

TABLE DES MATIÈRES

	Page
INTRODUCTION	1
CHAPITRE 1 MISE EN CONTEXTE	5
1.1 Étude Anatomique	5
1.1.1 Étude anatomique du complexe maxillo-mandibulaire	5
1.1.2 Étude anatomique cérébrale	13
1.2 La segmentation de données médicales	21
1.2.1 Les méthodes semi-automatiques de segmentation	23
1.2.2 Méthodes de segmentation sans connaissances a priori.....	24
1.2.2.1 Accroissement de région ou <i>Region Growing</i>	24
1.2.2.2 Contours actifs : principe général	25
1.2.2.3 Snakes	25
1.2.2.4 Les Level Sets	27
1.2.2.5 Approches par contraintes anatomiques	30
1.2.3 Méthodes de segmentation avec connaissances a priori	32
1.2.3.1 Les modèles déformables.....	32
1.2.3.2 Segmentation par recherche de surface minimale 3D.....	40
1.3 Développement de surfaces 3D	43
1.4 Validation des méthodes de segmentation	49
1.4.1 Coefficient de Dice	50
1.4.2 Erreur de chevauchement volumétrique.....	50
1.4.3 La différence volumétrique relative	50
1.4.4 Distance surfacique moyenne-symétrique	51
1.4.5 Distance surfacique moyenne-symétrique au carré.....	51
1.4.6 Distance surfacique maximum-symétrique.....	52
1.5 Quelques rappels des mathématiques du traitement d'images	52
1.5.1 Reconstruction morphologique d'images	53
1.5.2 Remplissage d'images par reconstruction morphologique (<i>hole filling</i>)	54
CHAPITRE 2 OBJECTIFS ET HYPOTHÈSES	59
2.1 Objectifs	59
2.2 Hypothèses	59
CHAPITRE 3 SEGMENTATION DE STRUCTURES ANATOMIQUES À TOPOLOGIES COMPLEXES.....	65
3.1 Méthodologie, approche générale.....	65
3.1.1 Création du modèle a priori volumétrique <i>in-situ</i>	67
3.1.2 Création d'un quad-mesh développable par paramétrisation de voxels	68
3.1.3 Développement de l'espace original par anamorphose 3D.....	69
3.1.3.1 Segmentation par recherche de surface minimale	71
3.2 Segmentation dentaire en <i>Cone-Beam-CT</i>	74

3.2.1	Création des modèles pulpaire volumétriques <i>in-situ</i>	75
3.2.2	Création des modèles quadrangulaires développables.....	77
3.2.2.1	Détermination de l'axe principal de la dent.....	78
3.2.2.2	Projection cylindrique de l'espace dentaire	81
3.2.2.3	Création du quad-mesh développable par paramétrisation de voxels	82
3.2.3	Anamorphose dentaire 3D	84
3.2.4	Segmentation par recherche de surface minimale.....	85
3.2.5	Visualisation 3D.....	88
3.2.6	Validation de la segmentation dentaire.....	90
3.2.7	Analyse et interprétation des résultats de segmentation	95
3.2.7.1	Analyse	95
3.2.7.2	Interprétation.....	98
3.3	Segmentation cérébrale.....	103
3.3.1	Alignement des données selon les axes anatomiques	105
3.3.2	Extraction de l'encéphale.....	107
3.3.3	Segmentation du tronc cérébral.....	110
3.3.4	Extraction du cervelet	112
3.3.5	Extraction du cerveau.....	114
3.3.6	Détermination des hémisphères droit et gauche.....	114
3.3.7	Segmentation des ventricules latéraux et du quatrième ventricule	115
3.3.8	Segmentation de la matière blanche cérébrale.....	117
3.3.9	Segmentation du corps calleux	119
3.3.10	Reconnaissance et localisation de structures cérébrales d'intérêt.....	120
3.3.11	Validation.....	123
3.3.12	Discussion et interprétation.....	131
CHAPITRE 4 AUTRES APPLICATIONS.....		137
4.1	Segmentation mandibulaire	137
4.2	Autres applications.....	142
4.2.1	Segmentation de l'articulation du genou	142
CHAPITRE 5 DISCUSSION		145
5.1	Originalité du travail.....	145
5.2	Limitations	147
5.3	Recommandations.....	148
5.4	Contributions.....	149
CONCLUSION.....		151
ANNEXE I RAPPELS DE MATHÉMATIQUES		153
LISTE DE RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES.....		159

LISTE DES TABLEAUX

	Page
Tableau 1 Données de validation – Détails.....	91
Tableau 2 Performances moyennes globales	93
Tableau 3 Moyennes des métriques par jeux de données	93
Tableau 4 Dents poly-radiculées.....	94
Tableau 5 Dents mono-radiculées.....	94
Tableau 6 Résultats de la validation	95
Tableau 7 Résultats moyens sans le maxillaire 05.....	97
Tableau 8 Temps d'exécution.....	126
Tableau 9 Métriques moyennes	127
Tableau 10 Cas numéro un	128
Tableau 11 Cas numéro deux.....	128
Tableau 12 Cas numéro trois	129
Tableau 13 Cas numéro quatre	129
Tableau 14 Cas numéro cinq.....	130
Tableau 15 Cas numéro six.....	130

LISTE DES FIGURES

	Page
Figure 1.1 Os du crâne et de la face en vue frontale.....	6
Figure 1.2 La mandibule, vue antérolatérale et supérieure.....	7
Figure 1.3 Articulation temporo-mandibulaire.....	8
Figure 1.4 Dents supérieures et inférieures.....	9
Figure 1.5 Typologie dentaire.....	9
Figure 1.6 Anatomie dentaire	10
Figure 1.7 Typologies de fractures mandibulaires.....	11
Figure 1.8 Vue latérale gauche du cerveau.....	13
Figure 1.9 Fosse crânienne postérieure.....	14
Figure 1.10 Coupe sagittale médiane.....	14
Figure 1.11 Ventricules encéphaliques	15
Figure 1.12 Noyaux gris centraux.....	16
Figure 1.13 Hippocampe et amygdale	16
Figure 1.14 Dissection: vue supérieure.....	17
Figure 1.15 Coupe anatomique coronale	18
Figure 1.16 Image IRM T1 et T2.....	19
Figure 1.17 Agent de contraste	20
Figure 1.16 Segmentation corticale	27
Figure 1.17 Principe des <i>Level-Sets</i>	28
Figure 1.18 Délimitation de contours adjacents	29
Figure 1.19 Segmentation dentaire à partir d'images CT	29
Figure 1.20 Segmentation anatomiquement contrainte	31

Figure 1.21 PDM appliquée à un modèle de résistance.....	33
Figure 1.22 Segmentation du contour d'une résistance.....	34
Figure 1.23 Localisation de région d'intérêt	34
Figure 1.24 Illustration de la méthode de Roberts.....	35
Figure 1.25 Positionnement du nerf mandibulaire.....	36
Figure 1.26 Reconstruction de la mandibule	37
Figure 1.27 Résultat de la segmentation	37
Figure 1.28 Domaine paramétrique de correspondance	38
Figure 1.29 Volume rénal anamorphique	42
Figure 1.30 Segmentation anamorphique rénale	43
Figure 1.31 Création d'un planisphère.....	44
Figure 1.32 Relief terrestre	45
Figure 1.33 Carte des élévations terrestres	45
Figure 1.34 Projection cylindrique	46
Figure 1.35 Placage de texture.....	47
Figure 1.36 Modèle paramétrique partitionné	48
Figure 1.37 Reconstruction morphologique	54
Figure 1.38 Remplissage d'un anneau.....	55
Figure 1.39 Remplissage d'une image IRM.....	56
Figure 3.1 Méthodologie générique <i>SaamIns</i>	66
Figure 3.2 Structure du modèle 3D synthétique	66
Figure 3.3 Remplissage-Soustraction du modèle synthétique	67
Figure 3.4 <i>Paramétrisation de voxels</i>	68
Figure 3.5 Anamorphose 3D du volume de confinement.....	70

Figure 3.6 Recherche de surface minimale 3D	71
Figure 3.7 Calcul intercolonnes	72
Figure 3.8 Surface minimale développée.....	73
Figure 3.9 Anamorphose inverse	73
Figure 3.10 Processus de segmentation dentaire	75
Figure 3.11 Extractions des modèles pulpaire volumétriques.....	76
Figure 3.12 Modèles pulpaire volumétriques.....	77
Figure 3.13 Projection sphérique	79
Figure 3.14 Carte des élévations du relief pulpaire	79
Figure 3.15 Étude de la topologie pulpaire.....	80
Figure 3.16 Axe principal	81
Figure 3.17 Développement cylindrique dentaire.....	82
Figure 3.18 Approximation du contour dentaire.....	83
Figure 3.19 <i>Quad-mesh</i> dentaire.....	83
Figure 3.20 Création et développement du volume de confinement	85
Figure 3.21 Recherche de surface minimale.....	86
Figure 3.22 Résultat de segmentation.....	87
Figure 3.23 Surface minimale.....	87
Figure 3.24 Placage de texture dentaire	89
Figure 3.25 Résultats de segmentations diverses.....	90
Figure 3.26 Comparaison des métriques significatives	96
Figure 3.27 Érosion radiculaire.....	100
Figure 3.28 Visualisation des erreurs de segmentation	101
Figure 3.29 Biais de segmentation.....	101

Figure 3.30	Organes cérébraux d'intérêt	103
Figure 3.31	Processus de segmentation cérébrale.....	105
Figure 3.32	Repérage oculaire	106
Figure 3.33	Plans anatomiques	107
Figure 3.34	Extraction encéphalique (<i>Skull-Stripping</i>)	109
Figure 3.35	Création du modèle a priori du tronc cérébral.....	111
Figure 3.36	Modélisation 3D du tronc	112
Figure 3.37	Segmentation du cervelet	113
Figure 3.38	Extraction cérébrale.....	114
Figure 3.39	Séparation des hémisphères.....	115
Figure 3.40	Résultat de la segmentation ventriculaire.....	116
Figure 3.41	Segmentation de la matière blanche	118
Figure 3.42	Segmentation du corps calleux	119
Figure 3.43	Aspect longiligne des structures.....	120
Figure 3.44	Sous organes dans l'espace cylindrique.....	121
Figure 3.45	Repérage dans l'espace cylindrique	121
Figure 3.46	Repérage de l'hippocampe.....	122
Figure 3.47	Segmentation 2D	124
Figure 3.48	Ventricules latéraux.....	125
Figure 3.49	Métriques significatives.....	132
Figure 3.50	Visibilité de l'artère basilaire	134
Figure 4.1	Interface d'initialisation	138
Figure 4.2	Création de la courbe d'anamorphose.....	139
Figure 4.3	Anamorphose 3D mandibulaire.....	139

Figure 4.4	Mise en évidence des structures internes.....	140
Figure 4.5	Isolement de la mandibule.....	140
Figure 4.6	Structure osseuse interne à la mandibule.....	141
Figure 4.7	Segmentation mandibulaire.....	141
Figure 4.8	Anatomie succincte du genou.....	142
Figure 4.9	Création du modèle a priori.....	143
Figure 4.10	Résultat.....	143
Figure 4.11	Création du modèle a priori.....	144
Figure 4.12	Modélisations 3D.....	144

LISTE DES ABRÉVIATIONS, SIGLES ET ACRONYMES

ASM	Active Shape Models
CBCT	Cone Beam Computed Tomography
CT	Computed Tomography
ICP	Iterative Closest Point
IRM	Imagerie par Résonnance Magnétique
LCR	Liquide Céphalo-Rachidien
LIO	Laboratoire de recherche en Imagerie et Orthopédie

INTRODUCTION

Lorsque Wilhelm Röntgen a mis en évidence les rayons X en 1895, il était loin de se douter que sa découverte allait bouleverser fondamentalement la pratique de la médecine. Grâce aux travaux réalisés par ce physicien, il allait devenir possible de visualiser l'intérieur du corps humain sans l'ouvrir, de manière non invasive. Le premier cliché que Röntgen a obtenu a été une main tendue vers le futur, vers les pratiques médicales modernes que l'on connaît actuellement, il a donné naissance à l'imagerie médicale. Bien évidemment depuis ce premier « *Röntgenogram* », tel qu'il avait nommé ce nouveau type de clichés, les techniques se sont améliorées, diversifiées et complexifiées. L'imagerie médicale repose sur divers modes d'acquisitions : les rayons X (CT-Scanner, radiographie), la résonnance magnétique (IRM), les ultrasons (échographie) ou la radioactivité (PET-Scan) et se décline en deux, trois ou quatre dimensions. Les images ainsi obtenues sont utilisées en pré, per ou post opératoire. Grâce à ces acquisitions, il est possible d'établir un diagnostic, de poser un geste précis et sûr durant une intervention et d'effectuer le suivi des patients. Aujourd'hui, une part importante de la médecine repose sur l'imagerie médicale. La Société Française de Radiologie publie sur son site Internet une étude réalisée en 2013, indiquant qu'en France, 4.5 à 5 millions d'acquisitions IRM sont effectuées par an (Courouve 2013). Ce chiffre illustre seulement le nombre d'exams IRM, il faut également y ajouter les autres types d'acquisitions. Ceci représente des centaines de millions d'images à analyser, interpréter et à traiter pour les rendre exploitables dans le monde de la clinique. En effet, les images ainsi obtenues permettent de visualiser les organes d'intérêt. Toutefois, bien que très utile, la visualisation seule d'un organe n'est pas toujours suffisante. Il est souvent nécessaire de délimiter les frontières exactes de l'organe, d'en calculer le volume, la longueur, etc. Obtenir ces informations grâce à un traitement manuel de données volumétrique peut être long, fastidieux et hasardeux. Pour effectuer des mesures, le praticien ne dispose que de visualisations en deux dimensions des données et/ou d'approximation 3D grâce à des rendus volumétriques. Dans ce contexte, il est donc très difficile d'obtenir des modélisations et des mesures fiables. Pour pallier ces limites, des traitements informatiques peuvent être appliqués aux images

acquises. Ces traitements permettent *in fine* d'obtenir une modélisation géométrique fiable de l'objet d'intérêt. Grâce à cette modélisation mathématique de l'organe, il est possible d'obtenir des informations requises par les cliniciens. L'obtention de ce modèle mathématique repose sur la délimitation précise des frontières des organes d'intérêt, cette opération est communément appelée segmentation. La segmentation est le processus qui permet de grouper les pixels (ou voxels) d'une image qui appartiennent à un même objet. Une fois l'objet d'intérêt séparé de l'arrière-plan et/ou des autres objets de l'image, il est possible d'en créer une modélisation. La précision de la modélisation d'un organe d'intérêt est dépendante de la qualité de la segmentation de ce même organe. De manière générale, il n'existe pas de processus « simple » de segmentation d'image médicale. Chaque être humain est différent, chaque organe qui le compose est différent d'un même organe qui compose un autre être humain. Toutefois, certaines stratégies de segmentation permettent de s'affranchir de ces différences et parviennent à des résultats très précis sur certains types d'organes, principalement lorsque ces organes possèdent une topologie régulière ne présentant pas de fortes variations interindividuelles. Lorsque cette régularité topologique fait défaut, tant par la morphologie que par la variation interindividuelle, il est question de structures anatomiques à topologie complexe. En cas de trauma ou de pathologie, l'organe peut également être considéré comme possédant une topologie complexe. En présence de ces types de configurations anatomiques, le processus de segmentation se complexifie également. L'irrégularité des structures, qu'elle soit liée à la morphologie de l'organe, à un trauma ou à une pathologie, entraîne une irrégularité dans la précision des résultats obtenus. En effet, bâtir des algorithmes de segmentation suffisamment robustes pour gérer de telles variations peut s'avérer très compliqué. Généralement la pérennité algorithmique repose sur la généricité des cas à traiter. Les exceptions sont très difficiles à gérer, d'autant plus lorsqu'il est impossible d'en prévoir la teneur. Dans le cadre de l'imagerie médicale, les traumas sont un bon exemple du caractère « imprévisible » de l'exception. Même s'il existe des catégories de traumas, pour deux patients différents, le même type de choc ne provoquera pas exactement la même fracture. Les tumeurs possèdent par nature une morphologie imprévisible et peuvent donc être elles aussi être la source de déformations structurelles d'organes. Enfin, certaines structures anatomiques, bien qu'étant considérées comme

similaires d'un patient à un autre peuvent dans les faits présenter de très grandes différences interindividuelles. Dans ce cas-ci, la dentition en est sans doute l'exemple le plus parlant. Les positions des dents, leur morphologie et leur orientation peuvent varier beaucoup d'un individu à l'autre.

La partie du corps humain comportant un ensemble représentatif de structures anatomiques possédant les caractéristiques variationnelles énoncées ci-avant est la tête. Il est possible d'y retrouver des structures osseuses à fortes variations topologiques susceptibles de subir des traumatismes comme la mandibule. Les dents, qui présentent une forte variation inter-personnelle y sont également présentes. Enfin, un autre organe, qui lui rassemble un large panel de caractéristiques extrêmement variables est le cerveau. Le cerveau, de par sa nature présente de fortes variations interindividuelles et est composé de plusieurs sous-structures dont l'anatomie est complexe. De plus, plusieurs types de pathologies peuvent l'affecter et modifier de manière aléatoire sa morphologie. C'est dans ce contexte que s'inscrit cette thèse. Les objectifs du travail réalisé durant ce projet de recherche sont multiples. Il s'agit de développer une méthode de segmentation automatique des structures céphaliques susmentionnées. L'approche développée et présentée dans ce document repose sur la création automatique *in-situ* de modèles a priori fiables et personnalisés aux données des patients considérés. Cette méthode originale est à la croisée de deux grandes lignées de techniques de segmentation, les approches avec et sans connaissance a priori.

CHAPITRE 1

MISE EN CONTEXTE

La première partie de ce chapitre présente une étude anatomique des organes adressés par les méthodes de segmentation développées durant ce projet de recherche. La seconde partie du chapitre est dédiée à l'étude de méthodes de segmentation d'images médicales. La troisième partie aborde la question de la validation des méthodes de segmentation en vigueur dans le monde de l'imagerie médicale. La dernière partie du chapitre propose quelques rappels de mathématiques.

1.1 Étude Anatomique

1.1.1 Étude anatomique du complexe maxillo-mandibulaire

La tête rassemble le cerveau et les principaux organes sensoriels (yeux, bouche, nez). La structure osseuse principale de la tête est le crâne. La Figure 1.1 permet de visualiser les os du crâne et de la face en vue frontale avec notamment, l'os frontal, l'os pariétal, l'os temporal, l'os zygomatique, le maxillaire et la mandibule (adaptée de Netter 1999, planche 1).

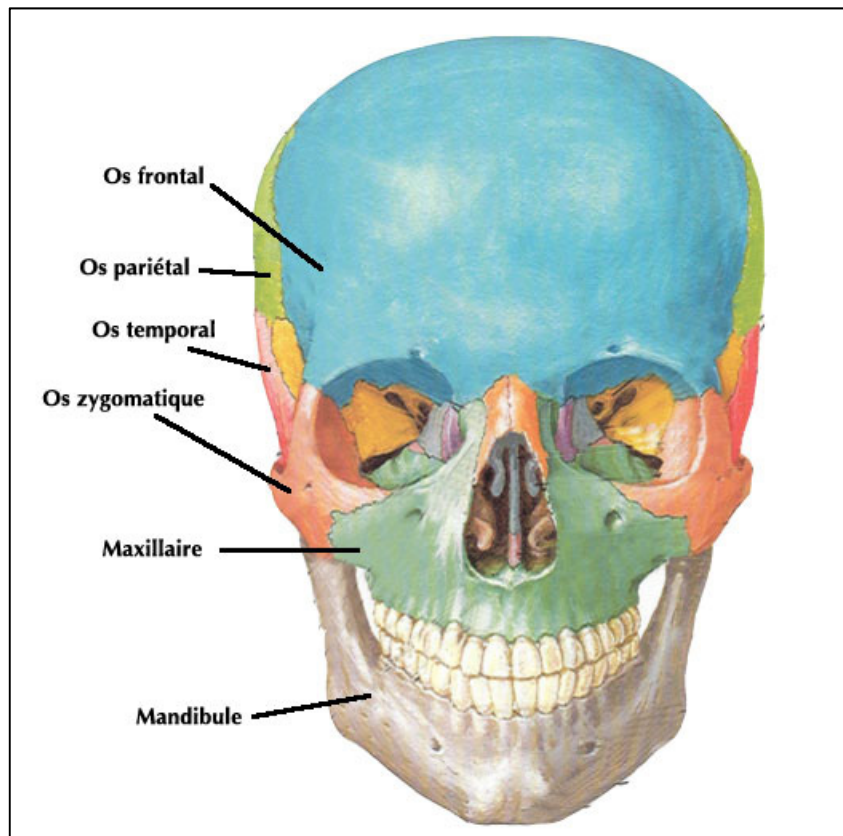


Figure 1.1 Os du crâne et de la face en vue frontale
Adaptée de Netter (1999 p.1)

Le maxillaire et la mandibule constituent ce qui est communément appelé la mâchoire ou complexe maxillo-mandibulaire. Le complexe maxillo-mandibulaire est constitué de deux parties distinctes, l'une fixe, le maxillaire et l'autre mobile, la mandibule. Le maxillaire représente la partie supérieure de la mâchoire et la mandibule la partie inférieure.

Le maxillaire est composé d'un processus alvéolaire qui contient les fourreaux accueillant les dents maxillaires. La mandibule est un os en forme de « U » qui supporte les dents mandibulaires. Elle est constituée d'une partie horizontale, le corps et d'une partie verticale, la branche (« ramus »). Le corps et la branche sont joints dans la section nommée l'angle de la mandibule. La branche se termine par le processus condyalaire qui permet le mouvement de la mandibule. Le canal mandibulaire qui s'ouvre à la face interne du ramus (foramen mandibulaire) contient le pédicule vasculo-nerveux alvéolaire. Ce canal donne le foramen

mentonnier par lequel émergent les nerfs et vaisseaux mentonniers. La Figure 1.2 illustre les principales structures de la mandibule (adaptée de Netter 1999, planche 10).

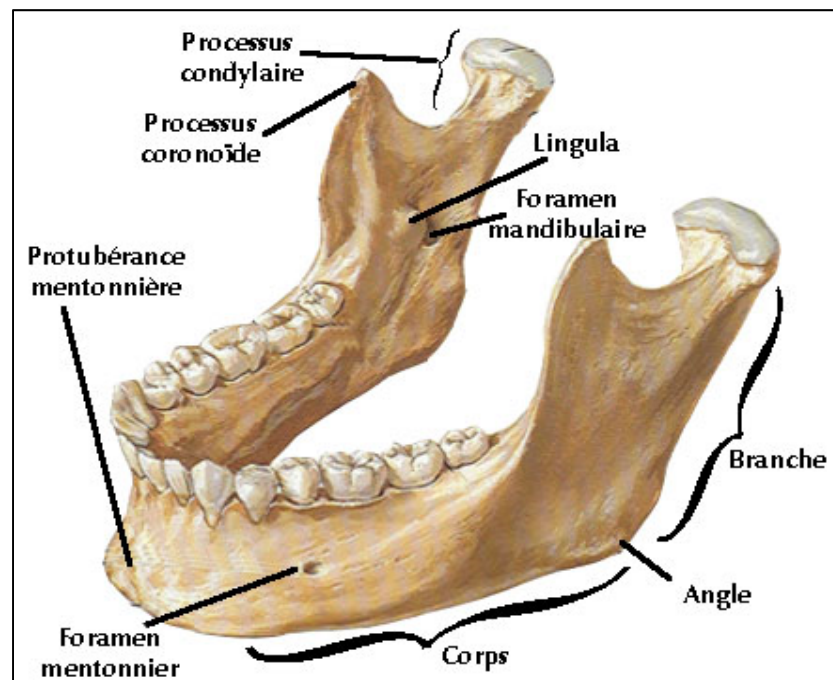


Figure 1.2 La mandibule, vue antérolatérale et supérieure
Adaptée de Netter (1999 p.10)

Le plan tangent au bord inférieur du corps de la mandibule se nomme le plan mandibulaire. Le mouvement articulaire d'ouverture et de fermeture de la mâchoire est réalisé grâce à l'articulation temporo-mandibulaire. La tête condylienne est logée dans la cavité articulaire sise dans la fosse mandibulaire du temporal. Lors de l'ouverture la mandibule effectue deux types de mouvement, un mouvement de rotation suivi d'un mouvement de translation. Ce mouvement double est rendu possible par la présence d'un disque articulaire situé entre le processus condylien et la cavité articulaire. La Figure 1.3 illustre les principales composantes de l'articulation temporo-mandibulaire lorsque la mâchoire est en occlusion (adaptée de Netter 1999, planche 11).

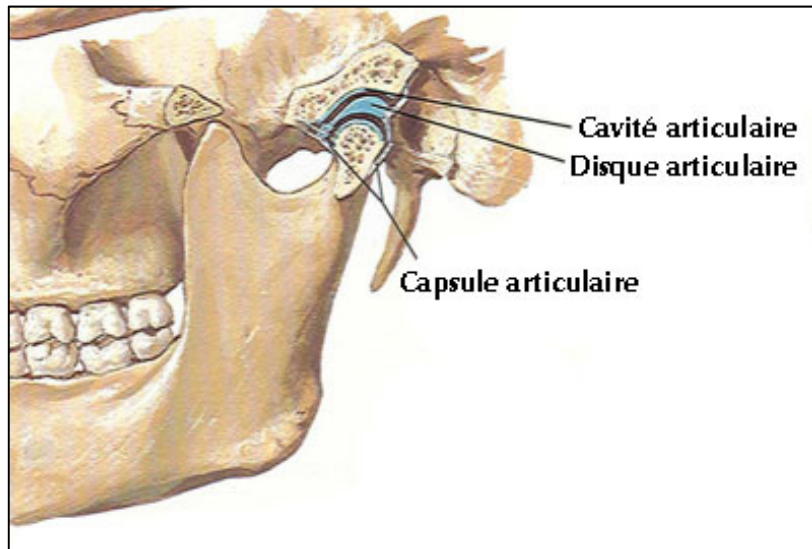


Figure 1.3 Articulation temporo-mandibulaire
Adaptée de Netter (1999 p. 11)

La mâchoire s'ouvre et se ferme, ce qui permet la mastication. Durant la mastication, les aliments sont coupés et broyés par les dents. Chez l'adulte, les arches dentaires comportent au total 32 dents. Les dents sont réparties de manière égale dans la partie inférieure et supérieure de la mâchoire. Les cavités servant de réceptacles aux dents sont disposées dans les processus alvéolaires maxillaires et mandibulaires. Les racines dentaires sont logées dans les alvéoles. Lorsqu'une dent est extraite, l'alvéole se comble et se résorbe progressivement. Quatre groupes de dents de formes différentes sont recensés : les incisives, les canines, les prémolaires et les molaires. La Figure 1.4 illustre la disposition des dents dans le maxillaire (partie gauche) et dans la mandibule (partie droite). Cette illustration montre également la forme en « U » de la mandibule et l'on peut y voir la symétrie existante dans les parties inférieures et supérieures de la mâchoire (adaptée de Netter 1999, planche 50).

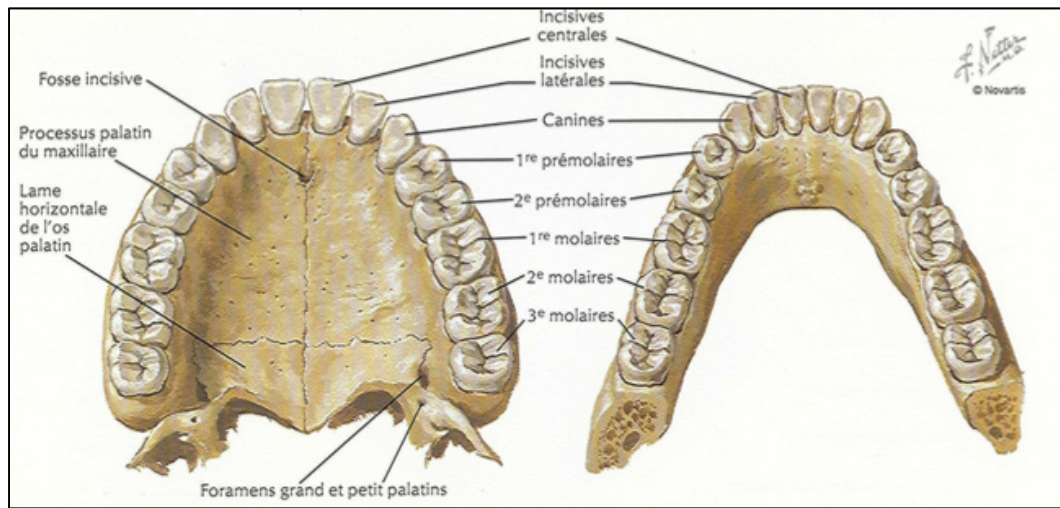


Figure 1.4 Dents supérieures et inférieures
Adaptée de Netter (1999 p. 51)

La Figure 1.5 permet de distinguer les différents types de dents (adaptée de Netter 1999, planche 51). Malgré de nombreuses similitudes, chaque dent possède sa propre morphologie en fonction de son type et de son implantation.

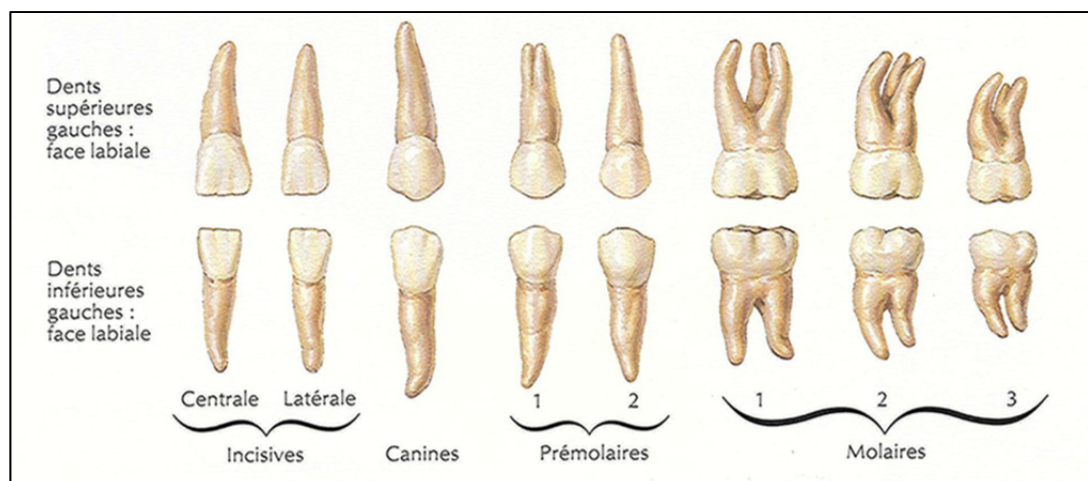


Figure 1.5 Typologie dentaire
Adaptée de Netter (1999 p. 51)

L'anatomie dentaire détaillée met en évidence les différentes parties qui forment une dent (adaptée de Netter 1999, planche 51). Il est possible de distinguer trois parties dentaires principales : la couronne, le collet et la racine. La couronne est la partie visible de la dent, elle est recouverte d'émail. Le collet est la partie intermédiaire de la dent qui est située entre la couronne et la racine. La racine, ou portion radiculaire, assure l'ancrage de la dent dans le processus alvéolaire de l'os qui la reçoit (maxillaire ou mandibule).

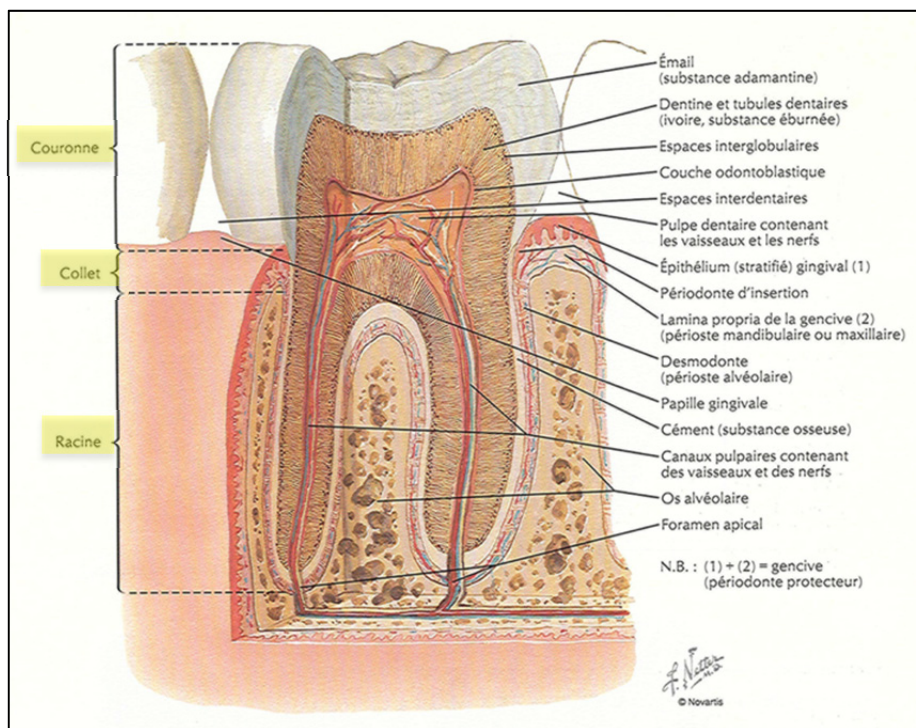


Figure 1.6 Anatomie dentaire
Adaptée de Netter (1999 p. 51)

Une dent est essentiellement composée de quatre types de tissus, l'émail, le ciment, la dentine et la pulpe (incluant les canaux pulpaux). Le ciment et l'émail sont présents en surface, la dentine occupe l'espace intermédiaire situé entre la pulpe et la surface dentaire. La pulpe, qui assure la vascularisation et l'innervation de la dent. La coupe présentée permet également de visualiser les espaces inter-dentaires qui sont circonscrits par la gencive (donc par l'os) et par une zone de contact inter-dentaire.

Plusieurs spécialités médicales s'intéressent au complexe dento-maxillo-facial, dont, entre autres, la médecine dentaire et la chirurgie buccale et maxillo-faciale. Dans l'une comme dans l'autre de ces spécialités, les approches thérapeutiques sont destinées à prendre en charge des pathologies bucco-dentaires, des traumatismes ou encore des corrections de dysmorphoses maxillo-faciales.

Concernant les traumatismes mandibulaires, quatre types de fractures sont identifiés pour la mandibule. Chacun de ces types peut être considéré comme simple ou complexe. Généralement, une fracture dite simple ne scinde l'os qu'en deux parties. Alors que la fracture complexe produit plusieurs fragments. La Figure 1.7 illustre les principales typologies de fractures mandibulaires (adaptées de AO Foundation, 2014).

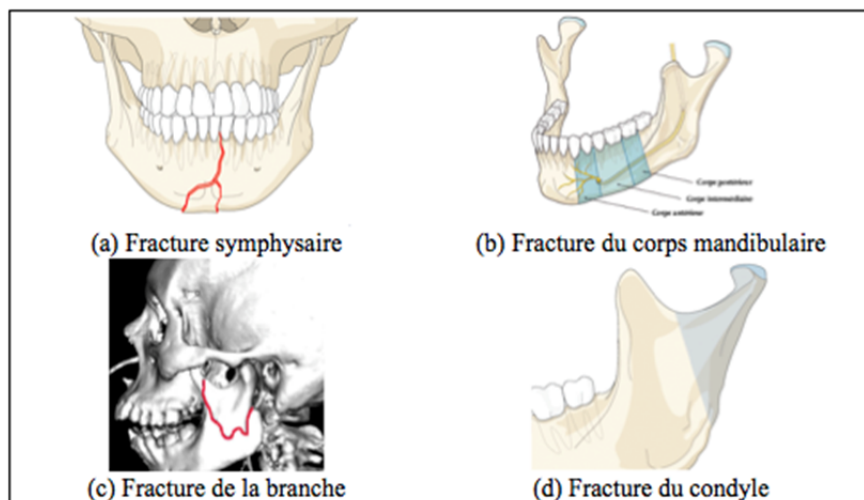


Figure 1.7 Typologies de fractures mandibulaires
Adaptée de AO Foundation, ressource en ligne

L'image (a) représente une fracture symphysaire complexe. L'image (b) permet de visualiser le second type de fracture mandibulaire, la fracture du corps qui se divise en trois catégories : antérieure, intermédiaire et postérieure. Cette image met en évidence les problèmes liés aux risques de lésions nerveuses et vasculaires associés aux fractures du complexe maxillo-mandibulaire. En effet, le canal mandibulaire est généralement touché par la fracture. Étant

donné qu'il contient des nerfs, des artères et des veines, des précautions particulières sont à prendre lors de la chirurgie. Le troisième type de fracture, la fracture de la branche (ramus), est illustré par l'image (c). Le dernier type de fracture mandibulaire intéresse la partie condyloire, image (d).

La structure osseuse du complexe dento-maxillo-mandibulaire possède des spécificités anatomiques qui peuvent être considérées comme complexes. En effet, la mandibule est un os dont la géométrie varie beaucoup; la forme alterne des surfaces planes continues avec de brusques changements géométriques. Ceci est particulièrement visible dans la région de la branche. Cette portion osseuse qui est relativement plane est surmontée en arrière du processus condyloire formé d'un rétrécissement (le col) et d'une surface sphérique (la tête). En avant, la branche se prolonge par le processus coronoïde qui est une surface acérée. Cette partie de la mandibule est fine et se prolonge avec le corps en faisant un angle marqué. La présence d'un processus alvéolaire contenant des fourreaux pour les racines dentaires (présents ou non) complexifie encore la géométrie de cette structure. D'autant plus que certains nerfs et vaisseaux cheminent au travers de canaux internes à la mandibule. Que ce soit dans le cadre de l'implantologie dentaire ou dans le cadre d'une intervention réparatrice, le geste chirurgical doit être posé en fonction d'une connaissance précise du site à opérer. Il est important pour les cliniciens d'obtenir une modélisation réaliste et précise de toutes ces spécificités anatomiques afin d'augmenter les chances de succès de l'opération. Toutefois, la complexité géométrique de cette région du corps humain couplée à sa forte variabilité interpersonnelle anatomique rend le processus de segmentation/modélisation de ces structures particulièrement difficile.

Au delà de ces spécificités structurelles et morphologiques, la boîte crânienne renferme un organe qui joue un rôle majeur dans la vie humaine : le cerveau. Cet organe fait l'objet de multiples recherches médicales s'appuyant notamment sur des acquisitions IRM nécessitant des segmentations et des modélisations spécifiques.

1.1.2 Étude anatomique cérébrale

Le cerveau, siège de nos émotions, responsable de nos actions conscientes et inconscientes est un organe dont le fonctionnement ne reste que partiellement connu. Son organisation structurelle et fonctionnelle rend la compréhension des mécanismes cérébraux difficiles. Afin d'appréhender cette complexité, ce paragraphe présente une étude anatomique succincte des principales structures et sous-structures cérébrales en lien avec le sujet développé dans le cadre de ce travail de thèse.

La morphologie externe du cerveau présente trois éléments principaux: les hémisphères cérébraux, le cervelet et le tronc cérébral. Les deux hémisphères sont des structures quasi symétriques qui sont principalement reliées par le corps calleux. La symétrie cérébrale s'effectue par rapport au plan sagittal-médian. La Figure 1.8 représente une vue latérale gauche du cerveau, l'hémisphère gauche, le cervelet et le tronc cérébral (métencéphale et myélencéphale) y sont illustrés (adaptée de Dillenseger 2012, p. 7).

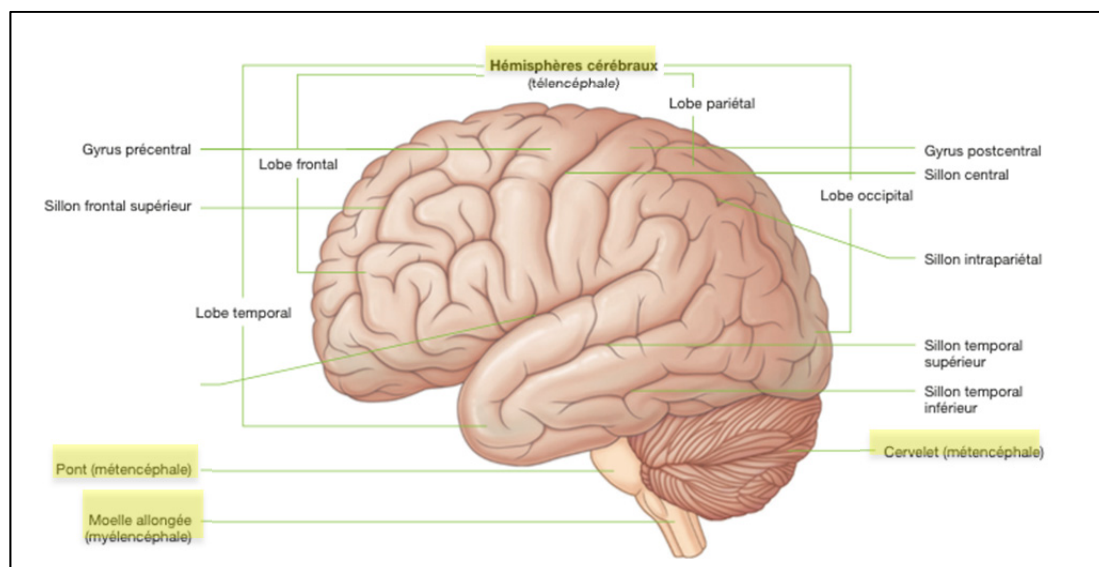


Figure 1.8 Vue latérale gauche du cerveau
Adaptée de Dillenseger (2012, p. 7)

Le cervelet est situé dans la partie inférieure du crâne, dans la fosse crânienne postérieure. La Figure 1.9 permet de visualiser la partie postérieure du crâne qui abrite le cervelet. Le cervelet présente une symétrie identique à celle des hémisphères (adaptée de Dillenseger 2012, p. 6).

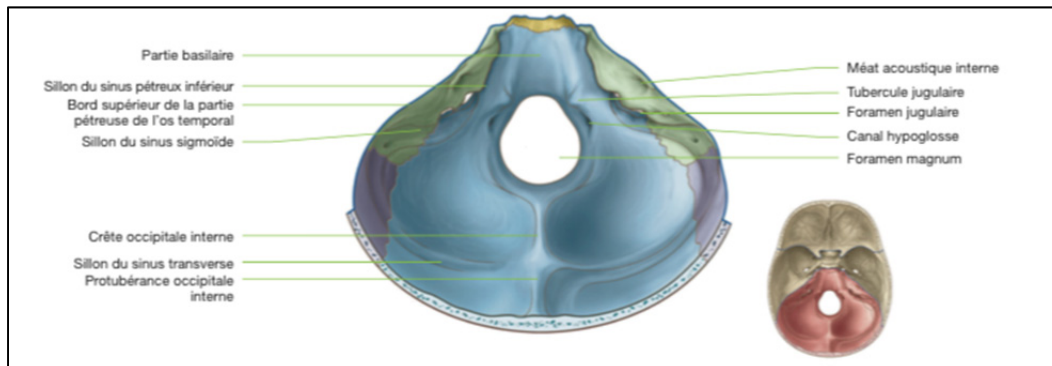


Figure 1.9 Fosse crânienne postérieure
Adaptée de Dillenseger (2012, p. 6)

Le tronc cérébral est situé sous les hémisphères selon un plan axial. Il constitue le départ de la moelle épinière. La Figure 1.10 représente une coupe sagittale médiane du tronc. Cette coupe permet de voir la forme tubulaire de cette structure et de situer sa position par rapport au cervelet (adaptée de Dillenseger 2012, p. 9).

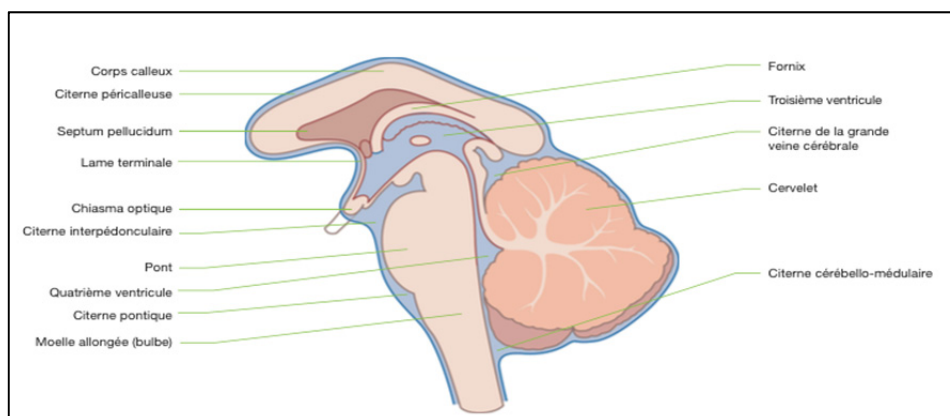


Figure 1.10 Coupe sagittale médiane
Adaptée de Dillenseger (2012, p. 9)

Le cerveau est entouré d'un liquide appelé, liquide céphalorachidien (LCR). Ce liquide, permet entre autres d'amortir d'éventuels chocs préjudiciables au cerveau, il assure aussi l'évacuation des déchets organiques produits par le cerveau et sert également, dans une certaine mesure, aux échanges nutritifs avec le tissu nerveux. La circulation du LCR se fait au travers des ventricules. La Figure 1.11 illustre l'agencement des ventricules dans l'encéphale. L'image (a) est une vue antérieure qui permet de voir la symétrie du système ventriculaire. L'image (b) est une vue latérale du système ventriculaire (adaptée de Dillenseger 2012, p. 8).

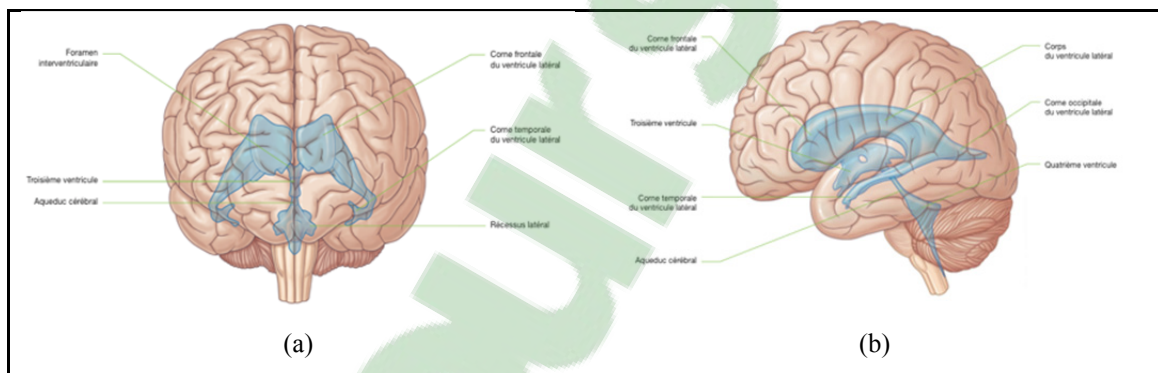


Figure 1.11 Ventricules encéphaliques
Adaptée de Dillenseger (2012, p. 8)

Le cerveau est principalement constitué de deux types de substances, la substance blanche et la substance grise. La substance blanche est essentiellement composée d'axones et de myéline et est située dans la partie centrale du cerveau. La substance grise est principalement située en périphérie cérébrale. Cette dernière est à l'origine d'autres structures cérébrales d'intérêt comme l'hippocampe ou les noyaux gris centraux. Ces éléments sont situés dans la partie la plus centrale de l'encéphale. Il est également important de noter que la plupart de ces structures sont symétriques dans le cerveau. La Figure 1.12 est une représentation des composantes des noyaux gris centraux, permettant de voir les variations morphologiques et la contiguïté de ces éléments (adaptée de Dillenseger 2012, p. 16).

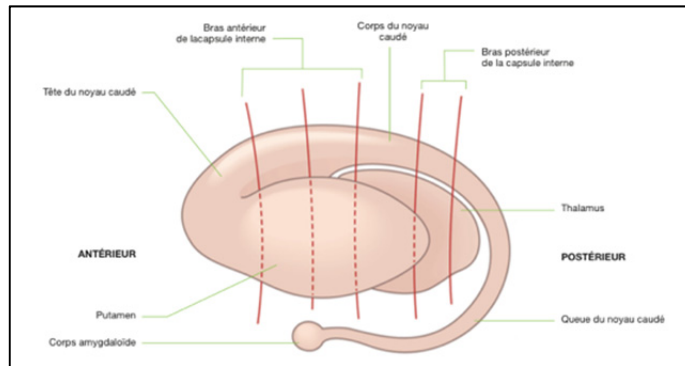


Figure 1.12 Noyaux gris centraux
Adaptée de Dillenseger (2012, p. 16)

L'hippocampe et l'amygdale présentent également des particularités neurologiques suscitant un grand intérêt clinique. Ces deux structures sont également présentes de manière symétrique dans chaque hémisphère. La Figure 1.13 présente un point de vue anatomique permettant de visualiser la morphologie de l'hippocampe et de l'amygdale en (a). La coupe présentée en (b) permet de localiser l'hippocampe (adaptée de Netter 1999, planche 111). Ce qui permet encore de voir la contiguïté avec les autres structures d'intérêt (ventricule, noyau caudé).

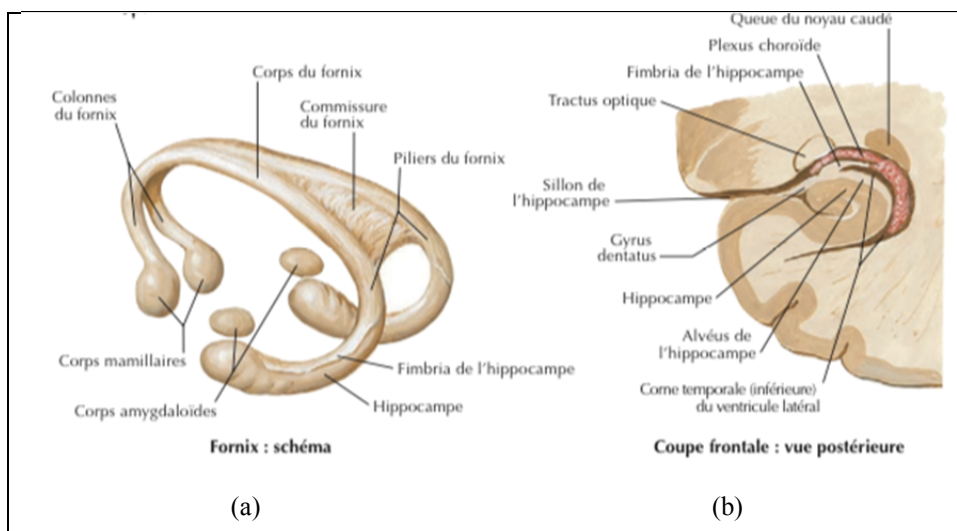


Figure 1.13 Hippocampe et amygdale
Adaptée de Netter (1999, p. 111)

La Figure 1.14 représente une dissection cérébrale qui permet de visualiser la morphologie et la localisation des structures précédemment citées (adaptée de Netter 1999, planche 111). Outre la mise en évidence de l'intrication des structures, cette dissection permet de voir le positionnement de l'hippocampe par rapport aux ventricules cérébraux. Les ventricules englobent l'hippocampe, l'amygdale et sont en lien avec les noyaux gris centraux.

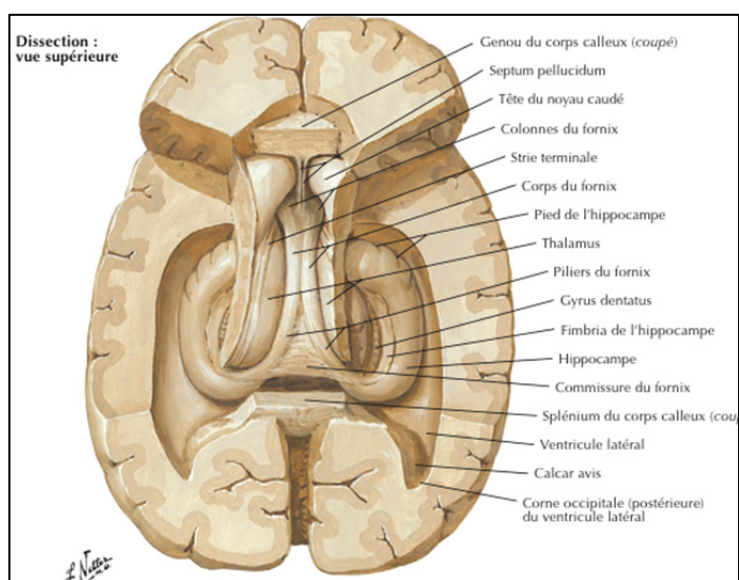


Figure 1.14 Dissection: vue supérieure
Adaptée de Netter (1999, p. 111)

Cette particularité anatomique est visible sur la Figure 1.15 (adaptée de Netter 1999, planche 107). Cette coupe coronale met en évidence la contiguïté entre les ventricules et les structures d'intérêt. La partie haute du ventricule est proche d'une portion du corps fornix et du corps du noyau caudé. Le noyau lenticulaire est circonscrit par la portion haute et basse du ventricule latéral. De plus, l'adhérence interthalamique (lien entre le thalamus gauche et droit) est située dans le troisième ventricule. Le corps de l'hippocampe débute là où commence la corne occipitale postérieure du ventricule latéral. Ces particularités anatomiques seront reprises et développées dans les prochains chapitres de cette thèse.

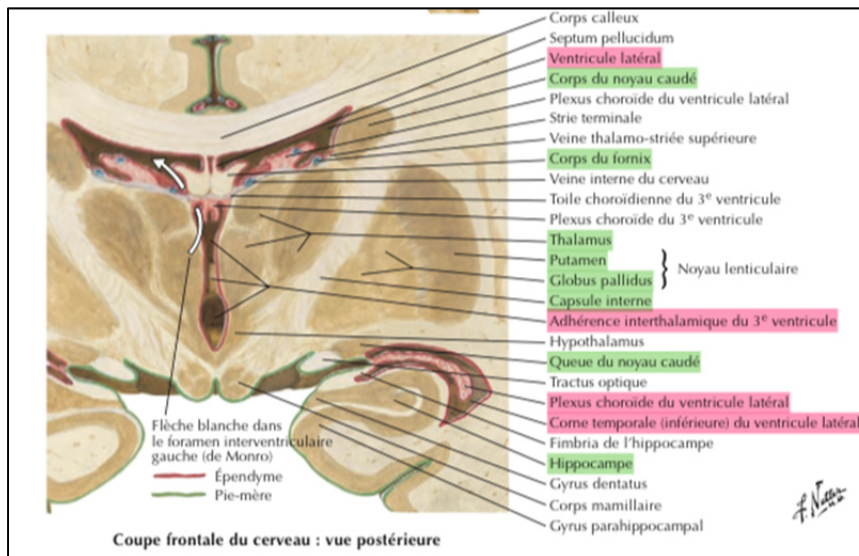


Figure 1.15 Coupe anatomique coronale
Adaptée de Netter (1999, p. 107)

L'anatomie interne du cerveau, peut être qualifiée de complexe. En effet, les divers organes, même s'ils présentent des formes douces et arrondies, sont imbriqués les uns avec les autres. Distinguer leurs positionnements et leurs formes en trois dimensions est un exercice difficile.

Toutefois, la position, la forme et la volumétrie de ces éléments présentent des intérêts cliniques majeurs. Ces organes sont donc au cœur d'un grand nombre de recherches médicales. La variation volumétrique est un critère décisionnel et prévisionnel primordial dans la prise en charge des patients. Selon une étude menée par Morris (2001), la maladie d'Alzheimer est présente dans 85% des cas lorsque les patients présentent des troubles cognitifs légers. L'un des marqueurs précoces de l'apparition de la maladie d'Alzheimer est l'atrophie de l'hippocampe (Braak 1993). En 2006, Rhida publie une étude sur un suivi de 41 patients qui met en évidence la corrélation entre la progression de la maladie d'Alzheimer et l'atrophie cérébrale (Rhida 2006). Les mesures volumétriques ont été obtenues en utilisant des techniques manuelles de détourage de l'hippocampe de résonnance magnétique. En effet, de par sa structure organique, le cerveau est principalement imagé en IRM. L'IRM repose sur le principe de résonnance magnétique nucléaire. L'application d'un champ magnétique de grande intensité aux protons d'hydrogène présents dans le corps en modifie le spin. Puis l'émission d'une onde radio provoque une variation locale des spins des organes d'intérêt. La

mesure de cette variation permet d'imager l'organe tel qu'illustré par la

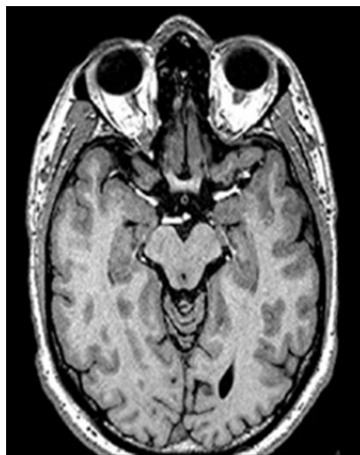


Figure 1.16.

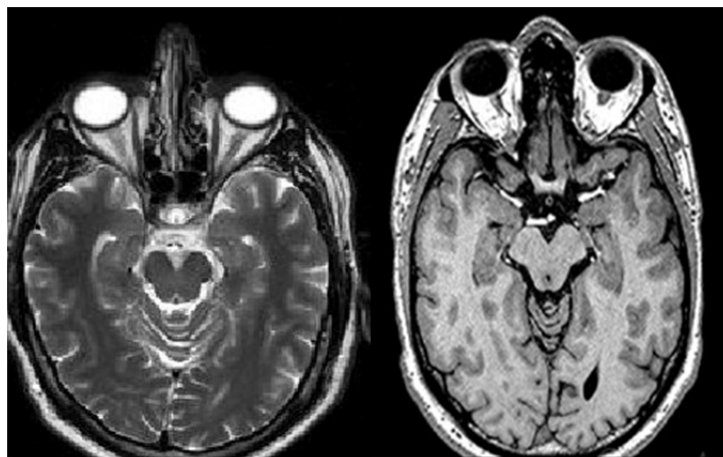


Figure 1.16 Image IRM T1 et T2

L'utilisation d'un agent de contraste permet de modifier les images T1 afin de mettre en évidence le système vasculaire du patient (Figure 1.17).

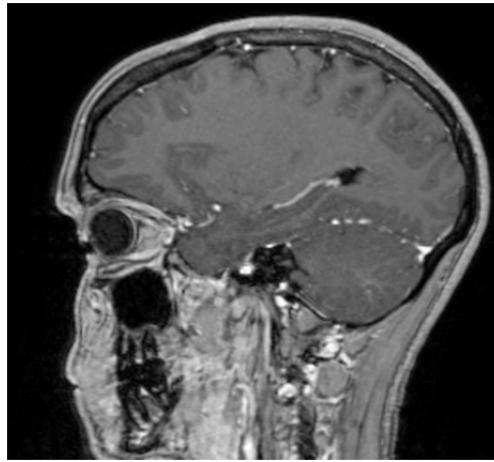


Figure 1.17 Agent de contraste

En fonction du but recherché, divers protocoles d'acquisitions peuvent être utilisés. L'IRM fonctionnelle permet, par exemple, de localiser les différentes zones cérébrales impliquées dans la parole ou la vision. Les connexions neuronales sont visualisées par tractographie. Imager le cerveau permet également de poser un diagnostic fiable. En cancérologie par exemple, la planification d'une intervention chirurgicale requiert la connaissance précise de la localisation et de l'évolution tumorale. La fiabilité de ces actions dépend donc de la qualité des outils disponibles pour localiser et extraire (segmenter) les structures cérébrales d'intérêt. À l'heure actuelle, la segmentation d'images neurologiques repose presque essentiellement sur des techniques manuelles ou sur des techniques basées sur des atlas de données statistiques. Dans les deux cas de figure, des restrictions importantes peuvent limiter la fiabilité clinique du processus. Dans le cas de segmentations manuelles, les détourages sont faits image par image, il est donc souvent difficile d'obtenir une cohérence 3D en travaillant sur un support 2D. Ce problème est contourné par des méthodes automatiques ou semi-automatiques qui opèrent en 3D. Cependant, ces méthodes, lorsqu'elles reposent sur des bases de données statistiques, peuvent être inefficaces si le sujet présente une pathologie ou si l'anatomie considérée diverge des modèles statistiques présents dans le système.

De manière générale, la segmentation d'images médicales est en enjeu pour la pratique clinique actuelle et future. De nombreux outils existent déjà, plusieurs grandes familles de techniques de segmentation sont disponibles et permettent de réaliser des modélisations

fiables. Malheureusement, ces techniques présentent parfois des limitations qui rendent impossible leur utilisation dans le cadre de structures anatomiques complexes. Le paragraphe suivant présente certaines de ces techniques avec leurs forces et leurs faiblesses.

1.2 La segmentation de données médicales

L'acquisition d'images médicales par les divers imageurs disponibles actuellement permet aux praticiens de visualiser des organes d'intérêt de manière non invasive. Cette visualisation est utilisée pour poser un diagnostic, effectuer un geste chirurgical ou pour procéder au suivi de l'état de santé d'un patient. En fonction de la pathologie ou des organes d'intérêt, il est parfois difficile de poser un geste médical fiable en se basant uniquement sur la visualisation d'une image médicale. En effet, la visualisation seule ne permet pas de distinguer avec précision les limites des organes ni d'en prendre une quelconque mesure. Il convient donc de procéder à la délimitation des organes d'intérêt dans les données médicales acquises. Cette délimitation est appelée segmentation. La segmentation est un procédé qui peut être manuel, semi-automatique ou automatique.

Dans le cadre d'une approche manuelle, un opérateur délimite les frontières des organes ciblés à l'aide d'outils de pointage comme la souris. Sur chaque image disponible, le praticien « dessine » le contour de l'organe à l'aide de sa souris. Cette opération longue et fastidieuse est sujette à erreur. Les résultats et la précision peuvent être variables d'un opérateur à l'autre. Pour faciliter ce travail, certaines aides ont été mises au point. Ces aides permettent par exemple une correction automatique du contour dessiné (Barret 1997) en modifiant le tracé pour le faire coïncider avec un gradient d'intensité proche du curseur de la souris. Cette approche peut être vue comme une segmentation manuelle assistée. Ce type d'outil introduit une aide relativement efficace. Toutefois il est important de noter que ces systèmes ne sont pas extrêmement fiables, car la correction automatique du contour peut être faussée par divers éléments présents dans l'image segmentée. Par exemple, la présence d'un fort gradient n'appartenant pas à l'organe d'intérêt peut induire une erreur locale majeure dans la délimitation de la frontière souhaitée.

Les techniques semi-automatiques ou automatiques sont préférées aux approches manuelles (ou manuelles-assistées). Généralement une segmentation semi-automatique requiert l'intervention d'un utilisateur en début de processus. Il est en effet courant de spécifier au système un ou plusieurs points de repère permettant une initialisation adéquate des algorithmes de segmentation. Ces points initiaux peuvent être soit des points appelés « germes » (*seed* en anglais). Ces germes peuvent être les points de départ d'un accroissement de région (*region growing* en anglais) (Pohle 2001) ou bien être des points sources et puits (*sink* en anglais) d'un processus de *Graph-Cut* (Boykov 2000). Dans le cadre de méthodes de segmentation basées sur des modèles déformables telles que les *Active Shape Models* (ASM) (Cootes 1992) ou des méthodes basées sur des calculs de surfaces et chemins minimaux (Chav 2009, 2010), les points initiaux permettent de prépositionner le modèle à déformer. Lorsque les points requis par le système ont été initialisés par l'opérateur, le système procède à la segmentation de l'organe ciblé.

Les systèmes automatiques peuvent être vus comme des systèmes semi-automatiques auxquels l'étape d'initialisation a été automatisée. Cette automatisation est rendue possible en utilisant par exemple des algorithmes de reconnaissance de forme (*pattern recognition* en anglais). La reconnaissance de certains objets peut permettre de situer approximativement des points d'intérêt dans les données. Ces points peuvent être utilisés comme points de départ des méthodes de segmentation semi-automatiques.

Selon le type de données et le type de méthode de segmentation utilisé, les résultats obtenus peuvent être de nature différente. Dans le cadre de méthodes sans connaissances a priori telles que les méthodes d'accroissement de région, le résultat obtenu sera un ensemble de pixels en deux dimensions ou un ensemble de voxels en trois dimensions. Dans le cadre d'une méthode utilisant un modèle a priori, généralement représenté par un ensemble de triangles et de sommets (modèle maillé), le résultat obtenu est un modèle maillé. Cette différence qui peut paraître négligeable peut néanmoins avoir un impact sur la précision des résultats obtenus. Si la segmentation résulte en un ensemble de voxels et qu'il est nécessaire

de transformer cet ensemble de voxels en modèle maillé, il conviendra de procéder une opération subséquente de type calcul d'isosurface. Même si cette opération est quelque peu éloignée de la segmentation, elle peut en modifier la précision et son processus doit en être maîtrisé le cas échéant, car ce sont généralement les modèles maillés qui sont utilisés dans le cadre de calcul de volumétrie et/ou pour un rendu 3D réaliste (i.e. réalité augmentée).

1.2.1 Les méthodes semi-automatiques de segmentation

En matière de segmentation d'images médicales, les méthodes semi-automatiques sont les méthodes les plus développées. Elles offrent l'avantage de restreindre les actions requises pour l'initialisation, ce qui réduit drastiquement la quantité de travail à fournir pour segmenter des données. De plus, l'initialisation manuelle est une étape facilitant le développement de la méthode de segmentation puisque les informations nécessaires au système pour segmenter l'image sont fournies par l'utilisateur et ne sont pas à calculer. Néanmoins, il est bon de souligner que les actions requises, aussi minimales soient-elles, peuvent induire une variabilité inter et intra-utilisateur.

Les méthodes semi-automatiques de segmentation peuvent être classées en deux grandes familles :

1. Les méthodes sans connaissances a priori
2. Les méthodes avec connaissances a priori

Dans le domaine de la segmentation d'image, la connaissance a priori peut être vue comme un ou plusieurs éléments contenant une ou des informations sur l'objet à segmenter. Ces informations peuvent être de plusieurs natures et être implantées dans le système de plusieurs manières.

1.2.2 Méthodes de segmentation sans connaissances a priori

1.2.2.1 Accroissement de région ou *Region Growing*

La segmentation par accroissement de région (*region growing* en anglais) est la méthode de segmentation la plus intuitive et la plus facile à mettre en œuvre. Cette méthode semi-automatique nécessite deux paramètres initiaux, le ou les points sources (*seed* en anglais) et un critère d'homogénéité. À partir de ces deux critères, le système recherche de manière itérative tous les pixels (ou voxels) connectés aux points initiaux sélectionnés dont l'intensité correspond au critère d'homogénéité spécifié. Pour une image donnée, soient, S l'ensemble des pixels sélectionnés par l'utilisateur, P l'ensemble des pixels de l'image différents de S , P_i l'ensemble des intensités des pixels de P , S_i l'ensemble des intensités de chaque pixel de S , μ_{S_i} la moyenne des intensités S_i et σ_{S_i} l'écart type la distribution d'intensités S_i . Un critère d'homogénéité h pourrait s'exprimer de la manière suivante :

$$h(P, S, \mu_{S_i}, \sigma_{S_i}) = \begin{cases} 1, & \text{si } \mu_{S_i} - \sigma_{S_i} < P_i < \mu_{S_i} + \sigma_{S_i} \\ 0, & \text{sinon} \end{cases} \quad (1.1)$$

Adaptée de Pohle (2001, p.2).

Des versions plus évoluées de cette approche tentent d'adapter le critère d'homogénéité durant le processus de segmentation en utilisant des données collectées pour raffiner les résultats obtenus. Certaines approches consistent à faire varier le critère d'homogénéité pour obtenir plusieurs segmentations pour inférer le critère d'homogénéité qui serait le plus adapté (Law 2000). Toutefois, l'accroissement de région demeure un outil de segmentation imprécis et ne peut convenir dans le cadre de l'utilisation clinique. Les segmentations obtenues peuvent être erronées et très éloignées de l'organe d'intérêt. Un critère d'homogénéité trop permissif peut conduire à sélectionner des pixels (ou voxels) situés à l'extérieur de l'organe ciblés si l'accroissement de région « déborde » des frontières de l'objet à segmenter. À

l'inverse, si le critère d'homogénéité est trop restrictif, l'accroissement de région ne s'étendra pas suffisamment et le résultat sera tronqué et la segmentation en sera faussée.

En parallèle des techniques fondées sur l'accroissement de région et particulièrement sur l'utilisation d'un critère d'homogénéité, des techniques de segmentation sans connaissances a priori ont été développées. Ces techniques sont basées sur l'évolution d'une courbe à l'intérieur d'une image pour déterminer la frontière d'un objet d'intérêt et sont appelées les contours actifs.

1.2.2.2 Contours actifs : principe général

La segmentation par contour actif est devenue très populaire durant la dernière décennie. Cette approche est basée sur la déformation de contours qui viennent épouser la forme de l'objet d'intérêt. Deux grandes familles d'algorithmes existent pour aborder ce type de segmentation, les *snakes* et les *level set*. Les *snakes* utilisent certains critères de minimisation d'énergie pour déterminer le contour de l'objet, alors que les *level-set* ajoutent une dimension supplémentaire au problème pour résoudre l'enjeu de segmentation.

Généralement, ces techniques utilisent un détecteur de contour basé sur le gradient de l'image. Il est également possible d'utiliser une approche basée sur les régions de l'image.

1.2.2.3 Snakes

L'idée originelle des *snakes* a été proposée par Kass *et al.* (1987). Le nom de ce modèle vient de l'apparence de l'évolution du contour pour déterminer la forme; cette progression suggère le mouvement d'un serpent. Le contour qui se meut de la sorte est une courbe (*spline*) soumise à des contraintes internes et externes d'énergie. La contrainte interne permet à la forme de garder un contour lisse et adouci. La contrainte externe est exercée pour approcher le *snake* du minimum local recherché et donc de retrouver la forme d'intérêt (Kass 1987). La position du snake peut être représentée par :

$$v(s) = (x(s), y(s)) \quad (1.2)$$

où v est le contour du *Snake* dont les coordonnées sont x et y et la fonction d'énergie qui lui est associée est

$$E_{snake}^* = \int_0^1 E_{snake}(v(s)) \quad (1.3)$$

$$E_{snake}^* = \int_0^1 E_{int}(v(s)) + E_{image}(v(s)) + E_{con}(v(s)) ds$$

où :

E_{int} est l'énergie interne de la spline,

E_{image} est l'énergie des forces de l'image

E_{con} sont les contraintes à appliquer

adaptée de Kass *et al.* (1987)

L'énergie interne est contrôlée par une fonction spécifique paramétrée selon le contexte. L'énergie des forces de l'image peut être vue comme la capacité d'une partie de l'image à attirer le *snake*. L'attraction peut être basée sur les lignes claires ou sombres ou encore sur les contours (*edges*). La méthode s'appuie principalement sur le gradient de l'image. Le principe des *snakes* est très utile pour la segmentation d'image. Son application à l'imagerie médicale est réalisable principalement en 2D. Dans le cas de données volumiques issues d'acquisitions CT-Scan, il convient alors d'appliquer la technique tranche par tranche. Toutefois, dans ce cas-ci, une partie de l'information est perdue, puisque le système ne considère les données qu'en deux dimensions. En effet, la continuité d'un objet entre deux tranches est ignorée, ce qui peut entraîner une perte d'homogénéité de la surface recherchée. De plus, un artefact présent sur une tranche peut induire une erreur de segmentation de la tranche. En considérant l'ensemble du volume de données, ce type d'erreur peut être évité. Schmitter propose d'utiliser un *snake* basé sur une courbe 3D paramétrique pour segmenter sans atlas la surface cérébrale (Schmitter 2014). L'auteur crée un filtrage rotatif adapté (*steerable filters*) afin de mettre en évidence les caractéristiques 3D nécessaires à la détection de la surface cérébrale.

Cette détection est raffinée, puis le cortex est segmenté par minimisation d'énergie d'une surface paramétrique 3D. La Figure 1.18 en illustre les résultats obtenus.

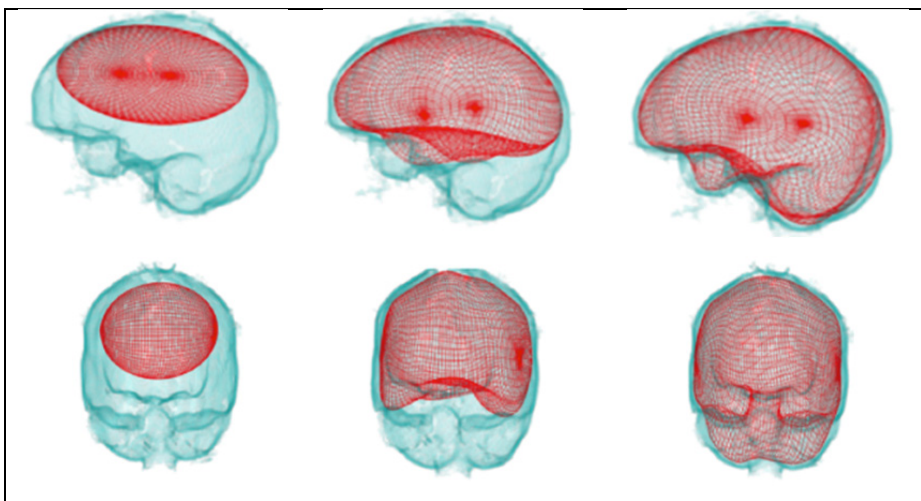


Figure 1.18 Segmentation corticale
Adaptée de Schmitter (2014)

1.2.2.4 Les Level Sets

Les *level-Set* correspondent à une variante des contours actifs, ils reposent sur le principe de propagation de front. Cette technique repose sur les travaux initiaux de Stanley Osher et James A. Sethian (Osher 1988). Il s'agit principalement d'un algorithme numérique, appelé *Fast Marching*, de calcul de propagation de front dont la vitesse de mouvement est dépendante de la courbure (Ibid). L'image (a) de la Figure 1.19 illustre la propagation d'un front selon les directions normales à la surface de la courbe (Ibid). Si l'on suppose que la surface blanche est délimitée par le contour noir qui en symbolise l'interface avec la surface bleue, chaque point de l'interface se meut le long de sa normale à une vitesse F . Toutefois, en fonction de la surface bleue, cette vitesse peut être modifiée. En effet, la surface bleue peut, par exemple, comporter des aspérités qui modifient localement l'avancement d'un des points de l'interface. Définir le mouvement de cette interface en tenant compte de ce type de paramètre peut devenir complexe. L'idée sous-jacente aux *Level-Set* est de s'abstraire d'une paramétrisation complexe en ajoutant une dimension au référentiel du problème. L'image (b)

de la Figure 1.19 illustre la propagation d'un front d'une courbe circulaire dans le plan (Ibid). Les level-sets permettent de définir la propagation de ce front en le voyant comme une courbe de niveau de la surface 3D (partie droite de l'illustration) qui correspond à la courbe 2D. Pour ce faire, on détermine le niveau zéro, qui correspond à l'intersection de la courbe 3D d'équation $z - \Phi(x, y) = 0$ avec le plan $z = 0$.

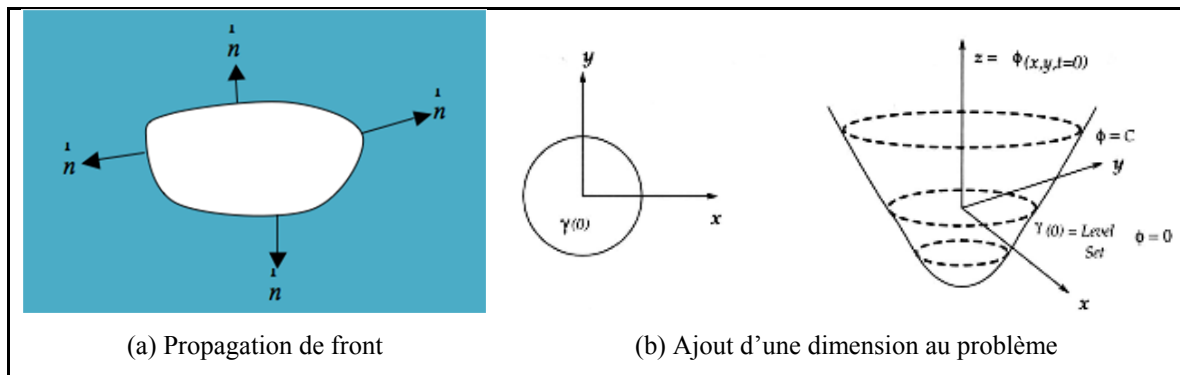


Figure 1.19 Principe des *Level-Sets*

Les *Level-Set* sont des outils très polyvalents. La déclinaison de ce type d'approche en trois dimensions en a fait une technique de choix pour la segmentation en imagerie médicale. En particulier pour le développement de techniques de segmentation dans le domaine dento-maxillo-facial. Les travaux d'application de cette technique les plus significatifs dans ce domaine sont ceux de Gao (Gao *et al.* 2008 et 2010). Pour obtenir un résultat satisfaisant, les auteurs utilisent une minimisation de l'énergie basée sur le gradient. La contiguïté des dents leur impose d'utiliser deux fonctions de *Level-Set* afin d'éviter une mauvaise segmentation de la dent due à un débordement du front dans une dent adjacente lors de l'étape de propagation du front. Il est donc nécessaire lors de l'initialisation du processus d'indiquer un contour appartenant à la dent recherchée et un contour de la dent voisine. Ils utilisent le principe de compétition de région pour minimiser la zone de contact inter dentaire. La Figure 1.20 (ibid.) illustre le principe de compétition de région entre deux structures adjacentes. L'étape (a) représente l'initialisation. Les 2 objets d'intérêts sont représentés par la forme arrondie blanche. Les formes grises incluses dans les objets d'intérêt représentent les contours initiaux. En (b) et (c), les contours évoluent selon les principes de minimisation

d'énergie et de compétition de région pour révéler 2 morphologies cohérentes et distinctes en (d).

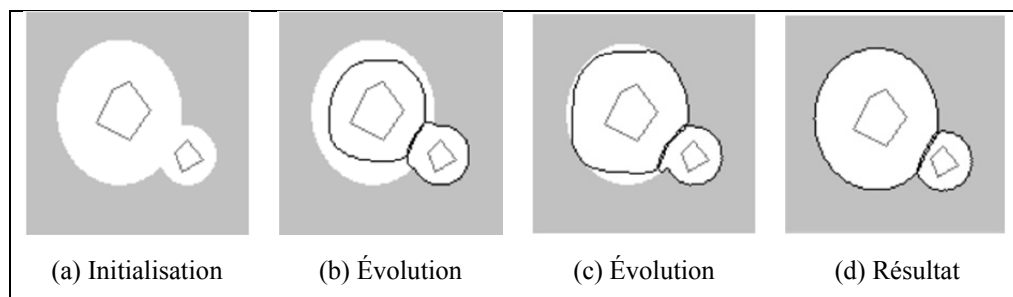


Figure 1.20 Délimitation de contours adjacents
Tirée de Gao (2010)

L'application de cette méthode sur des images CT (à haut contraste) permet d'obtenir de bons résultats de segmentation dentaire, (Figure 1.21 l'illustre (ibid.)).

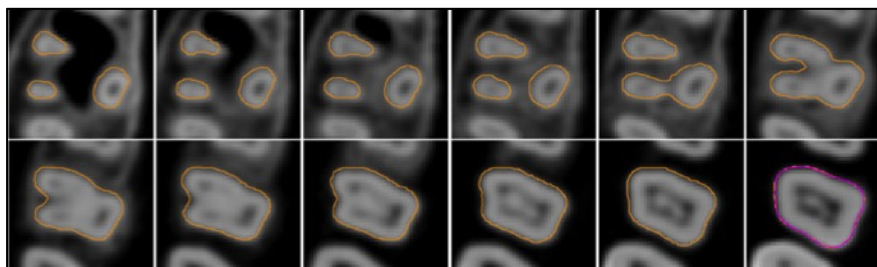


Figure 1.21 Segmentation dentaire à partir d'images CT
Tirée de Gao (2010)

Toutefois, l'emploi de contours actifs nécessite des précautions particulières pour éviter le débordement dans des objets contigus et éviter de faux résultats. L'auteur souligne également que l'initialisation requiert la sélection de points dans chaque dent sur une image avec des caractéristiques spécifiques pour que l'algorithme soit automatique et robuste.

Afin d'améliorer les résultats obtenus sans connaissances statistiques, certains auteurs ont pris le parti de contraindre les segmentations à l'aide de données anatomiques générales.

1.2.2.5 Approches par contraintes anatomiques

Pour pallier les faiblesses de son approche, Gao propose une amélioration méthodologique (Gao 2014). En tenant compte de l'anatomie dentaire, toujours à l'aide d'une méthode semi-automatique, il décompose son processus en plusieurs sous-étapes. La première repose sur l'approche préalablement décrite qui devient une pré-segmentation. Les résultats de cette étape deviennent les intrants d'une étape subséquente de détection d'erreur de segmentation basée sur l'anatomie dentaire. Ce raffinement permet d'interpoler une surface dentaire qui devient une contrainte de la segmentation finale basée sur les *Level-Sets*. Cette segmentation hybride permet à l'auteur d'obtenir de bons résultats sur des images CT comportant du bruit et/ou ayant un faible contraste. En utilisant les spécificités anatomiques dentaires, Gao parvient à améliorer son processus de segmentation. L'approche anatomique est poussée plus loin par Barone (2015). L'auteur parvient à déterminer l'axe principal et les surfaces des dents présentes dans un volume CBCT. La méthode semi-automatique est décrite par la Figure 1.22 et nécessite une initialisation manuelle. Cette initialisation consiste en la création de courbes représentant l'arche dentaire. Grâce à ces informations, l'auteur génère une représentation panoramique de la mâchoire (image b). L'exploitation de ce panoramique garantit un repérage global des dents présentes (images c, d et e). Puis le système procède à diverses opérations de correspondances qui ont pour but la détermination de l'axe principal de chaque dent (image f). Cette information anatomique essentielle à la segmentation permet à l'auteur de créer une modélisation dentaire réaliste par projections de type *MIP* par rotation autour l'axe principal (image g). Grâce à ces projections, l'auteur parvient à générer des segmentations de dents mono-radiculaires (image h).

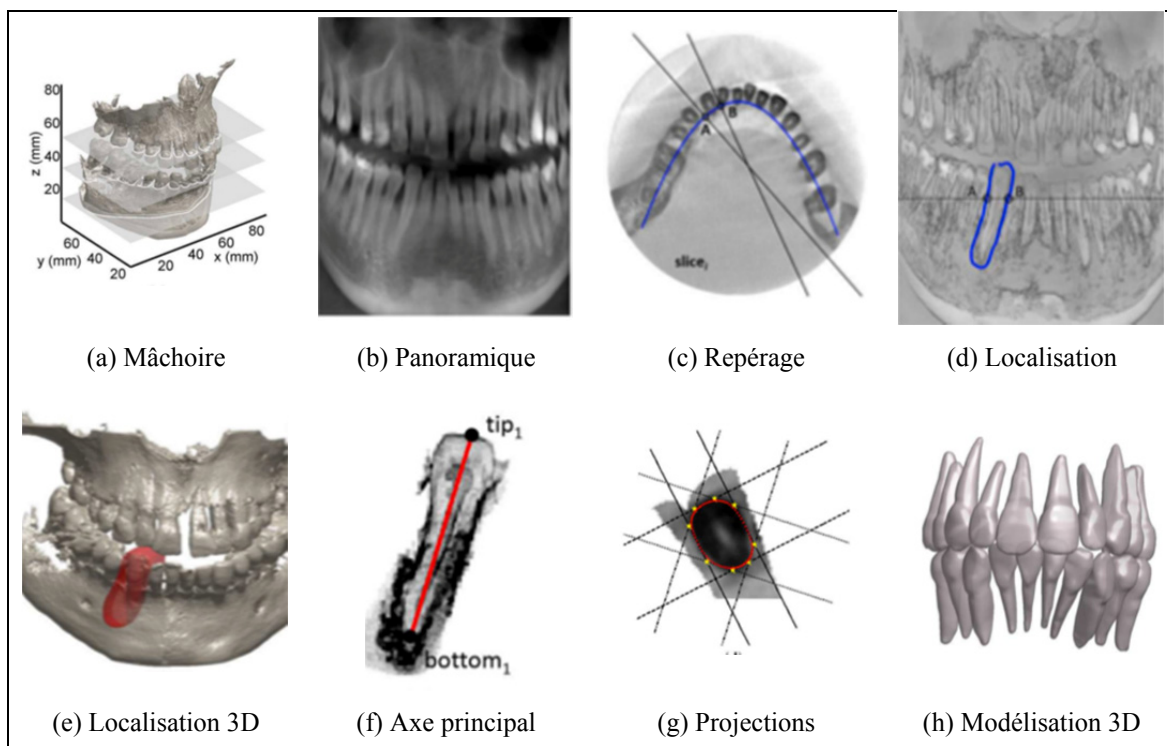


Figure 1.22 Segmentation anatomiquement contrainte
Adaptée de Barone (2015)

L'ajout de contraintes anatomiques améliore grandement les procédés sans connaissances a priori. Ces travaux illustrent bien les forces et les faiblesses inhérentes à ces techniques. Les contours actifs ne nécessitent pas de connaissances a priori de l'objet à segmenter. Il n'est donc pas nécessaire de disposer d'un grand nombre de données ni de passer du temps à générer une base de données statistique. Le système collecte et interprète les informations disponibles dans l'image pour évoluer vers la solution qui est la plus satisfaisante du point de vue des critères de propagation. L'inconvénient de cette approche réside dans les risques de débordements du contour dans une zone qui n'appartient pas à l'objet ciblé. Il est possible de minimiser l'apparition de ce type de débordements en ajoutant manuellement des contraintes durant la phase d'initialisation. Le manque de robustesse des contours actifs réside dans le trop grand degré de liberté du système. Ce manque de robustesse sera d'autant plus flagrant que les images à traiter seront faiblement contrastées. En effet, pour converger vers une solution, les contours actifs utilisent généralement des méthodes de minimisation d'énergie

basée sur le gradient. Or le gradient d'une image faiblement contrastée est difficilement exploitable ce qui peut grandement fausser les résultats de segmentation.

1.2.3 Méthodes de segmentation avec connaissances a priori

Les approches reposant sur l'utilisation de connaissances a priori règlent généralement les problèmes imputables aux méthodes décrites précédemment. Les formes, les déplacements, les déformations, ainsi que les intensités (ou textures) anatomiquement admises sont déterminées à l'aide de données d'entraînement. La collecte et le regroupement de ces informations produisent la base de données statistique qui va contraindre le système à générer une segmentation représentative de l'organe ciblé. Plusieurs variantes de cette approche existent, la suite de cette section en décrit quelques-unes.

1.2.3.1 Les modèles déformables

Les modèles déformables reposent sur l'utilisation d'une forme a priori et sur les variations statistiques qu'elle peut subir. Ce modèle générique est déformé de manière itérative afin de correspondre à l'objet ciblé. La méthode la plus connue exploitant ce principe est l'*Active Shape Model* ou ASM (Cootes 1992). L'ASM utilise un Modèle de Distribution de Points (PDM) situés à la surface ou à l'intérieur de l'objet de référence. Ce modèle représente l'ensemble des positions moyennes des points de références ainsi que leurs variations dans l'espace. La création du PDM nécessite une base de données de formes sur lesquelles les statistiques sont calculées. La Figure 1.23 montre un exemple de PDM d'une résistance électronique (Ibid).

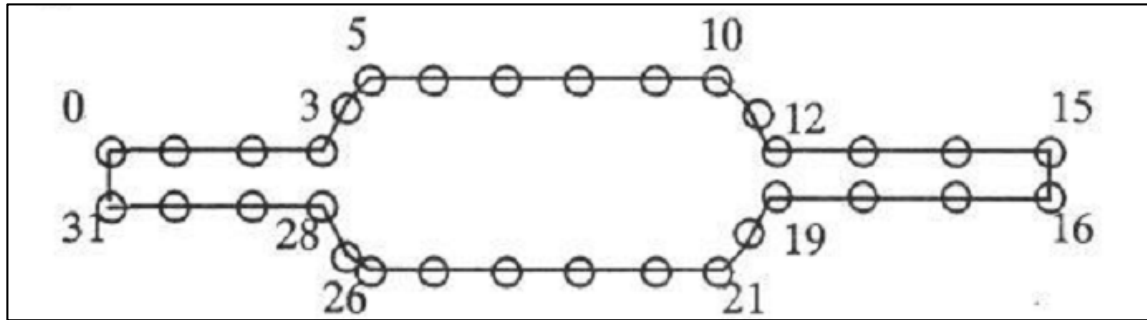


Figure 1.23 PDM appliquée à un modèle de résistance
Tirée de Cootes (1992)

Le modèle obtenu consiste en la moyenne des positions de ces points et leurs variations par rapport à cette moyenne.

$$x = \bar{x} + Pb \quad (1.4)$$

où :

x représente les n points de la forme.

\bar{x} est la position moyenne des points

$P = (P_1, P_2, \dots, P_t)$ est la matrice des premiers modes de variation par rapport à la moyenne.

$b = (b_1, b_2, \dots, b_t)$ est un vecteur de pondération pour chaque mode.

Adapté de (Ibid).

Un modèle approximatif est placé à proximité de l'objet d'intérêt pour initialiser la méthode. Cette géométrie est déformée itérativement par déplacement des points du PDM. Les nouvelles positions calculées sont contraintes pour correspondre au modèle statistique du système. La Figure 1.24 montre la progression de la déformation d'un modèle afin de cerner une résistance électrique (Ibid).

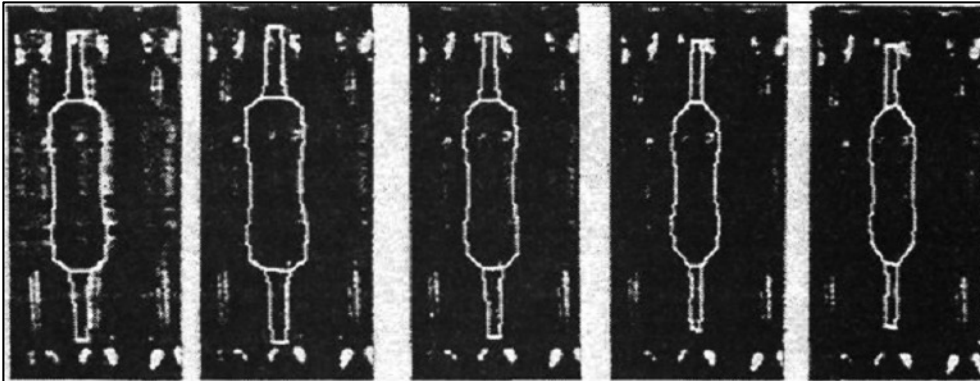


Figure 1.24 Segmentation du contour d'une résistance
Tirée de Cootes (1992)

Les modèles déformables sont applicables et efficaces en deux et trois dimensions. Malgré cette efficacité, cette approche a été améliorée par l'ajout de nouvelles contraintes. L'intégration d'éléments de logique floue (logique non binaire) dans la phase d'apprentissage du système a permis, par exemple, d'améliorer la détection de zone d'intérêt en scintigraphie et en neurologie (Barhoumi 2015). Cette approche améliore la détection d'objet dans des images bruitées et/ou à faible contraste. La Figure 1.25 illustre l'application de cette méthode sur une image de scintigraphie. Sur l'image (a), un contour est initialisé en vert. Les images (b) et (c) illustrent la translation contrainte par les éléments de logique floue (en jaune). L'image (d) permet de visualiser le résultat en bleu.

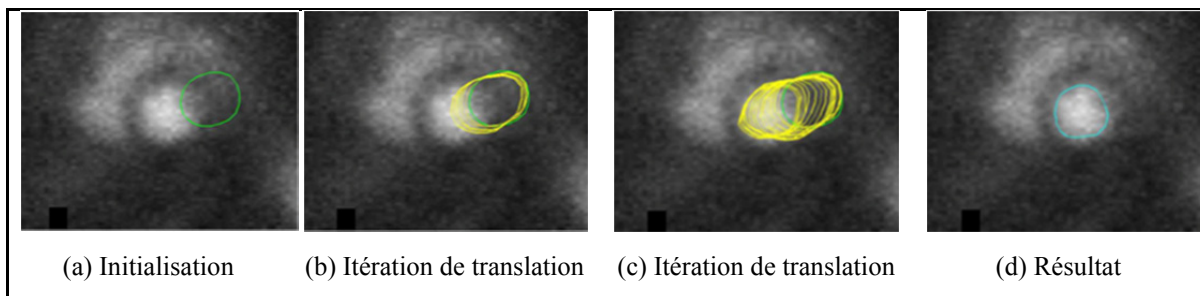


Figure 1.25 Localisation de région d'intérêt
Adaptée de Bahourmi (2015)

L'amélioration des ASM ne s'est pas cantonnée à l'ajout de contraintes floues. L'une des innovations majeures de ce procédé a été faite par Cootes en incorporant de nouvelles informations statistiques basées sur les variations de textures de l'objet recherché. Cette amélioration est connue sous le nom de *Active Appearance Models* ou AAM (Cootes 2001). Alors que l'ASM utilise les textures dans une région très limitée autour des points considérés, l'AAM utilise la texture et ses variations dans l'ensemble de l'image traitée en la comparant au modèle statistique préétabli. Roberts (2008) a exploité les AAM pour proposer une segmentation de vertèbres fiables. L'idée repose sur l'utilisation de sous-ensembles de trois vertèbres sur lesquels l'AAM est appliqué puis, par chevauchement de ces sous-groupes, le système améliore la déformation des modèles. Par exemple, si le premier sous-ensemble de trois vertèbres contient les vertèbres lombaires 4, 3 et 2 nommées L4-L3-L2; lors de l'itération suivante, le sous-groupe considéré sera L3-L2-L1, le système sera donc en mesure d'optimiser les déformations de L3 et L2, non seulement en appliquant l'AAM correspondant, mais en se servant également des informations issues de l'itération précédente (L4-L3-L2). Cette stratégie donne de bons résultats, puisque l'auteur parvient à segmenter la colonne vertébrale de manière précise. La Figure 1.26 illustre le déroulement de la méthode pour le chevauchement de sous-groupes de lombaires.

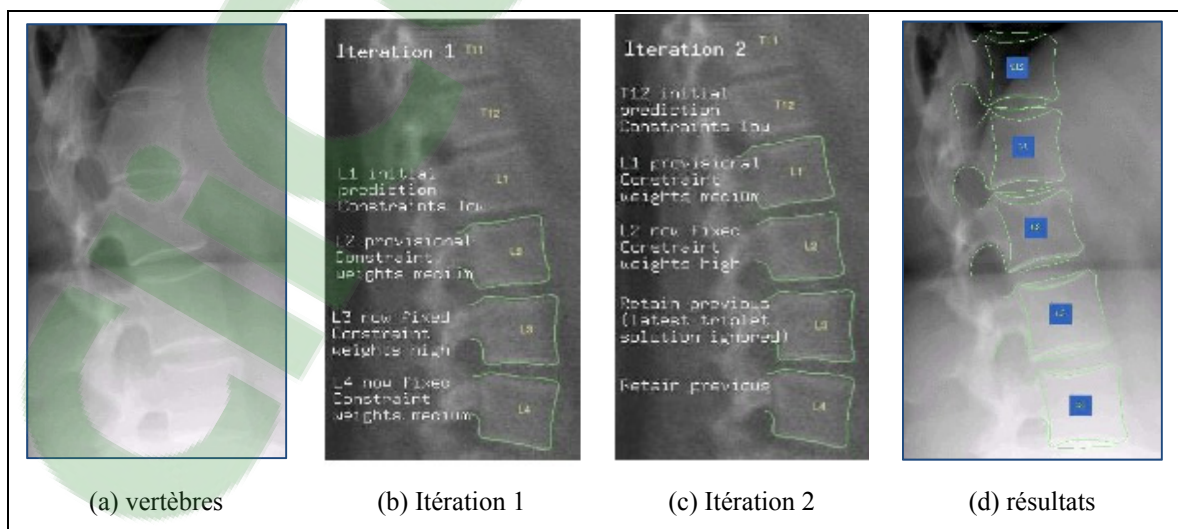


Figure 1.26 Illustration de la méthode de Roberts
Tirée de Roberts (2008)

Les approches statistiques de segmentation ont également été appliquées au complexe dento-maxillo-facial sur des acquisitions *Cone-Beam CT*. Kainmueller propose une méthode automatique d'extraction du pédicule alvéolaire inférieur et de la mandibule (Kainmueller *et al.* 2009). La construction de la base de données statistique repose sur 106 acquisitions *Cone-Beam-CT*. L'auteur utilise la corrélation entre la morphologie de la mandibule et la position du nerf mandibulaire tel qu'illustré par la Figure 1.27 (*ibid.*). La section (a) est une visualisation 3D situant les plans images numérotés de 1) à 4) de la section (b).

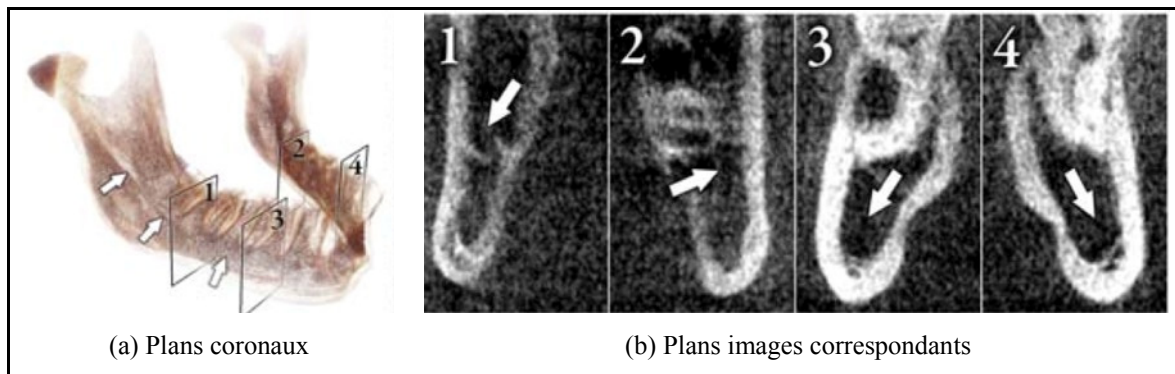


Figure 1.27 Positionnement du nerf mandibulaire
Tirée de Kainmueller (2009)

Cet appariement (position du nerf – structure osseuse) a conduit à l'élaboration d'un modèle statistique original. Cette approche a permis d'obtenir des segmentations relativement bonnes de la mandibule et du nerf mandibulaire. La Figure 1.28 illustre quelques reconstructions surfaciques mandibulaires obtenues (*ibid.*). Le code couleur indique une variation par rapport à un modèle de référence. Ce modèle de référence est une acquisition initialement sélectionnée pour faire partie des données d'entraînement du système.



Figure 1.28 Reconstruction de la mandibule
Tirée de Kainmueller (2009)

La Figure 1.29 illustre les résultats obtenus au niveau du nerf alvéolaire inférieur, la structure rouge est le résultat de la segmentation, la structure blanche est le « gold-standard ».

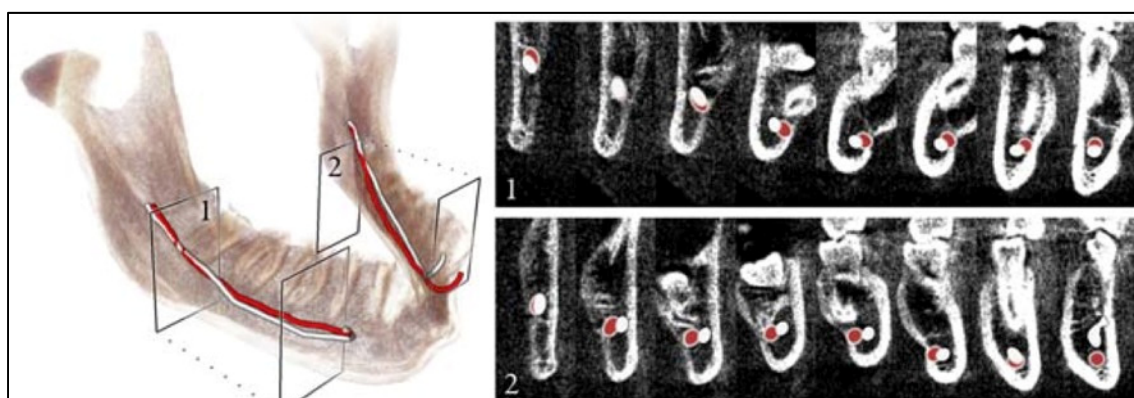


Figure 1.29 Résultat de la segmentation
Tirée de Kainmueller (2009)

Les résultats montrent quelques imperfections qui illustrent les difficultés liées à la segmentation de ce type de structures anatomiques sur des images CBCT. Les auteurs mentionnent également que les dents ne sont pas considérées dans cette approche statistique à cause d'une très forte variabilité interindividuelle (localisation, forme, nombre, etc.). Cette remarque et les résultats obtenus laissent transparaître l'une des limitations majeures de l'approche statistique : l'impossibilité d'obtenir un résultat satisfaisant si les données à segmenter diffèrent trop des données d'entraînement. L'autre défaut imputable à cette

approche est la création de la base de données statistique qui nécessite parfois plusieurs centaines de cas pour être opérationnelle. Pour contourner ce problème, diverses stratégies ont été mises en place. En particulier, Gollmer propose des segmentations mandibulaires (sans considérer les dents) robustes en utilisant une base de données qui ne compte que 36 cas (Gollmer *et al.* 2012). Pour ce faire, l'auteur utilise une géométrie mandibulaire qui réduit les erreurs de correspondances entre la réalité anatomique et les statistiques disponibles. Cette géométrie appartient au domaine paramétrique sphérique. La Figure 1.30 illustre l'utilisation de ce domaine paramétrique (Ibid.). L'image (a) représente le modèle original. L'image (b) est le domaine paramétrique sphérique, le code couleur permet de visualiser la correspondance avec le modèle initial. Après ré-échantillonnage équidistant des points, le modèle obtenu présente un taux d'erreur très acceptable, illustré par l'image (c).

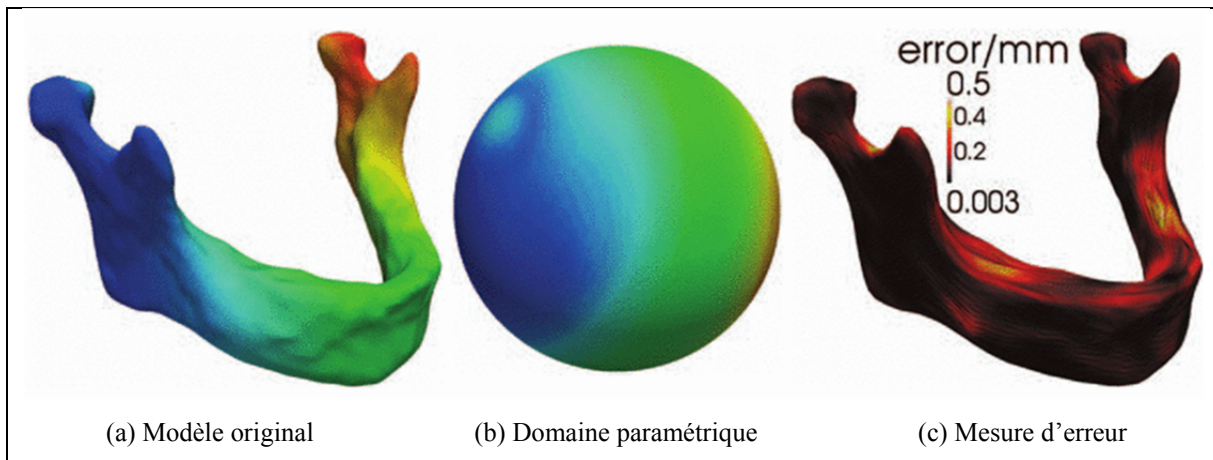


Figure 1.30 Domaine paramétrique de correspondance
Tirée de Gollmer (2012)

Malgré la complexité topologique de la mandibule, grâce à une approche paramétrique, l'auteur parvient à obtenir des résultats très satisfaisants avec une base de données restreinte. Wang soulève également le problème de segmentation des structures à forte variabilité interpersonnelle à l'aide d'un atlas (Wang 2014). Wang parvient à améliorer les approches de segmentation de la mandibule et du maxillaire en intégrant à l'atlas utilisé les données propres du patient considéré. Cette approche permet une bonne séparation maxillo-

mandibulaire. L'auteur parvient à segmenter des surfaces dentaires précises. Toutefois, cette technique ne permet pas d'isoler les dents, le système génère deux surfaces dentaires, l'une maxillaire, l'autre mandibulaire.

Les segmentations de type *Atlas-based* tirent également profit des modèles déformables. Les applications cérébrales sont généralement bâties autour d'un ou plusieurs atlas. Des experts délimitent manuellement les contours des organes cérébraux d'intérêt sur des jeux de données spécifiquement sélectionnés (données de référence). Lors de la segmentation, le système utilise les informations spatiales et morphologiques contenues dans l'atlas pour effectuer la segmentation par recalage des données. Cette approche est très utilisée en neurologie. En effet, par opposition aux CT-Scan, le résultat des acquisitions IRM est très variable en fonction de l'imageur et du calibrage de ce dernier. Ceci peut produire des images où les mêmes tissus apparaissent différemment d'une acquisition à l'autre (Roy 2013). Il est donc nécessaire de posséder des données de référence pour procéder à une segmentation robuste. Parfois, particulièrement en neurologie, la variation anatomique interindividuelle nécessite l'usage d'une base de données plus complexe et plusieurs atlas sont alors requis pour garantir des segmentations robustes. En fonction de l'anatomie, le système parcourt les atlas disponible pour utiliser celui contenant les informations les plus proches du sujet à traiter. Cette recherche impacte les temps de traitement, la recherche du bon atlas peut nécessiter plus de 6 minutes de calculs dans les pires cas (Jingbo 2015). La multiplication du nombre d'atlas peut compliquer la mise en œuvre de ce type de solution car il est parfois impossible de constituer une telle base de données. Cette impossibilité peut être liée à une collecte de données trop complexe ou à une hétérogénéité trop importante des données pour obtenir une statistique fiable (i.e. dans le cas de pathologies). Pour pallier cela, il est possible d'utiliser une morphologie représentative de l'organe à segmenter. Cette morphologie contraint une segmentation par recherche de surface minimale dans un espace confiné.

1.2.3.2 Segmentation par recherche de surface minimale 3D

La segmentation d'images par recherche de surface minimale est une extension en trois dimensions de la recherche de chemin minimal 2D. Le chemin minimal 2D permet de déterminer la courbe 2D qui minimise un couple coût-distance le long de la frontière d'un objet d'intérêt. Dans un espace tridimensionnel, la frontière d'un objet est un ensemble de courbes 3D formant une surface. À l'instar du principe 2D, la surface recherchée doit minimiser un couple coût-distance le long de la frontière de l'objet d'intérêt. La segmentation d'images par surface minimale repose sur le principe de continuité géométrique 3D de l'objet d'intérêt. L'un des avantages de cette méthode est de pouvoir déterminer la solution la plus plausible du point de vue géométrique si l'objet considéré présente certaines discontinuités d'intensité au niveau de ses frontières. La minimisation du couple coût-distance permet d'interpoler la surface la plus continue malgré d'éventuels artéfacts présents sur la frontière à segmenter.

Plusieurs approches ont été envisagées pour parvenir à déterminer une surface minimale 3D. Ardon *et al.* (2006) proposent d'utiliser l'algorithme de Dijkstra contraint par une surface géométrique initialisée par l'utilisateur. Le modèle géométrique proposé par l'utilisateur sert de canevas à la recherche de divers chemins minimaux. L'ordonnancement des chemins minimaux calculés par contrainte géométrique permet la création de la surface minimale représentant les frontières de l'objet d'intérêt. Grady (2010) propose une alternative basée sur la minimisation de flot pour obtenir la surface minimale 3D. L'auteur s'appuie sur la théorie des graphes pour proposer une démarche rapide et élégante basée sur l'utilisation de double-treillis permettant de converger vers une solution. Peu importe l'approche retenue, la recherche d'une surface minimale 3D nécessite un nombre important de calculs. En effet, dans le cadre de l'imagerie médicale, les données à traiter sont généralement contenues dans des volumes de tailles conséquentes. La détermination d'une frontière d'intérêt requiert de nombreuses recherches selon trois orientations et parfois sur l'ensemble des données. Certains opérateurs de traitement d'images sont difficilement applicables en 3D. Cette complexité d'application peut être source d'erreur et/ou de limitations, particulièrement si

l'objet présente une surface à fortes variations topologiques. Chav *et al.* (2009, 2014) proposent une solution originale et élégante à ce problème en restreignant l'espace de recherche de solution et le nombre de dimensions à considérer pour trouver la frontière d'intérêt. Par une même opération, il s'agit de restreindre et de transformer l'espace entourant la surface à segmenter. La restriction est effectuée en créant un volume de confinement entourant les frontières de l'objet d'intérêt. La transformation réversible de l'espace de travail permet quant à elle de développer la forme originale en un objet quasi planaire à l'aide d'un modèle a priori triédrique. Dans ce nouvel espace, segmenter l'objet d'intérêt revient donc à rechercher une surface quasi plane. Le principe de minimisation du couple coût-distance reste entier, toutefois, la topologie et le confinement de l'espace de travail minimisent les risques d'erreurs et les temps de calcul. Globalement, l'approche de Chav se décompose en cinq étapes :

1. Prépositionnement d'un modèle a priori triédrique par l'utilisateur
2. Déformation itérative du modèle a priori
3. Développement du volume (anamorphose)
4. Segmentation par recherche de surface minimale dans l'espace développé
5. Conversion des coordonnées dans l'espace original

La Figure 1.31 illustre la création d'un volume rénal anamorphique. Un modèle surfacique du rein est prépositionné par l'utilisateur (a) dans le volume de données original. L'utilisateur sélectionne deux points situés aux extrémités hautes et basses du rein à segmenter selon le plan axial. Le système déforme le modèle a priori en utilisant une variante d'ICP (Besl 1992), modèle en jaune sur l'image (b). Les courbes méridiennes au modèle a priori servent de grille d'ordonnancement de points dans le volume original. Les normales à ces points sont calculées. L'image (c) illustre une visualisation 3D des normales à la surface du modèle a priori. L'image (d) illustre une visualisation 2D des normales à la surface, un ruban vert y est représenté, il symbolise la longueur des normales à la surface. L'image (e) montre l'agencement des valeurs de voxels interpolées le long des normales à la surface du modèle a priori réorganisées en volume anamorphique.

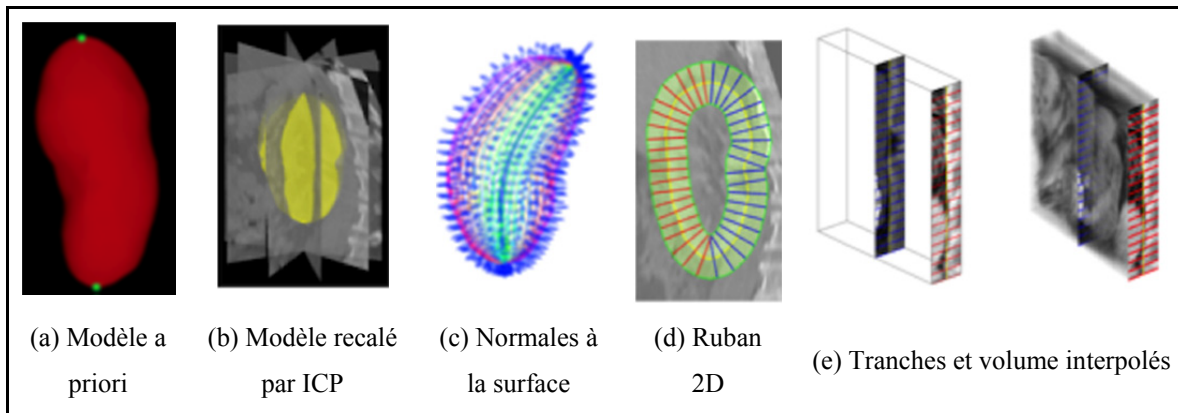


Figure 1.31 Volume rénal anamorphique
Tirée de Chav (2009)

La segmentation rénale est effectuée en appliquant une recherche de chemin minimal sur les images du volume anamorphique. Ce chemin minimal est recherché de haut en bas dans chacune des images (Chav 2009). La Figure 1.32 détaille le processus. L'image (a) représente en jaune la surface approximée par la déformation du modèle a priori dans le volume original. Les segments bleus représentent les normales à la surface approximée. Ils forment un « ruban » dans lequel sera recherchée la frontière exacte du rein. L'image (b) représente le « ruban » de pixels interpolé dans l'image (a). L'image (c) illustre le filtrage de l'image (b) par un calcul de gradient. L'image (d) illustre en vert le chemin minimal calculé de haut en bas de l'image. L'image (e) illustre le résultat du calcul de chemin minimal obtenu dans l'espace original. L'image (f) illustre la représentation 3D de la courbe illustrée en (e). La répétition de ce processus à l'ensemble des images du volume anamorphique permet de segmenter le rein, le résultat final est illustré par l'image (g).

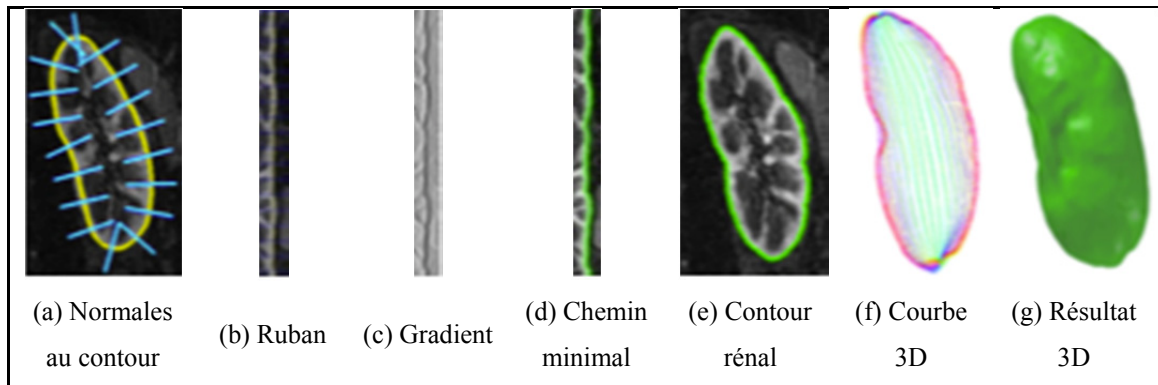


Figure 1.32 Segmentation anamorphique rénale
Tirée de Chav (2014)

L'auteur propose une solution de segmentation par recherche de surface minimale 3D efficace et rapide. Cette optimisation du processus est obtenue grâce au développement de l'espace original. Ceci permet un confinement de la zone de recherche et une simplification du problème à résoudre. Malgré la simplification du problème, les résultats produits bénéficient de tous les avantages de la segmentation par recherche de surface minimale 3D classique. Le problème majeur de cette approche réside dans le développement volumétrique. Dans ce cas-ci, l'auteur utilise un modèle a priori triédrique permettant la création de méridiens de projection. Cependant tous les modèles surfaciques ne se prêtent pas à ce type de projections. Tous ne sont pas développables, particulièrement lorsque la géométrie d'intérêt est complexe. Les géographes et les graphistes sont souvent confrontés à ce type de problèmes.

1.3 Développement de surfaces 3D

Le développement 3D consiste à créer une représentation 2D d'une structure 3D. Cette représentation 2D doit conserver la cohérence géométrique de l'objet et la notion de voisinage. Ce problème est bien connu des géographes qui ont sans doute réalisé les premiers développements géométriques de l'histoire en créant les premières mappemondes. En effet, un planisphère est la projection d'un volume sur une surface. La Figure 1.33 récapitule ce processus. La surface du globe terrestre (image a) est découpée en méridiens et en parallèles

(images b et c). Ces axes servent de référentiel pour projeter la sphère terrestre sur une grille 2D (images d, e, f). Le résultat est une représentation 2D de la surface 3D de la terre (image g).

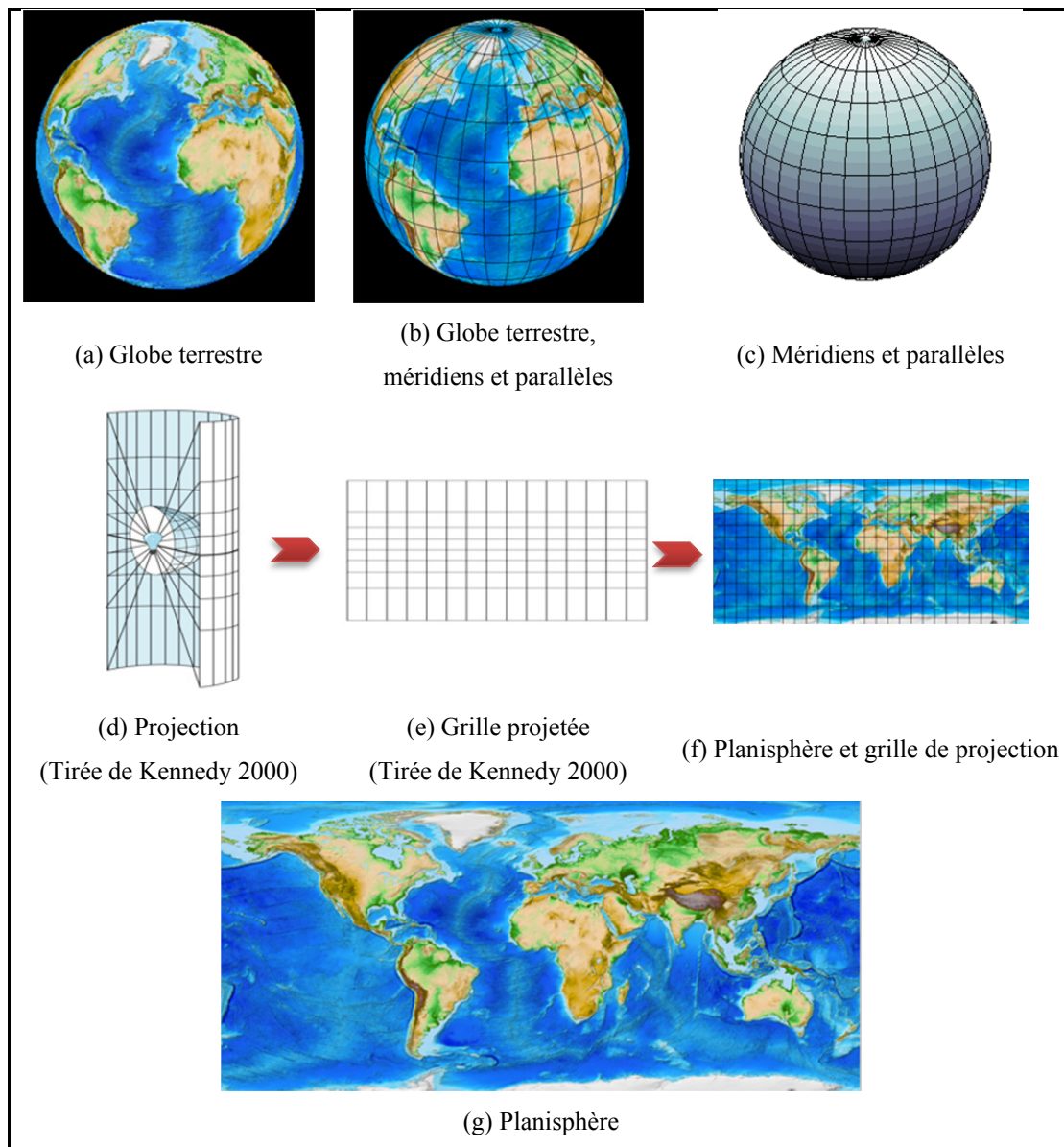


Figure 1.33 Création d'un planisphère

Les montagnes, les plaines et les mers possèdent des élévations qu'il est possible de matérialiser sur la carte 2D obtenue. La Figure 1.34 permet de visualiser le relief terrestre

(volontairement exagéré). L'image (a) est une vue globale du monde, l'image (b) est un détail de la carte représentant l'Amérique du Sud.

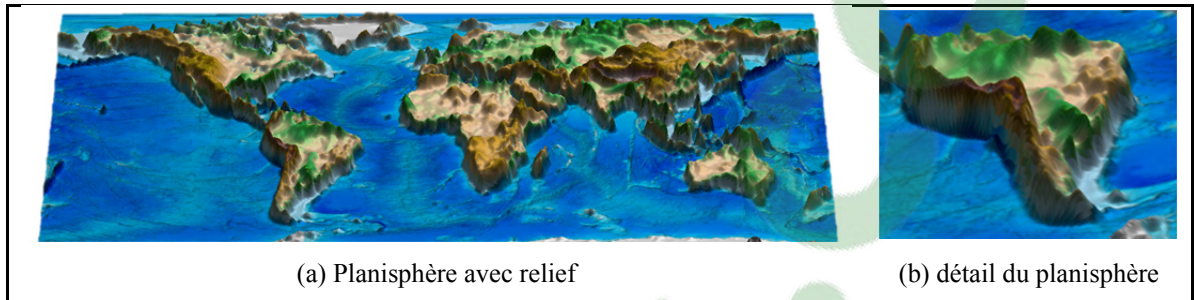


Figure 1.34 Relief terrestre

Sur cette mappemonde, le relief terrestre est représenté selon une élévation perpendiculaire à la carte. Cette élévation est proportionnelle à l'élévation réelle qu'elle matérialise. En pratique, cette proportionnalité est mise en évidence par un code couleur symbolisant les courbes d'altitude. La Figure 1.35 est une représentation colorimétrique des altitudes terrestres où les couleurs les plus vives symbolisent les plus hauts reliefs. L'échelle s'étire de 0 à 8848m.

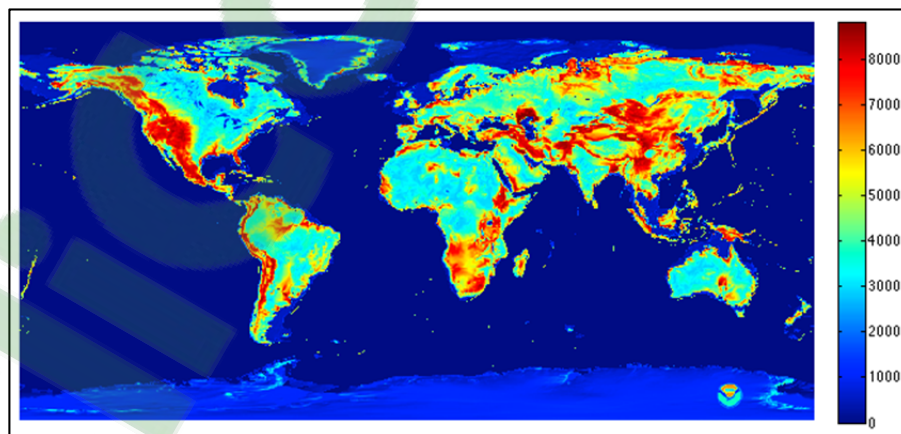


Figure 1.35 Carte des élévations terrestres

Ceci revient à représenter en deux dimensions un objet en trois dimensions en utilisant une primitive géométrique simple, la sphère. La cohérence géométrique de l'objet 3D est respectée dans l'espace 2D. Dans le cadre de l'imagerie 3D, il est également possible

d'utiliser des primitives géométriques simples pour créer un développement. L'un des premiers auteurs à avoir exploité ce type d'approche est Alakuijala pour l'extraction de la peau et de la structure osseuse du crâne dans des images IRM neurologiques (Alakuijala 1992). L'idée proposée est de considérer la tête comme un objet cylindrique. La simplification géométrique consiste à « dérouler » ce cylindre, tel qu'illustré par la Figure 1.36 (Ibid.). L'image (a) est une image axiale du cerveau, l'image (b) est l'image correspondante projetée de manière cylindrique.

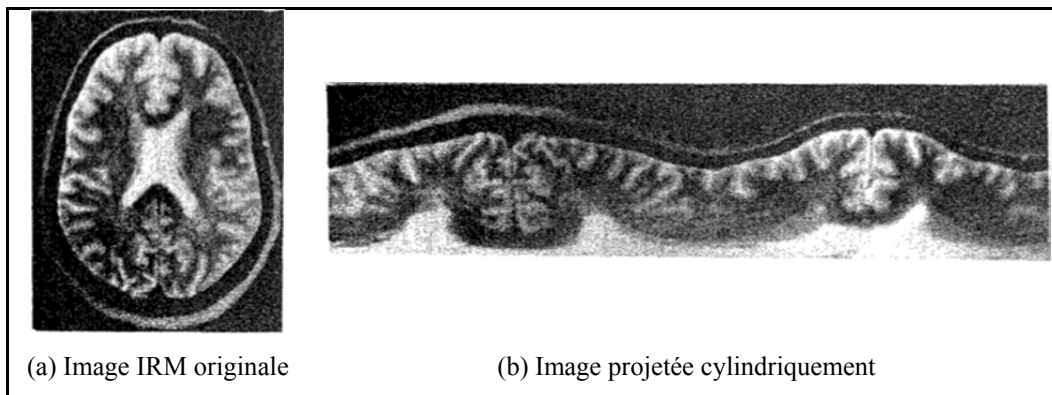


Figure 1.36 Projection cylindrique
Tirée de Alakuijala (1992)

Dans le nouvel espace projectif, l'auteur applique certains opérateurs de morphologie mathématique inefficaces dans l'espace original, ce qui lui permet de filtrer le contour de la boîte crânienne. À l'aide d'une primitive géométrique, Alakuijala parvient à effectuer une projection qui réordonne les données volumétriques de manière cohérente. L'intérieur du crâne se situe dans la partie inférieure de l'image et l'extérieur dans la partie supérieure. Ceci facilite l'utilisation d'opérateurs morphologiques et le repérage de zones d'intérêt. Tel que décrit dans la sous-section précédente, Chav parvient à développer l'espace volumétrique rénal en utilisant une surface polyédrique. Toutefois, l'anamorphose 3D proposée par Chav n'est pas un développement du modèle rénal triédrique recalé. L'auteur utilise la ligne centrale 3D du modèle pour effectuer un ordonnancement de projections cylindriques. Toutes ces applications proposent donc un développement basé sur des primitives géométriques simples telles que la sphère ou le cylindre et non pas basé sur le développement d'une surface

polyédrique. Ceci est lié à la représentation même du modèle surfacique en mémoire. Les modèles surfaciques sont représentés par deux tableaux. L'un d'eux contient les coordonnées de chaque sommet. L'autre tableau regroupe une liste de sommets ordonnés en triangle. Cette structuration typique des modèles polyédriques sous la forme de listes ne peut pas permettre un développement satisfaisant, car les images sont agencées en mémoire selon une grille isométrique où chaque point a un nombre fixe de voisins, ce qui n'est pas le cas dans le cadre d'une représentation en surfaces triangulaires où chaque sommet peut avoir un nombre variable de voisins. Pour assurer un développement satisfaisant du point de vue géométrique, il convient alors de procéder à un prétraitement du modèle triédrique appelé *paramétrisation de surface (mesh-parametrization)*. Ce prétraitement convertit un modèle maillé triangulaire en un modèle maillé quadrangulaire en faisant de la *paramétrisation* de surface. Ce type d'approche est particulièrement utilisé dans le domaine du graphisme ou du jeu vidéo, car la surface paramétrique obtenue est un facilitateur pour l'application de texture à un modèle maillé (Sheffer 2007). La Figure 1.37 illustre un exemple de placage de texture. L'image (a) qui est une surface 2D est appliquée au modèle maillé visible sur l'image (b). Les marqueurs en jaune symbolisent une partie des correspondances établies entre le modèle 3D et l'image 2D. Les images (c) et (d) illustrent le rendu 3D du placage de l'image sur le modèle 3D.

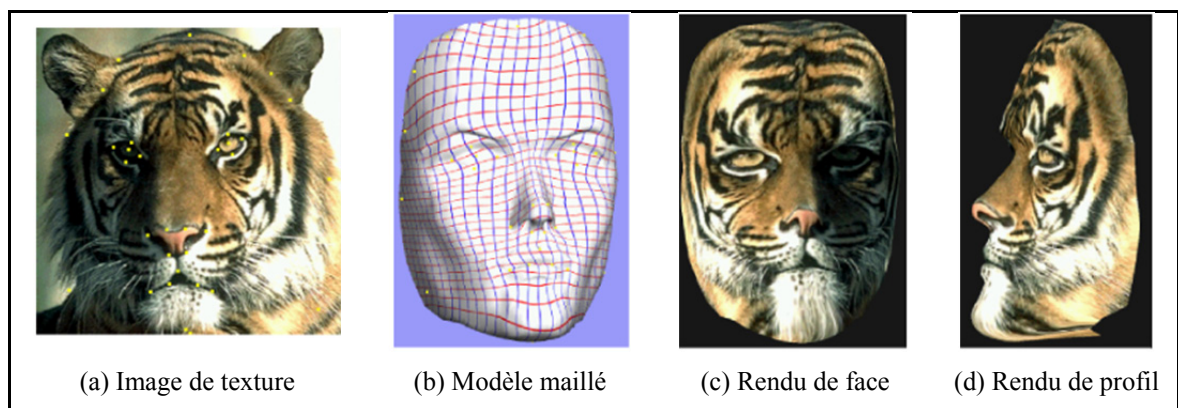


Figure 1.37 Placage de texture
Tirée de Sheffer (2007)

Sur l'image (b), le maillage quadrangulaire est clairement visible. Ce maillage est le treillis sur lequel va se faire la correspondance entre la surface du modèle 3D et l'image (a) qui doit

être plaquée. La *paramétrisation* de surface assure ainsi une correspondance univoque entre un ensemble de coordonnées 3D et un ensemble de coordonnées 2D avec la préservation de l'intégrité géométrique. Le concept de *paramétrisation* de surface est applicable à des modèles plus complexes qu'un visage, mais cela nécessite la scission de l'objet en plusieurs sous-parties pour en garantir la cohérence géométrique. La Figure 1.38 illustre le morcellement d'un modèle maillé complexe. L'image (a) présente le partitionnement du modèle à *paramétrer*, l'image (b) est une illustration des différentes sous-parties, au nombre de 15. L'image (c) est le modèle paramétrique obtenu (Sheffer 2007).

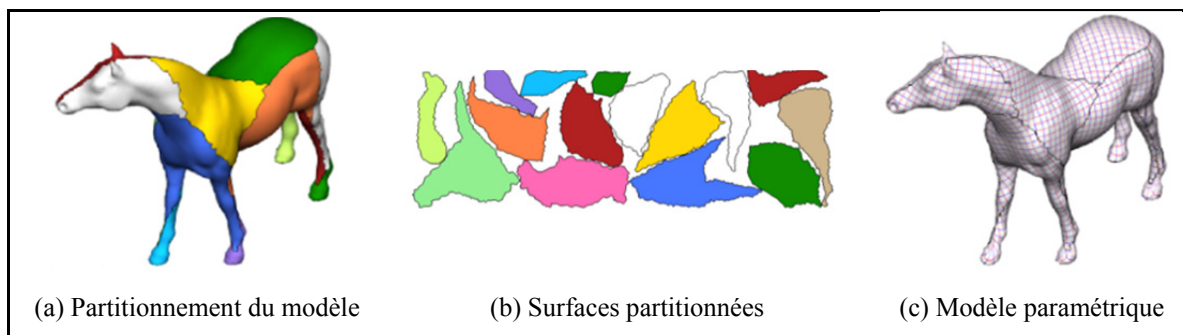


Figure 1.38 Modèle paramétrique partitionné
Tirée de Sheffer (2007)

Cette illustration montre qu'un modèle aussi complexe qu'un cheval peut être *paramétrisé*. Pour ce faire, le modèle a été partitionné en 15 sous-ensembles. Ce partitionnement garantit une cohérence géométrique 2D discontinue. Ceci est acceptable pour effectuer du placage de texture. Toutefois, utiliser ce type d'approche pour procéder au développement de données volumétriques dans le but de les segmenter n'est pas une solution viable. Les discontinuités du modèle vont induire des discontinuités dans la segmentation puisqu'il sera nécessaire de recombinaison les segmentations partielles. La recombinaison de ces segmentations partielles va demander une gestion particulière des jonctions où il sera difficile d'ajuster les sous-ensembles dans le respect de la géométrie d'intérêt. Pour garantir la segmentation efficace et robuste d'une structure anatomique à topologie complexe, il convient de procéder à un développement de l'organe d'intérêt sans partitionnement.

La littérature disponible en matière de segmentation d'images médicales prouve que ce domaine suscite un intérêt grandissant. La recherche dans cette discipline est en plein essor. De nombreuses solutions originales sont proposées et ont un fort potentiel d'application clinique. Toutefois, cette finalité clinique nécessite l'évaluation de la robustesse et de la fiabilité des méthodes proposées. Cette évaluation peut être obtenue par la collecte de métriques de validation reconnues et standardisées. La section suivante présente les métriques de validation utilisées dans le cadre de ce travail de recherche.

1.4 Validation des méthodes de segmentation

La validation des méthodes de segmentation d'images médicales repose sur un processus simple. Les méthodes développées sont appliquées à des jeux de données préalablement segmentés par des experts du domaine. L'évaluation de performance est effectuée en calculant un ensemble de métriques qui, après analyse, permettent de déterminer la robustesse et la fiabilité de la méthode considérée. Les métriques considérées dans ce travail de recherche sont les suivants :

- Coefficient de Dice
- Erreur de chevauchement volumétrique
- La différence volumétrique relative
- Distance surfacique moyenne-symétrique
- Racine carrée de la distance moyenne de surface symétrique
- Distance surfacique maximum-symétrique

Ces métriques sont détaillées ci-après selon Zou *et al.* (2004) et Heimann *et al.* (2009).

1.4.1 Coefficient de Dice

Le coefficient de Dice mesure la similarité entre deux jeux de données. Plus précisément, ce pourcentage permet de déterminer le chevauchement spatial du volume segmenté (B) et du volume de référence (A) selon la formule suivante :

$$C_{Dice} = 2(A \cap B) / (A + B) \quad (1.5)$$

1.4.2 Erreur de chevauchement volumétrique

Cette mesure d'erreur est calculée entre deux ensembles de voxels (A) et (B), (A) étant la référence et (B) les voxels segmentés pour déterminer un ratio selon la formule suivante :

$$E_{vol(\%)} = 100(1 - (A \cap B) / (A \cup B)) \quad (1.6)$$

Si le pourcentage obtenu est égal à 0, la segmentation est parfaite. Cette mesure d'erreur permet de contrôler l'erreur de chevauchement entre la structure segmentée et la structure réelle.

1.4.3 La différence volumétrique relative

Cette mesure d'erreur est calculée entre deux ensembles de voxels (A) et (B), (A) étant la référence et (B) les voxels segmentés pour déterminer un pourcentage défini par :

$$\Delta_{vol} = 100(|A| - |B| / |B|) \quad (1.7)$$

Une valeur de 0 indique que les volumes sont identiques. Étant donné que la mesure n'est pas symétrique, ce n'est pas une métrique, car cela ne signifie pas que les deux volumes se superposent exactement. Cette mesure ne doit pas être utilisée seule, mais en complément d'un autre métrique afin de voir s'il y a une éventuelle sur ou sous segmentation.

1.4.4 Distance surfacique moyenne-symétrique

Cette métrique est un calcul symétrique de distance entre la segmentation de référence (A) et la segmentation à évaluer. Les distances Euclidiennes les plus courtes sont calculées entre les voxels de la surface de A et les voxels de la surface de B. Le même processus est appliqué depuis B vers A. Cette métrique est la moyenne de toutes les distances déterminées. Un résultat de 0 indique une segmentation parfaite.

Considérons $S(A)$ l'ensemble des voxels de surface du volume A. La distance la plus courte d'un voxel donné v vers $S(A)$ est définie par :

$$d(v, S(A)) = \min_{s_A \in S(A)} \|v - s_A\| \quad (1.8)$$

La distance surfacique moyenne-symétrique est alors donnée par :

$$ASD(A, B) = \frac{1}{|S(A)| + |S(B)|} \left(\sum_{s_A \in S(A)} d(s_A, S(B)) + \sum_{s_B \in S(B)} d(s_B, S(A)) \right) \quad (1.9)$$

1.4.5 Distance surfacique moyenne-symétrique au carré

Cette métrique est un calcul symétrique de distance entre la segmentation de référence (A) et la segmentation à évaluer. Les distances Euclidiennes au carré les plus courtes sont calculées entre les voxels de la surface de A et les voxels de la surface de B. Le même processus est appliqué depuis B vers A. Une segmentation parfaite a pour résultat 0. Le principal avantage de cette méthode est de sévèrement punir les déviations, car les distances sont mises au carré. Le calcul formel de cette métrique est précisé par la formule mathématique suivante :

$$RMSD(A, B) = \sqrt{\frac{1}{|S(A)| + |S(B)|}} \times \sqrt{\sum_{s_A \in S(A)} d^2(s_A, S(B)) + \sum_{s_B \in S(B)} d^2(s_B, S(A))} \quad (1.10)$$

1.4.6 Distance surfacique maximum-symétrique

Cette métrique est donnée en millimètre et est également connue sous le nom de distance de Hausdorff. Il s'agit de déterminer la différence entre les deux ensembles de voxels de surface des volumes à comparer en utilisant la distance Euclidienne. Une segmentation parfaite implique une distance de 0. Le calcul formel de cette métrique est donné par la formule mathématique suivante :

$$MSD(A, B) = \max \left\{ \max_{s_A \in S(A)} d(s_A, S(B)), \max_{s_B \in S(B)} d(s_B, S(A)) \right\} \quad (1.11)$$

Cette métrique met en évidence les données aberrantes. Cela permet donc de voir les pires cas.

Cet ensemble de métriques permet d'évaluer, selon des critères tangibles, la qualité de la segmentation obtenue. Par recoupement des scores obtenus, il est possible de juger de manière objective la méthode proposée. Ces critères ont été appliqués aux différentes méthodes proposées dans ce travail de doctorat lorsque cela a été possible. Les différents résultats obtenus sont présentés dans les chapitres dédiés aux applications.

Les approches élaborées durant ce travail de recherche reposent toutes sur un ensemble d'opérations de base communes au traitement d'image. La section suivante propose un rappel sur certaines de ces opérations.

1.5 Quelques rappels des mathématiques du traitement d'images

Cette section propose quelques rappels sur certaines opérations mathématiques qui sont utilisées dans les méthodes présentées dans les prochains chapitres.

1.5.1 Reconstruction morphologique d'images

Cette opération morphologique implique deux images et un élément structurant. La première image, nommée le *marqueur* (également connu sous la dénomination anglo-saxonne « *marker* »), est le point de départ de la transformation. L'autre image, le *masque* (également connu sous la dénomination anglo-saxonne « *mask* »), contraint la transformation. L'élément structurant utilisé définit la connectivité.

Algorithme 1-1: Reconstruction morphologique d'image Adapté de Gonzales (2007)

Intrants: G est le masque et F le marqueur

Extrants : $R_G(F)$ la reconstruction morphologique de G depuis F , définie par le processus itératif suivant :

1. Initialiser h_i comme marqueur de l'image F
2. Créer l'élément structurant 3 par 3 : B
3. Répéter :

$$h_{k+1} = (h \oplus B) \cap G$$
 jusqu'à $h_{k+1} = h_k$
4. $R_G(F) = h_{k+1}$

Le marqueur doit être un sous-ensemble de G .

$$F \subseteq G$$

Où \oplus symbolise la dilatation morphologique d'image

La Figure 1.39 illustre une opération de reconstruction morphologique. L'image (a) est le masque (image originale) et l'image (b) le marqueur. De (c) à (e), sont illustrées les résultats intermédiaires de l'opération. L'image (f) représente le résultat final.

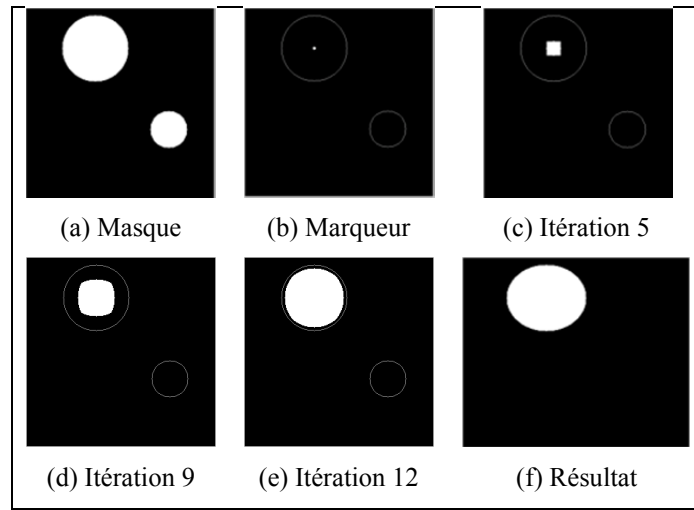


Figure 1.39 Reconstruction morphologique

Seule la forme ayant des pixels communs avec le masque est reconstruite. La reconstruction morphologique d'image itérative peut demander de longs temps de calcul. Divers algorithmes d'optimisation ont été mis au point à fin de réduire la complexité des calculs. L'une des méthodes les plus efficaces est celle mise au point par Luc Vincent : « *Fast hybrid reconstruction* » (Vincent 93). La reconstruction morphologique d'image est applicable aux images binaires et aux images en tons de gris en deux et trois dimensions. Cette opération est généralement utilisée pour restaurer les détails perdus dans une image, par exemple après une opération d'érosion. Toutefois, elle permet également de « reboucher » les trous dans une image.

1.5.2 Remplissage d'images par reconstruction morphologique (*hole filling*)

Un trou dans une image peut être défini comme un ensemble de pixels connectés d'arrière-plan entouré d'un ensemble de pixels connectés de premier plan. La reconstruction morphologique d'image permet le *remplissage de trous* dans une image. Considérons une image I qui contient des *trous* à *remplir* et un marqueur F . F possède tous ses pixels assignés à 0 excepté sur la bordure de l'image. Les pixels de la bordure sont initialisés à $1-I$:

$$F(x,y) = \begin{cases} 1 - I(x,y) & \text{si } (x,y) \text{ est sur la bordure } I \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (1.12)$$

L'image remplie H est obtenue par reconstruction morphologique d'image du marqueur F avec le masque I^c où I^c le complément de I .

$$H = [R_{I^c}(F)]^c \quad (1.13)$$

Le résultat de cette opération est illustré par la Figure 1.40. L'anneau en (a) est rempli en (b).

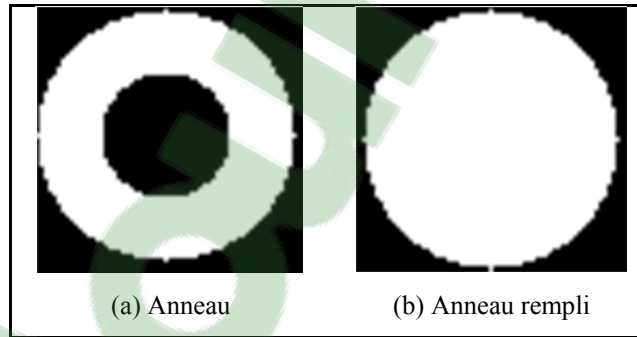


Figure 1.40 Remplissage d'un anneau

La reconstruction morphologique d'image étant applicable en deux et trois dimensions et sur des données en tons de gris, il est possible de procéder à du remplissage d'image en deux et trois dimensions et en tons de gris. La Figure 1.41 illustre l'application de l'algorithme de remplissage d'image à une tranche sagittale d'une acquisition IRM d'un genou.

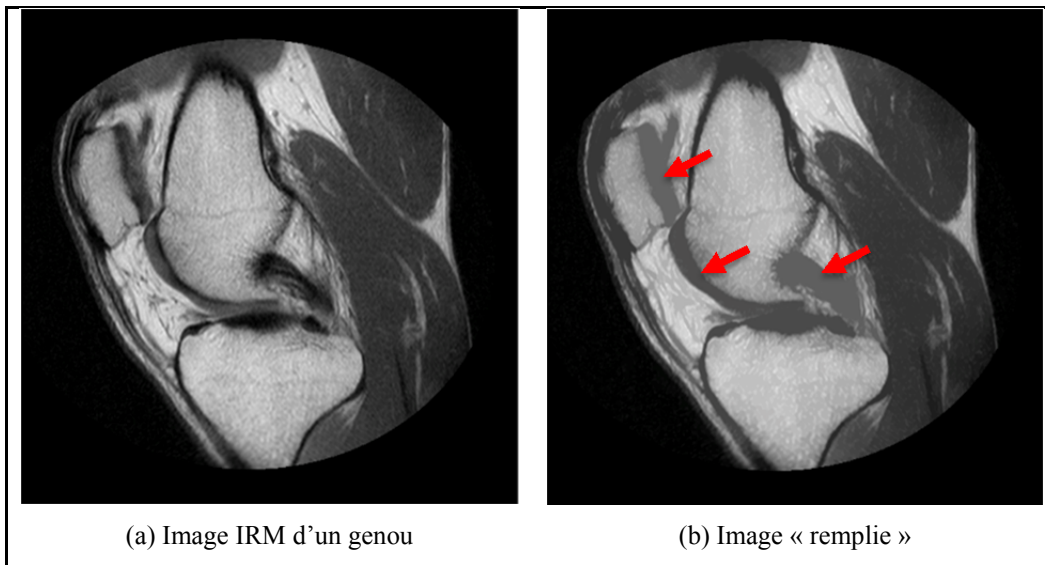


Figure 1.41 Remplissage d'une image IRM

L'image (a) est l'image originale. Sur l'image (b), traitée par l'algorithme, toutes les zones comportant des pixels liés de faible intensité entourées de zones de pixels de haute intensité ont été remplies. Les pixels de ces zones ont vu leur intensité augmenter. Les pixels les entourant ne changent pas. Le résultat obtenu après le remplissage d'image par morphologie mathématique est assez intuitif. Cet opérateur morphologique, combiné à une opération mathématique de base permet l'obtention de résultats particulièrement intéressants dans le cadre de la segmentation 3D de structures anatomiques complexes. Ces aspects sont développés dans les prochains chapitres de cette thèse.

Ce chapitre a permis de faire un rappel anatomique sur les structures céphaliques en général. La première sous-section du chapitre a présenté le complexe dento-mandibulaire. Ce complexe comporte deux structures anatomiques d'intérêt, les dents et l'os mandibulaire. De par leurs topologies respectives et leurs imbrications, ces deux structures peuvent être qualifiées de complexes. Cette présentation anatomique s'est ensuite étendue au cerveau. Cet organe présente une topologie externe relativement simple. Toutefois les sous-structures cérébrales ayant un intérêt clinique sont qualifiées de complexes. Ces sous-structures sont imbriquées les une dans les autres et certaines présentent des variations topologiques rendant leur reconnaissance et segmentation difficiles. Dans la seconde sous-section, une présentation

non-exhaustive des techniques de segmentation a été faite. Cette présentation a permis d'introduire quelques grandes familles de méthodes de segmentation. Deux grandes approches ont été distinguées, les méthodes incluant des données statistiques et les méthodes sans connaissances a priori. Chacune de ces approches a ses forces et ses faiblesses. Les approches sans connaissances a priori ont une plus grande robustesse aux variations interindividuelles et/ou à la présence de pathologie. Cependant le manque de contraintes peut les entraîner à sursegmenter rendant ainsi le processus inadéquat, particulièrement lorsque l'objet d'intérêt est complexe. À l'inverse, les méthodes incorporant une connaissance a priori donnent de très bons résultats si les données à segmenter sont proches des modèles statistiques inclus dans le système, peu importe si l'objet d'intérêt est complexe ou non. Toutefois, si les données à traiter présentent une forte variation par rapport aux modèles statistiques, le système risque de fournir des résultats erronés. Ces deux grandes familles de méthodes de segmentation s'opposent en quelque sorte au niveau des contraintes de segmentation. Les approches avec statistiques pourraient être qualifiées d'hypercontraintes. Les approches sans statistiques, quant à elles, pourraient être qualifiées d'hypocontraintes. En généralisant à l'extrême cette vulgarisation, les systèmes hypocontraints seraient utilisés pour segmenter des données non complexes à fortes variations interpersonnelles. Les systèmes hypercontraints seraient utilisés pour segmenter des structures complexes sans variations interindividuelles. Lorsque les organes d'intérêt présentent une forte variation interindividuelle et une topologie complexe, il est nécessaire d'envisager un système qualifié d'isocontraint, c'est à dire présentant un équilibre suffisant entre les contraintes et les libertés.

Le but de ce travail de recherche est donc l'élaboration d'une méthode originale de segmentation permettant de s'affranchir des limitations existantes tout en exploitant les avantages des approches avec et sans connaissances a priori.

CHAPITRE 2

OBJECTIFS ET HYPOTHÈSES

2.1 Objectifs

Dans la littérature actuelle, d'un point de vue général, deux grandes familles de méthodes de segmentation peuvent être considérées :

1. Méthodes sans connaissances a priori (i.e. croissance de région, contours actifs)
2. Méthodes avec connaissances a priori (i.e. *Active Shape Models*)

En résumé, dans le cas de techniques sans informations a priori, la méthode manque de contraintes. Ce type de méthode pourrait être comparé à un système mécanique hypostatique dont le trop grand nombre de degrés de liberté nuit au fonctionnement en induisant des instabilités ou des mouvements parasites. Par opposition, les méthodes statistiques seraient plutôt comparables à des systèmes mécaniques hyperstatiques où un degré de liberté insuffisant peut empêcher la réalisation complète du processus.

L'objectif du travail présenté dans le cadre de cette thèse repose sur la création d'une méthode de segmentation dont le nombre de degrés de liberté et le nombre de contraintes seraient équilibrés. Plus précisément, il s'agit de développer une approche permettant la segmentation de structures anatomiques céphaliques complexes pouvant avoir une forte variabilité interindividuelle.

2.2 Hypothèses

L'étude des différentes méthodes de segmentations et de leurs applications permet de formuler les deux énoncés suivants :

1) Il est nécessaire de posséder une connaissance morphologique fiable de l'objet d'intérêt pour en obtenir une segmentation fiable et robuste, particulièrement lorsque les organes ciblés possèdent une topologie complexe.

2) La constitution de bases de données statistiques de segmentation représente une tâche considérable à effectuer et leurs utilisations semblent inefficaces lorsque les organes à segmenter possèdent une forte variabilité interindividuelle.

Considérant ces deux points et l'objectif scientifique visé, il convient donc de formuler l'hypothèse générale de recherche suivante :

La segmentation de structures céphaliques complexes à forte variabilité interindividuelle peut reposer sur l'utilisation de morphologies représentatives de l'organe ciblé tout en étant indépendante de toutes bases de données statistiques. Pour ce faire, la segmentation peut être précédée par une étape de création de modèles a priori *in situ*. La création de ces modèles repose sur les données volumétriques d'acquisition et sur la détermination d'heuristiques anatomiques pertinentes.

Le succès de l'approche proposée repose sur une étude anatomique préalable des organes à segmenter. Cette étude permet de trouver des spécificités anatomiques qui apparaissent sur les images acquises. Il convient donc de déterminer comment exploiter numériquement certaines spécificités anatomiques pour pouvoir en créer un modèle géométrique fiable et compréhensible par la machine afin de procéder à une segmentation adéquate de l'organe. Cette phase permet de créer des règles algorithmiques de recherche, c'est la conversion des heuristiques anatomiques en heuristiques numériques. Dans le cas présent, une heuristique numérique peut être vue comme : « *une règle qu'on a intérêt à utiliser en général, parce qu'on sait qu'elle conduit souvent à la solution, bien qu'on n'ait aucune certitude sur sa validité dans tous les cas* » (Carré et al. 1991). Pour ce faire, seules les données volumétriques sont exploitées, tant du point de vue des intensités que du point de vue de la représentation spatiale. De manière générale, les intensités des images volumétriques sont

utilisées par le processus pour générer des points de repère : des amers. Différentes techniques de traitement d'image peuvent être employées. La sélection des techniques requises est fortement dépendante du type d'acquisition (IRM, CT-Scan, CBCT, etc.) et des spécificités anatomiques de l'organe ciblé par le processus (structures osseuses, structure tissulaire, etc.). Des applications précises et détaillées sont décrites dans les chapitres suivants. La représentation spatiale des données est également fortement exploitée. En effet, pour générer les amers et/ou les modèles *a priori in-situ*, il est important d'utiliser avantageusement la morphologie de l'organe et/ou de la distribution spatiale de l'acquisition volumétrique. Ces spécificités spatiales sont exploitées par le biais de projections géométriques adaptées nommées anamorphoses. L'anamorphose, bien que le terme soit ancien, selon la définition donnée par Jurgis Baltrusaitis, est le terme le plus adéquat pour définir les types de transformations appliquées aux données volumétriques (Baltrusaitis 1996): « *L'anamorphose - le mot fait son apparition au XVIIe siècle, mais en se rapportant à des compositions connues auparavant – procède par une interversion des éléments et des fonctions. Au lieu d'une réduction progressive à leurs limites visibles, c'est une dilatation, une projection des formes hors d'elles-mêmes, conduites en sorte qu'elles se redressent à un point de vue déterminé : une destruction pour un rétablissement, une évasion, mais qui implique un retour.* »

Afin de déterminer des amers, de créer des modèles *a priori in situ* et de procéder à la segmentation des organes d'intérêt, l'approche proposée dans ce travail de recherche repose sur la détermination et la création d'anamorphoses. En déterminant les projections les plus adaptées au contexte considéré, il est possible de modifier les données initiales pour mettre en évidence les objets d'intérêt tout en éclipant les parties les moins intéressantes des données.

Le principe d'anamorphose numérique en imagerie médicale a déjà été exploité, particulièrement en segmentation bi et tridimensionnelle par Chav (Chav 2009, Chav 2014). Son travail a permis de mettre en exergue certains avantages de la segmentation d'images médicales à l'aide d'anamorphoses numériques. En effet, dans ces travaux, l'auteur réduit

grandement la complexité computationnelle des segmentations en créant des anamorphoses adaptées à l'organe ciblé. Selon la dimension du problème considéré, l'auteur crée une image ou un volume de confinement de la frontière d'intérêt. En 3D, ce volume de confinement est un développement de l'espace entourant la surface de l'objet à segmenter. Pour ce faire, Chav utilise un modèle a priori représentatif de l'objet à segmenter. Grâce à certaines particularités géométriques de l'objet a priori, l'auteur développe de manière satisfaisante des surfaces 3D convexes. La frontière de l'organe est alors segmentée par recherche de la surface minimale la plus plane dans l'espace anamorphique. La solution déterminée est donc contrainte par le modèle a priori fourni au système. Si le modèle a priori présente une surface éloignée de celle de l'organe d'intérêt, la solution générée sera vraisemblablement fausse. Cela pose un problème lorsque les structures d'intérêt présentent une forte variabilité interindividuelle puisqu'il est alors impossible d'obtenir un modèle a priori représentatif de toutes les variations morphologiques possibles. Néanmoins, contraindre la segmentation dans un espace plan confiné est un avantage considérable puisque les temps de calcul et les risques d'erreurs sont réduits. Pour bénéficier des avantages de cette méthode, il convient de générer des modèles a priori développables *in-situ*, c'est l'approche retenue dans ce travail de thèse.

Compte tenu des éléments évoqués ci-avant, il est possible de poser les hypothèses de recherche suivantes :

Hypothèse 1 : Une étude préalable permet de trouver des spécificités anatomiques de chaque organe considéré et de son environnement. Ces spécificités sont exploitables numériquement pour repérer et forger *in-situ* un modèle a priori représentatif de l'organe à segmenter de manière automatique.

Hypothèse 2 : Le modèle créé *in-situ* est développable dans un nouvel espace plan. Ce développement permet la création d'une anamorphose 3D réversible qui contient un volume de confinement circonscrivant la surface à segmenter.

Hypothèse 3 : Dans le nouvel espace 3D créé, la recherche de la surface minimale la plus plane correspond à la solution de segmentation.

Pour satisfaire aux hypothèses posées, la méthode développée doit atteindre les objectifs suivants:

- repérer automatiquement les structures céphaliques d'intérêt;
- forger *in-situ* des modèles a priori géométriquement fiables des organes à segmenter;
- un espace de confinement de la surface de l'organe doit pouvoir être développé en un nouvel espace plan par anamorphose 3D réversible;
- la solution de segmentation correspond à la recherche de la surface minimale la plus plane et la plus continue dans l'espace développé.

Le chapitre suivant présente la méthode de segmentation développée durant ce travail de thèse. L'approche est tout d'abord décrite génériquement puis deux exemples d'application sont développés.

CHAPITRE 3

SEGMENTATION DE STRUCTURES ANATOMIQUES À TOPOLOGIES COMPLEXES

Ce chapitre présente la méthode de segmentation développée dans le cadre de ce projet de thèse. La première sous-section décrit de manière générique les principes directeurs de la méthode. Les sous-sections suivantes illustrent l'application de la méthode de segmentation aux structures dentaires ainsi qu'aux organes cérébraux.

3.1 Méthodologie, approche générale

L'approche de segmentation retenue est entièrement automatique et repose sur la recherche d'une surface minimale 3D contrainte par un modèle a priori forgé *in-situ*. Le modèle a priori, obtenu par *remplissage-soustraction*, permet la création d'un *mesh* quadrangulaire. Le *quad-mesh*, généré par *paramétrisation de voxels*, est développable en surface plane. Cette caractéristique permet la génération d'un volume de circonscription de la surface de l'objet d'intérêt par anamorphose 3D. Cette opération produit un volume planaire restreint dans lequel l'objet d'intérêt est segmenté par la recherche d'une surface minimale quasi plane. La création de cet espace confiné et contraint par une géométrie fiable minimise les temps de calcul et réduit également les erreurs de segmentation. La méthode se nomme *SaamIns*, Segmentation Automatique par Anamorphose d'une Modélisation In Situ.

Un diagramme détaillé de la méthode est présenté à la Figure 3.1. Un objet synthétique double coque à géométrie non convexe est utilisé pour illustrer le processus générique de segmentation qui se divise en quatre étapes :

1. Repérage et création de modèles a priori volumétriques par *remplissage-soustraction*
2. Création d'un modèle *quad-mesh* développable par *paramétrisation de voxels*
3. Développement de l'espace par anamorphose 3D
4. Segmentation par recherche de surface minimale dans l'espace développé

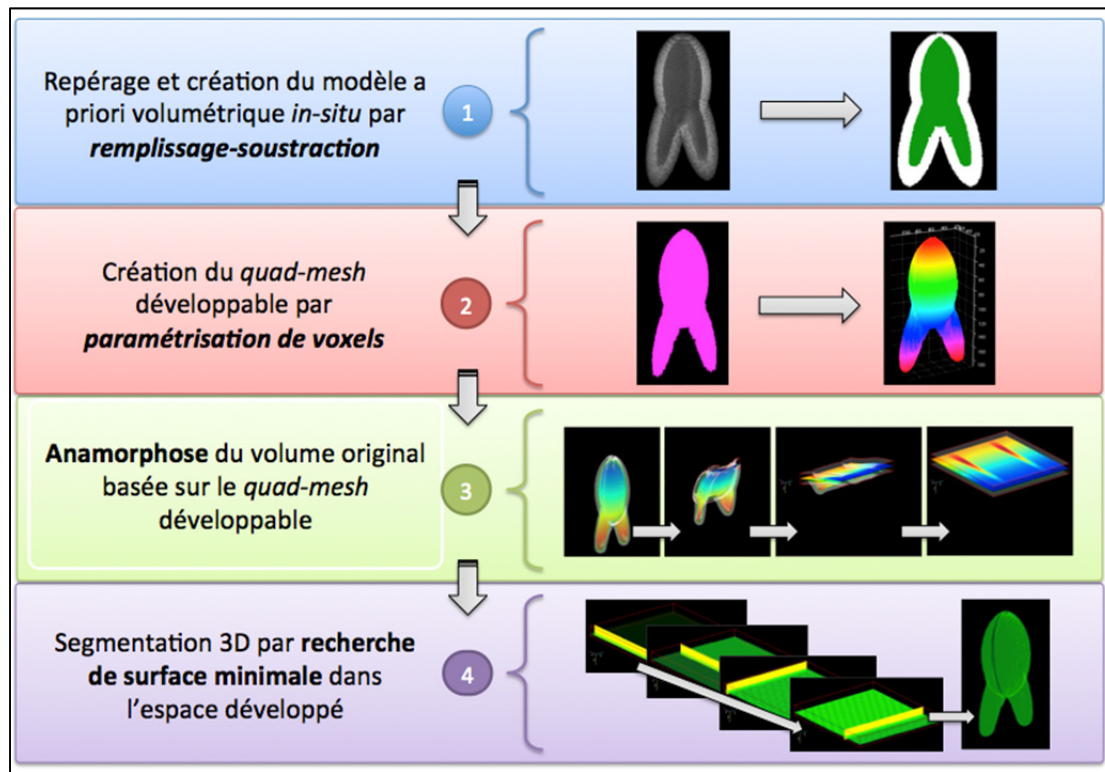


Figure 3.1 Méthodologie générique *SaamIns*

L'objet synthétique (O_s) illustré par la Figure 3.2 présente les caractéristiques propres des organes à topologie complexe ciblés par ce projet de thèse. À l'instar des os, cet objet est constitué de deux structures, l'une externe (assimilable au tissu cortical), l'autre interne (assimilable aux tissus spongieux).

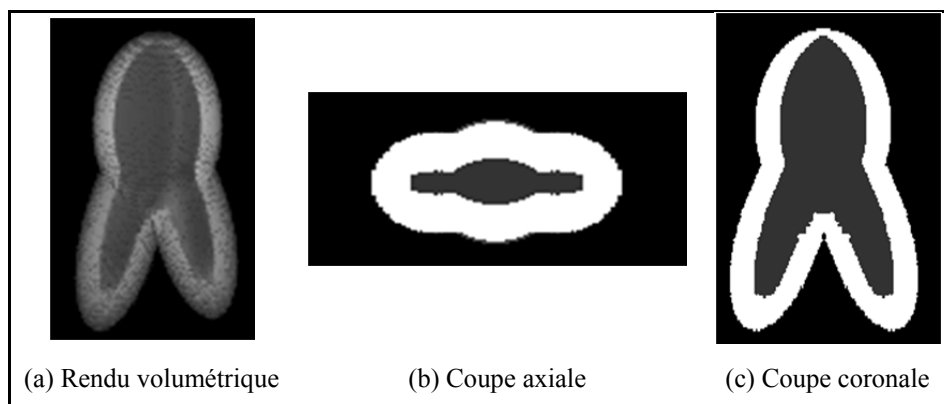


Figure 3.2 Structure du modèle 3D synthétique

Les deux structures composant l'objet synthétique sont représentées avec des valeurs d'intensité similaires à celles obtenues lors d'acquisitions de tissus osseux. Ces spécificités géométriques et colorimétriques se prêtent à la création d'un modèle a priori *in-situ*.

3.1.1 Création du modèle a priori volumétrique *in-situ*

La création du modèle a priori volumétrique *in-situ* repose sur une opération originale nommée *remplissage-soustraction* qui est formalisée par l'équation suivante :

$$I_{rs} = I_r - I \quad (3.1)$$

avec I l'image considérée, I_r l'image *remplie* correspondante et I_{rs} l'image résultante. L'opérateur de soustraction représente la soustraction des intensités voxel à voxel. Cette opération extrait les voxels (ou les pixels) de faibles intensités circonscrits par des voxels de hautes intensités. L'application de cette méthode à l'objet synthétique en extrait sa structure interne. Ce résultat est décrit par la Figure 3.3. L'image (a) représente le volume rempli par morphologie mathématique. L'image (b) représente le volume original, par transparence la coque interne y est visible en gris. Le résultat de cette opération est visible sur l'image (c), la structure interne de l'objet y est isolée.

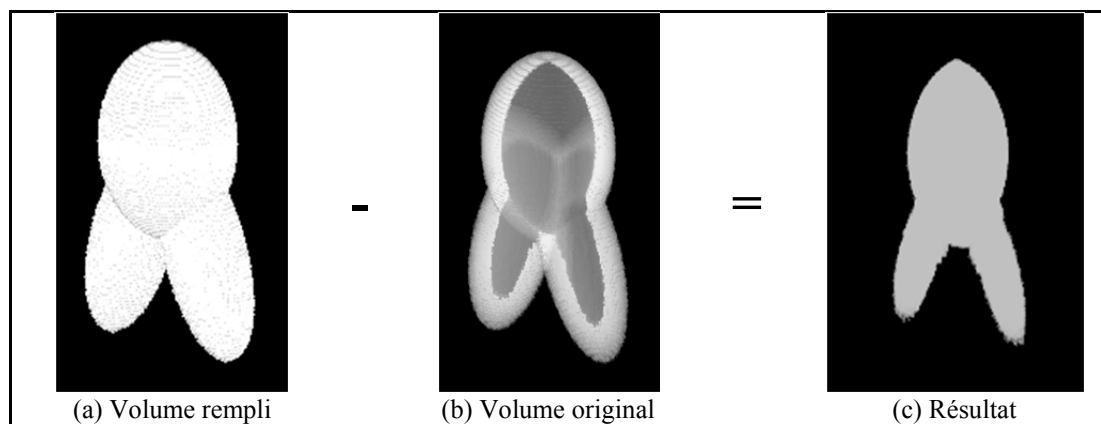


Figure 3.3 Remplissage-Soustraction du modèle synthétique

La structure interne ainsi obtenue est un ensemble de voxels dont la morphologie est représentative de l'objet à segmenter. L'exploitation de ce modèle a priori volumétrique, M_v , nécessite de le transformer en un *quad-mesh* développable par *paramétrisation de voxels*.

3.1.2 Création d'un quad-mesh développable par paramétrisation de voxels

La *paramétrisation de voxels* convertit un objet volumétrique en un modèle géométrique quadrangulaire développable. Ce processus itératif parcourt un volume de données binaires tranche par tranche afin d'en ordonnancer l'ensemble des contours qu'il contient. Cet ordonnancement produit une matrice 2D de coordonnées 3D, ce qui assure le développement de la surface considérée. Lorsque l'objet à développer possède une géométrie convexe, l'application de l'algorithme est directe. Lorsque l'objet à développer est non convexe, il convient tout d'abord de procéder à une projection cylindrique du volume contenant l'objet. Le logigramme de la Figure 3.4 illustre l'application de la méthode à ces deux types de structure.

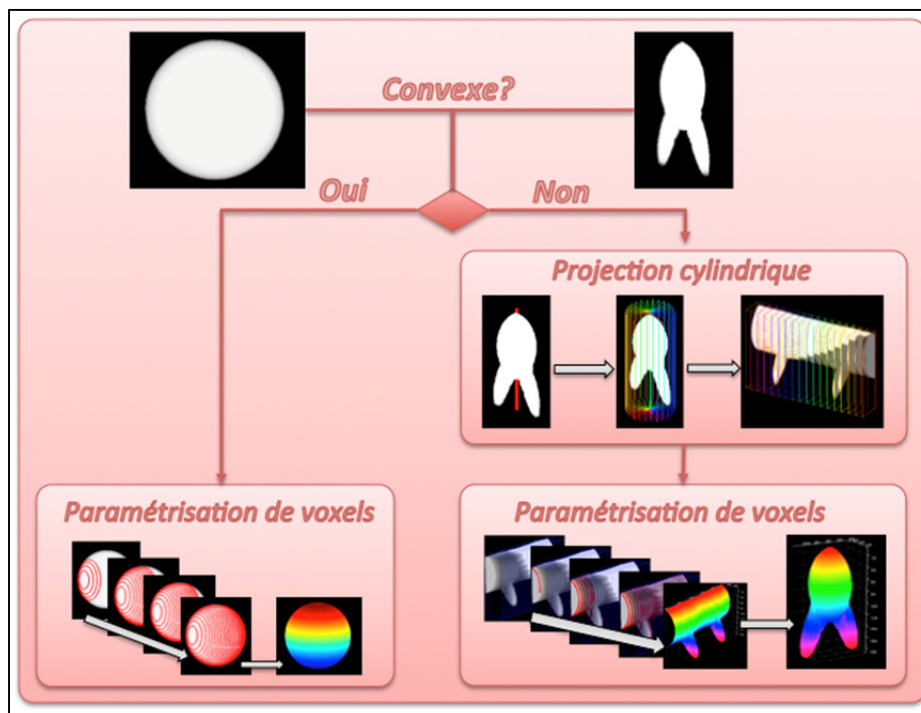


Figure 3.4 Paramétrisation de voxels

Le processus itératif de *paramétrisation de voxels* est articulé selon les étapes suivantes :

Pour i variant de 1 à n :

Sélectionner $t_i \in T$ selon O , si t_i contient au moins un pixel $\neq 0$ alors:

- a) Déterminer le contour c de l'objet 2D, de coordonnées (c_a, c_b) , présent sur t
- b) Ré-échantillonner c selon un nombre de points m
- c) Déterminer le point $p \in c$ dont la distance à l'origine de t est la plus petite
- d) Réorganiser c afin que p en soit l'origine
- e) Si $O = vx$: $uvx(i, 1 \rightarrow m) = i$, $uvy(i, 1 \rightarrow m) = c_b$, $uvz(i, 1 \rightarrow m) = c_a$
 Si $O = vy$: $uvx(i, 1 \rightarrow m) = c_a$, $uvy(i, 1 \rightarrow m) = i$, $uvz(i, 1 \rightarrow m) = c_b$
 Si $O = vz$: $uvx(i, 1 \rightarrow m) = c_a$, $uvy(i, 1 \rightarrow m) = c_b$, $uvz(i, 1 \rightarrow m) = i$

Avec :

- O l'orientation choisie pour le sens de parcours du volume binaire V .
- vx, vy, vz les axes x, y et z du volume binaire V .
- C l'ensemble des courbes c_i calculées sur toutes les tranches T de V , avec i variant de 1 à n où n est le nombre de tranches composant le volume selon O
- Chaque courbe $c \in C$ est définie par un ensemble de m points P_c constitués d'un triplet de coordonnées (c_a, c_b, i) , où m est invariant d'une courbe à l'autre.
- uvx, uvy, uvz , les matrices résultantes de taille n par m .

Cette étape génère un modèle quadrangulaire développable M_q depuis la surface du modèle volumétrique M_v . Le *quad-mesh* ainsi obtenu assure le développement du volume de confinement par anamorphose 3D.

3.1.3 Développement de l'espace original par anamorphose 3D

Les étapes précédentes ont forgé *in-situ* un modèle quadrangulaire développable dont la morphologie et la surface sont très proches de celles de la structure d'intérêt O_s . Un espace volumétrique de confinement, V_c , de la surface de l'objet à segmenter est créé par extrusion de M_v le long des normales à sa surface. Cet espace de confinement est développé grâce aux

propriétés géométriques intrinsèques de M_v . Il s'agit de créer une anamorphose 3D réversible de l'espace original vers un nouveau domaine volumétrique plan dont l'épaisseur est dictée par la structure à segmenter et par le type d'acquisition. Cette épaisseur est déterminée de manière empirique en fonction du type et de la résolution des données. Lorsque le bon paramètre est déterminé, il est intégré à la méthode. Ceci implique un ré-échantillonnage systématique des données à traiter pour en garantir une anamorphose adéquate. L'image (a) de la Figure 3.5 permet de visualiser l'espace de confinement. La surface de couleur *arc-en-ciel* représente M_v . La surface blanche représente la limite de l'espace de confinement. La surface verte est celle de l'objet O_s qui est strictement situé entre M_v et la limite de V_c . L'anamorphose 3D développe en un domaine plan V_p l'espace volumétrique V_c . Ce développement est imagé par les étapes présentées dans la Figure 3.5.

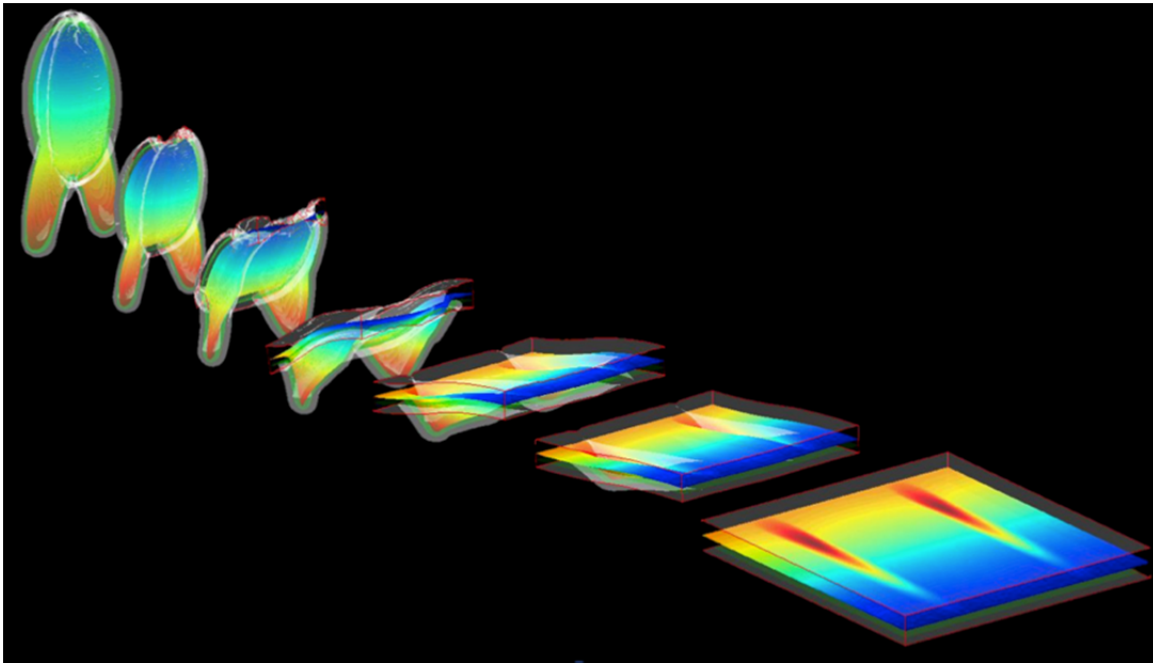


Figure 3.5 Anamorphose 3D du volume de confinement

L'anamorphose 3D réduit la complexité inhérente à la segmentation de O_s . Par cette opération, la surface de O_s est confinée dans un volume restreint V_p et ne possède plus sa complexité topologique initiale puisqu'elle est quasi plane. La segmentation finale est réalisée par la recherche d'une surface minimale quasi plane dans cet espace confiné.

3.1.3.1 Segmentation par recherche de surface minimale

Dans l'espace développé V_p , la solution au problème de segmentation revient à la recherche du plan horizontal le plus continu et dont le parcours est le moins « coûteux » en terme de variation d'intensité. Pour ce faire, un algorithme itératif balaye horizontalement, colonne par colonne, l'espace développé. Quatre balayages consécutifs sont effectués. La Figure 3.6 permet de visualiser les quatre balayages. De l'image (1) à (4), le volume est balayé selon l'axe des x . De l'image (5) à (8), le volume est balayé selon l'axe des y . Les flèches rouges représentent les sens de balayages qui alternent pour chaque axe parcouru.

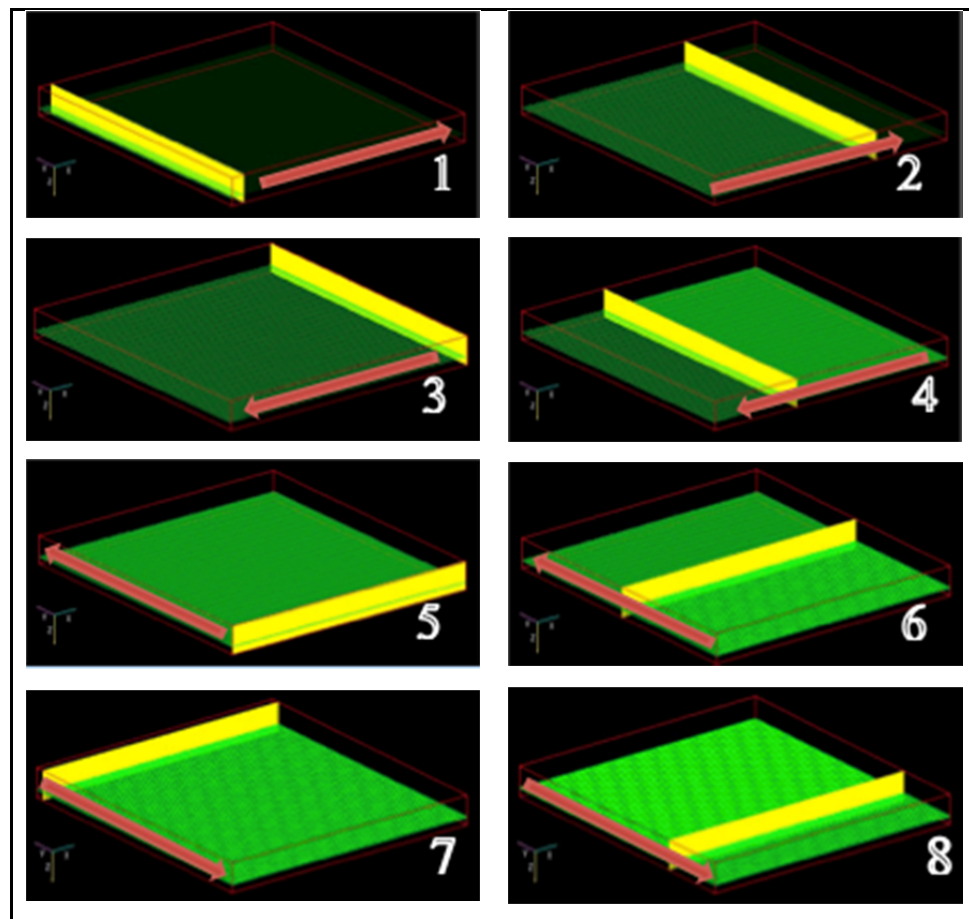


Figure 3.6 Recherche de surface minimale 3D

Au cours de ces balayages, chaque voxel est comparé aux neuf voxels voisins appartenant aux colonnes suivantes. La Figure 3.7 présente un sous-ensemble de 18 voxels appartenant à deux colonnes différentes, C_n et C_{n+1} , au cours d'une itération. Sur l'image (a), C_n est la colonne considérée par l'itération en cours et C_{n+1} la colonne de comparaison. La flèche rouge représente le sens du balayage. L'algorithme considère chaque voxel de chaque colonne, par exemple le voxel V_n , sur l'image (b). Par transparence, l'image (c) permet de visualiser les voxels voisins situés sur la colonne suivante (en violet sur l'image). La valeur d'intensité de V_n est comparée aux valeurs d'intensité des neuf voisins suivants, les voxels numérotés d'un à neuf sur l'image (d).

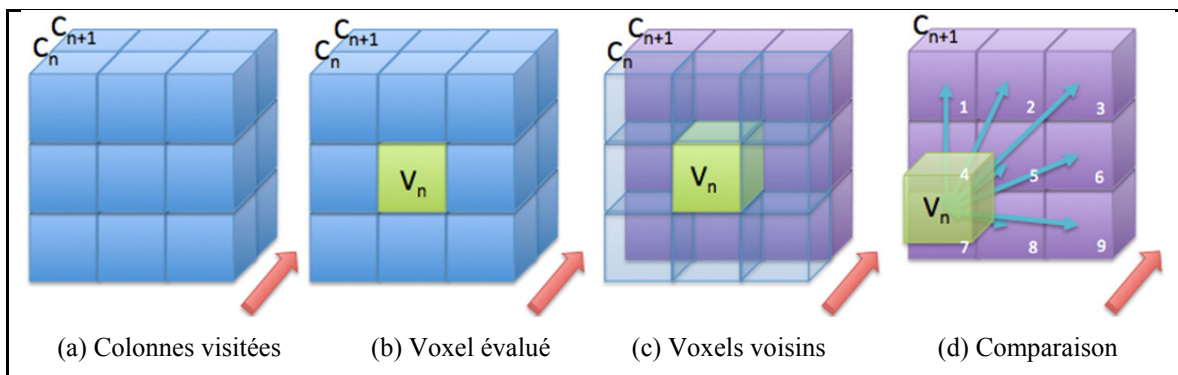


Figure 3.7 Calcul intercolonnes

Pour chaque comparaison, l'algorithme ne conserve que la valeur de la différence d'intensité la plus faible. Ces valeurs sont conservées dans une matrice de taille similaire au volume traité. La surface minimale est la surface correspondante aux valeurs minimales de la moyenne des quatre balayages. Le résultat du processus est illustré par la surface verte de la Figure 3.8.

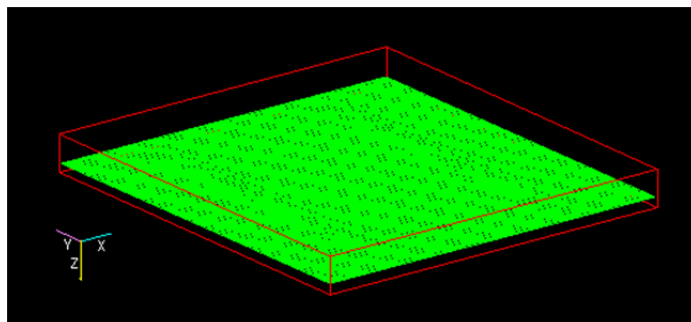


Figure 3.8 Surface minimale développée

Le processus d'anamorphose étant réversible, les coordonnées de la surface développée ont une correspondance univoque dans l'espace original, cette correspondance est la surface 3D de l'objet d'intérêt. La Figure 3.9 illustre l'anamorphose inverse de la surface minimale. L'image (1) est la surface minimale déterminée dans l'espace développé. Les images (2) à (5) montrent l'anamorphose inverse, étape par étape.

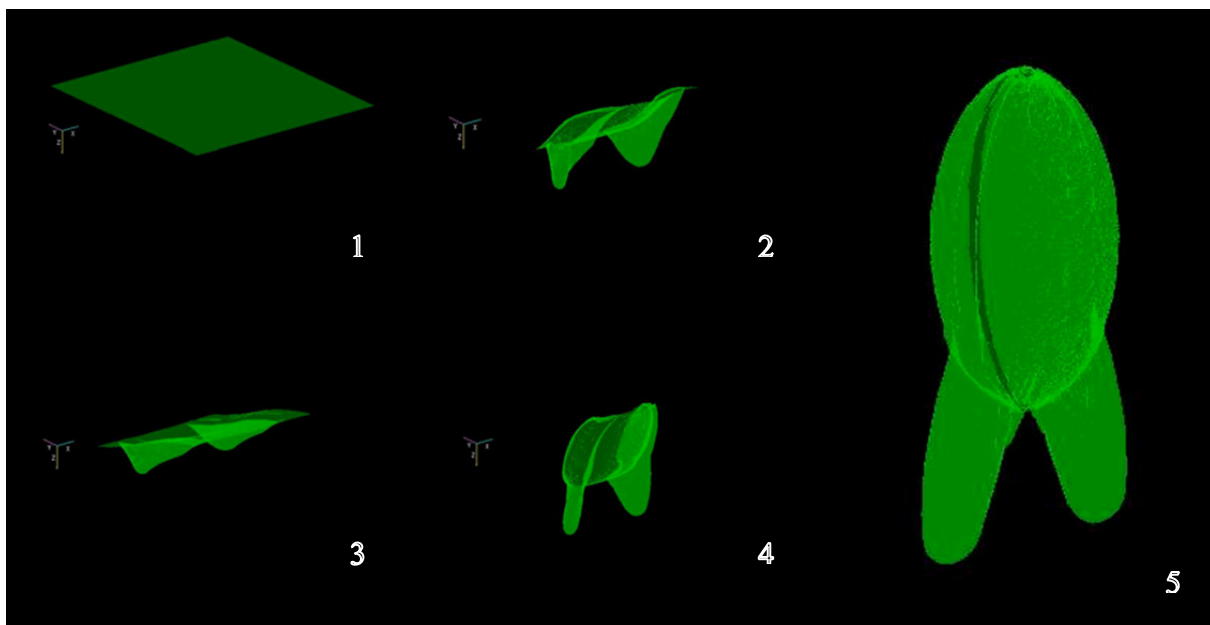


Figure 3.9 Anamorphose inverse

L'objet synthétique a été segmenté par recherche contrainte de surface minimale sans connaissance a priori de sa géométrie ou de sa position. Il est possible d'extraire au sein des

données mêmes les informations spécifiques et nécessaires à la segmentation d'un objet d'intérêt. Cette extraction *in situ* des caractéristiques géométriques de l'objet est applicable à des images médicales réelles. La suite de ce chapitre illustre deux applications, l'une dentaire et l'autre cérébrale.

3.2 Segmentation dentaire en *Cone-Beam-CT*

À l'image du modèle synthétique présenté ci-avant, les dents présentent une topologie surfacique complexe et sont composées de plusieurs sous-structures imbriquées. Ces caractéristiques anatomiques se prêtent à l'application de la méthode générique décrite au début de ce chapitre. Le processus de *remplissage-soustraction* permet d'extraire les pulpes qui représentent une empreinte géométrique dentaire fiable. Par *paramétrisation de voxels*, un modèle quadrangulaire développable de chaque dent est créé. Le *quad-mesh* obtenu permet la génération d'un volume de confinement plan par anamorphose 3D. La surface dentaire est segmentée dans l'espace développé par recherche d'une surface minimale quasi plane. La réversibilité de l'anamorphose permet une conversion des coordonnées afin d'obtenir la segmentation dentaire souhaitée dans l'espace original.

Un diagramme détaillé est présenté à la Figure 3.10. Le déroulement de la segmentation dentaire s'effectue selon les quatre étapes décrites auparavant. Toutefois, l'application à des images réelles implique certains ajustements et l'ajout de sous-étapes :

1. Repérage et création de modèles a priori pulpaire par **double remplissage-soustraction**
2. Création d'un modèle *quad-mesh* développable par *paramétrisation de voxels* :
 - a. Détermination de l'axe principal par projection sphérique
 - b. Projection cylindrique multiplan selon l'axe principal
 - c. *Paramétrisation de voxels* de la projection cylindrique
3. Développement de l'espace par anamorphose 3D
4. Segmentation par recherche de surface minimale dans l'espace développé

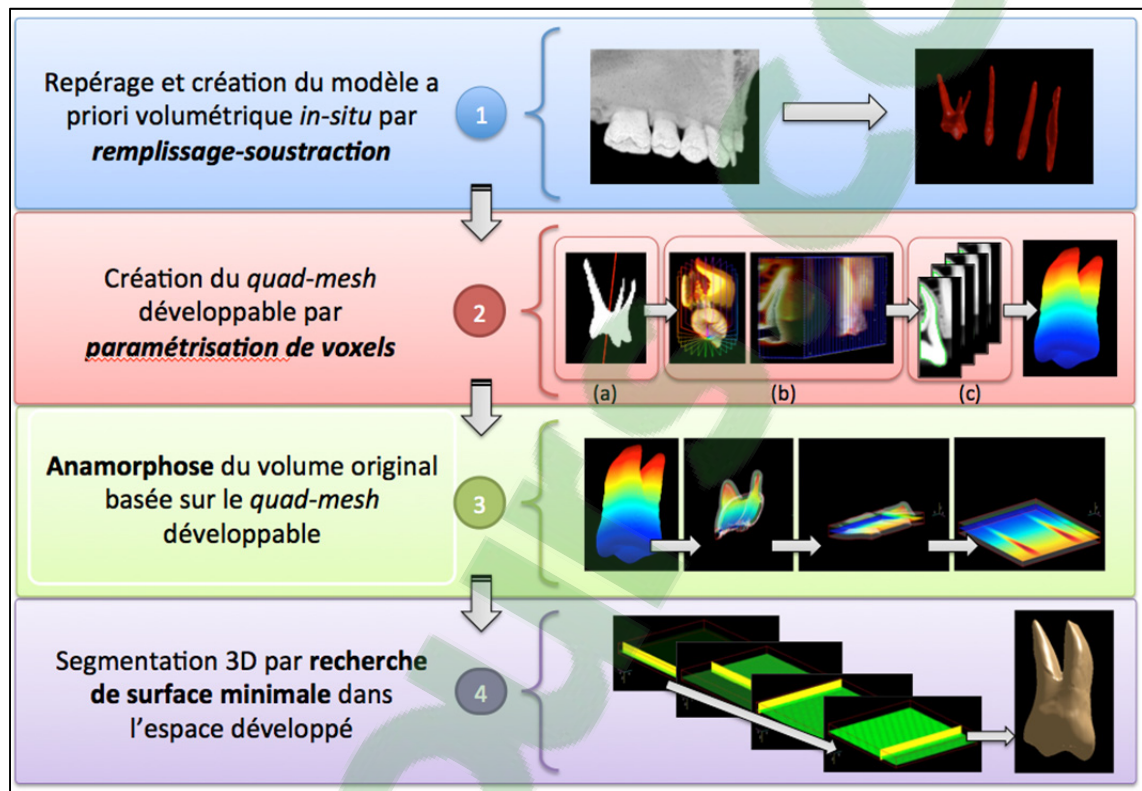


Figure 3.10 Processus de segmentation dentaire

3.2.1 Création des modèles pulpaire volumétriques *in-situ*

Les modèles pulpaire volumétriques sont extraits automatiquement par application de la méthode de *remplissage-soustraction*. Cependant, afin de minimiser la présence d'artéfacts dus aux structures anatomiques adjacentes aux dents, il est nécessaire d'appliquer un double *remplissage-soustraction*. Le contraste dentaire est rehaussé par l'application d'un premier *remplissage-soustraction* au complément du volume de données. L'extraction pulpaire est effectuée par un second *remplissage-soustraction* sur le volume rehaussé. La Figure 3.11 permet de visualiser la différence entre les résultats obtenus par simple et double *remplissage-soustraction*. Les pulpes sont à extraire sur l'image (a). L'image (b) présente le résultat obtenu par simple *remplissage-soustraction*. Les flèches rouges pointent les

nombreuses structures indésirables mises en évidence. L'image (d) illustre le résultat obtenu après un double *remplissage-soustraction* de l'image (c) qui est le complément de (a).

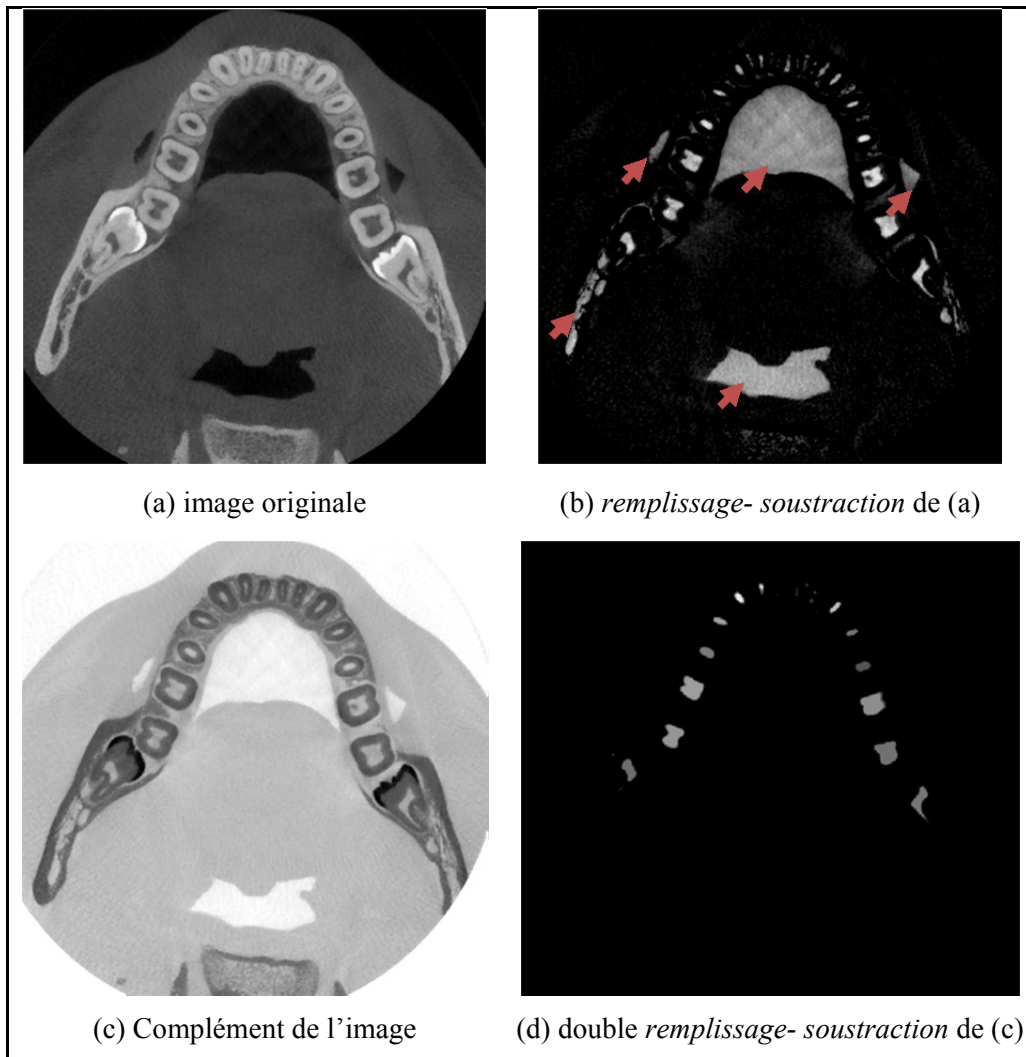


Figure 3.11 Extractions des modèles pulpaire volumétriques

Cette double opération permet le repérage univoque de chaque dent et la création *in-situ* des modèles pulpaire volumétriques. La Figure 3.12 permet de visualiser le résultat de l'extraction pulpaire 3D.

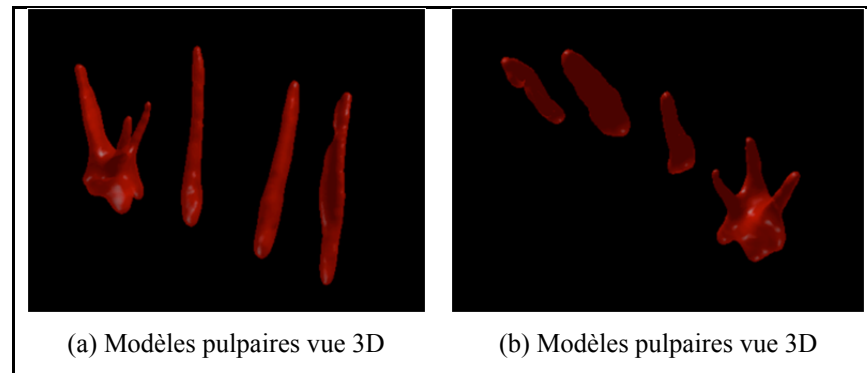


Figure 3.12 Modèles pulpaire volumétriques

De manière itérative, le système de segmentation va parcourir chaque modèle pulpaire volumétrique pour en créer un *quad-mesh* développable.

3.2.2 Création des modèles quadrangulaires développables

La création de modèles quadrangulaires développables par *paramétrisation de mesh* requiert la détermination de l'axe principal de chaque dent. L'axe principal permet la projection cylindrique multiplan. Sur chaque plan cylindrique, le contour dentaire est approximé par recherche de chemin minimal 2D. L'ordonnancement des contours déterminés produit le modèle développable dentaire spécifique à la dent considérée. Pour ce faire, le système parcourt chaque pulpe détectée et applique les trois sous-étapes suivantes:

- a) Détermination de l'axe principal de la dent par projection sphérique
- b) Projection cylindrique de l'espace dentaire depuis l'axe principal déterminé en a)
- c) Création du *quad-mesh* par *paramétrisation de voxels* de la projection cylindrique

NB : Par souci de lisibilité, les étapes ne seront décrites que pour une seule dent.

3.2.2.1 Détermination de l'axe principal de la dent

La topologie des modèles pulpaire ne permet pas de déterminer un axe principal adapté à la projection cylindrique en utilisant les méthodes d'analyse de données standards. L'axe le plus adapté à la projection cylindrique relie le centre de gravité (CG_p) au barycentre des extrémités radiculaires du modèle pulpaire considéré (BC_p). Le centre de gravité de la pulpe correspond à la moyenne des coordonnées des voxels composant le modèle volumétrique. La détermination des extrémités radiculaires n'est pas aussi directe. L'orientation des pulpes étant aléatoire en fonction de l'implantation dentaire du patient, il est impossible d'utiliser les alignements anatomiques standards pour localiser les racines. Leur repérage nécessite l'étude du relief pulpaire afin d'en déterminer les plus hauts apex. Pour simplifier cette localisation, une carte 2D de la topologie pulpaire est générée en deux étapes :

1. Projection sphérique, P_s , du modèle volumétrique pulpaire.
2. Calcul des isosurfaces de P_s par sommation des intensités

Cette opération est assimilable à la création d'une carte du relief terrestre sous la forme d'un planisphère, tel que décrit à la section 1.3. À l'instar du globe terrestre, l'étude de la topologie pulpaire est effectuée en créant une carte d'élévation. Ce processus est décrit par la Figure 3.13. Le modèle volumétrique (image a) est projeté en utilisant les méridiens et parallèles d'une sphère centrée sur le point CG_p (en rouge sur l'image b). La surface pulpaire et ses reliefs sont développés sur l'image (c). Les apex radiculaires deviennent des élévations perpendiculaires au plan généré par développement de la sphère, visible en rouge sur l'image (c).

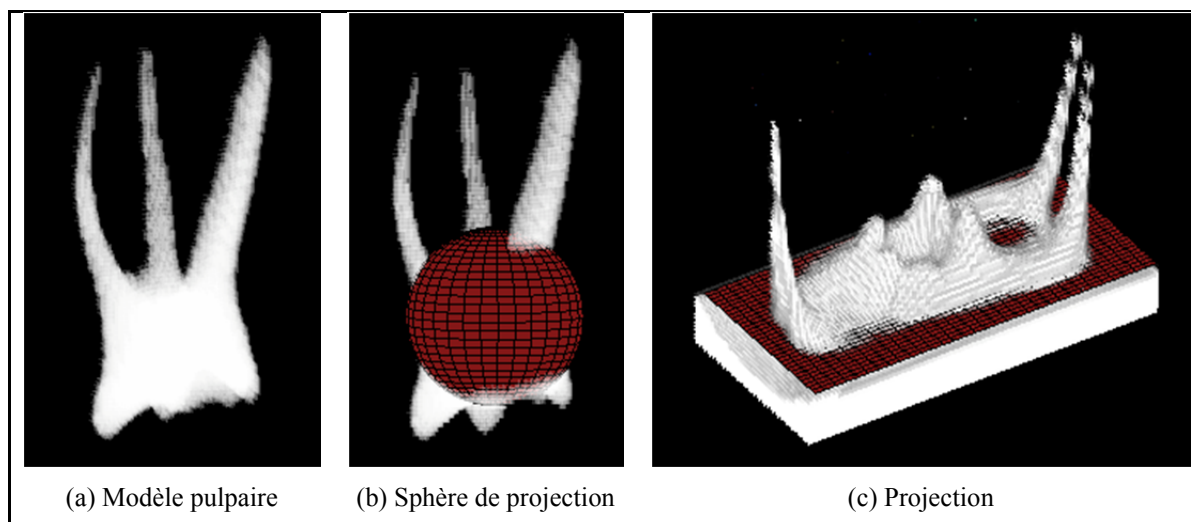


Figure 3.13 Projection sphérique

La carte d'élévation 2D du modèle pulpaire est obtenue par sommation des intensités du relief pulpaire sur le planisphère généré. L'axe selon lequel le sommation des intensités est effectuée est représenté par la flèche rouge sur l'image (a) de la Figure 3.14. La carte d'élévation 2D du modèle pulpaire ainsi calculée est visible sur l'image (b).

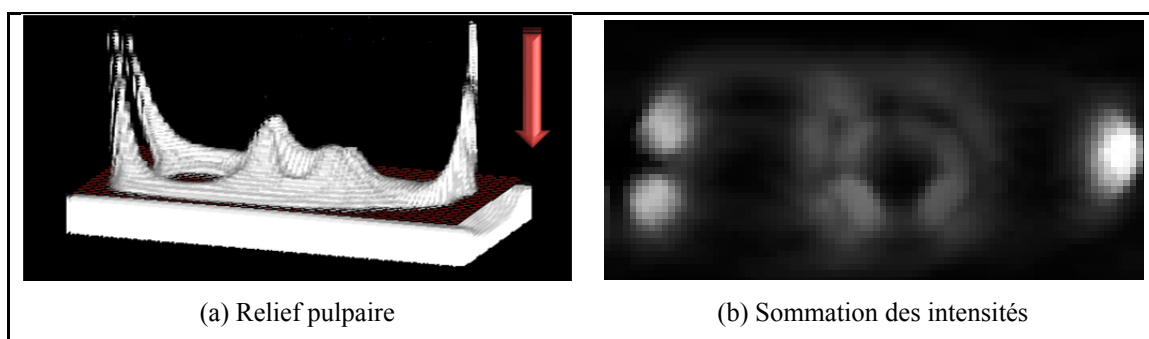


Figure 3.14 Carte des élévations du relief pulpaire

La carte d'élévation permet de situer les extrémités apicales du modèle et de déterminer le nombre de racines que possède la dent étudiée. Les images (a) et (b) de la Figure 3.15 présentent respectivement les cartes d'élévations du relief pulpaire pour des dents mono et poly radiculées. L'analyse des cartes est faite en deux temps par le système. Dans un premier temps, la partie centrale, illustrée par une étoile rouge sur les images (c) et (d), est étudiée. Si

cette zone est constituée de pixels de hautes intensités, la dent est mono-radiculée. À l'inverse, si cette zone présente des pixels de faibles intensités, la dent possède plusieurs racines. Le système analyse ensuite la périphérie de la carte pour en extraire les zones composées de pixels de hautes intensités (symbolisées par des étoiles vertes sur les images c et d). Lorsque la dent ne possède qu'une seule racine, le système isole la zone périphérique qui contient les plus hautes intensités (image c). Dans le cas de racines multiples, toutes les zones de hautes intensités sont considérées (image d).

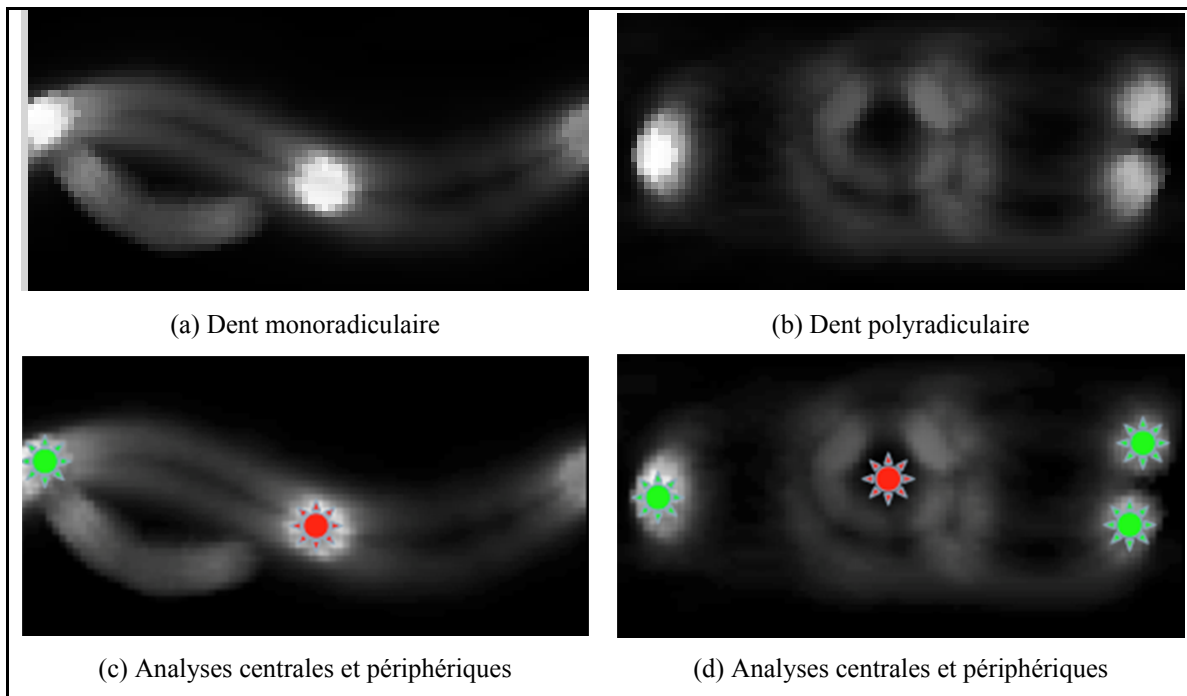


Figure 3.15 Étude de la topologie pulpaire

Lorsque la ou les racines sont localisées, le système dispose de toutes les informations nécessaires pour déterminer l'axe le plus adéquat à la projection cylindrique. Cet axe passe par le centre de gravité du modèle pulpaire et par le barycentre des extrémités radiculaires. Il est symbolisé en rouge sur les deux rendus volumétriques de la Figure 3.16.

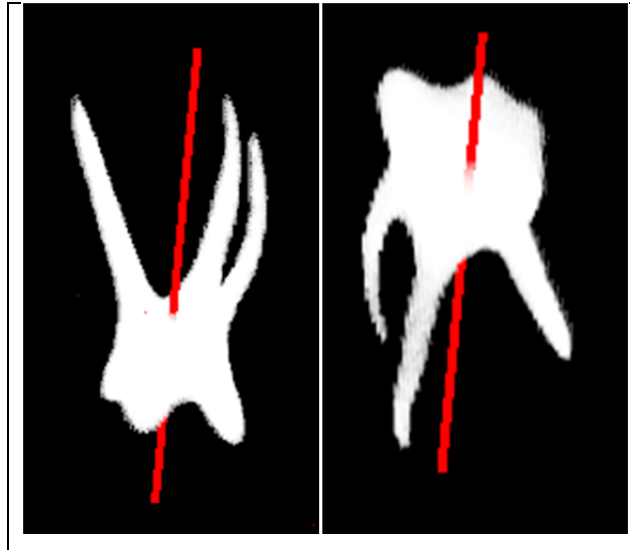


Figure 3.16 Axe principal

L'obtention de cet axe assure le développement cylindrique du modèle pulpaire.

3.2.2.2 Projection cylindrique de l'espace dentaire

L'axe généré à l'étape précédente permet la création d'un nouvel espace cylindrique 3D propice à la création d'un *quad-mesh* développable. Pour chaque dent, un volume de données est calculé par interpolation radiale ordonnancée de plans images perpendiculaires à l'axe principal selon les étapes suivantes (illustrées par la Figure 3.17):

- a) Pour chacun des n points composant l'axe principal, o rayons de longueur m sont générés selon un angle t qui varie entre 0 et 2π (image a).
- b) Les rayons sont associés le long de l'axe principal selon leur répartition angulaire afin de former les plans images visibles sur l'image (b).
- c) Les plans images obtenus sont ordonnancés selon la variation angulaire de t afin de former le volume cylindrique, V_c , visible sur l'image (c).

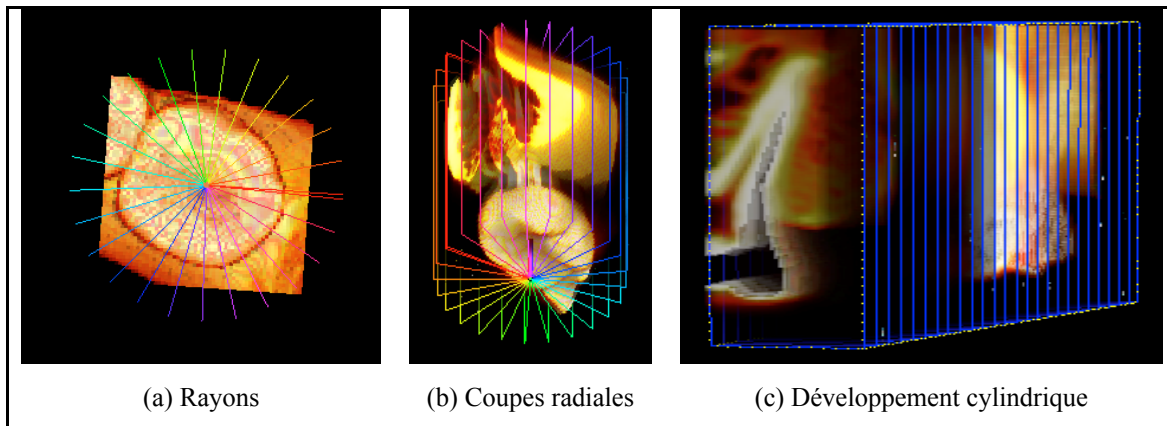


Figure 3.17 Développement cylindrique dentaire

Le volume V_c est composé de o plans images de taille m par n . La configuration spatiale ainsi obtenue permet la création du *quad-mesh* développable.

3.2.2.3 Création du quad-mesh développable par paramétrisation de voxels

La création du modèle dentaire quadrangulaire par *paramétrisation de voxels* requiert l'ordonnement des contours présents sur les tranches de V_c . Pour chaque image du volume cylindrique, la frontière dentaire partielle est approximée par recherche de chemin minimal. Cette recherche est effectuée par anamorphose d'image 2D (Chav 2009). La Figure 3.18 illustre ce processus. L'image (a) représente une coupe cylindrique typique. Sur l'image (b), la bordure rouge représente la bordure du modèle a priori obtenu par *remplissage-soustraction* du complément de (a). L'image (c) est l'anamorphose 2D obtenue depuis le modèle a priori. Sur l'image (d), un chemin minimal est calculé, il correspond au contour dentaire visible en vert sur l'image (e).

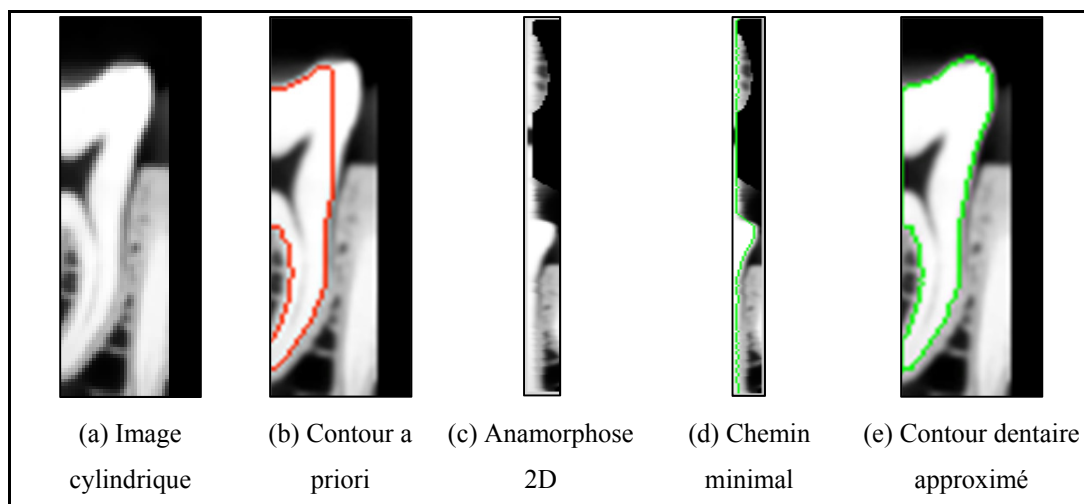


Figure 3.18 Approximation du contour dentaire

Les contours ainsi obtenus sont ré-échantillonnés et ordonnancés par la méthode de *paramétrisation de voxels* pour créer le modèle quadrangulaire dentaire M_q . La Figure 3.19 présente plusieurs vues du modèle paramétrique obtenu à partir d'une dent poly-radiculée.

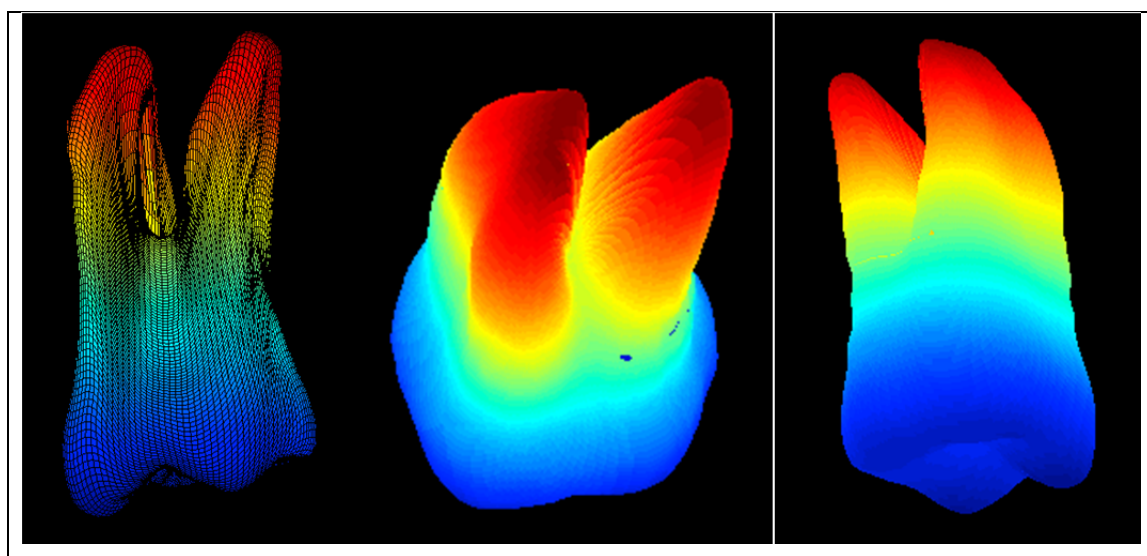


Figure 3.19 *Quad-mesh* dentaire

Cette surface polyédrique représente une approximation fiable de la géométrie 3D de la dent. Le modèle 3D obtenu étant intrinsèquement développable, il est utilisé pour créer une anamorphose 3D de la dent.

3.2.3 Anamorphose dentaire 3D

La surface quadrangulaire générée à l'étape précédente est très proche de la solution finale de segmentation. Un volume de confinement dentaire est créé par extrusion de M_q le long des normales à sa surface. Les propriétés géométriques intrinsèques de M_q permettent de développer l'espace entourant la frontière dentaire par anamorphose 3D. Ce procédé réversible repose sur le calcul de coordonnées d'interpolation par algèbre linéaire. Ces coordonnées sont déterminées afin de créer une circonscription de 20 voxels d'épaisseur (valeur déterminée de façon empirique) autour de M_q selon les étapes suivantes :

- Calcul des normales à la surface de M_q
- Détermination des coordonnées d'extrusion par variation itérative de la longueur des normales de -10 à +10
- Développement des coordonnées d'interpolation grâce aux propriétés de M_q
- Création du volume développé par interpolation trilinéaire du volume original selon les coordonnées d'interpolation

La Figure 3.20 détaille ce processus. L'image (a) représente M_q qui a été forgé *in-situ* dans le volume de données original. Les normales à M_q sont extrudées sur l'image (b). Cette extrusion permet le calcul des coordonnées du volume de confinement. Ces coordonnées sont développées grâce aux propriétés géométriques intrinsèques de M_q . La section (d) image le développement des coordonnées d'interpolation. Une interpolation trilinéaire des données originales selon les coordonnées développées est illustrée en (e). Sur cette image, la surface médiane de couleur arc-en-ciel visible par transparence représente le modèle M_q développé. L'image (f) illustre le résultat final de cette anamorphose : un volume de confinement plan de la surface dentaire à segmenter.

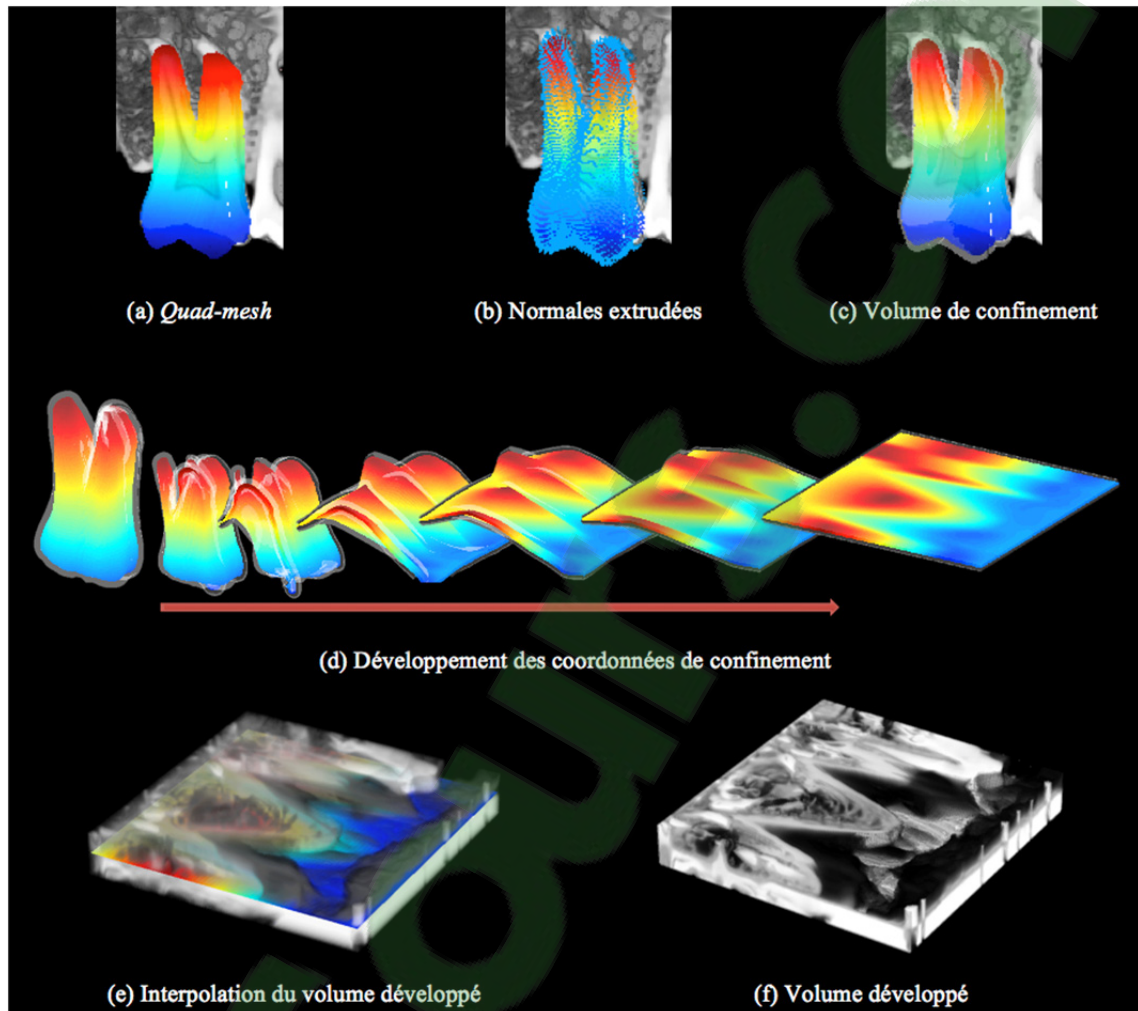


Figure 3.20 Création et développement du volume de confinement

Le volume développé est une représentation plane de l'espace situé autour de la frontière dentaire d'intérêt. Cette frontière est déterminée par recherche de surface minimale quasi plane dans l'espace développé.

3.2.4 Segmentation par recherche de surface minimale

La segmentation finale est obtenue par recherche de surface minimale dans l'espace développé. La recherche de surface minimale s'effectue en deux étapes illustrées par la Figure 3.21 :

1. Balayages selon les x et les y du volume (image a) pour générer une carte d'accumulation (image b).
2. Détermination de la surface minimale qui correspond aux valeurs minimales selon l'axe des z , représentée en vert sur l'image (c).

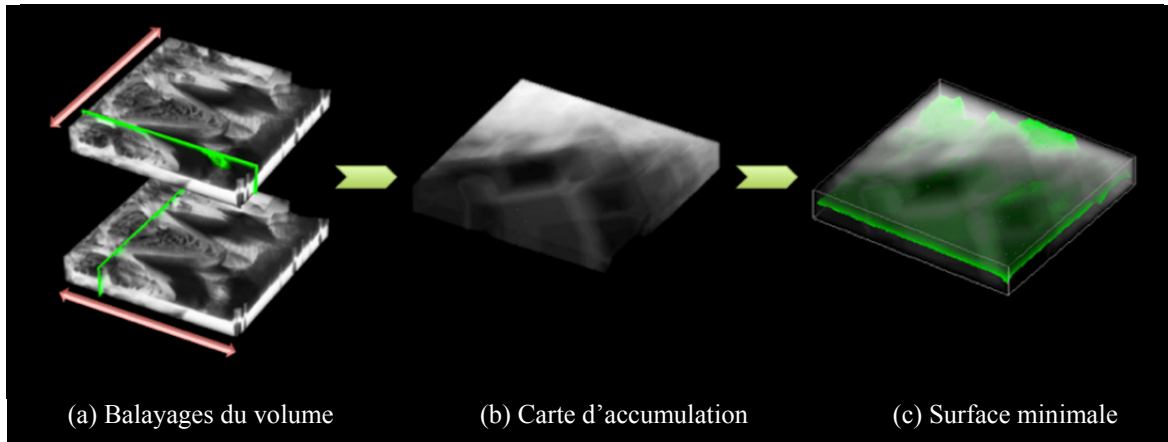


Figure 3.21 Recherche de surface minimale

L'anamorphose 3D étant un processus réversible, toutes les coordonnées de l'espace développé ont une correspondance univoque dans l'espace original. Les coordonnées de la surface minimale déterminée dans l'espace plan sont converties par anamorphose inverse afin d'obtenir la solution finale de segmentation dentaire. La Figure 3.22 permet de visualiser les résultats obtenus. L'image (a) est une vue axiale mettant en évidence les segmentations multiples sur une portion de mandibule. Les images (b) et (c) sont des rendus 3D des segmentations effectuées.

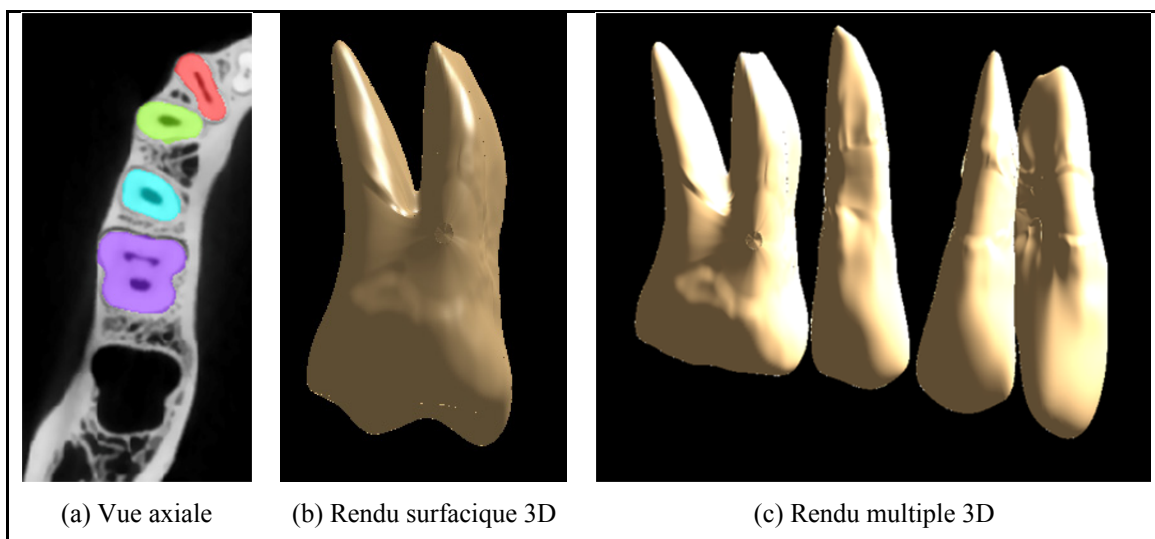


Figure 3.22 Résultat de segmentation

Remarque : malgré la précision obtenue lors de l'élaboration du modèle a priori développable, il est impératif de procéder à la recherche de la surface minimale 3D la plus continue. En effet, le modèle a priori est obtenu par concaténation de courbes 2D, ce qui peut entraîner une discontinuité en trois dimensions. La Figure 3.23 illustre ce phénomène. L'image (a) est une vue sagittale d'une molaire. L'image (b) permet de visualiser le contour du modèle a priori qui ne correspond pas au contour dentaire (en rouge). Sur l'image (c), après la recherche de surface minimale 3D, le contour est correctement déterminé (en vert).

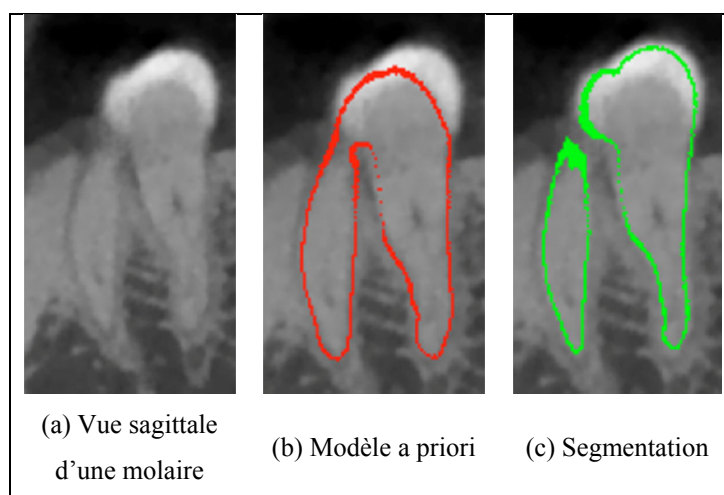


Figure 3.23 Surface minimale

La recherche de la surface minimale 3D la plus continue est essentielle pour procéder à une segmentation précise sans discontinuité 3D.

Malgré la contiguïté et la variabilité morphologique dentaire, le repérage et la création automatique de modèles a priori *in-situ* permettent d'obtenir des segmentations dentaires appropriées. En exploitant uniquement les données présentes dans l'acquisition, la méthode développée est capable de s'adapter aux spécificités du patient. De plus, les résultats obtenus peuvent également être utilisés pour gérer un autre aspect de l'imagerie médicale: la visualisation réaliste des organes.

3.2.5 Visualisation 3D

Généralement, les rendus 3D de modèles organiques sont effectués avec l'application d'une couleur proche de la couleur naturelle de l'objet considéré. Dans le cadre dentaire, la couleur choisie est l'ivoire. Toutefois, le placage d'une texture représentant la surface dentaire serait plus réaliste. Les propriétés géométriques des segmentations obtenues permettent la génération de ce type de texture. Par interpolation des valeurs de voxels depuis les coordonnées du modèle généré par la segmentation il est possible d'obtenir une image 2D représentant la surface dentaire. La Figure 3.24 illustre le résultat obtenu par placage de texture sur un modèle dentaire poly-radiculé.

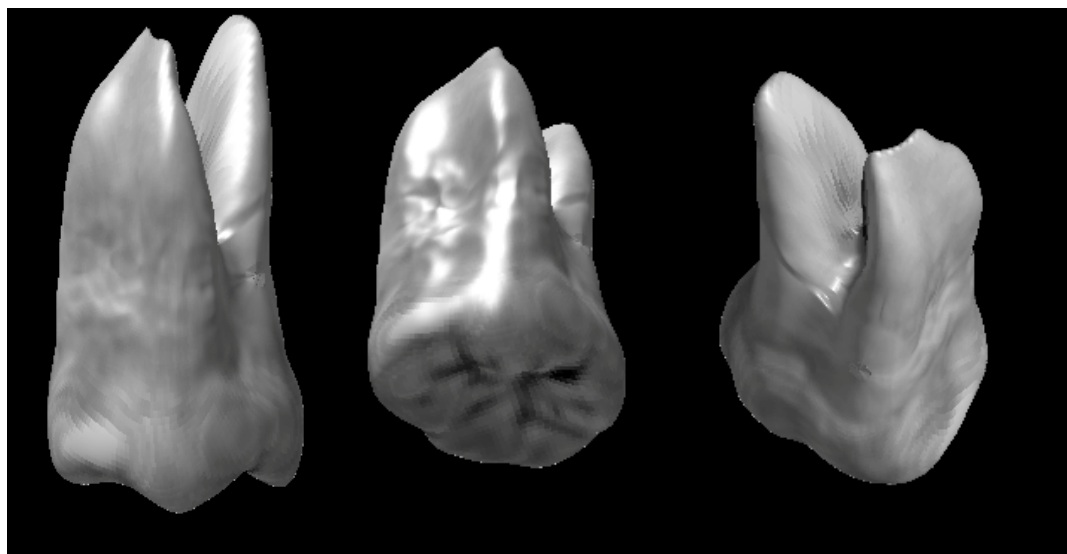


Figure 3.24 Placage de texture dentaire

La méthode de segmentation développée permet également de générer des textures représentatives des organes d'intérêt afin d'en créer des rendus réalistes. La Figure 3.25 permet de visualiser des segmentations effectuées sur quelques cas cliniques.

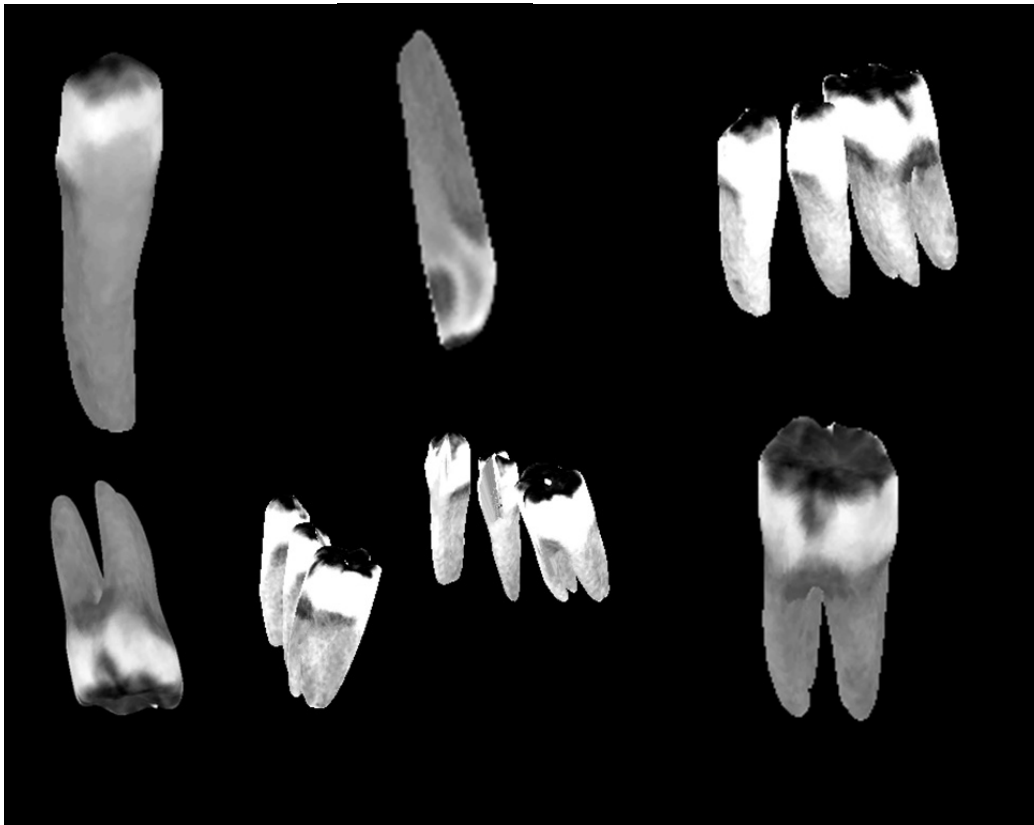


Figure 3.25 Résultats de segmentations diverses

La fiabilité des segmentations obtenues a été éprouvée par une phase de validation. La sous-section suivante détaille les différents aspects de cette validation.

3.2.6 Validation de la segmentation dentaire

Le processus de validation a été effectué par comparaison avec des segmentations manuelles expertes réalisées et vérifiées par des spécialistes en médecine dentaire sur des images CBCT acquises selon le protocole suivant :

- Machine utilisée : NewTom 5G du CRCHUM
- Résolution des images : 150 microns
- Champ de vue : 8 cm par 8 cm

Pour chaque acquisition, un expert a délimité de manière manuelle les frontières dentaires sur chaque coupe axiale. Cette délimitation a été produite à l'aide du logiciel *Tomovision-SliceOMatic*. Ce logiciel génère un volume de données de la même taille que le volume original traité comportant des labels représentant les segmentations manuelles effectuées. La validation repose donc sur la comparaison entre les résultats produits par le système automatique et les segmentations manuelles générées par les experts. Pour chaque jeu de données, une seule segmentation experte a été retenue.

Les échantillons acquis ont été sélectionnés pour leur représentativité clinique et sont composés de portions de mandibules et de maxillaires secs. Quinze dents réparties sur deux portions mandibulaires et deux portions maxillaires ont été évaluées. Les cas validés présentent les problématiques de segmentation spécifiques à ce domaine : dents mono et pluri radiculées dont le nombre est aléatoire, contiguïté et variabilité morphologique et implantaire. La méthode de segmentation a été appliquée à chaque acquisition. Les résultats surfaciques obtenus ont été convertis en un ensemble de voxels et l'ensemble des métriques décrites au chapitre I a été calculé afin de mesurer tangiblement la qualité des résultats obtenus. Le Tableau 1 résume les caractéristiques principales des données de validation. Les termes Mono-r et Poly-r correspondent respectivement à des dents mono et pluri-radiculées.

Tableau 1 Données de validation – Détails

		Mandi. 04 D	Mandi. 04 G	Maxi. 03	Maxi. 05
Dimension		559x329x248	557x240x228	482x371x200	506x368x544
Dents	1	Pluri-r	Mono-r	Pluri -r	Mono-r
	2	Mono-r	Mono-r	Pluri -r	Mono-r
	3	Pluri -r	Mono-r	—	Pluri -r
	4	Mono-r	Pluri -r	—	Pluri -r
	5	Pluri -r	—	—	Mono-r

Les traitements ont été effectués sur un ordinateur possédant les caractéristiques suivantes :

- Processeur : 2,4 GHz Intel Core i7
- Mémoire : 16 Go 1333 MHz DDR3
- GPU : AMD Radeon HD 6770M 1024 Mo

Les délais de traitement sont les suivants :

- Mandibulaire 04 D : 55.14 secs.
- Mandibulaire 04 D : 40.78 secs.
- Maxillaire 03 : 23.38 secs.
- Maxillaire 05 : 61.53 secs.

Les tableaux suivants présentent les mesures de performance de la méthode de segmentation dentaire, avec, dans l'ordre, les indices de mesure suivants :

- Coefficient de dice (%)
- La distance symétrique moyenne de surface (en mm)
- La distance symétrique moyenne de surface au carré (en mm)
- La différence volumétrique (%)
- Le chevauchement volumétrique (%)
- La distance symétrique maximale surfacique (en mm).

Les résultats sont présentés d'un point de vue anatomique, du plus général au plus spécifique. Les dents sont nommées de D1 à Dn avec une police de caractère sous-lignée pour les dents pluri radiculées, typiquement Dn. Cette présentation permet d'établir certaines corrélations nécessaires à l'interprétation des métriques collectées qui est développées dans la seconde partie de ce sous-chapitre.

Le Tableau 2 présente les performances moyennes globales de la méthode développée. Les métriques ont été appliquées aux mandibules et aux maxillaires sans distinction de typologie dentaire. Une moyenne des métriques a été générée.

Tableau 2 Performances moyennes globales

	Moyenne mandibulaire <i>n</i> = 9			Moyenne maxillaire <i>n</i> = 7			Moyenne globale <i>n</i> = 16		
	μ	σ	min-max	μ	σ	min-max	μ	σ	min-max
Coeff. Dice	92.97	2.0	91.5-93.4	91.00	3.0	89.7-91.9	91.99	3.0	89.0-92.5
Dist. moy. de surface	0.17	0.07	0.1-0.3	0.26	0.10	0.2-0.5	0.21	0.11	0.1-0.5
(Dist. moy. de surface) ²	0.29	0.14	0.2-0.6	0.43	0.12	0.3-0.6	0.36	0.15	0.2-0.6
Différence volumétrique	3.96	2.35	1.2-8.0	15.70	15.06	7.8-50.7	9.83	14.09	1.2-50.7
Chevauch. volumétrique	13.05	4.34	10.2-20.9	19.05	7.13	13.1-33.7	16.05	7.26	10.2-33.7
Dist. max. de surface	22.52	1.61	18.3-23.8	21.70	2.02	17.1-22.0	22.11	2.26	17.1-23.8

Le Tableau 3 présente la moyenne des métriques calculées par jeux de données afin de comparer la validité des résultats entre chaque cas.

Tableau 3 Moyennes des métriques par jeux de données

	Mand04D <i>n</i> = 5			Mand04G <i>n</i> = 4			Maxi03 <i>n</i> = 2			Maxi05 <i>n</i> = 5		
	μ	σ	min max	μ	σ	min max	μ	σ	min max	μ	σ	min max
Coeff. Dice	0.91	2.0	90 94	95	0.1	94.9 95.1	92	2.1	90.8 93	88.4	2.0	85 90
Dist. moy. de surf.	0.21	0.07	0.1 0.3	0.13	0.02	0.1 0.2	0.22	0.04	0.2 0.2	0.37	0.08	0.2 0.5
(Dist. moy. de surf.) ²	0.36	0.16	0.2 0.6	0.23	0.01	0.2 0.2	0.53	0.11	0.5 0.6	0.46	0.13	0.3 0.6
Différence volu.	5.90	1.52	4.4 8.0	2.02	0.68	1.2 2.7	10.57	3.89	7.8 13.3	29.60	14.4	16.7 50.7
Chevauch. volu.	15.75	4.51	10.6 20.9	10.34	0.17	10.2 10.6	15.46	3.25	13.1 17.7	25.56	6.06	16.8 33.7
Dist. max. de surf.	21.95	2.07	18.3 23.3	23.08	0.52	22.7 23.8	20.3	1.56	19.2 21.4	19.69	2.28	17.1 22.0

Le Tableau 4 regroupe les métriques calculées pour les dents poly-radiculées. La distinction entre les dents mono et poly radiculées permet d'induire des critères d'analyse de la méthode en fonction de la typologie dentaire.

Tableau 4 Dents poly-radiculées

	Mand04D <i>n</i> = 3			Mand04G <i>n</i> = 1	Maxi03 <i>n</i> = 2		Maxi05 <i>n</i> = 2		<i>n</i> = 8		
	<u>D1</u>	<u>D3</u>	<u>D5</u>	<u>D4</u>	<u>D1</u>	<u>D2</u>	<u>D3</u>	<u>D4</u>	μ	σ	Min max
Coeff. Dice	94	90	90	95	93	90	87	91	91	2.0	87 95
Dist. Moy. de surface	.15	.31	.26	.16	.19	.24	.41	.25	0.25	0.08	0.1 0.4
Dist. Moy. de surf. au carré	.25	.55	.53	.24	.45	.61	.55	.27	0.43	0.14	0.2 0.6
Différence volumétrique	4.6	8.0	6.8	2.7	7.8	13.3	16.7	19.0	9.86	5.46	2.7 19.0
Chevauch. volumétrique	10.6	20.3	20.9	10.6	13.1	17.7	24.9	16.8	16.86	4.82	10.6 24.9
Dist. Max. de surface	22.9	23.3	18.3	22.7	21.4	19.2	18.0	18.0	20.48	2.19	18.0 23.3

Le Tableau 5 regroupe les métriques calculées pour les dents mono-radiculées.

Tableau 5 Dents mono-radiculées

	Mand04D <i>n</i> = 2		Mand04G <i>n</i> = 3			Maxi05 <i>n</i> = 3			μ	σ	min max
	D2	D4	D1	D2	D3	D1	D2	D5			
Coeff. Dice	92	93	95	95	95	89	85	90	92	4.0	85-95
Dist. Moy. de surface	.16	.16	.11	.13	.13	.33	.46	.37	0.23	0.13	0.1-0.5
Dist. Moy. de surf. au carré	.24	.24	.22	.23	.22	.41	.60	.43	0.32	0.14	0.2-0.6
Différence volumétrique	4.4	5.6	1.2	1.7	2.4	23.6	50.7	37.9	15.94	19.25	1.2-50.7
Chevauch. volumétrique	13.2	14.6	10.2	10.3	10.3	25.0	33.7	27.4	18.09	9.24	10.2-33.7
Dist. Max. de surface	22.9	22.3	23.8	22.7	23.0	22.0	21.6	17.1	21.93	2.06	17.1-23.8

L'ensemble des métriques appliquées à chaque dent est présenté dans le Tableau 6. Ce tableau récapitule toutes les métriques disponibles et leur calcul sur chaque dent.

Tableau 6 Résultats de la validation

	Mandibule 04D <i>n</i> = 5					Mandibule 04G <i>n</i> = 4				Maxi-03 <i>n</i> = 2		Maxillaire 05 <i>n</i> = 5				
	<u>D1</u>	<u>D2</u>	<u>D3</u>	<u>D4</u>	<u>D5</u>	<u>D1</u>	<u>D2</u>	<u>D3</u>	<u>D4</u>	<u>D1</u>	<u>D2</u>	<u>D1</u>	<u>D2</u>	<u>D3</u>	<u>D4</u>	<u>D5</u>
Coeff. Dice	94	92	90	93	90	95	95	95	95	93	90	89	85	87	91	90
Dist. Moy. de surface	.15	.16	.31	.16	.26	.11	.13	.13	.16	.19	.24	.33	.46	.41	.25	.37
Dist. Moy. de surf. au carré	.25	.24	.55	.24	.53	.22	.23	.22	.24	.45	.61	.41	.60	.55	.27	.43
Différence volum.	4.6	4.4	8.0	5.6	6.8	1.2	1.7	2.4	2.7	7.8	13.3	23.6	50.7	16.	19.0	38.
Chevauch. Volum.	11.	13.	20.	14.	21.	10.	10.3	10.	10.6	13.1	17.7	25.0	33.7	25.	16.8	27.
Dist. Max. de surface	23.	23.	23.	22.	18.	24.	22.7	23.	22.7	21.4	19.2	22.0	21.6	18.	18.0	17.

La phase de validation a permis de calculer diverses métriques de référence. En fonction des propriétés intrinsèques de ces métriques, il est possible d'interpréter les résultats de segmentation obtenus.

3.2.7 Analyse et interprétation des résultats de segmentation

Cette section présente l'analyse et l'interprétation des métriques collectées dans le cadre de la validation de la méthode de segmentation dentaire.

3.2.7.1 Analyse

Il est important de signifier que les données de validation ont été segmentées manuellement par des experts du domaine. Ces segmentations ont été vérifiées visuellement mais aucune quantification de la qualité des segmentations expertes n'a pu être calculée. Il est impossible de mesurer le biais induit dans ces segmentations manuelles. Un outil de type *STAPLE* (Warfield 2004) aurait permis de quantifier la qualité des segmentations expertes. Il n'a pas non plus été possible de se comparer directement aux résultats présentés dans les autres

méthodes de la littérature. Cette comparaison aurait été possible si les données et codes source des méthodes utilisés étaient disponibles, ce qui n'était malheureusement pas le cas. Néanmoins, de manière globale, les métriques obtenues confirment les hypothèses émises. En effet, tous jeux de données confondus, les résultats sont qualitativement très acceptables, puisque le coefficient de Dice moyen est de 92%. Les segmentations générées présentent donc, d'un point de vue global une très bonne similarité avec les données de référence. Ceci est confirmé par l'étude des métriques de distances symétriques de surface (simple et au carré), où sur une moyenne globale, ces métriques sont respectivement de 0.21mm et 0.36mm. Du point de vue volumétrique, les métriques indiquent une erreur de différence inférieure à 10% et une erreur moyenne de chevauchement de l'ordre de 16%. Globalement, l'indice de similarité et les mesures de distances symétriques laissent transparaître des résultats très satisfaisants. Toutefois, l'erreur moyenne de chevauchement volumétrique de 16% révèle que les volumes segmentés automatiquement ne correspondent pas exactement aux volumes de référence. La Figure 3.26 permet la comparaison des coefficients de Dice et de l'erreur de chevauchement volumétrique. Sur ces graphiques, de type *boxing-plot*, il est possible de visualiser les moyennes des deux métriques significatives que sont le coefficient de Dice et l'erreur de chevauchement volumétrique. Pour chaque jeu de données, le coefficient de Dice moyen et l'erreur de chevauchement moyenne ont été calculés.

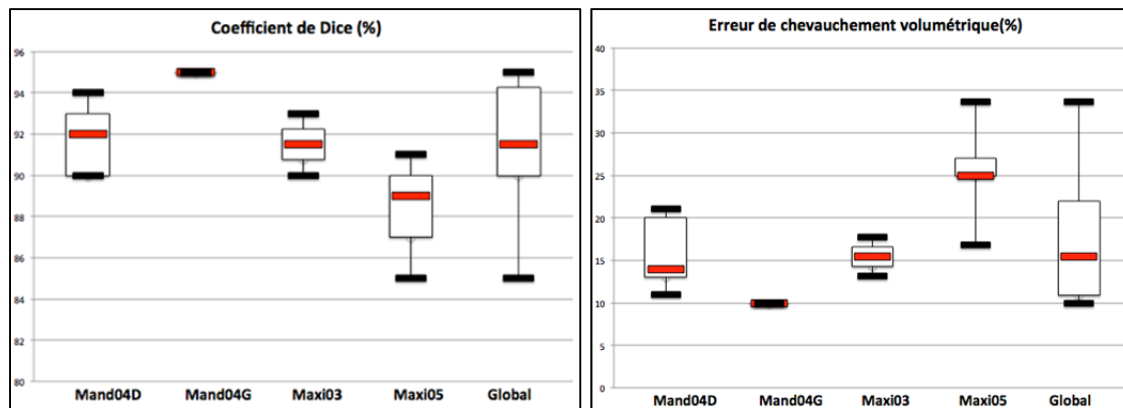


Figure 3.26 Comparaison des métriques significatives

Ces différences volumétriques sont plus marquées si une distinction est faite entre mandibule et maxillaire. Toutes mesures de validation confondues, les résultats sont qualitativement supérieurs lorsque la méthode est appliquée à la segmentation mandibulaire. Les coefficients de similarité présentent peu de différence entre le groupe des mandibules et le groupe des maxillaires (inférieur à 2%). Cependant, au niveau des distances symétriques de surface et au niveau volumétrique, les disparités sont notables. La variation des différences volumétriques moyennes entre les segmentations mandibulaires et maxillaires est de l'ordre de 11.75%. L'étude des métriques de validations au cas par cas laisse apparaître une dégradation sensible des performances lors de l'application de la méthode au maxillaire 05. Le Tableau 7 met en évidence cette affirmation. Dans ce tableau, les moyennes de chaque métrique sont calculées en excluant le maxillaire 05.

Tableau 7 Résultats moyens sans le maxillaire 05

	Tous les cas – Maxil-05			Maxil-05			Différence μ
	μ	σ	min max	μ	σ	min max	
Coeff. Dice	93	2.12	90.0 95.0	85	2.41	85.0 91.0	7
Dist. Moy. de surf.	0.18	0.06	0.1 0.3	0.37	0.08	0.2 0.5	0.18
(Dist. moy. de surf.) ²	0.34	0.16	0.2 0.6	0.46	0.13	0.3 0.6	0.11
Différence volu.	5.32	3.55	1.2 13.3	29.60	14.40	16.7 50.7	24.28
Chevauch. volu.	13.80	4.09	10.2 20.9	25.56	6.06	16.8 33.7	11.76
Dist. Max. de surf.	22.05	1.75	18.3 23.8	19.69	2.28	17.1 22.0	2.36

En excluant ce cas, les valeurs moyennes des métriques sont qualitativement acceptables. L'étude particulière de chaque cas de validation confirme cette affirmation. L'indice de

similarité est inférieur à 0.9 pour le maxillaire 05. Cet indice est supérieur à 0.91 pour tous les autres cas.

L'étude des métriques au niveau de la typologie dentaire ne laisse pas apparaître de variations significatives des résultats. Les résultats moyens sont constants, que les dents soient mono-radiculées ou pluri-radiculées. La typologie dentaire ne semble pas affecter les résultats de segmentation.

3.2.7.2 Interprétation

L'analyse des données a été effectuée sur différents points. Les performances globales de la méthode proposée sont qualitativement acceptables. L'étude au cas par cas a permis de mettre en évidence une dépréciation sensible des performances lors de l'application de la méthode à un volume de données de type maxillaire. La typologie dentaire ne semble pas affecter les performances.

La méthode proposée corrobore donc les hypothèses de départ. La segmentation dentaire en CBCT se prête à la génération *in-situ* de modèles a priori propices à un repérage et à une segmentation fiable. Toutes les dents considérées ont été correctement repérées. Malgré la dépréciation des résultats sur le cas maxillaire-05, les modèles a priori créés automatiquement sont assez robustes pour procéder à un repérage et à une segmentation tridimensionnelle de qualité. L'approche proposée permet donc de s'affranchir des limites des segmentations dentaires actuelles. La segmentation dentaire par recherche de surface minimale dans un espace confiné répond donc correctement aux exigences établies dans le cadre de ce projet de recherche.

Néanmoins, la finalité clinique éventuelle de ce projet de recherche nécessite une compréhension plus poussée des limites de la solution proposée. Une interprétation plus fine des résultats de validation conduit à des interrogations sur les erreurs révélées. Les métriques calculées laissent apparaître une variation notable entre l'indice de similarité et le

chevauchement volumétrique. L'indice de similarité semble indiquer, que d'un point de vue global, les segmentations générées, sont très proches de la solution expert. Or, les mesures d'erreur de chevauchement volumétrique laissent apparaître des pourcentages non négligeables dans le cadre d'une application clinique. Ceci est d'autant plus vrai si le cas critique est considéré (maxillaire-05).

Puisque la typologie dentaire ne semble pas devoir être mise en cause, il convient de comparer les jeux de données entres eux afin de mettre en évidence des différences qui pourraient permettre d'améliorer le processus de segmentation en fonction des données à traiter.

Dans un premier temps, il est important de rappeler que la méthode proposée repose sur l'utilisation de la géodésie morphologique. Particulièrement sur l'exploitation des « trous » présents dans les images. Or, au sens entendu en imagerie, un trou est un ensemble connecté de voxels de faible intensité circonscrit par un ensemble connecté de voxels de hautes intensités. Si l'ensemble de voxels de hautes intensités présente des discontinuités, la géodésie morphologique peut générer des résultats erronés, voire pas de résultats du tout. Les données utilisées sont des données sèches acquises sur des sujets jeunes dont la calcification radiculaire n'a pas été terminée. Cette particularité peut entraîner des « fuites » et fausser la génération du modèle a priori pulpaire. La Figure 3.27 illustre ce phénomène. L'image (a) est une vue coronale dentaire présentant cette particularité radiculaire marquée (pointée par la flèche rouge). L'image (b) présente une dent dont la racine n'est pas érodée (flèche verte). Les images (c) et (d) sont respectivement des vues axiales radiculaires érodées et non érodées. Lorsque l'érosion est présente, les algorithmes géodésiques peuvent soit déborder et donc entraîner la sélection de zones inadéquates, soit, ne pas tenir compte de la région qui n'est plus un « trou ».

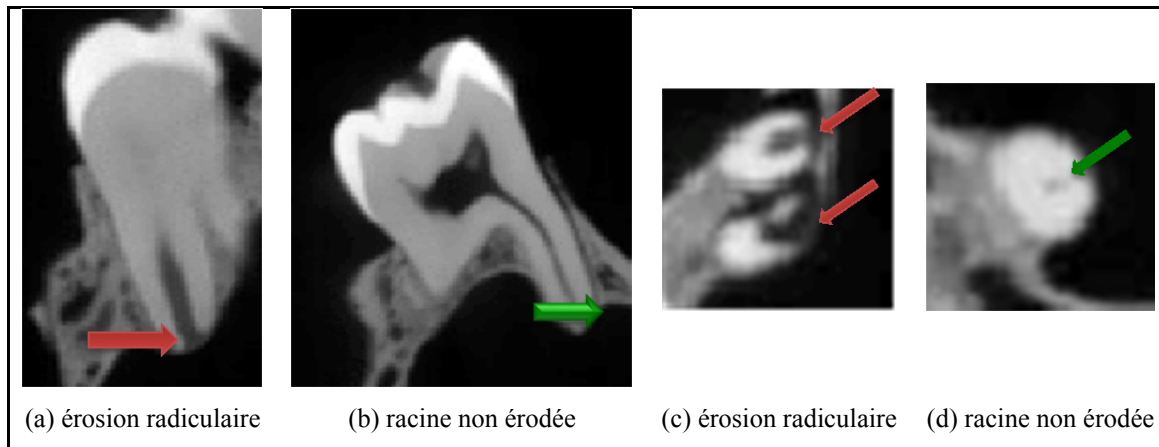


Figure 3.27 Érosion radiculaire

En présence de ce type de configuration radiculaire, le modèle pulpaire a priori forgé *in-situ* peut être inexact. Ses caractéristiques géométriques n'étant pas définies correctement, la génération du modèle développable peut s'en trouver altérée et cela peut fausser la segmentation, particulièrement au niveau radiculaire. Cette hypothèse peut être corroborée ou infirmée en utilisant un rendu visuel laissant apparaître la différence entre la segmentation automatique et le modèle de validation expert. Pour ce faire, une carte de mesure d'erreur est générée. Cette carte mesure la différence de distance entre la segmentation experte et le résultat produit par la méthode. Cette carte est plaquée sur le modèle dentaire pour en faciliter la compréhension. La Figure 3.28 illustre l'application de cette approche à une molaire. Les deux images représentent la même dent vue sous deux angles différents. L'échelle de couleur se décline des couleurs les plus froides vers les couleurs les plus chaudes. Les zones dentaires dont la texture est la plus froide (bleu) correspondent à une faible erreur de segmentation. À l'inverse, plus la couleur est chaude (rouge), plus l'erreur est élevée.

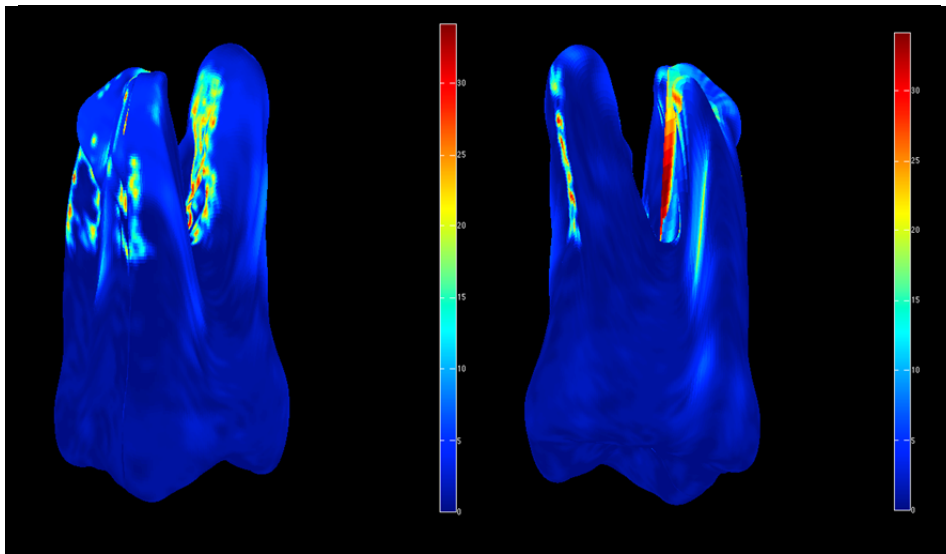


Figure 3.28 Visualisation des erreurs de segmentation

Ce rendu visuel, permet de corroborer l'hypothèse selon laquelle, l'erreur de segmentation est plus élevée au niveau radiculaire. L'amélioration du processus de segmentation nécessite de porter une attention particulière à la génération du modèle a priori volumétrique, particulièrement au niveau radiculaire. Il est toutefois bon de noter que les segmentations des experts ont été effectuées manuellement. Malgré le soin apporté à cette opération, des erreurs sont parfois induites dans l'appréciation des frontières. La Figure 3.29 illustre le type d'erreurs imputables aux segmentations des experts. L'image (a) présente en rouge le masque de segmentation pulpaire créé par l'expert, une portion de la pulpe dentaire a été omise. Cette portion est incluse par la méthode automatique, illustrée en vert sur l'image (b).

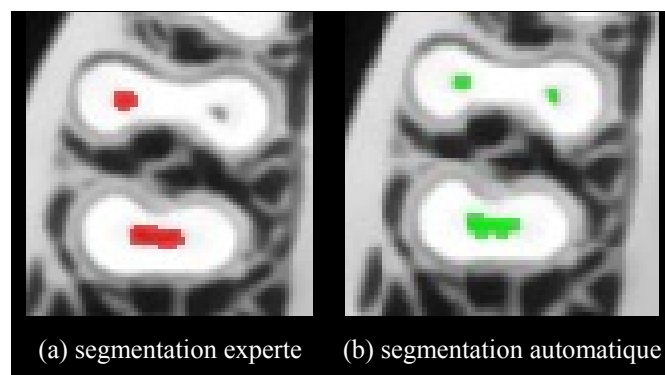


Figure 3.29 Biais de segmentation

Ce biais peut entraîner une mauvaise interprétation des résultats. Les métriques de validation peuvent injustement sanctionner le système automatique alors qu'il peut, par endroit, proposer une segmentation plus précise que celle de l'expert. Idéalement, les segmentations de validation devraient être effectuées par plusieurs experts et obtenir un degré de qualification (démarche STAPLE).

Le repérage et la création automatique *in-situ* de modèles a priori pulpaire permettent de s'affranchir des limitations actuelles en matière de segmentation dentaire. L'utilisation de cette approche assure un repérage automatique, efficace et univoque de chaque dent. Le modèle volumétrique obtenu permet la détermination des caractéristiques morphologiques de chaque dent. L'utilisation de ces caractéristiques permet la génération d'un modèle paramétrique développable de chaque dent. Ce modèle paramétrique permet de créer une anamorphose 3D ad hoc de chaque dent. La segmentation finale est effectuée par recherche de surface minimale dans l'espace développé. Le modèle surfacique, ainsi obtenu est une segmentation fiable de chaque dent. Il est également possible d'exploiter ce modèle pour générer des textures réalistes de chaque dent.

La méthode développée se distingue des approches proposées dans la littérature par plusieurs aspects. Généralement, les méthodes appliquées à la segmentation dentaire nécessitent une initialisation manuelle (Gao 2008, 2010, 2014). Cette initialisation est longue, elle nécessite une interface utilisateur particulière et peut être source d'erreur si le praticien ne sélectionne par un point valide. A contrario, le système proposé ne nécessite aucune initialisation puisque la méthode est capable de repérer automatiquement toutes les dents. De plus, l'approche *SammIns* utilise les spécificités anatomiques du patient considéré pour effectuer la segmentation dentaire. Ceci lui confère un véritable avantage par rapport aux méthodes actuelles puisque le résultat de la segmentation repose uniquement sur l'anatomie à traiter et non pas sur des statistiques morphologiques. Dans le domaine dento-maxillo-facial, l'emploi d'atlas est souvent de mise (Kainmuller 2009, Gollmer 2012). Le problème induit par les bases de données réside dans la gestion des grandes variations anatomiques interpersonnelles (Wang 2014). Pour palier ces limitations, certains auteurs ont introduit des contraintes

anatomiques afin de rendre leurs algorithmes plus robustes (Barone 2015, Gao 2014). Cependant, malgré l'ajout de ces contraintes, certaines structures ne peuvent pas être adressées, comme les dents poly-radiculées. Sans connaissances a priori, le système développé est capable de s'affranchir de ces limites en sculptant un objet a priori dentaire *in-situ*. La création automatique de modèles a priori *in-situ* peut être appliquées à un ensemble non exhaustif de structures céphaliques en particulier aux sous-structures cérébrales. Cette démarche est décrite en détail dans la suite de ce chapitre.

3.3 Segmentation cérébrale

Le cerveau est un organe à topologie complexe. Sa structure externe sphéroïdale est composée de sous-structures imbriquées les unes dans les autres. Cette intrication peut être exploitée pour forger *in-situ* des modèles a priori de segmentation. Tout comme dans le cadre dentaire, cette génération d'informations géométriques personnalisées permet de s'affranchir d'éventuelles variations morphologiques interindividuelles liées à des pathologies ou non. Cette approche a été appliquée pour repérer et segmenter les organes suivants : encéphale, cerveau, cervelet, tronc cérébral, hémisphères cérébraux, ventricules latéraux, quatrième ventricule, matière blanche, corps calleux, hippocampe. La Figure 3.30 permet la visualisation de ces organes.

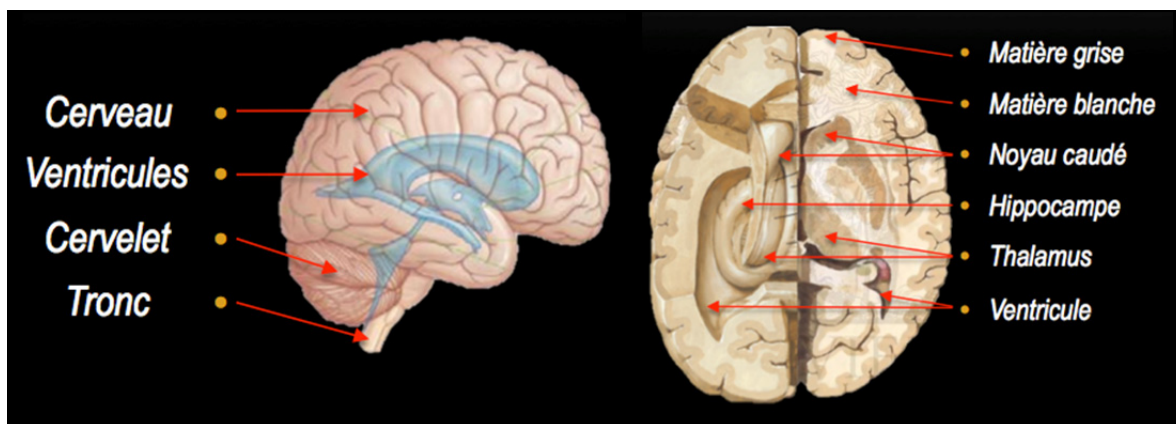


Figure 3.30 Organes cérébraux d'intérêt
Adaptée de Netter (1999, p. 111)

Les données utilisées sont des images IRM-MPRAGE 3D isométriques et proviennent de la base de données cérébrale OASIS (<http://www.oasis-brains.org>). Ces données ont été préalablement traitées par une correction de biais d'inhomogénéité.

Le processus de segmentation cérébrale est organisé selon les étapes suivantes :

1. Alignement automatique des volumes selon les axes anatomiques standard
2. Extraction de l'encéphale (*skull-stripping*)
3. Segmentation du tronc cérébral
4. Extraction du cervelet
5. Extraction du cerveau
6. Détermination des hémisphères droit et gauche
7. Segmentation des ventricules latéraux et du quatrième ventricule
8. Segmentation de la matière blanche
9. Segmentation du corps calleux
10. Reconnaissance et localisation de sous structures cérébrales

Ce processus est illustré par le logigramme présenté à la Figure 3.31.

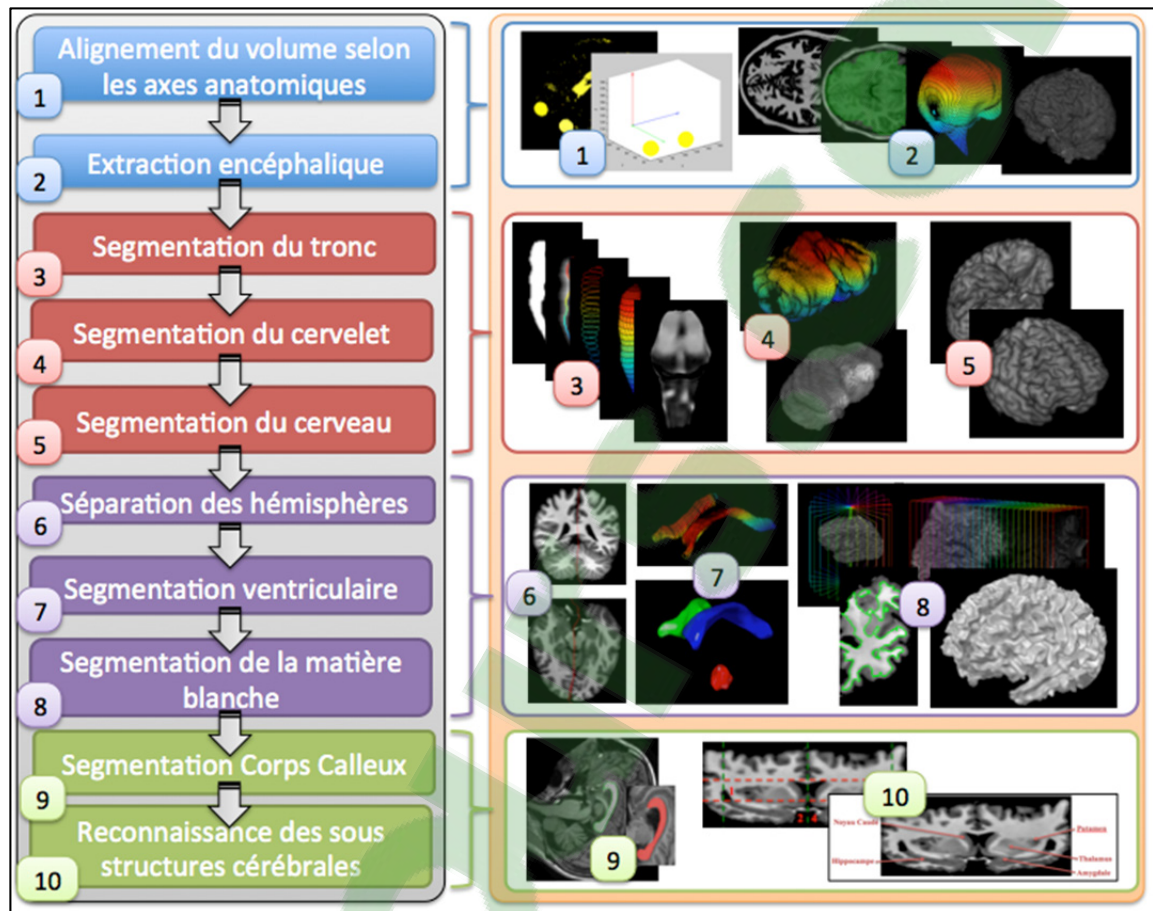


Figure 3.31 Processus de segmentation cérébrale

3.3.1 Alignement des données selon les axes anatomiques

L'algorithme développé nécessite une orientation particulière des données. Le volume acquis est donc réaligné selon les axes anatomiques standard. Étant donné que le système ne possède aucune information sur les données, le réalignement repose sur trois points de repère univoques indépendants de pathologies cérébrales sévères : les deux centres orbitaux et le barycentre cérébral. L'obtention de ces trois points permet de déterminer les plans anatomiques standard selon les étapes suivantes :

1. Repérage des orbites par *remplissage-soustraction*
2. Calcul de la moyenne des coordonnées des voxels d'intensité \geq à 10% du maximum
3. Établissement des vecteurs des plans anatomiques par algèbre linéaire

Sur les images IRM, les orbites constituent un regroupement de voxels de faibles intensités circonscrit par un ensemble de voxels de hautes intensités. L'application de l'opération de *remplissage-soustraction* met en évidence l'ensemble des structures céphaliques possédant ces caractéristiques, tel qu'illustré par la Figure 3.32.

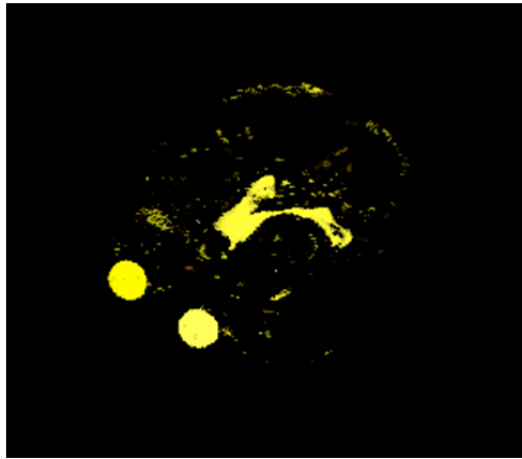


Figure 3.32 Repérage oculaire

Ensuite, les orbites sont repérées par isolement des objets de formes sphériques. Le système parcourt la liste des objets obtenus. Le centre de gravité et les coordonnées de la surface de chaque objet sont calculés. La distance Euclidienne moyenne entre le centroïde et chaque point de surface est déterminée. Cette distance moyenne est utilisée pour évaluer si le volume de l'objet (en voxels) correspond au volume théorique d'une sphère obtenu par le calcul suivant :

$$V = \frac{4}{3} \pi r^3 \quad (3.2)$$

où V est le volume (nombre de voxels) et r est la distance Euclidienne moyenne calculée. Si il y'a une correspondance de valeur à $\pm 10\%$, l'objet est considéré comme étant quasi sphérique et retenu comme étant une orbite.

Le barycentre cérébral est défini par la moyenne des coordonnées des voxels composant l'acquisition dont l'intensité est supérieure à 10% de l'intensité maximale. Depuis ce point,

sont calculés les vecteurs oculaires visibles en magenta sur l'image (a) de la Figure 3.33. Le vecteur axial est calculé par le produit vectoriel des vecteurs oculaires et représenté en rouge sur l'image (b). Le vecteur coronal, en vert sur l'image (c), a pour origine le barycentre cérébral et pour extrémité la moyenne des coordonnées des deux orbites, représentée par un point circulaire magenta sur l'image (c). Le vecteur sagittal est le produit vectoriel du vecteur axial et du vecteur coronal, représenté en bleu sur l'image (d).

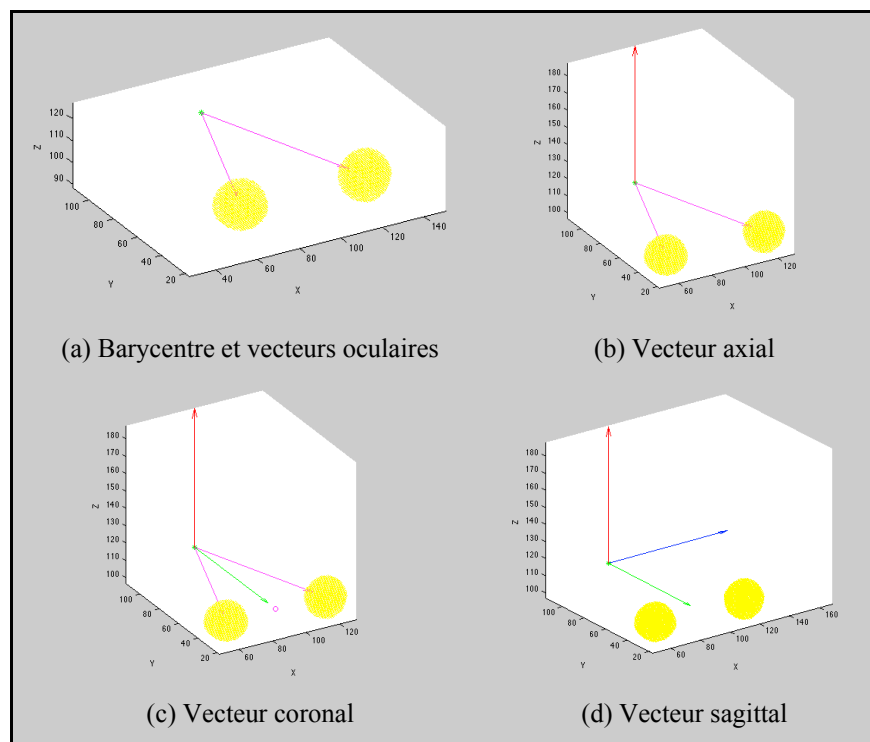


Figure 3.33 Plans anatomiques

Le repère ainsi déterminé correspond aux axes anatomiques standard. Le volume de données est réaligné selon cette orientation. L'étape suivante consiste en l'extraction de l'encéphale.

3.3.2 Extraction de l'encéphale

Cette opération est réalisée selon le procédé *SaamIns*. La matière blanche a été retenue pour forger *in-situ* le modèle a priori encéphalique. Sa morphologie et sa localisation permettent la génération d'une géométrie propice à la création du *quad-mesh* nécessaire à l'opération. Un

double *remplissage-soustraction* met en évidence les voxels appartenant à la substance blanche. Cet ensemble de voxels est traité par fermeture et dilatation morphologique pour finaliser le modèle volumétrique. Par *paramétrisation de voxels*, le *quad-mesh* est généré pour former un modèle a priori encéphalique développable. L'extraction encéphalique est ensuite effectuée par recherche de surface minimale dans l'espace développé. La Figure 3.34 illustre les différentes étapes de cette opération 3D à l'aide d'images 2D. L'image (a) représente une tranche axiale originale sur laquelle la boîte crânienne est visible. Par double *remplissage-soustraction*, les structures de hautes intensités sont extraites sur l'image (b). Sur l'image (c), un masque représentatif de la matière blanche est obtenu par seuillage (intensité \geq à 10% de la valeur maximale, seuil empirique) et par isolement de la structure contenant le plus de voxels. L'image (d) présente le résultat de la fermeture et dilatation par un élément structurant 3D cubique de taille $7 \times 7 \times 7$ voxels (valeur déterminée empiriquement). L'image (e) permet de visualiser l'ajustement du masque obtenu. L'image (f) présente le modèle quadrangulaire développable obtenu par *paramétrisation de voxels*. L'espace original est développé pour créer un volume de confinement plan dans lequel la frontière encéphalique est déterminée par recherche de surface minimale. Les images (g) et (h) sont respectivement une vue 2D et un rendu volumétrique du résultat du *skull-stripping*.

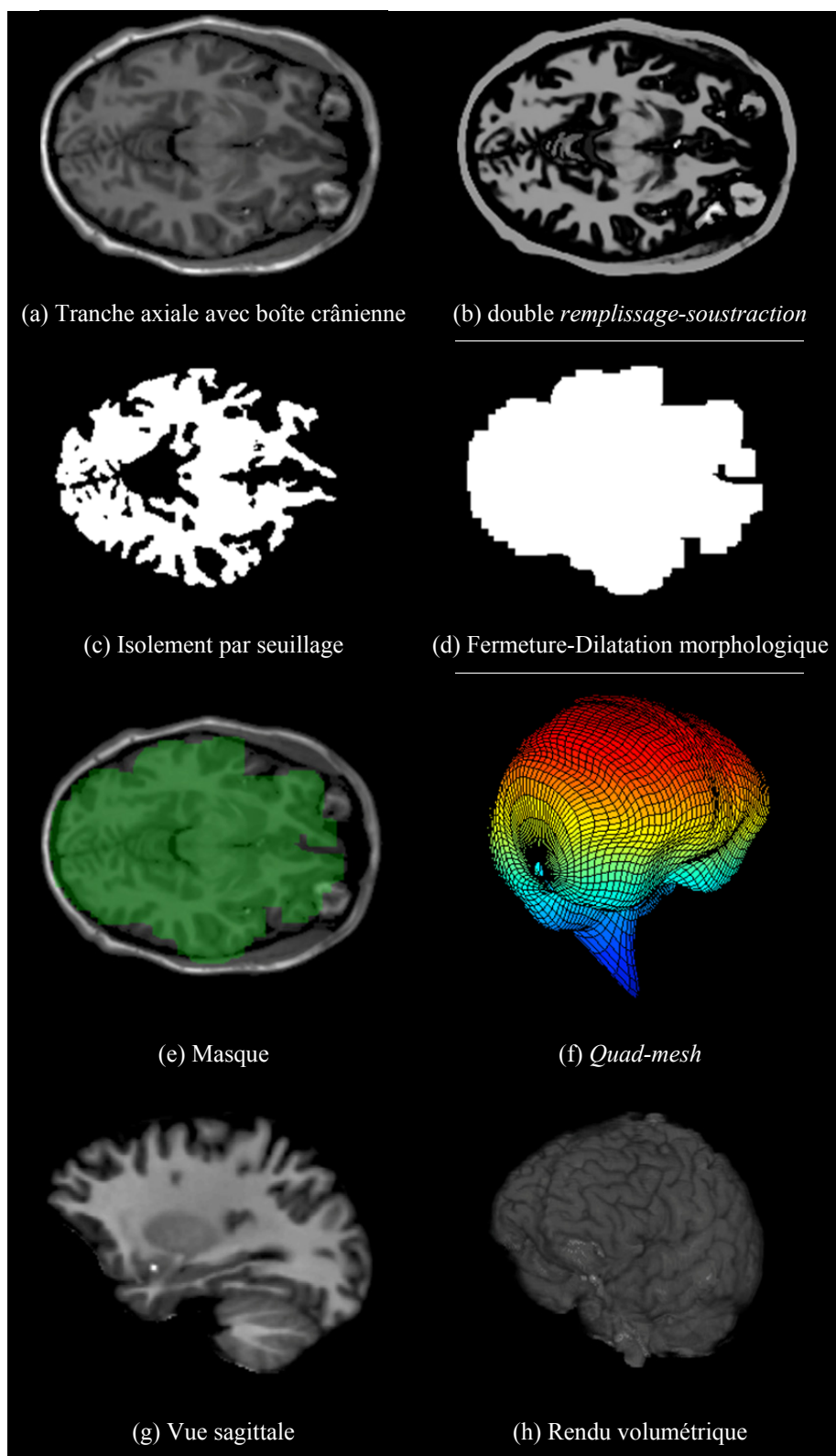


Figure 3.34 Extraction encéphalique (*Skull-Stripping*)

Grâce à cette opération l'ensemble cerveau-cervelet-tronc est isolé du reste des structures céphaliques. L'étape subséquente consiste en l'isolement du tronc cérébral.

3.3.3 Segmentation du tronc cérébral

La segmentation du tronc cérébral s'articule selon les étapes suivantes :

- Détermination des caractéristiques géométriques du tronc cérébral sur la tranche sagittale médiane
- Création d'un modèle quadrangulaire développable depuis les caractéristiques géométriques
- Développement d'un volume de confinement plan du tronc cérébral
- Segmentation du tronc cérébral par recherche de surface minimale

La Figure 3.35 illustre la création du modèle a priori développable qui repose sur l'exploitation des caractéristiques géométriques du tronc cérébral. Il s'agit de créer *in-situ*, une structure tubulaire alignée sur le tronc et présentant les mêmes variations diamétrales. Pour ce faire, un masque 2D du tronc, M_t , est créé sur la tranche sagittale médiane représentée par l'image (a). Par *remplissage-soustraction* du gradient de l'image (a), les diverses structures présentes sont séparées sur l'image (c). Le tronc est isolé par reconnaissance de la forme qui présente le plus grand ratio largeur sur hauteur sur l'image (d). Le masque obtenu est dilaté par morphologie mathématique sur l'image (e). L'approximation des rayons et des centres de chaque cercle formant le modèle a priori tubulaire nécessite la création d'une carte de distance de M_t sur l'image (f). Les valeurs et les positions des points constituant la ligne centrale de cette carte de distance correspondent respectivement aux rayons et aux centres des cercles formant le modèle a priori tubulaire sur l'image (h). Les cercles obtenus sont ordonnancés dans l'espace 3D le long de la ligne centrale de M_t sur l'image (i).

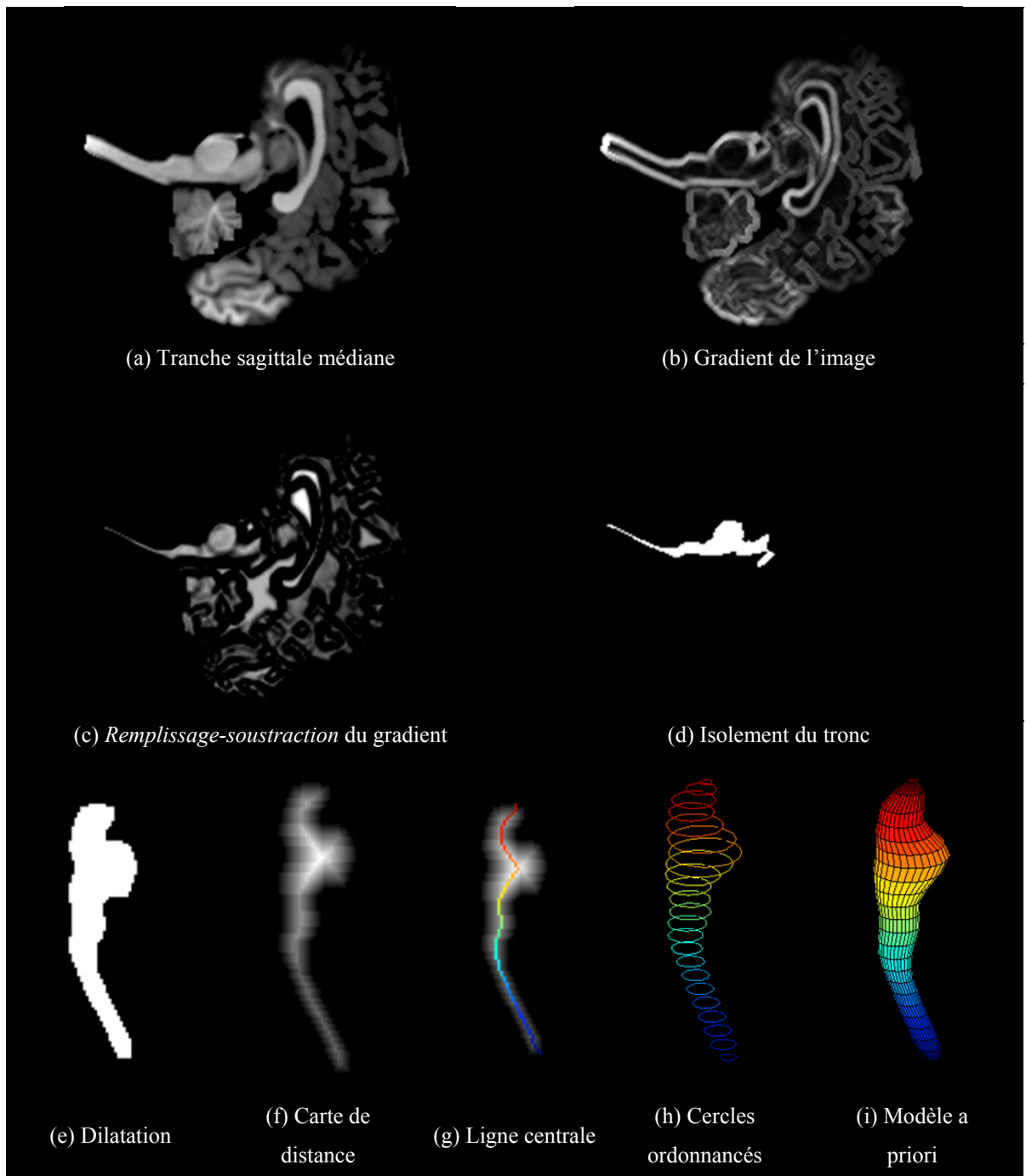


Figure 3.35 Création du modèle a priori du tronc cérébral

Le modèle a priori permet le développement d'un espace de confinement plan du tronc cérébral. Le tronc cérébral est segmenté par recherche de surface minimale dans le volume plan. L'utilisation d'une segmentation par recherche de surface minimale permet de séparer

le tronc du cervelet au niveau des pédoncules cérébelleux. La Figure 3.36 permet de visualiser une modélisation 3D du tronc. L'image (a) est une vue 3D antérieure oblique. L'image (b) est une vue antérieure qui permet d'apprécier la coupe respectant la frontière avec les pédoncules cérébelleux.

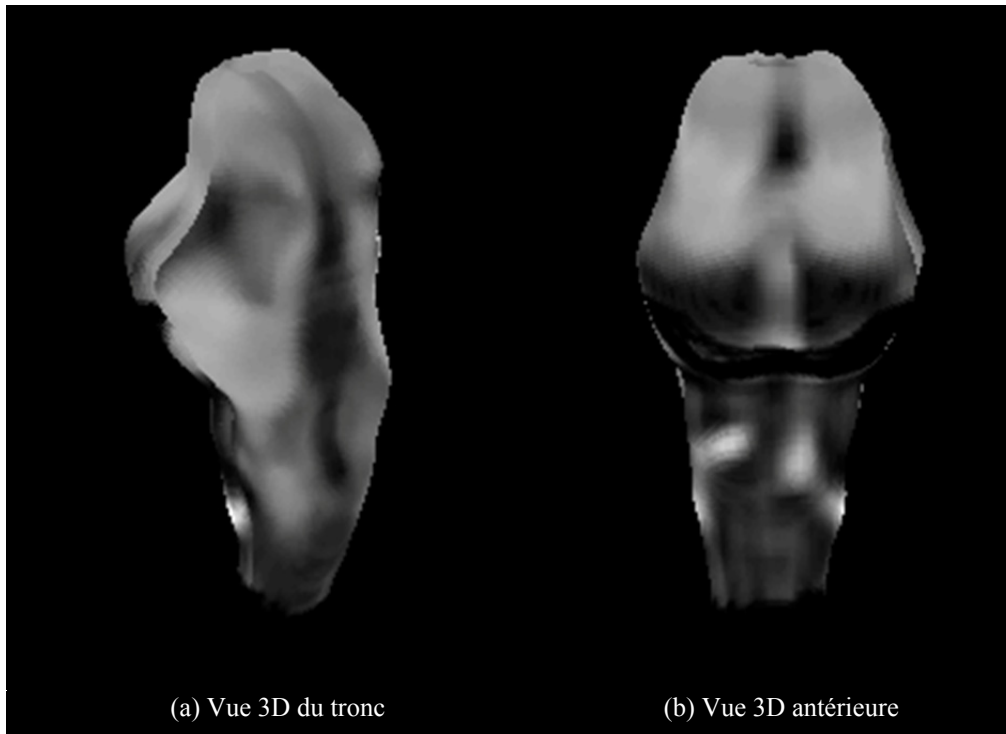


Figure 3.36 Modélisation 3D du tronc

Au cours de cette étape, le tronc cérébral a été segmenté. La délimitation de cet organe va permettre d'extraire le cervelet. Ce processus d'extraction est décrit dans la sous-section suivante.

3.3.4 Extraction du cervelet

L'extraction du cervelet s'effectue selon le processus *SammIns*. Un modèle a priori développable du cervelet est forgé *in-situ* par *paramétrisation de voxels*. Le contour du cervelet est segmenté par recherche de surface minimale dans un volume plan obtenu par anamorphose 3D depuis le *quad-mesh* forgé *in-situ*. La création du modèle a priori du

cervelet utilise les extrants des étapes précédentes, particulièrement le masque de la substance blanche créé pour l'extraction encéphalique. Grâce à la segmentation du tronc cérébral, le masque de la substance blanche encéphalique peut être scindé en trois parties distinctes :

1. La substance blanche du cerveau,
2. La substance blanche du cervelet,
3. La substance blanche du tronc cérébral.

Pour ce faire, les voxels appartenant au tronc sont soustraits au masque de la matière blanche. Par cette opération, la substance blanche sera séparée en deux parties distinctes, l'une appartenant au cerveau et l'autre appartenant au cervelet. Cela est assuré par la localisation du tronc cérébral qui est l'organe intermédiaire entre la matière blanche du cerveau et la matière blanche du cervelet. La portion de substance blanche appartenant au cervelet est isolée. Après fermeture et dilatation morphologique, ce masque est traité par *paramétrisation de voxels* pour générer un modèle développable de la surface externe du cervelet. L'image (a) de la Figure 3.37 présente le modèle a priori forgé *in-situ*. L'image (b) est une représentation volumétrique de la segmentation du cervelet.

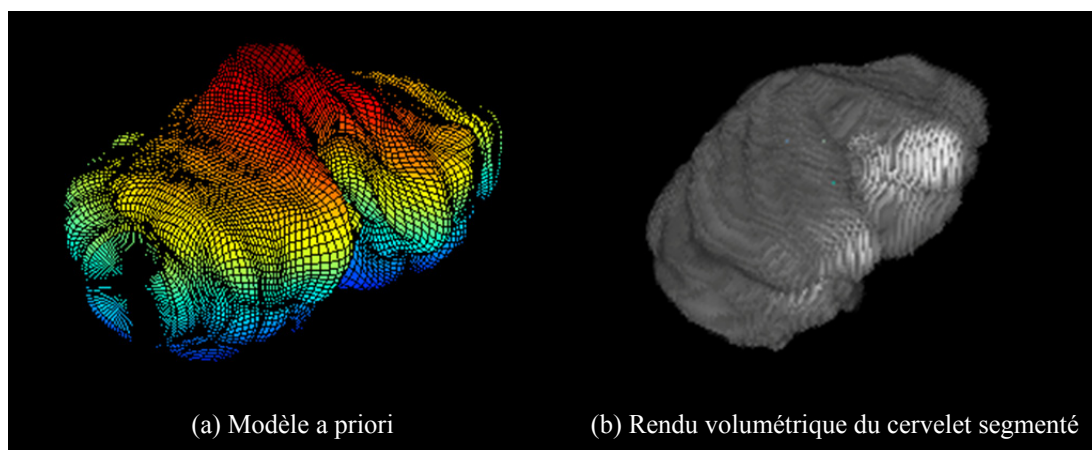


Figure 3.37 Segmentation du cervelet

Au cours de cette étape, le cervelet a été extrait. La délimitation de cet organe permet l'extraction du cerveau. Ce processus est décrit dans la sous-section suivante.

3.3.5 Extraction du cerveau

Le cerveau est extrait de manière directe par utilisation des extrants des étapes précédentes, particulièrement la segmentation du tronc, la segmentation du cervelet et la segmentation encéphalique. Les voxels appartenant au tronc et au cervelet sont soustraits au masque issu de la segmentation encéphalique. Cette opération isole le cerveau. La Figure 3.38 présente deux rendus volumétriques de l'extraction cérébrale.

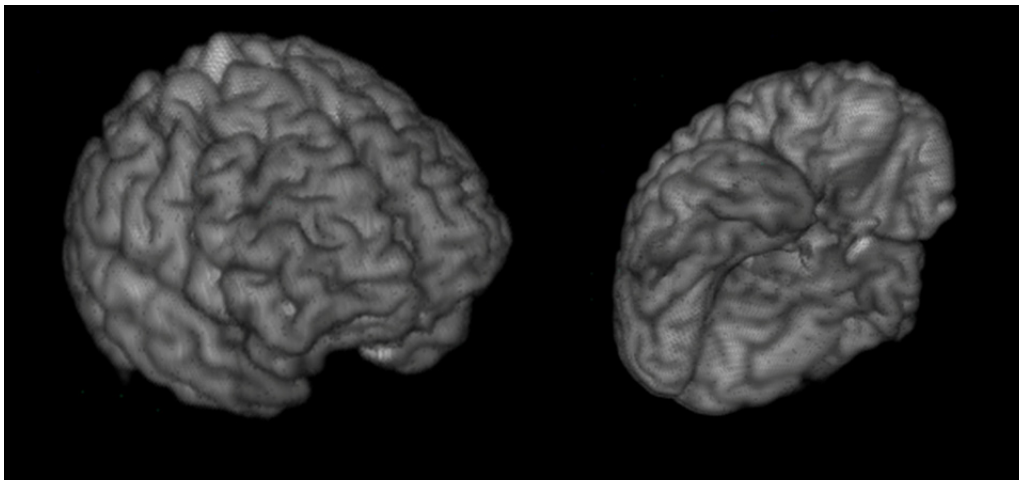


Figure 3.38 Extraction cérébrale

Cette opération a permis d'isoler le cerveau des autres structures encéphaliques. L'étape suivante assure la séparation entre l'hémisphère droit et l'hémisphère gauche du cerveau.

3.3.6 Détermination des hémisphères droit et gauche

Cette opération est réalisée par la recherche d'une surface minimale parallèle au plan sagittal passant par les minimums locaux les plus proches de la tranche sagittale médiane. Pour ce faire, un volume de circonscription centré sur la tranche sagittale médiane de 20 voxels d'épaisseur est généré. L'algorithme de recherche de surface minimale plane est appliqué au

complément de ce volume de confinement. Le résultat permet de déterminer la surface qui sépare les deux hémisphères. La Figure 3.39 présente une vue coronale et une vue axiale sur lesquelles la séparation déterminée est représentée par une ligne rouge.

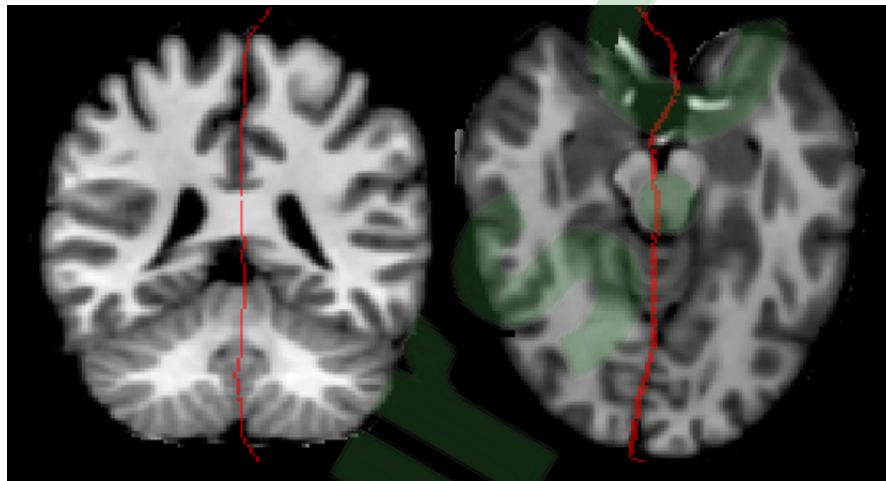


Figure 3.39 Séparation des hémisphères

Cette opération assure la séparation des deux hémisphères, ce qui va permettre de distinguer les sous-structures cérébrales symétriques droites et gauches. La prochaine section décrit la segmentation des ventricules latéraux.

3.3.7 Segmentation des ventricules latéraux et du quatrième ventricule

Le processus de segmentation est commun aux deux types de ventricules et repose sur les extrants des étapes préalables. Lors de l'alignement encéphalique, un masque des ventricules latéraux a été obtenu par *remplissage-soustraction*. Grâce à la séparation des hémisphères droit et gauche, le masque ventriculaire peut être scindé en deux portions droite et gauche. Ces deux masques sont convertis en *quad-mesh* développable afin de segmenter les deux ventricules latéraux par recherche de surface minimale dans un espace plan.

La segmentation du quatrième ventricule obéit à la même logique. Le modèle a priori est forgé et repéré dans un sous-volume composé du cervelet et du tronc cérébral par *remplissage-soustraction*. Le modèle volumétrique obtenu est converti en *quad-mesh* par *paramétrisation de voxels*. Ce modèle assure le développement d'un espace de confinement

plan dans lequel le quatrième ventricule est segmenté par recherche de surface minimale. La Figure 3.40 illustre les résultats de cette opération. L'image (a) présente les modèles a priori développables des ventricules latéraux. L'image (b) présente un rendu 3D de la segmentation des ventricules latéraux, avec, respectivement, en vert le droit et en bleu le gauche. L'image (c) illustre le modèle développable du quatrième ventricule forgé *in-situ*. L'image (d) permet de visualiser un rendu 3D des trois ventricules segmentés.

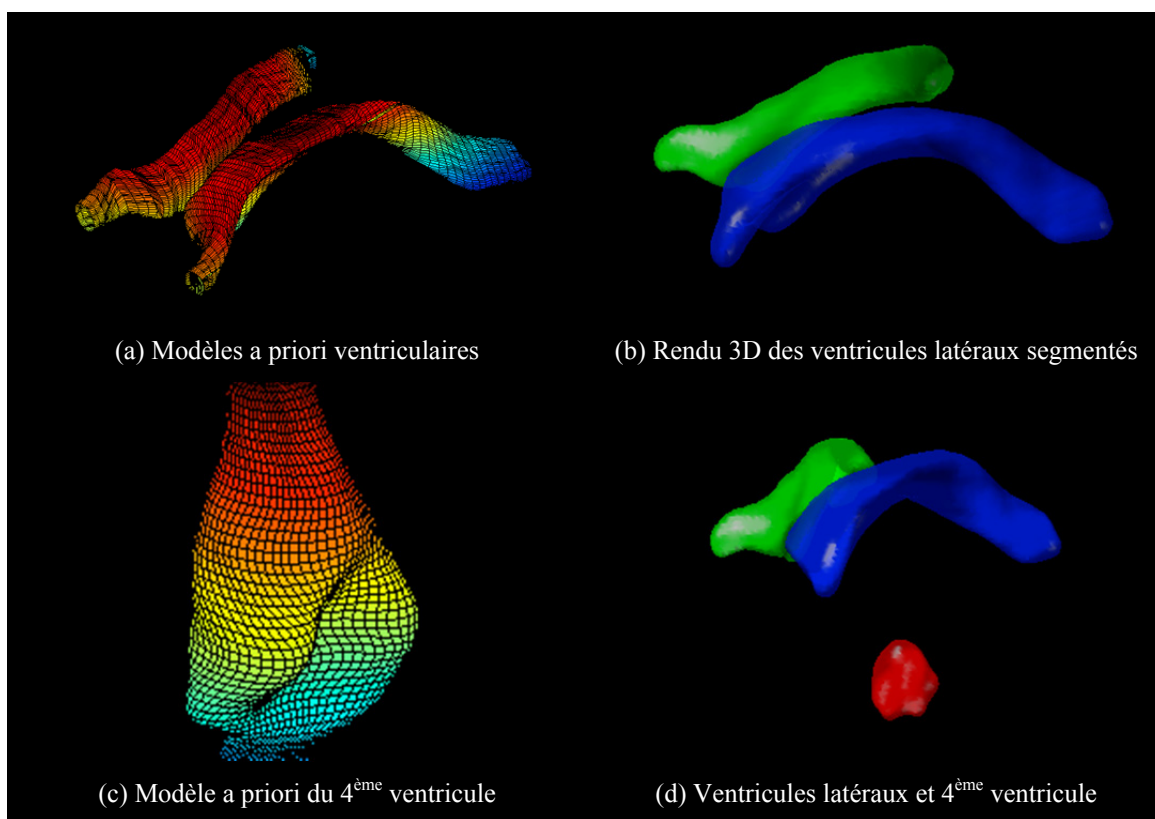


Figure 3.40 Résultat de la segmentation ventriculaire

Cette opération permet la segmentation des ventricules latéraux et du quatrième ventricule. La section suivante présente la segmentation de la matière blanche cérébrale.

3.3.8 Segmentation de la matière blanche cérébrale

La segmentation de la matière blanche cérébrale ne peut pas être strictement effectuée selon le procédé *SammIns*. En effet, la substance blanche est une structure de type *n-genus*, sa surface 3D présente de nombreux « trous » rendant impossible l'application de la méthode de *paramétrisation de voxels*. Néanmoins, il est possible d'utiliser une variante de cette approche inspirée de la méthode de segmentation du rein de Chav (Chav 2014). Cette approche est articulée selon les étapes suivantes :

1. Projection cylindrique cérébrale
2. Segmentation tranche par tranche par anamorphose 2D
3. Retour dans l'espace original par inversion de la projection cylindrique

La Figure 3.41 illustre le processus de segmentation. Une projection cylindrique est effectuée selon un axe perpendiculaire au plan axial passant par le centre de gravité du cerveau. L'image (a) représente les rayons issus du centre de gravité qui permettent la création des plans de coupes cylindriques visibles sur l'image (b). L'ordonnancement de ces plans de coupe génère le volume cylindrique visible sur l'image (c). L'image (d) est une coupe radiale typique. L'image (e) présente la même coupe avec une surimposition du masque de la matière blanche préalablement calculé. La matière blanche est segmentée en 2D sur cette coupe par anamorphose 2D. Ce résultat de segmentation est illustré par l'image (f). La segmentation 3D finale est obtenue par retour des coordonnées dans l'espace original. Le résultat de cette segmentation est visible sur l'image (g).

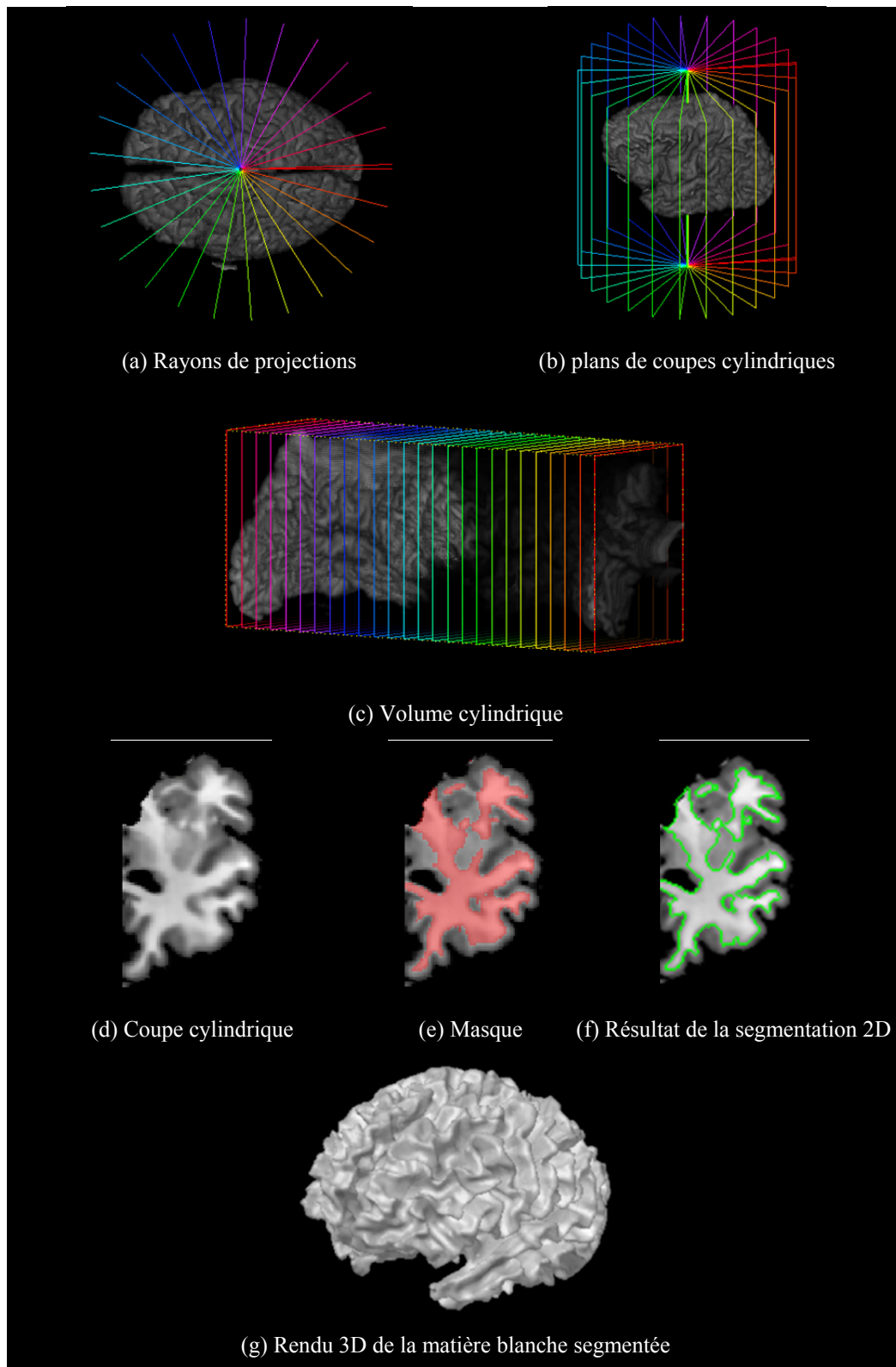


Figure 3.41 Segmentation de la matière blanche

Cette étape permet la segmentation de la substance blanche cérébrale depuis un masque créé *in-situ*. L'étape suivante détaille la segmentation du corps calleux.

3.3.9 Segmentation du corps calleux

Le corps calleux est segmenté selon le procédé *SammIns*. Un modèle a priori 2D est extrait depuis la tranche sagittale médiane du masque de la matière blanche. Ce masque est extrudé selon l'axe sagittal pour former un modèle développable permettant la segmentation du corps calleux par recherche de surface minimale plane. L'image (a) de la Figure 3.42 permet de visualiser la position de la bordure du modèle a priori sur la tranche sagittale médiane. L'image (b) présente le résultat de segmentation sur la même coupe.

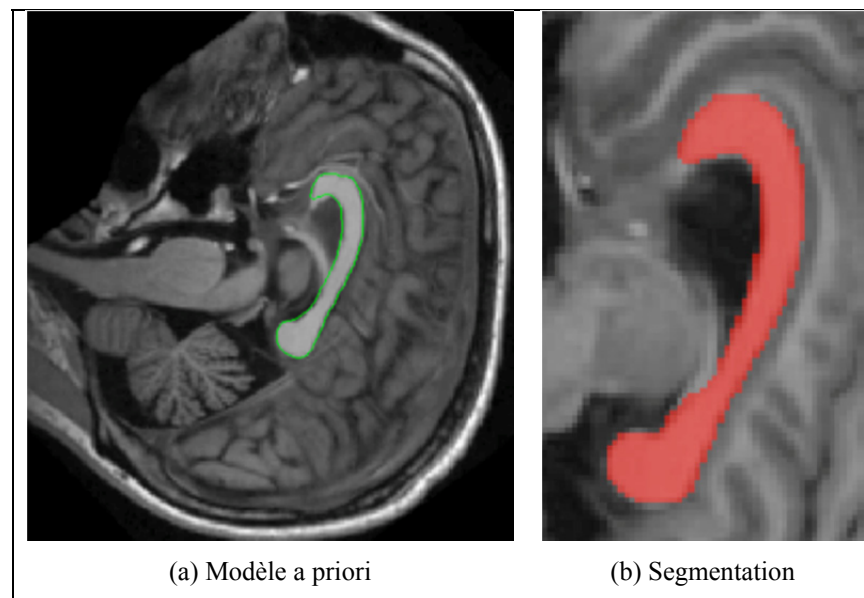


Figure 3.42 Segmentation du corps calleux

Cette étape a permis la segmentation du corps calleux. Ce processus peut être appliqué à d'autres structures cérébrales. Pour ce faire, le système doit reconnaître et localiser avec précision ces dernières. L'utilisation de la projection cylindrique cérébrale permet cette reconnaissance.

3.3.10 Reconnaissance et localisation de structures cérébrales d'intérêt

La projection cylindrique obtenue dans le cadre de la segmentation de la substance blanche peut être utilisée pour la reconnaissance et le repérage automatique d'autres sous structures cérébrales d'intérêt. En effet, ce développement donne aux structures courbées une apparence longiligne. La Figure 3.43 illustre ce phénomène. L'image (a) est une coupe axiale du volume de données. L'image (b) présente la coupe correspondante dans l'espace cylindrique. Les ventricules latéraux y sont hypertrophiés et se retrouvent alignés selon un axe quasi vertical.

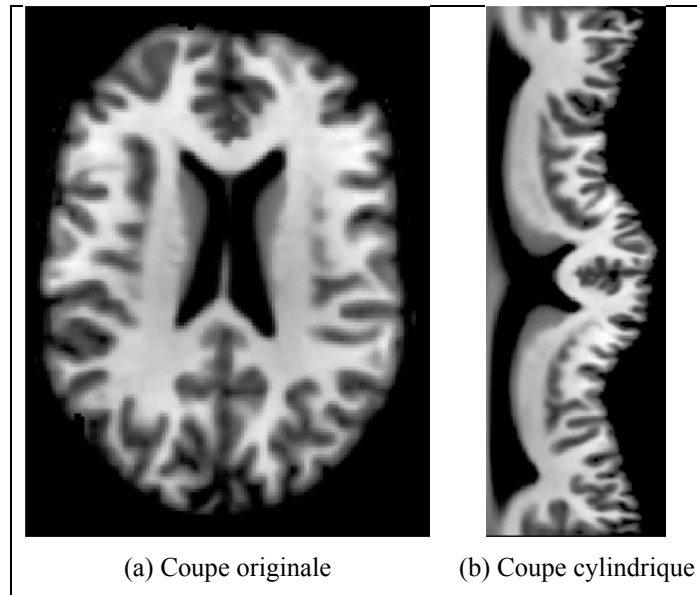


Figure 3.43 Aspect longiligne des structures

Ce « déroulement » affecte les structures cérébrales qui ont les mêmes caractéristiques de courbure. Dans l'espace cylindrique, leurs morphologies originellement courbes deviennent longilignes. Cette transformation simplifie le repérage et la création de modèles a priori. La Figure 3.44 illustre ce phénomène sur une coupe cylindrique. Sur une seule image, sont visibles cinq organes centraux : les noyaux caudés, le putamen, le thalamus, l'hippocampe et l'amygdale.

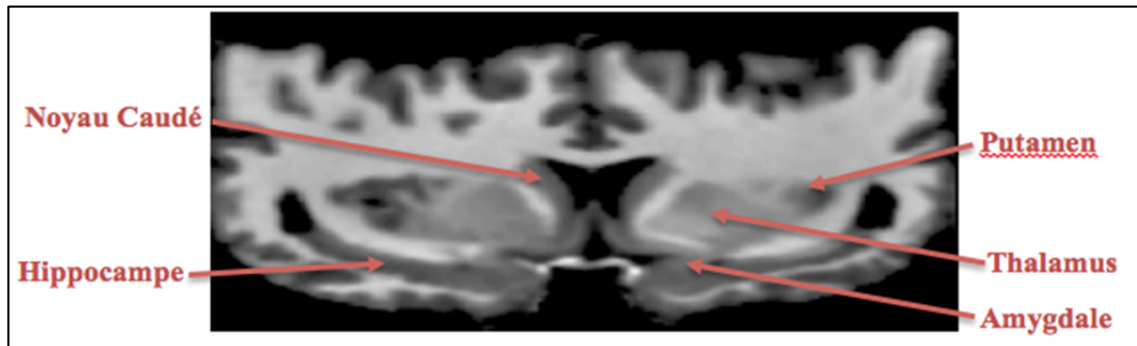


Figure 3.44 Sous organes dans l'espace cylindrique

Le repérage de ces structures est effectué grâce aux ventricules latéraux. Le putamen, le thalamus et le noyau caudé sont situés entre la partie haute et la partie basse des ventricules latéraux. Cette région d'intérêt est délimitée par les lignes en pointillées rouges sur la Figure 3.45. Les pointillés verticaux verts délimitent les ventricules latéraux droit et gauche. Quatre zones d'intérêt sont créées, numérotées de un à quatre sur la figure.

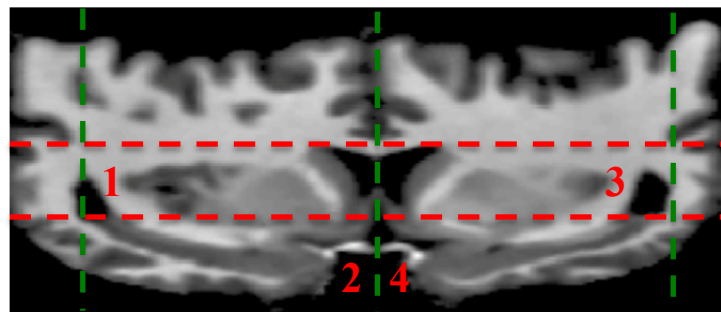


Figure 3.45 Repérage dans l'espace cylindrique

Ce découpage permet le repérage précis de ces structures d'intérêt. Par *remplissage-soustraction* de chaque zone, il est possible d'obtenir un masque de la structure ciblée. La Figure 3.46 illustre l'application de ce processus sur la zone d'intérêt numéro quatre. L'image (a) présente la région d'intérêt obtenue. L'image (b) est le résultat de l'opération de *remplissage-soustraction* qui met en évidence l'hippocampe. L'image (c) illustre le repérage de l'hippocampe dans la zone d'intérêt. L'information est obtenue sur une coupe cylindrique

et correspond à des coordonnées 3D dans l'espace original. Ces coordonnées sont représentées par les croix rouges visibles sur les images (d).

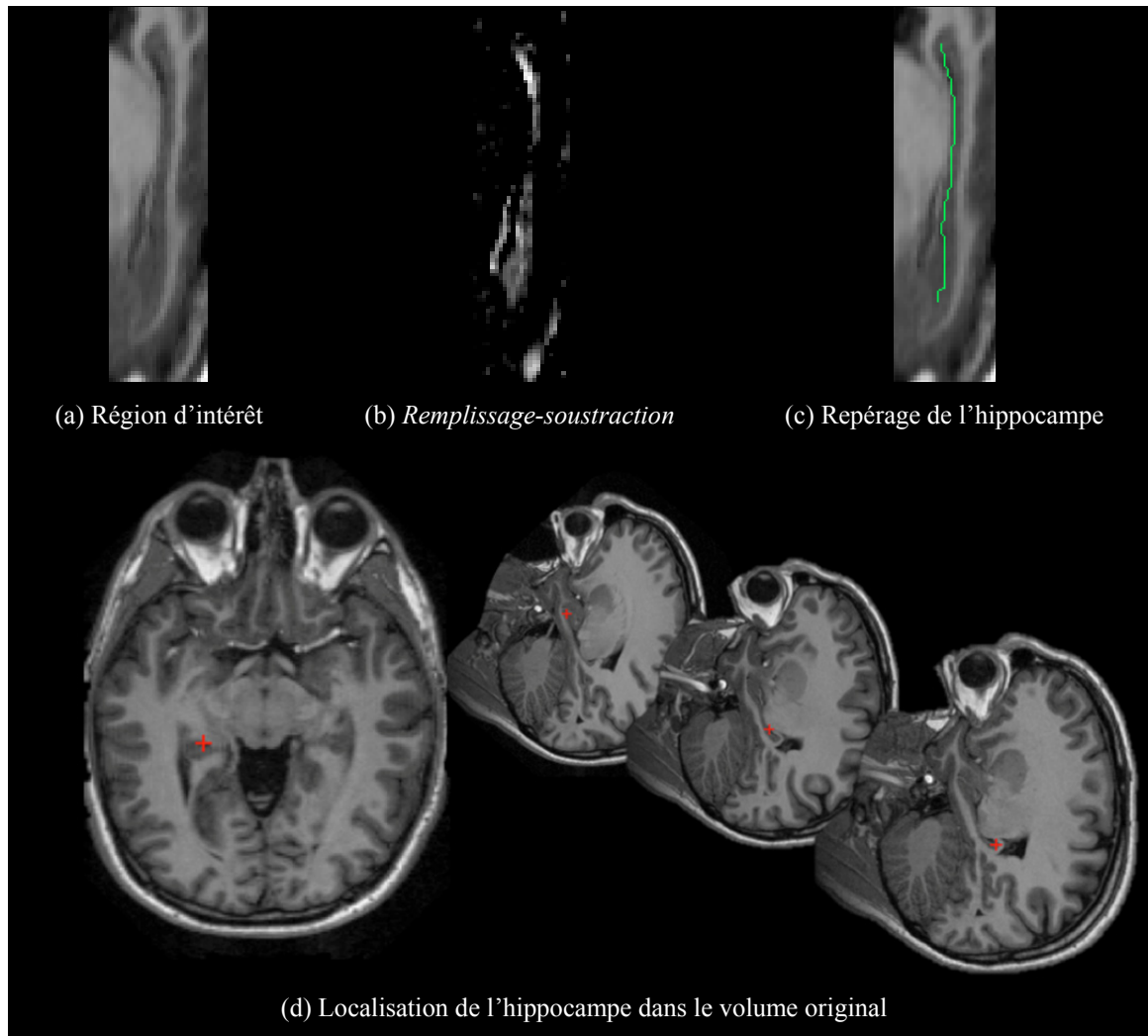


Figure 3.46 Repérage de l'hippocampe

Grâce à ce repérage, ces structures peuvent être segmentées. Toutefois, ce travail est toujours en cours d'élaboration au moment de l'écriture de ce document et ne peut donc pas être présenté ici. Certains aspects de ce travail ont pu être validés, la sous-section suivante décrit le processus de validation qui a été appliqué et les résultats obtenus.

3.3.11 Validation

Une partie du travail réalisé sur la segmentation cérébrale a pu être validée en utilisant une base de données d'encéphales segmentés par des experts en neuro-anatomie. Le processus de validation a été effectué sur six cas. Ces jeux de données ont été acquis par le partenaire industriel du projet, *Oléa-Médical*, auprès de l'entreprise *Neuromorphometrics*.

Ces données de validation sont fournies par paires. Pour chaque cas, un volume contient l'acquisition IRM et le second contient les labels représentant les organes cérébraux segmentés. Un tableau de correspondance entre les labels et la nomenclature des organes est également distribué avec chaque jeu de données. Les acquisitions IRM correspondent aux critères requis par l'algorithme développé durant ce projet de thèse. Néanmoins, pour faciliter les traitements, *Neuromorphometrics* applique un prétraitement de correction de biais et de rehaussement du contraste sur chaque acquisition. Chaque volume est ensuite réorienté selon l'axe AC-PC (commissure antérieure-postérieure). La segmentation est réalisée tranche par tranche selon le plan coronal. Une pré-segmentation est effectuée par un logiciel de segmentation cérébrale. Cette pré-segmentation est ensuite ajustée manuellement par du personnel qualifié en neuro-anatomie. Un contrôle de qualité est ensuite appliqué deux fois à chaque cas. Deux spécialistes en neuro-anatomie vérifient les résultats de la labélisation du volume.

Remarques préliminaires : malgré la qualité du processus de segmentation des données de validation il est important de noter quelques défauts imputables à ces jeux de données. Les données disponibles sont filtrées, ce qui les rend relativement éloignées de la réalité clinique. Un autre défaut majeur est la segmentation tranche à tranche. Cette approche entraîne une discontinuité 3D des labels qui peut grandement fausser la validation d'un algorithme de segmentation en trois dimensions. La Figure 3.47 permet de visualiser les discontinuités engendrées par ce type de segmentation. L'image (a) est une vue coronale qui correspond à l'axe choisi pour la segmentation. Sur cette image, les contours sont nets. L'image (b) montre une vue axiale du même volume sur laquelle les discontinuités 3D sont nettement visibles.

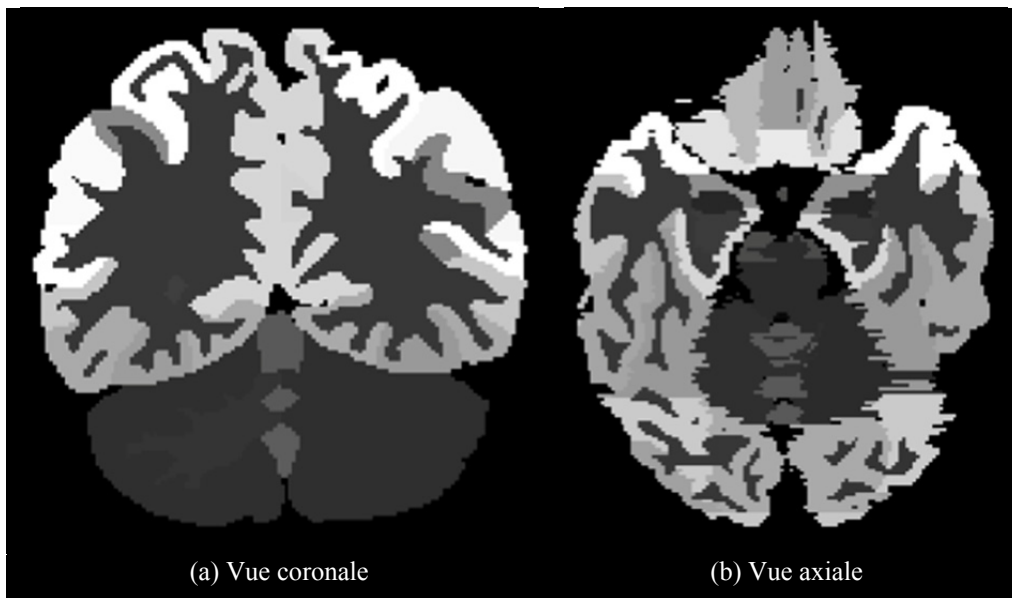


Figure 3.47 Segmentation 2D

Ces discontinuités faussent nécessairement la validation, toutefois, il a été impossible de quantifier le degré d'incertitude induit. Une autre caractéristique de ces segmentations doit être également évoquée. Les données de validation comportent plus d'une centaine de labels qui correspondent à diverses structures et régions du cerveau. L'algorithme développé n'est pas aussi complet puisqu'il porte sur une dizaine de régions cérébrales dont certaines ne sont pas labélisées dans les données provenant de *Neuromorphometrics*. Le corps calleux est un exemple de structure segmentée par l'algorithme *SammIns* mais non labélisé par *Neuromorphometrics*. Or, le corps calleux appartient à la matière blanche, cette différence va également fausser les résultats de validation. Le problème se pose également au niveau de la matière grise. L'algorithme ne segmente pas tous les structures cérébrales comme le putamen ou l'amygdale. Ils sont par défaut considérés comme de la matière grise. Dans les données de validation, ces organes sont spécifiquement identifiés, toutefois, la matière grise ne l'est pas directement. Elle est scindée en différentes régions cérébrales. D'autres décisions stratégiques de segmentation entraînent également des divergences entre les résultats obtenus et les données de validation. Au niveau des ventricules latéraux, il a été décidé de ne segmenter uniquement l'intérieur du ventricule sans inclure les parois ventriculaires. Ceci, afin de pouvoir mesurer plus facilement les volumes de liquide céphalo-rachidien

ventriculaires. Les segmentations expertes incluent certaines parois ventriculaires. La Figure 3.48 illustre la différence de segmentation obtenue. L'image (a) représente une coupe sur laquelle les ventricules sont visibles. L'image (b) permet de visualiser l'étendue de la segmentation experte qui inclue les parois ventriculaires. À l'opposé, sur l'image (c), seul l'intérieur du ventricule est segmenté par le système automatique.

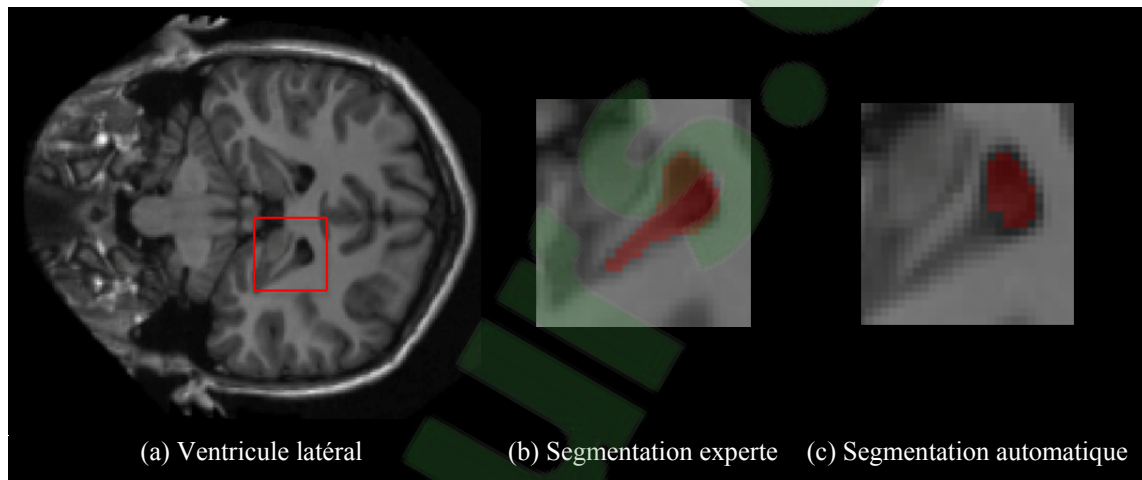


Figure 3.48 Ventricules latéraux

Il était important d'introduire ces aspects préalablement à la présentation des résultats obtenus.

L'algorithme de segmentation cérébrale a été appliqué avec succès aux six jeux de données de référence. Les tableaux suivants présentent les résultats obtenus selon les critères de validation retenus. Le premier tableau indique les temps de traitement pour chaque cas. Le code est exécuté dans l'environnement *Matlab* sur un *MacBook pro* possédant les caractéristiques suivantes :

- Processeur : 2,4 GHz Intel Core i7
- Mémoire : 16 Go 1333 MHz DDR3
- GPU : AMD Radeon HD 6770M 1024 Mo

Le Tableau 8 présente les temps d'exécution pour chacun des cas.

Tableau 8 Temps d'exécution

Cas	Délai d'exécution	μ - σ - min - max
Cerveau 01	46.57 sec.	μ = 48.05 secs. σ = 2.04 min = 45.69 secs. max = 50.43 secs.
Cerveau 02	46.65 sec.	
Cerveau 03	45.69 sec.	
Cerveau 04	50.32 sec.	
Cerveau 05	48.62 sec.	
Cerveau 06	50.43 sec.	

Les sept tableaux suivants présentent les résultats de validation obtenus par l'algorithme de segmentation cérébrale. Les métriques présentées aux chapitres précédents ont été utilisées. Tel qu'évoqué au début de ce sous-chapitre, il a été impossible de valider l'intégralité de la segmentation, car les données expertes et les données segmentées ne sont pas totalement harmonisées. Néanmoins, il a été possible de procéder à la validation des structures suivantes :

- Matière blanche
- Matière grise
- Matière blanche cérébelleuse
- Matière grise cérébelleuse
- Tronc
- Thalamus
- Ventricules latéraux

Les résultats sont interprétés dans la sous-section de chapitre qui suit leur présentation.

Le Tableau 9 présente la moyenne de toutes les métriques de validation appliquées aux structures segmentées.

Tableau 9 Métriques moyennes

Organe	Coeff. Dice <i>n=6</i>		Dist. Max. de surface <i>n=6</i>		Dist. Moy. de surface <i>n=6</i>		Dist. Moy. de surf. au carré <i>n=6</i>		Différence volumétrique <i>n=6</i>		Chevauch. volumétrique <i>n=6</i>	
	μ σ	min max	μ σ	min max	μ σ	min max	μ σ	min max	μ σ	min max	μ σ	min max
Mat. Bla. G	0.92 0.04	0.85 0.96	167.7 6.96	156.5 176.2	0.83 0.30	0.57 1.38	1.35 0.37	1.06 2.06	20.22 12.74	10.18 43.12	22.13 6.38	17.24 33.60
Mat. Bla. D	0.92 0.03	0.86 0.95	167.5 6.90	156.3 175.9	0.81 0.22	0.63 1.20	1.30 0.19	1.10 1.63	19.31 10.91	10.48 39.00	22.23 5.26	17.62 31.65
Mat. Gri. G	0.89 0.05	0.78 0.92	174.5 7.98	163.3 187.1	0.80 0.13	0.69 1.03	1.36 0.11	1.23 1.51	13.63 9.02	7.42 31.80	27.68 7.44	22.40 42.06
Mat. Gri. D	0.88 0.05	0.78 0.92	174.3 7.37	163.1 183.9	0.85 0.12	0.75 1.08	1.48 0.14	1.35 1.74	8.69 8.24	1.77 23.77	28.52 7.03	23.21 42.15
Mat. Gri. Cerv. G	0.90 0.02	0.87 0.92	67.52 2.23	64.09 70.01	1.17 0.10	1.02 1.27	1.68 0.16	1.47 1.90	17.06 5.15	9.14 25.12	25.88 3.33	22.30 30.95
Mat. Gri. Cerv.D	0.87 0.02	0.85 0.90	67.20 3.86	61.95 71.54	1.44 0.16	1.20 1.66	2.14 0.30	1.72 2.60	24.18 7.10	13.22 33.88	30.16 2.79	26.20 33.59
Mat. Bla. Cerv. G	0.88 0.05	0.80 0.91	62.41 5.86	54.09 71.22	1.26 0.28	0.99 1.62	2.32 0.32	2.01 2.78	9.58 9.69	1.64 28.29	29.45 7.40	23.98 39.80
Mat. Bla. Cerv. D	0.82 0.04	0.75 0.87	62.27 4.37	57.97 70.39	1.69 0.31	1.41 2.26	3.05 0.49	2.55 3.87	11.67 13.20	3.22 37.20	37.82 5.77	30.11 46.32
Tronc	0.72 0.04	0.65 0.76	94.04 8.18	81.22 101.78	4.67 1.50	2.76 6.28	8.55 3.18	4.28 11.53	79.71 13.44	63.42 96.40	50.03 4.40	45.48 56.68
Thala. G	0.67 0.07	0.60 0.77	38.13 3.48	32.68 43.10	2.63 0.50	2.00 3.37	3.40 0.66	2.63 4.51	34.09 9.88	25.78 51.39	54.73 7.33	43.95 62.26
Thala. D	0.65 0.09	0.53 0.77	37.72 4.46	30.50 43.46	2.78 0.72	1.76 3.57	3.64 0.98	2.31 4.78	31.82 19.70	6.59 54.98	56.39 9.67	43.43 68.46
Ventri. G	0.76 0.15	0.55 0.89	95.67 13.93	78.19 110.1	1.27 0.46	0.72 2.03	2.42 1.21	1.03 4.12	40.67 16.08	23.73 61.68	43.50 17.08	27.15 67.06
Ventri. D	0.73 .18	0.47 0.88	92.89 16.74	69.94 114.7	1.50 0.61	0.89 2.50	3.03 1.10	1.38 4.26	40.01 23.72	16.05 72.59	46.11 19.14	29.19 73.42

Les tableaux suivants présentent le détail des validations pour chacun des échantillons composant la base de données de validation.

Tableau 10 Cas numéro un

Organe	Coeff. Dice	Dist. Max. de surface	Dist. Moy. de surface	Dist. Moy. de surf. ²	Différence volumétrique	Chevauch. volumétrique
Mat. Bla. G	0.90	169.07	0.76	1.23	16.61	18.85
Mat. Bla. D	0.89	168.42	0.75	1.19	14.48	19.33
Mat. Gri. G	0.86	174.53	0.79	1.46	7.42	24.87
Mat. Gri. D	0.85	174.95	0.80	1.46	6.08	25.70
Mat. Gri. Cer. G	0.87	68.27	1.06	1.52	16.90	23.68
Mat. Gri. Cer. D	0.84	65.83	1.34	1.98	22.34	27.87
Mat. Bla. Cer. G	0.85	61.16	1.09	2.14	3.56	25.44
Mat. Bla. Cer. D	0.80	59.88	1.46	2.55	7.31	33.67
Tronc	0.65	101.67	6.28	11.53	90.11	52.01
Thalamus G	0.55	43.10	3.01	3.69	25.78	62.26
Thalamus D	0.52	39.67	3.57	4.45	10.65	65.24
Ventricule G	0.80	80.57	0.72	1.03	29.63	33.23
Ventricule D	0.74	75.95	0.89	1.38	33.77	41.71

Tableau 11 Cas numéro deux

Organe	Coeff. Dice	Dist. Max. de surface	Dist. Moy. de surface	Dist. Moy. de surf. ²	Différence volumétrique	Chevauch. volumétrique
Mat. Bla. G	0.90	169.07	0.76	1.23	16.61	18.85
Mat. Bla. D	0.89	168.42	0.75	1.19	14.48	19.33
Mat. Gri. G	0.86	174.53	0.79	1.46	7.42	24.87
Mat. Gri. D	0.85	174.95	0.80	1.46	6.08	25.70
Mat. Gri. Cer. G	0.87	68.27	1.06	1.52	16.90	23.68
Mat. Gri. Cer. D	0.84	65.83	1.34	1.98	22.34	27.87
Mat. Bla. Cer. G	0.85	61.16	1.09	2.14	3.56	25.44
Mat. Bla. Cer. D	0.80	59.88	1.46	2.55	7.31	33.67
Tronc	0.65	101.67	6.28	11.53	90.11	52.01
Thalamus G	0.55	43.10	3.01	3.69	25.78	62.26
Thalamus D	0.52	39.67	3.57	4.45	10.65	65.24
Ventricule G	0.80	80.57	0.72	1.03	29.63	33.23
Ventricule D	0.90	169.07	0.76	1.23	16.61	18.85

Tableau 12 Cas numéro trois

Organe	Coeff. Dice	Dist. Max. de surface	Dist. Moy. de surface	Dist. Moy. de surf. ²	Différence volumétrique	Chevauch. volumétrique
Mat. Bla. G	0.91	156.54	0.57	1.08	10.18	17.24
Mat. Bla. D	0.89	156.37	0.65	1.10	13.16	19.51
Mat. Gri. G	0.87	163.35	0.73	1.28	10.38	22.40
Mat. Gri. D	0.87	163.13	0.77	1.35	5.84	23.21
Mat. Gri. Cer. G	0.87	70.01	1.17	1.75	15.93	23.67
Mat. Gri. Cer. D	0.81	68.63	1.48	2.14	27.87	32.59
Mat. Bla. Cer. G	0.86	60.54	1.05	2.01	5.10	23.98
Mat. Bla. Cer. D	0.76	62.38	1.57	3.03	3.55	38.65
Tronc	0.64	101.78	5.40	10.35	85.37	52.55
Thalamus G	0.60	38.01	2.70	3.48	38.55	57.03
Thalamus D	0.72	36.12	1.76	2.31	33.12	43.43
Ventricule G	0.55	94.32	1.55	2.57	61.68	61.68
Ventricule D	0.42	69.94	2.50	4.26	72.59	73.42

Tableau 13 Cas numéro quatre

Organe	Coeff. Dice	Dist. Max. de surface	Dist. Moy. de surface	Dist. Moy. de surf. ²	Différence volumétrique	Chevauch. volumétrique
Mat. Bla. G	0.89	173.23	0.72	1.38	13.59	19.99
Mat. Bla. D	0.89	172.82	0.72	1.41	13.54	20.16
Mat. Gri. G	0.86	178.15	0.73	1.23	9.70	25.14
Mat. Gri. D	0.84	179.27	0.84	1.52	1.77	27.31
Mat. Gri. Cer. G	0.85	69.61	1.24	1.76	25.12	26.16
Mat. Gri. Cer. D	0.82	71.06	1.56	2.30	33.88	30.83
Mat. Bla. Cer. G	0.86	71.22	1.19	2.58	9.15	25.32
Mat. Bla. Cer.D	0.82	70.39	1.60	3.39	4.23	30.11
Tronc	0.70	87.41	3.05	4.96	65.00	46.39
Thalamus G	0.68	36.40	2.26	2.95	28.04	48.20
Thalamus D	0.65	36.39	2.37	3.04	36.64	52.14
Ventricule G	0.73	78.19	1.09	1.55	42.21	42.46
Ventricule D	0.80	98.94	1.24	2.87	23.94	33.61

Tableau 14 Cas numéro cinq

Organe	Coeff. Dice	Dist. Max. de surface	Dist. Moy. de surface	Dist. Moy. de surf. ²	Différence volumétrique	Chevauch. volumétrique
Mat. Bla. G	0.85	167.31	0.95	1.29	26.82	25.55
Mat. Bla. D	0.86	167.66	0.91	1.21	25.20	25.10
Mat. Gri. G	0.83	174.29	0.85	1.38	11.70	29.00
Mat. Gri. D	0.83	175.66	0.85	1.36	12.09	29.06
Mat. Gri. Cer. G	0.83	66.92	1.27	1.90	18.82	28.52
Mat. Gri. Cer. D	0.85	64.17	1.20	1.72	13.22	26.20
Mat. Bla. Cer. G	0.76	60.89	1.60	2.78	1.64	38.09
Mat. Bla. Cer. D	0.70	60.04	2.26	3.87	3.22	46.32
Tronc	0.71	81.22	2.76	4.28	77.94	45.48
Thalamus G	0.72	39.76	2.00	2.63	26.18	43.95
Thalamus D	0.67	40.20	2.37	3.02	6.59	49.50
Ventricule G	0.50	101.14	2.03	4.12	57.96	67.06
Ventricule D	0.50	99.40	1.98	4.18	66.71	66.71

Tableau 15 Cas numéro six

Organe	Coeff. Dice	Dist. Max. de surface	Dist. Moy. de surface	Dist. Moy. de surf. ²	Différence volumétrique	Chevauch. volumétrique
Mat. Bla. G	0.85	167.31	0.95	1.29	26.82	25.55
Mat. Bla. D	0.86	167.66	0.91	1.21	25.20	25.10
Mat. Gri. G	0.83	174.29	0.85	1.38	11.70	29.00
Mat. Gri. D	0.83	175.66	0.85	1.36	12.09	29.06
Mat. Gri. Cer. G	0.83	66.92	1.27	1.90	18.82	28.52
Mat. Gri. Cer. D	0.85	64.17	1.20	1.72	13.22	26.20
Mat. Bla. Cer. G	0.76	60.89	1.60	2.78	1.64	38.09
Mat. Bla. Cer. D	0.70	60.04	2.26	3.87	3.22	46.32
Tronc	0.71	81.22	2.76	4.28	77.94	45.48
Thalamus G	0.72	39.76	2.00	2.63	26.18	43.95
Thalamus D	0.67	40.20	2.37	3.02	6.59	49.50
Ventricule G	0.50	101.14	2.03	4.12	57.96	67.06
Ventricule D	0.50	99.40	1.98	4.18	66.71	66.71

3.3.12 Discussion et interprétation

En considérant les divergences existantes entre les données de validation et les données avec lesquelles l'algorithme a été développé, les résultats de validation peuvent être considérés comme globalement satisfaisants. De manière automatique, sans intervention humaine, sans connaissance a priori, il est possible, en moins de 50 secondes d'extraire une dizaine de sous-régions anatomiques du cerveau et d'en repérer de manière efficace plusieurs autres. Cette contribution scientifique est originale de par l'absence de base de données statistique et de par sa rapidité d'exécution.

Néanmoins, les scores obtenus en matière de métriques de validation nécessitent d'être évalués afin de déterminer la pertinence et la robustesse de la méthode. Tel qu'évoqué au début de la section concernant la validation, la base de données experte a été segmentée en deux dimensions et elle est beaucoup plus détaillée sur le plan anatomique que ne l'est l'algorithme éprouvé. Ces deux points introduisent nécessairement un biais dans les résultats obtenus. Il n'a pas été possible de quantifier ce biais et il reste donc sujet à interprétation. Nonobstant ce point, l'étude de la validation des structures segmentées permet d'évaluer la méthode proposée. Pour ce faire, deux métriques pertinentes ont été sélectionnées, le coefficient de Dice moyen et l'erreur de chevauchement volumétrique moyenne. La Figure 3.49 présente des graphiques de type *box-plot* illustrant ces deux métriques pour les structures validées :

- Matière blanche cérébrale droite et gauche (1) et (2)
- Matière grise cérébrale droite et gauche (3) et (4)
- Matière blanche cérébéleuse droite et gauche (5) et (6)
- Matière grise cérébéleuse droite et gauche (7) et (8)
- Tronc
- Thalamus droit et gauche
- Ventricules latéraux

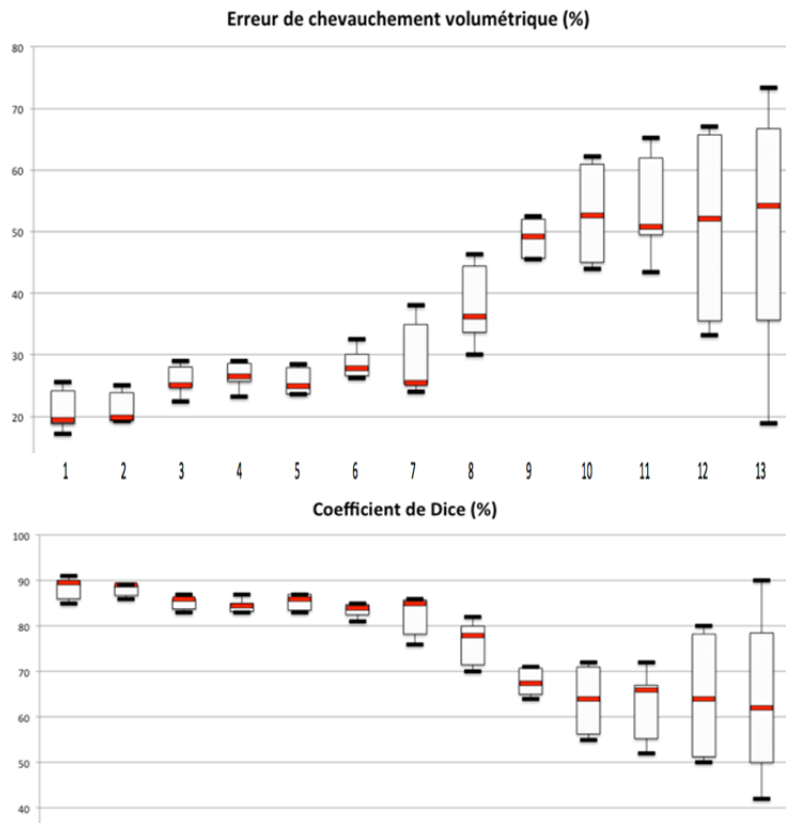


Figure 3.49 Métriques significatives

L'étude de ces deux métriques particulières met en évidence certaines divergences au niveau des résultats. En effets, certaines structures présentent des scores de validation qui soulèvent des interrogations. Les scores obtenus au niveau de la segmentation des substances grises et blanches (cérébelleuses, cérébrales, droites et gauches) ainsi que les validations visuelles opérées au cours du développement de la méthode permettent de valider la capacité de l'algorithme à extraire le cerveau, le cervelet, le tronc et de séparer les hémisphères droit et gauche. Il n'a pas été possible d'évaluer avec la plus grande précision le score exact obtenu pour la segmentation de la matière blanche cérébrale, car le corps calleux ne fait pas partie des sous-organes labellisés par les experts. Malgré cette divergence, l'algorithme obtient un coefficient de Dice moyen de 0.92 ($\sigma = .04$). Cette précision permet de penser que la méthode pourrait être appliquée cliniquement pour des études de certaines dégénération cérébrales telles que la sclérose en plaques.

L'évaluation de la segmentation de la matière grise reste plus problématique. En dépit d'un coefficient de Dice moyen situé aux alentours des 0.89, il est difficile d'exploiter correctement cette segmentation. En effet, le système développé n'est pas encore capable de distinguer la matière grise corticale de celle composant les diverses structures cérébrales comme l'hippocampe. La poursuite du développement de cette méthode cérébrale va permettre de faire cette distinction. Néanmoins, malgré cette lacune, il est envisageable d'utiliser l'approche développée pour des suivis de patient. Certaines maladies neurodégénératives, telle la maladie d'Alzheimer, nécessitent l'obtention d'une mesure de la volumétrie de la matière grise. En prenant une mesure de la volumétrie globale à intervalles réguliers, il est tout à fait possible de faire un suivi relativement précis des patients.

Les scores obtenus au niveau de la segmentation du tronc cérébral sont insatisfaisants. Les données utilisées pour la validation présentent une différence avec les données cliniques utilisées pour l'élaboration de l'algorithme. Il semblerait qu'un agent de contraste ait été utilisé pour mettre en évidence le système vasculaire du patient lors de l'acquisition. Ce n'était pas le cas pour les acquisitions disponibles durant le développement. Cet agent de contraste fait ressortir l'artère basilaire qui jouxte le tronc. La Figure 3.50 met en évidence cette variation de contraste. L'image (a) provient d'un cas de validation, l'artère basilaire y est clairement visible (pointée en rouge). Sur l'image (b) qui provient d'un cas clinique non contrasté, l'artère basilaire est invisible. Cette artère possède un diamètre important puisqu'elle est la réunion de deux artères et participe à l'irrigation cérébrale. Lorsqu'elle est contrastée, l'algorithme l'inclut au tronc cérébral durant la segmentation. Ceci fausse donc grandement la précision du résultat au niveau du tronc cérébral.

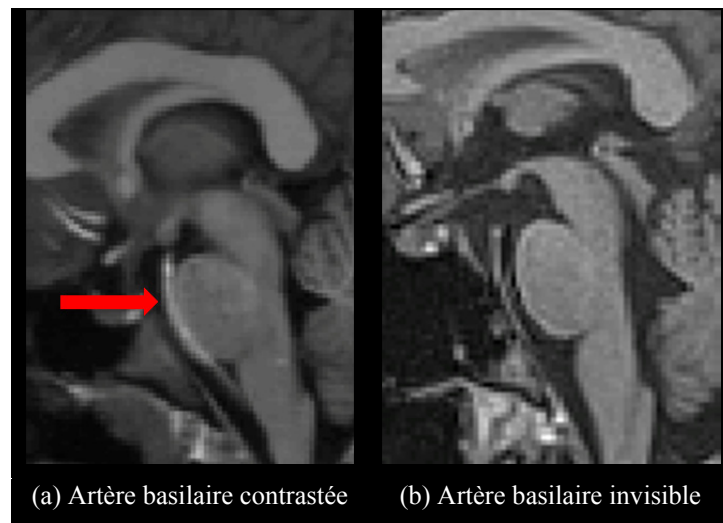


Figure 3.50 Visibilité de l'artère basilaire

Une utilisation clinique de cette approche nécessiterait donc des acquisitions non contrastées afin d'éviter des erreurs de segmentation liées au système vasculaire cérébral.

Le thalamus a été inclus dans cette validation. Lors de la rédaction de cette thèse, le processus de segmentation de cet organe n'est pas encore achevé, les scores de validation en témoignent. Néanmoins, il a été choisi de le mentionner. Le coefficient de Dice le plus élevé pour cette structure est de l'ordre de 0.72. Cela signifie que dans les meilleurs cas, le système parvient à une segmentation relativement proche du thalamus. Les scores obtenus ne sont pas suffisants pour qualifier de manière satisfaisante cette segmentation. Cependant, ce résultat peut être considéré comme la création d'un modèle a priori fiable et correctement positionné dans le volume à segmenter. Ce modèle prépersonnalisé va être utilisé pour la segmentation finale du thalamus.

L'approche *SammIns* permet de repérer et de segmenter de manière entièrement automatique plusieurs organes cérébraux sans connaissance a priori. Le système, grâce à des heuristiques anatomiques, peut localiser automatiquement les structures cérébrales d'intérêt et les segmenter par création automatique *in-situ* de modèle a priori personnalisé au patient considéré. Cette particularité distingue cette approche de ce qui est proposé dans la littérature actuelle. Les méthodes basées sur des atlas nécessitent un long travail de segmentations

manuelles et d'entraînement du système pour pouvoir être opérationnelles (Jingbo 2015, Roy 2013, Tang 2015). La segmentation manuelle de toutes les structures et sous-structures cérébrales représente un immense travail qui monopolise des experts pendant un grand nombre d'heures. Si le système nécessite plusieurs atlas, le travail est multiplié par le nombre de cas requis. Dans le cadre de l'approche *SammIns*, le seul travail nécessaire est l'étude qui va permettre d'extraire les caractéristiques anatomiques applicables numériquement à la segmentation. Lorsque ces spécificités (amers et projections géométriques) sont déterminées, le système est opérationnel, il ne nécessite pas d'entraînement. La rapidité de l'approche est un autre facteur de distinction. Même si la méthode ne gère pas encore l'intégralité des sous-structures cérébrales, les temps d'exécution apparaissent comme étant très rapides par rapport aux temps relevés dans la littérature. Sans atlas, Schmitter parvient à segmenter la surface du cerveau en environ 70 secondes (Schmitter 2014). Jingbo indique qu'en fonction de la méthode implantée, la sélection du bon atlas peut demander jusqu'à six minutes de traitement. Le temps d'exécution de la méthode *SammIns* pour segmenter les structures cérébrales adressées oscille entre 35 et 50 secondes. En considérant ces points *SammIns* apparaît comme une alternative sérieuse aux méthodes proposées actuellement. La segmentation cérébrale n'est pas le seul domaine où cette approche peut être appliquée. Le chapitre suivant présente des exemples d'application à d'autres organes.

CHAPITRE 4

AUTRES APPLICATIONS

Ce chapitre présente des exemples d'utilisation de la méthode de segmentation *SammIns*. Le principe de génération *in-situ* de modèle a priori de segmentation peut être appliqué à plusieurs types de structures et sur plusieurs types d'acquisitions.

4.1 Segmentation mandibulaire

Le principe *SammIns* est applicable à la segmentation de la mandibule de manière semi-automatique sur des acquisitions CT. La création *in-situ* du modèle mandibulaire permet de gérer des cas avec présence de fracture. L'exemple présenté dans cette section montre cette possibilité et comporte les étapes suivantes :

1. Repérage manuel des condyles
2. Segmentation des condyles par recherche de surface minimale dans un espace sphérique
3. Création d'une courbe en « U » d'anamorphose 3D de la mandibule
4. Anamorphose 3D du complexe maxillo-mandibulaire
5. Extraction des structures incluses par *remplissage-soustraction*
6. Repérage et extraction de la mandibule
7. Segmentation

Le repérage des condyles mandibulaires se fait par le biais d'une interface utilisateur dans laquelle le volume de données est parcouru selon l'orientation axiale. L'utilisateur est invité à sélectionner deux points situés à l'intérieur des condyles droit et gauche. Cette interface est illustrée par la Figure 4.1.

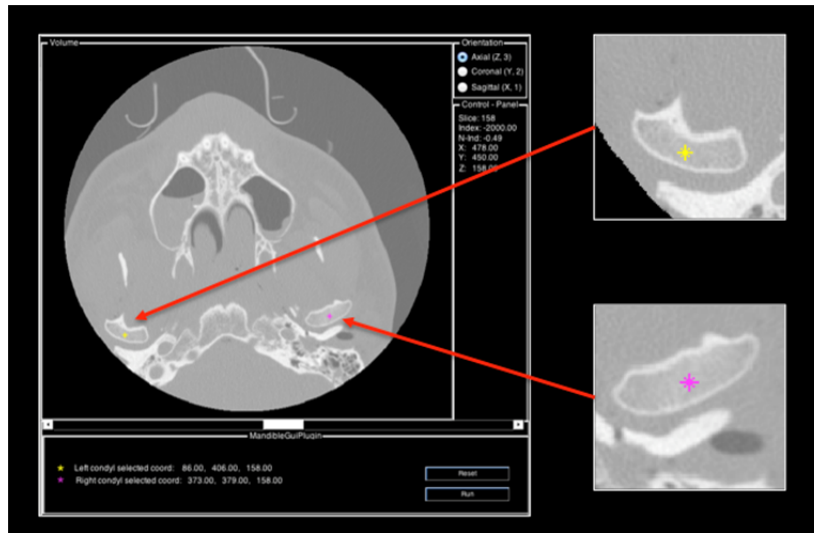


Figure 4.1 Interface d'initialisation

La sélection de ces deux points initialise le système. Les condyles sont segmentés par recherche de surface minimale dans un espace plan. Le modèle a priori retenu est une sphère qui représente la partie supérieure du condyle. Le système centre deux sphères sur les deux points d'initialisation puis développe les têtes condyliennes. La segmentation est effectuée par recherche de surface minimale plane dans l'espace développé. Cette première phase de segmentation désolidarise la mandibule du reste du crâne. La suite du processus réside en la création d'une anamorphose 3D permettant la génération d'un modèle a priori développable. Pour ce faire, le système détermine automatiquement une courbe en « U » représentative de la topologie mandibulaire. Une projection 2D de l'ensemble des voxels contenus dans le volume est obtenue par sommation des intensités le long de l'orientation axiale, illustrée par l'image (a) de la Figure 4.2. Les repères rouges de l'image (b) correspondent à la projection axiale des coordonnées d'initialisation sélectionnées par l'utilisateur. Par dichotomie, le système détermine, dans l'ordre, le point jaune, le point bleu et le point mauve. Le point jaune a pour abscisse, x_m , la moyenne des abscisses des points rouges. L'ordonnée de ce point correspond à l'ordonnée du pixel d'abscisse x_m ayant l'intensité la plus élevée. Les deux autres points sont calculés selon le même principe. Ces cinq points permettent d'interpoler une courbe *spline* représentative du « U » mandibulaire, visible en vert sur l'image (c).

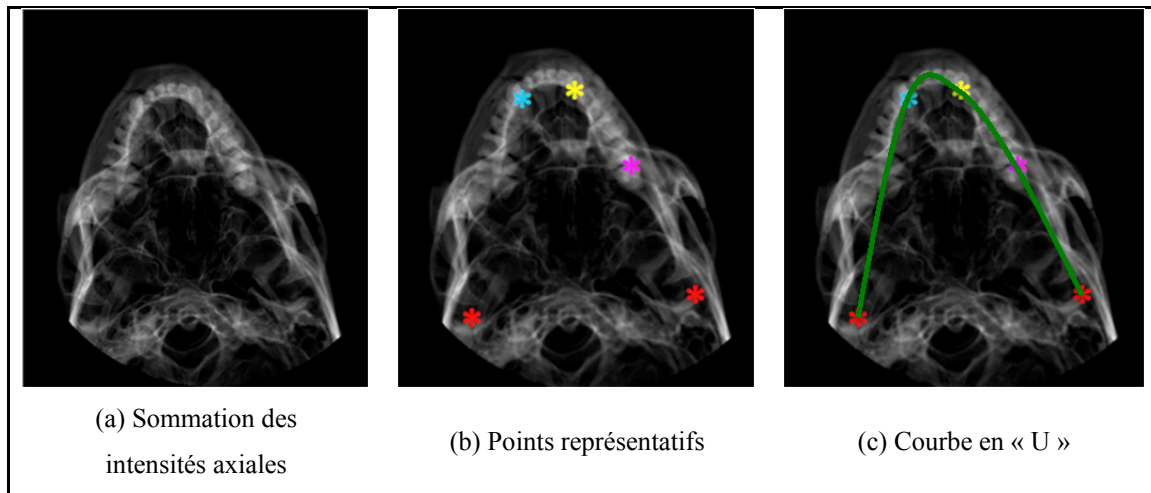


Figure 4.2 Création de la courbe d'anamorphose

Cette courbe permet de procéder à l'anamorphose 3D de la mandibule. Des plans de coupes orthogonaux à la courbe en « U » sont ordonnancés pour créer un espace mandibulaire développé. La Figure 4.3 illustre ce procédé. L'image (a) présente les plans de coupes orthogonaux à la courbe *spline*. L'image (b) représente ces plans ordonnancés. L'image (c) est un rendu volumétrique de l'anamorphose 3D mandibulaire.

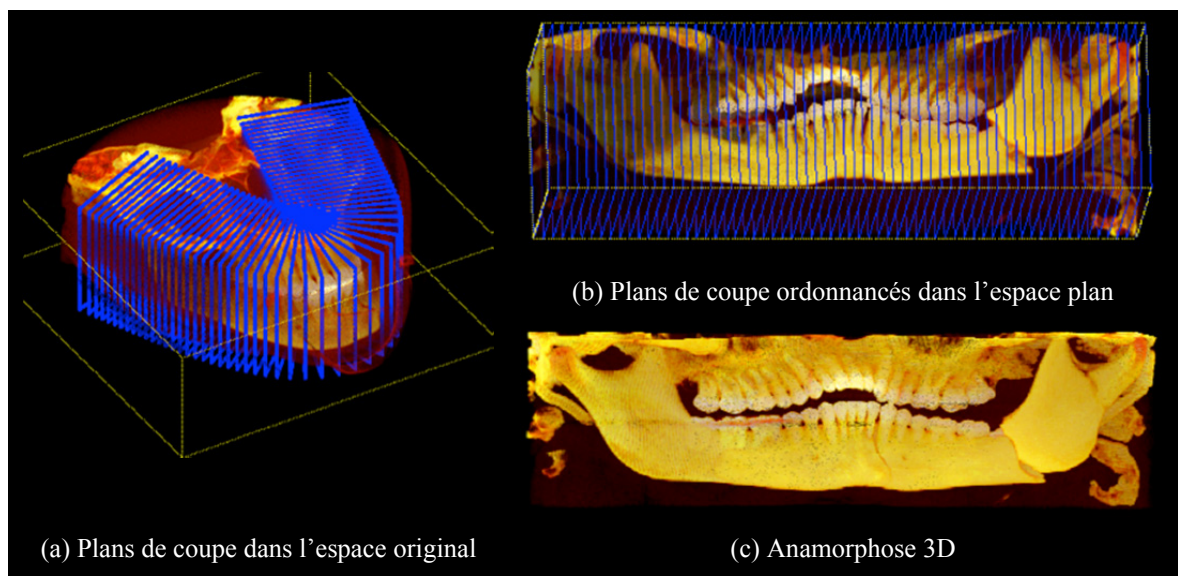


Figure 4.3 Anamorphose 3D mandibulaire

Une opération de *remplissage-soustraction* est appliquée dans l'espace développé pour mettre en évidence la structure osseuse interne à la mandibule. Toutefois, cette opération fait ressortir d'autres éléments indésirables du volume de données. La Figure 4.4 illustre ce phénomène.

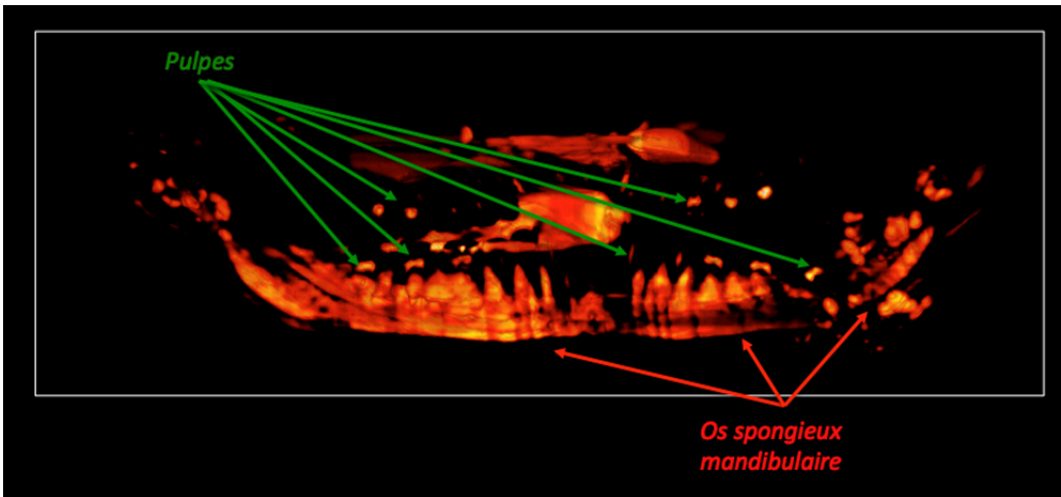


Figure 4.4 Mise en évidence des structures internes

La mandibule est isolée par recherche de la structure la plus continue selon l'orientation sagittale de l'espace plan. Pour ce faire, une image est générée par sommation des intensités selon l'orientation coronale, représentée par la Figure 4.5. Les pixels représentés par le chemin minimal (en vert) appartiennent à la mandibule.

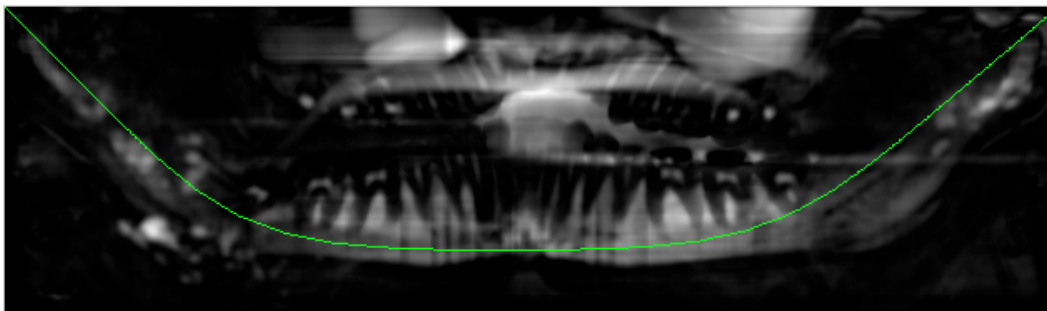


Figure 4.5 Isolement de la mandibule

Grâce à cette localisation, la structure interne de la mandibule est isolée. La Figure 4.6 présente plusieurs coupes de l'espace développé sur lesquelles, la structure osseuse interne à la mandibule est mise en évidence. La coupe (1) est une vue panoramique. Les coupes (2) et (3) sont des coupes sagittales. L'image (4) permet de visualiser la détection de l'intégralité de la mandibule malgré le fort déplacement structurel lié à la présence d'une fracture majeure.

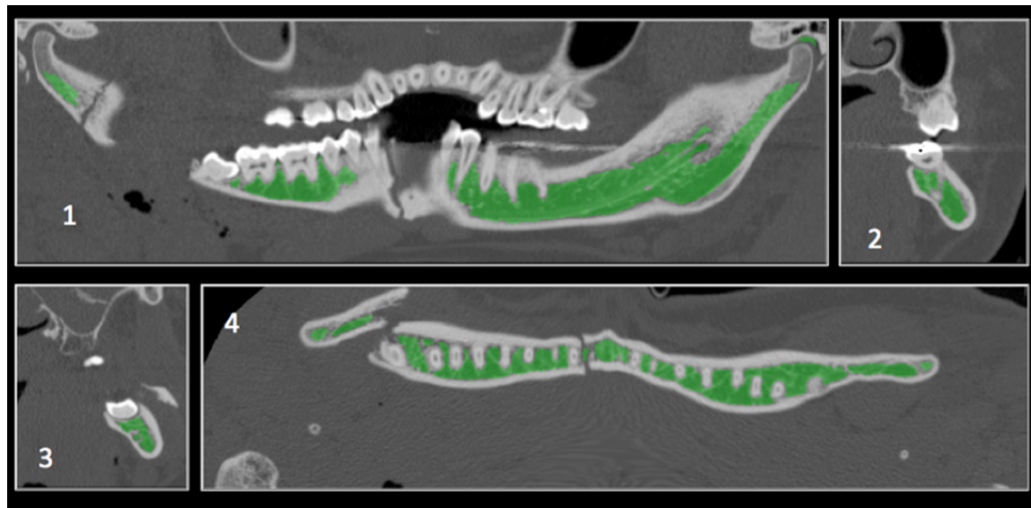


Figure 4.6 Structure osseuse interne à la mandibule

L'ensemble ou les ensembles de voxels ainsi obtenus peuvent être convertis en *quad-mesh* développable pour procéder à une segmentation par recherche de surface minimale dans un espace plan. La Figure 4.7 présente un exemple de segmentation mandibulaire.

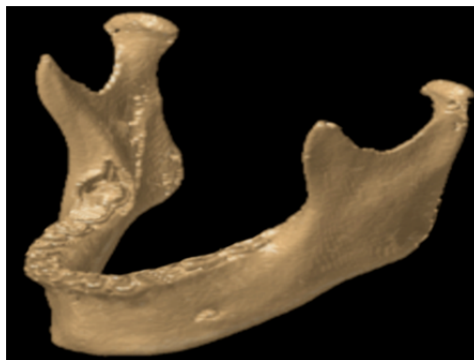


Figure 4.7 Segmentation mandibulaire

La méthode *SammIns* est applicable, avec quelques modifications, à la segmentation mandibulaire. Le système décrit est capable de créer, *in-situ*, un modèle a priori représentatif d'une mandibule avec une fracture à fort déplacement. Il est possible d'envisager la segmentation d'autres organes selon cette approche. La section suivante présente quelques travaux exploratoires d'application de la méthode.

4.2 Autres applications

Ce sous-chapitre présente une liste non exhaustive de travaux exploratoires d'application de la méthode décrite ci-avant. Les exemples présentent essentiellement la création de modèles a priori *in-situ*.

4.2.1 Segmentation de l'articulation du genou

L'ostéoarthrose est un problème de santé majeur. Le diagnostic de cette maladie est effectué en mesurant l'épaisseur de cartilage présent sur une articulation. Dans le cas du genou, cette mesure est effectuée sur des images IRM et nécessite la segmentation du fémur et de la rotule. La Figure 4.8 présente de manière succincte l'anatomie du genou.

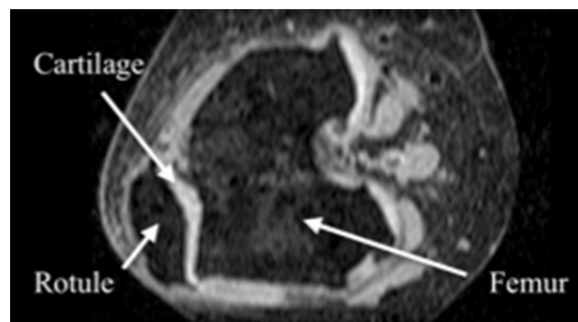


Figure 4.8 Anatomie succincte du genou

L'application de la méthode de *remplissage-soustraction* permet la génération d'un modèle a priori représentatif de l'articulation. La Figure 4.9 illustre le processus. L'image (a) est le résultat de l'opération de *remplissage-soustraction*. L'image (b) est un seuillage de l'image

(a) à 10% de l'intensité maximale (seuil empirique). Sur l'image (c), les deux structures comportant le plus de pixels sont conservées.

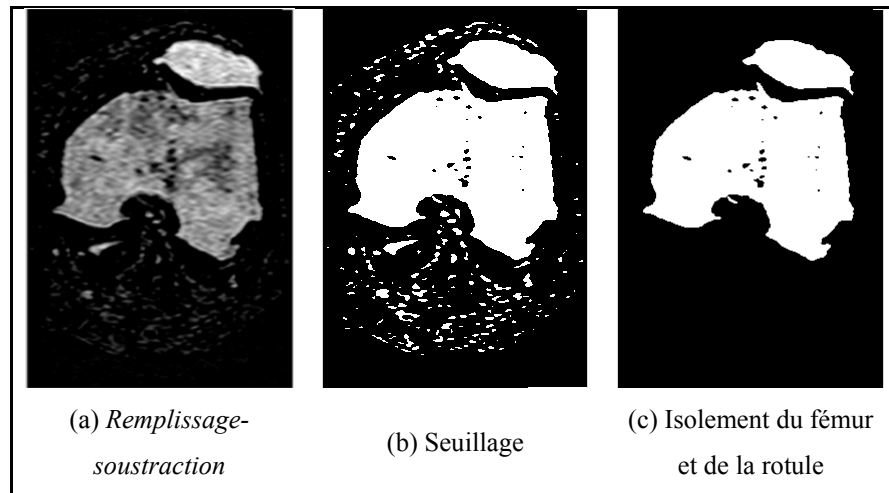


Figure 4.9 Création du modèle a priori

Le contour du modèle obtenu est reporté en blanc sur l'image de la Figure 4.10.

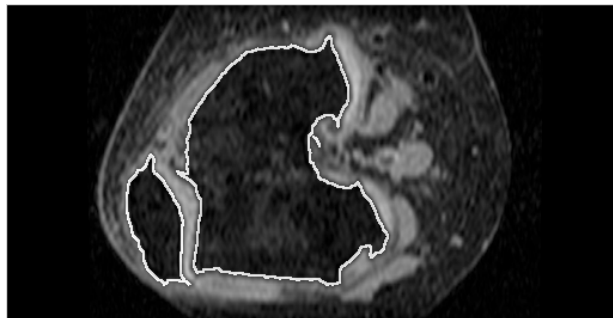


Figure 4.10 Résultat

La segmentation de l'articulation peut être effectuée depuis ce modèle a priori forgé *in-situ*. Le même principe est applicable à la segmentation pulmonaire en CT où les poumons sont des « trous » dans les images. La Figure 4.11 présente le résultat obtenu après l'opération de *remplissage-soustraction* en rouge sur l'image (b). L'image (a) est une tranche axiale sur laquelle les poumons sont visibles.

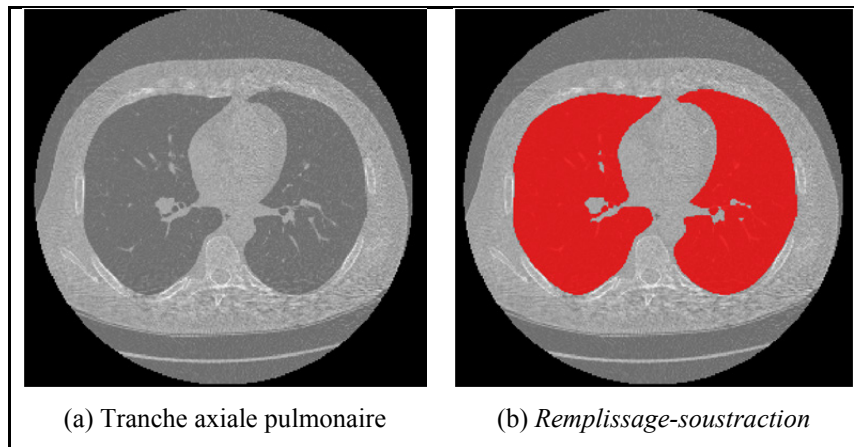


Figure 4.11 Création du modèle a priori

Sur les acquisitions pulmonaires, le modèle généré est très proche de la solution de segmentation finale. L'image (a) de la Figure 4.12 présente un rendu 3D du modèle a priori pulmonaire généré automatiquement. De plus, par application de l'opération de *remplissage-soustraction* sur le complément de l'image, il est possible d'obtenir un modèle a priori des bronches et bronchioles, illustré par l'image (b).

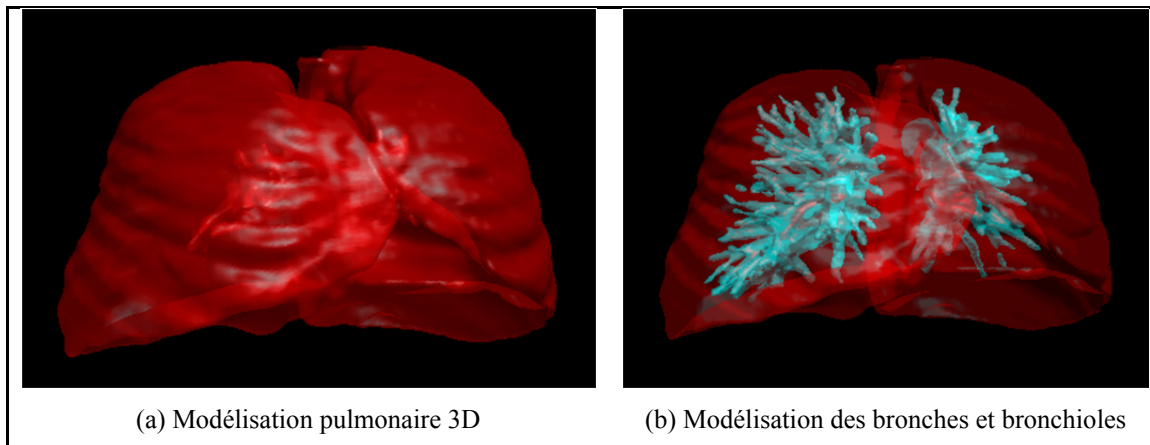


Figure 4.12 Modélisations 3D

La méthode de *remplissage-soustraction* peut être employée dans des contextes d'acquisitions très différents pour segmenter et/ou repérer divers organes.

CHAPITRE 5

DISCUSSION

L'objectif de ce projet de thèse était de développer une méthode originale de segmentation automatique de structures anatomiques à géométrie complexe qui soit à la fois polyvalente, sans connaissances a priori et qui soit la plus précise possible. Ces objectifs ont été définis en réponse à divers besoins cliniques et industriels pour lesquels il n'existait pas de solution satisfaisante dans la littérature. Les méthodes référencées s'affranchissent mal des contraintes et des fortes variations anatomiques induites par les structures à topologies complexes. La méthode développée parvient à s'affranchir de ces particularités en créant automatiquement, *in-situ*, des modèles a priori personnalisés aux données à traiter. Les domaines ciblés par ce travail de recherche sont le complexe dento-maxillo-facial et les structures encéphaliques.

5.1 Originalité du travail

La méthode développée se distingue des méthodes proposées par la littérature par la réponse originale qu'elle apporte au problème de segmentation des structures anatomiques complexes. Les solutions actuelles exploitent majoritairement les approches avec connaissances a priori. Ces connaissances a priori sont intégrées au système sous forme de statistiques morphologiques admissibles. Lorsque l'organe considéré s'éloigne de la morphologie moyenne, il devient difficile, voire impossible pour la méthode de proposer une segmentation correcte. La robustesse est parfois améliorée avec la multiplication des bases de données à l'intérieur du système. Ceci a plusieurs conséquences. Tout d'abord, la création de ces bases de données est très longue et parfois impossible à réaliser. Lorsque cela peut être fait, il est alors nécessaire de développer des stratégies supplémentaires pour sélectionner la base de données la plus adéquate au cas à traiter, ce qui allonge considérablement les temps des calculs. Les approches sans connaissances a priori requièrent un grand nombre d'initialisations manuelles. En dehors du temps nécessaire, ces opérations peuvent engendrer

des erreurs et des variations de segmentation. Afin de proposer une solution fiable, le système développé dans ce travail de doctorat exploite les données à traiter afin de générer automatiquement un modèle a priori représentatif d'organe à segmenter. En utilisant certaines heuristiques anatomiques, il est possible, grâce à des opérations simples de traitement d'images et à des projections géométriques de créer un *quad-mesh* développable. Ce maillage particulier, permet de développer l'espace contenu autour de la surface à segmenter en un nouveau volume de confinement plan. La solution au problème de segmentation est réduite à la recherche de la surface minimale quasi plane dans le nouvel espace développé. La création automatique, *in-situ*, d'un modèle a priori personnalisé aux données à traiter est un des éléments innovants de cette approche. La géométrie générée impose des contraintes de segmentation uniques et non plus issues de données statistiques qui peuvent être très éloignées des spécificités individuelles de tout un chacun. Cette stratégie a été appliquée avec succès à plusieurs types de problématiques.

Le premier domaine d'application de cette approche est le complexe dento-maxillo-facial, particulièrement la segmentation dentaire. Pour ce faire, le système utilise une structure anatomique, la pulpe dentaire. La pulpe possède plusieurs caractéristiques intéressantes dans le cadre de la segmentation dentaire. Elle est présente dans toutes les dents, sa topologie est très proche de la topologie de la dent qui l'abrite et elle présente un fort contraste sur les acquisitions CBCT. Grâce à cette empreinte géométrique, il a été possible de segmenter plusieurs ensembles de dents de manière automatique sans aucune information a priori. Le système parvient également à déterminer les caractéristiques propres aux dents traitées comme l'axe principal de la dent et son nombre de racines ce qui n'avait jamais été réalisé à ce jour sans données statistiques et/ou intervention humaine dans le processus. Ce procédé est directement exploitable dans les nombreuses spécialités qui se consacrent au complexe dento-maxillo-faciale. Il a donné lieu au dépôt d'une déclaration d'invention.

Le second domaine d'application de la méthode *SammIns* est le domaine cérébral. Sans aucune connaissance a priori et de manière automatique, le système exploite les données neurologiques IRM standard et parvient à segmenter de nombreuses structures cérébrales en

moins de 50 secondes. Toutes les solutions disponibles auparavant nécessitaient la création d'un atlas statistique pour parvenir à ce type de segmentation avec des délais de traitement nettement supérieurs (supérieurs à 5-6 minutes). Cette innovation est en cours d'industrialisation et va être appliquée en clinique. Elle devrait contribuer à une meilleure caractérisation de nombreuses maladies neurodégénératives comme la sclérose en plaques et la maladie d'Alzheimer. Sans atlas, il sera possible de poser des diagnostics à tous les types de populations sans distinction de sexe ou d'âge. Cette application a également donné lieu au dépôt d'une déclaration d'invention.

5.2 Limitations

Malgré des essais sur plusieurs structures et plusieurs types d'organes, il ne pas être affirmé à ce jour qu'il est possible de créer *in-situ* des modèles a priori pour toutes les structures anatomiques d'intérêt. En effet, les structures considérées au cours de ce projet se prêtaient à la génération de modèle a priori *in-situ* de par leur nature et de par la nature des acquisitions en vigueur. Toutefois, un travail d'étude anatomique préalable a été nécessaire pour déterminer des amers exploitables en toutes circonstances. Il n'est pas certain que tous les organes possèdent de telles spécificités, ou tout du moins que toutes les spécificités anatomiques soient exploitables de la sorte.

L'autre limitation concerne le développement des modèles générés. Certaines géométries, particulièrement les géométries dites à *n-genus* (à trous comme un tore) ne se prêtent pas toutes au développement en une surface 2D continue. À ce jour, par exemple, aucune solution satisfaisante n'a été trouvée pour développer en une seule surface le cortex cérébral. Or, pour garantir une segmentation robuste, l'approche nécessite le développement de la surface à traiter en un volume unique. Toutefois, cette limitation pourrait être contournée en utilisant une segmentation par recalage élastique du modèle a priori généré *in-situ*.

Plus spécifiquement, dans le cadre des applications réalisées durant cette recherche, la méthode n'a pas pu être appliquée avec succès sur des données dento-maxillo-faciales

comportant des artéfacts liés à la présence de structures métalliques comme les restaurations dentaires. En effet, la présence de ces restaurations induit des aberrations dans le signal de l'acquisition qui fausse le repérage et la création automatiques des modèles pulpaire. Ces artéfacts créent des « trous » dans les images. Ces trous sont interprétés comme étant des modèles pulpaire et ils fournissent donc des faux positifs au système qui cherche à les traiter comme des dents. L'autre limitation de cette approche dans le domaine dento-maxillo-facial réside dans le cas de résorption radiculaire. Dans ce cas-ci, le canal pulpaire est ouvert au niveau de l'extrémité radiculaire, ceci induit une « fuite » et empêche le système de créer le modèle pulpaire adéquat.

Certaines limitations existent également dans l'application cérébrale. Tel qu'évoqué ci-avant, les surfaces complexes ne peuvent pas être développées en un seul élément 2D, ceci empêche d'appliquer l'intégralité de la méthode à la segmentation du cortex cérébral ou de la matière blanche. Le système impose également certaines restrictions au niveau des acquisitions. Il est impératif que les acquisitions soient des images IRM MPRAGE 3D, sans quoi il est impossible de procéder à une segmentation correcte. De plus, il est aussi nécessaire qu'aucun agent de contraste ne soit utilisé durant l'acquisition. Étant donné que l'algorithme ne repose sur aucune base de données et ne nécessite aucune interaction de l'utilisateur, il est également impératif d'acquérir le crâne dans son intégralité, yeux inclus. Ceci rend l'utilisation de cet algorithme sur des acquisitions où les structures osseuses auraient été tronquées. Ceci a posé des problèmes lors de l'application de l'algorithme aux données de validation. En effet, un grand nombre d'acquisitions présentent dans la base de données de validation ont été écartées, car les yeux et les structures osseuses étaient tronqués.

5.3 Recommandations

La poursuite des applications développées dans ce travail de thèse nécessite l'approfondissement de certains points évoqués ci-avant. Au niveau de l'application dentaire, il est absolument nécessaire de développer une méthode de détection et de suppression des

artéfacts métalliques. En marge du travail de ce doctorat, certains traitements ont été testés sur des images CT et semblent prometteurs. C'est un aspect qu'il est nécessaire de développer pour pouvoir utiliser la méthode *SammIns* dans ce domaine. L'application cérébrale a été développée en collaboration avec la société *Oléa-Médical* qui souhaite commercialiser l'approche dans sa suite logicielle. Le projet se poursuit. Pour en assurer la pérennité, il convient de continuer les développements relatifs à la segmentation des sous-structures cérébrales, en particulier tout ce qui touche aux noyaux centraux. En dehors des applications médicales liées à ces organes, la précision de la segmentation de la matière grise en dépend.

De manière générale, l'aspect validation doit être complété. Même si les segmentations sont visuellement correctes et que la procédure de validation mise en place durant ce travail montre des résultats satisfaisants, des procédures de prévalidations et de validations cliniques poussées sont à mener.

5.4 Contributions

Le travail réalisé durant cette thèse a eu plusieurs retombées. D'un point de vue scientifique, une méthode originale de segmentation a été développée. Cette nouvelle approche utilise les spécificités anatomiques propres au patient pour créer automatiquement une modélisation a priori personnalisée de l'organe à segmenter. Ce nouveau paradigme permet de se passer de statistiques qui peuvent induire un biais tout en ayant une géométrie de référence propre au patient ce qui garantit une segmentation robuste et fiable. Pour cela, plusieurs méthodes originales ont été développées comme la méthode de *remplissage-soustraction* ou la méthode de *paramétrisation de voxels*.

L'application de ces méthodes au domaine cérébral a permis de créer un système innovant de segmentation automatique des structures cérébrales. De manière rapide et robuste, sans atlas, la méthode permet le repérage et la segmentation d'organes cérébraux présentant un intérêt

clinique majeur. Ceci a permis le dépôt d'un brevet et le développement de plusieurs collaborations avec des centres spécialisés en neurologie à travers le monde. Le professeur Barkhof du VUMC-Amsterdam, qui est pionnier dans le traitement des démences, possède une version alpha du logiciel de segmentation cérébrale et il appuie scientifiquement la poursuite du projet. Lors de l'écriture de cette thèse, une première version de ce logiciel est en cours de réalisation et elle sera commercialisée durant l'automne 2016.

Les contributions dans le domaine maxillo-dentaire sont également importantes. Une déclaration d'invention a été produite en vue d'un dépôt de brevet. Un partenaire commercial, UPC-Canada, est intéressé à industrialiser le procédé dentaire. Cet intérêt marqué a permis l'obtention de fonds de recherche pour un montant de 400 000\$CA pour une durée de trois ans et a permis le démarrage de deux projets *Engage* avec le CRSNG ainsi que l'obtention de plusieurs bourses postdoctorales MITACS.

CONCLUSION

La segmentation d'organes céphaliques est un enjeu clinique majeur. Toutefois, ces organes présentent des variations inter-individuelles et/ou des topologies rendant leur segmentation complexe. Les approches proposées dans la littérature actuelle ne sont pas toujours adaptées à cette complexité. Les systèmes évoluant sans connaissances anatomiques a priori possèdent un grand nombre de degrés de liberté et peuvent sursegmenter l'organe ciblé. A contrario, les systèmes reposant sur des bases de données statistiques peuvent être limités par un trop grand nombre de contraintes, ce qui peut entraîner une segmentation erronée si l'organe ciblé diffère trop du modèle statistique incorporé à la méthode. Pour pallier ces limitations, la méthode développée dans ce travail de thèse utilise les données pour forger *in-situ* un modèle a priori fiable de manière automatique. Ce modèle personnalisé au patient permet de contraindre une segmentation par recherche de surface minimale 3D dans un espace plan. Pour ce faire, une combinaison d'opérations de traitement d'image basiques extrait un ensemble de voxels inclus dans la structure d'intérêt par *remplissage-soustraction*. Le modèle volumétrique obtenu est converti en un maillage quadrangulaire développable par une opération nommée *paramétrisation de voxels*. Par anamorphose 3D, le *quad-mesh* obtenu permet le développement d'un volume de confinement de la surface d'intérêt dans un nouvel espace plan. Dans ce nouveau repère, l'organe d'intérêt est segmenté par la recherche d'une surface quasi plane la plus continue. Grâce à la réversibilité de l'anamorphose, la surface quasi plane est ramenée dans l'espace original pour devenir le résultat de segmentation final. Cette méthode a été appliquée avec succès à la segmentation automatique dentaire sur des acquisitions CBCT. Les pulpes ont été retenues comme modèle a priori. Cette structure fournit au système une empreinte géométrique fiable de chaque dent. Grâce à ces informations, les dents peuvent être segmentées automatiquement, peu importe leur nombre et leurs variations de forme et d'implantation. Cette approche a été également appliquée à la segmentation encéphalique automatique sur des images IRM. L'exploitation de certaines spécificités céphalique permet l'alignement des données selon les axes anatomiques standard. Puis, les modèles a priori pertinents sont forgés *in-situ* de manière séquentielle pour pratiquer l'extraction encéphalique (*skull-stripping*), la séparation du

cerveau, du cervelet et du tronc pour pouvoir pratiquer le repérage et la segmentation de structures cérébrales d'intérêt. Le repérage des structures profondes est réalisé par la création d'une projection cylindrique du cerveau. Ce changement de perspective réversible, cette anamorphose, permet de générer des plans de coupe sur lesquels les hippocampes, les amygdales, les noyaux gris, le putamen et le thalamus sont facilement repérables. Cette approche permet donc de repérer et de segmenter des structures cérébrales dont l'intérêt est majeur du point de vue clinique. Ce processus est également applicable à d'autres organes sur divers types d'acquisitions comme la mandibule en CT, les articulations en IRM, les poumons en CT, etc. Il est tout à fait imaginable d'utiliser la méthode *SammIns* pour aller segmenter de manière automatique de gros volumes de données. Ce processus de segmentation complètement automatique capable d'adapter la segmentation aux données à traiter s'inscrit tout naturellement dans l'exploitation de gros volumes de données de type *Big-Data*.

La méthode *SammIns* permet de s'affranchir de certaines des contraintes des approches de segmentation actuellement proposées par la littérature. Ces limitations ont pu être dépassées à partir de la création de nouvelles perspectives géométriques, des anamorphoses, qui en changeant la morphologie de l'objet permet d'aborder les problèmes de segmentation sous un angle différent.

ANNEXE I

RAPPELS DE MATHÉMATIQUES

Rappels sur l'interpolation

De manière générale, en imagerie l'interpolation consiste à déterminer les intensités de zone qui ne sont pas présentes physiquement dans l'image originale. Par exemple lors d'un agrandissement. Une image est un ensemble de valeurs réparties sur une grille régulière. Lorsque cette grille régulière est agrandie, il se crée des espaces entre les valeurs originales, il convient alors de déterminer les valeurs les plus adéquates à insérer entre les valeurs originales de l'image nouvellement réparties sur la grille agrandie.

Pour illustrer ce principe, une image de taille 2 par 1 pixel peut être considérée. Cette image est illustrée par le Tableau-A I-1. Cette image est composée de deux intensités, 1 et 5, respectivement situées aux points de coordonnées (0, 0) et (1, 0) sur la grille régulière composant cette image.

Tableau-A I-1 Image 2 par 1

1	5
---	---

Agrandir cette image revient donc à agrandir la grille régulière de pixels qui la compose. En choisissant un agrandissement de 2 selon l'axe des x, l'image double en largeur. Ceci est illustré par le Tableau-A I-2. Les valeurs initiales d'intensités sont reportées en début et en fin la seule ligne de l'image pour respecter la cohérence picturale originale. La grille a été régulièrement agrandie et laisse apparaître deux cases sans valeur. Afin de conserver une cohérence dans l'image agrandie, il convient d'attribuer des valeurs aux cases laissées vides par le redimensionnement de la grille. Cette opération est effectuée par interpolation.

Tableau-A I-2 Image 4 par 1

1			5
---	--	--	---

Plusieurs types d'interpolations existent. La plus simple étant l'interpolation selon les valeurs des plus proches voisins. Ceci est illustré dans le Tableau-A I-3. Ce type d'interpolation est très rapide. Cependant, il lui est souvent préféré des interpolations plus complexes qui permettent d'obtenir des images non crénelées.

Tableau-A I-3 Interpolation selon le voisin le plus proche

1	1	5	5
---	---	---	---

L'interpolation bilinéaire (ou trilinéaire en 3D) permet d'obtenir des images avec des détails relativement précis avec un faible temps de calcul. Il s'agit de faire intervenir l'intensité de tous les voisins les plus proches pour pondérer le calcul de la nouvelle intensité. La pondération est inversement proportionnelle à la distance comprise entre le point calculé et les voisins les plus proches. Dans le cas de l'exemple considéré, les voisins les plus proches sont au nombre de 2, dans une image comportant plus de lignes, il y en aurait 4 et 8 en 3 dimensions. Toutefois, le principe de calcul reste le même.

Soient x_i, y_i les coordonnées de la valeur à interpoler

Soient x_v, y_v les coordonnées du point voisin considéré pour calculer la pondération

Alors la pondération p_v de l'intensité du point voisin de coordonnée (x_v, y_v) est calculée selon l'équation suivante :

$$p_v = \frac{1}{\sqrt{(x_i - x_v)^2 + (y_i - y_v)^2}} \quad (5.1)$$

Pour chaque voisin considéré de coordonnées (x_{vi}, y_{vi}) , l'intensité I du pixel de coordonnées (x, y) est calculée selon la formule suivante :

$$I_{(x,y)} = \frac{\sum_{i=1}^n p_{vi} * v_{(x_v, y_v)}}{\sum_{i=1}^n p_{vi}} \quad (5.2)$$

Où v est l'intensité du voisin considéré et n est égal à 2, 4 ou 8 en fonction de la dimension de l'image considérée.

Création d'une grille de coordonnées selon des vecteurs

Un vecteur permet de spécifier un sens et une direction. En deux dimensions, un vecteur est composé de 2 coordonnées, en trois dimensions, de trois coordonnées. La norme d'un vecteur est la longueur du vecteur considéré, elle est calculée selon la formule suivante :

Soit le vecteur $\vec{u} = \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \end{bmatrix}$, la norme n de ce vecteur est :

$$n = \sqrt{(u_1^2 + u_2^2 + u_3^2)} \quad (5.3)$$

Un vecteur est normalisé si sa norme est égale à 1. Pour normaliser un vecteur, chacune de ses composantes est divisée par sa norme. Inversement, si l'on souhaite obtenir un vecteur d'une taille spécifique, il suffit de le normaliser et de multiplier chaque membre du vecteur normalisé par la taille souhaitée.

À partir d'un point et d'un vecteur, il est donc possible de créer une grille de coordonnées.

Considérons le vecteur normal $\vec{u} = \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \end{bmatrix}$ et le point $p(x,y,z)$. En ajoutant, membre à membre,

les coordonnées de \vec{u} à celles de p , nous obtenons les coordonnées d'un nouveau point p' situé à une distance d'une unité par rapport à p selon la direction et le sens du vecteur \vec{u} . Pour obtenir les coordonnées du point p'' situé à deux unités du point p selon la direction et le sens de \vec{u} , il suffit d'ajouter, membre à membre, deux fois les coordonnées de \vec{u} à celles de p . Ainsi de suite il est donc possible de déterminer les coordonnées d'un ensemble de points situés à distance régulière les uns des autres selon une direction et un sens donnés si l'on connaît les coordonnées d'un point de départ et un vecteur directeur. Avec un point et un vecteur, il est possible d'obtenir des coordonnées réparties sur un segment de droite.

Avec un point et 2 vecteurs, il est possible d'obtenir les points répartis sur une grille 2D. Avec 3 vecteurs non colinéaires, il est donc possible d'obtenir les coordonnées 3D d'une grille. La Figure-A I.1 illustre détermination des coordonnées de 5 points situés à une distance de 1 à 5 du point de coordonnées (15, 15) selon un vecteur donné. En (a), le point et le vecteur sont représentés, en (b) sont représentés les 5 vecteurs permettant la détermination des autres points. En (c) le résultat.

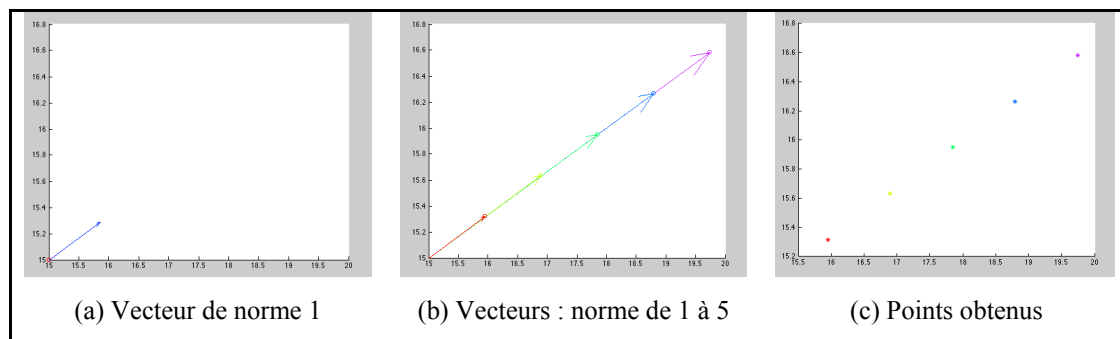


Figure-A I.1 Détermination de point selon un vecteur

La Figure-A I.2 illustre le même principe appliqué à deux vecteurs orthogonaux

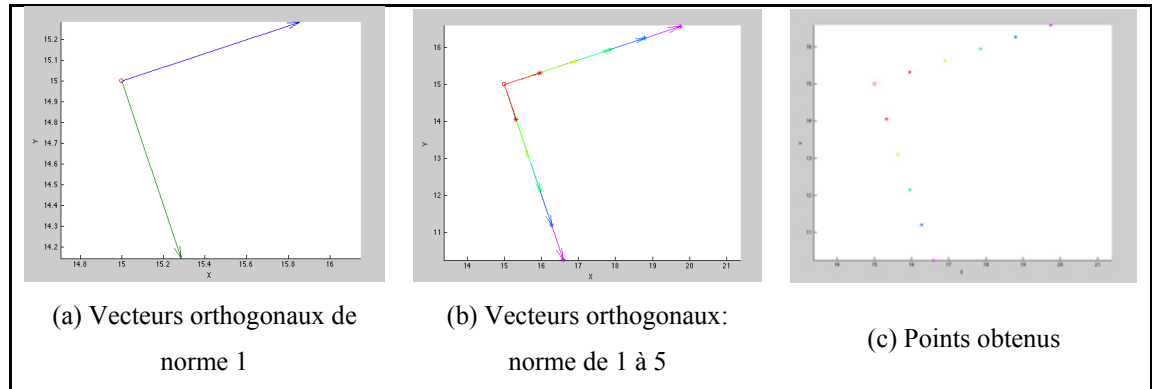


Figure-A I.2 Détermination de point selon deux vecteurs orthogonaux

En généralisant cette approche il est possible de calculer des grilles de points alignées selon trois vecteurs non colinéaires afin de créer un nouveau repère 3D. Si les vecteurs sont orthogonaux, le repère sera orthonormé. La généralisation de cette approche est décrite ci-après.

Soient, un point $p(x,y,z)$, $\vec{u} = \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \end{bmatrix}$, $\vec{v} = \begin{bmatrix} v_1 \\ v_2 \\ v_3 \end{bmatrix}$, $\vec{w} = \begin{bmatrix} w_1 \\ w_2 \\ w_3 \end{bmatrix}$ trois vecteurs normalisés

Étape 1 :

Chaque point situé sur l'axe issu de p et dirigé par le vecteur \vec{u} est obtenu selon l'équation suivante :

$$L_{u_i}(x,y,z) = (i * u_1 + x, i * u_2 + y, i * u_3 + z)$$

Étape 2 :

Pour chaque point contenu dans L_u :

Créer une liste de points L_v telle que :

$$L_{v_j}(x,y,z) = (j * v_1 + L_{u_{i,1}}, j * v_2 + L_{u_{i,2}}, j * v_3 + L_{u_{i,3}})$$

Étape 3 :

Pour chaque point contenu dans L_v :

Créer une liste de points L_w telle que

$$L_{w_k}(x,y,z) = (k * w_1 + L_{v_{j,1}}, k * w_2 + L_{v_{j,2}}, k * w_3 + L_{v_{j,3}})$$

où i, j, k sont respectivement les longueurs des listes L_u, L_v, L_w

Note 1 : Pour obtenir une grille 2D, le même algorithme est utilisé. Toutefois, la 3^{ème} dimension des coordonnées n'est pas prise en compte et l'étape 3 n'est pas calculée.

Note 2 : L'étape 1 peut être remplacée par un paramètre de l'algorithme. En effet, il est tout à fait possible de fournir directement à l'algorithme une liste de point préalablement calculée par un autre processus, par exemple si l'on souhaite obtenir les coordonnées des points formant un « ruban » autour d'une courbe quelconque. Dans ce cas-ci, les vecteurs \vec{v} et \vec{w} peuvent être calculés par l'algorithme et correspondent aux normales à la courbe passée en paramètre. Là encore, cela peut être en 2 ou 3 dimensions.

LISTE DE RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Alakuijala J., J. Oikarinen, Y. Louhisalmi, X. Ying, J. Koivukangas. 1992. « Image transformation from polar to Cartesian coordinates simplifies the segmentation of brain images ». In *Engineering in Medicine and Biology Society*, 1992 14th Annual International Conference of the IEEE, vol.5, p. 1918-1919, Oct. 29 1992-Nov. 1 1992
- AO Foundation. 2014. « Mandible - Special considerations ». In *Le site AO Foundation: Mandible - Special considerations*. En ligne. <https://www2.aofoundation.org/wps/portal/!ut/p/a1/jY9LC4MwEIR_jVd3tfRBbzm00gdIsQ_NpUQao2CzIcYK_fw1nu1jbjvMt8wAhxS4Fo9KCVeRFvX75rNrGCNGmwR3cXwMkCWriDqvEfEw7QPZlwCb_8fjBzH8xW-Bq5ryoWrGdD5ZKOBWFtJK67e2t0vnTLP00MOu60JfUEGtvG0DfbKqt03joSHrxp-U1DhIR1kw91P63MvL>. Consulté le 3 avril 2015
- Ardon R., L.D. Cohen. 2006. « Fast Constrained Surface Extraction by Minimal Paths, ». 2006. In *Int'l J. Computer Vision*, vol. 69, no. 1, pp. 127- 136, Aug. 2006.
- Barhoumi W., N. Khelifa, M. Abidi. 2015. « Integration of a Fuzzy Spatial Constraint into Active Shape Models for ROI Detection in Medical Images ». In *Current Medical Imaging Reviews*, Vol. 11, Issue 4, p. 15-22.
- Bach C. M., S. Gorthi, F. I. Karahanoglu, B. Paquier, A. Pica, H. P. Do, A. Balmer, F. Munier, J.-Ph. Thiran. 2010. « Model-Based Segmentation and Fusion of 3D Computed Tomography and 3D Ultrasound of the Eye for Radiotherapy Planning ». In *Computational Vision and Medical Image Processing*, Vol. 19, p. 247-263
- Baltrušaitis J., 1996, *Les Perspectives dépravées, tome 2 : « Anamorphoses »*, Flammarion, collection « Champs-Art ».
- Barone, S., Paoli, A., and Razionale, A. V. 2015. « CT segmentation of dental shapes by anatomy-driven reformation imaging and B-spline modelling ». In *International Journal of Numerical Methods in Biomedical Engineering*. doi: 10.1002/cnm.2747.
- Barrett W. A. et al. 1997. « Interactive live-wire boundary extraction ». In *Medical Image Analysis*, vol. 1, issue 4, p. 331-341.
- Bergounioux M. 2009. *Quelques méthodes mathématiques pour le traitement d'image*. Orléans: Université d'Orléans, 110 p.
- Besl P.J., McKay Neil.D. 1992. « A Method for Registration of 3-D Shapes ». In *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 14, issue 2, p. 239-256.

- Boykov Y., MP. Jolly. 2000. « Interactive organ segmentation using graph cuts ». In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2000*, (Pittsburgh, PA, USA, Oct. 11-14, 2000), p 276-286. Springer-Verlag Berlin Heidelberg.
- Braak H., E. Braak, J. Bohl. 1993. « Staging of Alzheimer-related cortical destruction ». In *European Neurology*, Vol. 33, p. 403–08.
- Carré R., JF. Dégremont, M. Gross, JM. Pierrel, G. Sabah. 1991. *Langage humain et machine*, Presses du CNRS, p.48.
- Chan T. F., Luminita A. Vese. 2001. « Active Contours Without Edges ». *IEEE transactions on image processing*, vol. 10, n° 2, p. 141-151.
- Chen S., D. Cremers, R. J. Radke. 2012. « Image segmentation with one shape prior — A template-based formulation ». In *Image and Vision Computing*, Vol. 30, Issue 12, p. 1032-1042.
- Chartrand G., A. Tang, R. Chav, T. Cresson, S. Chantrel, J. A. De Guise. 2015. « Live minimal path for interactive segmentation of medical images ». In *SPIE, Medical Imaging 2015: Image Processing*. 94133U (March 20, 2015); doi:10.1117/12.2081453.
- Chav R., T. Cresson, C. Kauffmann, J. A. de Guise. 2009. « Method for fast and accurate segmentation processing from prior shape: application to femoral head segmentation on x-ray images ». In *SPIE, Medical Imaging*. (Orlando, 27 mars 2009), Vol. 7259, SPIE Proceedings.
- Chav R. 2010. *Rapport Interne : DGA1033*. Laboratoire de recherche en Imagerie et Orthopédie (LIO), École de Technologie Supérieure, Montréal QC. 82 p.
- Chav R., T. Cresson, G. Chartrand, C. Kauffmann, G. Soulez, & J. A. de Guise. 2014. « Kidney segmentation from a single prior shape in MRI » in *Biomedical Imaging (ISBI), 2014 IEEE 11th International Symposium on*, 818–821. doi:10.1109/ISBI.2014.6867996
- Cootes T.F., C.J. Taylor, D.H. Cooper, J. Graham. 1992. : « Active Shape Models - 'Smart Snakes' ». In *Proceedings of the British Machine Vision Conference (BMVC)*. (Leeds, sep. 1992). p. 266-275.
- Cootes Timothy F., Gareth J. Edwards, and Christopher J. Taylor. 2001. « Active Appearance Models ». In *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.* Vol. 23, Issue 6 (June 2001), p. 681-685.
- Dillenseger, J. P. 2012. *Atlas d'anatomie générale et radiologique*. Elsevier Masson.

- Fulkerson D. R. 1961. « An Out-of-Kilter Method for Minimal-Cost Flow Problems », *Journal of the Society for Industrial and Applied Mathematics*, vol. 9, n° 1, p. 18-27.
- Gao H., O. Chae. 2008. « Touching tooth segmentation from CT image sequences using coupled level set method ». In *Visual Information Engineering*, Jul. 29-Aug. 1. p. 382-387.
- Gao H., O. Chae. 2010. « Individual tooth segmentation from CT images using level set method with shape and intensity prior ». In *Pattern Recognition*, vol. 43, issue 7, July. 14. 2010, p. 2406-2417.
- Gao H., O. Chae. 2014. « Tooth Anatomy and Knowledge Based Segmentation from CT Images ». In *Journal of Computational Information Systems* 10: 24 (2014) 10543–10552
- Gonzalez R. C., R. E. Woods. 2007. « Morphological Image Processing ». In *Digital Image Processing*, 3rd ed. Upper Saddle River, NJ, USA
- Gollmer S.T. 2012. « Fully automatic shape constrained mandible segmentation from cone-beam CT data ». In *IEEE Conference Publications*, p.1272-1275.
- Grady Leo, « Minimal Surfaces Extend Shortest Path Segmentation Methods to 3D ». 2010. In *IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence*, vol.32, no. 2, pp. 321-334, February 2010, doi:10.1109/TPAMI.2008.289
- Heimann T, B. van Ginneken, M. A. Styner, Y. Arzhaeva, V. Aurich, C. Bauer, A. Beck, C. Becker, R. Beichel, G. Bekes, F. Bello, G. Binnig, H. Bischof, A. Bornik, P. M. Cashman, Y. Chi, A. Cordova, B. M. Dawant, M. Fidrich, J. D. Furst, D. Furukawa, L. Grenacher, J. Hornegger, D. Kainmüller, R. I. Kitney, H. Kobatake, H. Lamecker, T. Lange, J. Lee, B. Lennon, R. Li, S. Li, H. P. Meinzer, G. Nemeth, D. S. Raicu, A. M. Rau, E. M. van Rikxoort, M. Rousson, L. Rusko, K. A. Saddi, G. Schmidt, D. Seghers, A. Shimizu, P. Slagmolen, E. Sorantin, G. Soza, R. Susomboon, J. M. Waite, A. Wimmer, I. Wolf. « Comparison and evaluation of methods for liver segmentation from CT datasets. ». 2009. In *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 28, issue 8, p. 1251-65.
- Kainmueller D, Lamecker H, Seim H, Zinser M, Zachow S. 2009. « Automatic extraction of mandibular nerve and bone from cone-beam CT data ». In *Med Image Comput Comput Assist Interv*. vol. 12, issue 2, p. 76-83.
- Kang L., X. Wu, Senior Member, D. Z. Chen, M. Sonka *et al.* 2006. « Optimal Surface Segmentation in Volumetric Images-A Graph-Theoretic Approach ». In *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions*, vol. 28, issue 1, p. 119-134.

- Kass M., A. Witkin et D. Terzopoulos. 1987. « Snakes: active contour models ». *International Journal of Computer Vision*, vol. 1, n° 4, p. 259–268.
- Kennedy M., S. Kopp. 2000. *Understanding Map Projections*. ESRI, 110 p.
- Jingbo M., H. Li, C. Ye, D. Wu, X. Tang, M. Miller, S. Mori. 2015. « A fast atlas pre-selection procedure for multi-atlas based brain segmentation ». In *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC)*, 37th Annual International Conference of the IEEE, Milan, 2015, pp. 3053-3056. doi: 10.1109/EMBC.2015.7319036
- Law T.Y., Heng, P.A. 2000. « Automated extraction of bronchus from 3D CT images of lung based on genetic algorithm and 3D region growing ». In *Proc. SPIE*, vol. 3979, p. 906–916.
- Lemenant A. 2008. « Sur la régularité des minimiseurs de mumford-shah en dimension 3 et supérieure ». Mémoire de thèse de doctorat en mathématique, Paris, Université de Paris-Sud, 185 p.
- Lorensen W. E., H. E. Cline. 1987. « Marching cubes: A high resolution 3D surface construction algorithm ». In *ACM Siggraph Computer Graphics*, vol. 21, num. 21, p. 163-169.
- Magee D., A. Bulpitt et E. Berrey. 2001. « Level set methods for the 3D segmentation of CT images of abdominal aortic aneurysms ». In *Medical Image Understanding and Analysis*. (Birmingham, 16-17 juillet 2001).
- Mehran Yazdia, L. Gingras, L. Beaulieu. 2005. « An adaptive approach to metal artifact reduction in helical computed tomography for radiation therapy treatment planning: Experimental and clinical studies ». In *International Journal of Radiation Oncology*Biophysics*, vol. 62, issue 4, 15 jul, p. 1224-1231
- Moore K. L., A. F. Dalley, A. M.R. Agur. 2009. *Clinically Oriented Anatomy*, 6^e éd. Philadelphia : Wolters Kluwer Health/Lippincott Williams & Wilkins. 1168 p.
- Morris JC, M. Storandt, JP Miller, *et al.* 2001. « Mild cognitive impairment represents early-stage Alzheimer disease ». In *Archives of Neurology*, Vol. 58, p. 397–405.
- Netter F. H. 1999. *Atlas d'anatomie humaine*. 2^e éd. Maloine : Elsevier / Masson. 600 p.
- Osher S., J. A. Sethian. 1988. « Fronts propagating with curvature-dependent speed: algorithms based on Hamilton-Jacobi formulations », *Journal of Computational Physics*, vol. 79, n° 1, p. 12-49.
- Pavlidis T. 1982. « Algorithms for Graphics and Image Processing ». Computer Science Press, Rockville, Maryland, chapitre 7, section 5.

- Pohle R., K. D. Toennies. 2001. « A New Approach for Model-Based Adaptive Region Growing in Medical Image Analysis ». In *Computer Analysis of Images and Patterns*, Lecture Notes in Computer Science, Skarbek Wladysaw, p 238-246.
- Poon M., H. G., Abugharbieh R. 2008. « Efficient interactive 3D Livewire segmentation of complex objects with arbitrary topology ». In *Comput Med Imaging Graph*, vol. 32, issue 8, p. 639-50.
- Raman S., R. Wenger. 2008. « Quality Isosurface Mesh Generation Using an Extended Marching Cubes Lookup Table ». In *Computer Graphics Forum*.
- Ridha B. H., J. Barnes, J. W. Bartlett, A. Godbolt, T. Pepple, M. Rossor, N. Fox. 2006. « Tracking atrophy progression in familial Alzheimer's disease: a serial MRI study ». In *Lancet Neurology*, Vol. 5, p. 828–34
- Roberts M. G. « Automatic Detection and Classification of Vertebral Fracture using Statistical Models of Appearance ». 2008. Mémoire de thèse de doctorat, Manchester, Faculté de sciences médicales et humaines. 205 p.
- Roy S., A. Jog, A. Carass, and J. L. Prince. 2013. « Atlas-based intensity transformation of brain MR images ». In *Multimodal Brain Image Analysis*, New York, NY, USA: Springer-Verlag, 2013, vol. 8159, pp. 51–62.
- Schmitter D., R. Delgado-Gonzalo, G. Krueger, M. Unser. 2014. « Atlas-free brain segmentation in 3D proton-density-like MRI images ». In *Biomedical Imaging (ISBI)*, 2014 IEEE 11th International Symposium on, Beijing, 2014, pp. 629-632. doi: 10.1109/ISBI.2014.6867949
- Schreiner J., C. E. Scheidegger, C. T. Silva. 2006. « High-Quality Extraction of Isosurfaces from Regular and Irregular Grids ». In *Visualization and Computer Graphics, IEEE Transactions on*, vol. 12, issue 5, p. 1205 – 1212.
- Sethian J. A. « Level Set Methods: An initial value formulation ». In *Le site de l'université Berkeley : Level Set Methods: An initial value formulation*. En ligne. <http://math.berkeley.edu/~sethian/2006/Explanations/level_set_explain.html>. Consulté le 3 avril 2015.
- Sheffer Alla, E. Praun, K. Rose. 2006. « Mesh Parameterization Methods and Their Applications ». In *Computer Graphics and Vision*, Vol. 2, No 2, p. 105–171, DOI: 10.1561/06000000011
- Shen T., H. Li, X. Huang. 2011. « Active volume models for medical image segmentation ». In *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 30, issue 3, p. 774-791.

- Tang X, D. Crocetti, K. Kutten *et al.* 2015. « Segmentation of brain magnetic resonance images based on multi-atlas likelihood fusion: testing using data with a broad range of anatomical and photometric profiles ». In *Frontiers in Neuroscience*. 2015;9:61. doi:10.3389/fnins.2015.00061.
- Vincent L. 1993. « Morphological Grayscale Reconstruction in Image Analysis: Applications and Efficient Algorithms ». In *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 2, no. 2, April 1993, pp. 176-201.
- Wang L, KC Chen, Y Gao, *et al.* 2014. « Automated bone segmentation from dental CBCT images using patch-based sparse representation and convex optimization ». In *Medical Physics*. 2014 :41(4):043503. doi:10.1118/1.4868455.
- Warfield S. K., K. H. Zou and W. M. Wells, « Simultaneous truth and performance level estimation (STAPLE): an algorithm for the validation of image segmentation ». In *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 23, no. 7, pp. 903-921, July 2004. doi: 10.1109/TMI.2004.828354