reprenant l'équation (1.2), présentée au chapitre 1.3.1, la convolution sera effectuée indépendamment sur chacune des composantes, de telle sorte que

$$\mathcal{R}(u, \sigma) = \Gamma(u) * g(u, \sigma) = (\mathcal{X}(u, \sigma), \mathcal{Y}(u, \sigma), \mathcal{Z}(u, \sigma)),$$

avec

2. Image extraite de Wikipédia : <http://en.wikipedia.org/wiki/Curvature>

3. Image extraite de Wikipédia : http://en.wikipedia.org/wiki/Frenet-Serret_formulas

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

$$\begin{aligned}\mathcal{X}(u, \sigma) &= x(u) * g(u, \sigma) & \mathcal{Y}(u, \sigma) &= y(u) * g(u, \sigma) \\ \mathcal{Z}(u, \sigma) &= z(u) * g(u, \sigma)\end{aligned}$$

De plus, les théories du CSS et du TSS exploitent le fait que la différentiation d'une convolution d'un signal avec une gaussienne est commutative [Schwartz, 1949]. C'est-à-dire que la dérivée de la convolution d'une fonction avec une gaussienne est équivalente à convoluer cette même fonction avec la dérivée de la gaussienne. Supposons que

$$\mathcal{F}(u, \sigma) = f(u) * g(x, \sigma),$$

alors les trois premières dérivées de $\mathcal{F}(u, \sigma)$ sont respectivement :

$$\begin{aligned}\frac{\partial \mathcal{F}(u, \sigma)}{\partial u} &= f(u) * \frac{\partial g(u, \sigma)}{\partial u} \\ \frac{\partial^2 \mathcal{F}(u, \sigma)}{\partial u^2} &= f(u) * \frac{\partial^2 g(u, \sigma)}{\partial u^2} \\ \frac{\partial^3 \mathcal{F}(u, \sigma)}{\partial u^3} &= f(u) * \frac{\partial^3 g(u, \sigma)}{\partial u^3}.\end{aligned}$$

Basé sur cette dernière propriété, Mokhtarian [Mokhtarian, 1997] redéfinit les équations de la courbure (3.4) et de la torsion (3.5) pour tirer avantage de la convolution de la courbe avec une gaussienne :

$$\kappa(u, \sigma) = \frac{\sqrt{(\dot{\mathcal{Y}}\ddot{\mathcal{X}} - \dot{\mathcal{X}}\ddot{\mathcal{Y}})^2 + (\dot{\mathcal{Z}}\ddot{\mathcal{X}} - \dot{\mathcal{X}}\ddot{\mathcal{Z}})^2 + (\dot{\mathcal{X}}\ddot{\mathcal{Y}} - \dot{\mathcal{Y}}\ddot{\mathcal{X}})^2}}{(\dot{\mathcal{X}}^2 + \dot{\mathcal{Y}}^2 + \dot{\mathcal{Z}}^2)^{3/2}} \quad (3.6)$$

$$\tau(u, \sigma) = \frac{\dot{\mathcal{X}}(\ddot{\mathcal{Y}}\ddot{\mathcal{Z}} - \ddot{\mathcal{Z}}\ddot{\mathcal{Y}}) - \dot{\mathcal{Y}}(\ddot{\mathcal{X}}\ddot{\mathcal{Z}} - \ddot{\mathcal{Z}}\ddot{\mathcal{X}}) + \dot{\mathcal{Z}}(\ddot{\mathcal{X}}\ddot{\mathcal{Y}} - \ddot{\mathcal{Y}}\ddot{\mathcal{X}})}{(\dot{\mathcal{Y}}\ddot{\mathcal{X}} - \dot{\mathcal{X}}\ddot{\mathcal{Y}})^2 + (\dot{\mathcal{Z}}\ddot{\mathcal{X}} - \dot{\mathcal{X}}\ddot{\mathcal{Z}})^2 + (\dot{\mathcal{X}}\ddot{\mathcal{Y}} - \dot{\mathcal{Y}}\ddot{\mathcal{X}})^2}. \quad (3.7)$$

Ainsi, afin d'obtenir les représentations multiéchelles CSS et TSS d'une courbe quelconque, il suffit de faire varier le σ de ces deux équations ((3.6) et (3.7)) et de conserver

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

les valeurs de courbure et de torsion en chaque point au fil des itérations. L'algorithme 2 illustre bien cette technique.

Algorithm 2 Calcul du CSS et du TSS

```

1: procedure CALCCSS-TSS( $\Gamma$ )
2:    $css, tss \leftarrow \mathbf{empty}$ 
3:   for  $\sigma \rightarrow \infty$  do ▷  $\sigma \geq 0, \sigma \in \mathbb{R}$ 
4:      $css(\sigma, u) \leftarrow \kappa(u, \sigma)$  ▷ Selon (3.6)
5:      $tss(\sigma, u) \leftarrow \tau(u, \sigma)$  ▷ Selon (3.7)
6:   end for
7:   return  $css, tss$ 
8: end procedure

```

Si la courbe est finie et discrète, cela résultera en la formation de deux images $M \times N$, où M est le nombre de résolutions et N le nombre de points que possède la courbe. Ces images représentent l'image CSS et l'image TSS, illustrées à la figure 3.4. L'intensité de chaque pixel indique alors le niveau de courbure ou bien de torsion de la courbe en fonction des paramètres u et σ . Concernant l'image TSS, puisqu'il existe des torsions négatives, la valeur absolue a été utilisée.

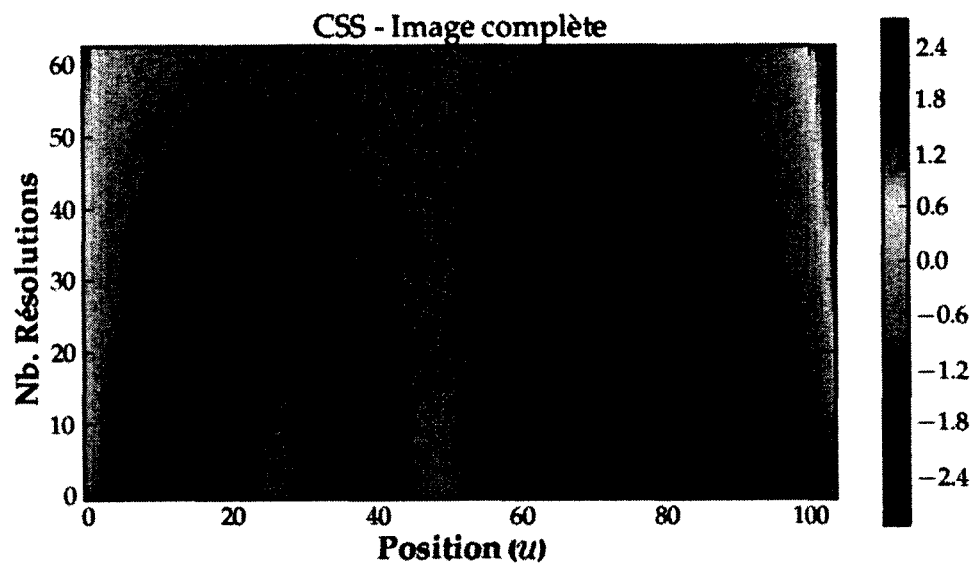
Il a été observé dans [Mackworth and Mokhtarian, 1988] que la longueur de la courbe diminue de façon non linéaire au fil de son évolution dû au fait que la convolution n'est pas une opération linéaire. Ceci peut causer des différences locales entre les courbes pouvant provoquer des erreurs de comparaison (discutée à la prochaine section). Pour y remédier, Mokhtarian propose une version normalisée du CSS et du TSS, en utilisant la longueur d'arc normalisée pour reparamétriser une courbe. C'est-à-dire, un paramètre définit par une fonction cumulative :

$$w = \Phi_\sigma(u) = \frac{\int_a^u \|\hat{\mathcal{R}}(v, \sigma)\| dv}{\int_a^b \|\hat{\mathcal{R}}(v, \sigma)\| dv}, \quad (3.8)$$

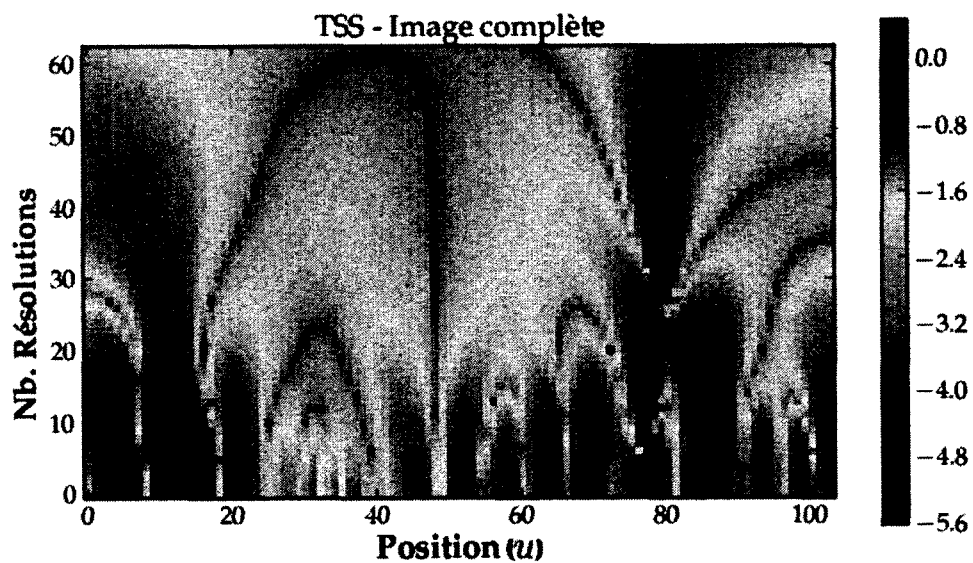
où $\hat{\mathcal{R}}$ dénote la dérivée par rapport à u et $u \in [a, b]$, $w \in [0, 1]$. Ceci permet d'obtenir la paramétrisation suivante :

$$\hat{\mathcal{R}}(w, \sigma) = (\hat{\mathcal{X}}(w, \sigma), \hat{\mathcal{Y}}(w, \sigma), \hat{\mathcal{Z}}(w, \sigma)), \quad (3.9)$$

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE



(a) CSS



(b) TSS

figure 3.4 – Images CSS et TSS denses de la *tracte* montrée à la figure 1.2. L'échelle des intensités est logarithmique en base 10.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

avec

$$\begin{aligned}\hat{\mathcal{X}}(w, \sigma) &= \mathcal{X}(\Phi_\sigma^{-1}(w), \sigma) & \hat{\mathcal{Y}}(w, \sigma) &= \mathcal{Y}(\Phi_\sigma^{-1}(w), \sigma) \\ \hat{\mathcal{Z}}(w, \sigma) &= \mathcal{Z}(\Phi_\sigma^{-1}(w), \sigma).\end{aligned}$$

Par contre, cette version normalisée du CSS et du TSS ne permet pas de changer la paramétrisation des fonctions $x(w)$, $y(w)$ et $z(w)$. C'est pourquoi dans [Mokhtarian, 1993], Mokhtarian propose une généralisation de l'évolution d'une courbe. Cette méthode se nomme le *Resampled Torsion Scale Space* (RTSS) et consiste à convoluer plusieurs fois la courbe avec la même gaussienne initialisée à un petit σ . Plus spécifiquement, l'évolution RTSS d'une courbe $\Gamma(u)$, peu importe sa paramétrisation, peut être obtenue en alternant deux étapes. Tout d'abord, la courbe $\Gamma(u)$ est reparamétrisée en fonction de la longueur d'arc normalisée, $\Gamma(w)$, à l'aide de l'équation (3.8). Ensuite, $\Gamma(w)$ est convoluée par $g(w, \sigma)$ donnant ainsi une version lisse de la courbe originale. Ces deux étapes sont répétées jusqu'à ce que la torsion obtenue possède très peu de passages à zéro (caractéristiques recherchées lors de la comparaison discutée en détail à la section 3.3.1). Cette méthode simule une incrémentation du σ dans le temps t tout en gardant la gaussienne constante (c'est-à-dire avec un σ fixe). L'algorithme 3 montre les étapes de la technique. Par ailleurs, la preuve de cette convergence est décrite dans [Mokhtarian, 1997].

Algorithm 3 Calcul du *Resampled TSS*

```

1: procedure CALCRESAMPLEDTSS( $\Gamma, \sigma$ )
2:    $tss \leftarrow \mathbf{empty}$ 
3:    $t \leftarrow 0$ 
4:   repeat
5:      $tss(t, w) \leftarrow \hat{\tau}(w, \sigma)$  ▷ Selon (3.7) paramétrisée par (3.9)
6:      $Z \leftarrow \{w \mid \hat{\tau}(w, \sigma) = 0\}$  ▷ Position des passages à zéro
7:      $\Gamma(w) \leftarrow \hat{\mathcal{H}}(w, \sigma)$  ▷ (3.9)
8:      $t \leftarrow t + 1$ 
9:   until  $|Z| < \epsilon$  ▷  $|Z|$  : nb. de passages à zéro
10:  return  $tss$ 
11: end procedure

```

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

Correspondance entre les images TSS

Une fois les images créées, elles peuvent servir à déterminer si deux courbes se ressemblent ou pas géométriquement. Pour y parvenir, Mokhtarian [Mokhtarian, 1997] utilise la notion de ligne de niveau (*level-crossing*) et de passage à zéro (*zero-crossing*) des différents signaux pour générer des images creuses (*sparse*). Puisque la courbure ne peut être négative, il n'y aura jamais de passages à zéro causés par des changements de signes. C'est pour cela que la ligne de niveau est utilisé pour le CSS. Les images creuses résultantes ressemblent aux figures 3.5(a) et 3.5(b). Au fur et à mesure que le σ augmente et que la courbe devient de plus en plus lisse, les zéros (et l'équivalent pour les lignes de niveau) disparaissent puisqu'ils représentent des points d'inflexion. Ceci a été prouvé mathématiquement et est expliqué en détail dans l'article de Mokhtarian [Mokhtarian, 1997].

Un inconvénient majeur du CSS, est la nécessité de trouver le niveau adéquat, ce qui n'est pas toujours évident. De plus, rien ne garantit qu'un bon niveau pour une courbe va l'être aussi pour une autre courbe. C'est pour cela que Mokhtarian [Mokhtarian, 1997] se sert uniquement de l'image TSS. Il y garantit également que toutes les informations essentielles pour comparer deux courbes y sont contenues.

Bref, étant donnée une image TSS A , les passages à zéro sont tout d'abord trouvés à toutes les résolutions, c'est-à-dire pour chaque signal de torsion. D'après une notation inspirée de Mallat [Mallat, 1991], la position de ces zéros est représentée par $(z_n^\sigma)_{n \in [a,b]}$ tel que $\Gamma(u)$ est définie sur $u \in [a, b]$. Or, pour chacune de ces positions, le pixel correspondant dans l'image sera allumé, c'est-à-dire $A(\sigma, z_n^\sigma) = 1$, sinon le pixel vaudra zéro. Donc, l'image TSS est devenue une image binaire et creuse telle que présentée à la figure 3.5.

Pour comparer une image A à une image B , la première étape consiste à trouver les sommets, c'est-à-dire les points associés aux plus grandes valeurs de σ pour chaque ligne visible à la figure 3.5. Ensuite, pour chaque sommet de l'image A son plus proche voisin est sélectionné parmi les sommets restants de l'image B . Le sommet choisi est ensuite retiré de la liste des sommets disponibles. Par la suite, pour chaque paire de sommets, une matrice représentant la transformation linéaire nécessaire pour

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

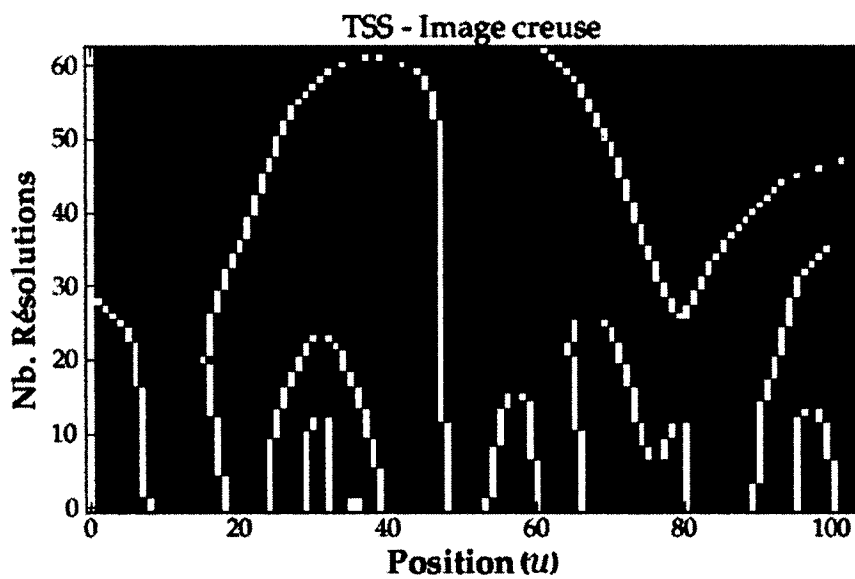


figure 3.5 – Images CSS et TSS creuses de la *tracte* montrée à la figure 1.2. Le niveau utilisé pour générer l'image creuse CSS correspond à 0.1.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

recaler le sommet provenant de l'image B sur celui de l'image A est calculée. Finalement, la dissimilitude entre les deux images est obtenue en sommant les distances euclidiennes entre chaque paire de sommets après avoir appliqué la transformation linéaire à l'image B . Plus d'information peut être retrouvée dans cet article [Mokhtarian, 1997].

Par contre, les courbes utilisées dans l'article [Mokhtarian, 1997] sont des contours 3D, c'est-à-dire qu'elles sont fermées. Par conséquent, elles sont stables à la convolution et à la différentiation vu leur nature cyclique. Or, ce n'est pas le cas des *tractes*, car elles sont bornées. Une gestion des bords doit être envisagée, introduisant ainsi du bruit et des erreurs numériques lors du calcul des dérivées et lors de la convolution. C'est pourquoi la méthode de Mokhtarian ne s'applique pas directement aux données des *tractogrammes*.

Méthode proposée

L'application du TSS, telle que présentée, pour calculer la distance géométrique n'est pas réaliste, et ce pour plusieurs raisons. Premièrement, les *tractes* sont constituées d'une suite finie de points 3D et donc ne sont pas des courbes continues. Cela a un impact sur le calcul de la convolution et celui des dérivées. Deuxièmement, les *tractes* ne sont pas des contours, donc pas cycliques, ce qui implique qu'une gestion des bords est nécessaire. Finalement, l'image TSS, à elle seule, ne possède pas assez d'informations pour permettre de reconstruire parfaitement la courbe originale. Bien que Mokhtarian affirme qu'empiriquement l'information y est suffisante pour effectuer des comparaisons, l'utilisation du CSS semble *a posteriori* nécessaire afin de comparer adéquatement deux courbes. Par conséquent, une nouvelle méthode permettant de mesurer la distance géométrique entre deux courbes a été proposée. Cette méthode originale reprend les concepts de multirésolution, de courbure et de torsion, pour les appliquer aux courbes discrètes et bornées.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

Méthode basée sur CSS et TSS

La première méthode pour mesurer la distance géométrique entre deux courbes consiste en une combinaison du CSS et TSS. Tout d'abord, puisque les *tractes* sont constituées d'une suite discrète de points 3D, l'utilisation d'une paramétrisation discrète de la courbe est tout indiquée. L'approche utilisée est la paramétrisation temporelle, c'est-à-dire en fonction de l'ordre des points

$$\Gamma[n] = (x[n], y[n], z[n]), \quad (3.10)$$

où $n \in \mathbb{N}$ représente l'indice du nième point dans la suite de points. Cette approche est simple et rapide à mettre en place. Pour les mêmes raisons énoncées précédemment, une version discrète de la convolution est nécessaire pour traiter les *tractes*.

$$(f * h)[n] = \sum_{m=-\infty}^{\infty} f[n-m]h[m],$$

où, $f[n]$ est un signal discret et $h[n]$ est un second signal discret, habituellement un filtre.

De plus, puisque les *tractes* ne sont pas cycliques, la convolution est instable surtout en ses extrémités où le bruit s'accumule de convolution en convolution. C'est pourquoi une solution doit être adoptée pour gérer les bords. Celle qui a été choisie est la réplication des points aux extrémités. Cette technique consiste à étendre la courbe avec les points de ses extrémités lorsque le filtre approche des bords de la courbe. Ci-dessous, la fonction f_R représente une réplication des bords pour la fonction f :

$$(f_R * h)[n] = \sum_{m=-\infty}^{\infty} f_R[n-m]h[m] \quad (3.11)$$

$$f_R[n] = \begin{cases} f[n_A] & \text{si } n < n_A \\ f[n_B] & \text{si } n > n_B, \\ f[n] & \text{sinon} \end{cases}$$

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

où f est définie sur $[n_A, n_B]$ et $n_A, n_B \in \mathbb{N}$.

Cette solution permet de conserver un nombre de points constant après la convolution plutôt que de retirer les points aux extrémités qui ont été bruités. De plus, elle ne modifie pas la longueur de la courbe, puisqu'ajouter le même point que le précédent, dans ce cas-ci l'extrémité, produit une distance nulle entre ces points. Aussi, comparée à la technique du *zero padding*, elle ne crée pas de discontinuité majeure aux extrémités de la courbe suite à une convolution.

À titre de rappel, lors du calcul du CSS et du TSS, une convolution est appliquée récursivement afin de lisser la courbe à l'aide d'une gaussienne. Or, deux changements doivent être apportés afin d'obtenir des résultats stables lorsqu'il est question de courbes discrètes.

La première est la discrétisation de la gaussienne utilisée pour effectuer les convolutions. Elle sera utilisée pour calculer les dérivées nécessaires aux équations de courbure et de torsion. Pour ce faire, une première solution est l'échantillonnage du noyau gaussien, c'est-à-dire de prendre les valeurs associées à des temps entiers n . L'équation devient donc $g[n, t] = g(n, \sqrt{t})$, où $n \in \mathbb{Z}$ et $t \in \mathbb{R}^+$. Ici, t a la même fonctionnalité que la variance σ^2 dans l'équation (1.1), c'est-à-dire représenter l'échelle de la gaussienne. Bien que simple, cette fonction n'est pas adéquate puisqu'elle ne possède pas les propriétés analogues à celles de la fonction continue. En particulier, il risque d'y avoir des effets indésirables lorsqu'elle sera utilisée pour calculer les dérivées d'ordre supérieur. Or, ces dérivées sont essentielles au calcul de la courbure et de la torsion. Une alternative est la version discrète du noyau gaussien :

$$g[n, t] = T[n, t] = e^{-t} I_n(t), \quad (3.12)$$

où $I_n(t)$ dénote la fonction de Bessel modifiée [Abramowitz and Stegun, 1964] avec $n \in \mathbb{Z}$ et $t \in \mathbb{R}^+$. Au même titre que la fonction gaussienne continue est la solution à l'équation continue de diffusion (aussi nommée équation de la chaleur), le noyau gaussien discret est la solution à l'équation discrète de diffusion (espace discontinu, mais temps continu). Les dérivées, ou gradients numériques, de cette fonction peuvent être obtenues en appliquant des techniques de différence finie. La technique utilisée

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

ici (3.13) est celle de la différence centrale pour les points situés au centre de la courbe et de la différence avant/arrière (*forward*, *backward*) aux extrémités [Ames, 1977]. Grâce à cela, le gradient possède le même nombre de points que la courbe originale.

$$\nabla f[n] = \begin{cases} f[n+1] - f[n] & \text{si } n = 1, \\ f[n] - f[n-1] & \text{si } n = M, \\ \frac{f[n-1] + f[n+1]}{2} & \text{sinon.} \end{cases} \quad (3.13)$$

Les équations pour la courbure (3.6) et la torsion (3.7) sont alors redéfinies pour inclure l'utilisation du noyau gaussien discret ainsi que du gradient numérique :

$$\kappa[n, \sigma] = \frac{\sqrt{(\dot{y}\ddot{z} - \dot{z}\ddot{y})^2 + (\dot{z}\ddot{x} - \dot{x}\ddot{z})^2 + (\dot{x}\ddot{y} - \dot{y}\ddot{x})^2}}{(\dot{x}^2 + \dot{y}^2 + \dot{z}^2)^{3/2}} \quad (3.14)$$

$$\tau[n, \sigma] = \frac{\dot{x}(\dot{y}\ddot{z} - \dot{z}\ddot{y}) - \dot{y}(\dot{z}\ddot{x} - \dot{x}\ddot{z}) + \dot{z}(\dot{x}\ddot{y} - \dot{y}\ddot{x})}{(\dot{y}\ddot{z} - \dot{z}\ddot{y})^2 + (\dot{z}\ddot{x} - \dot{x}\ddot{z})^2 + (\dot{x}\ddot{y} - \dot{y}\ddot{x})^2} \quad (3.15)$$

avec

$$\begin{aligned} \mathcal{X}[n, t] &= x[n] * g[n, t] & \mathcal{Y}[n, t] &= y[n] * g[n, t] \\ \mathcal{Z}[n, t] &= z[n] * g[n, t] \end{aligned}$$

où * dénote la convolution discrète avec réplication des extrémités (3.11) et $\dot{f}, \ddot{f}, \check{f}$ représentent les dérivées obtenues par la technique du gradient numérique (3.13).

Le second changement apporté est l'utilisation d'un filtre numérique, c'est-à-dire fini et discret, de la famille des filtres à réponse impulsionnelle infinie (RII) pour calculer l'évolution d'une courbe. Le filtre en question est un filtre gaussien et a été défini par Young [Young and van Vliet, 1995]. Il est également un filtre linéaire de la famille dit à « zéro-distorsion de phase » qui permet de conserver les caractéristiques d'un signal au même endroit suite à l'application d'un filtre. Cette stabilité permet d'améliorer la comparaison des images CSS et TSS. L'application du filtre de Young, n'étant pas

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

symétrique, requiert une technique de filtrage avant-arrière [Oppenheim and Schaffer, 1989]. Cette technique consiste à effectuer un filtrage normal, c'est-à-dire une convolution, suivi d'un second filtrage mais sur les données inversées (le premier point devient le dernier point et vice-versa). Le filtre en question est défini par l'entremise de deux polynômes caractérisés par les vecteurs de coefficients A et B . Le filtrage d'un signal quelconque, x , est donc obtenu par une suite définie par récurrence appelée « équation aux différences ».

$$y_x[n] = -\sum_{k=1}^N A_k y[n-k] + \sum_{k=1}^M B_k x[n-k] \quad (3.16)$$

avec

$$A = \left[1, \frac{-b_1}{b_0}, \frac{-b_2}{b_0}, \frac{-b_3}{b_0} \right] \quad B = \left[1 - \frac{b_1 + b_2 + b_3}{b_0} \right]$$

où b_0 , b_1 , b_2 et b_3 sont des constantes spécifiques au filtre gaussien définies par Young [Young and van Vliet, 1995], x est le signal à filtrer et y représente le signal filtré. Certaines méthodes de filtrage, qui tentent d'éviter les distorsions de phase, ont recouru à des techniques de minimisation afin de réduire la distance entre les extrémités du signal original et celles du signal filtré [Gustafsson, 1996]. Une analyse a été faite sur l'amplitude maximale des signaux de courbure et de torsion en fonction de la résolution pour la *tracte* illustrée à la figure 1.2. L'objectif était de comparer la différence de stabilité numérique entre l'utilisation d'un noyau gaussien discret (3.11) et l'utilisation d'un filtre RII gaussien (3.16). Dans les deux cas, les dérivées du noyau gaussien discret ont été utilisées afin de calculer la courbure et la torsion. Aussi, tous les calculs ont été effectués avec une échelle de $t = 1.5$ et un filtre de taille $w = 11$. Les figures 3.6 et 3.7 illustrent la stabilité numérique du filtre RII pour les signaux de courbure et de torsion.

La méthode proposée utilise une version discrète du *Resampled TSS* ainsi qu'une adaptation de ce ré-échantillonnage pour le CSS (*Resampled CSS*). Le fait d'avoir un filtre gaussien de taille fixe permet de simuler une incrémentation de la variance t tout en minimisant l'impact du bruit provoqué par la réplication des extrémités au moment

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

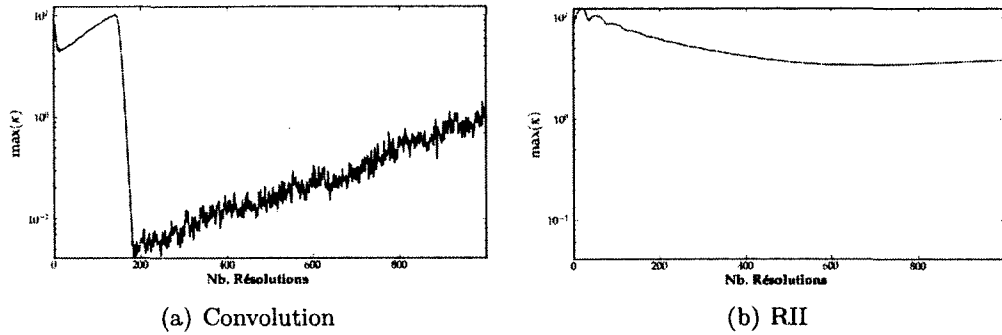


figure 3.6 – Impact sur le signal de **courbure** lorsque généré à l'aide de : a) convolution avec un noyau gaussien discret (3.11) ; b) filtrage RII gaussien (3.16). La courbe représente l'amplitude maximale du signal de courbure en fonction de la résolution pour une *tracte* donnée (voir figure 1.2).

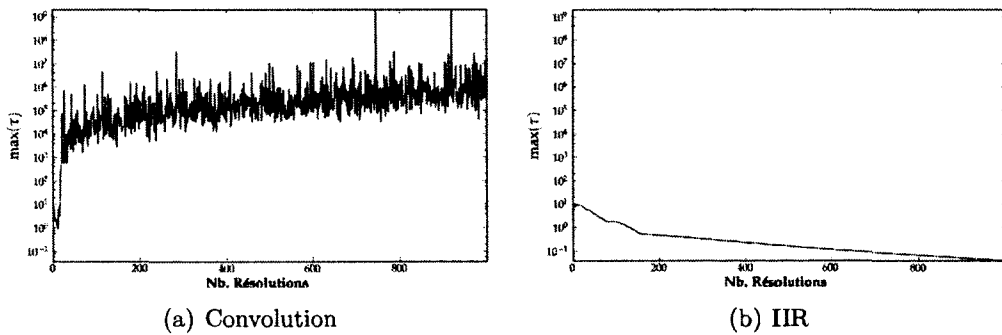


figure 3.7 – Impact sur le signal de **torsion** lorsque généré à l'aide de : a) convolution avec un noyau gaussien discret (3.11) ; b) filtrage RII gaussien (3.16). La courbe représente l'amplitude maximale du signal de torsion en fonction de la résolution pour une *tracte* donnée (voir figure 1.2).

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

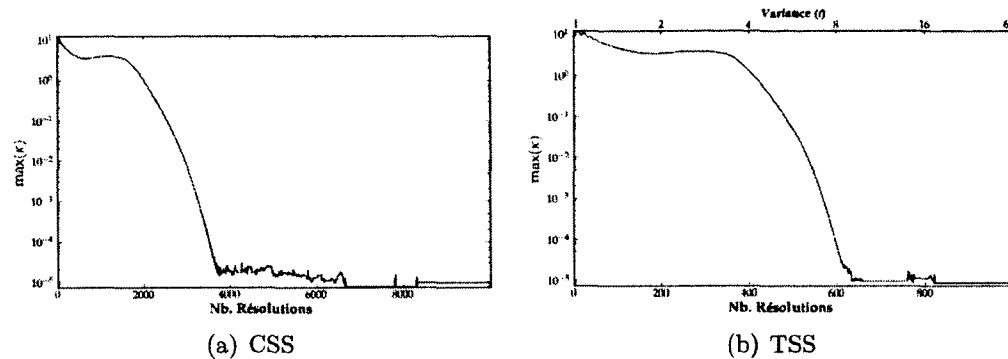


figure 3.8 – Impact sur le signal de **courbure** lorsque : a) la variance est fixée à $t = 1.5$; b) la variance t augmente exponentiellement. La courbe représente l'amplitude maximale du signal de courbure en fonction de la résolution pour une *tracte* donnée (voir figure 1.2).

de la convolution. La largeur de la gaussienne étant fixée à une petite valeur évite une utilisation abusive de la gestion des bords, c'est-à-dire que la portion du filtre débordant aux extrémités est minimale. Évidemment, les effets de bord ne peuvent pas être évités complètement, il faut les gérer d'une façon ou d'une autre. L'important est de réduire l'insertion de bruit dans les calculs. Par contre, un désavantage du *Resampled TSS* (et du *Resampled CSS*) est que le nombre de résolutions nécessaires avant de converger est élevé. Or, un gain en rapidité et en espace mémoire peut être obtenu en sacrifiant quelque peu la précision numérique. En effet, l'utilisation d'un filtre IIR assure déjà une stabilité face au bruit et donc une incrémentation légère de la variance d'une itération à l'autre est envisageable. Les figures 3.8 et 3.9 montrent que l'utilisation d'une variance t augmentant de façon exponentielle entre 1 et 100 réduit d'un facteur 10 le nombre d'itérations M nécessaire, tout en gardant une signature similaire.

Pour comparer deux courbes, Mokhtarian utilise les passages à zéro des signaux de torsion (l'image TSS sparse). Par contre, puisque la convolution est moins stable lorsqu'il est question de *tracte*, la position des zéros varie énormément d'une courbe à l'autre. Il a été envisagé d'utiliser plutôt la position des maxima (maximums et minimums) des signaux. En plus d'être des points significatifs, les maxima sont des caractéristiques

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

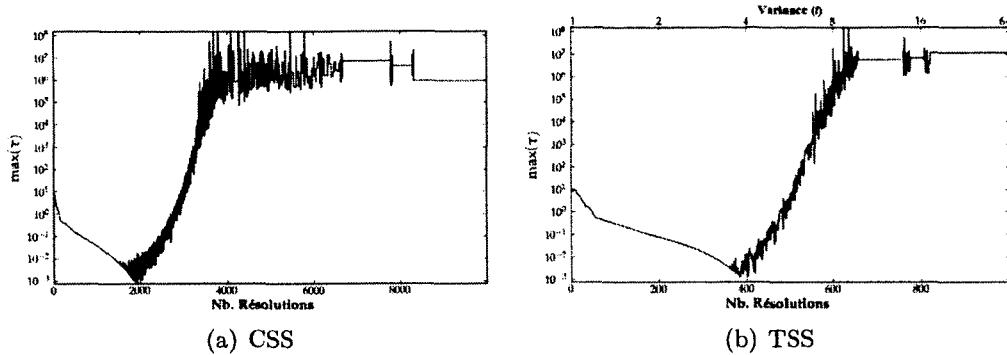


figure 3.9 – Impact sur le signal de **torsion** lorsque : a) la variance est fixée à $t = 1.5$; b) la variance t augmente exponentiellement. La courbe représente l’amplitude maximale du signal de torsion en fonction de la résolution pour une *tracte* donnée (voir figure 1.2).

robustes pour les courbes lissées puisque le bruit a été éliminé. Un autre avantage est que la détection des maxima peut être appliquée aux signaux de courbure du CSS. Puisque les signaux sont discrets, la détection des pics dans les signaux s’effectue à l’aide d’une simple comparaison entre les points voisins (3.17).

$$P = \{n\} \quad \text{t.q.} \quad |f[n]| > |f[n-1]|, \quad |f[n]| > |f[n+1]| \quad (3.17)$$

Bref, au lieu d’utiliser seulement l’image binaire TSS comme Mokhtarian, une solution (algorithme 4) est de combiner les deux images (CSS et TSS) rendues creuses à l’aide des maxima au lieu des passages à zéro.

Comparer deux courbes, selon la technique proposée par Mokhtarian, reste tout de même laborieuse. Il faut d’abord créer les tracés des maxima, ensuite trouver les sommets, faire des recalages pour finalement mesurer la distance entre les sommets.

Pour cette raison, la méthode proposée compare plutôt des vecteurs W^Γ . Ces vecteurs sont composés des positions des maxima de toutes les résolutions mises bout à bout. Ici la position de chaque maxima est normalisée par la longueur de la courbe Γ . La figure 3.10 illustre bien le concept. Autrement dit, pour une image creuse (CSS ou TSS), une séquence W est créée en concaténant les signaux des différentes résolutions.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

Algorithm 4 Calcul des *Resampled* CSS et TSS discrets

```

1: procedure CALCCSS-TSS-DISCRET( $\Gamma, \sigma$ )
2:    $css, tss \leftarrow \mathbf{empty}$ 
3:    $t \leftarrow 0$ 
4:   repeat
5:      $css[t, n] \leftarrow \kappa[n, \sigma]$  ▷ Selon (3.11), (3.13) et (3.14)
6:      $tss[t, n] \leftarrow \tau[n, \sigma]$  ▷ Selon (3.11), (3.13) et (3.15)
7:      $maxima \leftarrow \text{trouverMaxima}(css[t, :])$  ▷ Selon (3.17)
8:      $\Gamma[n] \leftarrow y_\Gamma[n]$  ▷ Selon (3.16)
9:      $t \leftarrow t + 1$ 
10:  until  $|maxima| < \epsilon$  ▷  $|maxima|$  : nb. de maxima
11:  return  $css, tss$ 
12: end procedure

```

Ceci permet de simplifier la comparaison, puisqu'au lieu d'avoir une image à comparer, ce sera simplement un signal creux en une dimension.

La dernière étape consiste à obtenir la mesure de distance à proprement dit. Pour ce faire, un algorithme d'alignement de séquences est utilisé afin de déterminer s'il existe une corrélation entre les signaux. L'algorithme en question est inspiré de [Böhm et al., 2011] et vise à trouver le meilleur alignement entre deux séquences données. Pour y parvenir, la présente technique utilise un alignement global semblable à celui présenté à la section 1.2.2. Le fonctionnement interne de l'algorithme va comme suit. Tout d'abord, une matrice $D_{(L_1+1) \times (L_2+1)}$ est initialisée à 0 et contiendra les distances d'édition entre les différentes sous-séquences possibles de W^{Γ_1} et de W^{Γ_2} respectivement de longueur L_1 et L_2 . L'algorithme, présenté sous forme d'équation mathématique (3.18), balaie le tableau à partir de la case (1, 1) jusqu'à la case $(L_1 + 1, L_2 + 1)$ tout en mettant à jour les distances d'édition.

$$D_{ij} = \max(D_{i-1, j-1} + d(W^{\Gamma_1}[i], W^{\Gamma_2}[j]), D_{i, j-1}, D_{i-1, j}) \quad (3.18)$$

avec $d(W^{\Gamma_1}[i], W^{\Gamma_2}[j]) = 1 - |W^{\Gamma_1}[i] - W^{\Gamma_2}[j]|$ la distance de substitution. Finalement, la distance normalisée entre deux séquences W^{Γ_1} et W^{Γ_2} est calculée de la façon suivante :

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

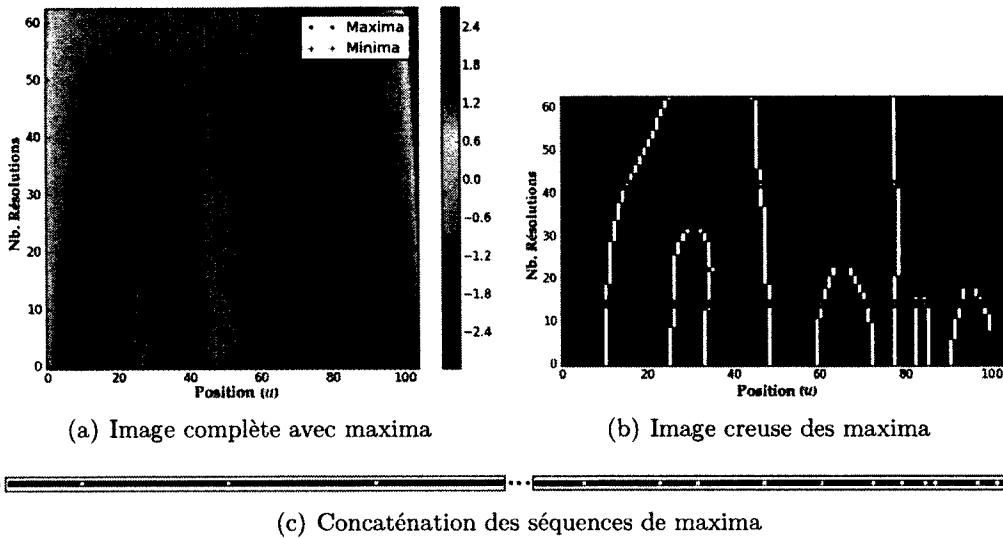


figure 3.10 – Les signaux creux (les maxima) des résolutions sont concaténés afin de former le signal qui sera utilisé lors de la comparaison.

$$dist_G(W^{\Gamma_1}, W^{\Gamma_2}) = 1 - \frac{D_u}{\max(L_1, L_2)}$$

où l est le $\min(L_1, L_2)$. Plus W^{Γ_1} et W^{Γ_2} seront semblables, plus cette mesure tendra vers zéro. D'un autre côté, plus les séquences seront différentes, plus $dist_G$ se rapprochera de 1. Par contre, puisque séparément ni la courbure et ni la torsion sont en mesure de fournir toute l'information concernant la courbe, l'unification des deux distances est nécessaire.

$$dist_G(\Gamma_1, \Gamma_2) = \sqrt{dist_G(W_{cs3}^{\Gamma_1}, W_{cs3}^{\Gamma_2})^2 + dist_G(W_{tss}^{\Gamma_1}, W_{tss}^{\Gamma_2})^2}$$

où Γ_1 et Γ_2 sont deux courbes. L'inconvénient de cette distance est qu'elle n'est pas invariante à l'ordre des points dans les *tractes*. En effet, si l'ordre des points est inversé, les valeurs de courbure et de torsion seront elles aussi inversées et donc, l'alignement produira un mauvais résultat. Pour cette raison, la mesure de distance utilisée pour définir le terme géométrique d'une *tracte* est :

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

$$d_G(\Gamma_1, \Gamma_2) = \min(\text{dist}_G(\Gamma_1, \Gamma_2), \text{dist}_G(\Gamma_1, \Gamma_2[N_2 - n])) \quad (3.19)$$

où N_2 est le nombre de points de la courbe Γ_2 .

Pour bien comprendre l'impact de ce terme géométrique, quelques résultats de segmentation hiérarchique utilisant la fusion maximale sont présentés. Les figures 3.11 et 3.12 montrent l'apport de la distance géométrique à la distance unifiée (3.1). Clairement, sur les données synthétiques, la forme des courbes est bien capturée et une segmentation parfaite est obtenue d'un point de vue géométrique. Par contre, en ce qui concerne les données réelles segmentées, ce n'est visiblement pas suffisant pour bien découper les faisceaux de *tractes*.

Bref, en plus d'être résistante au bruit, cette méthode permet de capturer la forme générale d'une courbe dans le but de mesurer si deux *tractes* se ressemblent géométriquement ou non.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE



figure 3.11 – Regroupement hiérarchique basé uniquement sur la distance géométrique et appliquée aux données synthétiques du FiberCup.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE



figure 3.12 – Regroupement hiérarchique basé uniquement sur la distance géométrique et appliquée aux données réelles segmentées.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

3.3.2 Distance d'orientation : d_O

La mesure d'orientation $d_O(\Gamma_1, \Gamma_2)$ permet de quantifier une approximation de la différence angulaire nécessaire afin de recaler une courbe sur une autre de telle sorte que la distance point à point soit minimisée. Pour ce faire, le référentiel géométrique de chaque courbe est calculé en effectuant une analyse en composantes principales sur les points de la courbe. Ce référentiel peut être perçu comme étant un repère formé par trois vecteurs et constituant une base propre à chaque courbe. Ainsi, l'idée est de trouver la matrice de transformation \mathbf{V} permettant de passer d'un référentiel à un autre.

L'analyse en composantes principales est une approche géométrique puisqu'elle permet de représenter des variables, dans ce cas-ci les points d'une courbe 3D, dans un nouvel espace géométrique. Également, cette approche se veut à la fois statistique puisqu'elle recherche les axes orthogonaux expliquant le mieux la variabilité des données. Autrement dit, cette technique permet d'obtenir un nouveau référentiel géométrique dont les axes les plus importants reflètent les directions générales de la dispersion des données.

Il existe deux techniques pour effectuer une analyse en composantes principales. La première est basée sur les valeurs et les vecteurs propres de la matrice de covariance générée à partir des données d'entrée. La seconde est fondée sur les valeurs et vecteurs singuliers, à l'aide d'une *Singular Value Decomposition* (SVD) [Shlens, 2009], des données d'entrée. Dans les deux cas, les données doivent avoir une moyenne nulle, c'est-à-dire qu'elles doivent être préalablement centrées à l'origine en soustrayant la moyenne aux données. Dans le cadre de la présente méthode, la version utilisant la SVD a été choisie puisqu'elle possède une meilleure précision numérique. En effet, le calcul de la matrice de covariance peut entraîner des instabilités numériques [Higham, 2002].

La décomposition SVD est représentée par l'équation $\mathbf{X} = \mathbf{U}\mathbf{\Sigma}\mathbf{V}^T$, où \mathbf{X} représente les points de la courbe Γ , $\mathbf{\Sigma}$ est une matrice dont la diagonale contient l'écart type $\sqrt{\lambda_i}$ de chaque dimension, \mathbf{U} est une matrice de transformation équivalente à \mathbf{V}^T . Cette dernière matrice de transformation, \mathbf{V}^T , est préférable à la première puisqu'elle

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

correspond à une matrice carrée de taille égale au nombre de dimensions des données. Dans la présente problématique, les données sont des points 3D et donc \mathbf{V}^T est une matrice 3×3 .

Une fois l'analyse en composantes principales effectuée sur les points de la courbe, on obtient la matrice $\mathbf{V}_{3 \times 3}$ où les lignes correspondent aux axes définissant le référentiel de la courbe. Ces axes sont des vecteurs orthonormés puisqu'ils définissent une base. De plus, les lignes sont inversement triées en fonction des λ_i , soit du plus grand au plus petit.

Afin de simplifier les calculs, seulement l'axe le plus discriminant de chaque courbe est conservée. La distance d'orientation entre deux courbes sera donc définie seulement par une comparaison entre deux vecteurs (l'axe principal de chaque courbe). Pour y parvenir, la mesure du cosinus [Tan et al., 2005], permettant de calculer la similarité entre deux vecteurs est utilisée :

$$\cos(\theta) = \frac{\mathbf{v}_1^{(1)} \cdot \mathbf{v}_1^{(2)}}{\|\mathbf{v}_1^{(1)}\| \|\mathbf{v}_1^{(2)}\|}, \quad (3.20)$$

où $\mathbf{v}_1^{(1)}$ et $\mathbf{v}_1^{(2)}$ sont les vecteurs correspondant respectivement au premier axe principal de Γ_1 et à celui de Γ_2 . Cette mesure reflète la différence angulaire entre deux vecteurs et est donc tout à fait appropriée pour quantifier la différence d'orientation entre les axes principaux de deux courbes. L'équation (3.20) est modifiée afin d'obtenir l'équation (3.21) qui est adaptée à la problématique. Il faut d'abord noter que le cosinus de l'angle θ est compris dans l'intervalle $[-1, 1]$, où -1 indique des vecteurs opposés, 0 des vecteurs orthogonaux et 1 des vecteurs identiques à un scalaire près. Or, suite à l'application de l'ACP les axes principaux sont des vecteurs unitaires. Ceci implique que dans l'équation (3.20) la norme des vecteurs n'a plus raison d'être. De plus, le sens des vecteurs obtenus par l'ACP est ambigu [Bro, 2008], c'est-à-dire le « signe » d'un axe principal résulte d'une indétermination lors du SVD, puisque $\sigma_k \mathbf{u}_k \mathbf{v}_k^T = (-\mathbf{u}_k)(-\mathbf{v}_k)^T$. Mais, heureusement, puisque dans le présent cas seule la direction de l'axe est utile, la valeur absolue peut être appliquée au cosinus de l'angle limitant ainsi le domaine à l'intervalle $[0, 1]$. Ceci correspond à une mesure de similarité bornée et qui peut être facilement transformée en une mesure de distance telle

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

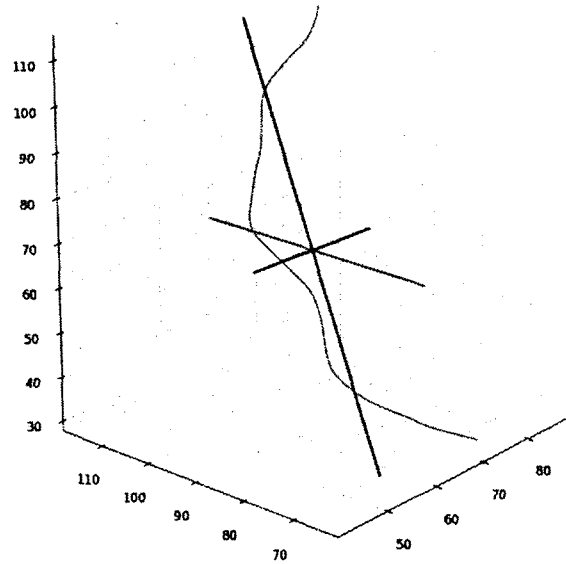


figure 3.13 – Axes principaux des points d’une *tracte*. En rouge est représenté l’axe le plus important, en vert le deuxième et en bleu le troisième.

que démontrée par l’équation :

$$d_O(\Gamma_1, \Gamma_2) = 1 - |\mathbf{v}_1^{(1)} \cdot \mathbf{v}_1^{(2)}|, \quad (3.21)$$

où $\mathbf{v}_1^{(1)}$ et $\mathbf{v}_1^{(2)}$ sont les vecteurs correspondant respectivement au premier axe principal de Γ_1 et à celui de Γ_2 .

La figure 3.13 illustre bien les trois axes principaux obtenus par l’analyse en composantes principales d’une *tracte*. Par ailleurs, l’impact de cette mesure peut être observé dans la figure 3.14 pour les données synthétiques et la figure 3.15 pour les données réelles segmentées. On remarque que le regroupement des *tractes* rectilignes est intuitif, alors que les *tractes* en forme de U se comportent parfois étrangement. Par exemple, les deux U en bas à gauche de la figure 3.14 n’ont pas la même orientation au sens de la variation des données. Ceci est causé par la sensibilité au bruit de l’ACP et parce que pour certaines *tractes* en U, les points sont répartis le long

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE



figure 3.14 – Regroupement hiérarchique basé uniquement sur la distance d'orientation appliquée aux données synthétiques du FiberCup.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE



figure 3.15 – Regroupement hiérarchique basé uniquement sur la distance d'orientation appliquée aux données réelles segmentées.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

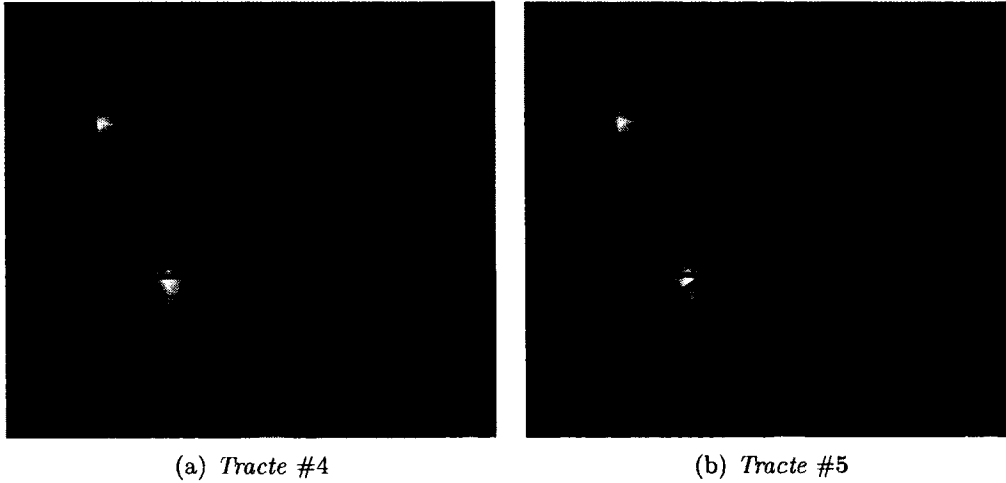


figure 3.16 – Zoom sur les *tracts* en **U** se comportant anormalement à la figure 3.14. Les couleurs foncées indiquent le premier axe principal et la longueur des axes représente leur importance (qui est égale dans ce cas-ci).

de deux directions. Il devient alors difficile de déterminer seulement un axe principal. Un exemple de cet inconvénient est illustré à la figure 3.16. De plus, l'ambiguïté du sens des axes y est aussi visible.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

3.3.3 Distance de translation : d_T

La mesure de translation $d_T(\Gamma_1, \Gamma_2)$ permet de quantifier la distance entre deux courbes dans un espace euclidien. Or, il y a plusieurs façons d'y parvenir tout dépendamment de ce qui est recherché : distances entre les centres de masse, distance entre les extrémités, etc.

Il faut mentionner que cette mesure doit seulement calculer le déplacement entre deux courbes. Cette propriété est désirée dans le but de minimiser l'enchevêtrement des termes de l'équation de la distance unifiée (3.1). Autrement dit, il faut que la valeur de cette mesure ne reflète ni la forme, ni l'orientation, ni la longueur et ni l'échelle des courbes. Les distances comme celle d'Hausdorff et MDF (section 2.2.1) ne peuvent être utilisées, puisqu'elles tiennent compte implicitement de la différence de forme, d'orientation et d'échelle entre les courbes.

La méthode proposée utilise la distance euclidienne entre le centre de masse de chaque courbe. Le centre de masse, aussi nommé barycentre, correspond simplement à la moyenne des points le long de chaque dimension. Ensuite, il s'agit de calculer la distance euclidienne entre le centre de masse de chacune des deux courbes.

$$d_T(\Gamma_1, \Gamma_2) = \left\| \frac{1}{N_1} \sum_{k=0}^{N_1} \Gamma_1[k] - \frac{1}{N_2} \sum_{k=0}^{N_2} \Gamma_2[k] \right\|_2, \quad (3.22)$$

où N_1 et N_2 sont respectivement le nombre de points contenus dans les courbes Γ_1 et Γ_2 .

Les figures 3.17 et 3.18 reflètent bien l'impact que possède cette mesure sur le regroupement des *tractes* synthétiques et réelles segmentées. En particulier, la figure 3.18 montre bien la séparation entre les deux hémisphères, ainsi que le découpage des *tractes* du corps calleux.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

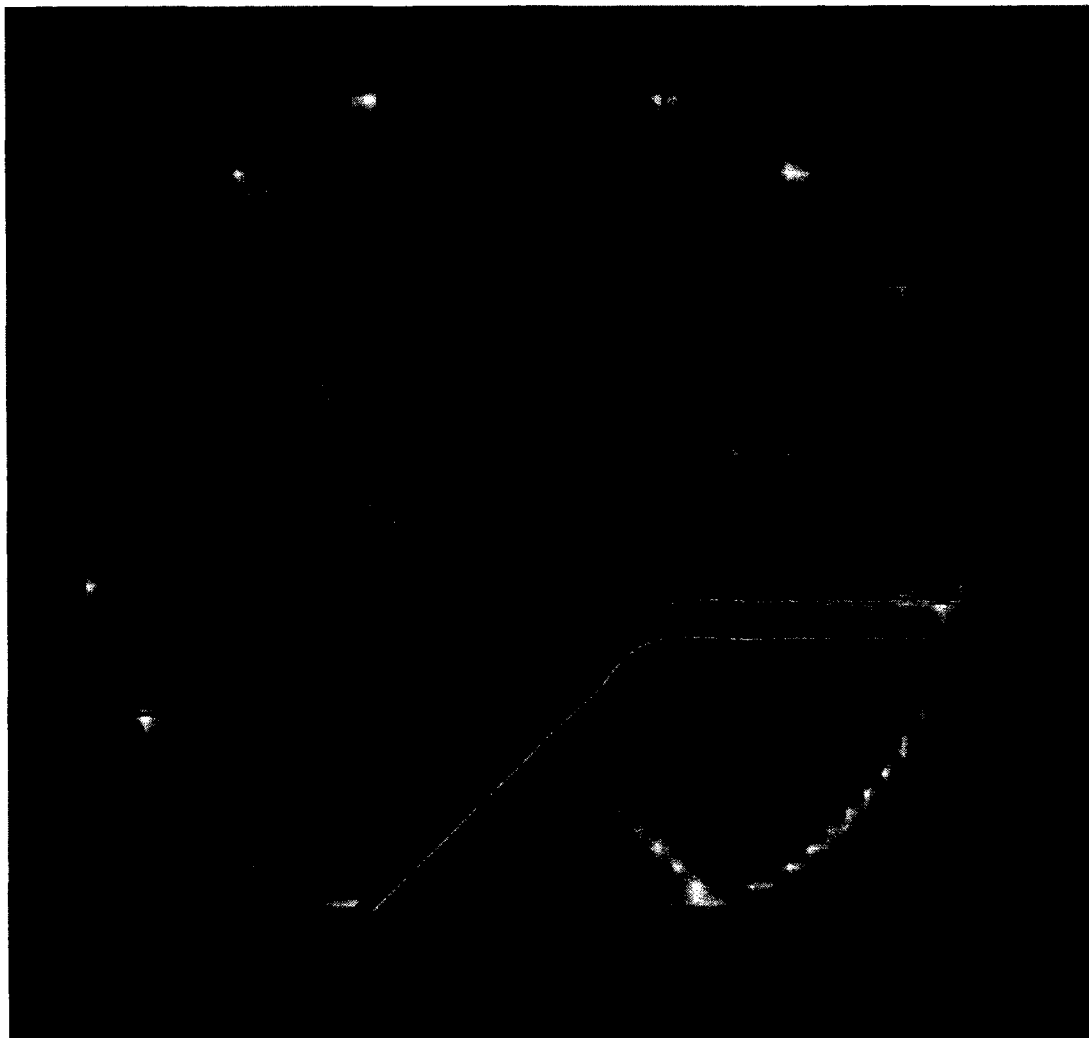


figure 3.17 – Regroupement hiérarchique basé uniquement sur la distance de translation et appliquée aux données synthétiques du FiberCup.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

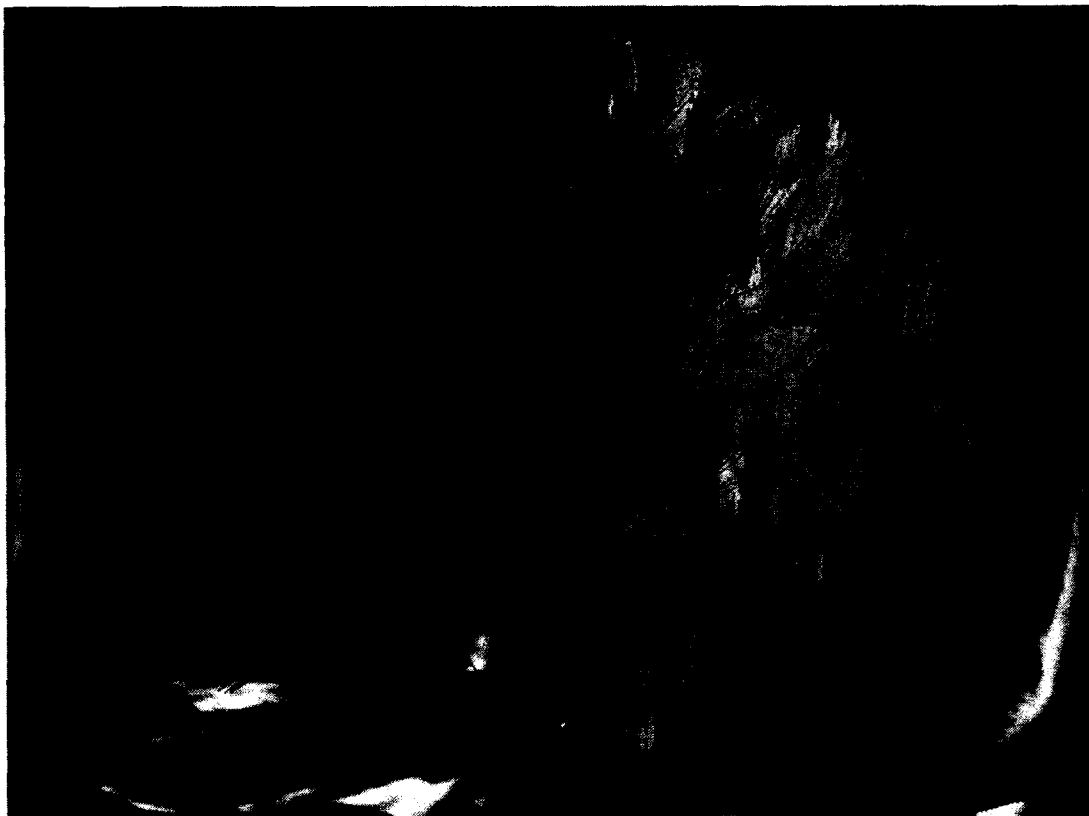


figure 3.18 – Regroupement hiérarchique basé uniquement sur la distance de translation et appliquée aux données réelles segmentées.

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE

3.3.4 Distance de longueur : d_L

La mesure de longueur $d_L(\Gamma_1, \Gamma_2)$ permet de représenter la différence entre la longueur de deux courbes. Cette mesure peut être utilisée comme prétraitement afin de réduire le temps de calcul. En effet, en séparant tout d’abord les courbes en fonction de leur longueur [Guevara et al., 2011], la segmentation automatique pourra être effectuée sur chaque sous-ensemble de courbes de façon indépendante. Cela limitera les comparaisons effectuées lors du calcul des diverses mesures de distance, aux courbes ayant sensiblement la même longueur.

En géométrie, la longueur d’une courbe paramétrique $\Gamma(u)$ est définie comme étant :

$$L = \int_a^b \|\Gamma'(u)\|_2,$$

où a, b représentent respectivement le début et la fin de la courbe. Dans le monde discret, cette longueur est représentée par la somme des longueurs d’arcs, c’est-à-dire la somme des distances euclidiennes entre chaque point de la courbe. Par contre, une simplification est possible lorsqu’il est question de *tractes* puisque les points le long de la courbe sont équidistants. En effet, la plupart des algorithmes de *tractographie* utilisent un pas constant pour générer les *tractogrammes*. Or, c’est le cas des données utilisées dans le cadre de cette recherche et donc la méthode triviale suivante peut être utilisée :

$$d_L(\Gamma_1, \Gamma_2) = |N_1 - N_2|, \quad (3.23)$$

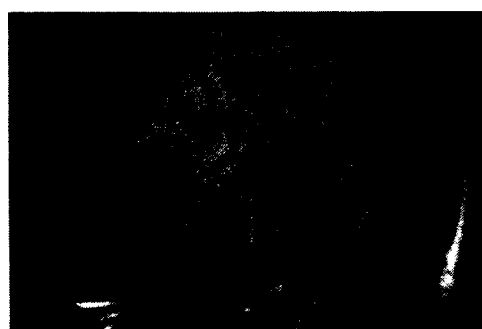
où N_1, N_2 sont respectivement le nombre de points de Γ_1 et Γ_2 . Autrement dit, la distance de longueur entre deux courbes est représentée par la différence absolue entre le nombre de points que possède chacune des deux courbes.

Concernant les données synthétiques du FiberCup, les *tractogrammes* ont été générés de telle sorte que les *tractes* possèdent toutes le même nombre de points. Bien évidemment, appliquer une segmentation automatique sur ces données en se basant uniquement sur la distance de la longueur n’aurait aucun sens et c’est pourquoi ces résultats ont été volontairement omis. Pour les données réelles segmentées, la figure 3.19

3.3. TERMES DE LA DISTANCE UNIFIÉE



figure 3.19 – Regroupement hiérarchique basé uniquement sur la distance de longueur et appliquée aux données réelles segmentées.



(a) 3 faisceaux obtenus avec la distance de longueur



(b) Quelques erreurs de *tractographie*.

figure 3.20 – Détection d'erreurs de *tractographie* à l'aide de la distance de longueur.

3.4. AVANTAGES ET INCONVÉNIENTS

illustre bien la séparation entre les courbes de différentes longueurs. De plus, la longueur est souvent un bon critère pour détecter les erreurs de *tractographie* puisque des *tractes* très courtes sont souvent causées par les critères d'arrêt des algorithmes de *tractographie*. La figure 3.20 est un exemple d'utilisation dans ce sens.

3.4 Avantages et inconvénients

Comme toutes mesures, celle proposée dans ce mémoire possède des forces et des faiblesses. Les avantages majeurs résident dans sa généralité et sa flexibilité. En effet, cette mesure s'applique sur n'importe quelles données pouvant être représentées sous forme de courbes. Néanmoins, le fait de pouvoir ajouter de nouveaux termes permet l'intégration d'informations spécifiques au domaine des données. De plus, l'intuition derrière le terme géométrique semble bien coller à la perception visuelle humaine. D'un autre côté, dépendamment du nombre de termes, cette mesure unifiée nécessite beaucoup plus de temps de calcul que certaines présentées à la section 2.2.

Concernant le terme géométrique, malgré les efforts pour bien gérer les effets de bord, l'utilisation de la convolution engendre des instabilités numériques aux extrémités des *tractes*. Ce même bruit est amplifié lors du calcul des dérivées et nuit aux résultats de l'alignement. Une alternative serait d'utiliser une décomposition en ondelettes qui permettrait d'éviter l'ajout de bruit en éliminant la convolution. Une approche similaire à [Côté et al., 2010] pourrait être utilisée pour calculer la distance géométrique. Par ailleurs, d'autres améliorations seraient possibles en utilisant d'autres techniques pour calculer les dérivées de façon plus précise. Par exemple, en se basant sur les dérivées de l'équation discrète de diffusion de la chaleur ou bien à l'aide d'ondelettes.

Concernant la mesure d'orientation, un moyen de résoudre l'ambiguïté causée par les *tractes* en forme de U serait de vérifier si deux axes sont également importants et agir en conséquence. Par exemple, déterminer l'orientation en fonction de l'ouverture du U.

Chapitre 4

Segmentation de *tractes*, résultats et discussion

Ce chapitre est divisé en deux sections. La première décrit deux méthodes de segmentation automatique qui ont été appliquées au domaine des *tractes* de la matière blanche. La deuxième section présente des résultats obtenus à l'aide de la méthode proposée et se termine par une discussion.

4.1 Segmentation de *tractes*

Maintenant que la mesure de distance entre deux courbes est bien définie (3.1), il est possible de s'en servir avec pratiquement n'importe quels algorithmes de segmentation automatique. Ce chapitre en couvre deux, soit le regroupement hiérarchique [Tan et al., 2005] et une adaptation du QuickBundles [Garyfallidis, 2012].

4.1. SEGMENTATION DE *tractes*

4.1.1 Regroupement hiérarchique

Le regroupement hiérarchique a été choisi pour sa simplicité à mettre en place et a été très pratique pour générer des résultats préliminaires et des figures. Tel que défini au chapitre 1, cet algorithme nécessite une mesure de distance entre les éléments ainsi qu'une autre mesure définissant la fusion des groupes. La mesure de distance utilisée est celle définie à l'équation (3.1) et la mesure de fusion correspond à la distance maximale. Concernant le choix de cette dernière mesure, il est plus aisé de justifier pourquoi les autres méthodes existantes ne conviennent pas à la problématique.

La fusion minimale a été utilisée avec succès par Zhang [Zhang et al., 2008] pour segmenter des faisceaux étalés comme celui du corps calleux (voir figure 2.4). Dans leur article, Zhang utilise une variante des distances point à point qui accorde beaucoup d'importance à la position des *tractes* créant ainsi plusieurs petits faisceaux compacts. Or, l'utilisation de la distance de fusion minimale tend à former des faisceaux étalés lors de la segmentation et c'est pourquoi elle a été choisie par Zhang. Par contre, cette technique favorise la fusion de faisceaux qui ne devraient pas l'être. Grâce au découplage de la distance unifiée (3.1), il est possible d'éviter l'obtention de ces petits faisceaux en réduisant l'importance de la distance de translation tout en utilisant une distance de fusion maximale.

La mesure de Ward [Ward, 1963], fonctionne bien en théorie, mais est très coûteuse en temps de calcul puisqu'elle nécessite de trouver le centre de gravité à chaque fois qu'une branche est modifiée. Dans la présente problématique, un centre de gravité correspond au tractogramme moyen du groupe. Le coût en temps provient du fait que la distance entre chaque tractogramme et son centre de gravité doit être recalculée afin d'obtenir l'inertie intraclasse. Il en va de même pour la distance entre les différents centres de gravité qui sert à calculer l'inertie interclasses. Tous ces calculs supplémentaires peuvent être évités si un autre critère de fusion est choisi.

Quant à la fusion moyenne, tel qu'il a été discuté à la section 1.2.1, elle présente de nombreux biais et est beaucoup critiquée. Pour cette raison, elle n'a pas été retenue.

La dernière méthode de fusion, parmi les plus conventionnelles, est la fusion maxi-

4.1. SEGMENTATION DE *tractes*

male. Elle convient adéquatement à la problématique, puisqu'elle permet d'éviter le phénomène de chaînage en créant des groupes compacts. Il est également possible de précalculer la matrice de distances entre les éléments puisque, contrairement à la mesure de Ward, aucun élément n'est créé au fil des itérations.

Solution pratique

Tout d'abord, une matrice de distances est créée pour chaque terme de l'équation unifiée (3.1). C'est-à-dire que chaque paire de *tractes* est évaluée par chacune des métriques suivantes d_G, d_O, d_T, d_L , et la valeur obtenue est conservée dans la matrice correspondante D_G, D_O, D_T, D_L . Ces matrices sont triangulaires puisque chaque distance est symétrique. Il faut bien noter que le nombre de comparaisons est pratiquement $\mathcal{O}(N^2)$, mais que tout ce prétraitement peut être facilement parallélisé. En effet, chaque comparaison est indépendante des autres et correspond à une seule cellule dans la matrice de distances. La matrice de distances D , qui sera utilisée par l'algorithme de regroupement hiérarchique, découle de l'équation (3.1) :

$$D = w_1 D_G + w_2 D_O + w_3 D_T + w_4 D_L,$$

où $\sum_i w_i = 1$.

Une fois les comparaisons terminées, le regroupement hiérarchique est appliqué sur la matrice de distances D afin d'en obtenir un dendrogramme. L'avantage de cette méthode est qu'une personne peut ensuite, manuellement, découper le dendrogramme afin de former les différents faisceaux désirés. De plus, le regroupement hiérarchique est plus rapide, $\mathcal{O}(N^2)$ au lieu de $\mathcal{O}(N^3)$, lorsque la distance entre les éléments est donnée. Étant donné que les distances entre les *tractes* sont déjà précalculées, il devient envisageable d'inclure un outil de segmentation automatique dans un programme de visualisation. Même si les poids de la distance unifiée (3.1) varient, l'outil demeurerait néanmoins rapide puisqu'il ne s'agit que d'une simple addition de matrices.

4.1. SEGMENTATION DE *tractes*

4.1.2 QuickBundles modifié

Le regroupement hiérarchique fonctionne bien lorsqu'il n'y a pas trop de *tractes*, $N < 5\,000$, mais plus le nombre de *tractes* N augmente, plus la taille de la matrice de distances devient énorme $\frac{N(N-1)}{2}$. Il en va de même pour le nombre de comparaisons requises entre les *tractes*. Par exemple, pour un jeu de données de 100 000 *tractes*, il faudrait environ 700 heures, soit presque un mois de calculs sur un Intel i7, Quad Core, 2.80Ghz. De plus, le total des tailles des quatre matrices serait d'environ 186 Go. Bien que le calcul des matrices de distance se fait en prétraitement, il n'en demeure pas moins que ces matrices ne peuvent pas être complètement chargées en mémoire vive. Or, le regroupement hiérarchique avec fusion a constamment besoin de connaître la distance entre les *tractes* rendant ainsi l'option de lire sur le disque non envisageable. Cette situation est problématique lorsqu'il est question d'application temps réel.

Une alternative est d'employer un algorithme permettant de gérer des *tractogrammes* très denses en un temps relativement court, en moyenne $\mathcal{O}(MN)$ où M est le nombre de groupes, tout en utilisant la distance unifiée (3.1). L'algorithme de segmentation en question est une adaptation de celui proposé par Garyfallidis [Garyfallidis, 2012] : le QuickBundles. Tel que mentionnée à la section 2.2, la puissance de cette technique réside dans la création de *tracte*-modèle pour représenter un groupe. Pour y parvenir, Garyfallidis utilise la moyenne des *tractes* du groupe afin de représenter le dit groupe. Or, dans la présente problématique, le nombre de points par *tracte* n'est pas fixe. Par conséquent, effectuer correctement la moyenne devient embêtant. Une technique pour y parvenir est d'effectuer préalablement un sous-échantillonnage des points des *tractes* [Garyfallidis, 2012]. Par contre, ceci implique la création de points qui sont interpolés et qui n'ont pas été générés par l'algorithme de *tractographie*. L'inconvénient est que la distance entre les points interpolés d'une *tracte* peut grandement différer avec ceux d'une autre *tracte*, causant ainsi des distorsions lors du calcul de la distance géométrique. Un autre obstacle rencontré lors de l'utilisation d'une *tracte* moyenne est qu'il faut recalculer la distance entre cette nouvelle *tracte* et les autres. Ceci rend inutile le prétraitement de la matrice de distances et demande beaucoup de calculs pour une application interactive.

4.1. SEGMENTATION DE *tractes*

Les présents travaux proposent donc une solution à ce problème, soit l'utilisation d'une *tracte* « médoïde » comme *tracte*-modèle au lieu d'une *tracte* moyenne. En effet, au même titre que QuickBundles est inspiré de *K-Means*, l'algorithme proposé ici est inspiré de *K-Medoids* [Tan et al., 2005]. Une autre modification apportée est le choix de la mesure de distance. Encore une fois puisque les tractogrammes ne possèdent pas tous le même nombre de points, une distance point à point telle que proposée par Garyfallidis [Garyfallidis, 2012] n'est pas adéquate. D'autres mesures n'ayant aucun *a priori* sur le nombre de points ont été expliquées à la section 2.2 et s'avèrent être de bons substituts. Bien entendu, la distance unifiée (3.1) s'applique également et c'est elle qui a été utilisée pour générer les résultats présentés à la section 4.2. Outre la définition du modèle et la distance utilisée, le principe demeure similaire à ce qui a été expliqué à la section 2.2.2. Il faut noter que puisque la distance utilisée n'est plus la distance euclidienne, l'unité de mesure du seuil T , requis par QuickBundles, n'est plus millimétrique.

Bien que cette technique de segmentation ne produise pas de dendrogramme, elle reste néanmoins une solution simple et très performante pour traiter de larges quantités de *tractes*. De plus, elle peut quand même être intégrée dans un outil de visualisation, où il serait possible non seulement d'interagir avec les poids associés aux termes de la distance unifiée, mais également de modifier la valeur du seuil déterminant la création de nouveaux groupes (c'est-à-dire paramètre T du QuickBundles).

4.1.3 Avantages et inconvénients

Le regroupement hiérarchique, tel que mentionné, possède une interprétation visuelle très utile pour faire de la segmentation interactive. Également, la possibilité de lui fournir une matrice de distances précalculée est un bon avantage, puisque les calculs de distances peuvent parfois être très complexes. Par contre, sa complexité en temps de calcul reste tout de même un désavantage lorsqu'il y a beaucoup de données.

Concernant l'algorithme QuickBundles, ses plus grands avantages sont la rapidité et la robustesse à la quantité des données. Par contre, l'impact majeur d'utiliser la moyenne comme *tracte*-modèle est lorsqu'une *tracte* est ajoutée à un groupe, cette moyenne est

4.1. SEGMENTATION DE *tractes*

modifiée. Un problème avec cette approche est que si la *tracte* se trouve à l'extrémité du groupe (très proche du seuil T utilisé par QuickBundles), la moyenne va se déplacer dans sa direction. Tranquillement, au fur et à mesure que des *tracte* « extrêmes » sont ajoutées les premières *tractes* du groupe peuvent être complètement différentes des dernières. Cet inconvénient provient du fait qu'il n'y a pas de phase de mise à jour comme dans l'algorithme *K-Means*. De plus, comme plusieurs, cet algorithme de segmentation est très sensible à l'initialisation et dans ce cas-ci l'ordre dans lequel les *tractes* sont présentées à l'algo. Ces remarques s'appliquent également à la version du QuickBundles modifié utilisant les « médoïde ».

4.2 Résultats et discussion

Cette section rapporte les résultats de plusieurs segmentations basées sur la mesure de distance décrite au chapitre 3 et à la section 4.1. Les résultats sont issus des ensembles de données présentés à la section 2.1.

4.2.1 Données synthétiques

Cette section porte sur la segmentation des *tractes* du FiberCup afin d'illustrer le résultat de la nouvelle mesure de distance. De plus, puisque la vérité terrain du FiberCup est connue (voir la figure 2.2), il est possible d'effectuer une comparaison entre plusieurs métriques qui ont déjà été appliquées à cette problématique. L'ensemble des résultats a été obtenu à l'aide d'un regroupement hiérarchique tel que décrit à la section 4.1.1. Pour plus de précision, le dendrogramme associé à chaque segmentation est donné aux côtés des résultats.

Distance unifiée

Tout d'abord, il faut déterminer les poids adéquats associés aux termes de l'équation (3.1). Dans le cas du FiberCup, les poids choisis sont : $w_G = 0.6$, $w_O = 0.2$, $w_T = 0.2$ et $w_L = 0$. Autrement dit, la mesure sera majoritairement axée sur la différence entre la forme géométrique des *tractes*. Aucune importance n'est accordée à la mesure de longueur puisque dans ce jeu de données, les *tractes* possèdent toutes le même nombre de points. Or, la mesure de longueur tel que décrite à la section 3.3.4 repose sur l'*a priori* que les points des *tractes* sont équidistants. Une alternative, comme la somme des longueurs d'arcs, comme il a été proposé à la section 3.3.4 pourrait être envisagée, mais dans ce cas-ci les trois premiers termes de la distance unifiée sont suffisants. Le résultat de la segmentation est illustré à la figure 4.1.

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

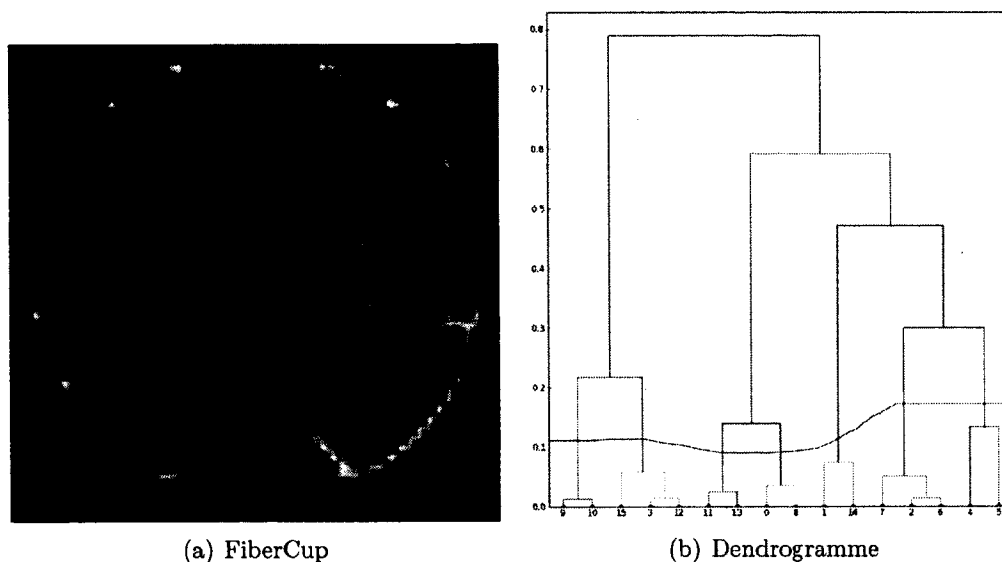


figure 4.1 – Résultat de la segmentation basée sur la distance unifiée sur les données du FiberCup.

Distance minimale

La figure 4.2 montre le résultat de la segmentation utilisant la distance minimale (*Closest Distance*), telle que décrite à la section 2.2.1. Cette distance ne permet visiblement pas de caractériser correctement les *tractes*. En effet, dès que deux *tractes* se croisent, la distance entre elles est zéro. Par conséquent, elles seront mises dans le même groupe lors de la segmentation. Cette mesure de distance est donc à éviter.

Distance MDF

La figure 4.3 montre le résultat de la segmentation utilisant la distance MDF décrite à la section 2.2.1. Cette mesure se comporte très bien sur les données du FiberCup. De plus, aucun sous-échantillonnage ne fut nécessaire puisque les *tractes* possèdent déjà un nombre égal de points.

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

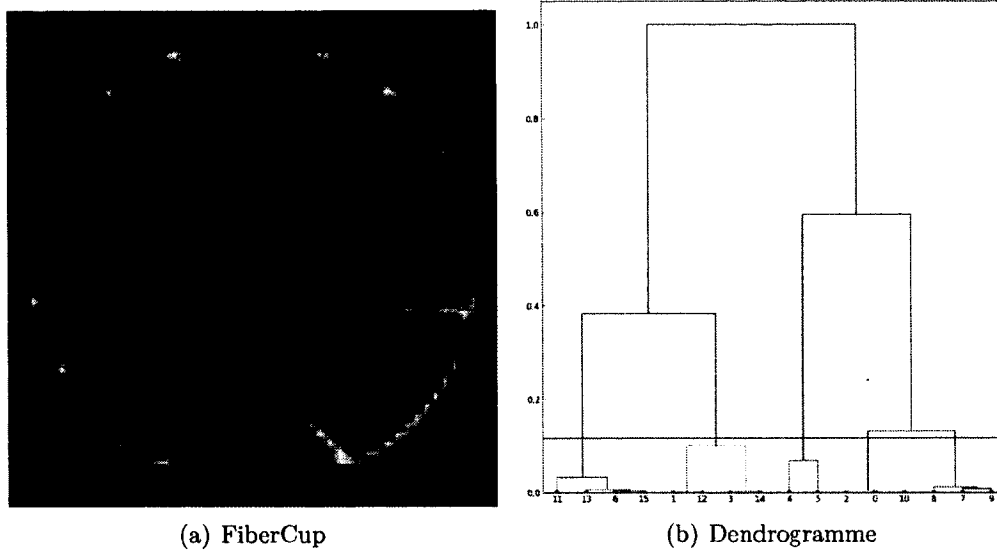


figure 4.2 – Résultat de la segmentation basée sur la distance minimale sur les données du FiberCup.

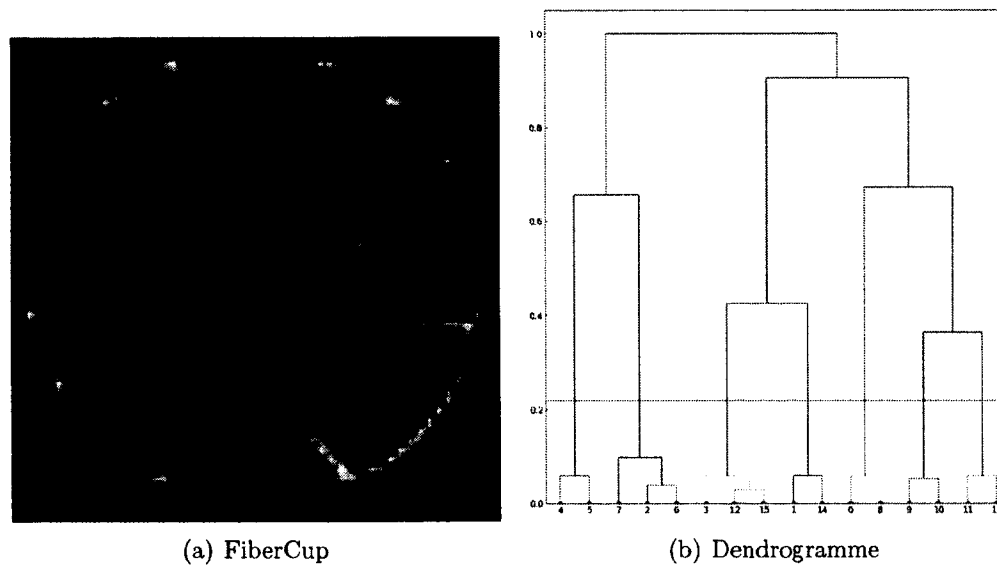


figure 4.3 – Résultat de la segmentation basée sur la distance MDF sur les données du FiberCup.

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

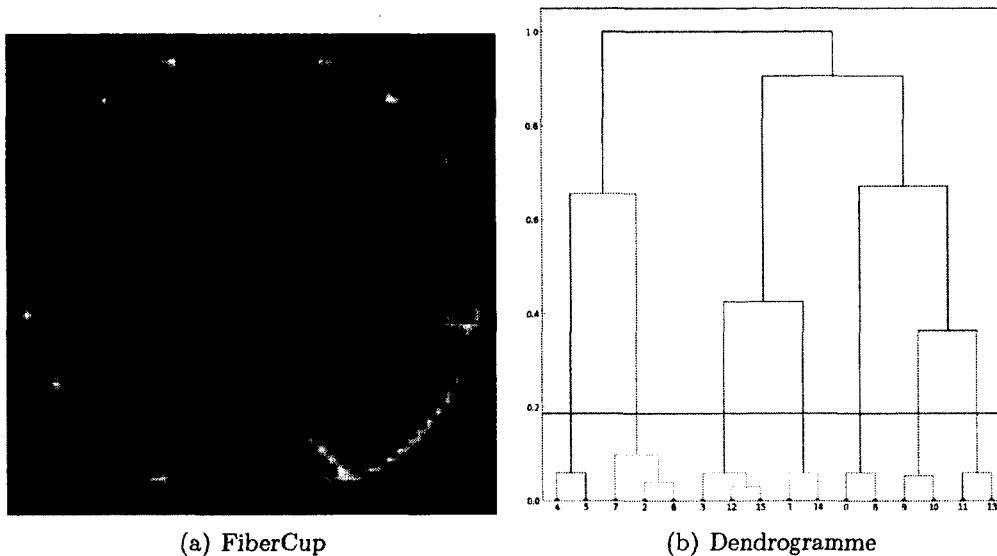


figure 4.4 – Résultat de la segmentation basée sur la distance d’Hausdorff sur les données du FiberCup.

Distance d’Hausdorff

La figure 4.4 montre le résultat de la segmentation utilisant la distance d’Hausdorff décrite à la section 2.2.1. Elle permet de bien séparer les différents faisceaux du FiberCup. Le dendrogramme montre également que les *tractes* d’un groupe possèdent une forte similarité entre elles, alors que la distance entre les groupes est forte. Par contre, ce jeu de données synthétiques est trop simple pour illustrer la faiblesse de la mesure d’Hausdorff. Il est rare que toutes les *tractes* d’un faisceau commencent au même endroit et terminent au même endroit. Puisque cette distance est basée sur le pire cas des distances minimales en chaque point, les faisceaux terminant en éventail seront pénalisés (ex. le cortico-spinal illustrée à la figure 2.5).

4.2.2 Données réelles

Cette section traite des résultats obtenus sur les deux jeux de données réelles présentés à la section 2.1.2. Ils sont très importants d’un point de vue pratique puisqu’ils

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

permettent de voir comment se comportent les divers algorithmes de segmentation de *tractes* en présence de vraies données.

Données segmentées

Que ce soit pour développer une nouvelle mesure de distance entre les *tractes* ou bien pour concevoir un nouvel algorithme de segmentation de *tractes*, l'utilisation d'un jeu de données réelles préalablement segmentées par un expert est essentielle. Ainsi, les résultats obtenus dans cette section mettent de l'avant la capacité à retrouver les bons faisceaux de la distance unifiée combinée au regroupement hiérarchique utilisant une méthode de fusion maximale. La figure 4.5 montre les faisceaux obtenus en utilisant les pondérations $w_G = 0.4$, $w_O = 0.2$, $w_T = 0.2$ et $w_L = 0.2$, ainsi qu'en découpant le dendrogramme tel que montré à la figure 4.6. De plus, la méthode utilisant la distance unifiée combinée à l'algorithme QuickBundles modifié a également été testée sur cet ensemble de données. Les résultats sont présentés à la figure 4.7. Les mêmes pondérations ont été utilisées soit $w_G = 0.4$, $w_O = 0.2$, $w_T = 0.2$ et $w_L = 0.2$, en plus du seuil T à 0.2. À titre de comparaison, la figure 4.8 illustre les faisceaux obtenus en utilisant la méthode QuickBundles avec un seuil de 30 mm et en rééchantillonnant les *tractes* à 12 points, tel que suggéré par l'auteur [Garyfallidis, 2012].

À l'aide de la segmentation faite par l'expert [Aubin-Lemay et al., 2012], il est possible d'utiliser la mesure quantitative nommée *Ajusted Rand Index* [Rand, 1971; Hubert and Arabie, 1985]. Cette mesure quantifie la ressemblance entre deux partitions d'un même ensemble de données en compensant l'effet du hasard. La valeur obtenue par cette mesure est comprise entre $[-1, 1]$ indiquant respectivement si les partitions sont complètement différentes ou bien identiques, alors qu'une valeur de 0 signifie qu'elles sont issues du hasard. La segmentation utilisant la distance unifiée combinée au regroupement hiérarchique (figure 4.5) possède un indice de Rand ajusté de 0.3798. L'indice de la méthode utilisant la distance unifiée combinée à l'algorithme QuickBundles modifié (figure 4.7) est de 0.3859. Finalement, la méthode QuickBundles (figure 4.8) a obtenu un indice Rand ajusté de 0.3835. Basé sur cette mesure, l'algorithme du QuickBundles performe autant, sinon mieux, que le regroupement hiérar-

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

chique, mais tout en ayant une complexité d'ordre inférieur. On remarque également que la distance unifiée performe similairement au MDF en utilisant le QuickBundles. Or, il faut noter que les poids utilisés ont été déterminés manuellement en se basant uniquement sur l'aspect visuel des résultats. En utilisant cette mesure quantitative, il est envisageable d'utiliser des techniques d'apprentissage automatique pour trouver de meilleurs poids.

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION



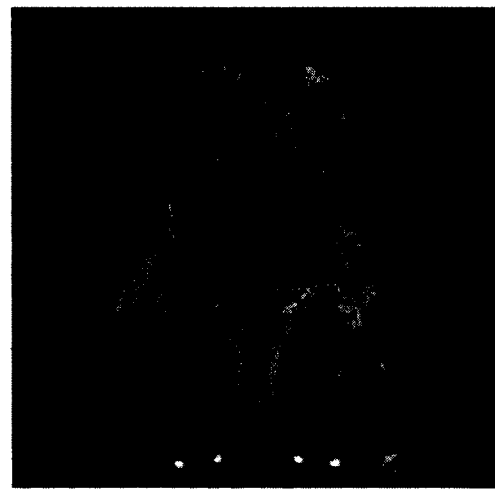
(a) Mesure unifiée + regroupement hiérarchique



(b) Vue latérale gauche



(c) Vue supérieure



(d) Vue antérieure

figure 4.5 – Résultat sur les données réelles segmentées obtenu en utilisant la mesure unifiée combinée à un regroupement hiérarchique avec fusion maximale.

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

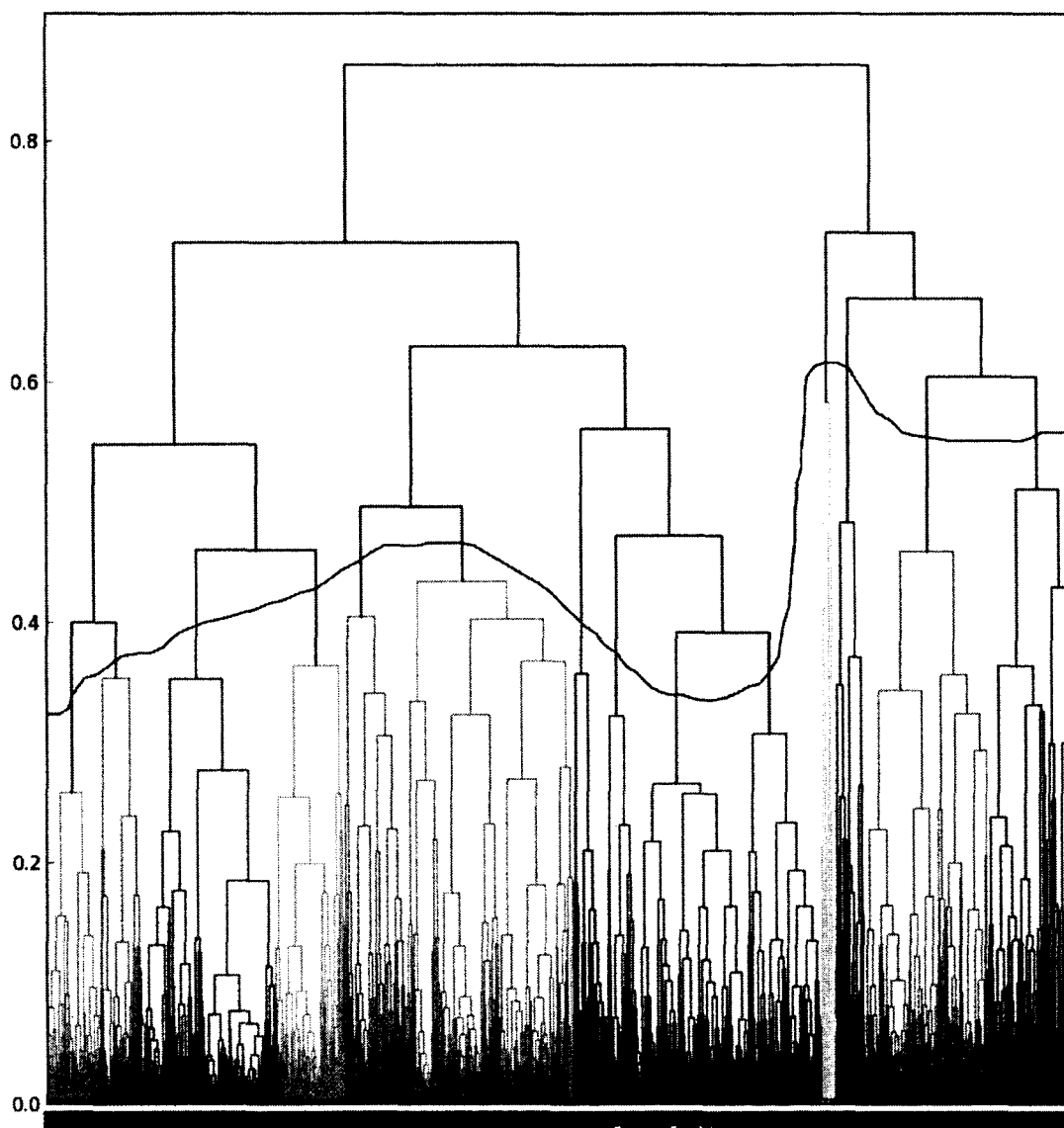


figure 4.6 – Découpage possible du dendrogramme formant les 14 groupes présentés à la figure 4.5.

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

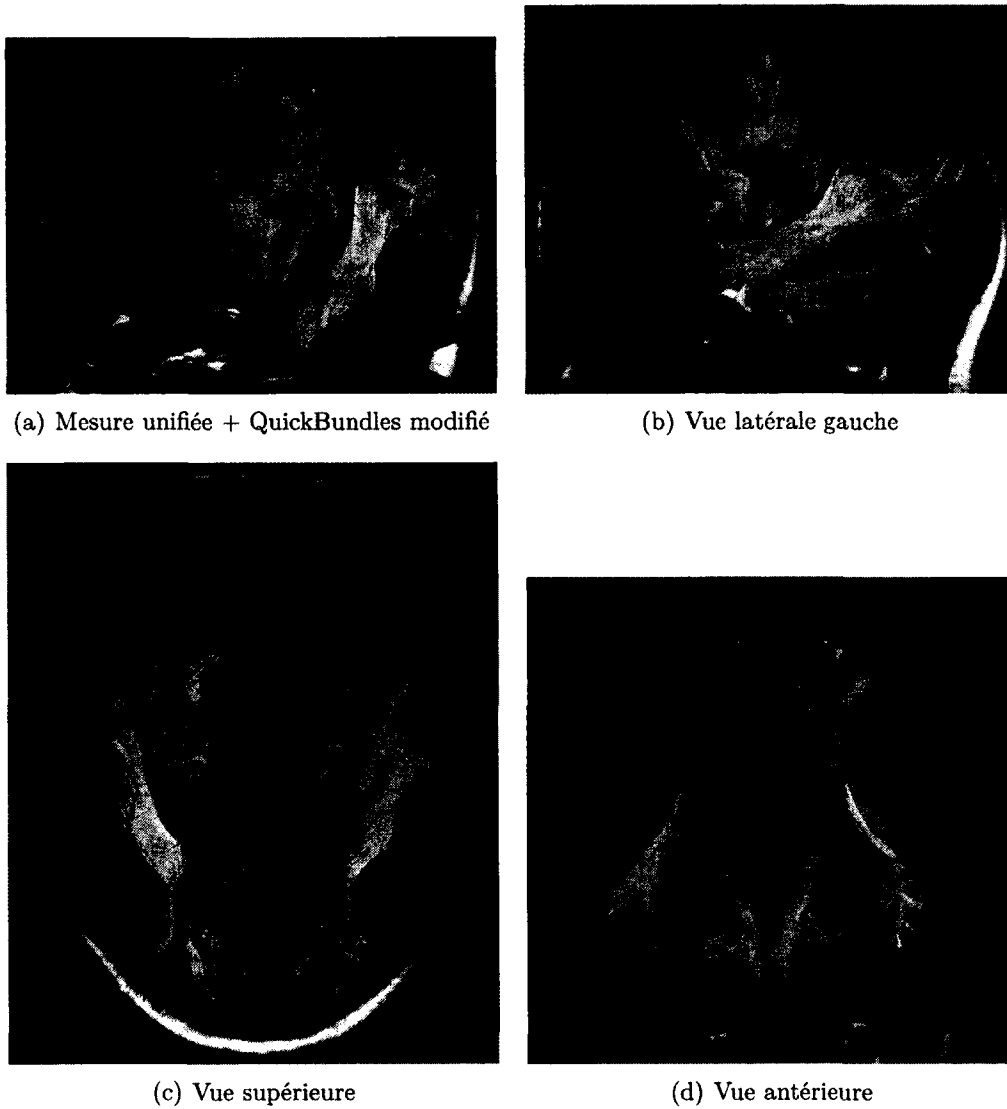


figure 4.7 – Résultat sur les données réelles segmentées obtenu en utilisant la mesure unifiée combinée à la méthode QuickBundles modifié utilisant un seuil de T de 0.2.

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

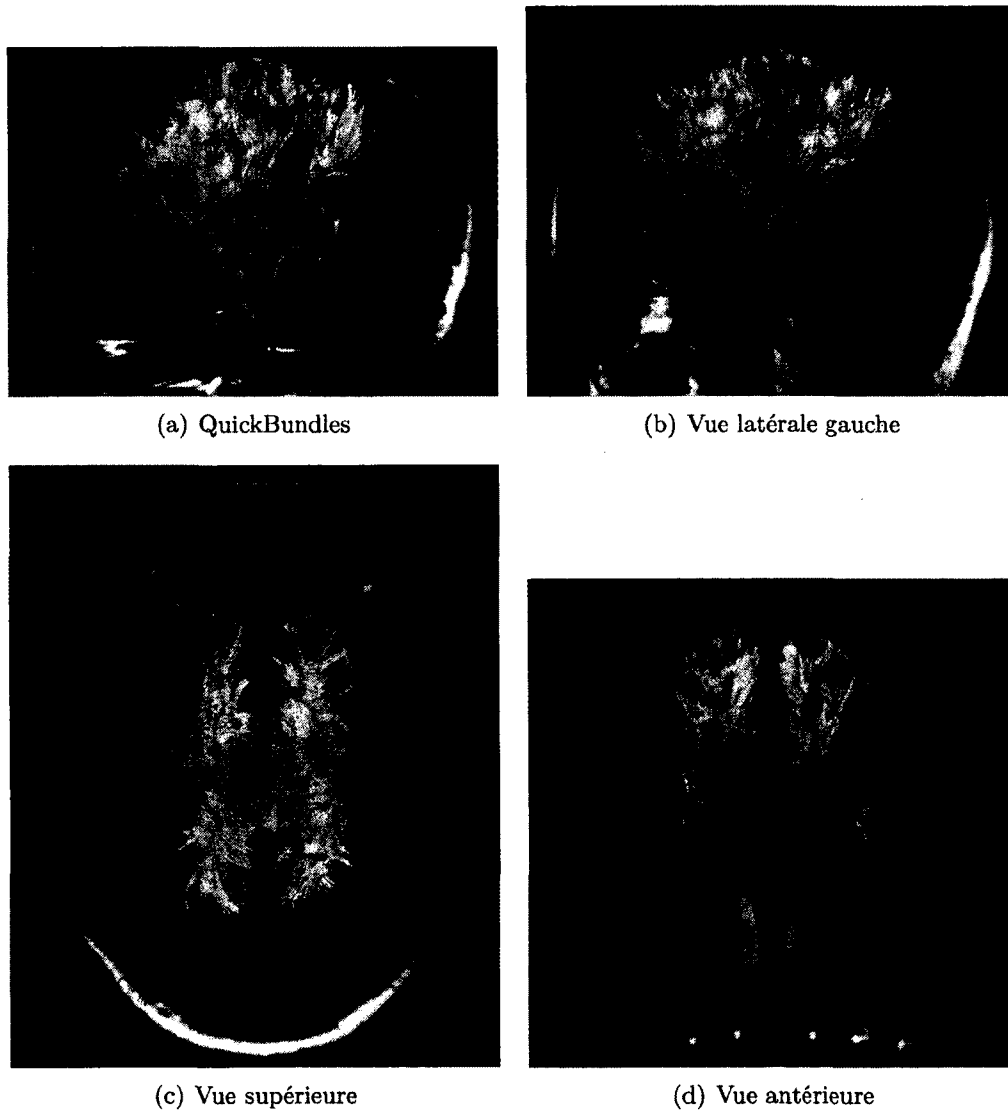


figure 4.8 – Résultat sur les données réelles segmentées obtenu en utilisant l'algorithme du QuickBundles avec un rééchantillonnage de 12 points et un seuil T de 30 mm.

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

Cerveau entier

Pour obtenir les résultats de cette section, l'algorithme, inspiré du QuickBundles (section 4.1.2) a été utilisé puisque la complexité en temps pour le regroupement hiérarchique était trop élevée. Pour cette raison, aucun dendrogramme ne pourra être affiché au côté des résultats.

Cet ensemble de données a pour but de tester la performance et la qualité des algorithmes de segmentation de *tractes* sur des données cliniques. Ici, seulement deux méthodes seront comparées soit la distance unifiée combinée au QuickBundles modifié et celle du QuickBundles originale. Les tests effectués avec la méthode proposée ont été faits sur un sous-ensemble de 20 000 *tractes* sélectionnées aléatoirement. Ceci est dû au fait que les matrices de distances doivent être précalculées et gardées en mémoire. Les paramètres utilisés pour la mesure unifiée, illustrée aux figures 4.9, 4.10, 4.11 et 4.12, sont $w_G = 0.2$, $w_O = 0.2$, $w_T = 0.2$ et $w_L = 0.2$, avec un seuil de 0.2. Ces valeurs ont été choisies en raison de leur performance sur les données réelles segmentées. Les figures 4.13, 4.14, 4.15 et 4.16 ont été générées par QuickBundles avec un seuil de 30 mm. Particulièrement, la figure 4.16 montre une faiblesse de la mesure de distance, MDF [Visser et al., 2010], utilisée par le QuickBundles. Ceci cause la formation de groupes isotropes lorsque les *tractes* sont petites.

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION



figure 4.9 – Vue d'ensemble des faisceaux récupérés par la mesure de distance unifiée combinée au QuickBundles modifié

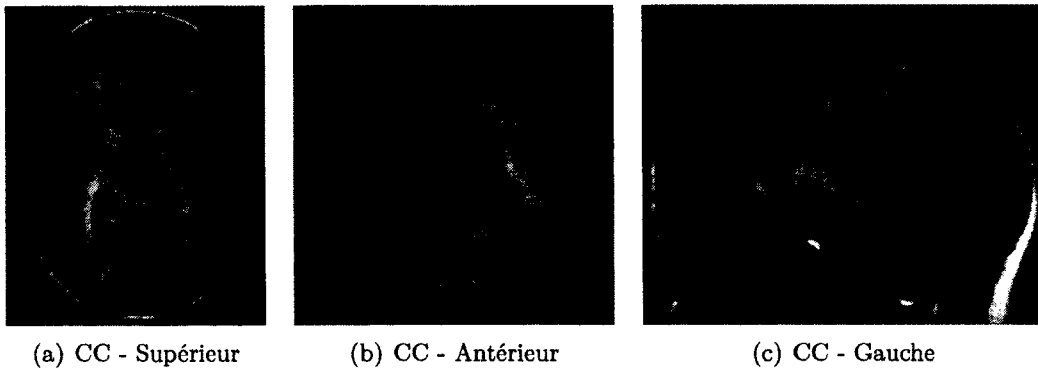


figure 4.10 – Faisceau du corps calleux en trois parties retrouvé parmi les faisceaux segmentés automatiquement par la mesure de distance unifiée combinée au QuickBundles modifié

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

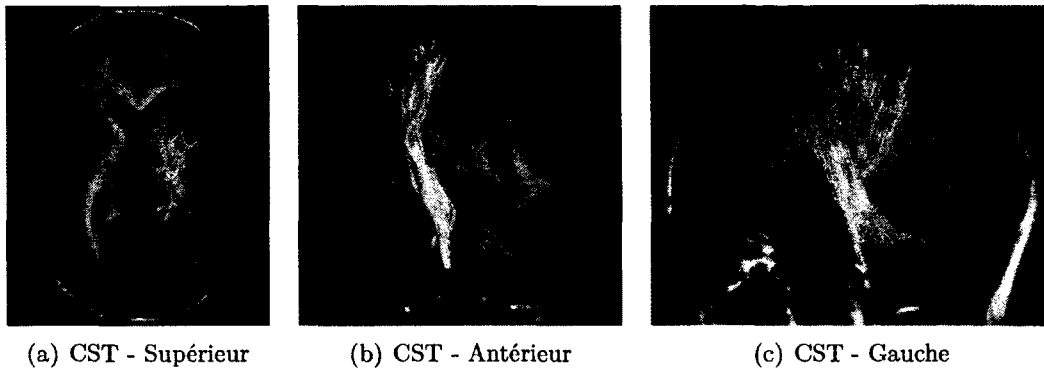


figure 4.11 – CST retrouvé parmi les faisceaux segmentés automatiquement par la mesure de distance unifiée combinée au QuickBundles modifié

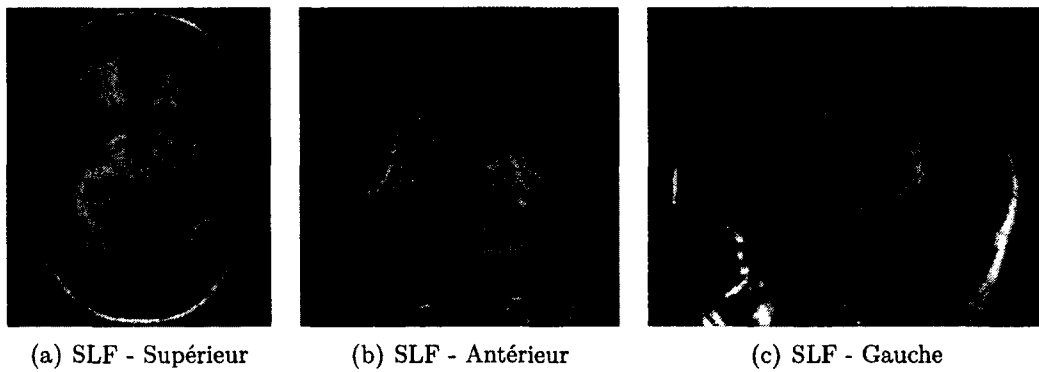


figure 4.12 – Une partie du *Superior Longitudinal Fasciculus* (SLF) retrouvé parmi les faisceaux segmentés automatiquement par la mesure de distance unifiée combinée au QuickBundles modifié

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION



figure 4.13 – Vue d'ensemble des faisceaux récupérés par la technique du QuickBundles

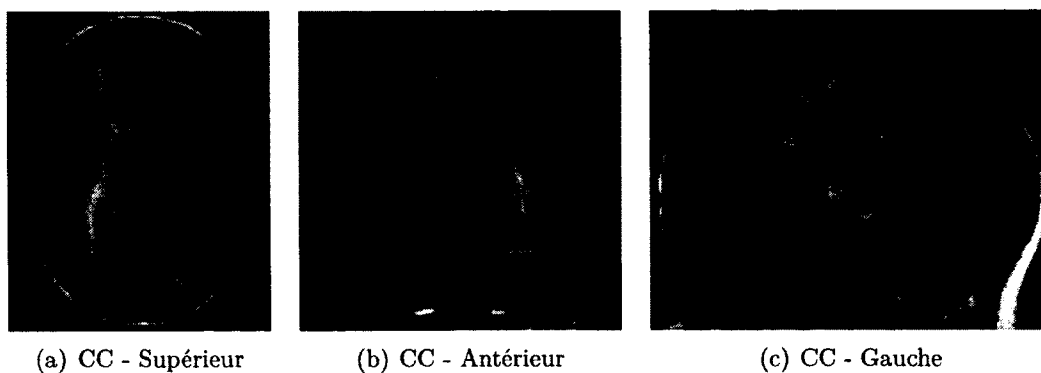


figure 4.14 – Faisceau du corps calleux en trois parties retrouvé parmi les faisceaux segmentés automatiquement par la technique du QuickBundles

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

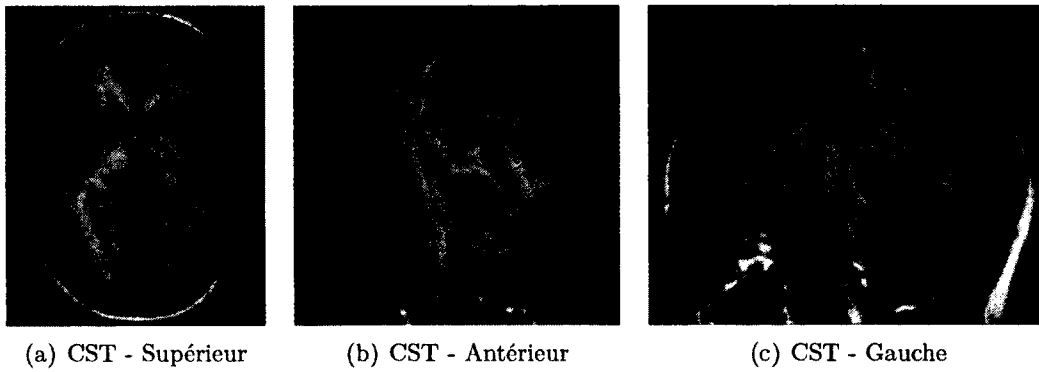


figure 4.15 – CST retrouvé parmi les faisceaux segmentés automatiquement par la technique du QuickBundles

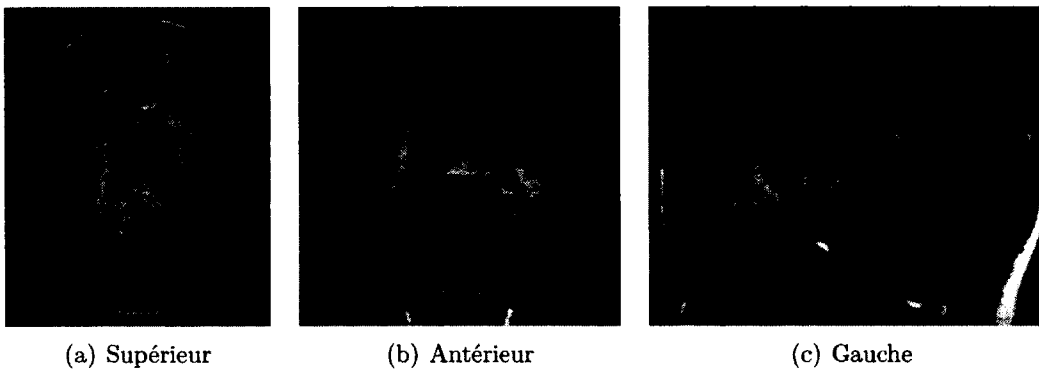


figure 4.16 – Faisceau erroné causé par la mesure de distance, MDF, utilisée par le QuickBundles

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

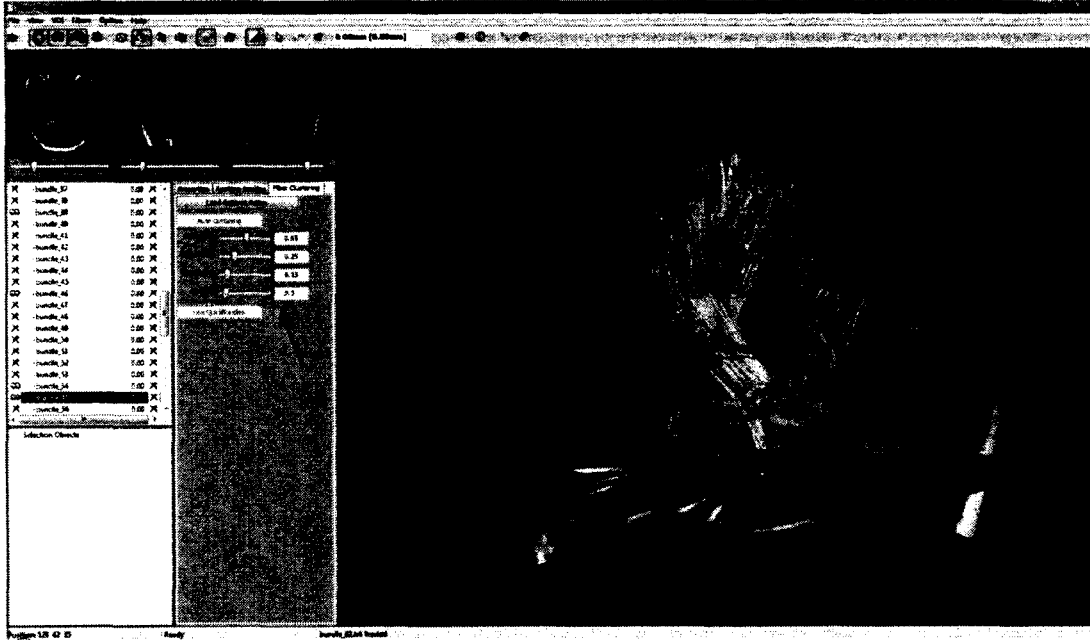


figure 4.17 – Aperçu du prototype de l'interface graphique permettant de segmenter interactivement un *tractogramme* chargé dans le FiberNavigator.

4.2.3 Temps réel

L'avantage majeur de la distance unifiée réside dans sa capacité à s'adapter rapidement à la modification des poids, c'est-à-dire sans avoir à recalculer les distances entre les *tractes*. Combinée avec la technique du QuickBundles, possédant une complexité $\mathcal{O}(N)$, il est possible de l'utiliser en temps réel. D'ailleurs, cette fonctionnalité se retrouvera dans le FiberNavigator sous la forme de curseurs de défilement (*sliders*). Ils permettront ainsi de visualiser rapidement l'impact des poids sélectionnés sur le résultat de la segmentation. Au moment de l'écriture de ce mémoire, un prototype d'interface a été conçu pour le FiberNavigator. Cette interface avec l'option ajoutée est visible à la figure 4.17.

De plus, la présence d'un dendrogramme dans le FiberNavigator permettra de choisir manuellement la configuration des faisceaux. Au courant de cette maîtrise, plusieurs outils *Python* permettant de visualiser et d'interagir avec un dendrogramme ont été

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

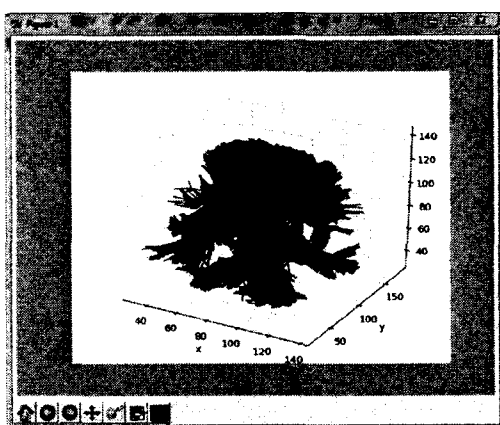
conçus. La figure 4.18 en montre deux. Ces outils ont servi à générer toutes les images de ce mémoire et seront prochainement intégrés au FiberNavigator. Par contre, cette fonctionnalité pourra seulement être pleinement offerte lorsque le nombre de *tractes* n'est pas trop imposant ($< 5\ 000$). Dépassé ce nombre, le regroupement hiérarchique utilisé pour générer le dendrogramme devient lent. De toute façon, lorsque le dendrogramme est trop gros ($> 1\ 000$ *tractes*), il devient illisible et donc inutilisable.

Le regroupement hiérarchique temps réel d'un *tractogramme* volumineux peut tout de même être effectuée grâce à une astuce. Précédemment utilisée par [O'Donnell and Westin, 2007; Visser et al., 2010], elle consiste à appliquer la segmentation seulement sur un sous-ensemble de *tractes* choisies aléatoirement de façon uniforme. Ensuite, pour chaque *tracte* non sélectionnée, la distance entre elle et le « centroïde » (c'est-à-dire la *tracte*-modèle) de chaque groupe est calculée. La *tracte* est alors assignée au groupe le plus près. Un dendrogramme est donc envisageable et sert de contrôle sur la segmentation de ce sous-ensemble de *tractes*. Malheureusement, cette avenue n'a pu être explorée dans le cadre de cette maîtrise, mais sera certainement approfondie au courant du doctorat.

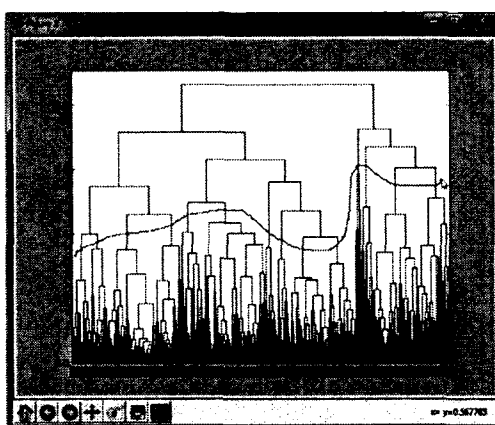
4.2.4 Apprentissage des poids

Trouver les bons poids, de la distance unifiée reste un inconvénient majeur. Les résultats présentés dans ce chapitre sont basés sur des poids déterminés manuellement par essai-erreur. Bien que la réponse soit temps réel pour les petits *tractogrammes* et tout de même rapide pour les *tractogrammes* plus volumineux (grâce au Quick-Bundles modifié ou en utilisant la technique du sous-échantillonnage), il peut tout de même être laborieux de trouver les poids adéquats. Pour cette raison, une amélioration possible est d'utiliser des données déjà étiquetées, c'est-à-dire un atlas de faisceaux (cerveaux sains, avec tumeur, etc.) afin d'entraîner un modèle des poids via un algorithme d'apprentissage automatique et une mesure quantitative telle que présentée à la section 4.2.2. Par la suite, à partir des modèles trouvés, il serait envisageable de créer des présélections de poids adaptés au *tractogramme* à segmenter. Par exemple, il pourrait s'agir d'une présélection pour un cerveau où il y a présence de

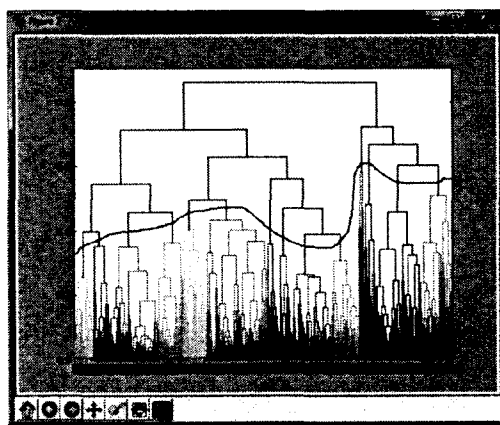
4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION



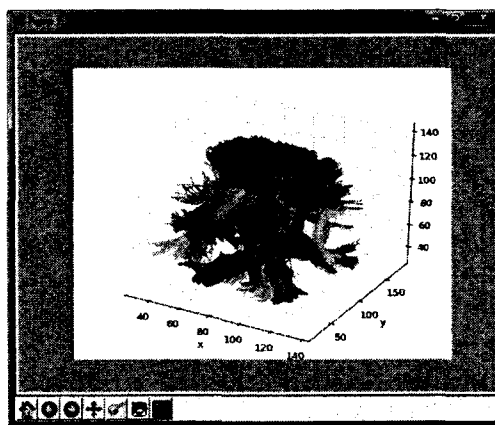
(a) Fenêtre de visualisation



(b) Découpage du dendrogramme



(c) Dendrogramme découpé



(d) Résultat du découpage

figure 4.18 – Outils *Python* permettant de découper le dendrogramme et de visualiser les différents faisceaux obtenus.

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

tumeur(s), une autre pour un cerveau d'enfant, et même une pour un cerveau atteint d'une maladie neurodégénérative. Malheureusement, cette avenue n'a pu être explorée dans le cadre de cette maîtrise, mais sera certainement approfondie au courant du doctorat.

4.2.5 Discussion

Seulement en se basant sur les données issues de la *tractographie*, il est très difficile d'obtenir des faisceaux qui ont un sens anatomique. La principale raison est le manque de données *a priori* du domaine. Autrement dit, ajouter des caractéristiques anatomiques (ex. *Fractional anisotropy* (FA), masque de la matière blanche, aires de Brodmann, etc.) à la mesure de distance pourrait améliorer la segmentation. De plus, la fusion des différentes modalités d'imagerie médicale serait bénéfique pour l'étude de la connectivité cérébrale.

La segmentation de *tractes* est intimement liée aux algorithmes de *tractographie* puisque ce sont eux qui génèrent les données. Or, cette forte dépendance peut causer la formation de faux faisceaux lorsqu'il y a présence d'erreurs dans un *tractogramme*. D'un autre côté, ces faux faisceaux sont, pour la plupart, isolés et peu denses, et donc facilement identifiables. Ceci offre, aux algorithmes de *tractographie*, un moyen de valider et raffiner leur *tractogramme*. Cette avenue a déjà été explorée par Reisert et al. [Reisert and Mader, 2009] dans le cadre de la compétition du FiberCup [Fillard et al., 2011].

Un autre point remarqué dans la littérature est l'utilisation de *tractogrammes* provenant de plusieurs sujets dans le but d'effectuer des études comparatives. Il faut être très prudent lorsqu'on analyse les résultats d'une segmentation automatique de *tractes*. Il faut garder en tête que la structure de la matière blanche diffère d'une personne à l'autre et par conséquent aura un impact sur l'estimation, qui aura à son tour un impact sur la génération du *tractogramme* et finalement affectera les faisceaux retrouvés. Ces effets se traduisent entre autre par un changement de la densité ou par la forme des faisceaux retrouvés.

4.2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

Devant l'amélioration incessante des imageurs et des techniques d'imagerie médicale, il n'est pas rare d'obtenir des *tractogrammes* de plus d'un million de *tractes*. Il devient alors nécessaire de développer de nouvelles techniques de segmentation capables de s'adapter à cette forte croissance de données. Des méthodes comme [Garyfallidis, 2012; Guevara et al., 2011] commencent à apparaître et seront sans aucun doute essentielles pour étudier la connectivité cérébrale.

Conclusion

Au cours de ce mémoire, une méthode originale a été proposée permettant de segmenter les *tractes* de la matière blanche en différents faisceaux. La distance unifiée permet de combiner plusieurs métriques, chacune servant à évaluer une caractéristique particulière propre aux *tractes*. D'ailleurs, une métrique a été conçue visant à caractériser la forme géométrique des *tractes*. Elle combine les représentations CSS et TSS avec un algorithme d'alignement de séquences. De plus, la distance unifiée permet facilement d'intégrer de nouvelles caractéristiques neurologiques liées aux *tractes*. Par ailleurs, cette nouvelle mesure a été validée sur des données synthétiques et réelles.

Il faut également mentionner quelques autres contributions en lien avec ce mémoire et ce domaine de recherche. D'abord, un rapport de recherche [Côté et al., 2010] proposant une représentation et segmentation des *tractes* de la matière blanche basées sur les zéros de la transformée en ondelettes et sur l'alignement de séquences. Ensuite, la participation à une étude des faisceaux de la matière blanche à l'aide de l'imagerie par tenseur de diffusion et des aires de Brodmann [Aubin-Lemay et al., 2012]. Finalement, une présentation orale dans le cadre de la conférence MICCAI au sujet du *Tractometer* [Côté et al., 2012], un outil web permettant d'automatiser la validation des pipelines de *tractographie*.

Une des retombées importantes liées à ce mémoire est l'ajout d'une fonctionnalité dans le FiberNavigator permettant de segmenter les *tractogrammes*, de visualiser les faisceaux et d'interagir avec le résultat. La segmentation automatique des fibres de la matière blanche ouvre également la porte à plusieurs autres perspectives. En

CONCLUSION



figure 4.19 – *Tractes erronées*

neurochirurgie, cela permettra d'assister le neurochirurgien en identifiant les fibres similaires qui se trouvent à proximité de la région opérée dans le cerveau. De plus, la tâche des neurologues lors de la création d'atlas sera simplifiée en automatisant le processus de segmentation des fibres (figures 4.11, 4.10 et 4.12). Également, d'un point de vue plus technique, ce type d'outil contribuera à rendre robuste les algorithmes de *tractographie* en éliminant les *tractes* erronées (figure 4.19), c'est-à-dire qui sont le résultat d'erreurs de *tractographie*.

Au final, les apports contenus dans ce mémoire contribuent à l'étude de la connectivité cérébrale et permettent surtout d'offrir des outils computationnels et de validation à la communauté. Il est clair qu'il reste encore beaucoup de travail avant d'obtenir des segmentations de *tractogramme* fiables cliniquement, mais ce domaine est fleurissant et beaucoup d'efforts sont mis de l'avant pour atteindre cet objectif.

Bibliographie

- M. Abramowitz and I. A. Stegun. *Handbook of Mathematical Functions : With Formulas, Graphs, and Mathematical Tables*. Courier Dover Publications, 1964.
- W. F. Ames. *Numerical methods for partial differential equations*, volume 0 of *Texts in Applied Mathematics*. Academic Press, 1977.
- C. Aubin-Lemay, D. Fortin, K. Whittingstall, A. Bore, G. Girard, M.-A. Côté, J.-C. Houde, and M. Descoteaux. Étude de faisceaux de la matière blanche a l'aide de l'imagerie par tenseur de diffusion et des aires de Brodmann. Rapport technique, Université de Sherbrooke, 2012.
- P. G. Batchelor, F. Calamante, J.-D. Tournier, D. Atkinson, D. L. G. Hill, and A. Connelly. Quantification of the shape of fiber tracts. *Magnetic resonance in medicine : official journal of the Society of Magnetic Resonance in Medicine / Society of Magnetic Resonance in Medicine*, 55(4) :894–903, April 2006. ISSN 0740-3194.
- S. Blinkov and I. Glezer. The human brain in figures and tables : a quantitative handbook. *New York : Plenum Press*, 1968.
- L. Bloy, M. Ingalhalikar, and H. Eavani. White matter atlas generation using HARDI based automated parcellation. *NeuroImage*, pages 234–241, August 2011. ISSN 10538119.
- C. Böhm, J. Feng, X. He, and S. Mai. A novel similarity measure for fiber clustering using longest common subsequence. *Data Mining for Medicine and HealthCare*, 2011.

BIBLIOGRAPHIE

- A. Boré. Impacts des étapes de pré-traitement des données de diffusion sur la tractographie - Imagerie de diffusion. Mémoire de maîtrise, Université de Sherbrooke, 2012.
- R. Bro. Resolving the sign ambiguity in the singular value decomposition. *Journal of Chemometrics*, (October), 2008.
- A. Brun, H. Knutsson, H. Park, M. Shenton, and C. Westin. Clustering fiber traces using normalized cuts. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention-MICCAI 2004*, 3216/2004(3216) :368–375, September 2004. ISSN 0302-9743.
- P. Burt. The Laplacian pyramid as a compact image code. *IEEE Transactions on Communications*, 31(4) :532–540, April 1983. ISSN 0096-2244.
- N. Casagrande. B.A.B.A Basic-algorithms-of-bioinformatics applet. Rapport technique, Université de Montréal, 2010.
- M. C. Clark, L. O. Hall, D. B. Goldgof, R. Velthuizen, F. R. Murtagh, and M. S. Silbiger. Automatic tumor segmentation using knowledge-based techniques. *IEEE transactions on Medical Imaging*, 17(2) :187–201, April 1998. ISSN 0278-0062.
- I. Corouge, S. Gouttard, and G. Gerig. Towards a shape model of white matter fiber bundles using diffusion tensor MRI. *Biomedical Imaging : Nano to*, pages 344–347, 2004.
- M.-A. Côté, G. Girard, S. Wang, and M. Descoteaux. Représentation et segmentation des fibres de matière blanche basées sur les zéros de la transformée en ondelettes et sur l’alignement de séquences. Rapport technique, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Québec, Canada, 2010.
- M.-A. Côté, A. Boré, G. Girard, J.-C. Houde, and M. Descoteaux. Tractometer : Online evaluation system for tractography. In *International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI’12)*, 2012.
- A. Dempster and N. Laird. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society.*, 39(1) :1–38, 1977.

BIBLIOGRAPHIE

- M. Descoteaux and R. Deriche. High Angular Resolution Diffusion MRI Segmentation Using Region-Based Statistical Surface Evolution. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 33(2) :239–252, February 2008. ISSN 0924-9907.
- M. Descoteaux and C. Poupon. Diffusion-Weighted MRI. In *Comprehensive Biomedical Physics*. Elsevier, 2012.
- M. Descoteaux, D. Fortin, and K. Whittingstall. DTI / fMRI fusion at 1.5T confirms robust relationship between structural and functional connectivity in a glioma patient. In *ISMRM, Workshop On Mapping Functional Networks For Brain Surgery*, Milan, Italie, 2011.
- Z. Ding, J. C. Gore, and A. W. Anderson. Classification and quantification of neuronal fiber pathways using diffusion tensor MRI. *Magnetic resonance in medicine : official journal of the Society of Magnetic Resonance in Medicine / Society of Magnetic Resonance in Medicine*, 49(4) :716–21, April 2003. ISSN 0740-3194.
- M. P. Do Carmo. *Differential geometry of curves and surfaces*, volume 2. Prentice Hall, 1976.
- M. Ester, H. Kriegel, and J. Sander. A density-based algorithm for discovering clusters in large spatial databases with noise. *Proceedings of the 2nd International*, 1996.
- B. Everitt, S. Landau, and M. Leese. *Cluster Analysis*. 2001.
- P. Fillard, M. Descoteaux, A. Goh, S. Gouttard, B. Jeurissen, J. Malcolm, A. Ramirez-Manzanares, M. Reisert, K. Sakaie, F. Tensaouti, T. Yo, J.-F. Mangin, and C. Poupon. Quantitative evaluation of 10 tractography algorithms on a realistic diffusion MR phantom. *NeuroImage*, 56(1) :220–234, 2011.
- L. Florack, B. ter Haar Romeny, J. Koenderink, and M. Viergever. Linear scale-space. *Journal of Mathematical*, 351 :325–351, 1994.
- B. J. Frey and D. Dueck. Clustering by passing messages between data points. *Science (New York, N. Y.)*, 315(5814) :972–6, February 2007. ISSN 1095-9203.

BIBLIOGRAPHIE

- E. Garyfallidis. *Towards an Accurate Brain*. PhD thesis, University of Cambridge, 2012.
- G. Gerig, S. Gouttard, and I. Corouge. Analysis of brain white matter via fiber tract modeling. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2004. IEMBS'04. 26th Annual International Conference of the IEEE*, volume 2, pages 4421–4424. IEEE, January 2004.
- P. Guevara, D. Duclap, C. Poupon, L. Marrakchi-Kacem, J. Houenou, M. Leboyer, and J. Mangin. Segmentation of Short Association Bundles in Massive Tractography Datasets Using a Multi-subject Bundle Atlas. *Progress in Pattern Recognition, Image Analysis, Computer Vision, and Applications*, pages 701–708, 2011.
- F. Gustafsson. Determining the initial states in forward-backward filtering. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 44(4) :988–992, 1996.
- N. J. Higham. *Accuracy and stability of numerical algorithms*. 2002.
- L. Hubert and P. Arabie. Comparing partitions. *Journal of Classification*, 2(1) : 193–218, 1985. ISSN 01764268.
- A. Jain. Data clustering : 50 years beyond K-means. *Pattern Recognition Letters*, 31 (8) :651–666, June 2010. ISSN 0167-8655.
- S. Jbabdi and H. Johansen-Berg. Tractography—where do we go from here? *Brain Connectivity*, August 2011.
- L. Jonasson, P. Hagmann, J.-p. Thiran, and V. Wedeen. Fiber tracts of high angular resolution diffusion MRI are easily segmented with spectral clustering. In *Int. Soc. Mag. Reson. Med*, volume 982, page 1310, 2005.
- L. Jonasson, P. Hagmann, C. Pollo, X. Bresson, C. Richero Wilson, R. Meuli, and J.-P. Thiran. A level set method for segmentation of the thalamus and its nuclei in DT-MRI. *Signal Processing*, 87(2) :309–321, February 2007. ISSN 01651684.
- G. Karypis. Chameleon : Hierarchical clustering using dynamic modeling. *Computer*, 1999.

BIBLIOGRAPHIE

- A. Leemans and D. Jones. A new approach to fully automated fiber tract clustering using affinity propagation. In *Int. Symp. on Magnetic Resonance in Medicine (ISMRM)*, volume 17, page 856, 2009.
- C. Lenglet, M. Rousson, R. Deriche, and O. Faugeras. Statistics on the Manifold of Multivariate Normal Distributions : Theory and Application to Diffusion Tensor MRI Processing. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 25(3) :423–444, August 2006. ISSN 0924-9907.
- T. Lindeberg. Scale-Space for Discrete Signals. *IEEE transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1990.
- A. Mackworth and F. Mokhtarian. The renormalized curvature scale space and the evolution properties of planar curves. *Computer Vision and Pattern*, (4), 1988.
- M. Maddah and L. Zollei. Modeling of anatomical information in clustering of white matter fiber trajectories using dirichlet distribution. *IEEE Computer Vision and Pattern Recognition Workshops*, 2008 :1–7, July 2008.
- M. Maddah, W. Grimson, S. Warfield, and W. Wells. A unified framework for clustering and quantitative analysis of white matter fiber tracts. *Medical image analysis*, 12(2) :191–202, April 2008. ISSN 1361-8415.
- S. Mallat. Multiresolution approximations and wavelet orthonormal bases of $L_2(\mathbb{R})$. *Trans. Amer. Math. Soc*, 315(1) :69–87, 1989a.
- S. Mallat. A theory for multiresolution signal decomposition : The wavelet representation. *IEEE transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 11(7) : 674–693, July 1989b. ISSN 0162-8828.
- S. Mallat. Zero-crossings of a wavelet transform. *IEEE Transactions on Information Theory*, 37(4) :1019–1033, July 1991. ISSN 0018-9448.
- B. Moberts, A. Vilanova, and J. van Wijk. Evaluation of fiber clustering methods for diffusion tensor imaging. In *IEEE Visualization*, pages 65–72, 2005.

BIBLIOGRAPHIE

- F. Mokhtarian. Multi-scale, torsion-based shape representations for space curves. *IEEE Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 660–661, 1993.
- F. Mokhtarian. A theory of multiscale, torsion-based shape representation for space curves. *Computer Vision and Image Understanding*, 68(1) :1–17, October 1997. ISSN 10773142.
- F. Mokhtarian. Scale-based description and recognition of planar curves and two-dimensional shapes. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 8(1) :34–43, January 1986. ISSN 0162-8828.
- F. Mokhtarian. Multi-scale description of space curves and three-dimensional objects. *IEEE Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 298–303, 1988.
- S. Mori, S. Wakana, and P. V. Zijl. MRI atlas of human white matter. *AJNR Am. J. Neuroradiol.*, 27(6) :1384–a–1385, June 2005.
- S. Needleman and C. Wunsch. A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequence of two proteins. *Journal of molecular biology*, 48 (3) :443–453, 1970. ISSN 00222836.
- L. O'Donnell and C. Westin. Automatic tractography segmentation using a high-dimensional white matter atlas. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 26(11) : 1562–1575, November 2007. ISSN 0278-0062.
- A. V. Oppenheim and R. Schafer. *Discrete-Time Signal Processing*. Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ, 1989.
- K. Pearson. LIII. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical*, pages 559–572, 1901.
- M. Prastawa, E. Bullitt, S. Ho, and G. Gerig. A brain tumor segmentation framework based on outlier detection. *Medical image analysis*, 8(3) :275–83, September 2004. ISSN 1361-8415.
- M. Rand. Objective Criteria for the Evaluation of Methods Clustering. *Journal of the American Statistical Association*, 66(336) :846–850, 1971. ISSN 01621459.

BIBLIOGRAPHIE

- M. Reisert and I. Mader. Tracking a Physical Phantom by Global Fibre Reconstruction. *Citeseer*, pages 1–4, 2009.
- R. T. Rockafellar and R. J.-B. Wets. *Variational Analysis*, volume 317 of *Grundlehren der Mathematischen Wissenschaften*. Springer, 1998.
- M. Rousson and C. Lenglet. Level set and region based surface propagation for diffusion tensor MRI segmentation. *Computer vision and mathematical*, pages 123–134, 2004.
- D. Salat, A. Ward, J. Kaye, and J. Janowsky. Sex Differences in the Corpus Callosum With Aging. *Neurobiology of Aging*, 18(2) :191–197, March 1997. ISSN 01974580.
- D. Salat, D. Tuch, and D. Greve. Age-related alterations in white matter microstructure measured by diffusion tensor imaging. *Neurobiology of Aging*, 26(8) :1215–27, January 2005. ISSN 0197-4580.
- L. Schwartz. *Theory of Distributions : Differentiation, Convolution ; Fourier Transforms ; Applications to Integral and Partial Differential Equations*. 1949.
- J. Shi. Normalized cuts and image segmentation. *Pattern Analysis and Machine Intelligence*,, 22(8) :888–905, 2000.
- J. Shlens. *A tutorial on principal component analysis*. PhD thesis, New York University, 2009.
- R. Sibson. SLINK : an optimally efficient algorithm for the single-link cluster method. *The Computer Journal*, 1973.
- T. F. Smith and M. S. Waterman. Identification of common molecular subsequences. *Journal of Molecular Biology*, 147(1) :195–197, 1981. ISSN 00222836.
- R. R. Sokal and C. D. Michener. A statistical method for evaluating systematic relationships. *University of Kansas Scientific Bulletin*, 38(22) :1409–1438, 1958. ISSN 19366574.

BIBLIOGRAPHIE

- O. Sporns, G. Tononi, and R. Kötter. The human connectome : A structural description of the human brain. *PLoS computational biology*, 1(4) :e42, September 2005. ISSN 1553-7358.
- J. Sparring, M. Nielsen, L. Florack, and P. Johansen. *Gaussian scale-space theory*. January 1997.
- P.-N. Tan, M. Steinbach, and V. Kumar. *Introduction to Data Mining*. Addison-Wesley, 2005.
- O. Vaillancourt and G. Girard. A Fiber Navigator for Neurosurgical Planning (NeuroPlanningNavigator). In *IEEE Visualization Contest*, number Figure 2, 2010.
- E. Visser, E. Nijhuis, J. Buitelaar, and M. Zwiers. Partition-based mass clustering of tractography streamlines. *NeuroImage*, 54(1) :303–12, January 2010. ISSN 1053-8119.
- S. Wakana, H. Jiang, and L. Nagae-Poetscher. Fiber tract-based atlas of human white matter anatomy. *Radiology*, 230(1) :77–87, January 2004. ISSN 0033-8419.
- X. Wang and W. Grimson. Tractography segmentation using a hierarchical Dirichlet processes mixture model. *NeuroImage*, 54(1) :290–302, January 2011. ISSN 1095-9572.
- Z. Wang and B. Vemuri. DTI segmentation using an information theoretic tensor dissimilarity measure. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 24(10) :1267–1277, October 2005. ISSN 0278-0062.
- J. H. Ward. Hierarchical grouping to optimize an objective function. *J Am Statist Assoc*, 58 :236–244, 1963.
- D. Wassermann. *Automated in vivo dissection of white matter structures from Diffusion Magnetic Resonance Imaging*. PhD thesis, INRIA Sophia Antipolis, 2010.
- D. Wassermann, M. Descoteaux, and R. Deriche. Diffusion maps clustering for magnetic resonance q-ball imaging segmentation. *International journal of biomedical imaging*, 2008 :526906, January 2008. ISSN 1687-4188.

BIBLIOGRAPHIE

- M. Wiegell, D. Tuch, H. Larsson, and V. Wedeen. Automatic segmentation of thalamic nuclei from diffusion tensor magnetic resonance imaging. *NeuroImage*, 19(2) :391–401, June 2003. ISSN 10538119.
- R. W. Williams and K. Herrup. The control of neuron number. *Annual Review of Neuroscience*, 11(1) :423–453, 1988.
- T. Williams, N. Gluhbegovic, and J. Jew. The human brain : dissections of the real brain. Rapport technique, Virtual Hospital, 1997.
- A. Witkin. Scale-space filtering : A new approach to multi-scale description. *Acoustics, Speech, and Signal Processing, IEEE*, pages 1–4, 1984.
- I. T. Young and L. J. van Vliet. Recursive implementation of the Gaussian filter. *Signal processing*, 44 :139–151, 1995.
- S. Zhang, S. Correia, and D. Laidlaw. Identifying white-matter fiber bundles in DTI data using an automated proximity-based fiber-clustering method. *IEEE transactions on Visualization and Computer Graphics*, 14(5) :1044–1053, 2008. ISSN 1077-2626.
- T. Zhang and R. Ramakrishnan. BIRCH : A new data clustering algorithm and its applications. *Data Mining and Knowledge*, 182 :141–182, 1997.