



De l'image médicale au signal géométrique : analyse, construction et compression

Sébastien Valette

► **To cite this version:**

| Sébastien Valette. De l'image médicale au signal géométrique : analyse, construction et compression. | Traitement du signal et de l'image [eess.SP]. INSA Lyon, 2019. tel-02181637

HAL Id: tel-02181637

<https://hal.archives-ouvertes.fr/tel-02181637>

Submitted on 12 Jul 2019

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

HABILITATION A DIRIGER DES RECHERCHES

Présentée devant

L'Institut National des Sciences Appliquées de Lyon
et l'Université Claude Bernard LYON 1

De l'image médicale au signal géométrique : analyse, construction et compression

FORMATION DOCTORALE : Traitement du Signal et de l'Image

ÉCOLE DOCTORALE : ÉLECTRONIQUE, ÉLECTROTECHNIQUE, AUTOMATIQUE

par

Sébastien Valette
Ingénieur INSA-Lyon, Docteur

Soutenue le 16 mai 2019

Devant la Commission d'examen

Pierre Alliez	Directeur de Recherche, INRIA Sophia	Rapporteur
Marc Antonini	Directeur de Recherche, CNRS, I3S, Nice	Rapporteur
Christian Barillot	Directeur de Recherche, CNRS, IRISA, Rennes	Rapporteur
Raphaëlle Chaine	Professeur, Université Claude Bernard Lyon 1	Examinatrice
Rémy Prost	Professeur Emérite, INSA-Lyon	Examinateur
Jocelyne Troccaz	Directrice de Recherche, CNRS, TIMC, Grenoble	Examinatrice

Table des matières

Liste des figures et des tableaux	vii
1 Curriculum Vitae	1
1.1 Parcours	1
1.2 Principales activités d'enseignement	2
1.3 Co-encadrement de thèse, publications principales résultantes	2
1.4 Membre externe de jury de thèse	2
1.5 Organisation de conférence	2
1.6 Activités éditoriales	3
1.7 Responsabilités collectives	3
1.8 Publication de logiciels libres	3
2 Introduction	7
3 Compression de données 3D	13
3.1 Introduction	13
3.2 Etat de l'art	14
3.2.1 Compression de maillages surfaciques 3D	14
Compression mono-résolution	14
Compression progressive	15
3.2.2 Compression de nuages de points	16
3.3 Contributions	16
3.3.1 Wavemesh et ses dérivés	16
3.3.2 Compression progressive par Raffinement Paramétrique Incrémental	18
Résumé	18
Mise en oeuvre	20
Résultats expérimentaux	29
Discussion	31
3.3.3 Compression par auto-similarité	32
3.4 Perspectives, derniers verrous	33
4 Construction et optimisation de maillages	35
4.1 Introduction	35

4.2	Etat de l'art	35
4.3	Contributions	36
4.4	Diagrammes de Voronoï	37
4.5	Diagrammes de Voronoï Discrets	39
4.5.1	Cas isotrope	40
4.5.2	Cas anisotrope	42
4.5.3	Placement des germes de Voronoï	42
4.6	Implantation	43
4.6.1	Algorithme de partitionnement	43
4.6.2	Garantir la validité du partitionnement	44
4.6.3	Construction du maillage	45
4.6.4	Gestion des bords	45
4.6.5	Remaillage par sur-échantillonnage	45
4.6.6	Métriques	46
4.7	Résultats expérimentaux	47
4.8	Simplification avec garanties sur la topologie	56
4.9	Extension à la génération de maillages volumiques	56
4.10	Conclusion	61
5	Recalage et segmentation d'images médicales 3D	63
5.1	Introduction	63
5.2	Points clés pour le recalage d'images médicales 3D	64
5.2.1	Travaux connexes	65
	Recalage d'image	65
	Recalage de paires et recalage de groupes	65
	Rigide & Déformable	67
	Dense & Parcimonieux	67
	Points clés	68
	Ajustement de faisceaux	70
5.2.2	Verrous et Contributions	70
5.2.3	3D SURF	71
	Détecteur	71
	Descripteur	71
5.2.4	Recalage rigide de groupes d'images 3D	71
	Recalages par paires	71
	Recalage global	72
	Elagage du graphe	73
	Extension au calcul d'échelle	73
	Résultats	74
5.2.5	Recalage déformable de groupes d'images 3D	76

Challenges et contributions	76
Résumé de la méthode	76
Optimisation des demi-transformations en fonction des points clés	77
Pondération EM	77
Optimisation	79
Résultats	81
5.2.6 Application à l’anthropologie : détermination du sexe	89
5.2.7 Conclusion et perspectives	89
5.3 Segmentation multi-objets pour l’imagerie médicale	91
5.3.1 Travaux connexes	91
Coupe de graphes	92
Atlas pour la segmentation	92
Informations a priori	93
Apprentissage	93
5.3.2 Coupe de graphe et contraintes de plus court chemin	94
Partition via un Diagramme de Voronoï Centroïdal discret	94
Segmentation multi-objets	97
Résultats	98
Application biologique : segmentation d’images de tritons	106
Conclusion	106
5.3.3 Approche automatique : atlas probabilistes et coupe de graphe	108
Construction d’atlas probabilistes	108
Segmentation utilisant intensités, voisinages et positions	111
Résultats	112
Comparaison avec des approches segmentant un seul organe	119
5.3.4 Conclusion et perspectives	121
6 Conclusion et perspectives	123
7 Publications	129
7.1 Revues internationales avec comité de lecture	129
7.2 Actes de conférences internationales à comité de lecture	131
7.3 Chapitres d’ouvrages	133
7.4 Conférence invitée	134
7.5 Thèse de doctorat	134
Bibliographie	135

Liste des figures et des tableaux

Figures

2.1	Transmission progressive d'un modèle de lapin	8
2.2	Remaillage du lapin de Stanford	9
2.3	Coupes 2D coronales de segmentations multi-organes	10
3.1	Simplification réversible de maillages 3D irréguliers.	17
3.2	Un modèle de lapin compressé à 1bit/sommet original	19
3.3	Schéma de raffinement proposé dans IPR	21
3.4	Valeurs des codes de découpage durant la compression du modèle <i>Fertility</i> .	22
3.5	Courbes débit-distorsion pour <i>balljoint</i>	23
3.6	Transmission progressive du modèle <i>Fertility</i>	24
3.7	Calcul de la distance de bascule d'une arête	25
3.8	Reconstruction de la connectivité originale par bascules d'arêtes	26
3.9	Mise en correspondance entre le maillage original et le maillage reconstruit	27
3.10	Eviter les dérives de connectivité	28
3.11	Comparaison des performances de transmission progressive	31
3.12	Compression du nuage de points de la ville de Brême	32
4.1	Remaillage du modèle <i>fandisk</i> avec 3000 sommets	37
4.2	Simplification du modèle <i>hand</i>	38
4.3	Domaines d'intégration pour les termes d'énergie	40
4.4	Voisinage local pour la mise à jour du partitionnement	43
4.5	Invariance à l'échantillonnage	44
4.6	Nettoyage du partitionnement	45
4.7	Gestion des bords	46
4.8	Remaillage uniforme du modèle <i>Stanford Bunny</i> avec 36000 sommets	46
4.9	Comparaison de notre approche avec la relaxation de Lloyd	47
4.10	Mesures de temps et d'erreur en fonction du nombre de partitions	48
4.11	Remaillage du modèle <i>Lucy</i> avec 500k sommets	50
4.12	Simplifications des modèles <i>rockerarm</i> et <i>Buddha</i>	51
4.13	Zoom sur la tête du modèle <i>David</i> remaillé avec 500k sommets	52

4.14	Vue rapprochée du modèle <i>Bouddha</i> simplifié	53
4.15	Comparaison entre 2 métriques de simplification	54
4.16	Simplification d'un modèle de main avec 300 sommets	55
4.17	Le modèle <i>Michelangelo David</i> simplifié avec 100k sommets	55
4.18	Simplification avec garanties sur la topologie	56
4.19	Maillage volumique d'une image 3D de coeur segmentée.	58
4.20	Comparaison de qualité	59
4.21	Maillage volumique de modèles surfaciques voxellisés	60
5.1	Recalage rigide de 400 images scanner 3D	64
5.2	Méthodes de recalage de groupes d'images	66
5.3	Points clés extraits de deux images issues de la base de données VISCERAL	69
5.4	Un problème simple avec 3 noeuds et 3 translations	72
5.5	Exemple avec 3 volumes (jambes, tête, corps)	74
5.6	Temps de calcul (en secondes) en fonction du nombre de volumes	75
5.7	Application au masquage des yeux	75
5.8	Les trois étapes de notre algorithme	77
5.9	Exemple d'optimisation avec 4 images	78
5.10	Pondération EM et M-estimateurs	80
5.11	Base de données VISCERAL : groupes A, B et C	82
5.12	Convergence du critère à minimiser	85
5.13	Comparaison entre notre approche et NiftyReg sur le groupe A	86
5.14	Squelettes extraits d'un groupe de 20 images corps entier recalées	87
5.15	Comparaison d'images moyennes	88
5.16	Procédure semi-automatique de détermination du sexe	90
5.17	segmentation des os d'une image 3D scanner CT.	91
5.18	Partitionnement d'image par diagramme de Voronoï centroïdal	95
5.19	Evaluation d'algorithmes de partitionnement	96
5.20	(a) Image synthétique et (b) graphe d'adjacence de ses structures.	97
5.21	Effets du partitionnement sur la segmentation	99
5.22	Comparaison sur un fantôme	100
5.23	Comparaison sur un fantôme	101
5.24	Comparaison sur la segmentation du cerveau	103
5.25	Modèles d'adjacence pour les images BrainWeb et 3D-IRCADb	104
5.26	Comparaison qualitative de la segmentation	105
5.27	Maillages 3D issus de la segmentation d'une image 3D-IRCADb	105
5.28	Segmentation d'images de triton	107
5.29	Recalage multi-échelle par fenêtres rétrécissantes	109
5.30	Atlas probabiliste de rein	110
5.31	Graphe d'adjacence utilisé dans nos tests	112

5.32	Rendu 3D d'images segmentées	114
5.33	Comparaison des meilleures segmentations	115
5.34	Comparaison avec [Kéchichian <i>et al.</i> (2017)]	117
5.35	Evaluation de l'impact de la résolution de recalage	118
6.1	Recalage hors cœur de 1034 volumes	125

Tableaux

3.1	IPR : Mesures de temps de compression et décompression	30
3.2	Comparaison des performances de compression sans pertes	30
4.1	Temps de calcul et mesures de qualité des maillages générés	49
4.2	Comparaison des erreurs d'approximations entre plusieurs approches	50
4.3	Comparaison des qualités de triangles	53
5.1	Recalage du groupe A : comparaison des distances moyennes	84
5.2	Comparaison avec ANTs et NiftyReg sur la base de données VISCERAL	85
5.3	Temps de calculs et nombre moyen d'appariements	87
5.4	Segmentation IRM BrainWeb : critères DSM	102
5.5	Temps de calcul et occupation mémoire	102
5.6	Mesures globales et individuelles du DSM	106
5.7	Résultats quantitatifs 'leave one out'	116
5.8	Temps de calcul et occupation mémoire	118
5.9	Comparaisons avec d'autres approches	120

Section 1

Curriculum Vitae

1.1 Parcours

depuis 2005 **Chargé de Recherche CNRS** au laboratoire CREATIS.

2004-2005 **Post-Doctorant** à l'Informatics and Telematics Institute, Thessalonique (Grèce).

2003-2004 **Post-Doctorant** au Laboratoire des Images et des Signaux (LIS), Grenoble.

2001-2003 **Attaché Temporaire d'Enseignement et de Recherche (ATER)**, 27^e section, au département Informatique de l'Institut National des Sciences Appliquées (INSA) de Lyon.

1998-2002 **Thèse de Doctorat**, Centre de Recherche et d'Application en Traitement de l'Image et du Signal (CREATIS), sous la direction de Rémy Prost et Isabelle Magnin. Soutenue le 7 Janvier 2002.

1997-1998 **DEA Signal, Image, Parole**, stage de 6 mois au laboratoire CREATIS, INSA-Lyon.

1993-1998 **Élève ingénieur** INSA-Lyon (Génie Électrique), spécialisation en traitement du signal et de l'image. Stage ingénieur dans la société GEC-ALSTHOM à Mâcon. Diplôme obtenu en Juin 1998.

1.2 Principales activités d’enseignement

Discipline	Années	Niveau	Etablissement	Heures
Mathématiques	2009-2012	Ingénieur (alternance)	IUT Villeurbanne	100
c++	2010-2014	Ingénieur	INSA-Lyon	50
Infographie	2010-2013	Master	INSA-Lyon	18
Matlab	2012	Licence	IUT Villeurbanne	20
DSP	2010-2013	Ingénieur	INSA-Lyon	16

1.3 Co-encadrement de thèse, publications principales résultantes

- Julien Dardenne, Novembre 2009, [[Dardenne et al. \(2008\)](#), [Dardenne et al. \(2009\)](#)]
- Elena Ovreiu, Décembre 2012, [[Ovreiu et al. \(2012\)](#)]
- Razmig Kéchichian, Juillet 2013, [[Kéchichian et al. \(2011\)](#), [Kéchichian et al. \(2013\)](#)]
- Hector Jacinto, Septembre 2015, [[Jacinto et al. \(2012\)](#), [Jacinto et al. \(2018\)](#)]
- Rémi Agier, Octobre 2017, [[Agier et al. \(2016\)](#), [Agier et al. \(2018\)](#)]

1.4 Membre externe de jury de thèse

- Gonen Eren (IUT Le Creusot), Octobre 2010
- Clément Courbet (Ecole Centrale Paris), Janvier 2011
- Benoit Petitpas (Télécom ParisTech), Décembre 2011
- Leon Denis (Vrije Universiteit Brussel), Juin 2012
- Jérémy Espinas (Université Lyon 1), Octobre 2013
- Li Wang (Université de Grenoble), Janvier 2017
- Jonas El-Sayeh Khalil (Vrije Universiteit Brussel), Avril 2018

1.5 Organisation de conférence

J’ai participé à l’organisation de la conférence internationale “Eurographics Symposium on Geometry Processing SGP 2010”, en collaboration avec Raphaëlle Chaine et Pierre-Marie Gandoin.

Site de la conférence : <http://sgp2010.liris.cnrs.fr/>

1.6 Activités éditoriales

Comités de relecture :

- Eurographics 2012 et 2013 (short papers)
- CORESA 2010, 2012, 2013, 2016, 2017
- DGCI 2011, 2013
- TAIMA 2011

Relecteur pour les revues :

- ACM Transactions on Graphics (TOG)
- IEEE Transactions on Visualization and Computer graphics (TVCG)
- Computer Graphics Forum
- The Visual Computer
- Elsevier Computers & Graphics
- IEEE Transactions on Circuits and Systems for Video Technology (TCSVT)
- IEEE Computer Graphics and Applications.

Relecteur pour les conférences :

- Siggraph
- Siggraph Asia
- Eurographics

1.7 Responsabilités collectives

- Membre du Conseil d'Unité de CREATIS de 2011 à 2015
- Responsable du site Internet de CREATIS de 2009 à 2015

1.8 Publication de logiciels libres

- ACVD : programme de simplification et remaillage :
<http://www.creatis.insa-lyon.fr/~valette/acvd.html> (licence CeCILL-B)
- DESK : plate-forme de visualisation et segmentation d'images médicales par internet :
<http://www.creatis.insa-lyon.fr/~valette/desk.html> (licence CeCILL-B)
- EduAnat2 : Logiciel de visualisation d'images médicales pour l'enseignement :
<http://www.creatis.insa-lyon.fr/~valette/eduanat2.html> (CeCILL-B)
- Wavemesh : algorithme de compression et transmission progressive de maillages 3D :
<http://www.creatis.insa-lyon.fr/~valette/wavemesh.html> (licence GPL)

- With respect, Professor, we've tried that hundreds of times.
- It only has to work once, Murph.

Extrait du film *Interstellar* (C. Nolan, 2014)

Section 2

Introduction

Nous sommes en 2019, et les voitures ne volent pas encore. Mais certaines se conduisent toutes seules. L'augmentation exponentielle de la puissance de calcul des ordinateurs (la fameuse loi de Moore) et les progrès dans le domaine du traitement de l'information ont participé à l'émergence d'outils numériques capables d'aider, de remplacer ou même de supplanter un être humain pour certaines tâches. Ceci est aussi vrai dans les domaines de l'Infographie et de l'Imagerie Médicale.

La représentation numérique d'objets et de scènes 3D peut prendre plusieurs formes, et il n'existe aucune représentation qui répond à tous les besoins. Les contributions scientifiques synthétisées dans ce mémoire abordent 3 types de données :

- les maillages tridimensionnels, qui sont les modes de représentation 3D les plus courants. Ces maillages peuvent représenter la surface d'objets 3D (maillages surfaciques, le plus souvent à base de triangles), ainsi que l'intérieur des objets (maillages volumiques, souvent fait de tétraèdres ou d'hexaèdres)
- les images 3D (assemblage de voxels) issues des dispositifs d'acquisition médicales (Scanner X, IRM)
- les nuages de points, qui sont de plus en plus fréquents, avec l'essor des systèmes LIDAR.

Ce document présente les résultats principaux de mes travaux de recherche depuis l'obtention de mon doctorat, et se découpe en 3 chapitres qui reflètent l'évolution de ma recherche. La première partie aborde la compression de données 3D, qui a été ma porte d'entrée dans la recherche. Le deuxième chapitre présente nos contributions dans le domaine de la génération de maillages. Le troisième chapitre concerne la segmentation et le recalage d'images médicales 3D. Le dernier chapitre présente une synthèse des perspectives de recherche.

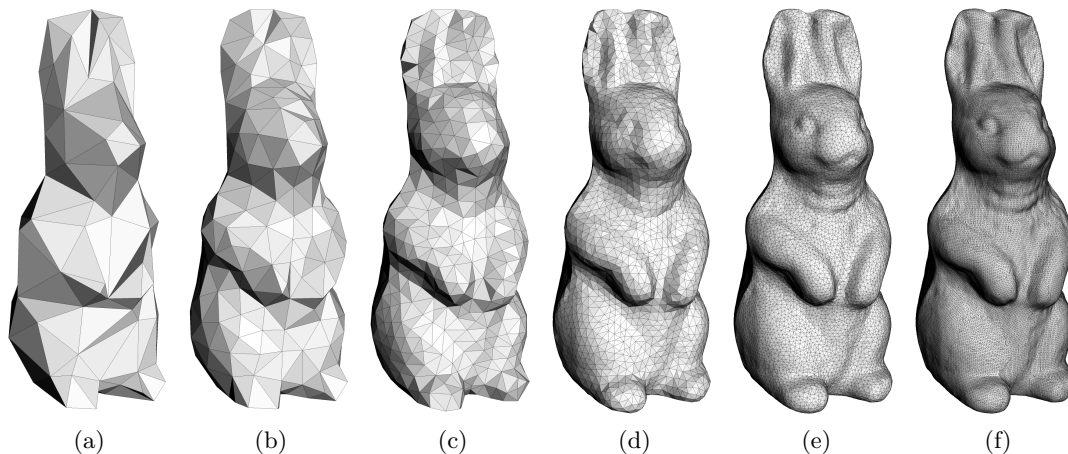


FIGURE 2.1 – Transmission progressive d’un modèle de lapin : (a) le maillage de base est raffiné de manière incrémentale, jusqu’au maillage original (f). (b), (c), (d) et (e) montrent quelques niveaux intermédiaires, qui sont uniformes avec des triangles de bonne qualité.

Compression de données 3D (Section 3)

Mes premiers travaux ont abordé la compression de données, qui a été ma motivation initiale pour travailler dans le monde de la recherche académique. Mes contributions ont principalement concerné la compression de maillages 3D, et plus particulièrement les approches multi-résolutions. Après mon doctorat, j’ai développé des approches dérivées de Wavemesh (méthode de compression progressive de maillages 3D) : progressivité en précision, compression de séquences de maillages.

Par la suite, la compression de données est devenue un domaine de mieux en mieux compris, occupant une place moins importante dans ma vie de chercheur. Néanmoins, j’ai pu prendre part à plusieurs contributions originales. Par exemple, le Raffinement Incrémental Paramétrique (IPR en anglais), qui est détaillé dans ce chapitre, est une nouvelle approche de compression progressive de maillages 3D, où la reconstruction progressive est principalement guidée par des critères géométriques, produisant des maillages intermédiaires de bonne qualité visuelle, comme illustré par la figure 2.1. Un critère de Delaunay local optimise la qualité des triangles, et une quantification adaptative permet d’affiner localement les coordonnées des sommets. Les comparaisons montrent que cette approche produit des taux de compressions compétitifs

Une autre contribution est la compression de nuages de points par analyse d’auto-similarité. Cet algorithme procède par analyse locale des nuages de points, pour en extraire l’auto-similarité, qui peut être exploitée globalement par un encodage parcimonieux. Des comparaisons avec l’état de l’art montrent que cet algorithme est compétitif, tout en ayant la particularité intéressante de réduire le bruit d’acquisition.

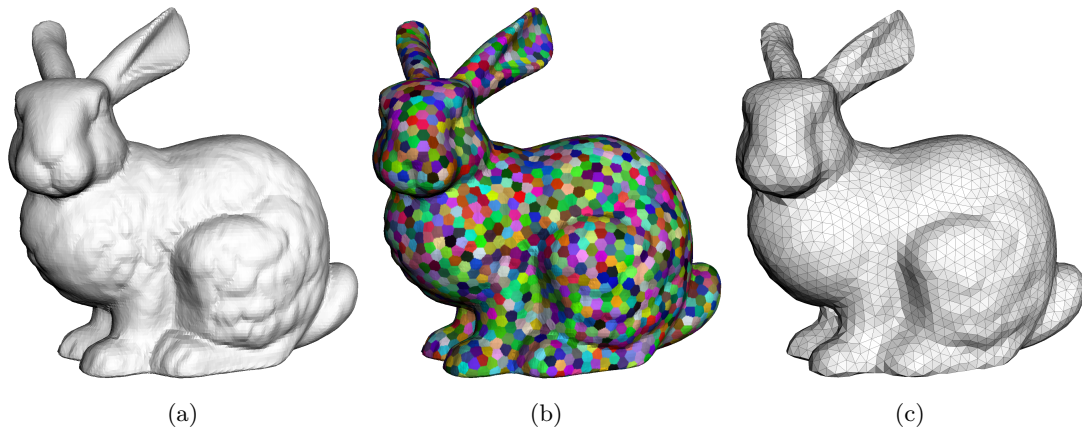


FIGURE 2.2 – Remaillage du lapin de Stanford : (a) modèle original (b) partitionnement (c) remaillage

Construction et optimisation de maillages (Section 4)

Un autre domaine de recherche étudié est celui de la construction de maillages. Une de mes motivations principales dans ce contexte a été la proposition d’algorithmes robustes et rapides, capables de s’adapter à une multitude de données en entrée.

Ainsi, une contribution importante a été la proposition d’une approche basée sur le partitionnement d’ensembles discrets. Ces ensembles peuvent être par exemple des ensembles de triangles (maillages), ou des ensembles de voxels (images 3D). Le partitionnement est plongé dans un cadre variationnel robuste. La minimisation d’une énergie rapproche le partitionnement d’un diagramme de Voronoï centroïdal. Cet algorithme est générique, et la définition de métriques adaptées permet de poursuivre plusieurs objectifs : maillage uniforme, adapté à la courbure, ou maillage anisotrope. De plus, une flexibilité supplémentaire sur le placement des sommets du nouveau maillage permet leur positionnement en fonction de termes non-linéaires, ce qui permet de proposer des stratégies de placement adaptées aux arêtes vives. La convergence de l’algorithme est garantie, et le résultat est un maillage dont la forme des triangles est conforme à la définition de la métrique. La figure 2.2 montre un exemple de remaillage du lapin de Stanford. Pour la version triangulaire, nous avons proposé une modification qui apporte des garanties topologiques au maillage construit. Plusieurs résultats illustrent l’efficacité et la robustesse de l’approche, tout en offrant des temps de calculs et une occupation mémoire réduite.

Ce cadre variationnel a été développé pour la construction de maillages surfaciques 3D triangulaires ainsi que volumiques tétraédriques.

L’algorithme de remaillage triangulaire a été nommé ACVD, et son code source a été rendu public sous licence CECILL-B.

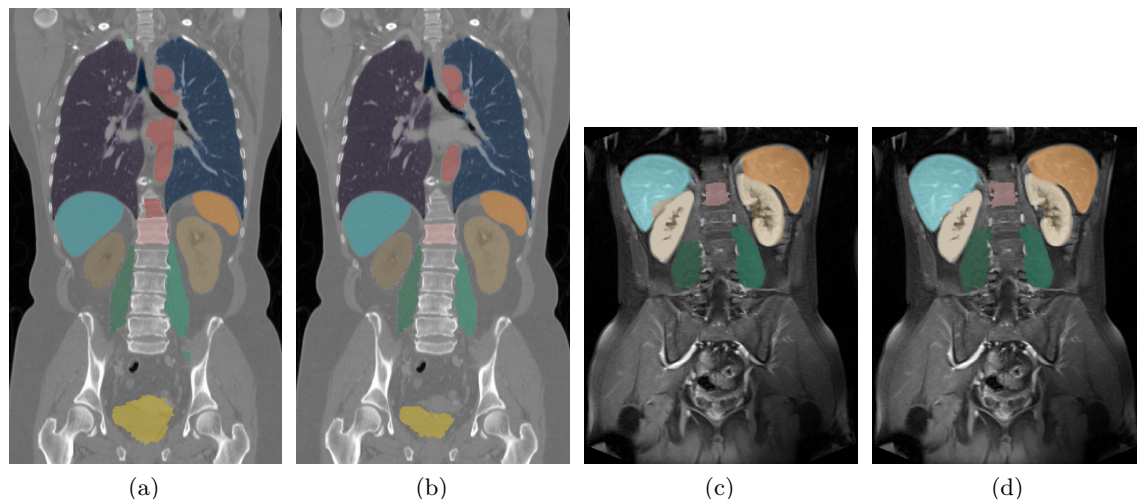


FIGURE 2.3 – Coupes 2D coronales de segmentations multi-organes sur deux images de la base VISCERAL. (a) Image 10000109_1_CTce_ThAb segmentée par notre algorithme et (b) segmentation de référence, (c) segmentation de l'image 10000331_4_MRT1cefs_Ab par notre algorithme et (d) segmentation de référence.

Analyse d'images médicales 3D (Section 5)

Étant membre d'un laboratoire d'imagerie médicale, j'ai pu côtoyer de nombreux médecins et comprendre leur problématique. Mes contributions au domaine médical, détaillées dans cette partie, concernent principalement le recalage d'images et la segmentation multi-organes.

Dans un premier temps, nous nous sommes intéressés à l'analyse d'images à grande échelle, pour pouvoir répondre au problème de l'analyse des données massives stockées dans les hôpitaux. La nature très hétérogène des images (modalités d'imagerie différentes, parties du corps imagées différentes, variabilité inter-individu importante) rend une analyse à grande échelle très difficile. Notre première contribution a été une approche de recalage rigide, capable de recalculer simultanément plusieurs centaines d'images en temps réduit. Cette approche permet la sélection d'images ou de régions d'images pour étudier une région anatomique donnée. Notre seconde contribution est un algorithme de recalage déformable de groupes d'images, capable de recalculer simultanément une centaine d'images de grande taille en un temps acceptable. Basés sur l'extraction de points clés, ces algorithmes sont rapides et proposent une occupation mémoire réduite.

Une deuxième problématique est la segmentation multi-organes d'images 3D. Dans ce contexte, nous avons proposé deux contributions principales. La première est un algorithme de segmentation semi-automatique, où un utilisateur place des germes dans l'image. Ces germes indiquent les structures que l'utilisateur souhaite extraire, et permettent de mesurer les statistiques des organes à extraire. Un partitionnement des voxels de l'image permet une accélération de l'algorithme, et une modélisation des voisinages entre les organes à segmenter apporte des contraintes sur la segmentation. La deuxième contribution est une approche

multi-atlas de segmentation multi-organes automatiques. Pour un individu donné, un atlas probabiliste est construit pour chaque organe, en recalant des images de références annotées sur l'image à segmenter. Le recalage permet aussi l'extraction de statistiques des organes à segmenter. La segmentation est effectuée par un algorithme de coupe de graphe, prenant en compte à la fois les statistiques des organes, les atlas probabilistes et un modèle d'adjacence des organes à segmenter. La figure 2.3 montre deux coupes coronales d'images segmentées. Ces deux approches ont été évalués qualitativement et quantitativement, notamment via la base de données VISCERAL qui contient des segmentations de référence.

Section 3

Compression de données 3D

3.1 Introduction

Avec les progrès technologiques des systèmes d'acquisition et d'affichage de données 3D, la taille que peuvent prendre ces données peut-être problématique dans certains cas : capacités restreintes (mémoire, disque) ou besoin de transfert sur le réseau. Les algorithmes de compression peuvent donc être primordiaux des ces cas.

La première forme de compression que l'on rencontre est la compression transparente, qui va simplement encoder le fichier original binaire en un autre flux binaire, sans connaissance a-priori sur son contenu comme le désormais très célèbre algorithme Lempel-Ziv-Welch utilisé dans les algorithmes de compression .zip [Welch (1984)]. Ce type de compression a l'avantage d'être applicable à n'importe quel type de donnée, s'adaptant automatiquement aux statistiques des symboles apparaissant dans le contenu à encoder. Mais d'autres schémas de compression plus performants peuvent être proposés, avec un a priori plus fort sur les données à encoder, donnant naissance à de nouveaux types de fichiers compressés, adaptés à leur contenu. Ainsi, les types de fichiers varient avec le contenu :

- Pour les images : PNG, JPG, encodant les images avec environ 1bit/pixel
- Pour les données sonores (musique, discours) : OGG, FLAC, MP3, encodant 1 minute audio avec 1Mo
- Pour les séquences vidéo : MPG, MP4, quelques Mo par minute de vidéo

Mais aucune approche de compression d'objets 3D n'a vraiment fait son essor. Néanmoins, le standard MPEG-4 propose des outils de compression 3D [Jovanova *et al.* (2008)], mais leur diffusion et utilisation est encore restreinte. Ce chapitre détaille nos contributions à la compression 3D. Mes principaux collaborateurs sur ce sujet ont été Jae-Won Cho, Raphaëlle Chainé, Julie Digne, et Rémy Prost. Ce Chapitre traite principalement de la compression de maillages 3D. Une contribution aborde la compression de nuages de points.

3.2 Etat de l'art

3.2.1 Compression de maillages surfaciques 3D

La représentation par maillage triangulaire 3D peut se décomposer en deux types d'information :

- la géométrie : un ensemble de coordonnées 3D des sommets du maillage
- la connectivité : une liste de sommets connectés.

D'autres attributs peuvent coexister avec ces informations : couleur, texture, etc, mais nous nous intéresserons dans cette partie uniquement à la géométrie et la connectivité. Un état de l'art détaillé est fait dans [Maglo *et al.* (2015)]

Compression mono-résolution

Les travaux de Tutte [Tutte (1962)] ont prouvé que la quantité d'information nécessaire pour encoder la connectivité d'un maillage triangulaire est bornée par l'entropie de tutte $E_{Tutte} = 3.245 \text{ bps}$ (bits par sommet). Les premiers travaux concrets de compression ont été effectués par Deering [Deering (1995)], où le maillage est encodé sous forme de bande de triangles. Les travaux de Touma et Gotsman [Touma and Gotsman (1998)], où une marche canonique sur le maillage permet l'encodage de la connectivité en stockant la valence des sommets rencontrés plus quelques rares *codes d'incident*. Il a été montré que cette approche est très proche de l'optimalité [Gotsman (2003)]. Par ailleurs, Rossignac [Rossignac (1999)] a été le premier à proposer une approche avec une borne supérieure sur son coût de codage : Edgebreaker, qui garanti l'encodage de la connectivité avec 2 bits par triangle. Finalement, Poulalhon and Schaeffer [Poulalhon and Schaeffer (2006)] ont proposé une approche basée sur la décomposition en arbre de Schneider, avec un coût de codage égal à l'entropie de Tutte.

Les algorithmes de compression mono-résolution combinent généralement une des approches citées précédemment pour encoder la connectivité du maillage, et utilisent la connectivité pour améliorer le codage de la géométrie. La méthode de prédiction de la géométrie la plus répandue est la *prédiction parallélogramme* [Touma and Gotsman (1998)]. Cette prédiction a récemment été améliorée par Courbet et al. en utilisant la prédiction spectrale [Courbet and Hudelot (2011)]. Les coordonnées des sommets sont généralement quantifiées sur 10 ou 12 bits par coordonnée ou encodées sans perte, comme proposé par Isenburg et al. [Isenburg *et al.* (2005)], et peuvent être utilisées pour prédire la connectivité [Lewiner *et al.* (2006)].

On pourra remarquer que pour l'encodage mono-résolution de la connectivité des maillages, l'optimalité est quasiment atteinte avec le codage par valence, et que les progrès sont de plus en plus difficiles, parfois très consommateurs de papier et de café [Isenburg and Snoeyink (2005)].

Compression progressive

Les algorithmes de compression progressive encodent une version très simplifiée du maillage original, le *maillage de base* et ajoutent de l'information à ce maillage, permettant la reconstruction progressive du maillage original par raffinement. Les premières approches ont principalement exploité le raffinement de la connectivité : Cohen-or et al. [Cohen-Or et al. (1999)] simplifient le maillage original en enlevant des séries de sommets, jusqu'à obtention du maillage de base. La reconstruction est garantie par un codage sur 4 couleurs. Taubin et al. [Taubin et al. (1998)] ont proposé une approche basée sur le raffinement d'arbres. L'approche basée sur la découpe de sommets proposée par Hoppe [Hoppe (1996)] a été utilisée dans [Pajarola and Rossignac (2000)] et [Karni et al. (2002)] pour encoder des découpes groupées de sommets.

Lorsque seule la *forme* de l'objet représenté par le maillage est importante, la connectivité du maillage peut être changée en une connectivité plus simple, une *connectivité structurée* dont le coût de codage est faible comparé à une connectivité irrégulière et qui convient très bien à la compression via des transformées. Les premières approches efficaces de compression de la géométrie ont été proposées par Khodakovsky et al. [Khodakovsky et al. (2000)] et Guskov et al. [Guskov et al. (2000)]. Payan et Antonini [Payan and Antonini (2005)] ont proposé une allocation de bits optimale dans ce contexte. Gu et al. [Gu et al. (2002)] ont proposé de remailler le maillage original en une connectivité complètement régulière, une *image de géométrie*. Ce travail a été amélioré par Peyré et Mallat [Peyré and Mallat (2005)] en considérant l'anisotropie locale de la forme à encoder. Une autre approche utilisant les transformées est l'approche spectrale introduite par Karni et Gotsman [Karni and Gotsman (2000)].

Quand la connectivité du maillage doit être conservée, les approches basées sur les transformées ne s'appliquent pas directement car les transformées se basent généralement sur un processus de subdivision régulière. Pour résoudre les problèmes de connectivité irrégulière, Alliez et Desbrun [Alliez and Desbrun (2001)] s'appliquent à inverser la subdivision $\sqrt{3}$ [Kobbelt (2000)] sur le maillage original, tandis que le codeur Wavemesh proposé par Valette et Prost [Valette and Prost (2004)b] essaie d'inverser une quadrisection de face. Pour ces deux approches, quand la subdivision régulière n'est pas applicable, des codes incidents doivent être rajoutés au flux binaire, générant ainsi un surcoût de codage. En conséquence, l'efficacité de ces approches dépend fortement de la régularité du maillage en entrée. Il faut remarquer que ces approches essaient de maintenir un maillage aussi régulier que possible durant la simplification, mais trouver la simplification optimale est encore un problème ouvert.

Enfin, les approches les plus récentes ne sont pas uniquement pilotées par un raffinement de connectivité, mais aussi par des critères géométriques sur le maillage. Gandoin et Devillers [Gandoin and Devillers (2002)] ont proposé d'encoder les coordonnées des sommets avec un Kd-arbre, encodant efficacement la connectivité à l'aide de découpes de sommets généralisées. Cette approche permet l'encodage de maillages à topologie complexe comme

des *soupes de polygones*. Peng et Kuo [Peng and Kuo (2005)] ont amélioré cette approche en remplaçant le Kd-arbre par un octree. Les raffinements des cellules sont effectués prioritairement dans les régions où la réduction de distorsion est la plus grande. Ces approches obtiennent de bons résultats pour la compression sans perte, mais elles sont basées sur des hiérarchies structurées qui introduisent un comportement anisotrope et des effets de blocs, ce qui réduit leur performance à faible débit (figure 3.2.(c)).

3.2.2 Compression de nuages de points

Les données 3D sous forme de nuages de points sont généralement représentées sous forme d'une liste de coordonnées 3D (les coordonnées de chaque point) qui peuvent être enrichies par d'autres informations telles que la normale au point ou la couleur du point.

Contrairement aux maillages 3D qui contiennent explicitement des éléments surfaciques (les polygones reliant les sommets du maillage), une surface devra généralement être représentée par un nombre relativement important de points.

Les approches de compression de nuages de points opèrent généralement une quantification des coordonnées de points par subdivision récursive de l'espace [Schnabel and Klein (2006), Gandoin and Devillers (2002), Huang *et al.* (2006), Smith *et al.* (2012)]. Ces approches consistent à placer les points dans une partition de l'espace (octree, kd-arbre), et de les remplacer par le centre de leur cellule. D'autres approches encodent la forme représentée par le nuage de points et reconstruisent un autre nuage de points au décodage. Kalaiah *et al.* [Kalaiah and Varshney (2005)] génèrent plusieurs niveaux de détail du nuage de point en analysant les composantes principales des points et en découpant le nuage de points selon l'axe correspondant à la plus grande variation. Les points finaux sont ensuite générés par échantillonnage Gaussien. Schnabel *et al.* [Schnabel *et al.* (2008)] segmentent le nuage de points en formes primitives. Chaque partie est ensuite encodée individuellement par quantification vectorielle. Enfin, une méthode de compression basée sur l'auto-similarité a été proposée dans [Hubo *et al.* (2008)].

3.3 Contributions

3.3.1 Wavemesh et ses dérivés

Durant ma thèse, j'ai proposé une approche de simplification réversible de maillages [Valette and Prost (2004)a], point important pour l'analyse multirésolution des maillages par décomposition sur une base d'ondelettes. Ces travaux étendent la méthode de Lounsbery *et al.* [Lounsbery *et al.* (1997)], qui ne peut s'appliquer que sur les maillages possédant une connectivité de subdivision. Ma contribution principale dans ce cadre est un processus de subdivision irrégulier, qui permet une analyse multirésolution réversible [Valette and Prost (2004)a] comme montré sur la figure 3.1. Ce cadre théorique, couplé à un encodage efficace, a débouché sur un algorithme de compression progressive : Wavemesh [Valette and Prost (2004)b].

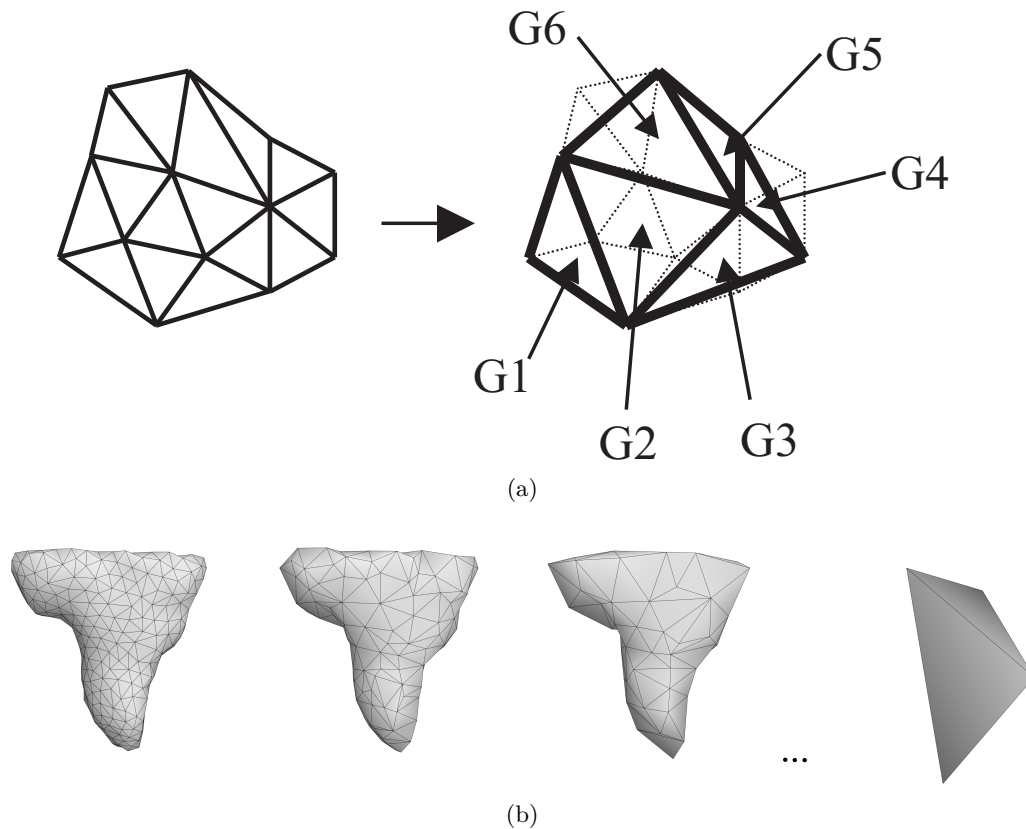


FIGURE 3.1 – (a) Notre approche [Valette and Prost (2004)a] fusionne les triangles du maillage original en groupes de 4, 3, 2 ou 1 triangle. Sur cet exemple, un maillage avec 15 triangles est simplifié en un maillage avec 6 triangles, correspondant chacun à un groupe de triangles fusionnés dans le maillage original. 1 groupe contient 4 triangles (G2), 2 groupes contiennent 3 triangles (G3, G6), 2 groupes contiennent 2 triangles (G1, G4), et un seul groupe contient un triangle (G5). (b) En utilisant le même processus de simplification réversible, le maillage original (gauche) est successivement simplifié jusqu’au maillage minimal : un tétraèdre.

Plusieurs extensions de ces travaux ont été proposées :

- Compression progressive en précision : Wavemesh effectue une compression en précision fixe, en quantifiant les coordonnées de sommets sur un nombre fixe de bits (autour de 12bits par coordonnée en général). Wavemesh raffine progressivement la connectivité, jusqu’à l’obtention de la plus haute résolution. Nous avons proposé dans [Valette *et al.* (2004)] un changement de progressivité : la connectivité du maillage est transmise intégralement au début de transmission, mais les coordonnées sont très fortement quantifiées au départ. L’augmentation de la précision s’effectue en raffinant progressivement les coordonnées des sommets jusqu’à la précision désirée.
- Compression de séquences de maillages : Nous avons proposé dans [Cho *et al.* (2010)] une extension de Wavemesh aux séquences animées de maillages 3D, combinant transformée en ondelettes et codage différentiel.

3.3.2 Compression progressive par Raffinement Paramétrique Incrémental

Résumé

Dans [Valette *et al.* (2009)], nous avons proposé de redéfinir le problème de la compression progressive des maillages sous la forme d'un problème de génération incrémentale de maillage. Au cours de la transmission, de nouveaux sommets sont ajoutées successivement, selon un ordre respectant des contraintes d'amélioration de l'uniformité du maillage et de la qualité d'approximation. De plus, pour rendre la compression encore plus efficace, les coordonnées des sommets sont fortement quantifiées au début de transmission, et raffinées en cours de transmission. Cette nouvelle approche présente certains avantages :

- granularité atomique : en partant du maillage de base, les nouveaux sommets sont insérés un par un jusqu'à reconstruction complète du maillage original.
- les maillages intermédiaires présentent une distribution uniforme des sommets.
- les triangles des maillages intermédiaires ont de bons rapports de forme, car les maillages satisfont un *critère de Delaunay local*.

La Figure 3.2 montre une comparaison entre notre approche, le *Raffinement Paramétrique Incrémental (IPR)* (a), Wavemesh [Valette and Prost (2004)b] (b) et la compression par octree [Peng and Kuo (2005)]. A 1 bit par sommet original, IPR produit un maillage visuellement fidèle (Distance de Hausdorff = 0.3% de la boîte englobante) avec des triangles de bonne qualité (forme proche du triangle équilatéral), tandis que la reconstruction avec Wavemesh montre des triangles étirés et une erreur d'approximation plus importante (Distance de Hausdorff = 0.6% de la boîte englobante). A 1 bit/sommet original, la compression par octree génère un maillage avec la moins bonne qualité visuelle et une erreur d'approximation encore plus importante (Distance de Hausdorff = 0.8%).

Deux remarques importantes peuvent être tirées de cette figure :

- Le processus de simplification de Wavemesh ne prend en compte que la connectivité du maillage, sans considération géométrique, ce qui explique les triangles étirés. Une approche plus efficace devrait prendre en compte la géométrie du maillage en plus de sa connectivité.
- A des faibles débits, la compression par octree a tendance à encoder beaucoup de sommets avec une précision faible, ce qui engendre des effets de bloc. Une approche plus efficace utiliserait moins de sommets, mais encodés avec une précision plus importante.

Ainsi, nous proposons une nouvelle approche basée sur des algorithmes de génération de maillage. Le problème de la génération de maillages a été largement étudié ces dernières années [Botsch *et al.* (2010)]. Nous utilisons un schéma de raffinement guidé par une approche de maillage de Delaunay, qui produit des triangulations uniformes à bas débit, car la plupart de la connectivité est fixée par l'algorithme de reconstruction, pour un coût

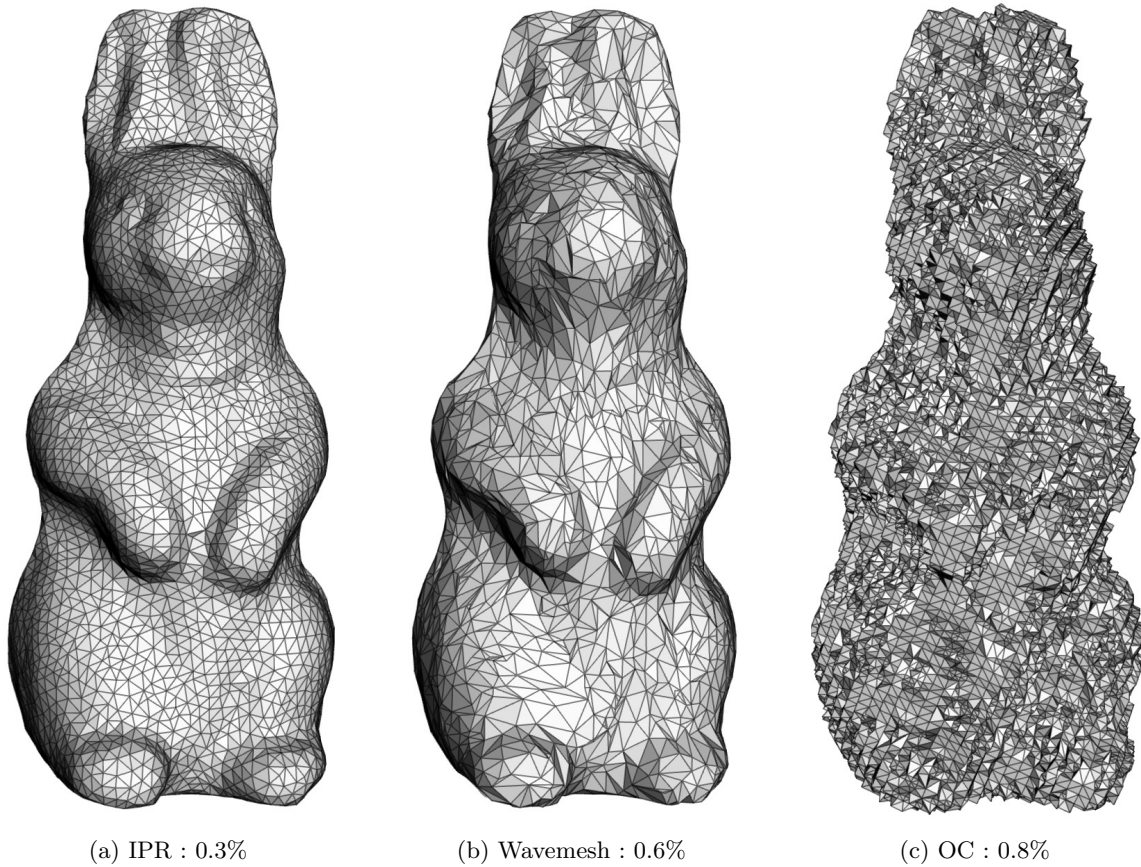


FIGURE 3.2 – Un modèle de lapin compressé à 1bit/sommet original, avec IPR [Valette *et al.* (2009)] (a), Wavemesh [Valette and Prost (2004)b] (à 1.42 bits/sommet original) (b) et compression par octree (c) [Peng and Kuo (2005)]. Les pourcentages représentent l’erreur d’approximation en termes de distance de Hausdorff, en pourcentage de la diagonale englobante de l’objet.

de codage quasi-nul. Une approche alternative a été proposée par Chainé et al. [Chainé *et al.* (2007)] pour prédire la connectivité du maillage, mais cette approche est limitée à l’encodage de la connectivité, considérant que les coordonnées de sommets doivent être connues.

Notre approche encode simultanément les coordonnées des sommets et la connectivité du maillage et évite l’utilisation d’une structure de donnée volumique (kd-tree, octree). Par la suite, nous noterons le maillage d’entrée \mathcal{M} et n son nombre de sommets. Nous considérerons que le maillage reconstruit final aura la même connectivité que le maillage d’entrée et que chaque coordonnée de sommet est quantifiée sur N_q bits. L’encodage débute par la transmission d’un *maillage de base* \mathcal{M}_b où b est son nombre de sommets ($b \ll n$). L’ensemble des sommets de \mathcal{M}_b est un sous ensemble des sommets de \mathcal{M} , et leur coordonnées sont quantifiées sur N_b bits ($N_b < N_q$). Ensuite, \mathcal{M}_b est raffiné incrémentalement en insérant les sommets manquants afin de reconstruire une séquence de maillages $\mathcal{M}_b, \mathcal{M}_{b+1}, \mathcal{M}_{b+2}, \dots, \mathcal{M}_{n-2}, \mathcal{M}_{n-1}, \mathcal{M}_n$.

En fin de transmission, lorsque tous les sommets ont été ajoutés, il reste à assurer que le maillage reconstruit possède la même connectivité que le maillage original. Ceci est fait en basculant certaines arêtes de \mathcal{M}_n jusqu'à ce que sa connectivité soit identique à celle de \mathcal{M} .

Notre approche est basée sur les considérations suivantes :

- Une approche de type *fin à grossier* pour l'encodage de la connectivité n'est pas optimale, car seule la connectivité finale doit être identique à la connectivité originale. Par ailleurs, une approche *grossier à fin* peut améliorer la compression de la connectivité à bas débit, car quand le maillage \mathcal{M}_i possède relativement peu de sommets ($i \ll n$), chaque opération de raffinement devrait créer un nouveau sommet (sans nécessiter de codes d'incidents), à l'instar des schémas de subdivision uniforme.
- Comme proposé dans [Peng and Kuo (2005)], l'efficacité de la compression progressive peut être améliorée avec un ordonnancement pertinent des sites de raffinement.
- Pour chaque niveau de résolution \mathcal{M}_i où $b \leq i \leq n$, il faut fournir un compromis efficace entre le niveau de quantification des coordonnées de sommets et le nombre de sommets du maillage, comme expliqué par King et Rossignac [King and Rossignac (1999)]. En conséquence, si les sommets finaux sont encodés sur N_q bits, nous pouvons encoder les sommets des niveaux de résolution inférieure sur un nombre de bits moins important. Les bits de poids les plus faibles sont transmis plus tard dans la séquence de raffinement, comme effectué par le codeur SPIHT [Said and Pearlman (1996)].

Nous proposons un algorithme de Raffinement Paramétrique Incrémental (IPR), qui offre un bon compromis entre la quantification des sommets et l'encodage des raffinements de connectivité à chaque niveau de résolution \mathcal{M}_i , prenant en compte deux critères indépendants :

- Une estimation du nombre de bits nécessaires pour représenter les coordonnées du maillage. Ce nombre est calculé par IPR et augmente avec les raffinements, jusqu'à ce que la pleine précision soit atteinte.
- Une prédiction des sites de raffinement. A chaque niveau de résolution i , l'algorithme peut prédire quelle région est un bon candidat au raffinement i.e. quelle est la région où l'augmentation de la densité d'échantillonnage diminuera le plus fortement l'erreur.

Mise en oeuvre

Pour chaque niveau de résolution, IPR choisit efficacement la région à raffiner et transmet les coordonnées du sommet sélectionné pour le raffinement, en utilisant un codage différentiel. Nous exploitons le simple fait qu'un moyen de réduire l'erreur est de raffiner les régions où la densité d'échantillonnage est la plus faible. De plus, selon des critères de densité locale d'échantillonnage et de précision géométrique, il est possible d'encoder plus d'informations pour raffiner spécifiquement les coordonnées d'un sommet.

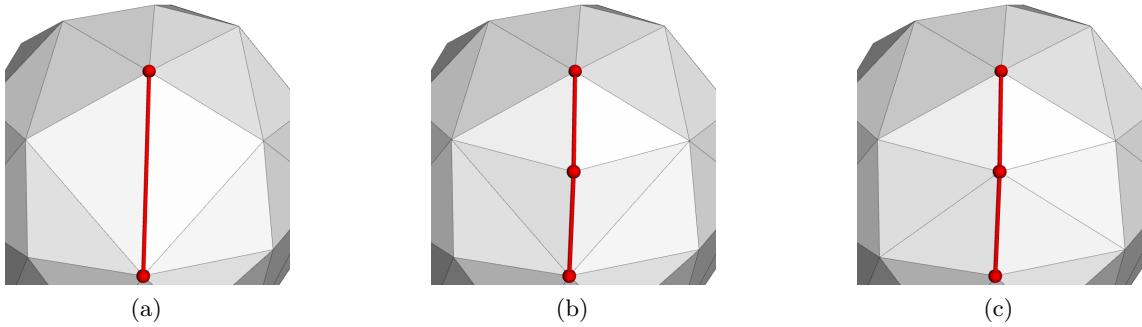


FIGURE 3.3 – Schéma de raffinement proposé dans IPR [Valette *et al.* (2009)] : (a) une arête e (en rouge) est choisie pour le raffinement. (b) L’arête est découpée en deux, ce qui ajoute au maillage un nouveau sommet et deux nouveaux triangles. (c) La triangulation résultante est modifiée pour satisfaire la propriété de Delaunay locale, à l’aide de bascules d’arêtes. Dans cet exemple, deux arêtes ont été basculées.

Une nouvelle méthode de raffinement surfacique Nous proposons une approche de raffinement incrémentale qui génère des triangulations uniformes à l’aide de simples opérations élémentaires. Chaque opération consiste en une découpe d’arête suivie par une étape de restauration de la propriété de Delaunay locale (exemple sur la figure 3.3). A un niveau de résolution donné i , nous découpons l’arête e la plus longue dans \mathcal{M}_i , pour augmenter la densité d’échantillonnage (figure 3.3.(b)) tout en préservant l’uniformité de l’échantillonnage. Cette opération nécessite l’insertion d’un nouveau sommet v_i dans la triangulation. Il est inutile de transmettre la position de e , car elle peut être déduite par le codeur et le décodeur. Du côté de l’encodeur, v_i est choisi parmi les sommets de \mathcal{M} afin de diminuer au maximum l’erreur d’approximation. Ensuite, après chaque insertion de sommet, la qualité de la triangulation est améliorée, à l’aide d’un critère de Delaunay local, proposé par Dyer *et al.* [Dyer *et al.* (2007)]. Ceci consiste à effectuer des vérifications locales : pour chaque arête modifiée e , nous mesurons le critère de Delaunay local $D_e = \alpha + \beta - \pi$, où α et β sont les valeurs des angles opposée à e . Une valeur positive pour D_e signifie que e n’est pas localement une arête de Delaunay et doit donc être basculée. De plus, basculer une arête peut aussi changer le critère de Delaunay des arêtes voisines, ce qui doit être pris en compte lors de la vérification. La convergence de cet algorithme est garantie [Dyer *et al.* (2007)]. Au final, le coût d’une opération de raffinement est réduit à la localisation de l’arête à découper et les informations géométriques nécessaires à la création du nouveau sommet. La connectivité évolue automatiquement, sans coût supplémentaire.

Notre algorithme de raffinement prend en compte les propriétés géométriques du maillage en cours de reconstruction, et présente l’avantage que les opérations et critères employés ici restent locaux et calculables sur la variété représentée par le maillage. Ceci nous affranchit donc de structurer l’espace ambiant, contrairement aux approches de raffinement volumique [Gandoin and Devillers (2002), Peng and Kuo (2005)], d’où le nom *Raffinement Incrémental Paramétrique*. Une vidéo démonstrative est visible ici : <http://www.youtube.com/watch?v=KSLfE0moxDc>

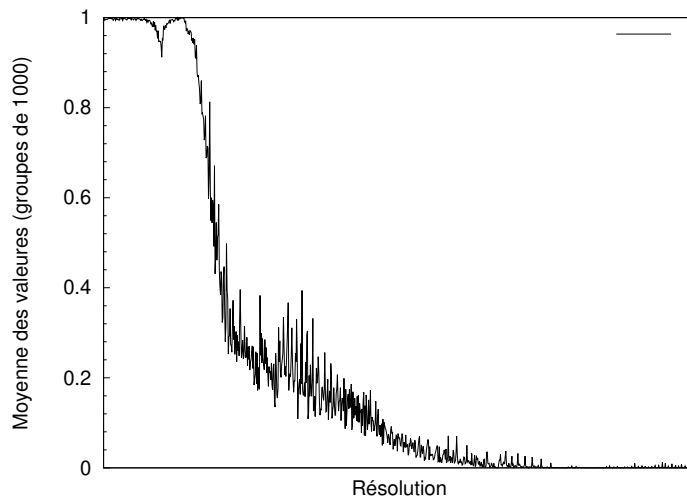


FIGURE 3.4 – Valeurs des codes de découpage durant la compression du modèle *Fertility* : la moyenne glissante est proche de 1 au début de transmission et diminue progressivement lorsque la résolution augmente.

Prédiction des découpes d’arêtes Le schéma proposé peut encoder efficacement la connectivité du maillage. Le verrou ici est de décider à chaque niveau de résolution i si l’arête la plus longue e doit être découpée ou non par le décodeur. Cela implique une association entre les sommets du maillage original et les arêtes du maillage reconstruit. Chaque arête e_j de \mathcal{M}_i sera associée avec un ensemble \mathcal{V}_j de sommets dans \mathcal{M} non présents dans \mathcal{M}_i mais qui sont candidats à l’insertion lors de la découpe de e_j dans \mathcal{M}_i . Comme la résolution augmente, l’ensemble \mathcal{V}_j contient de moins en moins de sommets. Lorsque l’ensemble est vide, la découpe de l’arête est interdite. Il faut noter que l’ensemble de candidats \mathcal{V}_j pour e_j peut être vide à un niveau de résolution donné, mais peut redevenir non vide suite à des bascules d’arêtes.

Pour chaque arête e sélectionnée, nous devons transmettre 1 bit (1 pour oui, 0 pour non), pour que le décodeur sache si e doit être découpée ou non. Par la suite, nous appellerons ces informations des codes de découpage. Si l’arête choisie n’est pas découpée, le même test est effectué sur l’arête la plus longue suivante dans la file d’attente, jusqu’à ce qu’une arête à découper soit rencontrée. Après chaque découpage, le niveau de résolution est incrémenté. À basse résolution, les codes de découpage valent le plus souvent 1, et valent le plus souvent 0 à des niveaux de résolution élevée. La figure 3.4 montre les valeurs moyennes des codes de découpage, par ordre d’apparition, calculés sur des groupes de 1000 valeurs successives pour la compression du modèle *Fertility*. Nous pouvons donc améliorer l’efficacité de codage de notre approche en utilisant un codeur avec un intervalle de rafraîchissement des statistiques relativement court. Pour nos expériences, nous avons réglé cet intervalle à 15. Par exemple, pendant la compression de *Fertility*, 987141 codes de découpage sont nécessaires. L’entropie de ce flux est 0.89 bits par code de découpage, mais le codage adaptatif réduit le coût de codage à 0.36 bits par code de découpage. Ceci se traduit par un coût de codage relatif de 1.45 bits par sommet.

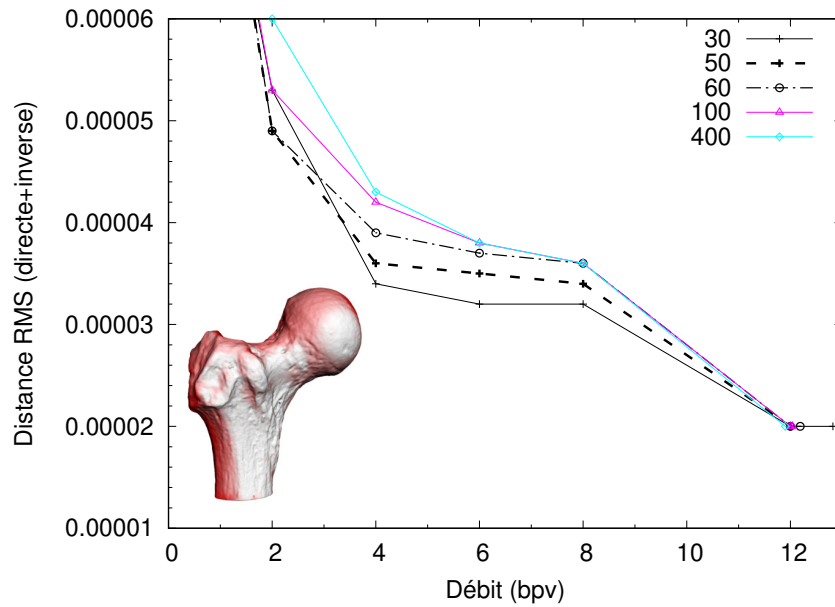


FIGURE 3.5 – Courbes débit-distorsion pour *balljoint*, pour différentes valeurs de q_t

Compromis quantification/connectivité La quantification des coordonnées des sommets joue un rôle décisif pour une compression efficace. En effet, il est bien connu que les informations géométriques sont bien plus volumineuses que les informations de connectivité. Comme expliqué précédemment, les approches guidées par la connectivité, comme Wavemesh encodent et transmettent généralement les coordonnées des sommets avec une quantification constante sur le maillage, tandis que des approches plus récentes, comme la compression octree, raffinent les coordonnées des sommets quand la résolution augmente. Mais de telles approches ne fournissent pas encore le meilleur compromis entre le nombre de sommets dans le maillage et le niveau de quantification des coordonnées. Ceci est clairement visible sur la figure 3.2.(c) : à 1 bit par sommet, la compression par octree produit un maillage avec 12959 sommets, mais la quantification des coordonnées est trop grossière pour fournir une bonne approximation du modèle original. Notre approche, figure 3.2.(a) reconstruit un maillage plus fidèle avec seulement 4833 sommets, et avec une quantification des coordonnées des sommets plus fine. A ce niveau de résolution, 78% des coordonnées des sommets sont encodées sur 11 bits, le reste étant codé sur 12 bits. Plus généralement, chaque sommet v_i possède son propre niveau de quantification Q_i avec $0 < Q_i < Q_m$ où Q_m est le niveau de quantification final (12 bits en général). Les coordonnées quantifiées \tilde{v}_i d'un sommet donné sont calculées ainsi :

$$\tilde{v}_i = \lfloor 2^{Q_i - Q_m} v_i \rfloor \quad (3.1)$$

Nous proposons de commencer par transmettre les coordonnées des sommets du maillage de base avec peu de bits ($N_b = 4$ sans nos expériences), et laisser IPR décider si le niveau de quantification Q_i est suffisant ou non pour un sommet v_i donné. Ceci est effectué en

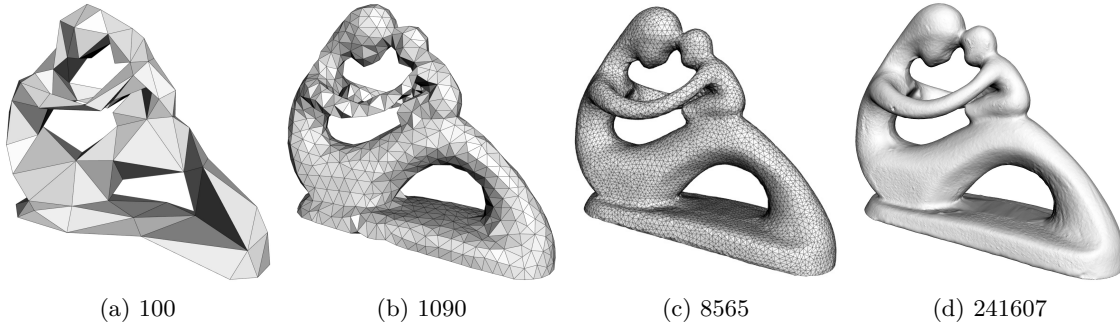


FIGURE 3.6 – Transmission progressive du modèle *Fertility* avec IPR [Valette *et al.* (2009)] (nombre de sommets entre parenthèses). On peut remarquer l'échantillonnage uniforme et la qualité des triangles des maillages intermédiaires. (b), (c) et (d).

mesurant la distance quadratique D_i entre v_i et son voisin le plus proche v_j :

$$D_i = \|\tilde{v}_i - \tilde{v}_j\|^2 \quad (3.2)$$

Chaque fois que D_i est inférieur à un seuil q_t , 1 bit de précision est rajouté (si la précision finale n'a pas été atteinte). Ceci résulte dans la transmission d'un bit de raffinement pour chaque coordonnée de v_i . Quant un nouveau sommet est inséré dans \mathcal{M}_i par le découpage d'une arête e , son niveau de quantification est défini comme la moyenne des niveaux de quantification des sommets de e , et seule la différence entre le milieu de e et les coordonnées de v_i est transmise, ce qui réduit l'entropie des données à transmettre (c'est le principe du codage différentiel DPCM). Les *coordonnées différence* résultantes sont codées avec un codeur arithmétique. Quand un nouveau sommet est inséré dans le maillage, le critère de quantification peut ne pas être satisfait et dans ce cas, les coordonnées des sommets voisins seront raffinées. Une fois que tous les sommets ont été insérés i.e. quand \mathcal{M}_n est reconstruit, nous raffinons les coordonnées des sommets qui n'ont pas atteint la précision finale voulue.

La figure 3.5 montre les performances débit-distorsion obtenues lors de la compression du modèle *balljoint*, pour plusieurs valeurs de q_t . Ce paramètre apporte un gain de performance allant jusqu'à 20% à moyenne résolution, mais augmente par ailleurs le coût de compression sans perte. Pour nos expériences, nous avons réglé $q_t = 600$, ce qui offre toujours une précision croissante avec un surcoût de codage non significatif pour l'encodage sans perte. Sur la figure 3.6.(b), la reconstruction du modèle *Fertility* à 0.1 bit/s contient 1000 sommets. 54% des coordonnées sont encodées sur 10 bits, 43% sur 11 bits, et 2% avec une plus grande précision. L'erreur Quadratique Moyenne (EQM) résultante vaut 1.96 alors qu'une quantification constante (quand $N_b = Q_m = 12$) produit une erreur égale à 3.45 pour le même débit. Pour le modèle *Rabbit* à 1 bit/s, la quantification adaptative produit une erreur égale à 4.4 alors que l'erreur avec quantification constante vaut 5.

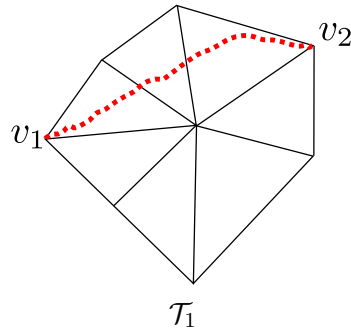


FIGURE 3.7 – Calcul de la distance de bascule d’une arête : ici $d_{\mathcal{T}_1}(v_1, v_2) = 2$, car le plus court chemin reliant v_1 à v_2 (en marchant sur les triangles) traverse deux arêtes.

Restauration de la connectivité originale Une fois le maillage haute résolution \mathcal{M}_n reconstruit, nous devons modifier sa connectivité \mathcal{T}_n pour qu’elle soit identique à la connectivité de \mathcal{M} , notée \mathcal{T} . Trouver une séquence finie de bascules d’arêtes pour changer une triangulation de genre 0 en une autre triangulation de genre 0 a été résolu par Wagner [Wagner (1936)] pour les triangulations non indexées et par Gao et al. [Gao et al. (2001)] pour les triangulations indexées (notre cas). Mais trouver la séquence la plus courte est encore un problème ouvert. Les solutions proposées par Wagner et Gao et al. utilisent une triangulation canonique comme triangulation pivot dans le chemin entre \mathcal{T}_n et \mathcal{T} et nécessitent donc un nombre de bascules important. Nous proposons une heuristique alternative prenant en compte le fait que dans notre cas, \mathcal{T}_n et \mathcal{T} sont des triangulations très similaires. Nous définissons une mesure asymétrique de la similarité S entre deux triangulations \mathcal{T}_1 et \mathcal{T}_2 ainsi :

$$S(\mathcal{T}_1 \rightarrow \mathcal{T}_2) = \sum_{e_i \in \mathcal{E}_2} d_{\mathcal{T}_1}(e_{i,1}, e_{i,2}) \quad (3.3)$$

où \mathcal{E}_2 est l’ensemble des arêtes de \mathcal{T}_2 . $e_{i,1}$ et $e_{i,2}$ sont les sommets de l’arête e_i . $d_{\mathcal{T}_1}(e_{i,1}, e_{i,2})$ est la distance de bascule entre $e_{i,1}$ et $e_{i,2}$ dans \mathcal{T}_1 i.e. le nombre de bascules d’arêtes nécessaires pour changer \mathcal{T}_1 en une triangulation où e_i existe. Nous estimons ce nombre avec un algorithme similaire au calcul de plus court chemin de Dijkstra, où le chemin ne passe plus par les arêtes du maillage mais les traverse en marchant sur le graphe dual. La distance de bascule est le nombre d’arêtes traversées, qui devront toutes être basculées pour créer e_i , comme montré dans la figure 3.7. Ensuite, nous effectuons des bascules d’arêtes dans \mathcal{T}_n avec l’objectif de diminuer $S(\mathcal{T}_n \rightarrow \mathcal{T})$. Ceci équivaut à diminuer les distances de bascule des arêtes de \mathcal{T} en basculant les arêtes de \mathcal{T}_n . La figure 3.8 montre un exemple simple de restauration de la connectivité originale.

Pour chaque arête de \mathcal{M}_n , l’algorithme transmet un seul bit informant si l’arête doit être basculée ou non. Du côté du codeur, cette décision est basée sur l’effet de cette bascule sur $S(\mathcal{T}_n \rightarrow \mathcal{T})$. si cette valeur diminue, l’arête e_i est basculée (code 1). Si cette valeur augmente, e_i n’est pas basculée (code 0). Si la valeur ne change pas, le codeur effectue un test supplémentaire : il calcule la valeur de $d_{\mathcal{T}}(e_{i,1}, e_{i,2}) - d_{\mathcal{T}}(e'_{i,1}, e'_{i,2})$ où e'_i est l’arête créée

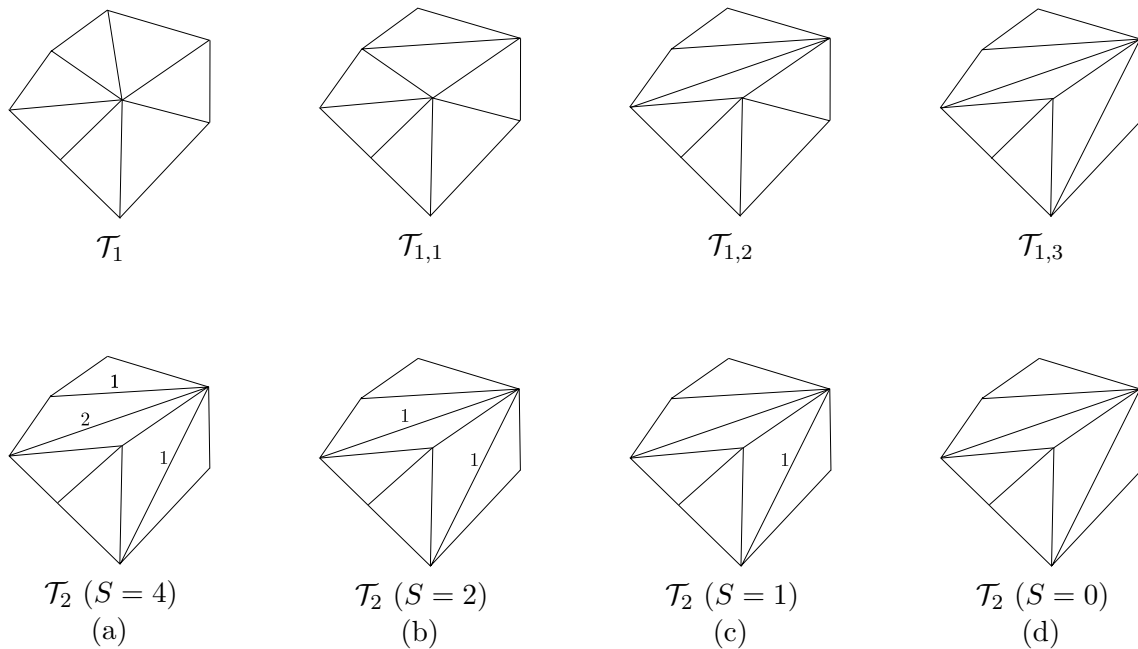


FIGURE 3.8 – Reconstruction de la connectivité originale par bascules d’arêtes. (a) les triangulations \mathcal{T}_1 (haut) et \mathcal{T}_2 (bas) sont construites sur le même ensemble de sommets, mais possèdent une connectivité différente. Nous mesurons la distance de bascule pour chaque arête de \mathcal{T}_2 . Il y a seulement trois arêtes dans \mathcal{T}_2 avec une distance de bascule non nulle, et $S(\mathcal{T}_1 \rightarrow \mathcal{T}_2) = 4$. Ensuite, nous basculons trois arêtes dans \mathcal{T}_1 (b)(c)(d) pour changer \mathcal{T}_1 en $\mathcal{T}_{1,3} = \mathcal{T}_2$ ($S(\mathcal{T}_1 \rightarrow \mathcal{T}_2) = 0$)

en basculant e_i i.e. il vérifie que basculer e_i fait diminuer sa distance de bascule (mesurée cette fois en marchant sur \mathcal{T}). Si la distance de bascule diminue, e_i est basculée. Pour des raisons pratiques, nous ne calculons en fait pas toutes les distances de bascule sur le maillage lors du calcul de $S(\mathcal{T}_n \rightarrow \mathcal{T})$, mais seulement les distances de bascule des arêtes incidentes aux quatre sommets impliqués lors de la bascule.

Une fois que toutes les arêtes ont été visitées, le codeur vérifie que les deux maillages sont identiques en vérifiant que $S(\mathcal{T}_1 \rightarrow \mathcal{T}_2) = 0$. Si les triangulations sont identiques, le codeur émet un 1. Sinon, un 0 est émis et le décodeur devra répéter la boucle sur les arêtes. Cette procédure est répétée tant que les connectivités sont différentes. Durant nos tests, le nombre de boucles sur les arêtes était compris entre 2 et 5. Par exemple, pour le modèle *Fertility*, 3 boucles ont été nécessaires pour reconstruire la connectivité originale, avec un coût de codage relatif de 2.82 bps avec un codage arithmétique. La figure 3.8 montre la séquence complète de bascules nécessaires pour changer \mathcal{T}_1 en \mathcal{T}_2 . La partie basse de la figure montre les distances de bascule sur \mathcal{T}_2 au cours de la transformation, et donne la valeur de $S = S(\mathcal{T}_1 \rightarrow \mathcal{T}_2)$.

Malheureusement, la convergence de cet algorithme n’est pas garantie. Nous avons effectivement observé des non-convergences lorsque le choix de l’ordre d’insertion des sommets est clairement mauvais, résultant dans un maillage avec des inversions de normales et une connectivité dégénérée. Ainsi, il est important de maintenir les maillages \mathcal{M}_i aussi

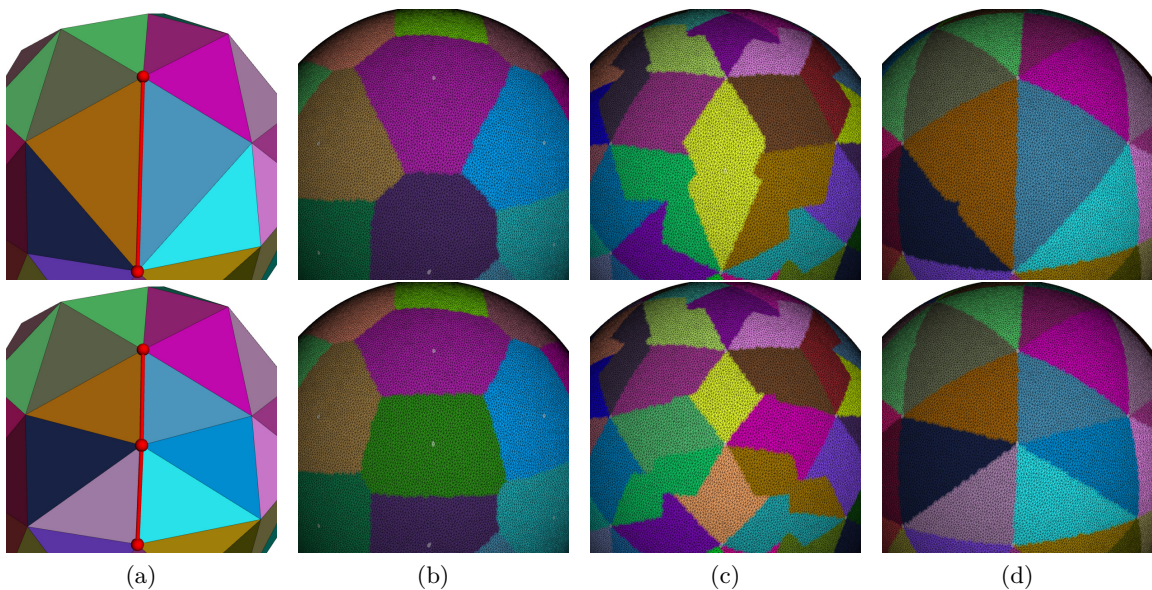


FIGURE 3.9 – Mise en correspondance entre le maillage original \mathcal{M} et le maillage reconstruit \mathcal{M}_i . En haut : avant bissection de l’arête. En bas : après insertion. (a) le maillage reconstruit \mathcal{M}_i , avec les triangles colorés. (b) Diagramme de Voronoï géodésique sur \mathcal{M} , avec les sommets de \mathcal{M}_i comme sites de Voronoï. (c) Carte de correspondance entre les sommets de \mathcal{M} et les arêtes de \mathcal{M}_i . (d) Carte de correspondance entre les sommets de \mathcal{M} et les triangles de \mathcal{M}_i .

proches que possibles du maillage original \mathcal{M} au cours de la sélection des sommets à transmettre et à éviter les dérives de connectivité qui peuvent être introduits lors de l’insertion des sommets.

Choix du bon ordre d’insertion des sommets Pour chaque niveau de résolution i , le nouveau sommet à insérer dans \mathcal{M}_i est choisi par le codeur, avec le but de diminuer l’erreur d’approximation au maximum. Ceci nécessite une mise en correspondance entre \mathcal{M} et \mathcal{M}_i , comme proposé par MAPS [Lee *et al.* (1998)] ou l’approche proposée par Schreiner *et al.* [Schreiner *et al.* (2004)]. Cependant, les bascules d’arêtes effectuées lors de la reconstruction progressive de \mathcal{M}_i empêchent l’utilisation de telles approches de manière efficace. En première approximation, nous proposons une approche rapide pour calculer la liste des points candidats quand une arête e_i doit être découpée. Nous utilisons dans une première étape un diagramme de Voronoï géodésique sur \mathcal{M} , avec les sommets de \mathcal{M}_i comme sites de Voronoï. Ceci fournit une correspondance satisfaisante entre les sommets de \mathcal{M} et les sommets de \mathcal{M}_i à chaque niveau de résolution i (figure 3.9.(b)).

Chaque région de Voronoï V_j est donc un ensemble de sommets de \mathcal{M} associés à un sommet v_j de \mathcal{M}_i . Ensuite, nous associons chaque sommet v_k dans une région V_j à l’arête e incidente à v_j atteignant la valeur maximale du critère suivant :

$$C(e) = \frac{\vec{e}}{\|\vec{e}\|} \bullet \overrightarrow{v_j v_k} \quad (3.4)$$

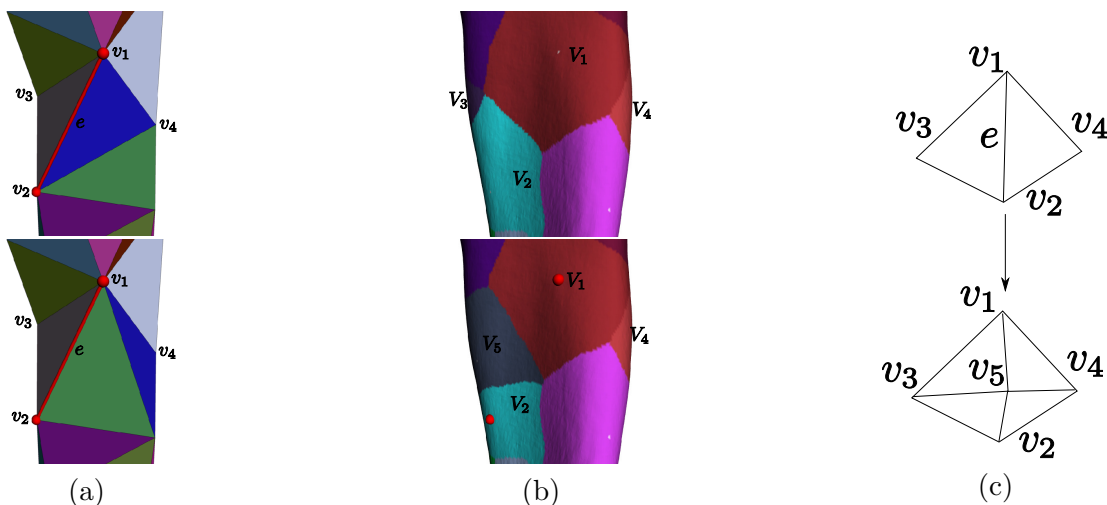


FIGURE 3.10 – La connectivité du maillage reconstruit \mathcal{M}_i ((a), haut) est différente de la connectivité du diagramme de Voronoï géodésique sur \mathcal{M} ((b), haut, une région pour chaque sommet de \mathcal{M}_i). Nous essayons de garder cette différence faible. Dans le cas présenté, l’arête e est l’arête qui doit être découpée. Mais l’arête v_2v_4 est basculée avant le découpage de e , car la région de Voronoï V_4 n’est ni adjacente à V_2 ni à V_5 (qui résulte de l’insertion du sommet v_5). Cette bascule réduit la différence entre la connectivité de \mathcal{M}_i ((a), bas) et le graphe d’adjacence du diagramme de Voronoï géodésique lorsque v_5 est inséré((b), bottom). (c) le masque de découpe d’arête

i.e. nous associons v_k à l’arête la plus proche. La correspondance résultante est visible figure 3.9.(c). Quand un sommet v_k a été associé à l’arête e , il peut être associé à un des deux triangles incidents à e en fonction de sa position par rapport au plan bissecteur de l’angle entre les deux triangles. Le résultat est visible figure 3.9.(d). Finalement, la liste des sommets candidats pour la découpe de e est l’union des sommets dans \mathcal{M} associés avec les deux triangles incidents à e . Cet ensemble est plus grand que l’ensemble des sommets associés à l’arête e , ce qui offre plus de flexibilité à l’algorithme quant au choix du sommet à insérer. Si cet ensemble est vide, l’arête n’est pas découpée. Si l’ensemble n’est pas vide, nous choisissons le sommet le plus proche de la position optimale, calculée à l’aide de la Métrique d’Erreur Quadratique (QEM) proposée par Garland et Heckbert. [Garland and Heckbert (1997)].

Cet algorithme fournit une bonne sélection pour les objets convexes, mais son efficacité diminue quand la différence entre le maillage original \mathcal{M} et le maillage de base augmente i.e. quand l’inter-paramétrisation entre \mathcal{M} et \mathcal{M}_b est fortement distordue. Un exemple typique est une protubérance ou une région concave mal représentée par le maillage de base. Plus précisément, le choix par l’encodeur des nouveaux sommets à insérer dans le maillage reconstruit \mathcal{M}_i dépend principalement du diagramme de Voronoï construit sur \mathcal{M} . Cependant, le graphe d’adjacence des régions de Voronoï et la connectivité de \mathcal{M}_i diffèrent parfois, et cela peut résulter un mauvais choix du sommet à insérer.

Réparer les dérives de connectivité Avec l’augmentation de la résolution, la différence de connectivité entre \mathcal{M} et \mathcal{M}_i peut aussi augmenter, ce qui peut engendrer des inversions de normales dans la surface reconstruite, et un maillage dont la connectivité est très différente de la connectivité originale, ce qui réduit l’efficacité de notre approche.

Pour corriger ces dérives de connectivité potentielles, nous effectuons des comparaisons entre la connectivité de \mathcal{M}_i et la connectivité du diagramme de Voronoï correspondant.

Considérons que l’arête e doit être découpée, v_1 et v_2 étant ses sommets incidents, v_3 et v_4 ses sommets opposés, comme montré sur la figure 3.10.(c). Le sommet choisi pour insertion est v_5 , et provoque la création d’une nouvelle région de Voronoï V_5 . Nous basculons une arête entre un sommet parent (v_1 ou v_2) et un sommet opposé (v_3 ou v_4) quand la région de Voronoï opposée (V_3 ou V_4) n’est connectée à aucune des régions V_5 , V_1 ou V_2 . Un exemple est montré figure 3.10. Cette opération doit être aussi effectuée par le décodeur et représente un coût de codage supplémentaire. Durant nos tests, ce surcoût n’a jamais dépassé 0.2 bps. Il faut aussi remarquer que l’utilisation d’un algorithme de choix d’insertion de sommets plus robuste devrait rendre inutiles ces informations supplémentaires.

Construction et encodage du maillage de base La génération du maillage de base \mathcal{M}_b à partir du maillage original \mathcal{M} est effectuée par contraction d’arêtes successives avec un algorithme inspiré par Garland et Heckbert [Garland and Heckbert (1997)], où des contractions d’arêtes sont ordonnées en fonction de la dégradation géométrique qu’elles provoquent. Le nombre de sommets du maillage de base b est choisi arbitrairement, avec l’objectif de construire un maillage de base suffisamment proche du maillage original. Nous encodons les coordonnées des sommets du maillage de base avec une précision fixe de 4 bits par sommet, et sont automatiquement raffinées à l’aide du critère défini en section 3.3.2. La connectivité est encodée explicitement, mais pourrait être encodée plus efficacement en utilisant un codage par valence [Touma and Gotsman (1998)].

Résultats expérimentaux

Dans cette section, nous comparons notre approche avec Wavemesh [Valette and Prost (2004)b], l’approche d’Alliez & Desbrun [Alliez and Desbrun (2001)], la compression par octree [Peng and Kuo (2005)] et le codeur mono-résolution de Touma & Gotsman [Touma and Gotsman (1998)].

Le tableau 3.1 montre des mesures de temps d’encodage et de décodage pour notre approche sur un ordinateur possédant 4 coeurs fonctionnant à 2.66GHz. Nous avons décomposé l’étape de compression en trois parties : initialisation et construction du maillage de base (I), raffinement du maillage (II) et bascules d’arêtes finales (III). On peut remarquer le caractère asymétrique de l’algorithme, où la décompression est beaucoup plus rapide que la compression. En termes d’occupation mémoire, notre implantation occupe 282Mo pour la compression du modèle *fertility* et 119Mo pour sa décompression.

Modèle	nombre de sommets	Compression				Décompression
		I	II	III	total	total
Fandisk	6475	0,1	0,4	0,3	0,8	0,2
Horse	19851	0,7	1,4	1,7	3,8	0,5
Torus	36450	0,8	3,1	1,2	5,1	1,1
Rabbit	67039	2	7	5	14	2
Fertility	241607	8	25	27	60	9

TABLE 3.1 – Mesures de temps de compression et décompression (en secondes), la compression est décomposée en trois parties : construction du maillage de base (I), raffinement de maillage (II) et bascules d’arêtes finales (III)

Approche	Fandisk (6475s, 10bits/c)			Horse (19851s, 12bits/c)			Torus (36450s, 12bits/c)		
	C	G	Total	C	G	Total	C	G	Total
IPR [Valette <i>et al.</i> (2009)]	2,4	10	12,4	3,0	15,2	18,2	2,6	11,0	13,6
OC [Peng and Kuo (2005)]	2,6	10,7	13,3	2,9	13,7	16,6	2,9	8,9	11,8
Wavemesh [Valette and Prost (2004)b]	2,6	10,9	13,5	3,9	16,9	19,8	0,5	5,8	6,3
AD [Alliez and Desbrun (2001)]	5	12,4	17,4	4,6	16,2	20,8	0,4		
TG [Touma and Gotsman (1998)]	1	9,3	10,3	2,3	15,2	17,5	0,004	4,6	4,6

Approche	Rabbit (67039s, 12bits/c)			Fertility (241607s, 12bits/c)		
	C	G	Total	C	G	Total
IPR [Valette <i>et al.</i> (2009)]	2,0	11,6	13,6	4,6	9,3	13,9
OC [Peng and Kuo (2005)]	3,4	11,4	14,8	2,7	10	12,7
Wavemesh [Valette and Prost (2004)b]	3,3	12,3	15,6	3,3	11,4	14,7
TG [Touma and Gotsman (1998)]	1,7	10,7	12,4	1,8	11,7	13,5

TABLE 3.2 – Comparaison des performances de compression sans pertes. Les valeurs affichées sont en bits/sommet

Le tableau 3.2 compare les performances de compression sans perte pour plusieurs modèles de référence. Toutes les coordonnées des modèles ont été quantifiées sur 12 bits, sauf pour le modèle *fandisk* (10 bits). Il faut aussi remarquer que les approches utilisent parfois des protocoles de quantification différents. Ceci se traduit par des différences entre les coordonnées des sommets décompressés, selon les approches. La précision de cette comparaison n’est donc pas optimale, mais suffisante pour montrer les différences entre les approches. La figure 3.11 montre les courbes débit-distorsion obtenues lors de la transmission progressive du modèle *Fertility* (gauche), *horse* (centre) et *rabbit* (droite), où la distorsion est mesurée en termes de distance EQM (avant + arrière) mesurée avec METRO [Cignoni *et al.* (1998)]. Comme Wavemesh fournit un nombre limité de niveaux de résolutions, sa courbe est représentée en marches d’escaliers. Pour les modèle *rabbit* et *Fertility*, qui sont géométriquement simples, notre approche dépasse à la fois Wavemesh et le codeur octree. Pour le modèle *rabbit*, nous fournissons aussi une courbe générée en utilisant une quantification constante ($N_b = Q_m = 12$). On peut remarquer que la quantification adaptative est bénéfique pour des débits inférieurs à 2bits/s. Les résultats sur le modèle *horse* montrent que notre approche est toujours performante à bas débit, mais est graduellement dépassée par le codeur octree avec l’augmentation du débit.

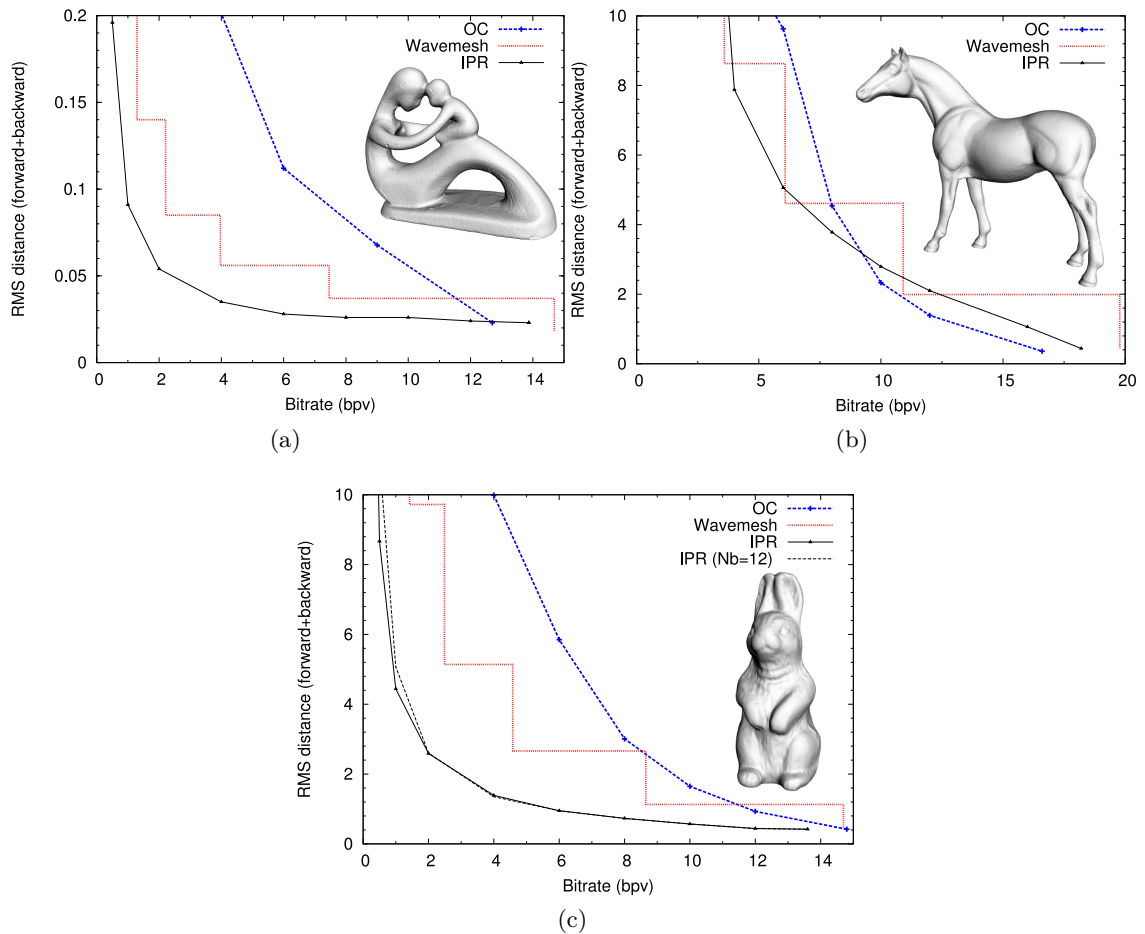


FIGURE 3.11 – Comparaison des performances de transmission progressive de plusieurs modèles : *fertility* (a), *horse* (b) et *rabbit* (c).

Discussion

IPR offre des taux de compression très compétitifs, des maillages intermédiaires avec de bonnes propriétés d'échantillonnage. Cependant, notre approche possède certains défauts :

- L'ordre d'insertion des nouveaux sommets dans le maillage n'est pas optimal, et peut parfois avoir des conséquences très négatives sur le taux de compression (les dérives de connectivité).
- L'étape finale de bascules d'arêtes n'a pas de garantie de convergence, et nous avons observé des cas pathologiques. Transformer une triangulation arbitraire en une autre triangulation arbitraire via des bascules d'arêtes est encore un problème ouvert [Espinassé *et al.* (2013)].
- IPR opère encore à topologie constante, et l'utilisation d'opérateurs de raffinement opérant sur la topologie [Gandoin and Devillers (2002)] offrirait une plus grande flexibilité de cette approche.

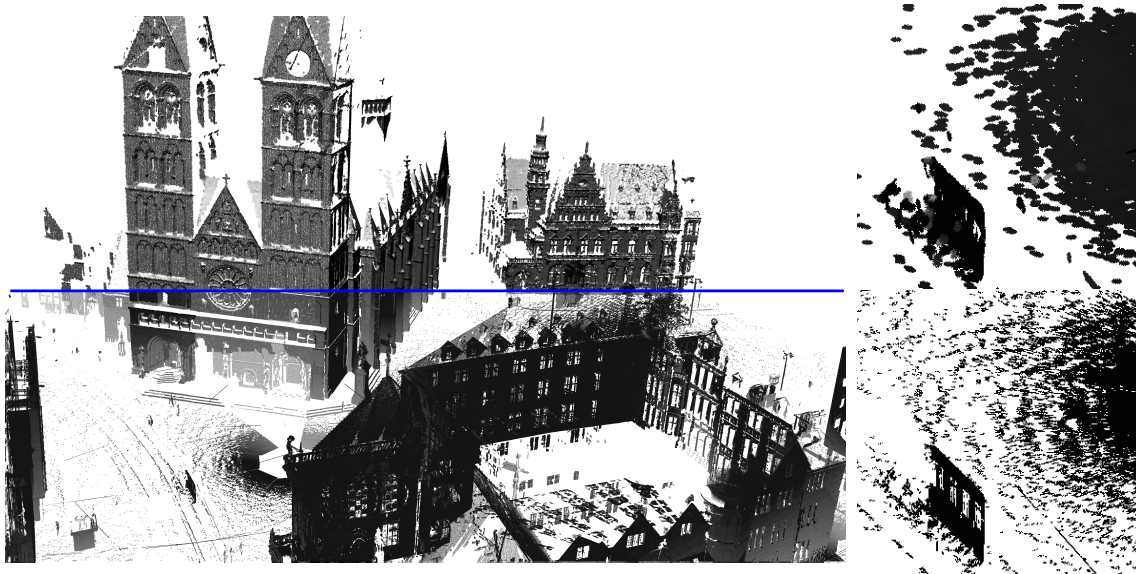


FIGURE 3.12 – Gauche : nuage de points de la ville de Brême original (bas) et sa version décompressée (haut). Droite : zooms sur une petite partie, original (bas) et décompressé (haut). On peut remarquer des effets de dilatation lorsque l'échantillonnage est localement trop peu dense.

3.3.3 Compression par auto-similarité

J'ai contribué aux travaux publiés dans [Digne *et al.* (2014)], apportant une contribution à la compression de nuages de points. La principale innovation est ici une analyse de l'auto-similarité intrinsèque à chaque nuage de points. Pour ce faire, l'algorithme proposé va représenter le nuage de points avec un ensemble de motifs locaux (similaires à des champs de hauteurs). Ensuite, nous exploitons l'auto-similarité des motifs pour les représenter efficacement avec un dictionnaire spécifique, construit avec une contrainte de parcimonie grâce à l'algorithme K-SVD [Aharon *et al.* (2006)]. La figure 3.12 montre une partie d'un nuage de points de la ville de Brême, original et compressé avec 0,76 bits/point. Sur cet exemple, l'échantillonnage n'est pas uniforme. Par exemple, les murs des bâtiments sont bien représentés, le sol est globalement peu échantillonné. On peut observer un effet de dilatation de certaines régions faiblement échantillonnées, et sur les bords des objets. Ce problème est principalement dû à l'utilisation de champs de hauteurs comme éléments de base pour la représentation. Nous avons proposé récemment dans [Digne *et al.* (2018)] une approche de représentation des nuages de points plus robuste aux variations de topologie intrinsèque. Cette approche pourrait offrir des solutions à ces limitations, et plus de flexibilité sur la nature des nuages de points à compresser. Une difficulté à surmonter est que cette nouvelle représentation utilise des champs de vecteurs au lieu de champs de hauteur, ce qui triplera le nombre de coefficients à encoder.

3.4 Perspectives, derniers verrous

Au cours des 20 dernières années, le domaine de la compression de données 3D a été très étudié et il est de nos jours un domaine bien couvert et compris. Cependant, certains verrous théoriques persistent encore :

- Conserver l'ordre des points et triangles : une des particularités des données 3D non structurées (maillages, nuages de points) est l'introduction d'un ordre de définition qui peut être arbitraire, contrairement aux signaux structurés (sons, images, volumes de voxels). Mais la quasi-totalité des algorithmes de compression d'objets 3D ne conservent pas cet ordre. Ainsi, les méthodes qualifiées de 'sans perte' ne le sont pas complètement, et modifient généralement l'ordre des éléments compressés. Cette modification n'est pas gênante si seule la forme de l'objet est importante. En revanche, si d'autres données extérieures accompagnent l'objet 3D (attributs de couleur, coordonnées de textures), la modification de cet ordre peut être problématique.
- Compression en mémoire : les maillages 3D possèdent la particularité d'un coût de stockage non linéaire par rapport au nombre d'éléments qu'ils contiennent. Il semble donc intéressant de fournir des structures de compression en mémoire, qui permettraient un accès aux données maillées avec une complexité similaire aux structures de données classiques (par exemple demi-arêtes), mais avec une occupation mémoire très réduite.
- Compression/recompression en temps interactif : La compression de données est souvent considérée comme un processus 'hors ligne', sans contrainte sur le temps de compression. Mais l'émergence d'applications interactives accessibles en ligne telles que DESK [[Jacinto et al. \(2012\)](#)] illustre le besoin croissant d'algorithmes de compression rapide. De plus, proposer une méthode de compression interactive capable de modifier les maillages comprimés est un problème encore très ouvert.

Des travaux récents ont contribué significativement aux deux premiers points, notamment [[Aleari et al. \(2008\)](#), [Gurung et al. \(2011\)](#), [Luffel et al. \(2014\)](#)]. Mais l'algorithme qui comprime les données 3D rapidement, avec possibilité de modification du maillage, reste à inventer.

Section 4

Construction et optimisation de maillages

4.1 Introduction

La génération de maillage est devenue un problème algorithmique très important, avec le développement rapide de nouvelles applications utilisant les trois dimensions (imagerie médicale, impression 3D, ...). Par exemple, la précision de scanners 3D a été améliorée, et il est très courant de rencontrer des modèles numériques possédant plusieurs dizaines de millions de sommets. En conséquence, un ré-échantillonnage de ces acquisitions est généralement utilisé pour faciliter le stockage, la transmission ou la visualisation. De plus, le facteur de forme des triangles est primordial pour les simulations par éléments finis. Dans cette section, nous proposons une approche adaptative de simplification de maillages. L'extension de cette approche permet aussi le remaillage, si l'utilisateur final a besoin d'un maillage avec un nombre arbitraire de sommets. La complexité de notre approche est faible, permettant le traitement de maillages possédant plusieurs millions de sommets. Cette partie reprend principalement les travaux présentés dans [Valette and Chassery (2004), Valette *et al.* (2008), Dardenne *et al.* (2008), Dardenne *et al.* (2009)], réalisés en collaboration avec Michel Audette, Jean-Marc Chassery, Julien Dardenne, Rémy Prost et Nicolas Siauve.

4.2 Etat de l'art

Simplifier un maillage consiste à ré-échantillonner la surface originale avec un nombre de sommets inférieur à celui de départ. Cet axe de recherche a bien été exploré ces dernières années. Un bon état de l'art est effectué dans [Botsch *et al.* (2010)]. Dans [Cohen-Steiner *et al.* (2004)] et [Valette and Chassery (2004)], les sommets du maillage en entrée sont agrégés et un nouveau maillage est créé. Ces approches sont efficaces quand le nombre de sommets du nouveau maillage est bien inférieur au nombre de sommets du maillage original. L'approche proposée par Cohen-Steiner *et al.* [Cohen-Steiner *et al.* (2004)] cherche

à obtenir une bonne approximation, tandis-que l’approche de Valette et Chassery [Valette and Chassery (2004)] génère des maillages uniformes. Dans [Boier-Martin *et al.* (2004)], une approche similaire d’agrégation est utilisée pour générer des domaines de base sur des maillages polygonaux. Ces domaines de base sont ensuite combinés avec des méthodes de paramétrisation pour générer des maillages quadrangulaires. Finalement, lorsque le maillage est trop complexe (trop grand nombre d’éléments) pour tenir dans la mémoire de l’ordinateur, des approches *hors-coeur* ont été proposées [Lindstrom (2000), Schaefer and Warren (2003), Isenburg *et al.* (2003), Wu and Kobbelt (2003)].

Les approches de *remaillage* génèrent le plus souvent un maillage avec le nombre désiré de sommets, ou une erreur d’approximation fixée, avec une approche mono-résolution. Certaines approches calculent une paramétrisation du maillage [Alliez *et al.* (2002), Alliez *et al.* (2003)b, Alliez *et al.* (2003)a, Gu *et al.* (2002)]. Ces méthodes produisent des résultats de bonne qualité mais sont limitées en pratique par l’étape de paramétrisation, lourde en calcul et sujette aux instabilités numériques. Pour s’affranchir de ces limitations, des algorithmes exploitant des approches explicites et des paramétrisations locales [Surazhsky *et al.* (2003), Surazhsky and Gotsman (2003)] ont été proposées. D’autres techniques [Lötjönen *et al.* (1998), Turk (1992)] distribuent les points directement sur la surface originale pour générer une triangulation qui pourra être ultérieurement optimisée.

Dans [Peyré and Cohen (2003)] et [Sifri *et al.* (2003)] les auteurs proposent un remaillage utilisant des mesures de distance géodésiques à la place de la distance euclidienne.

4.3 Contributions

Nous proposons ici une extension de la méthode proposée dans [Valette and Chassery (2004)]. Notre algorithme est basé sur le partitionnement du maillage original dans un cadre variationnel, pour distribuer efficacement le budget de sommets sur le maillage, en fonction de critères définis par l’utilisateur. Cette distribution peut être uniforme, adaptative, et peut présenter un caractère anisotrope. Plusieurs points remarquables sont à noter :

- le partitionnement est piloté par une énergie définie sur un domaine discret. La minimisation est améliorée par une généralisation de la notion de *Diagramme de Voronoï*, dans l’esprit des définitions de *Diagrammes de Voronoï Contraints* [Du *et al.* (2003)]. Cette généralisation permet de définir des stratégies arbitraires de placement des sommets, ce qui permet d’obtenir de bonnes approximations sans post-traitement. Ainsi, la suppression de l’étape de post-traitement permet de conserver la qualité des triangles en sortie. Par exemple, la figure 4.1 compare les résultats obtenus sur le modèle *fandisk* avec plusieurs algorithmes. Clairement, la qualité des triangles obtenus avec [Valette *et al.* (2008)] est bien préservée. Aussi, cette approche élimine le besoin d’échantillonner séparément les arêtes vives, car les sommets générés seront alignés naturellement sur ces arêtes.
- Le partitionnement est piloté par une métrique définie par l’utilisateur, permettant

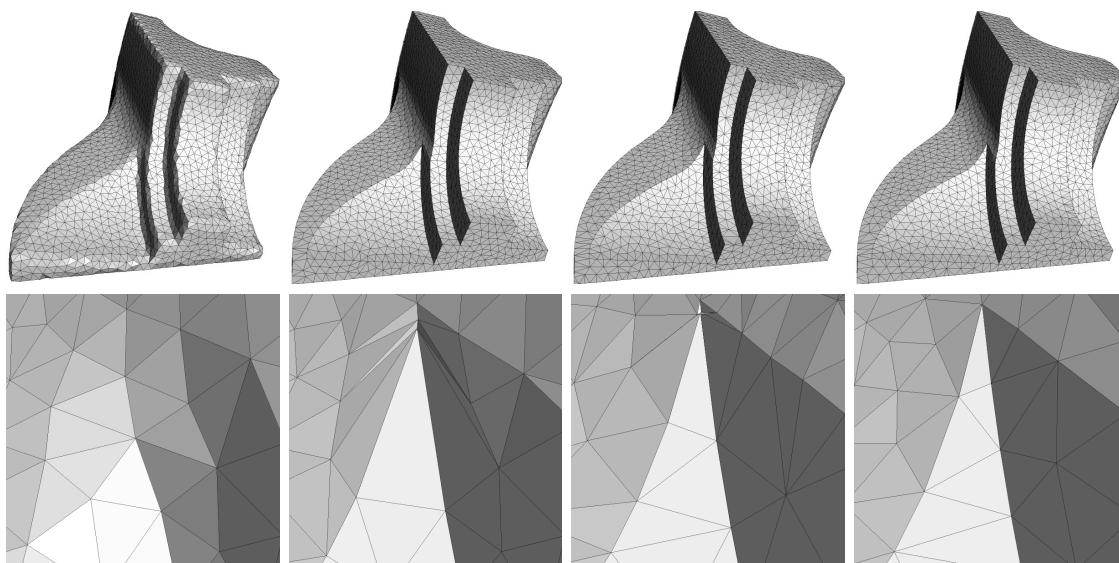


FIGURE 4.1 – Remaillage du modèle *fandisk* avec 3000 sommets. haut : résultat. Bas : vue rapprochée. L’approche proposée dans [Valette and Chassery (2004)] construit un maillage avec des critères linéaires (chaque sommet est le barycentre de sa partition correspondante). Les triangles résultants ont des bons rapports de forme, mais les arêtes vives ont été perdues (gauche). Un post-traitement remplace certains sommets sur les arêtes. Le maillage résultant (centre gauche) est fidèle au maillage original, mais le bon rapport d’aspect des triangles est perdu (voir vue rapprochée). Une approche basée sur la relaxation de Lloyd offre des résultats similaires (centre droit). Avec l’approche proposée dans [Valette et al. (2008)] (droite), l’approximation et les rapports d’aspects sont bons tous les deux en incorporant un critère d’approximation à l’intérieur du critère de minimisation.

aussi bien la génération d’éléments isotropes qu’anisotropes. Ainsi notre méthode offre des possibilités d’échantillonnage uniforme et/ou d’approximation efficace, en fonction de la métrique choisie.

La figure 4.2 montre des résultats avec plusieurs métriques sur le modèle *hand* : Le modèle de gauche a été construit avec une métrique isotrope, et présente des triangles avec un bon rapport d’aspect. Le modèle du centre a été obtenu avec une métrique anisotrope. Mais le post-traitement utilisé pour améliorer la qualité de l’approximation du maillage initial a produit des artefacts, et le maillage résultant n’est pas satisfaisant. Le modèle de droite a été obtenu avec une métrique anisotrope et une stratégie de placement de sommet non-linéaire, et présente des éléments anisotropes ainsi qu’une bonne qualité d’approximation.

- Nous proposons une minimisation rapide du terme d’énergie par relaxation, diminuant drastiquement les temps de calcul.

4.4 Diagrammes de Voronoï

Soit Ω un espace de \mathbb{R}^a , et n sites (ou germes) différents $z_i, i=0,1,\dots,n-1$, le *Diagramme de Voronoï* (ou *Tesselation de Voronoï*) est un ensemble de n cellules (ou régions) distinctes

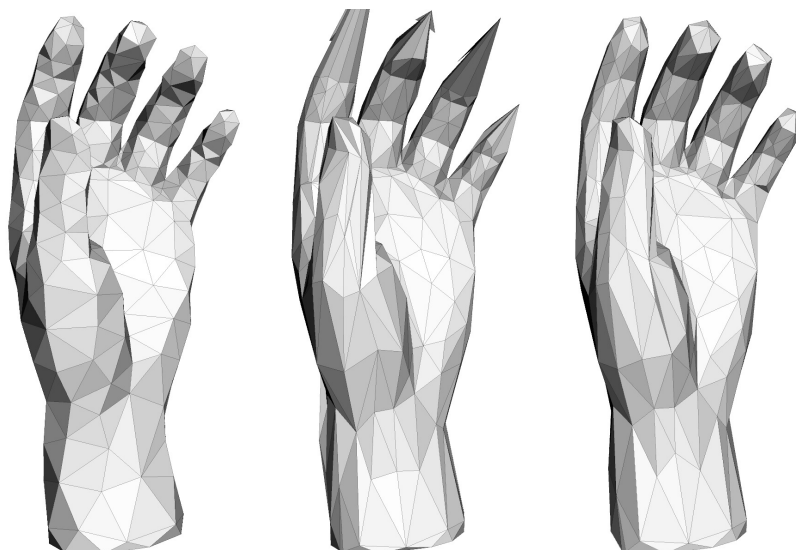


FIGURE 4.2 – Simplification du modèle *hand*. Gauche : métrique isotrope. Centre : métrique anisotrope + post-traitement. Droite : métrique anisotrope avec stratégie de placement non linéaire.

C_i telles que :

$$C_i = \{w \in \Omega \mid d(w, z_i) < d(w, z_j), j = 1, 2, \dots, n, j \neq i\} \quad (4.1)$$

où d est une mesure de distance. Ces diagrammes sont très connus dans la littérature [Aurenhammer (1991)]. Le dual d'un Diagramme de Voronoï est une *Triangulation de Delaunay*, qui possède la propriété qu'en 2D, le cercle circonscrit à chaque triangle ne contient aucun autre germe.

Un *Diagramme de Voronoï Centroïdal* est un Diagramme de Voronoï où chaque germe z_i est aussi le barycentre de sa Région de Voronoï [Du et al. (1999)] :

$$z_i = \frac{\int_{C_i} x \cdot \rho(x) dx}{\int_{C_i} \rho(x) dx} \quad (4.2)$$

où $\rho(x)$ est une fonction de densité. Par ailleurs, les germes des Diagrammes de Voronoï Centroïdaux (CVD) minimisent le terme d'énergie suivant :

$$E = \sum_{i=1}^n \int_{C_i} \rho(x) \|x - z_i\|^2 dx \quad (4.3)$$

La construction d'un CVD peut se faire avec des algorithmes comme la méthode des k-moyennes ou la relaxation de Lloyd [Lloyd (1982)]. L'utilité d'une telle construction a été démontrée pour de nombreuses applications [Du et al. (1999)].

Plus généralement, la définition des Diagrammes de Voronoï reste valide dans des contextes non-euclidiens. En effet il suffit d'une mesure de distance et de densité pour une telle construction. Des travaux ont introduit de nouvelles définitions [Du and Wang

(2005), Labelle and Shewchuk (2003)], les *Diagrammes de Voronoï Anisotropes*, utilisant des mesures de distance anisotropes. Ces deux approches sont très similaires, car elles mesurent les distances à l'aide de tenseurs de métrique Riemanniens, qui peuvent être représentés par des matrices 2×2 . La distance entre deux points p_1 et p_2 dans le plan, selon le tenseur K_m (défini au point m) peut être calculée ainsi :

$$d_m(p_1, p_2) = \sqrt{(p_2 - p_1)^T K_m (p_2 - p_1)} \quad (4.4)$$

On parlera dans ce cas de *distance directionnelle*. Labelle et Shewchuk [Labelle and Shewchuk (2003)] définissent les cellules d'un Diagramme de Voronoï Anisotrope ainsi :

$$C_i = \{w \in \Omega \mid d_{z_i}(w, z_i) < d_{z_j}(w, z_j) \, j = 0, 1, \dots, n-1, j \neq i\} \quad (4.5)$$

d'un autre côté, Du et Wang [Du and Wang (2005)] proposent cette formulation :

$$C_i = \{w \in \Omega \mid d_w(w, z_i) < d_w(w, z_j) \, j = 0, 1, \dots, n-1, j \neq i\} \quad (4.6)$$

La différence entre ces deux définitions est le choix du tenseur pour le calcul de distance : avec la définition de Labelle et Shewchuk, les distances sont mesurées avec le tenseur des germes de Voronoï z_i . Ainsi, cette définition n'a pas besoin de champ de tenseurs, seulement un tenseur par site est nécessaire.

Dans le second cas, les distances sont mesurées avec des tenseurs définis en chaque point w de l'espace. Ceci implique la définition d'un champ de tenseurs sur le domaine entier.

Dans [Du and Wang (2005)], Du et Wang ont prouvé que leur définition est plus cohérente avec la définition classique (isotrope) des diagrammes de Voronoï. Par exemple, si le champ de tenseurs est isotrope (mais non-uniforme), leur définition se réduit à la définition classique des Diagrammes de Voronoï. De plus, la définition de tenseurs Riemanniens sur chaque germe de Voronoï peut être problématique en présence d'arêtes vives. Par exemple un germe placé sur le coin d'un cube posséderait un tenseur mal défini, alors qu'il est tout à fait possible de définir des tenseurs pour les points situés sur les faces planes du cube. Plus de détails sur ces différentes définitions sont donnés dans [Du and Wang (2005)].

4.5 Diagrammes de Voronoï Discrets

Dans [Valette and Chassery (2004)] nous avons formulé une définition discrète des Diagrammes de Voronoï Centroïdaux. Ω n'est plus un espace continu, mais un maillage polygonal M . Par la suite, nous considérerons seulement les maillages triangulaires, mais l'extension aux maillages polygonaux est aisée. Il est possible de partitionner M de deux façons : construire des ensembles (*clusters*) C_i de triangles, comme proposé dans [Valette and Chassery (2004)], ou construire des ensembles de sommets. Nous estimons qu'il est plus pratique de grouper les sommets au lieu des triangles, pour deux raisons principales :

- Pour un maillage triangulaire, le nombre de sommets est environ la moitié du nombre

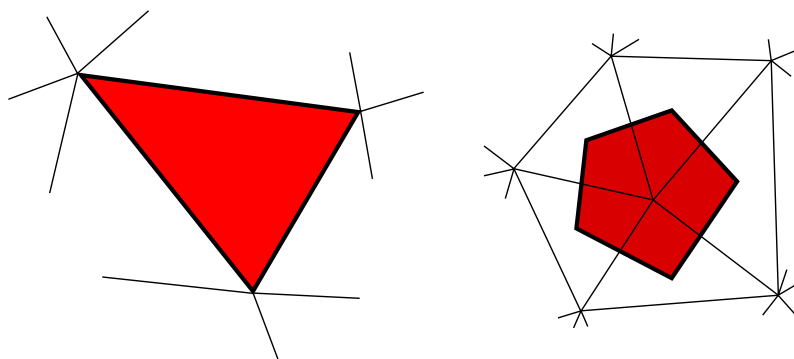


FIGURE 4.3 – Domaines d’intégration. Gauche : avec le regroupement de triangles, les domaines élémentaires sont simplement les triangles eux-mêmes. Droite : avec le regroupement de sommets, les domaines d’intégration sont les cellules duales des sommets.

de triangles. Les partitions sur les sommets seront donc moins coûteuses que les partitions sur les triangles.

- Regrouper les sommets est plus rigoureux et plus efficace si on considère les maillages qui ne sont pas des 2-variétés et les changements topologiques qui peuvent encourir durant la simplification,

Dans les équations suivantes, nous ferons référence à des éléments I_j qui pourront être indifféremment des triangles ou des sommets.

4.5.1 Cas isotrope

La définition discrète d’un Diagramme de Voronoï Centroïdal consiste à reformuler le terme d’énergie E (équation (4.3)) et trouver le partitionnement qui minimise E_{iso} , défini par :

$$E_{iso} = \sum_i \left(\sum_{I_j \in C_i} \int_{I_j} \rho(x) \|x - z_i\|^2 dx \right) \quad (4.7)$$

Dans cette équation, le domaine I_j dans le calcul de l’intégrale est :

- le j^e triangle dans le cas du regroupement de triangles
- la cellule duale du j^e sommet dans le cas de regroupement de sommets

La figure 4.3 montre la différence entre ces deux cas.

Il faut remarquer que, contrairement aux définitions précédentes utilisées par notre approche, nous ne faisons plus d’hypothèse sur les points z_i , qui étaient auparavant les barycentres de leurs régions respectives. Cette généralisation sera très utile dans le cas des maillages non planaires, où la meilleure position des points z_i ne sera pas forcément le barycentre de leur région. Nous pouvons simplement considérer que les coordonnées de z_i dépendent de leur région respective.

Il est aisément démontrable que la contribution individuelle de chaque élément I_j au

terme d'énergie E_{iso} se simplifie en :

$$\int_{I_j} \rho(x) \|x - z_i\|^2 dx = M_j \|z_i - \gamma_j\|^2 + A_j \quad (4.8)$$

où

$$A_j = \int_{I_j} \rho(x) \|x - \gamma_j\|^2 dx \quad (4.9)$$

$$M_j = \int_{I_j} \rho(x) dx \quad (4.10)$$

$$\gamma_j = \frac{1}{M_j} \int_{I_j} \rho(x) x dx \quad (4.11)$$

A_j dépend seulement de la géométrie de I_j et de la fonction de densité $\rho(x)$, M_j est le poids global de I_j selon $\rho(x)$ et γ_j est le barycentre de I_j . En considérant la contribution de chaque élément à E_{iso} , nous obtenons :

$$E_{iso} = \sum_{i=1}^n \left(\sum_{I_j \in C_i} M_j \|z_i - \gamma_j\|^2 \right) + \sum_j A_j \quad (4.12)$$

qui se simplifie en :

$$E_{iso} = \sum_j A_j + \sum_j M_j \|\gamma_j\|^2 + F_{iso} \quad (4.13)$$

avec

$$F_{iso} = \sum_i L_{iso,i} \quad (4.14)$$

et

$$L_{iso,i} = \|z_i\|^2 \sum_{I_j \in C_i} M_j - 2z_i^T \sum_{I_j \in C_i} M_j \gamma_j \quad (4.15)$$

$L_{iso,i}$ est la contribution individuelle du cluster C_i à l'énergie globale F_{iso} . L'équation 4.13 montre que pour tous les regroupements la contribution des termes A_j et $M_j \|\gamma_j\|^2$ sera toujours la même. Nous pouvons donc éviter leur calcul et simplement minimiser le terme d'énergie F_{iso} .

Finalement, ce terme d'énergie est exact dans le plan : sa minimisation est équivalente à la construction d'un Diagramme de Voronoï Discret Centroidal, sans aucun a priori sur la distribution des sommets du maillage d'entrée (i.e. uniformité ou rapport d'aspect des éléments). Si on considère que les sites de Voronoï z_i sont les barycentres de leur région, l'équation (4.14) se simplifie pour retrouver exactement les termes d'énergie définis dans [Valette and Chassery (2004), Valette *et al.* (2005)].

4.5.2 Cas anisotrope

Pour étendre la définition précédente au cadre anisotrope, nous considérons le travail de Du et Wang [Du and Wang (2005)]. En suivant leur définition de distance directionnelle (équation (4.4)), et en utilisant une évaluation similaire à la section précédente, nous définissons un terme d'énergie anisotrope :

$$E_{aniso} = \sum_i \left[\sum_{I_j \in C_i} (\gamma_j - z_i)^T K_j (\gamma_j - z_i) \right] \quad (4.16)$$

dont la minimisation conduit à un partitionnement anisotrope du maillage d'entrée. De plus, des simplifications calculatoires permettent l'utilisation d'un nouveau terme d'énergie :

$$F_{aniso} = \sum_i L_{aniso,i} \quad (4.17)$$

avec

$$L_{aniso,i} = z_i^T \left(\sum_{I_j \in C_i} K_j \right) z_i - 2z_i^T \left(\sum_{I_j \in C_i} K_j \gamma_j \right) \quad (4.18)$$

On peut remarquer que si le champ de tenseurs K_j est isotrope, l'équation (4.17) est équivalente au terme d'énergie isotrope F_{iso} défini dans l'équation (4.14).

4.5.3 Placement des germes de Voronoï

Dans nos travaux précédents [Valette and Chassery (2004)], les germes de Voronoï sont définis comme les barycentres de leur partitions respectives. Cette stratégie de placement n'est pas optimale pour les maillages 3D, car pour des partitions incurvées, le barycentre sera à l'intérieur ou à l'extérieur de l'objet. Cette position peut être optimisée pour améliorer la qualité d'approximation du maillage.

Dans [Valette et al. (2005)], nous avons proposé de repositionner les germes en utilisant la *Métrie d'Erreur Quadratique* (QEM) [Garland and Heckbert (1997)]. Ce post-traitement a initialement été proposé par Lindstrom [Lindstrom (2000)]. La Métrie d'Erreur Quadratique alloue à chaque triangle T_i une matrice 4×4 Q_i qui reflète la distance d'un point arbitraire au plan tangent à T_i . Pour un ensemble de triangles, une position optimale peut-être calculée en sommant les matrices QEM des triangles. Cette approche est très efficace en théorie [Heckbert and Garland (1999)] et en pratique. La figure 4.1 (2e colonne) montre les effets d'un tel post-traitement sur le modèle *fandisk*.

Ce post-traitement peut en fait être intégré au schéma de minimisation : pour chaque région de la partition, une matrice QEM est mémorisée et mise à jour en fonction de l'évolution de la région. Ceci permet de calculer à chaque itération la meilleure position pour un germe donné et d'injecter cette position dans le calcul de F . Ainsi, au cours de la minimisation, les germes de Voronoï respectent le critère donné et aucun post-traitement n'est nécessaire. La figure 4.1 (droite) montre les résultats obtenus sur le modèle *fandisk*.

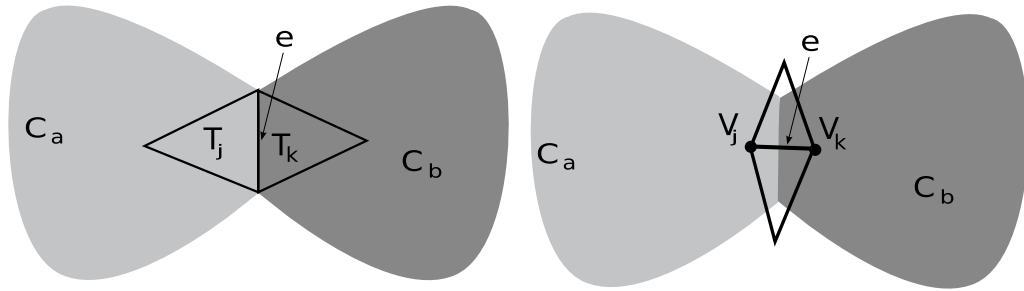


FIGURE 4.4 – Voisinage local pour la mise à jour du partitionnement. Les éléments I_j peuvent être des triangles T_j (gauche) ou des sommets V_j (droite). Les triangles T_j et T_k (respectivement sommets V_j et V_k) appartiennent aux régions C_a and C_b , et le test consiste à mesurer si un changement de partitionnement (déplacer T_j dans C_b ou T_k dans C_a (respectivement V_j dans C_b ou V_k dans C_a) diminue le terme d'énergie

Cette méthode de positionnement a un effet sur la valeur de l'énergie E , comme montré par les équations (4.15) et (4.18), mais l'aspect des régions construites sera toujours guidé par la métrique choisie. Par conséquent, si une partition contient une arête vive, le sommet qui la représente sera correctement placé sur l'arête, et simultanément, la minimisation d'énergie optimisera la forme des régions.

4.6 Implantation

4.6.1 Algorithme de partitionnement

Les termes d'énergie F_{iso} et F_{aniso} peuvent être efficacement minimisés avec un algorithme itératif qui met à jour le partitionnement en fonction de tests locaux aux frontières entre les partitions. En considérant qu'une arête e (appelée *arête de bord*) est sur la frontière entre deux partitions C_a et C_b (figure 4.4), e est incidente à deux éléments I_j et I_k , appartenant respectivement à C_a et C_b , trois cas possibles sont calculés pour F :

- F_{init} (configuration initiale) : I_j appartient à C_a et I_k appartient à C_b .
- F_1 (C_a grandit et C_b rétrécit) : I_j et I_k appartiennent tous les deux à C_a .
- F_2 (C_a rétrécit et C_b grandit) : I_j et I_k appartiennent tous les deux à C_b .

Le partitionnement est modifié, la configuration choisie est celle offrant l'énergie minimale parmi F_{init} , F_1 et F_2 . En effectuant ce test sur toutes les arêtes de bords, F est minimisée. Par définition, E est toujours positive. Comme F est seulement différent de E d'une constante additive, et comme chaque modification du partitionnement réduit F , la convergence de l'algorithme est garantie. La figure 4.4 montre la différence entre le regroupement de sommets et le regroupement de triangles. Dans ce contexte, F peut être F_{iso} ou F_{aniso} en fonction de la métrique choisie.

Comme décrit dans [Valette and Chassery (2004)], l'évaluation rapide et efficace de F est possible en mémorisant les données dans des tableaux accumulateurs. De plus, au cours des tests, nous n'avons pas réellement besoin de comparer les valeurs globales de F . Nous

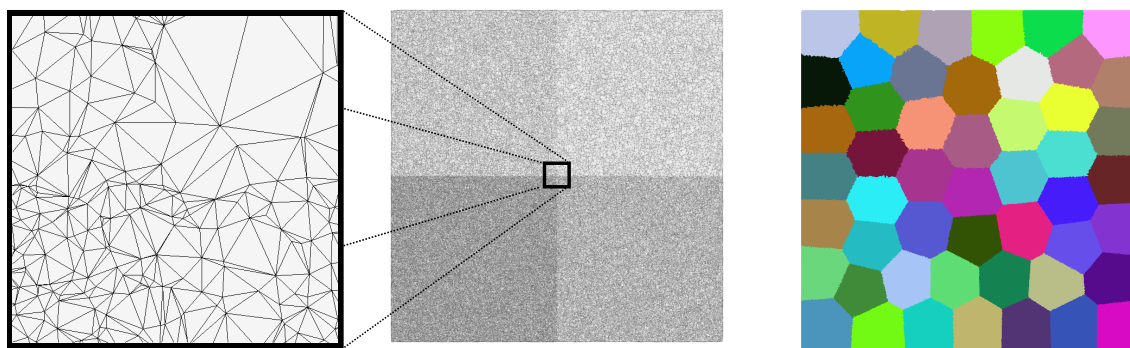


FIGURE 4.5 – Invariance à l'échantillonnage. Au centre : un plan triangulé possède 4 régions avec 4 densités de sommets différentes. Droite : malgré les fortes variations de densité, le partitionnement reste uniforme

avons seulement besoin de comparer les valeurs $L_{iso,a} + L_{iso,b}$ ou $L_{aniso,a} + L_{aniso,b}$, car les partitions C_a et C_b sont les seules susceptibles d'être modifiées.

La figure 4.5 montre un exemple de partitionnement d'un plan échantillonné aléatoirement. Le plan original (gauche) possède 4 régions avec une densité d'échantillonnage différente. les quatre régions contiennent respectivement 10000, 20000, 40000 et 80000 sommets. Malgré les variations franches de densité, le partitionnement final (droite) reste uniforme, illustrant le fait que notre approche est indépendante de l'échantillonnage.

Comparé à la relaxation de Lloyd notre algorithme de minimisation présente plusieurs avantages :

- Une simple file d'attente contient toutes les arêtes de bord. La complexité d'une boucle sur toutes les arêtes est donc linéaire avec le nombre d'arêtes. Par contre, les approches proposées précédemment [Cohen-Steiner *et al.* (2004), Peyré and Cohen (2003)] utilisent des files de priorité qui ralentissent le partitionnement pour les maillages possédant beaucoup d'éléments, exhibant une complexité $O(n \ln n)$, n étant le nombre de sommets.
- La convergence de notre algorithme est garantie. De plus, quand l'algorithme est proche de la convergence, un faible nombre d'arêtes de bords est modifié, ce qui peut être exploité afin d'accélérer encore les calculs. En moyenne, le temps de calcul est réduit d'au moins 50% lorsqu'une métrique simple est utilisée, et de plus de 80% lorsqu'une métrique complexe (comme la métrique améliorée par QEM) est utilisée.
- Les tests sur les arêtes de bord sont très locaux, ce qui nous a permis de programmer une version parallèle de notre algorithme, qui augmente encore la rapidité de notre approche quand une métrique complexe est utilisée.

4.6.2 Garantir la validité du partitionnement

Une fois le partitionnement effectué, chaque partition doit être un ensemble connexe. Une façon de garantir cela est de "nettoyer" les partitions qui ne sont pas connexes, et de relancer l'algorithme de partitionnement, comme proposé dans [Valette and Chassery

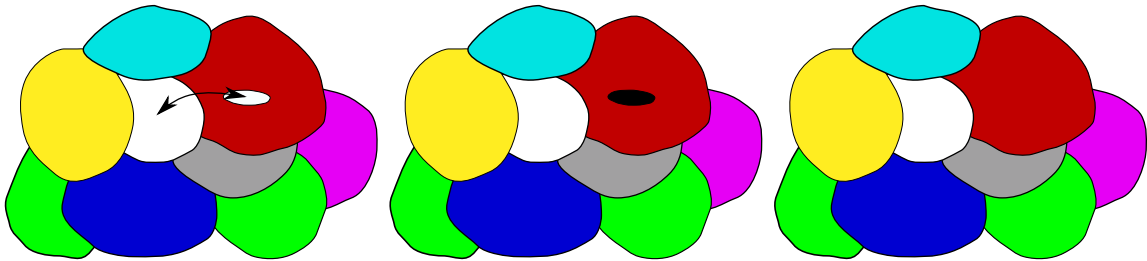


FIGURE 4.6 – Nettoyage du partitionnement : le partitionnement (gauche) a un défaut : la région blanche n’est pas connexe. Une étape de nettoyage remet en jeu la composante la plus petite (centre). Après quelques itérations de l’algorithme de partitionnement, la partie déconnectée a disparu (droite)

(2004)]. Ces deux étapes peuvent être répétées jusqu’à ce que la contrainte de connexité soit respectée. La figure 4.6 montre l’effet du nettoyage sur une région non connexe. Bien que cette approche marche bien en pratique, il n’y a aucune preuve de convergence. Pour une telle garantie, nous effectuons un traitement en trois phases. Premièrement, l’algorithme de partitionnement est employé, sans forcément aller jusqu’à convergence totale. Ensuite, la phase de nettoyage intervient. Si des régions ont effectivement été nettoyées, nous relançons l’étape de partitionnement avec des tests supplémentaires sur la topologie des partitions. La figure 4.4 montre le contexte local utilisé durant l’évolution du partitionnement. Chaque fois qu’un sommet V_j doit être déplacé d’une région C_a à une autre région C_b , nous vérifions que cette modification ne rompt pas la propriété de connexité de C_a . Ceci peut facilement être testé en regardant la configuration du 1-anneau autour de V_j .

4.6.3 Construction du maillage

La construction du maillage par notre approche est effectuée par dualisation du partitionnement : deux sommets sont adjacents si leurs régions respectives sont adjacentes. Le maillage résultant ne possède que des triangles.

4.6.4 Gestion des bords

Les maillages avec bords ont besoin d’une étape supplémentaire pour ajuster le maillage simplifié. Ceci est effectué en ajoutant des sommets et triangles supplémentaires aux bords, comme le montre la figure 4.7.

4.6.5 Remaillage par sur-échantillonnage

Les approches basées sur le partitionnement ont une contrainte : le maillage résultant aura moins de sommets que le maillage en entrée. Mais il est néanmoins possible de construire des maillages avec un nombre de sommets arbitraire, en subdivisant le maillage en entrée à l’aide d’un schéma de subdivision linéaire, de *Loop* [Loop (1987)], ou de type *Butterfly* [Dyn et al. (1990)]. La figure 4.8 montre une version remaillée du *Stanford Bunny*

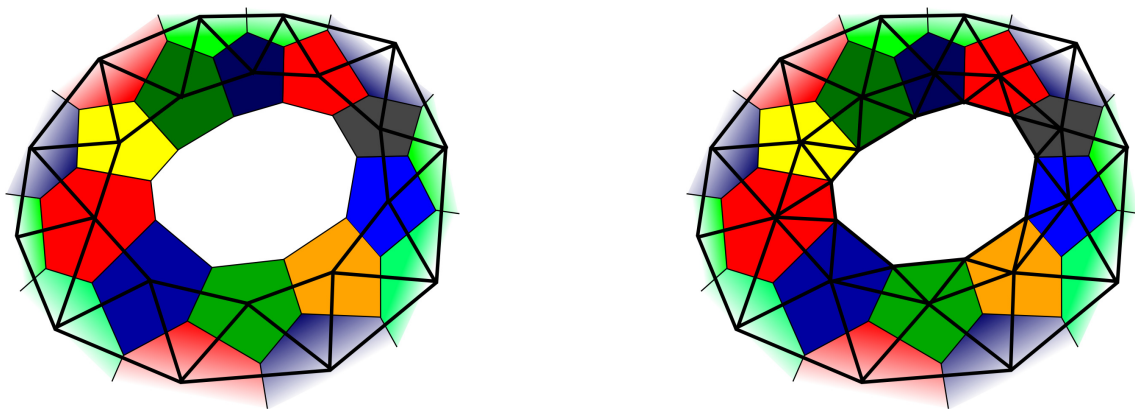


FIGURE 4.7 – Une partie du maillage possède un bord, résultant en un trou dans le partitionnement. La triangulation résultante (gauche) possède aussi un bord, mais il est plus grand que l’original. L’ajout d’une bande de triangles (droite) rapproche le bord du bord original

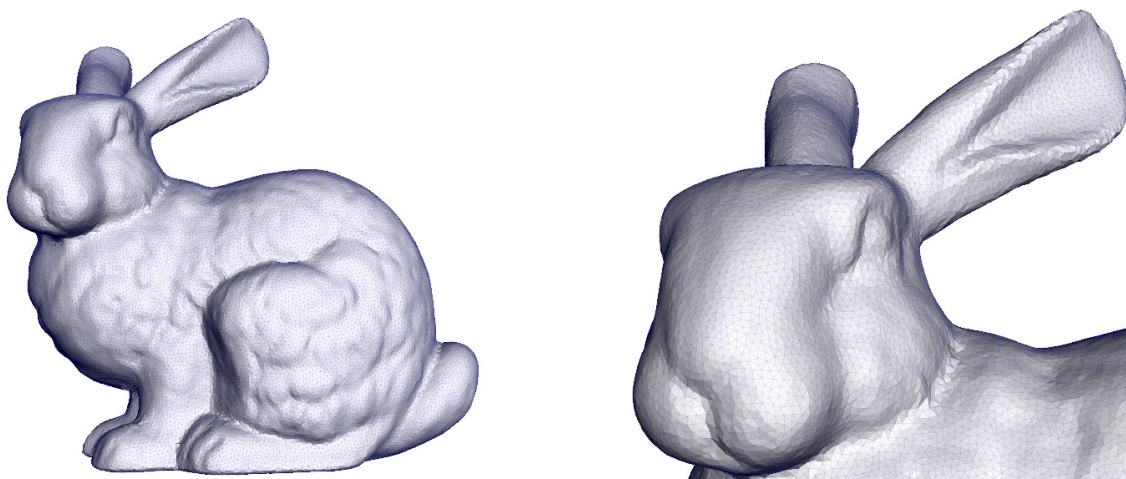


FIGURE 4.8 – Remaillage uniforme du modèle *Stanford Bunny* avec 36000 sommets

avec 36000 sommets. Le maillage en entrée (36000 sommets) a été subdivisé deux fois pour obtenir un maillage avec 1,1 millions de triangles.

4.6.6 Métriques

La définition d’une métrique implique aussi la définition d’une fonction de densité ρ sur le maillage. Une densité uniforme conduira à un partitionnement uniforme [Valette and Chassery (2004)]. Un partitionnement adaptatif est possible en définissant une carte de densité à partir d’informations de courbure [Valette *et al.* (2005)]. L’échantillonnage adaptatif est prépondérant pour de nombreuses applications, ou si certaines parties du maillage sont plus détaillées que d’autres. Nous calculons la courbure locale par régression polynomiale autour de chaque sommet comme détaillé dans [Cazals and Pouget (2005)], et obtenons les courbures principales locales $k_{j,1}$ et $k_{j,2}$ ainsi que les directions principales

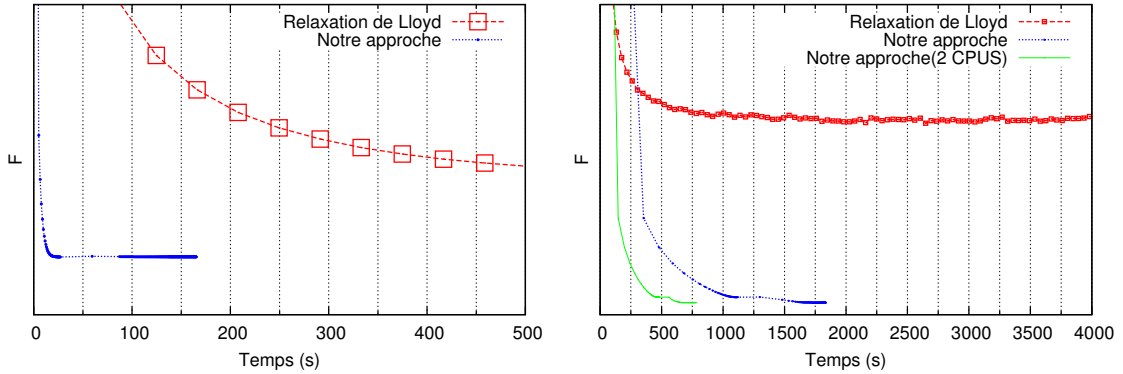


FIGURE 4.9 – Comparaison de notre approche avec la relaxation de Lloyd. Gauche : Métrique isotrope I . Droite : Métrique IQ isotrope avec placement des sommets basé sur QEM.

$D_{j,1}$ et $D_{j,2}$, qui permettent la définition de la carte de densité ρ_j :

$$\rho_j = |P_j| \left(\sqrt{k_{j,1}^2 + k_{j,2}^2} \right)^\gamma \quad (4.19)$$

où $|P_j|$ est le tiers de l'aire des triangles autour du sommet P_j et γ un paramètre de gradation qui contrôle le degré d'adaptation à la courbure. Par la suite, nous appellerons cette métrique la métrique I .

Notre algorithme peut aussi avoir un comportement anisotrope, en utilisant le terme d'énergie de l'équation (4.17), et qui nécessite la définition de tenseurs directionnels en chaque sommet. Un calcul de courbure locale permet ici aussi la définition d'un tenseur K_j de taille 3×3 défini ainsi :

$$K_j = M_j^T M_j \quad (4.20)$$

avec

$$M_j = \begin{pmatrix} \sqrt{\|k_{j,1}\|} D_{j,1}^T \\ \sqrt{\|k_{j,2}\|} D_{j,2}^T \\ 0 \end{pmatrix} \quad (4.21)$$

cette définition a pour effet que les régions à courbure constante produiront des partitions avec des facteurs de forme égaux à $\sqrt{\left| \frac{k_{j,1}}{k_{j,2}} \right|}$, ce qui est cohérent avec la théorie de l'approximation [Simpson (1994)].

4.7 Résultats expérimentaux

La figure 4.9 compare l'efficacité de notre partitionnement avec la relaxation de Lloyd, pour deux cas : en utilisant une métrique linéaire isotrope, et une métrique améliorée par QEM, sur le modèle *statuette*. L'axe horizontal représente le temps, et l'axe vertical donne la valeur de F_{iso} , qui ne diffère de E_{iso} que d'une constante. Dans les deux cas, notre approche donne des énergies plus petites que celles obtenues par relaxation de Lloyd.

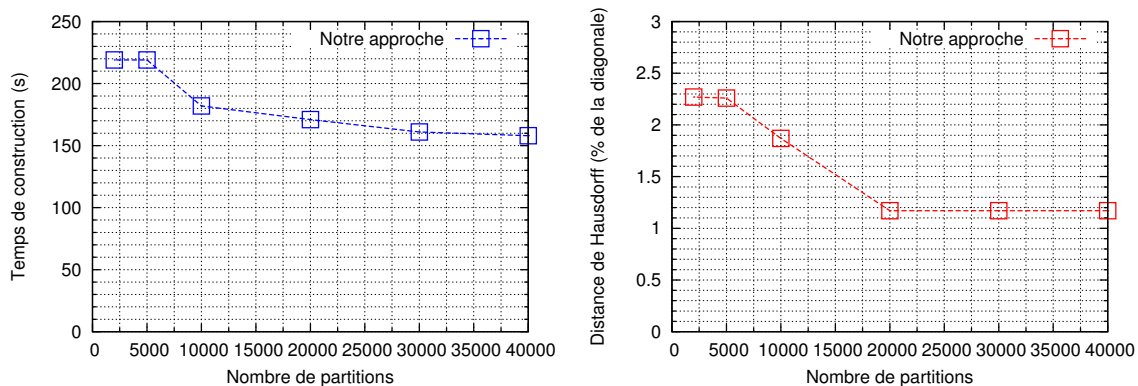


FIGURE 4.10 – Partitionnement avec la métrique IQ pour le modèle *David*. Gauche : temps d’exécution vs. nombre de partitions. Droite : Erreur de remailage (Distance de Hausdorff) en fonction du nombre de partitions

La différence relative entre les deux approches est de 10^{-6} pour le modèle *statuette*. De plus, notre approche trouve la convergence dans tous nos tests, ce qui n’est pas le cas pour la relaxation de Lloyd. D’une manière plus générale, nous avons parfois observé la convergence de la relaxation de Lloyd en utilisant une métrique linéaire isotrope, mais avec une vitesse de convergence d’un ordre de magnitude plus faible. Nous n’avons jamais observé de convergence avec la relaxation de Lloyd utilisant une métrique améliorée par QEM.

Nous avons aussi comparé la vitesse de notre approche avec la relaxation de Lloyd, toujours avec le modèle *statuette*. Une itération de Lloyd dure 45s en moyenne. Avec la métrique isotrope, notre approche converge en 165s, soit un temps plus court que le temps nécessaire pour effectuer 5 itérations de Lloyd, ce qui selon la figure 4.9 est loin de la convergence. En utilisant une métrique améliorée par QEM, la différence est plus petite. Les courbes pour la métrique améliorée par QEM illustrent aussi l’effet de la contrainte de connexité dans notre approche. La convergence est atteinte deux fois. Jusqu’à la première convergence, aucune contrainte de connexité n’est appliquée. Après la première convergence, l’étape de nettoyage permet de garantir la connexité des partitions, et la minimisation de l’énergie continue sous cette contrainte. On peut clairement observer que la valeur de l’énergie diminue encore, validant le fait que compacité et connexité sont des propriétés cohérentes entre-elles. La contrainte de connexité permet donc d’atteindre des niveaux d’énergie plus faibles.

Finalement, la figure 4.10 montre le temps de partitionnement et l’erreur d’approximation en fonction du nombre de partitions choisies, pour le modèle *David*, avec une métrique isotrope améliorée par QEM.

La table 4.1 montre les temps de calculs et qualités des maillages générés par notre approche. Les résultats ont été obtenus sur une machine de bureau fonctionnant à 3GHz, avec 2Go de RAM, sauf pour les modèles *Lucy* et *Michelangelo’s David*, qui ont été traités sur une station SGI qui possède plus de mémoire vive (Le modèle *Lucy* à lui tout seul

Modèle	#v (original)	#v2 (simplifié)	M.	courbure temps (s)	partition temps (s)	$\angle < 30^\circ$ (%)	Q_{av}
Lucy	14M	500k	IQ	213 (12 CPUS)	8357	3.73	0.77
		500k	IQ		2822 (4CPUS)	3.73	0.77
David	507k	500k	IQ	76	6365	6.9	0.73
Statuette	5M	300k	I	319	165	10	0.69
		300k	IQ	319	1665	8.4	0.71
		300k	AQ	328	1826	16	0.62
Buddha	500k	20k	IQ	47	255	7.5	0.72
		20k	AQ	49	295	17	0.61
Bunny	36k	36k	IQ	0	218	0.6	0.82
fandisk	6k	3k	I	0	1	0.67	0.83
		3k	IQ	0	16	1	0.83

TABLE 4.1 – Temps de calcul et mesures de qualité des maillages générés

Temps de calcul et mesures de qualité des maillages générés. Les colonnes représentent respectivement le nombre de sommets en entrée, le nombre de sommets en sortie, la métrique utilisée, le temps de calcul de la courbure et du partitionnement, le pourcentage d’angles intérieurs minimaux inférieurs à 30° et le rapport d’aspect moyen des triangles.

requiert plus de 2Go pour être chargé en mémoire, et le modèle *Michelangelo’s David*, qui contient 507k sommets a été subdivisé deux fois pour le remailler avec 500k sommets). Les colonnes représentent respectivement le nombre de sommets en entrée, le nombre de sommets en sortie, la métrique utilisée (respectivement I pour la métrique Isotrope linéaire, IQ pour la métrique linéaire + QEM, AQ pour la métrique anisotrope + QEM), le temps de calcul de la courbure et du partitionnement, le pourcentage d’angles intérieurs minimaux inférieurs à 30° et le rapport d’aspect moyen des triangles, comme défini dans [Frey and Borouchaki (1997)].

La figure 4.11 montre une version simplifiée du modèle Lucy avec 500k sommets, en utilisant la métrique isotrope. On peut remarquer la bonne adaptation de l’échantillonnage au modèle. La figure 4.12 montre les modèles simplifiés des modèles *rockerarm* avec 1000 sommets (métrique AQ) et du modèle *Buddha* simplifié avec 40k sommets (métrique AQ). La comparaison des modèles simplifiés du modèle *hand* (métriques IQ, A et AQ, figure 4.2) donne une vue d’ensemble représentative de nos expérimentations : la métrique anisotrope allonge les triangles le long des directions de courbure minimale, mais choisir une métrique linéaire (métrique A) produit des artefacts aux extrémités des maillages. L’introduction de la métrique améliorée par QEM (Métrique AQ) résout ce problème. La figure 4.14 montre une vue rapprochée du modèle *Bouddha* simplifié (gauche : métrique AQ ; droite : métrique IQ). Le comportement anisotrope de la métrique AQ est clairement visible sur les parties élongées (par exemple le tissu autour du cou du Bouddha), mais l’échantillonnage reste isotrope dans les régions sphériques (par exemple le crane). Les arêtes vives situées à l’arrière du modèle sont mieux préservées avec la métrique AQ.

Sur la figure 4.13, on peut voir une version simplifiée du *Michelangelo David* remaillé avec 500k sommets.

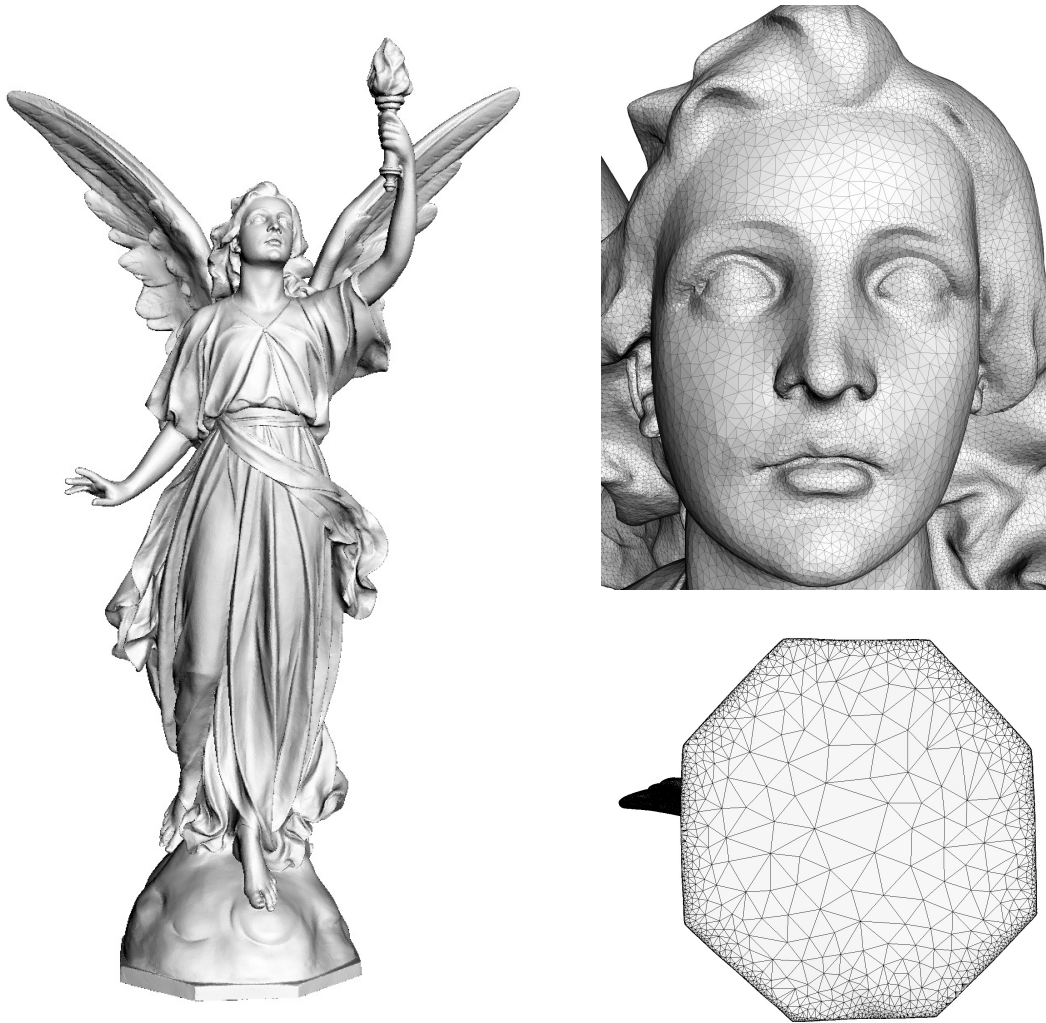


FIGURE 4.11 – Gauche : remaillage du modèle *Lucy* avec 500k sommets. Droite : zooms sur le visage et le piédestal

Modèle	D. Hausdorff $\times 10^{-3}$	D. Moyenne $\times 10^{-3}$		Distance RMS $\times 10^{-3}$	
David [Surazhsky <i>et al.</i> (2003)]	27.1	1.6	1.6	1.9	1.9
David [Notre approche]	6.22	0.06	0.1	0.05	0.1
Hand [Garland and Heckbert (1997)]	16.9	2.3	2.3	3.0	3.0
Hand [Cohen-Steiner <i>et al.</i> (2004)]	34.6	7.2	7.3	9.3	9.4
Hand [Notre approche]	37.6	3.9	3.9	5.2	5.5
Hand *[Notre approche]	32.9	3.8	3.8	5.1	5.2

TABLE 4.2 – Comparaison des erreurs d'approximations entre plusieurs approches. La première colonne est la distance de Hausdorff entre le modèle original et le modèle simplifié. Les colonnes suivantes montrent les distances moyennes et RMS, dans les deux directions. La dernière ligne a été obtenue avec des conditions initiales différentes.



FIGURE 4.12 – Simplifications des modèles *rockerarm* (1000 sommets) et *Buddha* (20k sommets).



FIGURE 4.13 – Zoom sur la tête du modèle *David* remaillé avec 500k sommets

La figure 4.15 montre une version remaillée du modèle *Statuette* avec 500k sommets. À gauche, les métriques IQ (haut) et AQ (bas) sont comparées. Une fois encore, la métrique anisotrope AQ donne des résultats visuellement meilleurs.

La figure 4.17 et la table 4.3 comparent les qualités des maillages obtenus avec notre approche et [Surazhsky *et al.* (2003)], mesurées avec METRO [Cignoni *et al.* (1998)].

La figure 4.16 montre un modèle de main simplifié avec 300 sommets, en utilisant qslim [Garland and Heckbert (1997)], notre approche et VSA [Cohen-Steiner *et al.* (2004)]. Nos résultats sont clairement proche de qslim. Dans la table 4.2, on peut observer que notre approche obtient des résultats comparables à VSA en termes de distance de Hausdorff et une amélioration significative de la distance RMS.

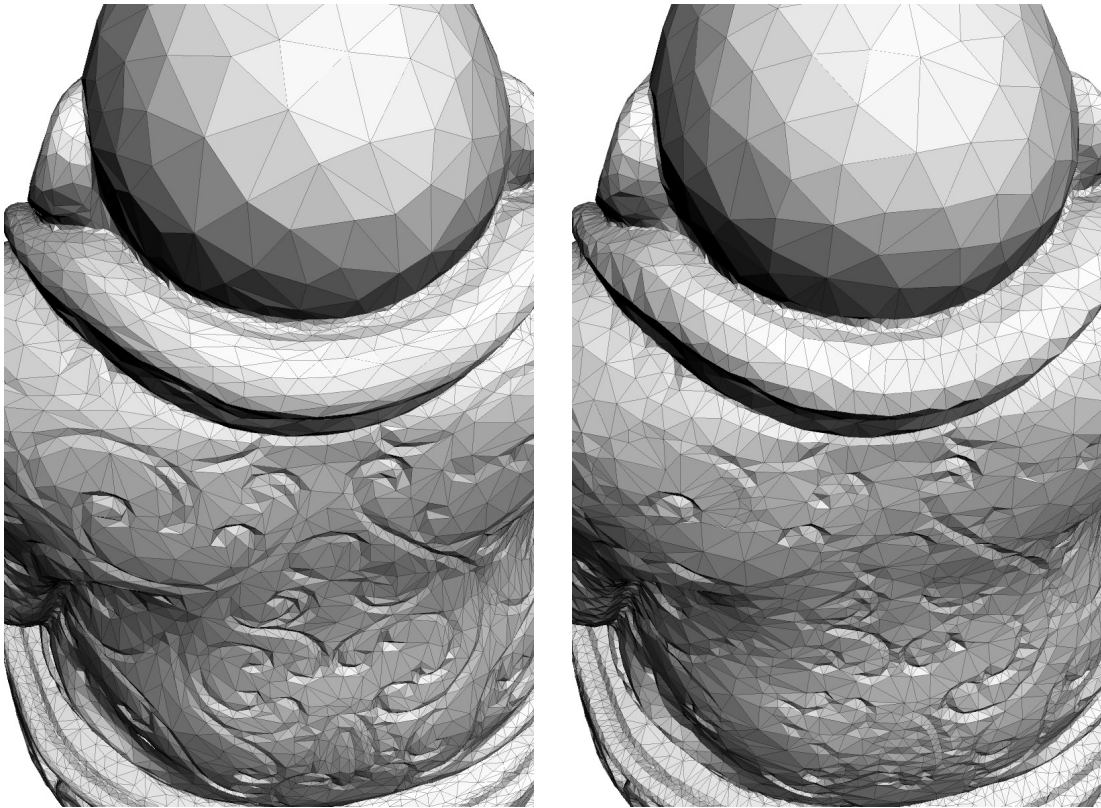


FIGURE 4.14 – Vue rapprochée du modèle *Bouddha* simplifié. Gauche : métrique anisotrope (AQ). Droite : métrique isotrope (IQ).

Model	Q_{min}	Q_{av}	\angle_{min}	$\angle_{min,av}$	$\angle < 30^\circ$
David [Surazhsky <i>et al.</i> (2003)]	0.027	0.91	0.92	52.9	0.41
David [Notre approche]	0.013	0.80	0.85	45.2	1.2

TABLE 4.3 – Comparaison des qualités de triangles

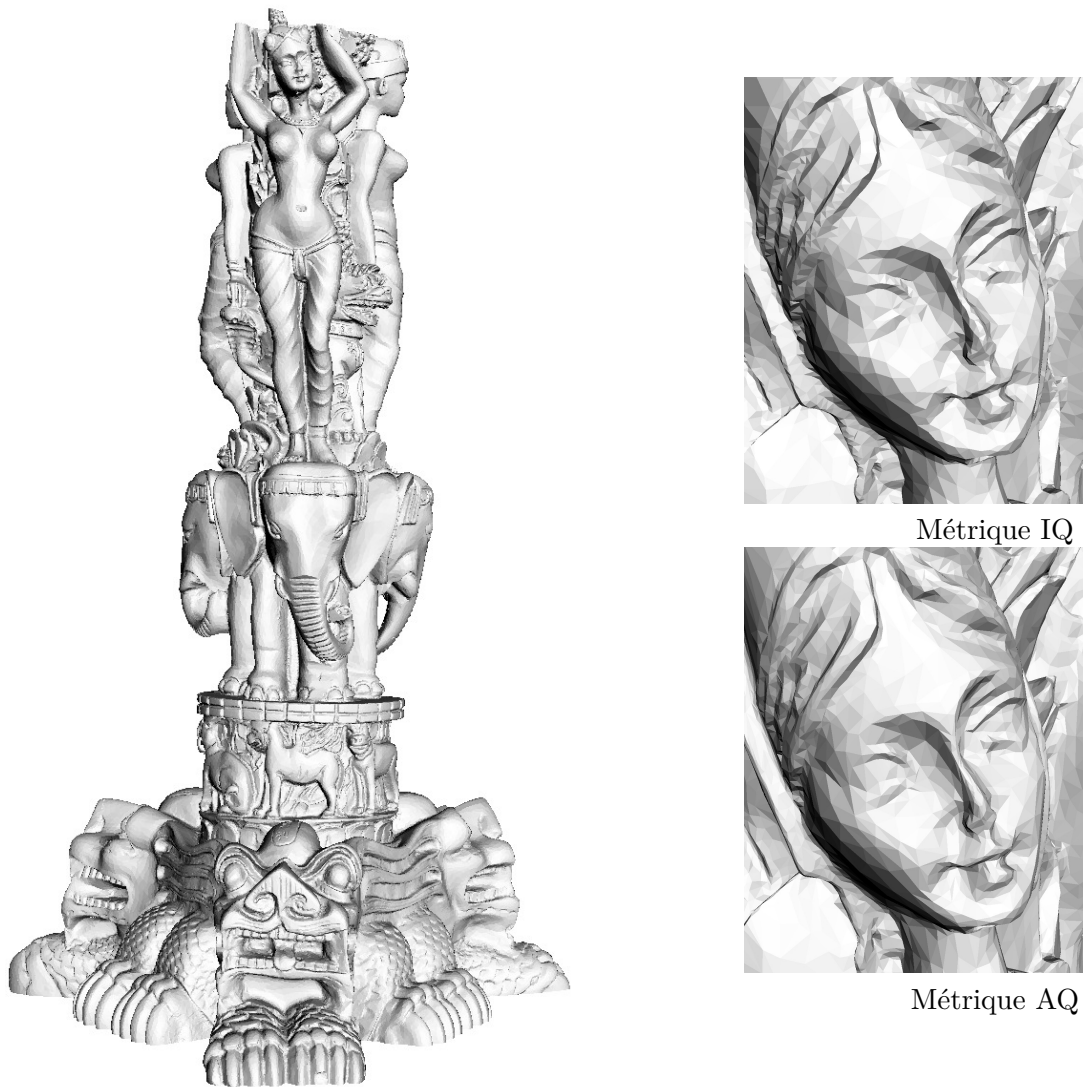
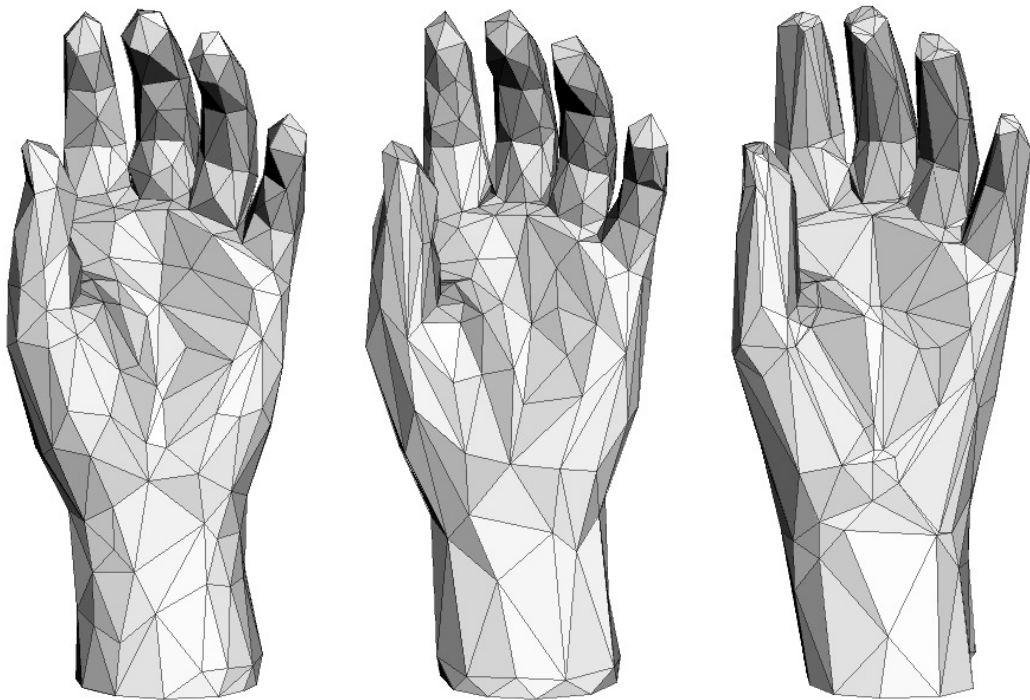


FIGURE 4.15 – Comparaison entre 2 métriques de simplification. Gauche : le modèle statuette simplifié avec 500k sommets (Métrique AQ). Droite : comparaison entre les métriques IQ (haut) et AQ (bas).



(a) [Garland and Heckbert (1997)]

(b) Notre approche

(c) [Cohen-Steiner *et al.* (2004)]

FIGURE 4.16 – Simplification d’un modèle de main avec 300 sommets, en utilisant (de gauche à droite) qslim [Garland and Heckbert (1997)], notre approche et VSA [Cohen-Steiner *et al.* (2004)]

(a) [Surazhsky *et al.* (2003)](b) Notre approche [Valette *et al.* (2008)]

FIGURE 4.17 – Le modèle *Michelangelo David* simplifié avec 100k sommets. Gauche : avec [Surazhsky *et al.* (2003)]. Droite : notre approche (Métrique IQ).

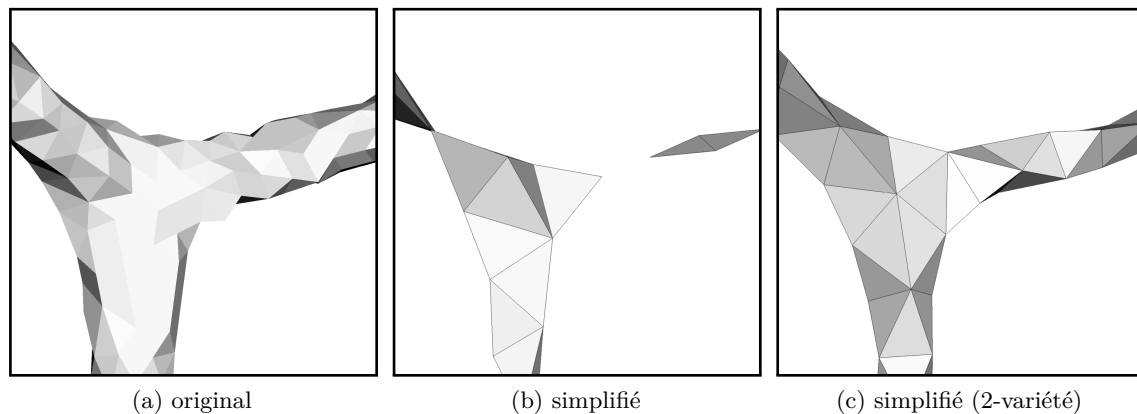


FIGURE 4.18 – Simplification avec garanties sur la topologie : le maillage original (a) est simplifié (b), mais le résultat n'est pas une 2-variété. Après plusieurs itérations (rajouts de sommets dans les régions non conformes), le maillage simplifié devient une 2-variété (c)

4.8 Simplification avec garanties sur la topologie

Nous avons modifié cet algorithme pour apporter des garanties topologiques : si le maillage original est conforme (2-variété), l'algorithme garantit de générer un maillage simplifié qui est aussi une 2-variété. La modification proposée est itérative, affinant à chaque itération le maillage simplifié, jusqu'à ce que la conformité soit vérifiée en tout point. La figure 4.18 montre un exemple de simplification : le maillage original (a) est simplifié (b), mais le résultat n'est pas une 2-variété. Après plusieurs itérations (rajouts de sommets dans les régions non conformes), le maillage simplifié devient une 2-variété (c). Cette approche a permis la génération de modèles propices aux simulations mécaniques sur le cerveau. Ce travail a été présenté au workshop MeshMed de la conférence MICCAI 2011 [Audette *et al.* (2011)].

4.9 Extension à la génération de maillages volumiques

Dans [Dardenne *et al.* (2009)], nous avons étendu l'approche décrite précédemment pour la génération de maillages volumiques (assemblage de tétraèdres) à partir d'images 3D étiquetées. Cette opération peut par exemple être utile pour conduire des simulations numériques sur des modèles issus de l'imagerie médicale. Dans notre cas, l'application visée était l'optimisation du traitement par hyperthermie [Siauve *et al.* (2004)]. Une image 3D du patient est acquise (par IRM ou scanner X), puis segmentée en divers tissus. Le résultat est une image 3D étiquetée (ensemble de voxels), qui doit ensuite être convertie en maillage volumique pour la simulation par éléments finis, afin d'optimiser le placement des antennes rayonnantes, qui provoquent un réchauffement local des tissus.

Le principal changement réside dans la dimensionnalité de l'espace à partitionner : pour la génération de maillages surfaciques, nous partitionnons une 2-variété plongée

dans un espace 3D, alors que pour les maillages volumiques, nous devons partitionner un espace 3D, représentant plusieurs objets. Le partitionnement devra donc respecter les différentes frontières entre les objets. Ainsi, notre approche se déroule en trois grandes étapes : partitionnement de l'espace à mailler en distribuant des sommets dans cet espace, construction du maillage, et modifications locales pour améliorer le compromis fidélité/qualité des tétraèdres.

La figure 4.19 montre un exemple simple de génération de maillage volumique : l'image en haut à gauche montre la surface d'un cœur humain, extraite par segmentation d'un volume 3D. L'image en haut à droite montre l'axe médian extrait à partir de cette surface. Cet axe médian a aussi été obtenu par une approche d'agrégation, décrite plus en détails dans [Dardenne *et al.* (2008)]. Enfin, l'image du bas montre le maillage volumique construit, où l'interface entre les objets (cœur-extérieur) est bien respectée, et où la résolution spatiale varie en fonction de l'axe médian. La figure 4.20 montre une comparaison entre nos résultats et les résultats obtenus par le logiciel AMIRA un logiciel de modélisation qui permet de générer des maillages à partir d'isosurfaces, de maillages surfaciques ou de données discrètes (<https://www.fei.com/software/amira-for-life-sciences/>). Dans cet exemple, l'objectif est de générer un maillage simple, pour représenter une sphère plongée dans un cube. Sur cette figure, S1 et S2 ont été construits avec AMIRA (S1 à partir d'une isosurface, S2 à partir des voxels) et S3 construit avec notre approche. Pour chaque sphère, la qualité des maillages peut être mesurée selon deux critères Q1 et Q2, selon 2 critères de qualité : Q1 est l'angle diédral minimal, $Q2 = \frac{12}{\bar{l}} \cdot (3V)^{2/3}$ où V est le volume du tétraèdre, \bar{l} est la longueur moyenne des arêtes. Ce critère est défini dans [Shewchuk (2002)]. Les histogrammes des qualités sont donnés figure 4.20. Sur cet exemple, le résultat obtenu avec notre algorithme offre la meilleure distribution de qualité, pour les deux critères. La figure 4.21 montre d'autres résultats qualitatifs obtenus à partir de maillages surfaciques voxelisés.

Cette approche présente néanmoins certains défauts :

- l'extension aux maillages volumiques a augmenté la dimensionnalité du partitionnement, ce qui augmente sensiblement la complexité de notre algorithme. Une conséquence est que la vitesse d'exécution n'est pas aussi favorable que dans le contexte des maillages surfaciques.
- contrairement au contexte de la génération de maillages surfaciques, optimiser le partitionnement 3D ne garantit pas d'obtenir un maillage volumique optimal, et l'étape finale d'optimisation de la triangulation devient prépondérante. Un cadre variationnel optimisant directement la triangulation 3D tel que proposé dans [Chen and chao Xu (2004), Alliez *et al.* (2005), Tournois *et al.* (2009)] offrira de meilleurs résultats.

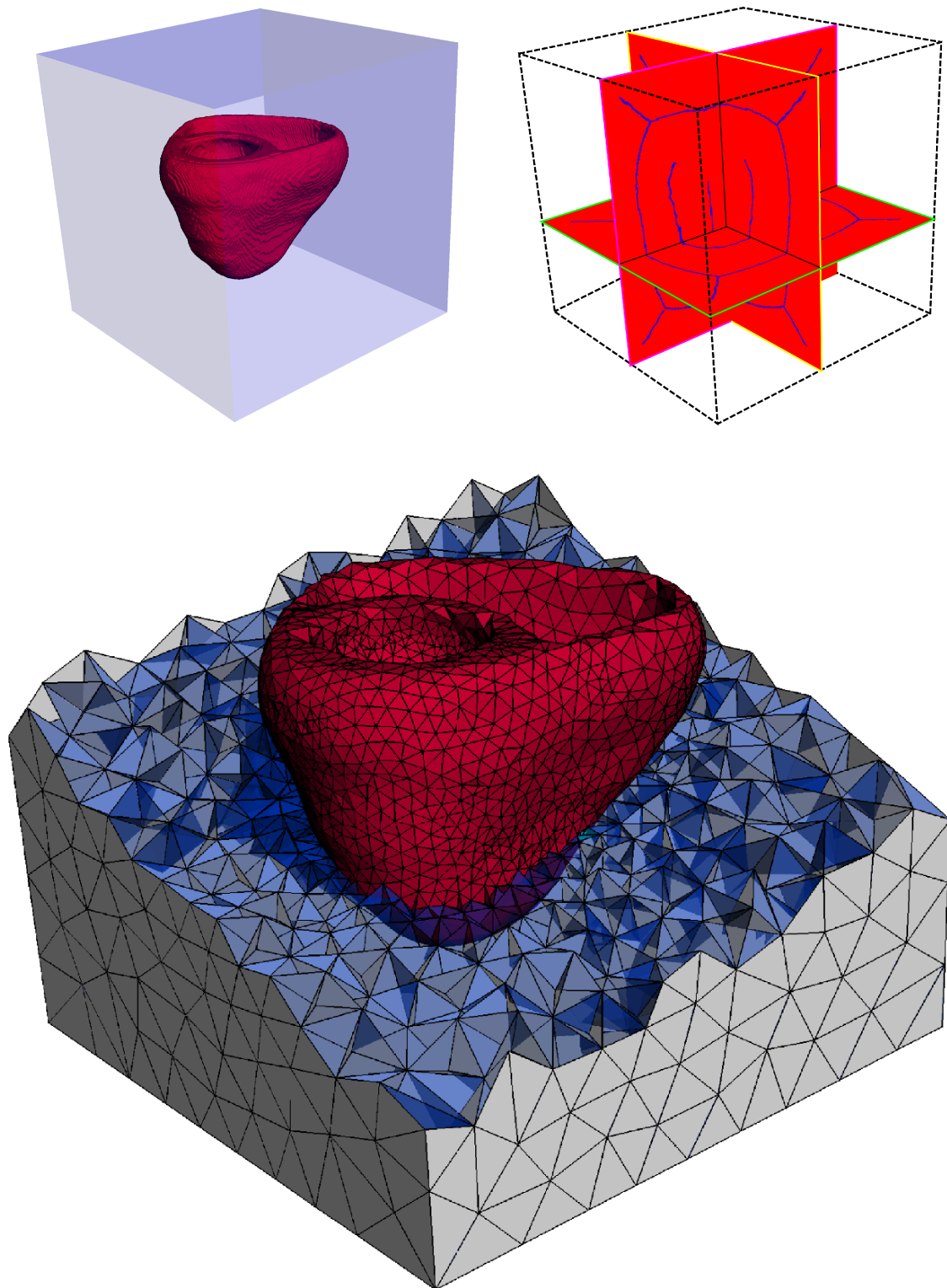


FIGURE 4.19 – Maillage volumique d’une image 3D de coeur segmentée. Haut : segmentation originale et approximation de son axe médian. Bas : maillage volumique résultant, représentant correctement les frontières, et qui présente une densité adaptative

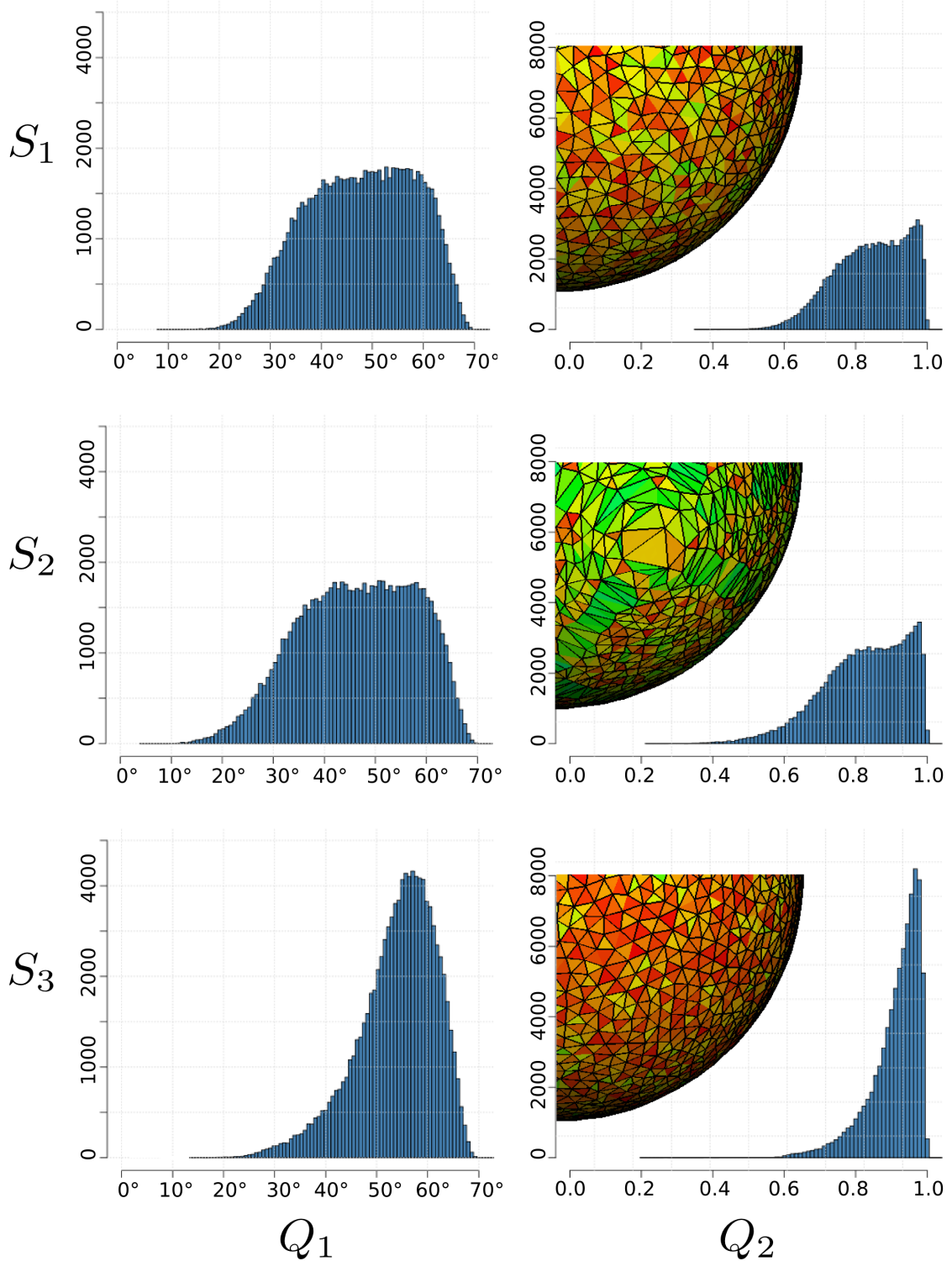


FIGURE 4.20 – Histogrammes de qualité des maillages S_1 , S_2 (construits avec AMIRA, S_1 à partir d'une isosurface, S_2 à partir des voxels) et S_3 (construit avec notre approche), selon 2 critères de qualité : Q_1 est l'angle diédral minimal, $Q_2 = \frac{12}{\bar{l}} \cdot (3V)^{2/3}$ où V est le volume du tétraèdre, \bar{l} est la longueur moyenne des arêtes. Ce critère est défini dans [Shewchuk (2002)]

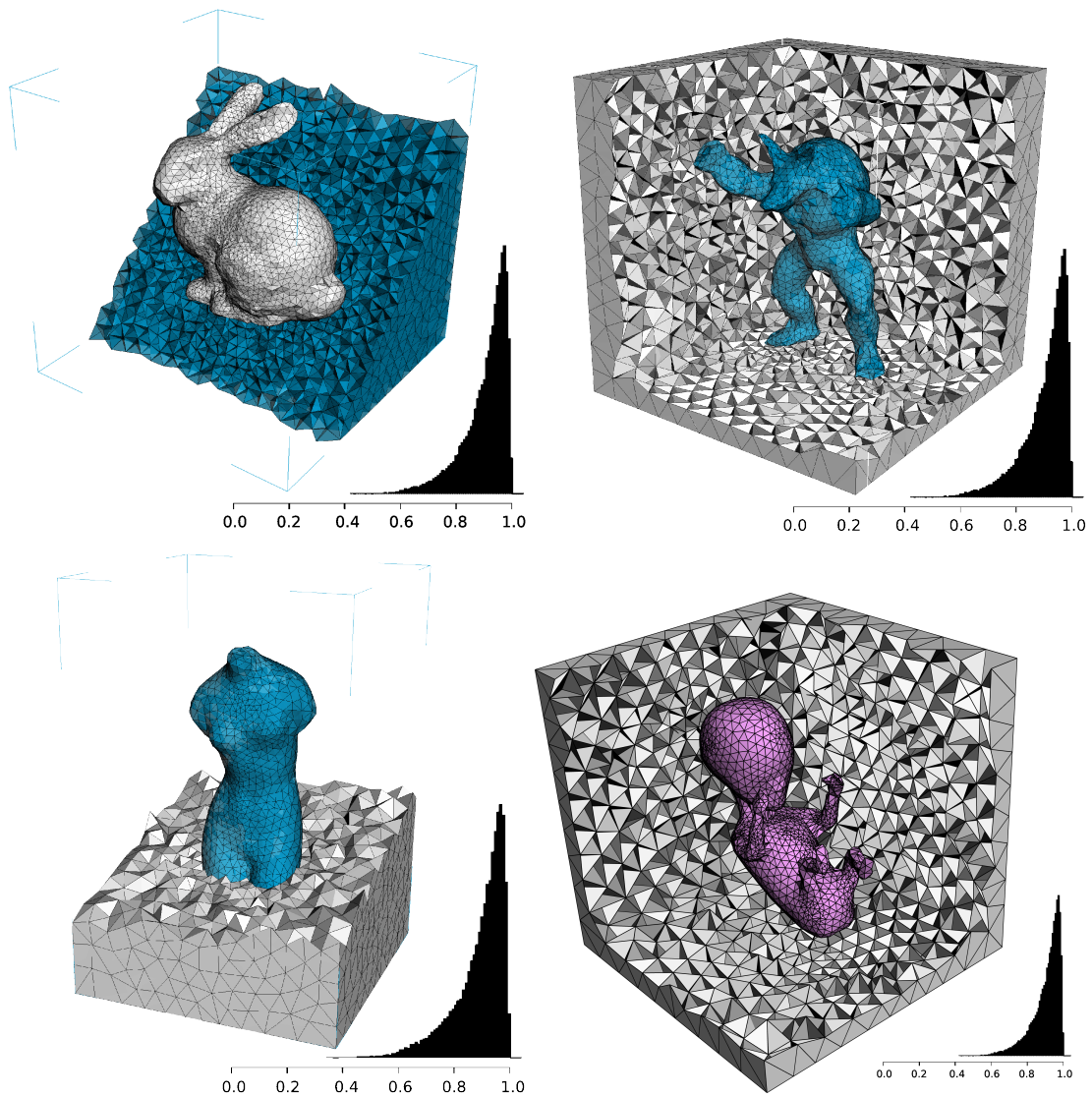


FIGURE 4.21 – Maillage volumique de modèles surfaciques voxelisés, avec histogramme des qualités de tétraèdres (Q_2 , voir figure 4.20). Haut : Stanford bunny et armadillo. Bas : Venus, fœtus.

4.10 Conclusion

Dans ce chapitre, j'ai mentionné mes contributions à la génération de maillages surfaciques et volumiques. Ma principale contribution est l'apport d'un algorithme rapide, basé sur l'agrégation (clustering) discret, formalisé dans un cadre variationnel (construction de Diagrammes de Voronoï Centroïdaux) qui offre rapidité et efficacité dans de nombreux cas.

De nombreux problèmes de remaillage sont encore ouverts. Par exemple, pour les méthodes de construction de maillages de tétraèdres, les garanties sur la qualité des éléments sont encore faibles. Actuellement, un effort particulier est porté sur la génération de maillages à base de quadrangles et d'hexaèdres, qui offrent des propriétés de symétrie intéressantes, mais dont la construction est plus complexe.

Les problèmes de génération de maillages sont très dépendants des applications visées. En ce qui concerne les représentations pour l'imagerie médicale, il semble que les maillages 3D triangulaires soient suffisants. Cependant, dans de très nombreux cas, il est nécessaire de représenter plusieurs organes simultanément. Mais extraire des maillages 3D surfaciques d'un volume 3D étiqueté présente encore certaines difficultés. Par exemple, un effort particulier doit être produit pour construire des maillages cohérents entre eux, plus particulièrement pour les structures adjacentes.

Section 5

Recalage et segmentation d'images médicales 3D

5.1 Introduction

Cette partie aborde l'analyse médicale d'images anatomiques 3D, obtenues principalement par scanner 3D ou Imagerie par Résonance Magnétique. Un des objectifs est l'analyse de grandes bases de données d'images médicales. Cet objectif pose des problèmes de robustesse, car la variabilité anatomique humaine est très importante. Plusieurs applications bénéficieront de ces recherches, par exemple l'étude de l'anatomie humaine à grande échelle (anatomie computationnelle) ainsi que la génération de modèles 3D patient-spécifiques (via la segmentation) pour la médecine personnalisée : simulation, planification pré-opératoire.

Ce chapitre contient deux parties. La première partie concerne le recalage à grande échelle de groupes d'images 3D via extraction de points d'intérêts, nos deux principales contributions au recalage étant [Agier *et al.* (2016), Agier *et al.* (2018)]. La deuxième partie concerne la segmentation d'images médicales 3D, résumant les contributions [Kéchichian *et al.* (2013), Kéchichian *et al.* (2014), Kéchichian *et al.* (2018)]. Ces travaux ont été effectués principalement en collaboration avec Rémi Agier, Laurent Fanton, Angélique Franchi, Razmig Kéchichian, Hector Jacinto et Rémy Prost.

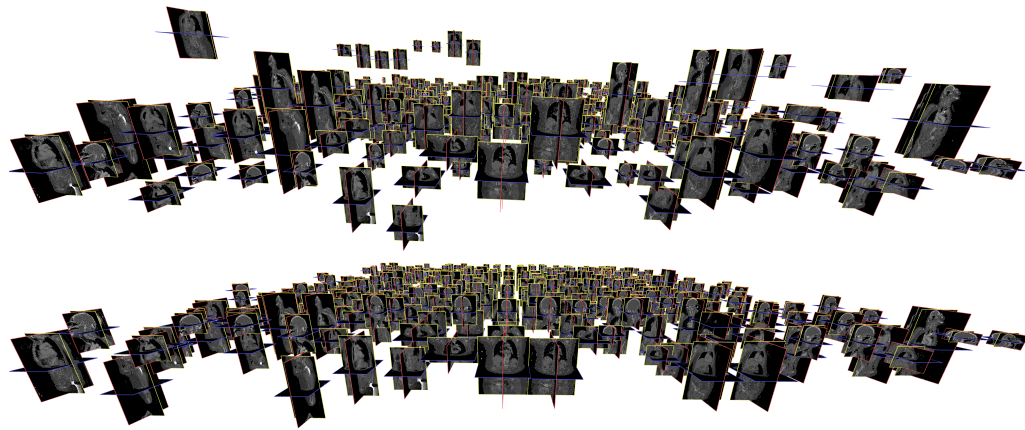


FIGURE 5.1 – 400 images scanner 3D incohérentes. En haut : un groupe d’images placées sur une grille horizontale. La hauteur des images reflète les coordonnées stockées dans les meta données des images DICOM, qui ne sont manifestement pas cohérentes d’une image à l’autre. En bas : après recalage rigide, les images sont correctement alignées et le traitement suivant peut voir lieu.

5.2 Points clés pour le recalage d’images médicales 3D

Dans cette partie, nous aborderons le recalage d’images, qui est une opération cruciale dans le domaine des images médicales. Une première observation est que les PACS (Picture Archiving and Communication System), dispositifs de stockage d’images dans le domaine de la santé, contiennent de grandes quantités d’images, qui pourraient servir à la recherche médicale, dans le cadre d’études à grande échelle. Pour permettre de telles recherches, ces images doivent être recalées entre-elles. Les images sont généralement stockées dans le format DICOM (Digital Imaging and COmmunications in Medicine). Le format DICOM permet aussi le stockage de meta-données telles que les paramètres d’acquisition de l’image ou les données du patient (telles que son nom, son age). Pour mener des études sur des images de cohortes de patients, la cohérence spatiale entre les images est primordiale, mais cette cohérence n’est pas garantie par le stockage. Par exemple, bien que le format DICOM contienne des informations sur les positions spatiales du patient dans l’imageur, nous pouvons voir sur la figure 5.1 que ces informations spatiales ne sont pas cohérentes. Donc si quelqu’un veut traiter un grand nombre d’images 3D, un recalage global est nécessaire.

Le recalage d’ensemble d’images est de nos jours principalement utilisé pour des études sur le cerveau humain [Jenkinson *et al.* (2002)]. Les études sur le corps entier sont encore rares car elles soulèvent des problèmes encore importants [Xu *et al.* (2016)a]. Le passage à l’échelle des approches de recalage de groupes d’images est encore limité, et les avancées constantes des techniques d’imagerie augmentent constamment le nombre et la taille des images 3D dans les PACS des hôpitaux. Le besoin en méthodes efficaces de recalage de groupes d’images est donc de plus en plus grand. Pour apporter une contribution sur ce sujet, nous avons choisi, au lieu du recalage classique dense d’images, d’utiliser des techniques basées sur l’extraction de points clés (ou points d’intérêt) dans les images 3D.

Les points clés sont extraits, ainsi que leur position et vecteur caractéristique. Les points d'images différentes sont comparés via leur vecteur caractéristique. Une des difficultés spécifique à notre application est que nous comparons généralement des images de patients différents, et que la forte variabilité inter-patient réduit la reproductibilité des points clés dans des images différentes.

5.2.1 Travaux connexes

Recalage d'image

Le recalage d'image consiste à trouver une transformation τ entre deux ou plusieurs images, transformant tout point p d'une image source vers un point $\tau(p)$ dans l'image cible. Le recalage a été utilisé pour de nombreuses applications telles que les études longitudinales [Scahill *et al.* (2003)], la planification de radiothérapie [Keall *et al.* (2005)], les études sur le cerveau [Jenkinson *et al.* (2002)], la segmentation multi-atlas [Lötjönen *et al.* (2010)], la reconstruction d'images [Huang *et al.* (2008)] et la microscopie [Vercauteren *et al.* (2007)]. Nous présentons ici un bref état de l'art, plus de détails sont donnés dans [Brown (1992), Maintz and Viergever (1998), Sotiras *et al.* (2013)].

Recalage de paires et recalage de groupes

Le recalage de paires consiste à recaler une image mobile sur une image fixe. Le recalage de groupes consiste à recaler ensemble tout un groupe d'images. Les approches de recalage de groupes peuvent être classées à l'aide de la théorie des graphes, comme l'illustre la Figure 5.2, où les sommets du graphe représentent les images du groupe, et les arêtes représentent les transformations entre les images. Pour pouvoir transformer n'importe quelle image du groupe en une autre, il est nécessaire d'avoir un graphe recouvrant au minimum tous les sommets. Donc au moins $n - 1$ transformations sont nécessaires pour n images.

- Les approches en étoile recalent chaque image sur une image centrale de référence (Figure 5.2a). Le résultat du recalage est un ensemble de demi-transformations τ_i , qui transforment chaque image i sur l'image de référence. Après recalage, la transformation $\tau_{a \rightarrow b}$ permettant de transformer une image a vers une autre image b est la composition de deux demi-transformations : τ_a and τ_b : $\tau_{a \rightarrow b} = \tau_b^{-1} \circ \tau_a$. Les méthodes de recalage en étoile sont biaisées par le choix initial de l'image de référence. Ce biais prend deux formes : le biais d'intensité et le biais de forme. Guimond *et al.* [Guimond *et al.* (2000)] ont proposé la réduction de ces biais en prenant en compte l'intensité moyenne de chaque image transformée, et la moyenne des transformations. Plus tard, Joshi *et al.* [Joshi *et al.* (2004)] ont amélioré cette approche en la formalisant dans le cadre des difféomorphismes. Un exemple d'application sur le cerveau est montré dans [Fonov *et al.* (2011)]. L'approche en étoile est notamment utilisée par les logiciels tels que ANTs [Avants *et al.* (2008)], Elastix [Klein *et al.* (2010)] et NiftyReg [Modat *et al.* (2008)].

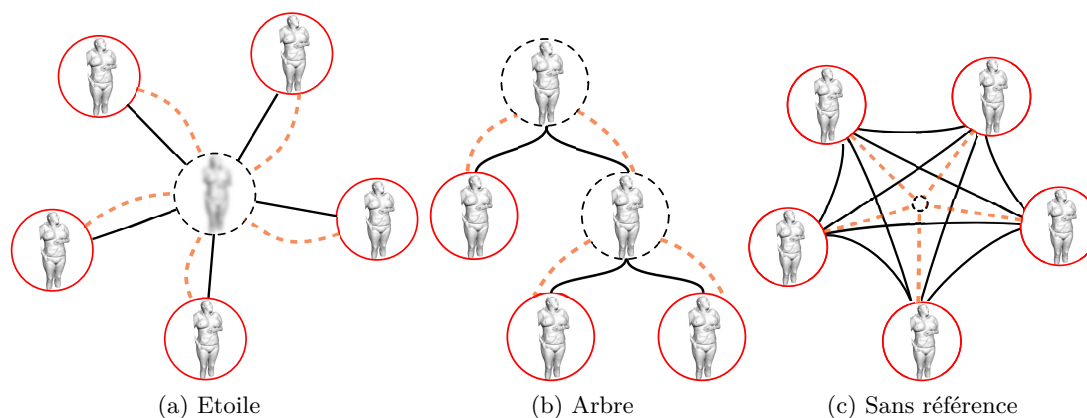


FIGURE 5.2 – Méthodes de recalage de groupes d'images. Les images sont entourées en rouge, les images de référence sont entourées en pointillé noir, les transformations en pointillé orange, et les observations en noir. Pour les recalages denses, les observations sont généralement des différences par voxel, des inter-corrélations, ou l'information mutuelle. Pour les recalages parcimonieux, les observations sont généralement des distances entre points clés correspondants. Les transformations sont optimisées par minimisation d'un terme d'énergie et pilotées par les observations. (a) Recalage en étoile (1 référence, n transformations et n observations). (b) recalage en arbre (plusieurs références, $n - 1$ transformations, $n - 1$ observations). (c) recalage sans référence, avec un espace commun, n demi-transformations et au maximum $\frac{n(n-1)}{2}$ observations.

- Les méthodes de recalage par arbre utilisent un arbre recouvrant combiné à plusieurs références. [Wu *et al.* (2011)], comme montré sur la Figure 5.2b. Ainsi, la variabilité peut être distribuée sur plusieurs références.
- Les méthodes sans référence utilisent un espace commun, mais n'utilisent pas d'image de référence. De plus, tandis que les approches en étoile et en arbre utilisent des graphes minimaux, les méthodes sans référence peuvent utiliser un graphe dense, bénéficiant de beaucoup plus de relations et contraintes entre les individus ; comme montré sur la Figure 5.2c. Pour recaler n images, il est alors possible d'utiliser jusqu'à $n(n - 1)/2$ observations inter-image. Les observations peuvent être des recalages par paires ou des correspondances locales. Dans ce sens, Hamm *et al.* [Hamm *et al.* (2010)] ont proposé GRAM, une approche sans référence basée sur l'apprentissage de variétés. Cet algorithme utilise des recalages denses par paires, ce qui est très coûteux en temps de calcul. Par exemple les auteurs rapportent un temps de calcul de 24 heures (sur une grappe de machines) pour recaler 416 images de faible résolution ($68 \times 56 \times 72$). Yin *et al.* [Ying *et al.* (2014)] ont proposé une approche similaire utilisant l'élagage de graphe. Une autre approche de recalage non rigide a aussi été proposée par Wu *et al.* [Wu *et al.* (2012)], mais cet algorithme est spécifique au traitement du cerveau, car il requiert la segmentation de l'image en plusieurs classes : matière blanche, matière grise et liquide cérébro-spinal.

Le recalage de groupes d'images a la plupart du temps été utilisé pour analyser le cerveau, car le cerveau humain varie relativement peu d'un individu à l'autre, contrairement à l'anatomie du corps entier. Les études sur le corps entier, comme proposé dans [Suh *et al.* (2011)] restent rares. L'avantage des approches sans référence devient clair quand utiliser une image de référence n'est pas aisé. Le recalage corps entier est un exemple de cas problématique, car utiliser une image de référence qui conviendrait à la fois pour les femmes et les hommes semble difficilement réalisable.

Rigide & Déformable

Le recalage rigide [Ashburner *et al.* (2003)] consiste à calculer une transformation linéaire entre deux images. La transformation peut être une translation, rotation ou une transformation plus expressive, combinant translation, rotation et échelle. Les transformations rigides peuvent être utilisées par exemple pour l'analyse Procrustes [Schönemann (1966)], analyse Procrustes généralisée [Bartoli *et al.* (2013)], l'assemblage de mosaïques ou comme étape initiale pour le recalage déformable. Le recalage déformable consiste à calculer une transformation plus libre, capable d'exprimer des variations locales, qui ne peuvent pas être représentées par des transformations rigides. Les transformations ne peuvent néanmoins pas être arbitraires, et doivent être généralement lisses et inversibles.

Dense & Parcimonieux

Une autre caractéristique permet de distinguer les transformations, selon la manière dont elles abordent les données à traiter.

Le recalage dense estime un déplacement sur l'intégralité de l'image [Avants *et al.* (2008), Modat *et al.* (2008), Modat *et al.* (2014)]. Les approches les plus courantes utilisent les différences d'intensité entre les images, mais d'autres critères peuvent être utilisés, tels que l'inter-corrélation [Lewis (1995)] ou l'information mutuelle [Pluim *et al.* (2003)]. Le résultat est généralement présenté sous la forme d'un vecteur de déplacement pour chaque voxel. Les principales difficultés inhérentes au recalage dense sont un coût calculatoire important et un problème mal posé qui nécessite généralement une régularisation [Robinson and Milanfar (2004)]. Par exemple, la suite logicielle Advanced Normalization Tools (ANTs) [Avants *et al.* (2008)] recalcule deux images thoraciques en 2 heures sur notre machine de test.

Le recalage parcimonieux, au lieu de travailler sur une grille dense, utilise généralement uniquement quelques points de mesure dans l'image. Comparé au recalage dense, le recalage parcimonieux est beaucoup plus rapide [Allaire *et al.* (2008), Cheung and Hamarneh (2009)] mais peut présenter des résultats moins précis car les points ne couvrent pas forcément toute l'image. Pour le recalage non rigide, les transformations parcimonieuses nécessitent un interpolant, tel que les splines [Szeliski and Coughlan (1997)] ou les fonctions à base radiale [Fornefett *et al.* (2001)]. L'interpolant propose de manière inhérente une solution lisse, ce qui régularise le problème. Les points de mesure peuvent être de différents types :

- Des repères anatomiques de référence, qui sont placés manuellement par un expert.

Le placement est généralement effectué par un médecin et peut prendre beaucoup de temps. L'utilisation de ces repères est présentée par exemple dans [Wang *et al.* (2006), Li *et al.* (2012)]

- Des références anatomiques placées automatiquement sur l'image par un algorithme, comme celui qui est proposé par Zhu et al. [Zhu *et al.* (2013)]
- Les sommets d'un maillage surfacique représentant l'objet ou organe à recalcr, comme proposé dans [Rasoulouian *et al.* (2012)]
- Des points clés, détectés et placés automatiquement dans l'image. Une différence importante entre les repères anatomiques et les points clés est que les points clés ne sont pas définis par des connaissances anatomiques, mais par des termes mathématiques qui traduisent des propriétés locales de l'image. Ainsi, bien qu'il soit souhaitable de toujours retrouver les mêmes points clés d'un individu à l'autre, ce n'est en pratique jamais le cas, et le nombre de points clés extraits n'est pas connu à priori pour une image donnée. La section suivante décrit plus précisément le principe des points clés.

Certaines approches combinent des méthodes denses et parcimonieuses [Hellier and Barillot (2003)]. Par exemple, Wu et al. [Wu *et al.* (2012)] utilisent des points d'ancrages pour accélérer une méthode de recalage dense.

Points clés

Durant les deux dernières décennies, les points clés ont été utilisés avec succès pour de nombreuses applications telles que la reconnaissance d'objets [Lowe (1999)], d'actions [Wang *et al.* (2011)], pour la navigation robotique (Simultaneous Localization and Mapping) [Karlsson *et al.* (2005)] et la reconstruction d'images panoramiques [Anguelov *et al.* (2010)]. Le traitement par points clés réduit les besoins en calcul et en volume de données à traiter, et permet parfois le calcul en temps interactif même lorsque le volume de données est grand. La pertinence des points clés pour le traitement d'images médicales a été évaluée positivement [López *et al.* (1999)], et de nombreuses applications ont été proposées dans ce contexte, comme l'annotation d'images [Datta *et al.* (2005)], la recherche d'images [Zheng *et al.* (2008)] et la segmentation [Kéchiçhian *et al.* (2014), Wachinger *et al.* (2018)]. Initialement conçues pour les images 2D, les approches utilisant les points clés ont aussi été étendues aux images médicales 3D [Allaire *et al.* (2008), Cheung and Hamarneh (2009), Rister *et al.* (2017)].

Le processus d'extraction de points clés se déroule généralement ainsi : pour chaque image, un détecteur extrait les positions dans l'image qui présentent des formes caractéristiques, par exemple des coins (en analysant la dérivée première de l'image [Harris and Stephens (1988)]) ou des régions homogènes (en étudiant la dérivée seconde). La Scale Invariant Feature Transform (SIFT) calcule des différences de Gaussiennes [Lowe (1999)] et les Speeded Up Robust Features (SURF) calculent des images intégrales pour réduire le temps de calcul [Bay *et al.* (2008)]. Ensuite, le voisinage de chaque région extraite est résumé en un vecteur compact, appelé vecteur caractéristique ou descripteur. En guise

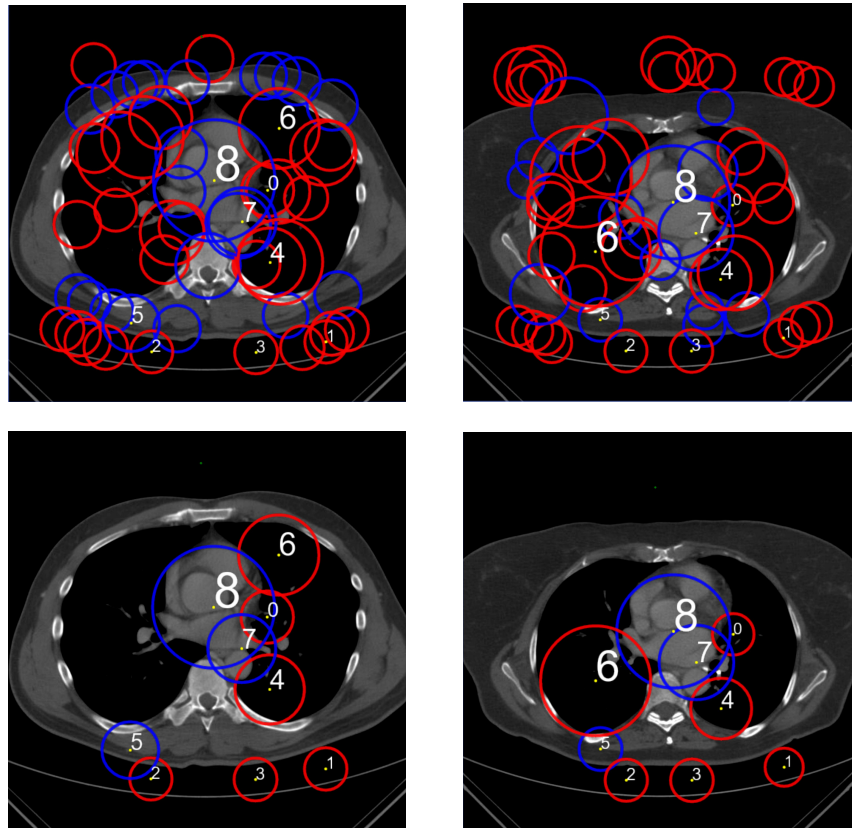


FIGURE 5.3 – Haut : points clés extraits de deux images issues de la base de données VISCERAL. Chaque point-clé est représenté par un cercle dont la taille reflète j'échelle de détection. La couleur rouge indique une valeur de Laplacien négative, et la couleur bleue indique une valeur positive [Bay *et al.* (2008)]. Bas : les 9 points clés correspondants entre les deux images.

de descripteur, la méthode SIFT utilise des histogrammes de gradients, tandis que SURF stocke une information locale de texture par analyse à l'aide d'ondelettes de Haar.

Un recalage efficace peut être effectué en plusieurs étapes :

- Les points clés sont extraits des images à recaler, chaque point clé possédant une position et un vecteur caractéristique (figure 5.3 (haut)).
- Les points clés issus d'images différentes sont appariés en comparant leurs vecteur caractéristiques respectifs. Le résultat est un ensemble de points appariés (figure 5.3 (bas)).
- Le recalage est effectué en optimisant une ou plusieurs transformations qui minimisent les distances entre les points appariés [Mikolajczyk and Schmid (2005)]

L'utilisation de points appariés permet un recalage relativement rapide, comparé aux méthodes denses. De plus, une fois les points clés extraits, ces points peuvent être utilisés pour plusieurs recalages différents.

Un inconvénient de l'utilisation des points clés est la quantité significative de mauvais appariements (outliers en anglais). Ces mauvaises paires sont des paires dont les descripteurs

sont similaires mais dont les régions qu'il décrivent sont différentes. La qualité des images acquises influence directement le taux de mauvais appariement, qui peut dépasser 30% avec du matériel grand public [Läbe and Förstner (2004)] (37% dans [Mikolajczyk and Schmid (2002)]).

Pour diminuer l'influence des mauvaises paires, les M-estimateurs [Huber (2011)] sont une approche efficace de pondération adaptative des paires. En utilisant des outils statistiques robustes, chaque paire de points peut être classée comme bonne paire ou mauvaise paire et pondérée en conséquence. Une telle pondération nécessite généralement l'estimation de la variance de la contribution des bonnes paires, déduite de l'écart-type médian. Cependant, l'écart-type médian ne peut pas estimer avec robustesse un ensemble dont le taux de mauvais appariements dépasse 50% [Donoho and Huber (1983)].

Les points clés ont rarement été utilisés pour le recalage de groupe. La plupart des méthodes parcimonieuses utilisent des repères anatomiques. Une exception est Zhang et al. [Zhang and Cootes (2012)] qui ne traite que des images 2D.

Ajustement de faisceaux

L'ajustement de faisceaux (Bundle Adjustment en anglais) est une approche issue du domaine de la vision par ordinateur qui permet de reconstruire une scène 3D à partir de vues 2D, en re-projetant dans l'espace 3D les points clés extraits des images 2D [Triggs *et al.* (2000)]. Cet algorithme permet un suivi de scène efficace, robuste face aux dégradations de qualité des images [Karlsson *et al.* (2005)], et permet de traiter de grandes quantités de données, jusqu'à la reconstruction partielle de grandes villes [Frahm *et al.* (2010)].

L'ajustement de faisceaux optimise simultanément la position des points clés, les positions des dispositifs d'imagerie et leurs paramètres d'acquisition. Cette optimisation est de grande dimensionnalité et non-convexe [Dauphin *et al.* (2014)], principalement à cause de (1) la non-linéarité de la géométrie projective, (2) les mauvaises paires de points et (3) l'utilisation de M-estimateurs. Une attention particulière doit donc être apportée à la méthode d'optimisation. Une bonne initialisation est notamment importante, pour rester proche de la solution au cours de l'optimisation. L'approche de minimisation la plus courante est la méthode de Levenberg-Marquart [Moré (1978)].

5.2.2 Verrous et Contributions

Dans ce contexte, nous avons apporté trois contributions principales au recalage de groupes d'images médicales 3D, qui sont décrites dans les sections suivantes :

- Une extension des descripteurs SURF [Bay *et al.* (2008)] pour les images 3D [Agier *et al.* (2016)]
- Une solution au recalage rigide de groupes d'images partiellement recouvrantes [Agier *et al.* (2016)]
- Une solution au recalage déformable de groupes d'images [Agier *et al.* (2018)].

5.2.3 3D SURF

L'approche SURF est efficace et peu complexe pour extraire des points clés, mais est limitée initialement aux images 2D. Nous avons étendu cet algorithme aux images 3D.

Détecteur

La première étape est l'extension de l'espace échelle 3D d'une image 2D à un espace 4D pour les images 3D. Similairement à l'algorithme 2D SURF, nous calculons des filtres-boîtes qui sont une bonne approximation de la matrice locale Hessienne $\mathbf{H}(\mathbf{x})$ en tout point $\mathbf{x} = (x, y, z)$ de l'image. Le résultat est une matrice 3x3 \mathbf{H} . La détection des points clés se fait en analysant le signe des valeurs propres de \mathbf{H} . Mais contrairement à la version 2D, le calcul du déterminant de \mathbf{H} n'est pas suffisant pour vérifier que toutes les valeurs propres sont négatives ou positives. Donc, similairement à l'approche proposée par Allaire et al. pour 3D SIFT [Allaire et al. (2008)], nous calculons en plus du déterminant la trace du Hessien $tr(\mathbf{H})$ et la somme des mineurs principaux du second ordre $\sum det_2^P(\mathbf{H})$, pour avoir des connaissances suffisantes sur les signes des valeurs propres.

Descripteur

Dans sa version 2D, SURF découpe le voisinage des points clés en blocs de taille 4x4. Pour chaque bloc, un ensemble de descriptions est calculé en utilisant les décompositions des blocs d'images sur la base des fonctions de Haar, que nous appelons réponses. Les réponses sont concaténées dans un vecteur de dimension 64 qui est normalisé. Nous appliquons une approche similaire pour le 3D, en découpant les voisinages des points clés en blocs 2x2x2 et en extrayant 3x2 ensembles de réponses par bloc. Le résultat est un vecteur caractéristique de dimension 48.

Nous avons fait le choix de ne pas estimer l'orientation principale des blocs. Plusieurs solutions invariantes en rotation existent déjà [Allaire et al. (2008), Cheung and Hamarneh (2007)], mais dans notre application, nous faisons l'a-priori important que le patient est toujours dans la même position dans l'imageur. Ceci rend le calcul d'orientation moins prépondérant, tant que les déformations inter-patient restent modérées.

5.2.4 Recalage rigide de groupes d'images 3D

Ici nous décrivons notre approche de recalage rigide [Agier et al. (2016)], qui se décompose en trois étapes principales : extraction des points clés, recalage de toutes les paires d'images, minimisation de la distance entre points par élagage de graphe.

Recalages par paires

Une fois que les points clés SURF sont extraits de toutes les images, nous recalons toutes les paires possibles d'images à l'aide de l'algorithme RANSAC (RANDOM SAMPLE

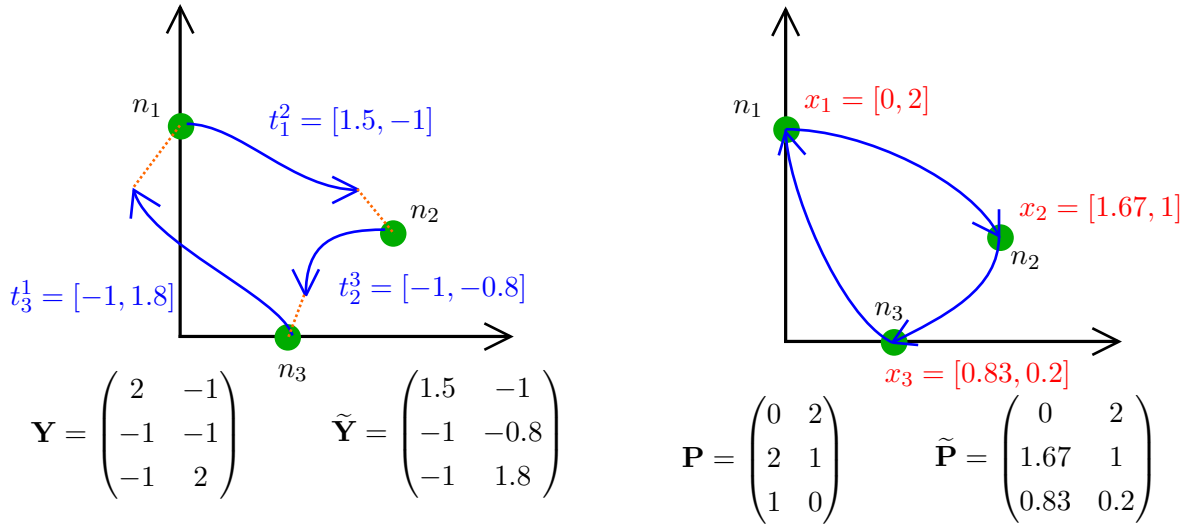


FIGURE 5.4 – Un problème simple avec 3 noeuds et 3 translations. Gauche : Les flèches bleues représentent les différences estimées par recalage. Les lignes pointillées orange représentent les erreurs de recalage. La matrice \mathbf{Y} représente les différences réelles de position entre les noeuds, et la matrice $\tilde{\mathbf{Y}}$ représente les différences estimées. Droite : positions reconstruites. Les flèches bleues représentent les différences estimées entre les noeuds. La matrice \mathbf{P} représente les positions réelles, et la matrice $\tilde{\mathbf{P}}$ les positions estimées.

Consensus [Fischler and Bolles (1981)]. Pour chaque recalage, une transformation f rigide est estimée, possédant 4 degrés de liberté : 3 pour la translation t et 1 pour l'échelle s :

$$f : x \mapsto s.x + t \quad (5.1)$$

A la suite de cette étape, nous disposons d'un ensemble de $n*(n-1)/2$ transformations, où n est le nombre d'images du groupe. Ces transformations relient les images ensemble, mais ces liens sont parfois erronés, pour plusieurs raisons :

- certaines images ne contiennent pas la même région anatomique, donc le résultat de leur recalage n'a aucun sens,
- du fait de la variabilité inter-patient, certains recalages entre individus trop différents peuvent être incorrects.

Recalage global

Une fois les recalages de toutes les paires effectués, nous pouvons calculer une solution globale au problème. D'un point de vue abstrait, notre problème est équivalent au calcul des positions de points en ne connaissant que leurs positions relatives. La figure 5.4 montre un exemple où 3 noeuds n_1 , n_2 et n_3 , doivent être positionnés (à une translation près), en connaissant leurs 3 positions relatives t_1^2 , t_2^3 et t_3^1 .

Nous proposons de résoudre ce problème en l'exprimant sous forme d'une équation de Laplace [Cohen-Or and Sorkine (2006)], en utilisant le graphe complet des recalages. Le graphe porte plusieurs informations :

- Chaque noeud n_i correspond à une image I_i , avec un repère local x_i qui sera ajusté en accord avec le groupe d'images.
- Chaque arête e_j^k porte la translation t_j^k entre les images I_j et I_k déduite du recalage de cette paire. Il faut remarquer que, comme certains recalages sont incorrects, l'ensemble des translations ne forme pas forcément un ensemble cohérent.

Le problème se simplifie au calcul du meilleur ensemble de repères locaux x_i en fonction des translations données t_j^k . Ce problème peut prendre une forme matricielle :

$$\mathbf{E}^t \cdot \mathbf{P} = \mathbf{Y} \quad (5.2)$$

Où \mathbf{E} est la matrice d'incidence du graphe (les relations entre les noeuds). \mathbf{P} la matrice des positions x_i , chaque ligne correspondant à un noeud. \mathbf{Y} est la matrice d'observations, où chaque ligne contient la transformation estimée par recalage e_j^k . Dans notre cas, nous recherchons la meilleure estimation de \mathbf{P} étant donné une matrice d'observations incohérentes \mathbf{Y} . Ce problème ne peut pas être résolu directement car d'un point de vue géométrique, la reconstruction des positions absolues depuis les positions relatives n'est possible qu'à une translation globale près : appliquer le même déplacement sur tous les noeuds ne change pas leurs positions relatives. Pour résoudre ce problème, nous fixons arbitrairement les coordonnées d'un noeud et résolvons l'équation 5.2 par une méthode de moindres carrés. Dans la figure figure 5.4, les coordonnées du noeud n_1 ont été fixées au préalable.

Elagage du graphe

Dans le paragraphe précédent, les recalages entre toutes les paires d'images sont utilisés. Or les recalages entre les images ne contenant pas les mêmes régions anatomiques induisent d'importantes erreurs, comme montré dans la figure 5.5. Certaines arêtes du graphe représentent une observation erronée.

Une solution est la suppression des arêtes qui portent les moins bons recalages, tout en conservant la connexité du graphe. Ceci requiert la définition d'un critère de qualité pour chaque transformation estimée. Nous avons simplement choisi comme critère de qualité pour un recalage donnée entre deux images, le nombre de paires satisfaisant le modèle trouvé par RANSAC (le nombre d'*inliers*). Nous supprimons séquentiellement les arêtes dont le critère de qualité est le plus faible, sans briser la connexité du graphe, jusqu'à atteindre un nombre d'arêtes égal à $k * n$. Expérimentalement, nous avons fixé k à 3.

Extension au calcul d'échelle

Notre approche ne permet d'estimer que des grandeurs sommables, telles les translations entre les images. Pour permettre une estimation de l'échelle, nous utilisons le logarithme de l'échelle comme 4e dimension, et son estimation devient alors possible comme pour les positions absolues.

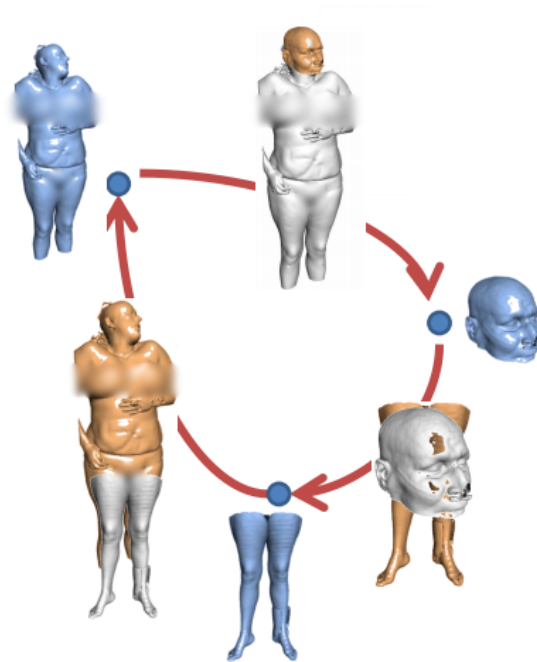


FIGURE 5.5 – Illustration du problème avec 3 volumes (jambes, tête, corps) et 1 recalage impossible. Pour recalier correctement cet ensemble de 3 volumes, le recalage entre les jambes et la tête ne doit pas être pris en compte.

Résultats

Nous avons utilisé cette méthode pour recalier un grand groupe d'images de tomodensitométrie 3D hétérogènes. Les images sont de différentes dimensions et résolutions et peuvent contenir des parties du corps différentes. Tous les calculs ont été effectués sur une station de travail avec 24 processeurs et 128Go de RAM, via notre interface DESK [Jacinto *et al.* (2012)].

En pratique les points SURF apportent un encodage de l'information qui est très compact. Par exemple, une image nécessitant entre 200 et 600 Mo peut être résumée en une description SURF nécessitant environ 1Mo. L'extraction des points clés nécessite un temps proportionnel au nombre d'images et peut être facilement parallélisée.

Le recalage global proprement dit est lui de complexité quadratique, car nous devons recalier toutes les paires d'images possibles. Le recalage d'une paire d'images nécessite quelques secondes sur notre machine de test. La figure 5.1 montre un exemple de recalage de 400 images. La figure 5.6 donne les temps de calcul en fonction du nombre d'images à traiter. Une première application de notre algorithme est le masquage automatique des yeux dans les images, comme montré sur la figure 5.7. Dans cette figure, les yeux sont correctement détectés et recouverts sauf pour les cas où la tête du patient est en rotation, ce qui rompt les hypothèses du recalage rigide.

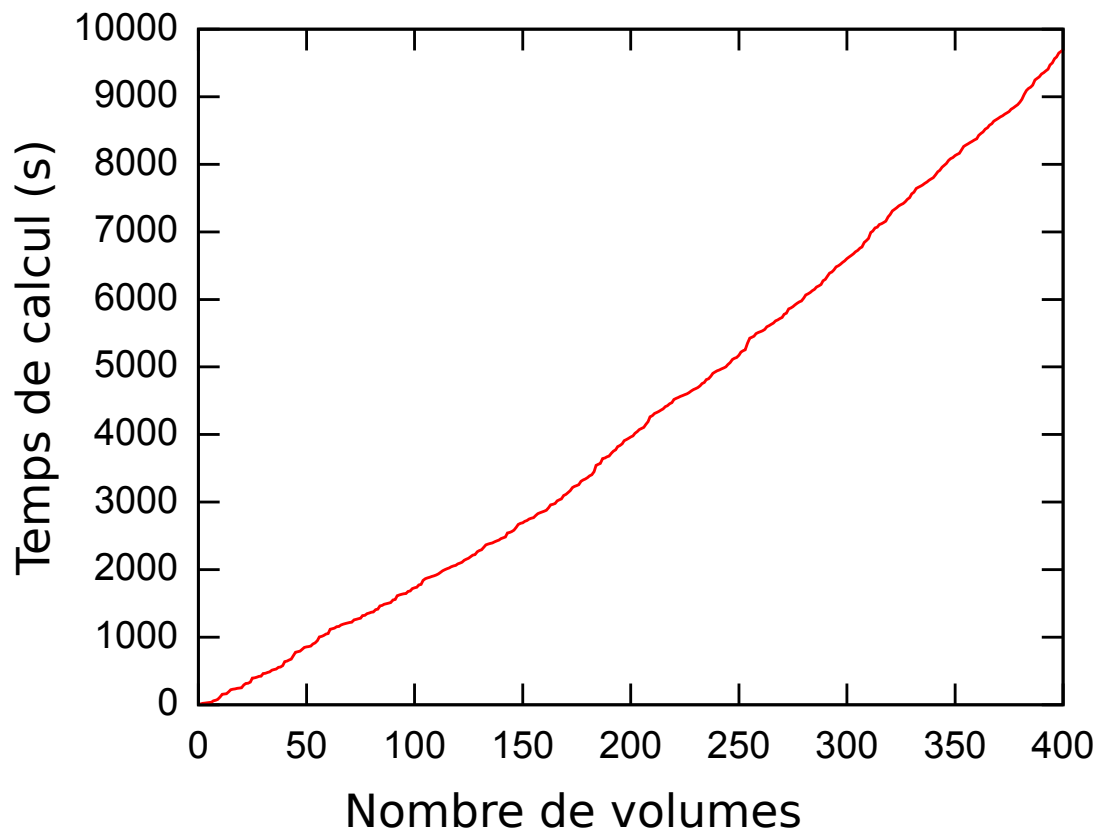


FIGURE 5.6 – Temps de calcul (en secondes) en fonction du nombre de volumes

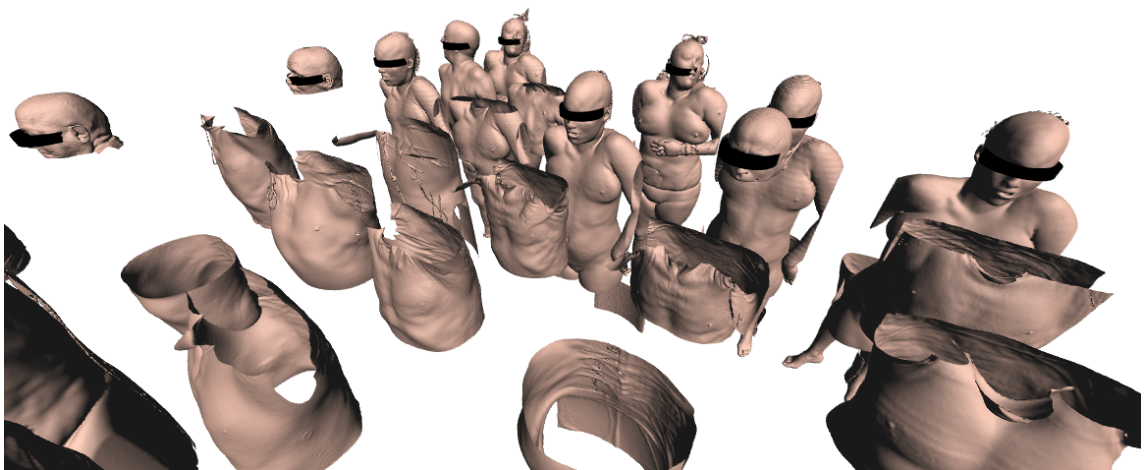


FIGURE 5.7 – Application au masquage des yeux. Ici, la position des yeux est estimée par recalage global.

5.2.5 Recalage déformable de groupes d'images 3D

Challenges et contributions

Cette section présente notre approche de recalage déformable basée sur l'extraction de points clés. Ici, l'un des principaux verrous est la conséquence de la variabilité inter-patient qui augmente significativement le taux de mauvais appariement. Ce taux, qui se situe aux alentours de 30% pour les individus similaires, peut augmenter jusqu'à 70% pour des individus différents. Une raison est que nous devons effectuer l'appariement de points clés avec des critères moins sélectifs, afin d'augmenter le nombre de paires. Une conséquence est que les M-estimateurs ne peuvent plus filtrer correctement les mauvais appariements, car le taux maximal de mauvais appariement qu'il peuvent supporter est 50%. Il en résulte le besoin de proposer un nouvel estimateur plus robuste. Notre approche apporte trois contributions principales :

- *Recalage déformable sans référence* : Nos données d'entrée sont uniquement les points clés extraits des images. Nous utilisons un espace commun et des demi-transformées, de façon similaire à un recalage en étoile, mais nous n'utilisons pas de référence centrale : notre optimisation s'effectue uniquement selon des critères inter-images, comme nous l'avons illustré sur la figure 5.2c. Les demi-transformées sont représentées par des pyramides de Splines, et nous utilisons le graphe complet (contenant toutes les paires d'images) pour l'optimisation. Cette représentation compacte permet le recalage de 100 images 3D (512x512x400, 32 bits) avec une occupation mémoire se limitant à 10 Go.
- *Pondération EM* : Afin de pouvoir traiter des ensembles de paires de points clés avec un taux de mauvais appariement supérieur à 50%, nous proposons une approche de pondération basée sur l'algorithme espérance-maximisation (Expectation-Maximization en anglais) qui estime explicitement les distributions de bonnes et mauvaises paires. Les résultats expérimentaux ont montré que la pondération EM proposée apporte une sélectivité supérieure au M-estimateur.
- *Optimisation efficace* : Nous proposons un algorithme d'optimisation adapté à notre problème non rigide, qui permet de recaler 20 volumes (512x512x400) en moins d'une heure sur notre machine de test.

Résumé de la méthode

Notre algorithme procède en trois étapes :

- Les points clés SURF 3D sont extraits des images à traiter
- Les points clés sont comparés et appariés en fonction de leurs descripteurs
- Les demi-transformées sont optimisées pour chaque image, en minimisant, dans l'espace commun, la distance entre les points appariés. L'optimisation limite l'influence des mauvais appariements.

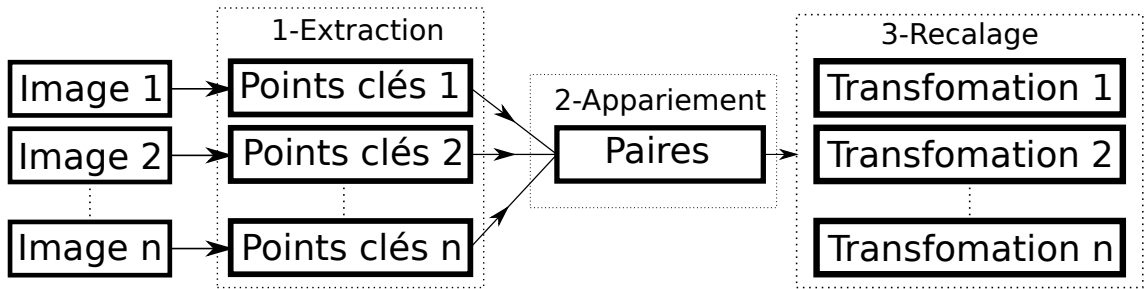


FIGURE 5.8 – Les trois étapes de notre algorithme : (1) Les points clés sont extraits de chaque image. (2) Les points sont appariés, et une liste de paires est construite. (3) Le recalage optimise une demi-transformation pour chaque image afin de minimiser dans l'espace commun les distances entre les points appariés.

La figure 5.8 montre ces trois étapes sous la forme d'un schéma-bloc.

Optimisation des demi-transformations en fonction des points clés

Nous considérons un ensemble \mathcal{I} de n images 3D. Nous extrayons pour chaque image i l'ensemble des points clés 3D SURF $\mathcal{P}^i = \{p_a^i\}$ [Agier *et al.* (2016)]. Nous définissons l'ensemble des points clés $\mathcal{P} = \bigcup \mathcal{P}^i$. Nous calculons l'ensemble des points appariés $\mathcal{M} = \{(p_a^i, p_b^j)\}$ pour toutes les paires d'images (i, j) . Comme expliqué auparavant, \mathcal{M} contient des mauvaises paires, dont il faudra limiter l'influence. L'optimisation des demi-transformations $\mathcal{T} = \{\tau^i\}$ s'effectue en minimisant pour chaque paire (p_a^i, p_b^j) la distance entre les points transformés :

$$d(p_a^i, p_b^j) = \|\tau^i(p_a^i) - \tau^j(p_b^j)\| \quad (5.3)$$

La figure 5.9 montre une vue d'ensemble de l'optimisation sur un exemple avec 4 images à traiter, 7 points clés et 5 paires de points.

Pondération EM

Une approche efficace pour diminuer l'influence des mauvais appariements est l'utilisation de statistiques robustes comme les M-estimateurs [Fox (2002)]. Un a priori courant pour les M-estimateurs est que la distribution de probabilité de la distance (5.3) est une combinaison d'une distribution normale, la contribution des bons appariements, et une distribution uniforme, la contribution des mauvais appariements. Les M-estimateurs doivent estimer la variance des bons appariements, qui fournit un moyen de pondérer efficacement la contribution de chaque distance $d(p_a^i, p_b^j)$ (5.3) durant l'optimisation. Dans notre cas, les distributions sous-jacentes suivent des lois différentes :

- **Les contributions des bon appariements** sont des normes de vecteurs gaussiens aléatoires dans \mathbb{R}^3 . Ils suivent donc une distribution χ à 3 degrés de liberté, connue aussi sous le nom de distribution de Maxwell.

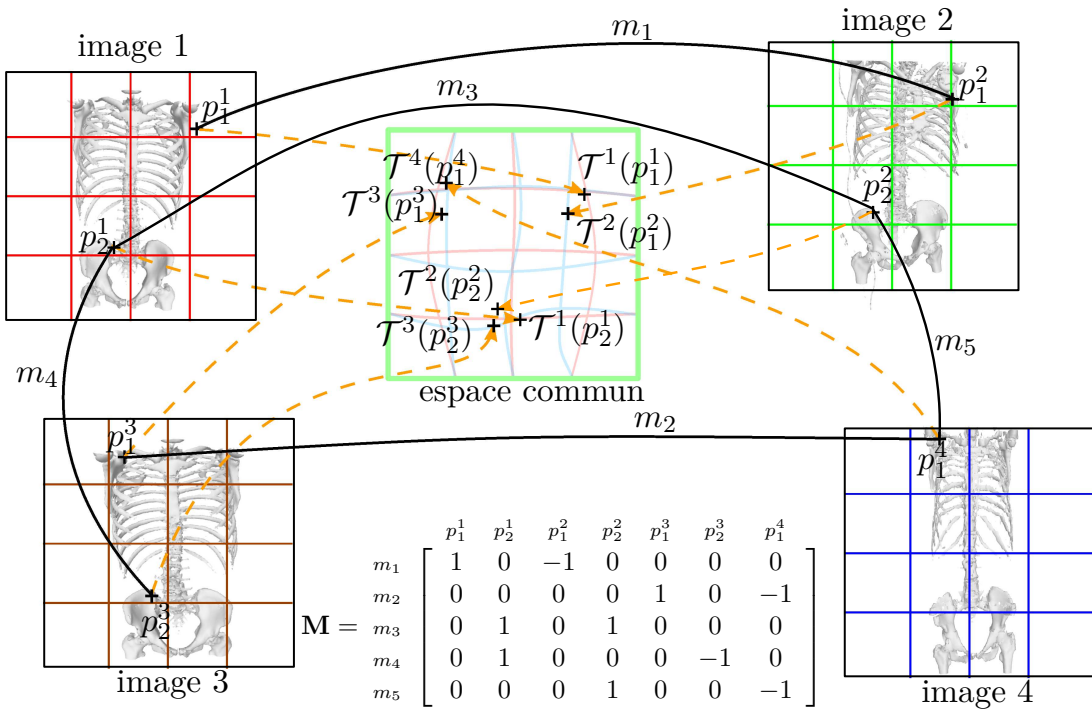


FIGURE 5.9 – Exemple d’optimisation avec 4 images. Pour simplifier l’affichage, seuls les os sont montrés dans les images. Superposée sur chaque image i : la grille qui supporte les Splines qui représentent les transformations non-rigides τ^i . Au centre : l’espace commun, dans lequel sont mesurées les distances entre les points appariés. De manière similaire à la figure 5.2c, les paires sont représentées par des liens en noir, tandis que les transformations des points sont affichées en orange pointillé. Dans cet exemple simple, 7 points clés ont été extraits : $\mathcal{P} = \{p_1^1, p_2^1, p_1^2, p_2^2, p_1^3, p_2^3, p_1^4\}$, et 5 paires ont été trouvées : $\mathcal{M} = \{(p_1^1, p_1^2), (p_1^3, p_1^4), (p_2^1, p_2^2), (p_2^2, p_2^3), (p_2^2, p_1^4)\}$. La paire (p_2^2, p_1^4) est une mauvaise paire. \mathbf{M} est la matrice de connectivité.

- **Les contributions des mauvais appariements** sont des distances entre des vecteurs aléatoires (distribution uniforme) de \mathbb{R}^3 . Nous proposons une approximation de cette distribution en utilisant aussi une distribution de Maxwell.

On peut donc formuler pour chaque image i la densité de probabilité de la distance ainsi :

$$\begin{aligned}
 P^i(d) &= r^i \cdot f(d, s_1^i) + (1 - r^i) f(d, s_2^i) \\
 f(d, s) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \frac{d^2}{s^3} e^{-\frac{d^2}{2s^2}}
 \end{aligned} \tag{5.4}$$

où f est la fonction de densité de probabilité de Maxwell, s_1^i et s_2^i sont, respectivement, les paramètres d’échelle des bons et mauvais appariements et r^i est leur facteur de mélange. Au lieu d’estimer la variance de la contribution des bons appariements, nous estimons directement pour chaque image i les paramètres $\theta^i = (s_1^i, s_2^i, r^i)$ de $P^i(d)$ en utilisant l’algorithme espérance-maximisation [Dempster *et al.* (1977)]. Comme nous estimons

explicitement les lois de Maxwell, notre approche fonctionne même avec un taux de mauvais appariements supérieur à 50% car nous ne nous servons pas de l'opérateur de la médiane pour mesurer les variances. En suivant la règle de Bayes, nous pouvons en déduire pour chaque distance d la probabilité pour que la paire appartienne à la classe des bons appariements I :

$$P(I|d, \theta^i) = \frac{r^i f(d, s_1^i)}{r^i f(d, s_1^i) + (1 - r^i) f(d, s_2^i)} \quad (5.5)$$

Cette probabilité peut ainsi inhiber la contribution des mauvais appariements. Cependant, comme chaque appariement (p_a^i, p_b^j) lie deux images, deux probabilités peuvent être calculées pour chaque paire : $P(I|(p_a^i, p_b^j), \theta^i)$ et $P(I|(p_a^i, p_b^j), \theta^j)$, prenant en compte le contexte de l'image i ou j . Pour obtenir un critère symétrique, nous choisissons le minimum des deux valeurs pour pondérer chaque appariement :

$$w(p_a^i, p_b^j) = \min[P(I|d(p_a^i, p_b^j), \theta^i), P(I|d(p_a^i, p_b^j), \theta^j)] \quad (5.6)$$

Le minimum est une bonne heuristique car il augmente la sélectivité envers les mauvais appariements. Dans nos expériences, nous avons observé qu'il était préférable de rejeter des bons appariements plutôt que d'accepter des mauvais appariements. La figure 5.10 montre un exemple sur des données synthétiques et des données réelles, ainsi qu'une comparaison entre pondération EM et M-estimateur. Cette comparaison montre que notre pondération EM est plus efficace et plus sélective que le M-estimateur.

De plus, les statistiques des appariements sont spatialement hétérogènes, du fait de la nature non-rigide du recalage et de la forte variabilité inter-individus. Une conséquence est qu'au cours de l'optimisation, une partie du corps peut être déjà bien recalée tandis qu'une autre partie du corps peut être encore mal recalée. Nous avons donc utilisé une version locale de la pondération EM, qui calcule localement les statistiques des appariements, apportant plus de robustesse à notre approche.

Optimisation

Nous proposons d'optimiser les transformations \mathcal{T}^* en minimisant pour chaque point clé la distance quadratique à ses points appariés, en pondérant chaque distance (5.3) avec la pondération EM (5.6) :

$$\mathbf{E}(\mathcal{T}) = \sum_{i=1}^n \sum_{p_a^i \in \mathcal{P}^i} \left(\frac{1}{|\mathcal{N}(p_a^i)|} \sum_{p_b^j \in \mathcal{N}(p_a^i)} w(p_a^i, p_b^j) d(p_a^i, p_b^j)^2 \right) \quad (5.7)$$

où $\mathcal{N}(p_a^i)$ est l'ensemble des points clés appariés avec le point clé p_a^i et $|\mathcal{N}(p_a^i)|$ est son cardinal.

Cependant, $n - 1$ transformations sont suffisantes pour recaler n images alors que nous avons n transformations inconnues τ^i dans notre problème. Le problème est donc

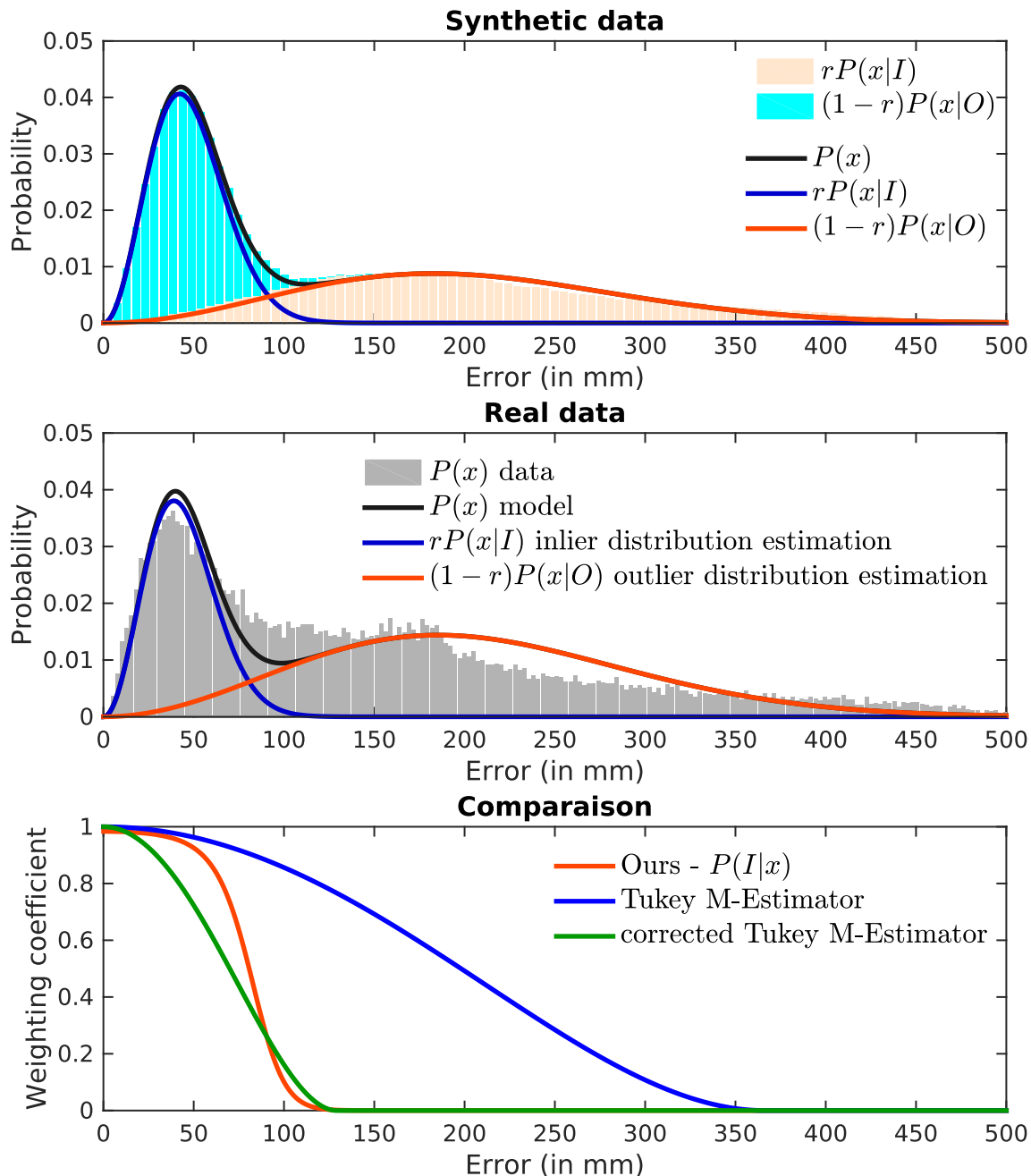


FIGURE 5.10 – Pondération EM et M-estimateurs. Haut : données synthétiques. La distribution des bons appariements est en bleu et la distribution des mauvais appariements en orange. Les courbes bleue et rouge représentent leurs approximations avec des lois de Maxwell. Milieu : Données réelles, avec un taux de mauvais appariement supérieur à 50%. L’histogramme en gris est calculé sur une image de la base de données VISCERAL après recalage. Bas : comparaison entre les fonctions de pondérations obtenues à partir des données réelles (milieu). La courbe bleue est la courbe de pondération obtenue par le M-estimateur de Tuckey. Une mauvaise estimation de la variance provoque une acceptation significative de mauvais appariements. La courbe verte est la courbe obtenue par le M-estimateur quand la variance est corrigée. En rouge : la courbe obtenue avec notre pondération EM, qui offre une meilleure sélectivité.

sous-déterminé : la convergence n'est pas garantie, et les transformations peuvent diverger durant l'optimisation. En nous inspirant de [Wu *et al.* (2012)], nous supprimons ce degré de liberté en ajoutant une contrainte supplémentaire au problème :

$$\mathcal{T}^* = \min_{\mathcal{T}} \mathbf{E}(\mathcal{T}) \quad s.t. \sum_{i=1}^n \mathbf{x}^i = \mathbf{0} \quad (5.8)$$

où \mathbf{x}^i sont les coefficients des splines, modélisant les transformations τ^i . Nous optimisons cette équation en s'inspirant de la méthode des Moindres Carrés Pondérés par Itération (Iteratively Reweighted Least Squares en Anglais), utilisant un algorithme de descente de gradient et en recalculant les paramètres θ^i toutes les 10 itérations. Enfin, nous utilisons une approche hiérarchique, commençant par une grille grossière, dont la densité est doublée incrémentalement. Cette approche est rapide et garde la solution proche du minimum global, ce qui est requis pour un bon fonctionnement de la pondération EM.

Nos pyramides de splines contiennent 4 niveaux, avec un pas de grille d'environ 200mm, 100mm, 50mm 25mm. Pour chaque volume, nous conservons les 20000 points clés les plus significatifs. Pour chaque niveau de résolution, nous calculons 200 itérations de descente de gradient.

Résultats

Les premiers résultats évaluent notre approche avec la base de données VISCERAL [Langs *et al.* (2013)] qui contient trois groupes d'images, dont les dimensions avoisinent $512 \times 512 \times 400$, avec une taille de voxel moyenne de $0.7 \times 0.7 \times 1.5$ mm, chaque voxel est encodé par un nombre en virgule flottante 32 bits :

- A : 20 volumes (thorax et abdomen) scanner CT obtenus avec injection d'un agent de contraste. Pour ces volumes, des experts ont placé manuellement des repères anatomiques de référence (jusqu'à 45 par volume, entre 41 et 42 en moyenne).
- B : 20 volumes (corps entier) scanner CT. Pour ces volumes, des experts ont placé manuellement des repères anatomiques (jusqu'à 53 par volume, entre 52 et 53 en moyenne).
- C : 63 volumes (thorax et abdomen) scanner CT obtenus avec injection d'un agent de contraste. Aucun repère anatomique n'a été placé pour ce groupe. Le consortium VISCERAL a nommé ce groupe le "corpus d'argent".

Une vue d'ensemble de la base de données est montrée figure 5.11. Avec ces trois groupes (A, B et C), nous avons procédé à plusieurs expériences selon différents scénarios : le groupe A seul, le groupe B seul, les groupes A et C ensemble, tous les groupes ensemble, tout en observant la qualité du recalage grâce aux repères anatomiques de référence. Pour mesurer la qualité d'un recalage donné, nous projetons tous les repères anatomiques de référence dans l'espace commun en utilisant les transformations τ^i . Ensuite, pour chaque catégorie de repère (Clavicule Gauche, Clavicule Droite, etc...), nous calculons une position moyenne \bar{p} . Le critère de qualité pour cette catégorie de repères est ensuite défini comme

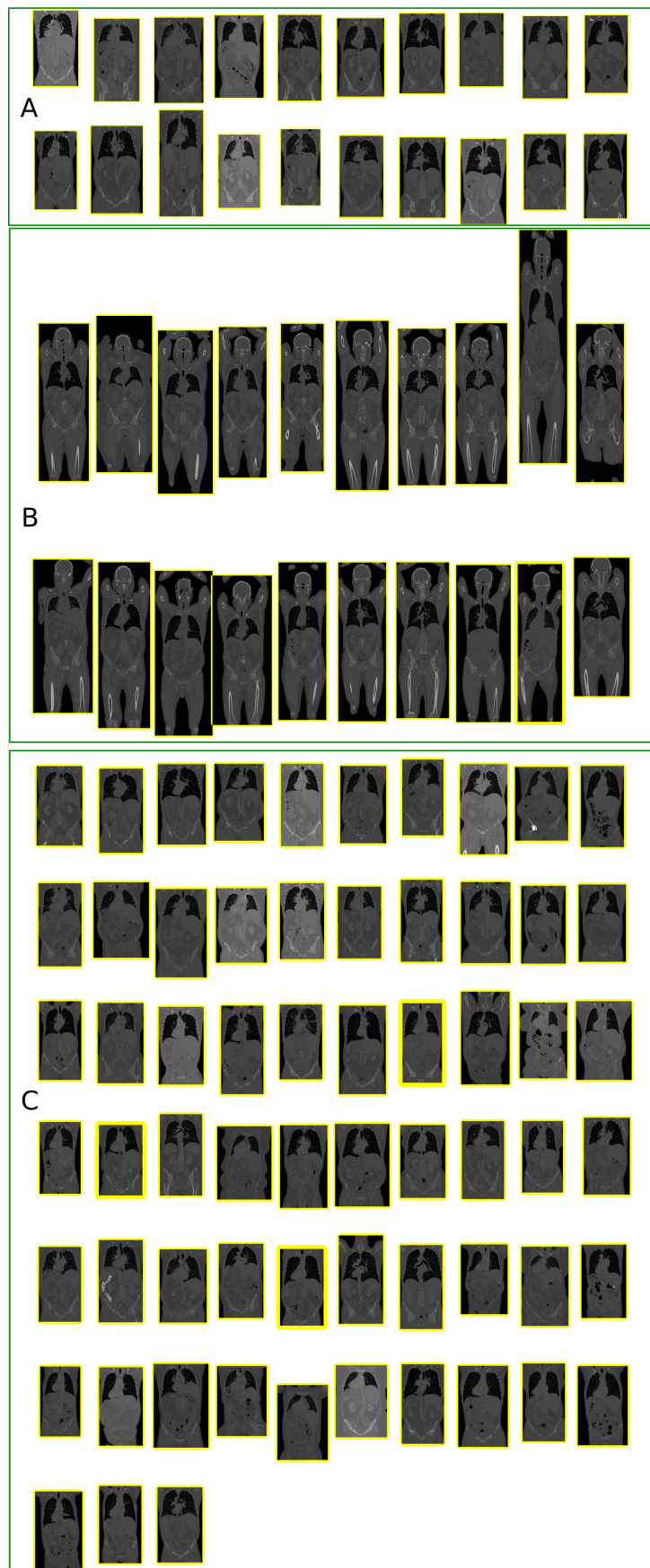


FIGURE 5.11 – Base de données VISCERAL : groupes A, B et C

la distance moyenne à \bar{p} . Nous calculons aussi la distance maximale à \bar{p} qui est une mesure de robustesse. Comme les repères anatomiques de références ne sont présents que pour les groupes A et B, lorsque nous évaluons un recalage des groupes A+C, le calcul du critère est restreint au groupe A. Ces tests ont été effectués avec une machine à 24 processeurs et 128 Go de RAM. Nous avons comparé notre approche avec deux algorithmes : NiftyReg [Modat *et al.* (2008), Modat *et al.* (2014)] et ANTs [Avants *et al.* (2008)].

Pour le recalage du groupe A, les résultats détaillés sont donnés dans les tables 5.1 et 5.2. ANTs recalcule le groupe en 62.5 heures, avec une distance moyenne égale à 15.5 mm. Pour accélérer ANTs, nous avons augmenté le rapport de sous-échantillonnage sf de 1 à 2 et 4. Le réglage $sf = 2$ offre le meilleur compromis : les 20 volumes sont recalés en 13.8 heures avec une distance moyenne de 11.3 mm. NiftyReg a recalé le groupe A en 67 heures, et produit une distance moyenne de 9.6mm. Notre approche a recalé les 20 volumes en moins d'une heure, avec une distance moyenne de 9.0mm, significativement meilleure que les distances produites par NiftyReg ($9.6 \pm 9.6mm$, p -valeur = 0.031) et ANTs ($11.3 \pm 7.9mm$, p -valeur = 0.025). Nous avons aussi produit des résultats supplémentaires dans la table 5.2, faisant varier le nombre de points clés extraits entre 40k et 2.5k. Intuitivement, la précision du recalage augmente avec le nombre de points clés extraits, mais sature au-delà de 30k points par volume. La figure 5.12 montre la courbe de convergence de \sqrt{E} (voir l'équation 5.7) en bleu, la distance moyenne des repères est présentée en noir, et en orange, la distance moyenne obtenue en utilisant un M-estimateur à la place de notre pondération EM. Notre approche converge, tandis que l'utilisation d'un M-estimateur provoque une divergence de la distance. La figure 5.13 compare les repères anatomiques de référence transformés dans l'espace commun, pour NiftyReg et notre approche. Nous avons aussi testé notre approche en utilisant des points clés 3D-SIFT [Rister *et al.* (2017)] (line 7 dans la table 5.2). L'extraction des points clés est beaucoup plus lente qu'avec notre algorithme 3D-SURF, et le temps total de traitement augmente à 4.5 heures pour le groupe A, tout en produisant une distance moyenne globale plus importante (11.0mm pour 3D-SIFT contre 9.0mm pour 3D-SURF).

La figure 5.14 compare les recalages du groupe B. Nous avons extrait les os de chaque image et les avons superposés dans l'espace commun, en utilisant (a) ANTs, (b) NiftyReg et (c) notre algorithme. ANTs ne parvient pas à s'adapter à la forte variabilité des corps entiers, tandis que NiftyReg produit un bon résultat dans les régions du torse et des hanches, mais manque de robustesse pour les jambes. Notre approche est plus robuste, et les plus grandes erreurs sont concentrées dans les régions des bras, qui sont les régions les plus difficiles à recalculer, à cause de postures différentes d'un individu à l'autre. La distance moyenne des repères (affichée dans le second bloc de la table 5.2) obtenue avec notre approche est $9.8 \pm 9.6mm$, significativement inférieure à la distance produite par NiftyReg ($12.8 \pm 11.6mm$) et ANTs ($17.9 \pm 27.3mm$). La figure 5.14c montre aussi la variation spatiale de l'estimation EM. Les couleurs affichées sur l'image de droite indiquent la distance moyenne locale des bons appariements, et confirme visuellement que les hanches sont mieux recalées que le torse. Lors du recalage des groupes A+C, ANTs produit une

TABLE 5.1 – Recalage du groupe A : comparaison des distances moyennes (en mm) entre notre approche, NiftyReg et ANTs.

Landmark	ANTs	NiftyReg	Notre approche
Clavicule L	9.7 ± 4.6	6.8 ± 5.1	7.5 ± 2.6
Clavicule R	9.3 ± 4.4	7.1 ± 3.5	7.2 ± 3.7
Tubercul. L	11.2 ± 5.4	11.6 ± 6.1	9.4 ± 3.5
Tubercul. R	10.9 ± 5.5	11.7 ± 5.7	11.0 ± 4.4
C6	3.5 ± 2.6	4.1 ± 1.7	4.7 ± 2.5
C7	5.0 ± 3.3	7.6 ± 3.8	6.5 ± 4.0
Th1	4.5 ± 3.0	7.6 ± 4.2	6.5 ± 5.4
Th2	4.9 ± 3.4	6.6 ± 3.7	5.4 ± 4.7
Th3	6.1 ± 4.2	6.9 ± 3.8	5.8 ± 4.0
Th4	7.6 ± 4.3	7.9 ± 3.4	6.6 ± 4.8
Th5	8.6 ± 3.6	8.4 ± 3.0	7.5 ± 4.7
Th6	9.6 ± 3.4	9.9 ± 3.5	8.3 ± 4.9
Th7	10.2 ± 3.4	10.2 ± 3.8	8.6 ± 5.7
Th8	10.3 ± 3.9	11.0 ± 4.7	8.8 ± 7.1
Th9	10.8 ± 4.9	10.8 ± 3.8	10.7 ± 9.7
Th10	11.3 ± 5.4	11.3 ± 3.6	12.3 ± 11.3
Th11	12.2 ± 5.9	11.8 ± 5.9	13.0 ± 10.1
Th12	13.4 ± 6.2	11.8 ± 7.3	13.5 ± 10.0
L1	13.3 ± 6.6	11.9 ± 7.6	12.7 ± 9.9
L2	12.8 ± 6.6	11.6 ± 8.3	10.2 ± 8.0
L3	13.1 ± 7.1	11.0 ± 8.3	11.4 ± 6.0
L4	12.8 ± 7.2	10.0 ± 7.2	9.9 ± 5.4
L5	11.4 ± 6.7	8.4 ± 6.7	6.8 ± 6.8
Sternoclav. L	7.9 ± 5.5	8.5 ± 5.7	6.3 ± 4.5
Sternoclav. R	6.6 ± 3.9	5.0 ± 4.4	5.5 ± 3.4
Aortic arch	8.4 ± 3.2	9.3 ± 3.7	9.1 ± 3.9
Trachea bif.	4.5 ± 3.8	4.5 ± 4.0	4.4 ± 1.9
Bronchus L	7.5 ± 5.5	8.2 ± 8.6	6.6 ± 4.0
Bronchus R	5.9 ± 4.0	6.4 ± 7.8	4.7 ± 2.2
Coronaria	9.1 ± 6.4	10.1 ± 10.3	7.5 ± 2.8
Aortic valve	11.8 ± 7.2	13.7 ± 10.1	9.6 ± 6.0
Xyphoideus	16.6 ± 7.8	15.5 ± 9.6	15.1 ± 11.5
Renal pelvis L	17.9 ± 9.2	10.9 ± 10.6	10.6 ± 7.0
Renal pelvis R	20.6 ± 15.1	16.0 ± 13.4	15.8 ± 15.0
Crista iliaca L	9.9 ± 6.0	9.4 ± 6.1	9.6 ± 6.0
Crista iliaca R	10.4 ± 8.8	10.4 ± 8.7	9.8 ± 6.9
Aorta bif.	15.6 ± 10.5	11.2 ± 7.3	10.2 ± 6.2
VCI bif.	12.6 ± 6.5	9.1 ± 5.2	9.6 ± 4.4
Troch. maj. L	19.3 ± 10.8	15.8 ± 9.1	16.0 ± 8.9
Troch. maj. R	18.5 ± 9.1	16.5 ± 9.7	15.3 ± 8.3
Ischiadicum L	11.8 ± 6.4	4.3 ± 3.5	4.5 ± 2.0
Ischiadicum R	10.9 ± 6.3	4.8 ± 2.9	5.8 ± 2.3
Symphysis	15.8 ± 9.9	10.7 ± 8.5	9.8 ± 7.8
Troch. min. L	15.2 ± 7.7	3.7 ± 2.0	5.1 ± 1.8
Troch. min. R	16.6 ± 5.8	4.1 ± 2.7	5.6 ± 3.0
Moyenne	11.3 ± 7.9	9.6 ± 7.5	9.0 ± 7.5
Maximum	70.6	57.5	72.6
Temps (h)	13.8	67.0	0.9

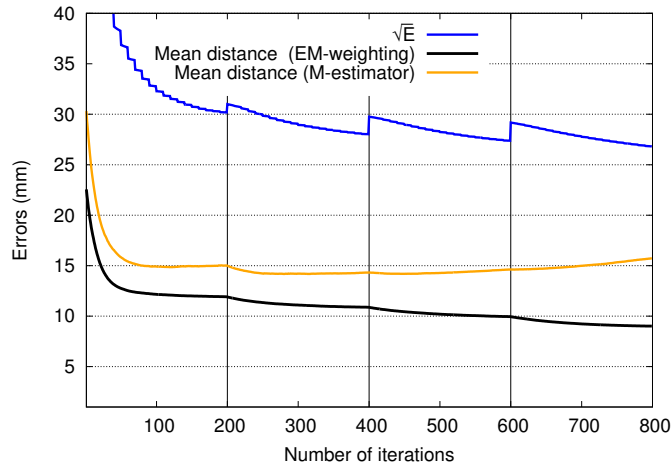


FIGURE 5.12 – Convergence du critère à minimiser et distances moyennes lors du recalage du groupe A. Les distances sont indiquées en millimètres. La courbe bleue est la racine carrée du critère décrit par l'équation (5.7), qui reflète la distance moyenne entre les points appariés. Les courbes noire et orange représentent les distances moyennes obtenues en utilisant la pondération EM et un M-estimateur. Pour le M-estimateur, la distance moyenne augmente fortement, ce qui est le signe de la divergence de l'algorithme.

TABLE 5.2 – Comparaison de notre approche avec ANTs et NiftyReg sur la base de données VISCERAL. Notre approche extrait 20k points clés par volume, sauf pour les lignes 2 à 6 où le nombre de points varie entre 40k et 2.5k

Groupes	N	Algorithme	Max d (mm)	\bar{d} (mm)	Temps (h)
A	20	Notre approche	72.6	9.0 ± 7.5	0.9
A	20	Notre approche (40k)	74.1	9.1 ± 7.5	1.4
A	20	Notre approche (30k)	72.6	9.0 ± 7.5	1.0
A	20	Notre approche (10k)	65.5	9.4 ± 7.6	0.6
A	20	Notre approche (5k)	61.2	10.3 ± 7.8	0.5
A	20	Notre approche (2.5k)	73.6	11.7 ± 10.0	0.4
A	20	Notre approche (SIFT)	80.9	11.0 ± 8.8	4.5
A	20	ANTs-S4	152.7	14.0 ± 17.0	9.4
A	20	ANTs-S2	70.6	11.3 ± 7.9	13.8
A	20	ANTs	150.2	15.5 ± 16.7	62.5
A	20	NiftyReg	57.5	9.6 ± 7.5	67.0
B	20	Notre approche	94.2	9.8 ± 9.6	1.3
B	20	ANTs-S2	231.0	17.9 ± 27.3	36.0
B	20	NiftyReg	105.0	12.8 ± 11.6	135.0
AC	83	Notre approche	65.9	8.9 ± 7.1	5.9
AC	83	ANTs-S2	198.0	44.7 ± 31.6	82.8
AC	83	NiftyReg	64.0	9.3 ± 9.3	324.0
ABC	103	Notre approche	88.1	9.9 ± 8.3	11.3

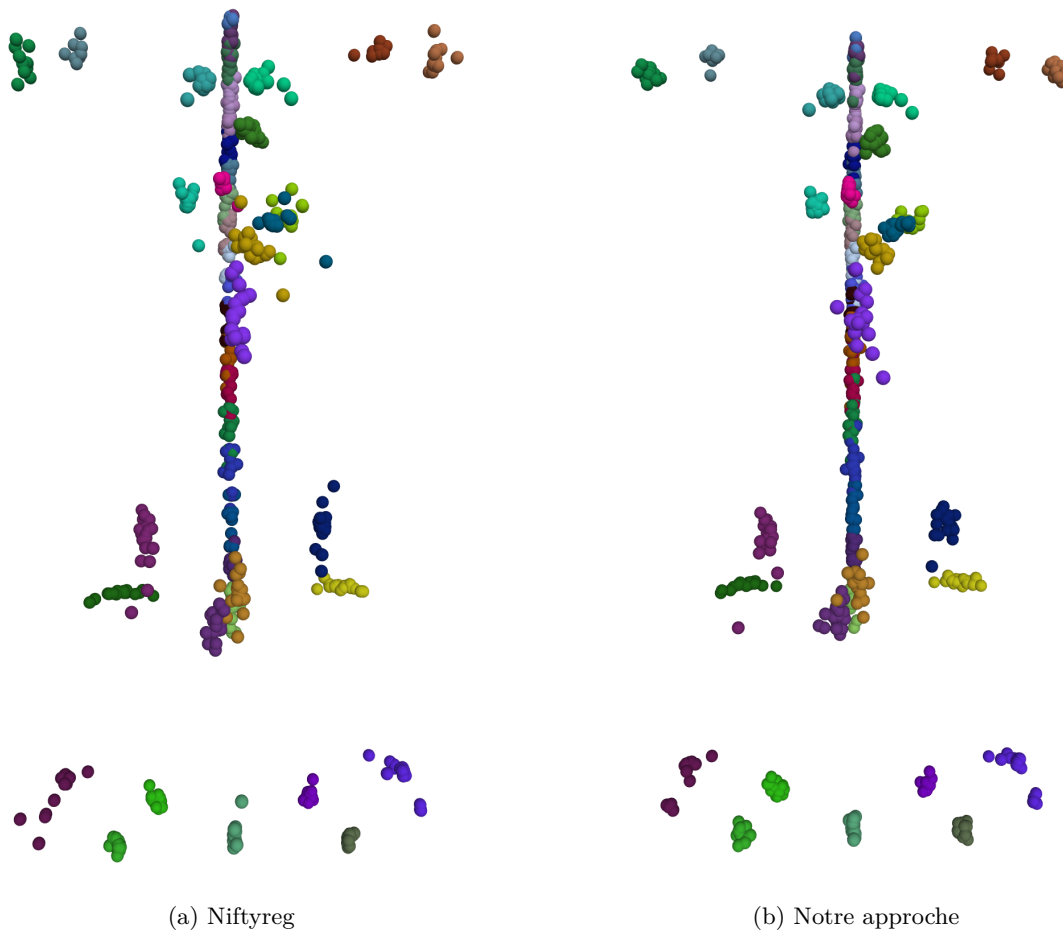


FIGURE 5.13 – Comparaison entre notre approche et NiftyReg sur le groupe A : repères anatomiques transformés dans l'espace commun.

distance moyenne égale à 44.7 mm. NiftyReg produit une distance égale à $9.3 \pm 9.3mm$, et notre approche produit une distance équivalente : $8.9 \pm 7.1mm$.

La table 5.3 montre les temps de calcul ainsi que le nombre moyen de paires par volume, pour différents scénarios. Finalement, la figure 5.15 montre les images moyennes obtenues avec les différents algorithmes, après recalage des groupes A et A+C. NiftyReg et ANTs produisent une image moyenne plus précise que notre approche (sauf pour ANTs avec les groupes A+C), ce qui indique que notre approche n'est pas idéale pour la construction d'une image de référence. Cependant, cette image moyenne est dans notre cas un résultat obtenu après recalage, qui ne sert pas à l'optimisation. De plus, il a été montré que l'utilisation de critères uniquement basés sur l'image sont parfois non fiables pour estimer la qualité des recalages [Rohlfing (2012)]. Bien que nos images moyennes sont moins précises, les distances moyennes calculées à l'aide des repères anatomiques sont, elles, inférieures avec notre algorithme.

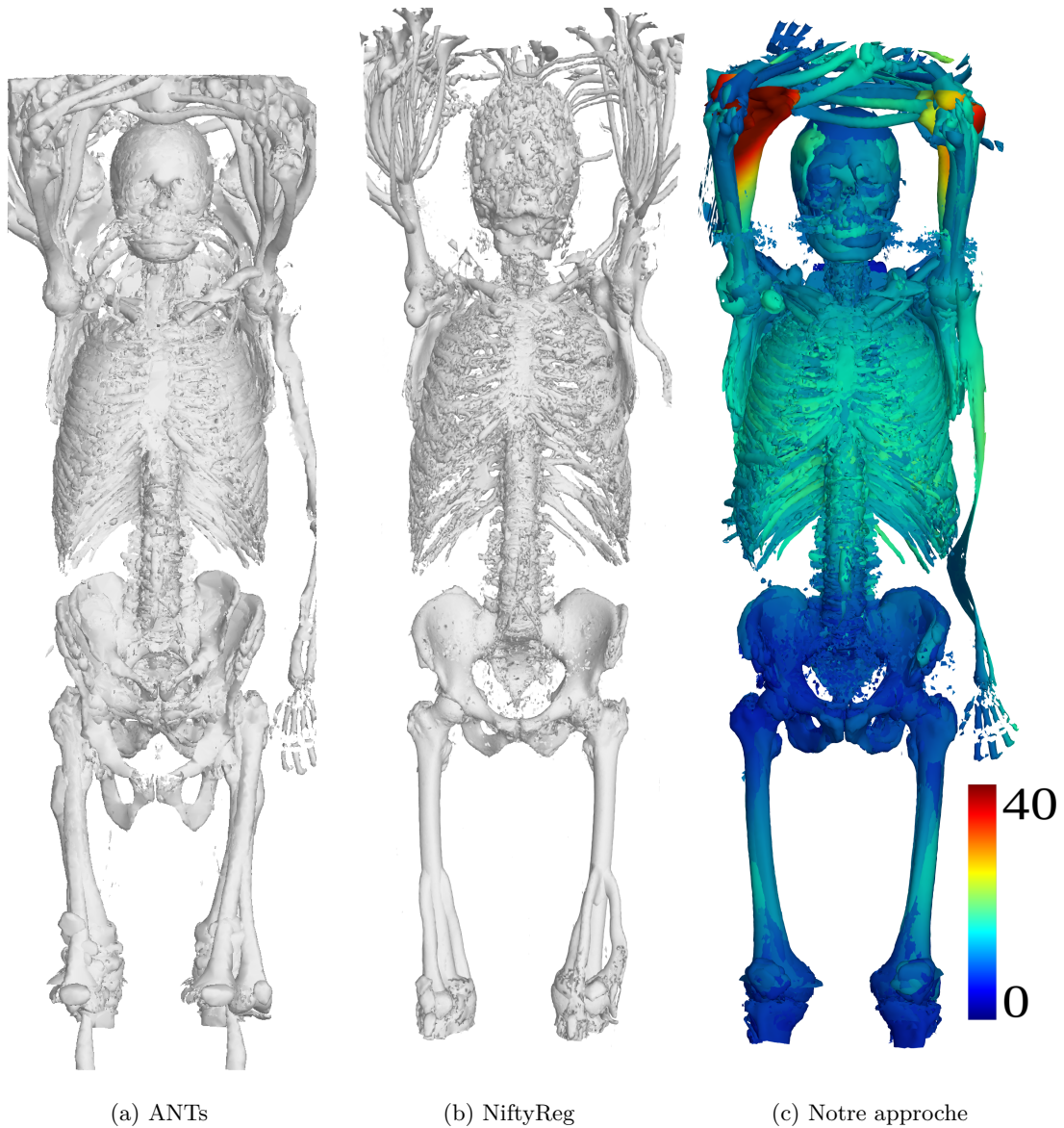


FIGURE 5.14 – Os extraits d'un groupe de 20 images corps entier (groupe B de VISCERAL) recalées avec (a) ANTs, (b) NiftyReg et (c) notre approche. Notre algorithme est le plus robuste. L'échelle de couleur pour notre algorithme reflète l'erreur locale en mm, qui est un bon indicateur de précision du recalage.

TABLE 5.3 – Temps de calculs et nombre moyen d'appariements avec notre approche. n est le nombre d'images à recaler, $|\mathcal{M}|/n$ le nombre moyen d'appariements par image. Les colonnes I, II et III indiquent les temps respectifs (en heures) pour l'extraction des points, l'appariement et l'optimisation.

Groupes	n	$ \mathcal{M} /n$	I (h)	II (h)	III (h)	Total (h)
A	20	41k	0.1	0.2	0.6	0.9
B	20	65k	0.1	0.2	1.0	1.3
AC	83	178k	0.2	0.7	5.0	5.9
ABC	103	272k	0.3	1.0	10.0	11.3

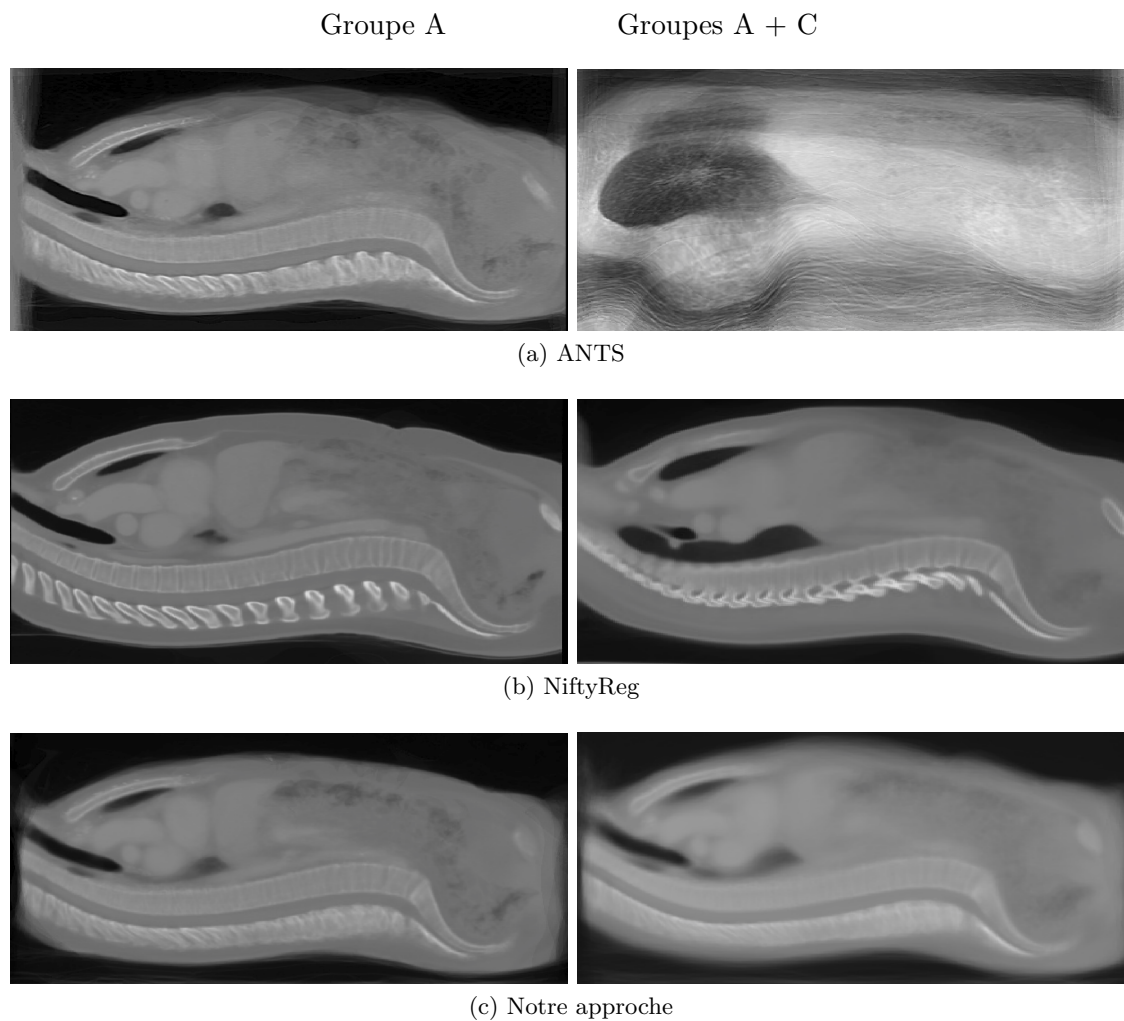


FIGURE 5.15 – Images moyennes obtenues avec (a) ANTS, (b) NiftyReg, (c) Notre approche. Gauche : recalage du groupe A. Droite : recalage des groupes A+C.

5.2.6 Application à l'anthropologie : détermination du sexe

Une des applications du recalage de groupes est l'anatomie computationnelle, qui consiste à étudier de grandes cohortes d'individus pour extraire des informations anatomiques à grande échelle. Un des problèmes est la détermination du profil biologique (tel que l'âge ou le sexe) d'un individu inconnu à partir de données anatomiques. Par exemple, la méthode DSP [Murail *et al.* (2008)] permet de déterminer le sexe d'un individu en plaçant 18 repères anatomiques sur le bassin. 10 mesures de distances entre ces repères sont alors effectuées, et un algorithme automatique détermine le sexe de l'individu à partir de statistiques acquises au préalable. Cette méthode nécessite le placement de repères anatomiques, ce qui peut être fastidieux. De plus, à l'heure actuelle, ces mesures doivent être effectuées directement sur l'os de l'individu.

Une voie de progrès pourrait donc être ouverte en ne procédant plus à des mesures directement sur les individus, mais via une image 3D obtenue par scanner CT ou IRM. Dans un deuxième temps, il serait pertinent de ne plus effectuer de placement manuel de repères anatomiques, mais de construire des algorithmes automatiques qui pourraient acquérir un nombre beaucoup plus important de mesures.

Dans ce contexte, nous avons évalué la pertinence de notre algorithme de recalage déformable en étudiant le recalage des groupes A+C de la base de données VISCERAL, pour la détermination automatique du sexe des individus de la base. Ce travail a fait l'objet d'une communication internationale [Franchi *et al.* (2018)]. Pour déterminer le sexe des 83 individus des groupes A et C, nous avons procédé en plusieurs étapes, résumées dans la figure 5.16 :

- Recalage les images du groupe A+C pour construire une image moyenne
- Reconstruction des os du bassin moyen
- Sur les os du bassin moyen : placement manuel des 18 repères anatomiques nécessaires pour appliquer l'algorithme DSP
- Pour chaque individu i : transformation des 18 repères dans l'espace propre à l'individu, en inversant la transformation τ_i produite par le recalage.
- Pour chaque individu : application de la méthode automatique DSP sur les 18 repères anatomiques pour déterminer son sexe.

Avec cette procédure l'algorithme DSP a fourni une estimation correcte du sexe pour 62% des cas, une estimation incorrecte dans 1% des cas, et n'a donné aucun résultat (résultats trop incertains) dans 37% des cas.

5.2.7 Conclusion et perspectives

Les algorithmes présentés dans cette partie sont capables de recalculer des groupes de volumes en un temps raisonnable, avec des ressources modérées. Les résultats expérimentaux illustrent leur robustesse à la variabilité inhérente à l'anatomie humaine. Plusieurs pistes de recherche en émanent :

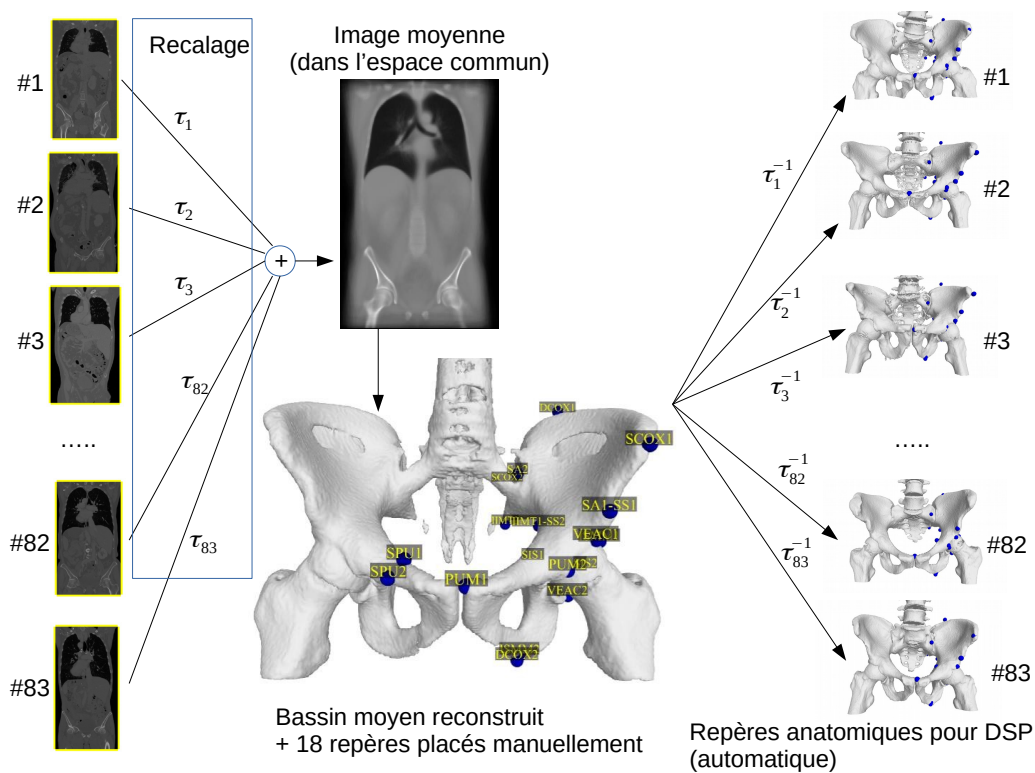


FIGURE 5.16 – Procédure semi-automatique de détermination du sexe des individus dans les groupes A et C de la base VISCERAL.

- de nouvelles approches d'extraction de points clés : depuis SIFT et SURF, de nombreux nouveaux algorithmes ont été proposés, notamment KAZE [Alcantarilla *et al.* (2012)], qui pourraient être étendus pour les images 3D. Il semble aussi intéressant d'étudier la possibilité de proposer des méthodes de points clés dédiées aux images 3D CT ou IRM. Enfin, l'exploration d'approches basées sur l'apprentissage profond telles que LIFT [Yi *et al.* (2016)] semble être une perspective de recherche prometteuse.
- pouvoir traiter des très grandes bases de données. Notre approche peut recalculer quelques centaines de volumes, mais le passage à une échelle encore plus grande (plusieurs dizaines de milliers de volumes) reste un problème ouvert. Ici aussi, la pertinence de l'apprentissage profond devrait être évaluée.
- la possibilité de traiter de grandes bases d'images pourra contribuer à l'anatomie computationnelle corps entier, apportant de nouvelles connaissances statistiques sur l'anatomie humaine.
- proposer des bases de données de points clés : sachant que les points clés offrent une représentation de l'anatomie sans révéler les voxels sous-jacents, la possibilité de distribuer des bases de données composées uniquement de points clés pourrait être un moyen efficace d'échange de données tout en préservant l'anonymat des individus présents dans ces bases.

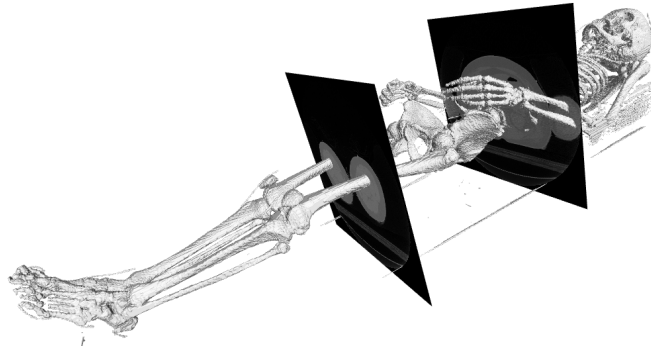


FIGURE 5.17 – segmentation des os d'une image 3D scanner CT.

5.3 Segmentation multi-objets pour l'imagerie médicale

Segmenter des images IRM ou scanner CT présente plusieurs difficultés, induites par le bruit d'acquisition, l'inhomogénéité de champ (pour l'IRM), les différences entre les dispositifs d'imagerie, l'effet de volume partiel. De plus, de nombreux organes présentent des niveaux d'intensité similaires dans les images. La figure 5.17 montre un exemple simple de segmentation des os d'une image scanner 3D CT.

Les approches semi-automatiques viennent parfois en aide aux processus purement manuels, qui nécessitent des opérations de délimitation longs et fastidieux. De nombreux algorithmes de segmentation semi-automatique ont été proposés ([Rother *et al.* (2004), Vezhnevets and Konouchine (2005)]), où les interactions avec l'utilisateur restent raisonnables, pour initialiser, guider et corriger l'algorithme utilisé. D'une manière générale, en formulant la segmentation multi-objet sous forme de problème d'étiquetage de voxels, l'interaction avec l'utilisateur peut le plus souvent se résumer en étiquettes germes placées manuellement sur les organes à segmenter, qui offrent plusieurs informations à l'algorithme :

- des statistiques sur les niveaux de gris des voxels des classes recherchées
- la position relative des différentes classes
- des contraintes dures qui interdisent à l'algorithme d'étiqueter les voxels germes autrement que par la classe désignée par l'utilisateur

5.3.1 Travaux connexes

La littérature sur la segmentation est très vaste, et nous ne pourrions pas aborder ici tous ses aspects. La grande majorité des approches de segmentation d'images médicales sont conçues pour extraire un seul organe [Iglesias and Sabuncu (2015), Litjens *et al.* (2017)]. Mais la segmentation multi-objets est nécessaire dans de nombreux cas. Par exemple, des procédures cliniques comme la radiothérapie [Pasquier *et al.* (2007)] et la détection de métastases [Moltz *et al.* (2009)] nécessitent l'inspection simultanée de plusieurs organes. D'autres applications ont aussi cette contrainte, comme la construction de modèles patient-spécifiques ou l'exploration sémantique de l'anatomie [Seifert *et al.* (2010)].

Coupe de graphes

Les méthodes basées sur la coupe de graphes (Graph Cut en anglais), qui ont été largement appliquées pour la segmentation mono-objet [Boykov and Jolly (2001), Boykov and Funka-Lea (2006)], s'appuient sur un schéma d'optimisation de type flot maximum [Greig *et al.* (1989)]. Mis à part quelques exceptions [Ishikawa (2003)], les généralisations multi-objets issues de la coupure de graphe sont plus complexes à optimiser à cause de la nature NP-difficile du problème sous-jacent. Certains algorithmes [Boykov *et al.* (2001)] sont cependant capables de trouver un minimum local satisfaisant, proche de l'optimum. La coupe de graphe est généralement appliquée sur des graphes structurés (grilles). Pour des applications sur des images 3D de grande dimensions (plusieurs dizaines de millions de voxels), de tels graphes deviennent gigantesques, impliquant d'importants coûts en mémoire et temps de calcul. Pour réduire la complexité de la coupe de graphes, deux grandes classes d'approches ont été proposées : la parallélisation et la simplification des images. Des approches parallèles du flot maximum ont été proposées pour des machines multi-processeurs [DeLong and Boykov (2008)] et les GPUs [Vineet and Narayanan (2008)]. Bien que ces algorithmes accélèrent significativement les calculs, ils ne réduisent pas l'empreinte mémoire, car ils travaillent sur l'image originale. Les approches qui simplifient l'image originale abordent ce problème directement, avec l'observation que certains voxels voisins sont très similaires et pourraient donc être classés simultanément. Dans [Lombaert *et al.* (2005)], un algorithme de coupe de graphe est appliqué sur une image basse résolution, et propage la solution jusqu'à la résolution originale, en appliquant successivement des coupures de graphes sur un voisinage réduit à une bande autour de la segmentation en cours. Pour accélérer les interactions avec l'utilisateur, Li *et al.* [Li *et al.* (2004)] sur-segmentent l'image par l'algorithme de "Watershed", et la segmentation s'effectue sur les régions pré-segmentées. En partant d'un partitionnement en grille, [Cigla and Alatan (2010)] appliquent l'algorithme des k-moyennes optimisant à la fois l'intensité moyenne des classes et la compacité des partitions. Similairement, d'autres approches basées sur les champs aléatoires conditionnels ont été proposées, comme [Fulkerson *et al.* (2009), Lucchi *et al.* (2011)].

Atlas pour la segmentation

Les atlas ont été conçus pour améliorer la robustesse de la segmentation [Park *et al.* (2003), Iglesias *et al.* (2011), Linguraru *et al.* (2012), Oda *et al.* (2012), Chu *et al.* (2013), Wolz *et al.* (2013), Wang and Yushkevich (2013), Jimenez-del Toro and Müller (2014), Gass *et al.* (2014)a, Heinrich *et al.* (2015), Kahl *et al.* (2015), Oliveira *et al.* (2018), Wachinger *et al.* (2015)]. Leur principe général est le suivant : pour une image donnée à segmenter (image cible), plusieurs images de références sont sélectionnées et recalées sur l'image cible. Les annotations présentes sur les images de références sont ensuite transférées sur l'image cible. Ces annotations apportent plus d'informations qui contribuent à segmenter l'image cible. Un état de l'art récent [Iglesias and Sabuncu (2015)] montre que les approches

multi-atlas sont utilisées plus souvent sur les IRM de cerveau que sur des images CT montrant le thorax et l'abdomen. L'une des raisons est la faible variabilité des images de cerveau, en comparaison aux structures abdominales qui restent très difficiles à recalcr et segmenter [Xu *et al.* (2016)b]. Une autre famille de méthodes repose sur des modèles statistiques de forme [Chen *et al.* (2012), Bagci *et al.* (2012), Okada *et al.* (2015)], modélisant l'organe à segmenter selon sa forme ou apparence moyenne, ainsi que ses variabilités. Il faut alors remarquer que ces approches représentent les variations en fonction du jeu de données sur lesquelles elles se basent. Ainsi, une image très différente des images de référence, pourra être problématique. De plus, la notion de forme moyenne peut être très peu pertinente dans certains cas. Une revue des approches statistiques est proposée dans [Heimann and Meinzer (2009)]. Certaines approches utilisant des atlas ont proposé des solutions aux problèmes des approches statistiques [Wolz *et al.* (2013), Kahl *et al.* (2015)], par la création de modèles de forme patient-dépendants, appelés atlas probabilistes, construits par fusion d'informations d'annotations en une information probabiliste sur la position d'un organe donné, qui est utilisée par la suite pour faciliter la segmentation. D'autres méthodes se basent sur la segmentation par morceaux [Wang *et al.* (2014), Tong *et al.* (2015)], évitant ainsi l'étape coûteuse de recalage global d'atlas, et en effectuant plutôt des sélections et fusions locales des annotations.

Informations a priori

Les approches les plus efficaces incorporent souvent des notions a priori sur les organes à segmenter. Ces notions peuvent être séparées en trois grandes classes :

- a priori de position, utilisant des atlas probabilistes [Song *et al.* (2006), Linguraru *et al.* (2012)]. Dans les cas les plus simples, les atlas sont définis par des cartes de distance [Freedman and Zhang (2005)],
- a priori de forme, où des contraintes explicites ou implicites de forme sont introduites pour que la forme de l'objet segmenté soit proche de la forme souhaitée, comme proposé dans [Vu and Manjunath (2008), Malcolm *et al.* (2007)],
- a priori de configuration spatiale, modélisée généralement par des relations définies entre les objets à segmenter [Liu *et al.* (2010), Winn and Shotton (2006), Lucchi *et al.* (2011), Delong and Boykov (2009), Fouquier *et al.* (2012), Okada *et al.* (2012), Seifert *et al.* (2009)].

Apprentissage

Ces dernières années, les méthodes d'apprentissage ont contribué significativement à la segmentation multi-organes [Montillo *et al.* (2011), Heinrich and Blendowski (2016), Glocker *et al.* (2012), Seifert *et al.* (2009)]. Des réseaux neuronaux profonds ont aussi été proposés [Litjens *et al.* (2017), Larsson *et al.* (2017), Gibson *et al.* (2017), Lavdas *et al.* (2017)], et en particulier la variante U-net [Pawlowski *et al.* (2017), Hu *et al.* (2017)] obtient de bons résultats.

5.3.2 Coupe de graphe et contraintes de plus court chemin

Dans cette section, nous proposons une approche de segmentation contrainte par une pénalisation des adjacences interdites. La pénalisation est calculée par le plus court chemin sur le graphe définissant les adjacences a priori des objets. Couplé à un algorithme de coupe de graphe défini sur une partition de l'image par diagramme de Voronoï centroidal, cette méthode propose un bon équilibre entre rapidité et précision de segmentation. Comparé à un algorithme opérant directement sur les voxels, notre approche offre un temps de calcul et une occupation mémoire réduits d'un ordre de grandeur.

Partition via un Diagramme de Voronoï Centroidal discret

Plusieurs algorithmes de partitionnement d'images ont été proposés pour la classification et la segmentation. Plus particulièrement, une classe d'algorithmes produit une sur-segmentation de l'image, sous forme de régions compactes parfois appelées superpixels. Deux exemples sont l'algorithme TurboPixels [Levinshtein *et al.* (2009)] et les superpixels par coupe de graphe [Veksler *et al.* (2010)]. Ces algorithmes offrent un bon compromis entre compacité et adaptation aux bords, comparé aux algorithmes 'Watershed' [Vincent and Soille (1991)] et 'Mean-shift' [Comaniciu and Meer (2002)]. Pour décrire notre méthode, nous définissons l'image à segmenter \mathcal{I} comme un ensemble de voxels V . A chaque voxel $v \in V$ est associé un niveau de gris I_v . Nous rappelons les définitions d'un Diagramme de Voronoï discret, similairement au chapitre 4.4 : étant donné une image \mathcal{I} et n sites $c_i \in \mathcal{I}$ tels que $1 \leq i \leq n$, une partition de Voronoï de l'image partitionne l'image \mathcal{I} en n régions disjointes C_i associées aux sites c_i :

$$C_i = \{v \in \mathcal{I} \mid d(v, c_i) < d(v, c_j); 1 \leq j \leq n, j \neq i\}. \quad (5.9)$$

Pour un diagramme de Voronoï centroidal, chaque site c_i est situé au barycentre de sa région. Ce type de diagramme minimise le terme d'énergie suivant :

$$E(v; c_i) = \sum_{i=1}^n \left(\sum_{v \in C_i} \rho(v) \|v - c_i\|^2 \right) \quad (5.10)$$

où $\rho(v)$ est une fonction de densité locale.

Pour notre algorithme, nous étendons la notion de compacité des régions définie dans l'équation (5.10) en y ajoutant une information basée sur les niveaux de gris dans l'image :

$$F(v; c_i) = \sum_{i=1}^n \left(\sum_{v \in C_i} \rho(v) \left(\|v - c_i\|^2 + \alpha \|I_v - I_i\|^2 \right) \right) \quad (5.11)$$

où α est un scalaire positif et I_i est le niveau de gris moyen de la région C_i . Intuitivement minimiser l'équation (5.11) revient à maximiser la compacité des régions à la fois spatialement et en niveaux de gris.

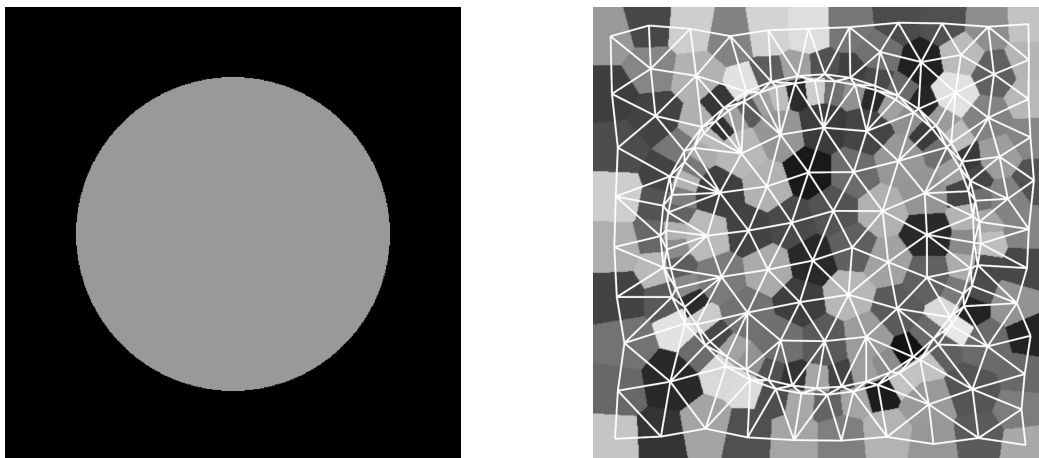


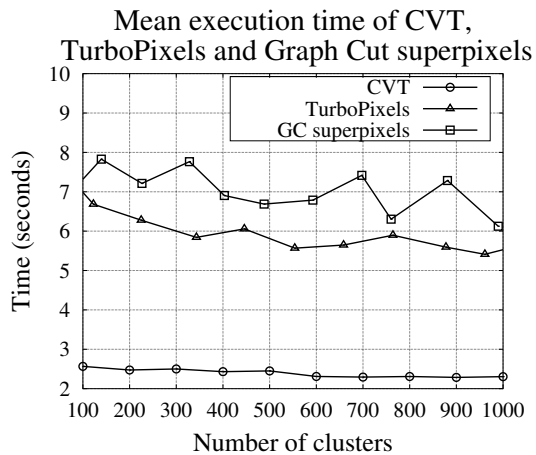
FIGURE 5.18 – Gauche : image originale. Droite : partitionnement par Diagramme de Voronoï centroïdal, avec superposition du graphe dual (en blanc).

Dans (5.11), nous définissons $\rho(v)$ par une fonction linéaire de l'intensité du gradient en v , $\rho(v) = m|\nabla I_v| + b$, pour augmenter la densité et favoriser l'alignement des régions proches des contours de l'image. Pour nos tests, nous avons défini $\alpha = m = b = 1$. La figure 5.18 illustre un résultat de notre algorithme sur un exemple simple.

Pour minimiser l'équation (5.11), nous utilisons une variante de l'algorithme proposé dans [Dardenne *et al.* (2009)]. Dans la figure 5.19, nous avons comparé notre approche avec les approches Turbopixels et Superpixels par coupe de graphe (GC superpixels) sur la base de référence de Berkeley [Martin *et al.* (2001)]. Cette base contient 300 photos de taille 321×481 segmentées manuellement. L'évaluation a été faite sur 80 images, excluant les images contenant des classes relativement petites. Dans cette comparaison, l'erreur sur le bord (Boundary recall) est définie comme la fraction des pixels des contours segmentés manuellement distants de moins d'un voxel d'un bord d'une région. En considérant un partitionnement $\mathcal{C} = \{C_1, \dots, C_n\}$ et un partitionnement de référence $\mathcal{T} = \{g_1, \dots, g_k\}$, l'erreur de sous-segmentation (undersegmentation error) est définie pour la région g_j par :

$$segerr_j(\mathcal{C}, \mathcal{T}) = \frac{\left(\sum_{i: C_i \cap g_j \neq \emptyset} |C_i|\right) - |g_j|}{|g_j|} \quad (5.12)$$

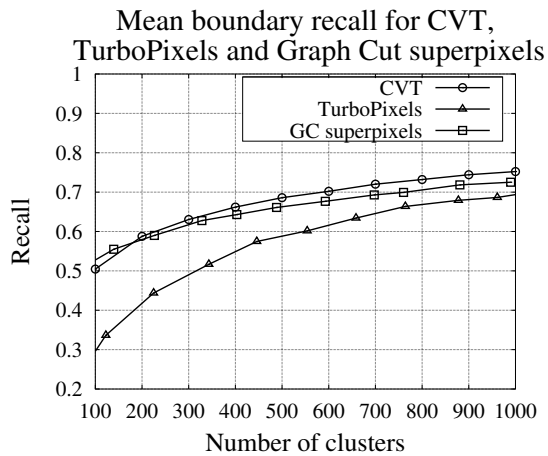
Les courbes 5.19a, 5.19c et 5.19e comparent ces critères. Pour une résolution de partition donnée, les valeurs moyennes sur les 80 images test sont montrées. Ces résultats montrent que notre algorithme est plus rapide, et obtient des résultats comparables aux autres. Une comparaison qualitative est montrée par les figures 5.19b, 5.19d et 5.19f.



(a)



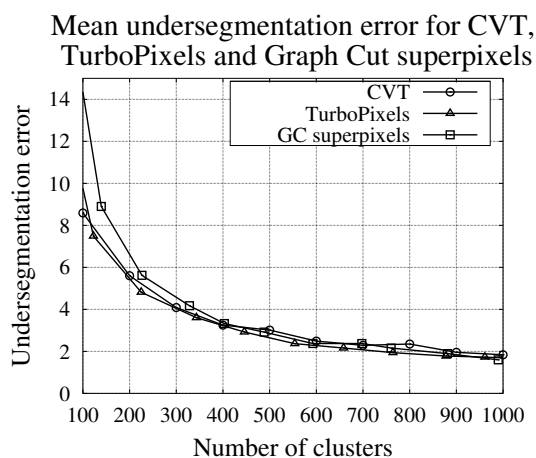
(b) Notre approche



(c)



(d) Turbopixels



(e)



(f) GC Superpixels

FIGURE 5.19 – Colonne de gauche : évaluation quantitative d’algorithmes de partitionnement la base de données segmentées de Berkeley [Martin *et al.* (2001)]. CVT représente notre approche. Colonne de droite : évaluation qualitative sur une seule image de la base.

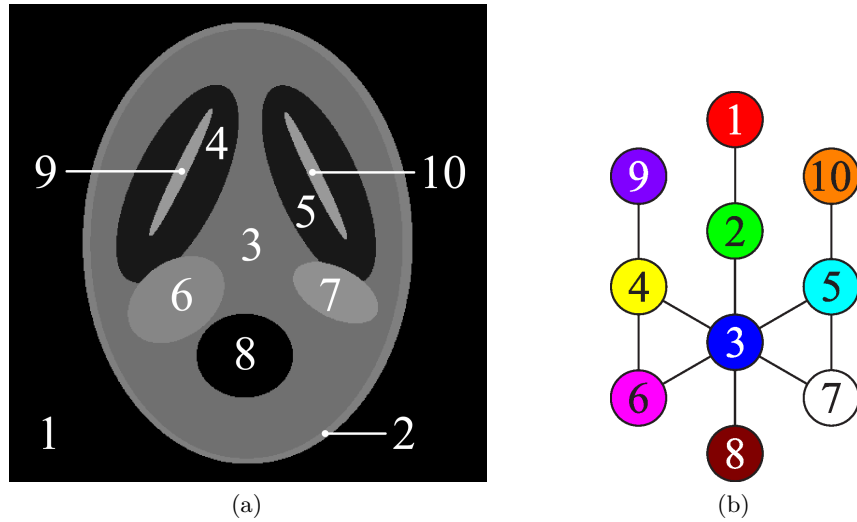


FIGURE 5.20 – (a) Image synthétique et (b) graphe d’adjacence de ses structures.

Segmentation multi-objets

Ici, nous exprimons la segmentation sous forme de problème d’étiquetage : il faut attribuer à chaque région C_i une étiquette ℓ_i parmi les m étiquettes représentant les objets à segmenter. La “meilleure” segmentation ℓ est définie comme la configuration minimisant l’énergie suivante [Li (2009)] :

$$E(\ell) = t \sum_{i=1}^n D_i(\ell_i) + \sum_{i=1}^n \sum_{j \in \mathcal{N}_i} V_{i,j}(\ell_i, \ell_j) \quad (5.13)$$

où t est un terme pondérateur, généralement appelé température. \mathcal{N}_i est l’ensemble des régions voisines à la région C_i . Les termes par paires $V_{i,j}(\ell_i, \ell_j)$ reflètent l’information a priori sur les interactions possibles entre des régions voisines, favorisant un étiquetage identique pour des régions similaires. Les termes unaires $D_i(\ell_i)$ reflètent le coût d’assigner un label à une région donnée.

Le premier modèle préservant les discontinuités est le modèle d’Ising pour la segmentation binaire ($m = 2$) [Geman and Geman (1984)]. Il est défini par $V_{i,j}(\ell_i, \ell_j) = 1 - \delta(\ell_i, \ell_j)$, où δ est le symbole de Kronecker. Sa généralisation pour le cas multi étiquettes ($m > 2$) est appelée modèle de Potts, qui a été largement utilisé pour la segmentation d’images [Fulkerson *et al.* (2009), Shotton *et al.* (2009)]. Pour ces deux modèles de pénalisation, les termes $V_{i,j}(\ell_i, \ell_j)$ ne présentent que deux valeurs : 0 ou 1.

Nous proposons d’étendre la définition du modèle de Potts pour prendre en compte différents types de voisinage entre les objets, ajoutant plusieurs niveaux de pénalisation. Pour motiver notre approche, nous présentons un exemple synthétique. En considérant l’image de la figure 5.20. La structure 9 est incluse dans la structure 4, qui est adjacente à la structure 6. D’après cette observation, il semble intéressant d’encourager des voisinages $\{9, 4\}$ dans la segmentation et de pénaliser les voisinages $\{9, 6\}$. Il est souhaitable que

$\forall i, j \in \mathcal{S}, V_{i,j}(9, 6) > V_{i,j}(9, 4)$. De plus, sachant que la structure 8 est encore plus loin, il est aussi souhaitable que $V_{i,j}(9, 8) > V_{i,j}(9, 6) > V_{i,j}(9, 4)$.

Nous proposons donc de définir $V_{i,j}(i, j)$ comme étant la longueur du plus court chemin entre les labels i et j dans le graphe d'adjacence des structures. Un exemple de graphe de connexité des structures est donné par la figure 5.20(b).

Les termes unaires $D_i(\ell_i)$ sont définis pour satisfaire les informations introduites par l'utilisateur i.e. les voxels germes ayant des labels figés. Ainsi, dans l'équation (5.13), $D_i(\ell_i) =$

- 0 si $\exists s_k \in C_i, k = \ell_i$
- ∞ si $\exists s_k \in C_i, k \neq \ell_i$
- $-\ln \prod_{v \in C_i} \Pr(I_v | \ell_i)$ si $\exists s_k \in C_i, \forall k \in \{1, \dots, m\}$

où $\Pr(I_v | \ell_i)$ est la probabilité que le voxel v appartienne à la classe i . Cette probabilité est estimée à partir des histogrammes des niveaux de gris des voxels germes fixés par l'utilisateur (un histogramme par classe).

En ce qui concerne la minimisation de l'équation (5.13), il a été montré dans [Boykov *et al.* (2001)], qu'elle est NP-difficile dans le cas multilabel, même en considérant uniquement un modèle de Potts. Pour le cas binaire, le minimum global de (5.13) peut être calculé en temps polynomial en utilisant un algorithme de flot maximum [Greig *et al.* (1989)]. Dans notre cas multilabel, nous utilisons l'algorithme 'Expansion Moves' décrit dans [Boykov *et al.* (2001)].

Résultats

Dans cette section, nous évaluons qualitativement et quantitativement notre approche. Dans toutes les évaluations, des comparaisons sont effectués avec le modèle de Potts, et notre approche précédente [Jacinto *et al.* (2012)]. Notre implémentation est basée sur la librairie développée par les auteurs de [Boykov *et al.* (2001), Kolmogorov and Zabih (2004), Boykov and Kolmogorov (2004)].

Dans toutes les évaluations, nous mesurons la qualité de segmentation par rapport à des segmentations de références, avec le critère de Dice (Dice Similarity Metric, DSM), qui mesure le chevauchement entre le résultat de la segmentation et la référence. Nous appelons S_l et T_l les ensembles de voxels ayant l'étiquette $l \in L$ dans l'image segmentée \mathcal{I} et la référence \mathcal{T} , et écrivons le DSM pour l'étiquette $l \in L$ ainsi : $dsm_l(\mathcal{I}, \mathcal{T})$. Nous pouvons alors définir un critère global de qualité, calculé sur l'ensemble des critères :

$$dsm_L(\mathcal{I}, \mathcal{T}) = \frac{\sum_{l \in L} dsm_l(\mathcal{I}, \mathcal{T}) |T_l|}{|\mathcal{T}|}. \quad (5.14)$$

Pour analyser la fiabilité de la segmentation, nous évaluons un critère de fiabilité du DSM sur l'intervalle $[0, 1]$ sur un ensemble d'images \mathbb{I} . Nous appelons l'ensemble d'images atteignant un DSM supérieur à d : $\mathbb{I}_d = \{\mathcal{I} \in \mathbb{I} \mid dsm_L(\mathcal{I}, \mathcal{T}) > d\}$. Nous définissons la

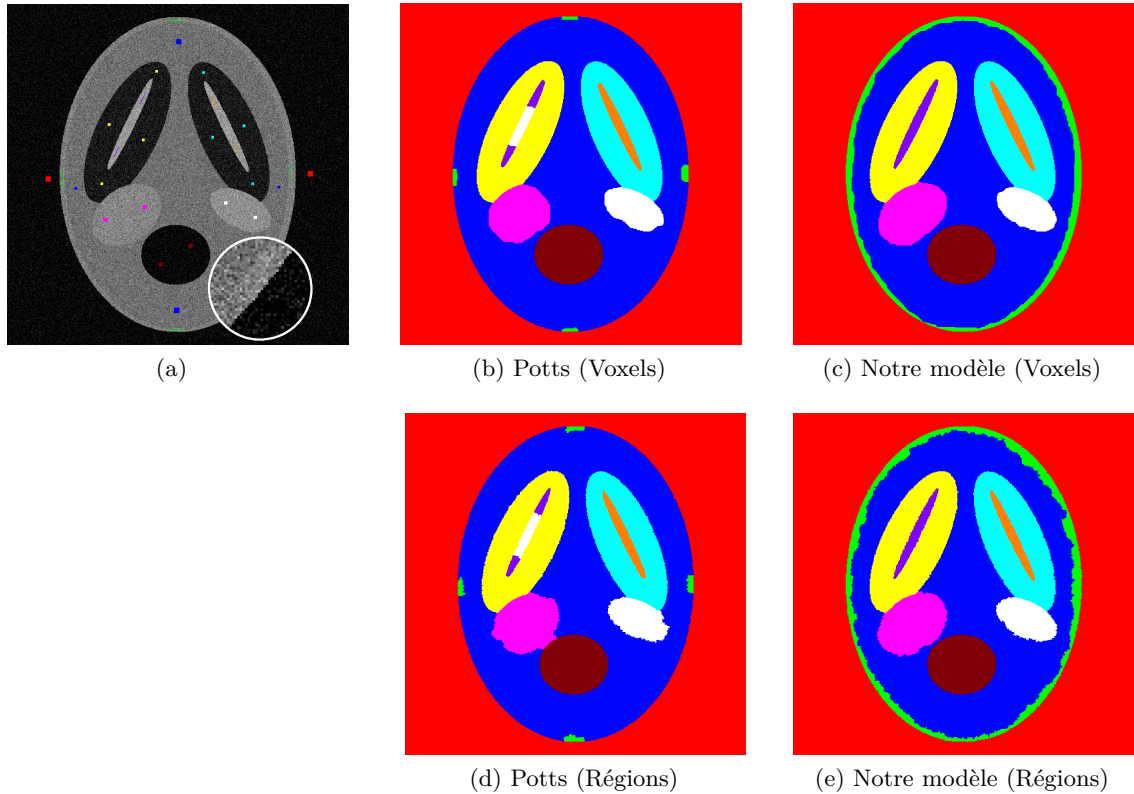


FIGURE 5.21 – (a) Image générée à partir du fantôme de la figure 5.20 avec un bruit gaussien additif $\sigma = 0.09$, et de germes placés pour initialiser la segmentation (points colorés). (b) segmentation avec le modèle de Potts (DSM = 0.937) et (c) avec notre modèle (DSM = 0.994) directement sur les voxels. (d) Segmentation des régions avec le modèle de Potts (DSM = 0.938) et (e) avec notre modèle (DSM = 0.986)

fiabilité ainsi :

$$rel(d) = \frac{|\mathbb{I}_d|}{|\mathbb{I}|}. \quad (5.15)$$

Pour évaluer la précision du placement du bord de la segmentation, nous mesurons aussi la distance de chaque point de l'objet segmenté à la segmentation de référence. Soient M_S^l et M_T^l les maillages représentant les isosurfaces correspondant à l'étiquette $l \in L$ dans l'image segmentée \mathcal{I} et l'image de référence \mathcal{T} . L'erreur en chaque point x est définie par :

$$err(x) = \inf \{d(x, y) \mid y \in M_T^l\}. \quad (5.16)$$

où $d(a, b)$ est la distance entre les points a et b . Nous avons construit un fantôme numérique, inspiré du fantôme Shepp-Logan [Shepp and Logan (1974)], pour des évaluations qualitatives et quantitatives. La disposition des 10 structures présentes dans notre fantôme (Fig. 5.20) est proche de la configuration spatiale d'organes du thorax et de l'abdomen dans une coupe coronale CT. De plus, les niveaux de gris choisis pour les différentes structures ont été fixés aux niveaux de gris moyen des organes correspondants dans une image CT.

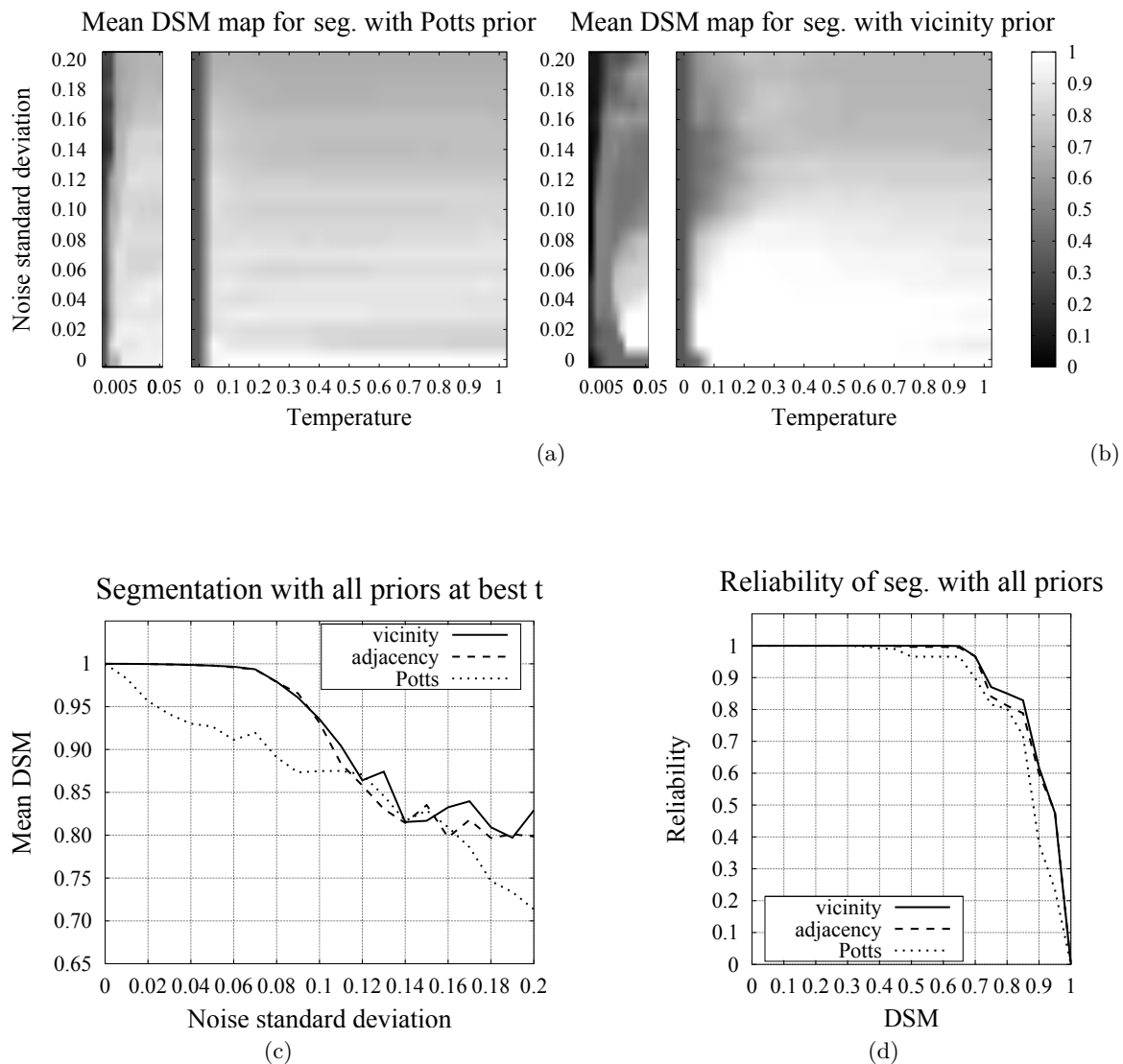


FIGURE 5.22 – Evaluation quantitative et comparaison avec le modèle de Potts sur un fantôme expérimental

Nous avons généré une série de 40 images avec un niveau croissant de bruit d'écart type $\sigma \in [0, 0.2]$, les intensités des images étant comprises dans l'intervalle $[0, 1]$. Pour la segmentation, nous avons effectué un balayage du paramètre t dans l'équation (5.13), et nous avons fait varier le taux de partitionnement de 1% à 100%, ce taux étant le rapport entre le nombre de partitions et de pixels dans l'image. Les voxels germes sont montrés dans la figure 5.21a par des points colorés. La figure 5.21 donne une comparaison qualitative des meilleurs résultats produits par les modèles de Potts et notre modèle, pour une segmentation des voxels (haut) et un partitionnement à 10% (bas), avec un bruit gaussien d'écart-type $\sigma = 0.09$, ce qui constitue un niveau de bruit relativement important. Le modèle d'adjacence que nous avons utilisé est présenté sur la figure 5.20. Les améliorations apportées par ce modèle sont évidentes sur la segmentation, en particulier pour les structures fines 2 et 9. Par la suite, toute référence au DSM signifiera une mesure moyenne du critère DSM

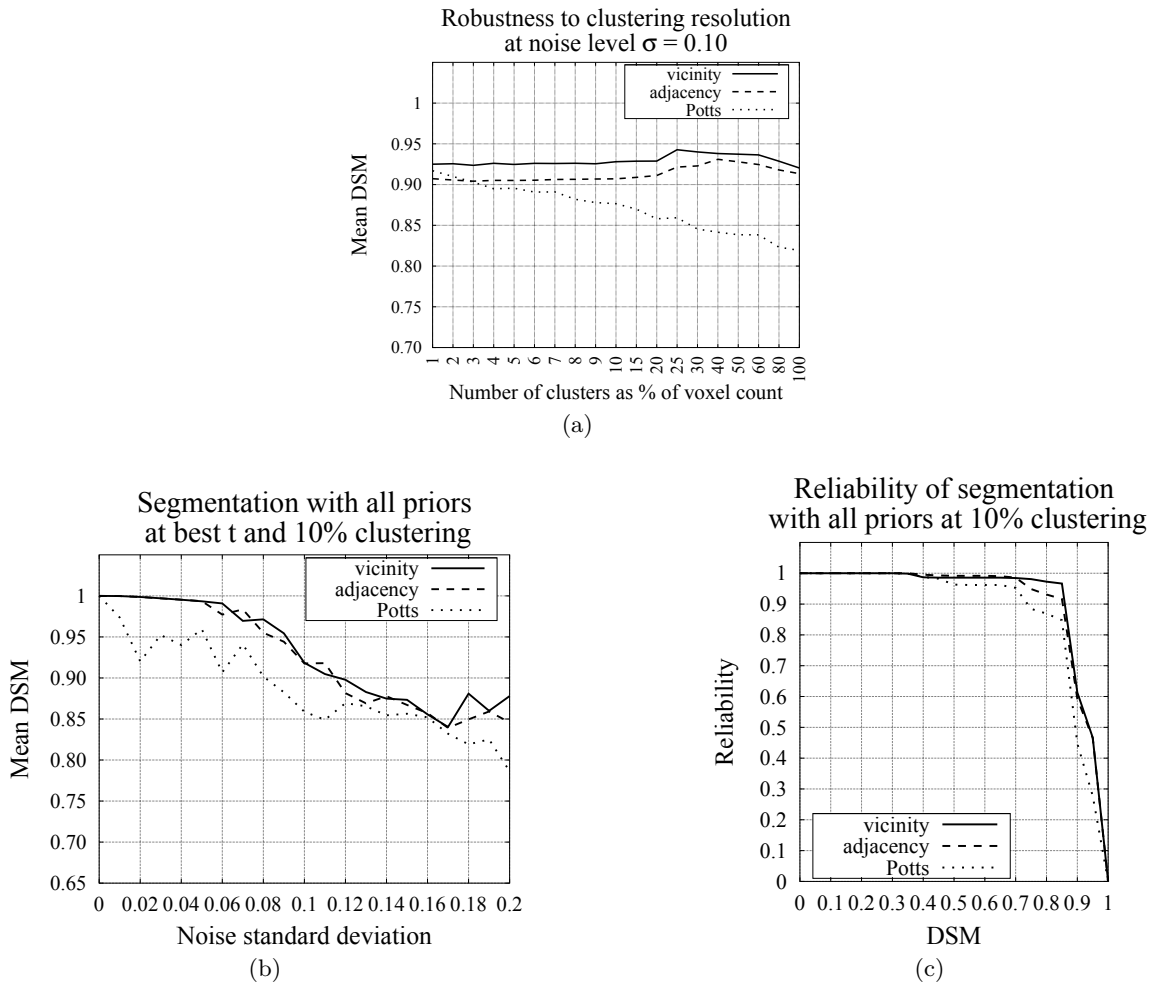


FIGURE 5.23 – Evaluation quantitative et comparaison avec le modèle de Potts sur un fantôme expérimental

pour tous les organes, comme défini par l'équation (5.14). Les valeurs moyennes du DSM sont calculées sur les segmentations correspondantes aux meilleurs réglages. Dans la figure 5.22a, nous montrons la carte du DSM en fonction du bruit dans l'image et du paramètre de température t , pour un modèle de Potts (gauche) et notre modèle ('vicinity prior', droite). L'apport de notre modèle est significatif, notamment pour des hauts niveaux de bruit $\sigma = 0.1$. A la gauche de chaque carte est aussi affichée une vue plus précise pour une variation de t dans l'intervalle $[0.005, 0.05]$.

Les figures 5.22c et 5.23b comparent le modèle de Potts et notre approche, en segmentant les voxels ou les partitions, en fonction du niveau de bruit, et pour un paramètre de température t produisant la meilleure segmentation. Les figures 5.22d et 5.23c comparent les fiabilités des modèles, dans des conditions similaires. Pour toutes ces comparaisons, lorsqu'un partitionnement est utilisé, celui-ci présente un taux de simplification égal à 10%.

Nous avons aussi évalué la robustesse du modèle de Potts et notre modèle en fonction du taux de partitionnement, dans la figure 5.23a. Nous pouvons remarquer que notre approche

TABLE 5.4 – Comparaison des critères DSM moyens, sur la base de données IRM BrainWeb. Les valeurs en gras représentent les valeurs significativement meilleures (p -valeur < 0.05).

Structures	voxels		partitions (10%)	
	Potts	Notre modèle	Potts	Notre modèle
Air	0.98 ± 0.01	0.98 ± 0.01	0.98 ± 0.01	0.99 ± 0.00
Liquide Cérébrospinal	0.25 ± 0.16	0.65 ± 0.06	0.29 ± 0.11	0.67 ± 0.05
Matière Grise	0.79 ± 0.09	0.82 ± 0.08	0.80 ± 0.08	0.85 ± 0.06
Matière Blanche	0.86 ± 0.08	0.88 ± 0.07	0.87 ± 0.07	0.88 ± 0.06
Gras	0.89 ± 0.05	0.84 ± 0.08	0.87 ± 0.04	0.85 ± 0.06
Muscle	0.73 ± 0.06	0.74 ± 0.12	0.73 ± 0.07	0.79 ± 0.09
Peau	0.70 ± 0.07	0.75 ± 0.09	0.69 ± 0.07	0.75 ± 0.07
Crâne	0.76 ± 0.07	0.79 ± 0.05	0.76 ± 0.05	0.80 ± 0.04
Tissu conjonctif	0.71 ± 0.14	0.69 ± 0.21	0.73 ± 0.12	0.75 ± 0.15
Global	0.81 ± 0.03	0.85 ± 0.04	0.82 ± 0.03	0.87 ± 0.04

TABLE 5.5 – Temps de calcul et occupation de la mémoire pour une segmentation avec notre modèle sur des images BrainWeb et 3D-IRCADb CT avec une machine à 4 processeurs (2.84 GHz) pour BrainWeb et 16 processeurs (2.66 GHz) pour 3D-IRCADb CT. Les 4 dernières colonnes indiquent la durée de partitionnement, la durée pour la construction du graphe, la durée pour l’optimisation et l’occupation mémoire.

Image	Segmentation	Part.(mn)	Construction (mn)	Optimisation (mn)	Mémoire (Mo)
BrainWeb IRM	voxels	—	0.25	12.46	3053
	partitions 10%	3.19	0.18	2.83	377
3D-IRCADb CT	voxels	—	2.10	460.23	23864
	partitions 5%	15.48	1.44	14.57	2625

est robuste au taux de partitionnement.

D’un point de vue général, nos évaluations montrent que notre modèle est plus efficace que le modèle de Potts.

Nous avons évalué quantitativement notre algorithme sur la base de données simulées IRM BrainWeb [Collins *et al.* (1998)]. Pour générer ces images, un modèle de tête et de cerveau ont été plongés dans un simulateur IRM pour générer des images IRM, avec 6 niveaux de bruit (0%, 1%, 3%, 5%, 7% and 9%) et 3 niveaux d’inhomogénéité (0%, 20% and 40%). Durant l’évaluation nous avons utilisé les 18 images T1. Les dimensions des images sont $217 \times 181 \times 217$, chaque voxel mesurant 1 mm de côté. Le fantôme contient 10 structures. Nous en avons considéré 9, en fusionnant les tissus “matière gliale” avec les tissus “matière grise”, et la liste est présentée dans la table 5.4.

La table 5.4 montre les critères DSM individuels calculés sur les segmentations des voxels et partitions (taux de 10%). Notre modèle de voisinage est défini par la figure 5.25a. Nous donnons aussi les temps de calcul et occupation mémoire dans la table 5.5.

Toujours sur la base BrainWeb, nous avons comparé notre approche avec [Gorthi *et al.* (2011)], qui utilise aussi l’algorithme ‘Expansion Moves’, mais avec des paramètres dédiés à

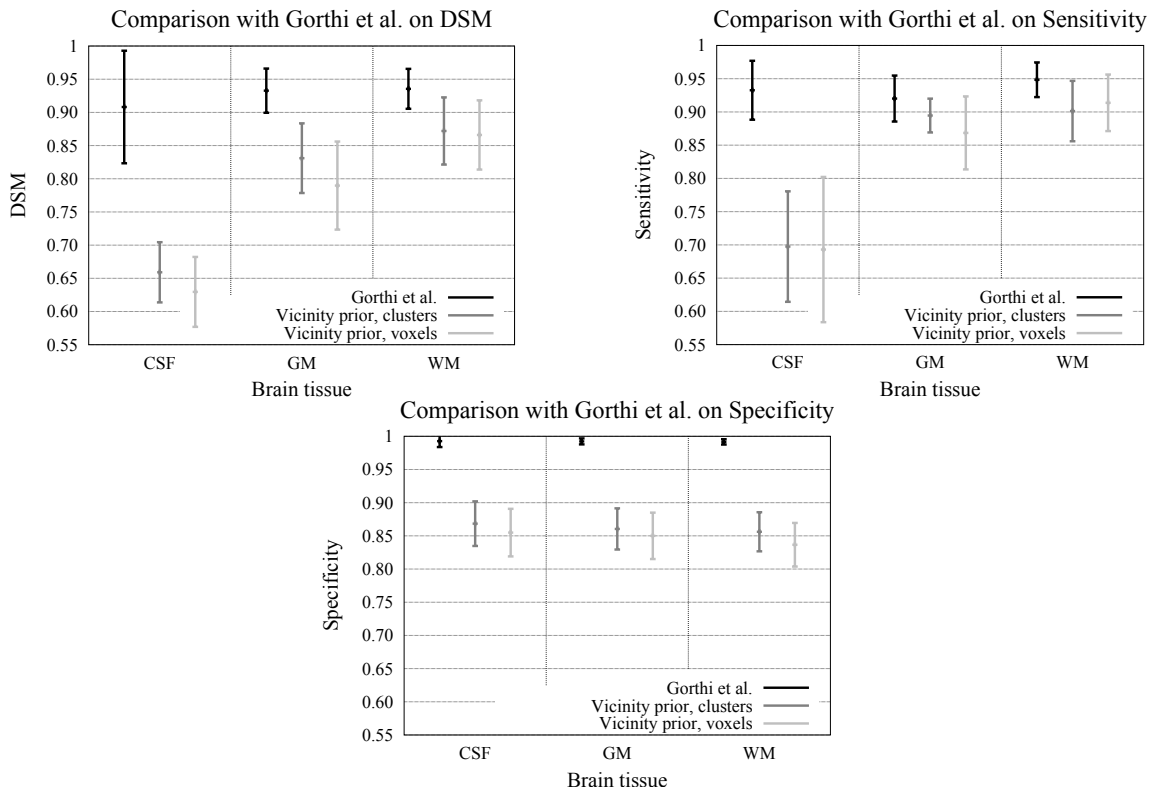


FIGURE 5.24 – Segmentation du cerveau : comparaison avec [Gorthi *et al.* (2011)] sur la base de données simulées BrainWeb.

la segmentation de tissus du cerveau. Dans notre évaluation, nous avons utilisé le même sous-ensemble que [Gorthi *et al.* (2011)], correspondant aux 12 images T1 générées avec des niveaux d'inhomogénéité à 20% and 40% avec tous les niveaux de bruits. La figure 5.24 compare les critères DSM moyens, la sensibilité et la spécificité. La sensibilité et la spécificité sont définies respectivement comme les taux de vrais positifs et de vrais négatifs. Nos résultats sont moins bons, mais notre approche produit des résultats relativement proches.

Nous avons aussi testé notre algorithme sur des images réelles thoraciques abdominales 3D CT provenant de la base de données 3D-IRCADb [IRCAD (2012)], accompagnée de segmentations manuelles de 21 structures. L'image test a pour dimensions $480 \times 370 \times 167$ pixels, chaque voxel mesurant $0.961 \times 0.961 \times 1.8$ mm. Nous avons segmenté tous les organes visibles dans cette image. Le graphe de connectivité utilisé pour notre modèle est présenté figure 5.25b. La table 5.6 montre les mesures de critère DSM global et individuels pour les modèles de Potts et notre modèle, appliqués sur une image partitionnée (5%) avec $t = 0.5$. Une comparaison qualitative est visible sur la figure 5.26. La figure 5.27 montre des maillages 3D construits à partir de notre segmentation. Les temps de calcul et l'empreinte mémoire sont visibles dans la table 5.5.

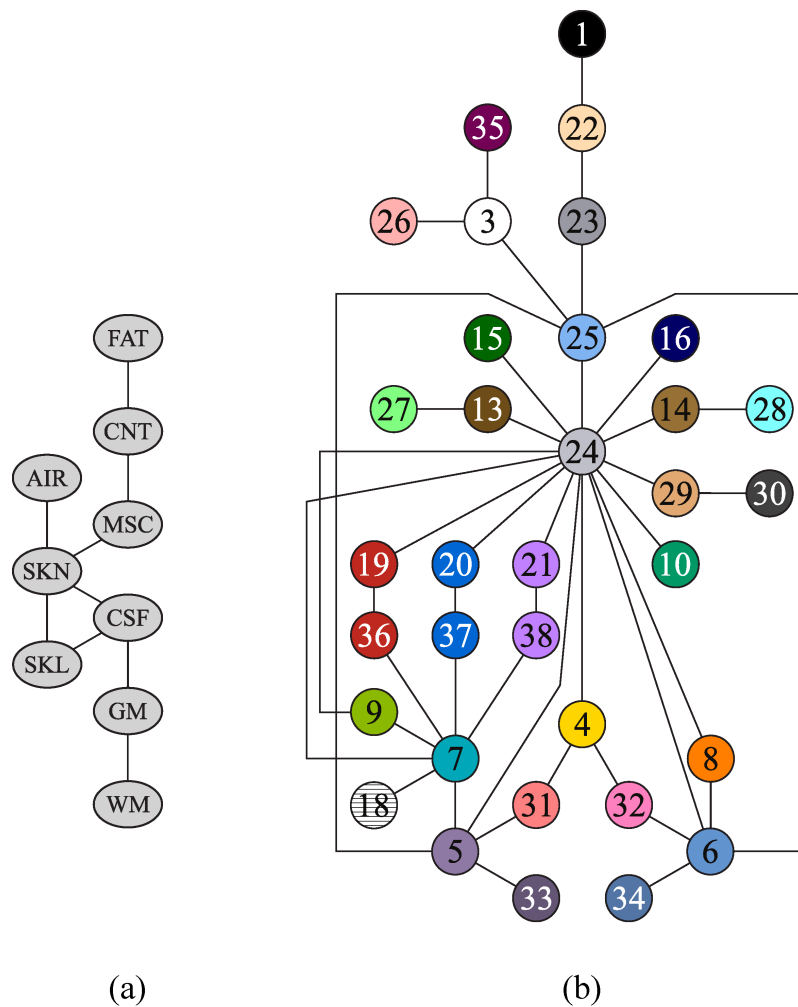


FIGURE 5.25 – Modèles de graphe d’adjacence pour les images (a) BrainWeb. AIR : fond, CNT : tissu conjonctif, CSF : liquide cébrospinal, FAT : gras, GM : matière grise, MSC : muscle, SKL : crâne, SKN : peau, WM : matière blanche. (b) 3D-IRCADb 1 : air, 3 : os, 4 : coeur, 5 : poumon D, 6 : poumon G, 7 : foie, 8 : rate, 9 : vésicule biliaire, 10 : pancréas, 13 : rein G, 14 : rein D, 15. glande adrénale D, 16 : glande adrénale G, 18 : hyperplasie, 19 : aorte, 20 : veine cave, 21 : veine porte, 22 : peau, 23 : gras, 24 : gras visceral, 25 : muscle, 26 : moëlle, 27 : pyramides rénales D, 28 : pyramides rénales G, 29 : tissu du tube digestif, 30 : cavité du tube digestif, 31 : artères pulmonaire D, 32 : artères pulmonaires G. 33 : bronches D, 34 : bronches G, 35 disques intervertébraux, 36 : artères hépatiques, 37 : veine cave hépatique, 38 : veines portes hépatiques.

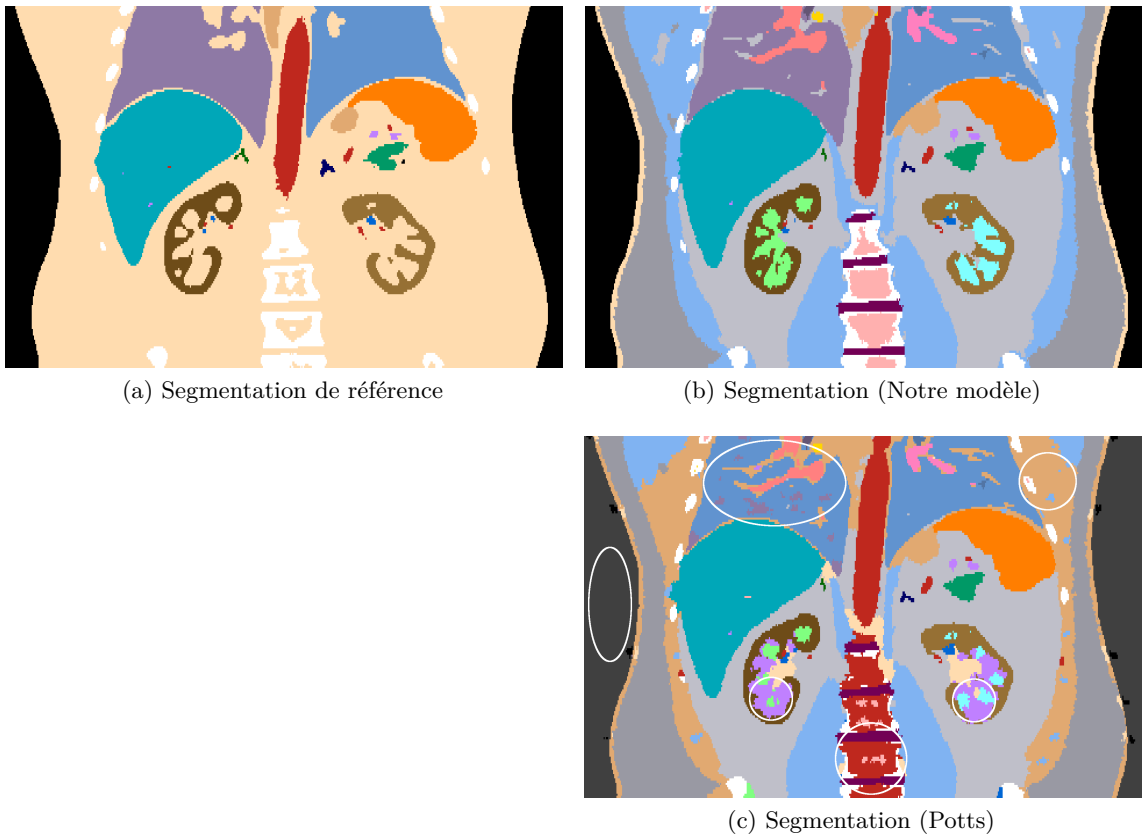


FIGURE 5.26 – Comparaison qualitative de la segmentation sur une image de la base 3D-IRCADb. Les sections coronale sont affichées pour : (a) la segmentation de référence, (b) notre modèle et (c) le modèle de Potts. Les cercles et ellipses rajoutés sur l' image (c) indiquent des régions avec des erreurs de segmentation.

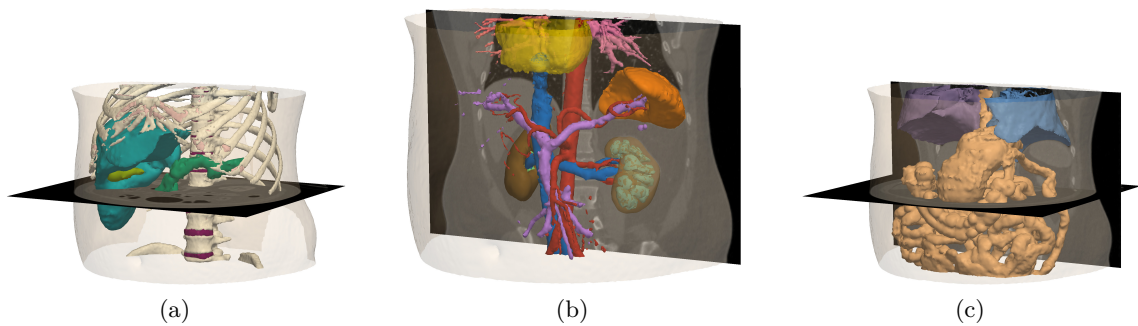


FIGURE 5.27 – Maillages 3D issus de la segmentation d'une image 3D-IRCADb avec notre approche.

TABLE 5.6 – Mesures globales et individuelles du DSM pour une segmentation (avec partitionnement, 5%) d'une image de la base 3D-IRCADb, comparant modèle de Potts et notre modèle d'adjacence

Structures	Potts	Notre modèle	Structures	Potts	Notre modèle
Os	0.735	0.857	Rein (D)	0.907	0.967
Coeur	0.918	0.988	Rein (G)	0.880	0.968
Poumon (D)	0.096	0.976	Glande surrénale (D)	0.765	0.743
Poumon (G)	0.646	0.980	Glande surrénale (G)	0.706	0.707
Foie	0.990	0.989	Hyperplasie	0.645	0.646
Rate	0.965	0.982	Aorte	0.512	0.950
Vésicule biliaire	0.902	0.923	Veine Cave	0.894	0.923
Pancreas	0.895	0.959	Veine Porte	0.537	0.800
DSM Global	0.721	0.962	Moyenne	0.750	0.897

Application biologique : segmentation d'images de tritons

Dans le cadre d'une collaboration avec Thomas Wardziak [Wardziak *et al.* (2014)], nous avons appliqué notre algorithme semi-automatique pour segmenter des IRM de tritons. Le but principal de cette étude est l'observation des échanges d'eaux entre la peau du triton et l'atmosphère. Dans cette étude, une trentaine de tritons ont été imagés dans deux postures différentes : une posture normale en 'I', et une posture en 'S', qui est observée lorsque le triton est en milieu sec, et essaie de limiter l'évaporation superficielle. Dans ce contexte, des mesures expérimentales et par simulation ont été effectuées, la simulation nécessitant la construction de modèles 3D maillés des tritons. La figure 5.28 montre une photographie de triton (en haut). Les figures du milieu et du bas montrent chacune un modèle 3D de triton, segmenté et maillé via l'interface DESK [Jacinto *et al.* (2012)], en posture 'I' et 'S', respectivement. Ensuite, des simulations ont permis de mesurer la perte en eau des différents modèles lorsqu'ils sont plongés dans un milieu sec. Ces simulations ont confirmé les mesures expérimentales, où la posture en 'S' procure une économie en eau de 22% pour le triton.

Conclusion

Dans cette partie, nous avons proposé un algorithme de segmentation semi-automatique, basé sur la coupe de graphes. Notre contribution principale est un nouveau modèle d'adjacence, qui, contrairement au modèle de Potts, offre plusieurs niveaux de pénalisation, capturant ainsi plus efficacement la configuration pour la segmentation multi-objets. Notre modèle est simple à construire, et possède l'avantage d'être robuste aux grandes déformations, contrairement aux modèles de forme. L'efficacité de notre modèle, comparé au modèle de Potts, a été validée par des analyses qualitatives et quantitatives, sur des images simulées et réelles, et une application en biologie illustre la pertinence de notre algorithme.

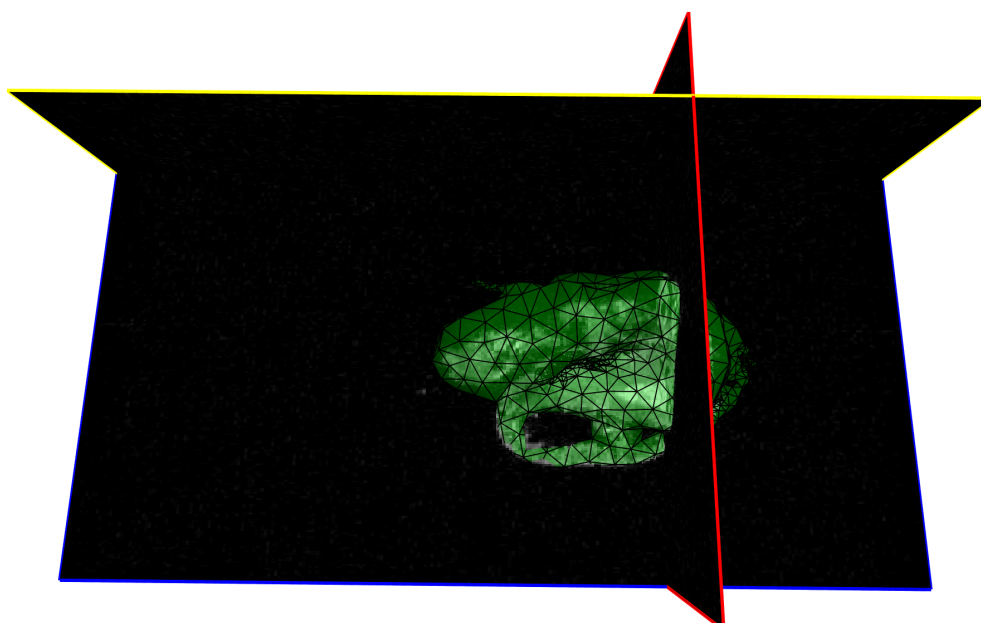
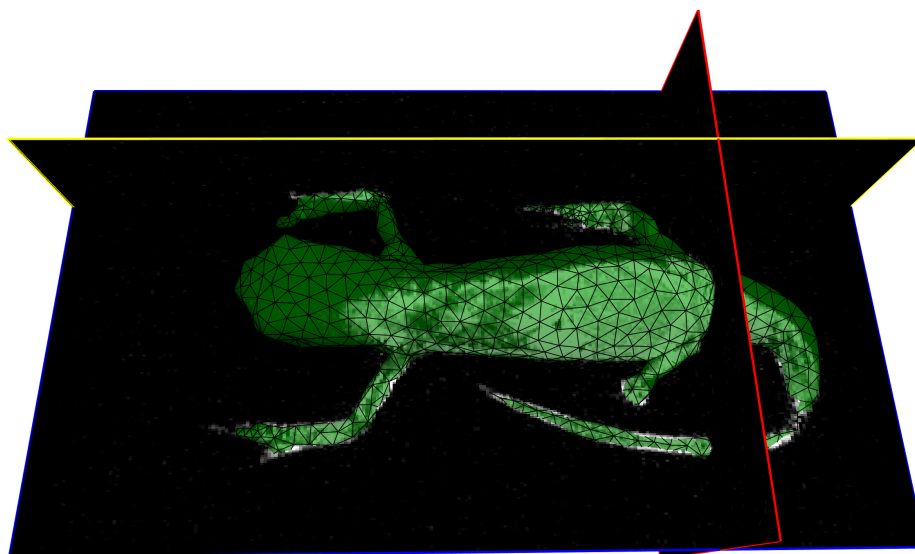


FIGURE 5.28 – Segmentation d’images de tritons. Haut : photographie d’un triton. Milieu et Bas : modèle maillé issu de la segmentation d’une IRM 3D de triton, obtenu via l’interface DESK [Jacinto *et al.* (2012)], posture en 'I' (milieu) et en 'S' (bas).

5.3.3 Approche automatique : atlas probabilistes et coupe de graphe

Dans cette section, nous proposons une approche de segmentation multi-organes automatique, capable de segmenter des images IRM ou CT. Notre algorithme suit une logique Bayésienne et emploie des probabilités basées sur la position et les niveaux de gris des structures et un a priori sur leur distribution spatiale. Les probabilités de position sont définies par construction d'atlas probabilistes, via un recalage par fenêtres rétrécissantes, utilisant une approche rapide basée sur des points SURF 2D. Les régions recalées avec confiance servent à la définition de probabilités de distribution d'intensité. La configuration spatiale est définie par un graphe d'adjacence, comme défini dans la section précédente. Un terme d'énergie est déduit des probabilités ainsi définies et de l'a priori spatial. Ce terme d'énergie est optimisé par une approche de coupe de graphe multi-étiquettes.

Construction d'atlas probabilistes

Le recalage d'image est une étape clé pour notre méthode de segmentation basée sur l'utilisation d'atlas probabilistes. Les approches de recalage déformable denses sont robustes à la variabilité, mais sont coûteuses en temps de calcul [Xu *et al.* (2016)b], ce qui est un handicap pour la construction d'atlas probabilistes pour une vingtaines d'organes et de références. De plus, sachant que les atlas probabilistes ne sont pas uniques dans la prise de décision pour la segmentation, des atlas construits avec une qualité sous-optimale peuvent être aussi efficaces que ceux construits par recalage déformable. Les éventuelles erreurs et imperfections, peuvent être contrecarrées par d'autres critères comme les niveaux de gris des voxels, ou la cohérence spatiale.

Nous utilisons une approche rapide de recalage rigide, basée sur l'extraction de points clés SURF, capable de recalculer deux images en quelques secondes. Les points clés sont extraits sur chaque coupe 2D axiale des images, mais le recalage est, lui, calculé en 3D. Les volumes avec un chevauchement partiel sont correctement traités, ce qui est important pour localiser des organes incomplètement représentés dans les images. De plus, la robustesse du recalage est améliorée par l'apport d'une stratégie multi-échelle.

Nous extrayons les points clés SURF présents dans les images, [Bay *et al.* (2008)], mais notre méthode est générique et pourrait fonctionner avec d'autres types de points clés. Pour réduire la durée des calculs, nous redimensionnons au départ les images à recalculer, pour que leur seconde plus longue dimension soit égale à une résolution fixée R (Dans nos expériences, R varie entre 50 et 200). Ensuite, nous extrayons les points clés de chaque coupe axiale. La figure 5.3 montre des points clés SURF extraits d'une paire de coupes 2D venant de patients différents 10000108_1_CTce_ThAb et 10000109_1_CTce_ThAb. Les nombres totaux de points clés extraits sont 11500 et 9400, respectivement. Les points clés sont mis en correspondance en utilisant le critère du rapport au deuxième plus proche voisin [Lowe (2004)]. La figure 5.3(bas) montre les 9 points clés mis en correspondance entre les deux coupes.

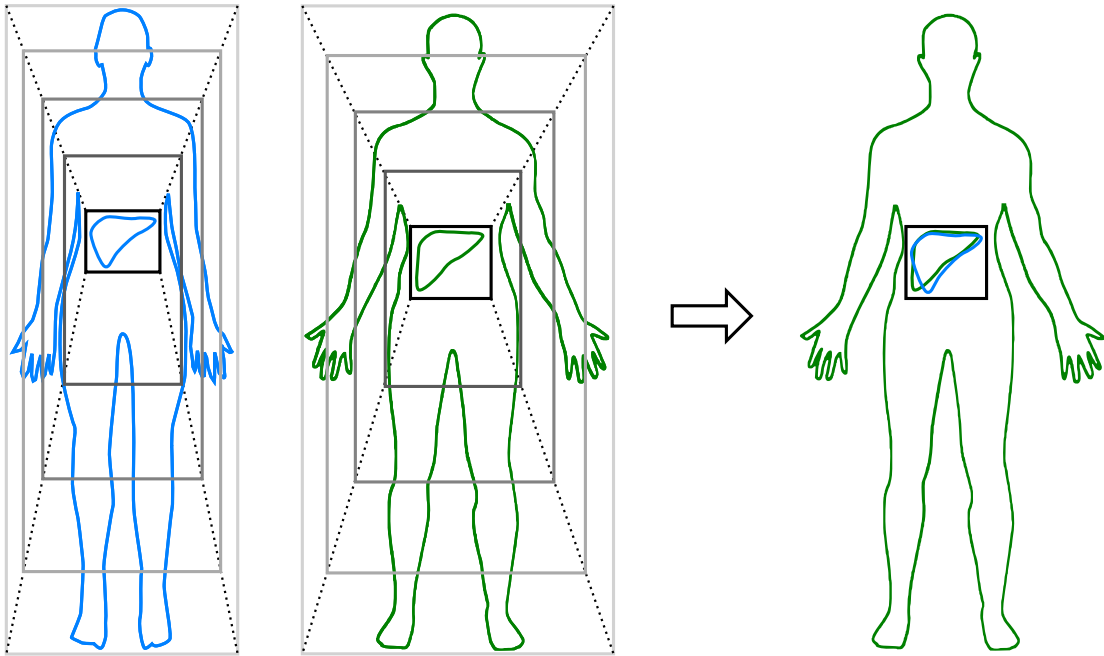


FIGURE 5.29 – Recalage multi-échelle par fenêtres rétrécissantes. Les images source (bleu) et cible (vert) sont initialisées avec les images entières. L’algorithme alterne entre recalage et rétrécissement des fenêtres de recalage pour un nombre d’itérations fixé, ou jusqu’à ce que le recalage échoue.

Une fois les points clés mis en correspondance, le recalage est effectué. Un problème rencontré avec l’utilisation de points clés provient du faible nombre de points mis en correspondance, et que le nombre de correspondances correctes est encore plus petit. Pour le recalage, nous nous limitons donc à un simple modèle d’homothétie :

$$\begin{bmatrix} x' \\ y' \\ z' \end{bmatrix} = s \begin{bmatrix} x \\ y \\ z \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{bmatrix} . \quad (5.17)$$

Nous estimons s , t_x , t_y et t_z à l’aide des paires de points clés, similairement à la méthode RANSAC [Fischler and Bolles (1981)]. Pour améliorer la robustesse de localisation des organes nous suivons une approche multi-échelle, qui équilibre taille du domaine de recalage et précision : une grande région contient beaucoup de points clés, et son recalage sera potentiellement robuste. Cependant, les organes qu’elle contient seront recalés avec une précision limitée (recalage rigide). D’un autre côté, une image relativement petite contiendra peu de points clés. Son recalage sera donc potentiellement moins robuste, mais pourrait être plus précis, comparé au recalage d’une grande région. En suivant ces deux observations, lors du recalage d’un organe, sur une image source, nous commençons par recalcr les images complètes des patients, et rétrécissons progressivement les fenêtres de recalage, en convergeant vers la boîte englobant l’organe à segmenter. Le recalage d’un organe O , s’effectue ainsi :

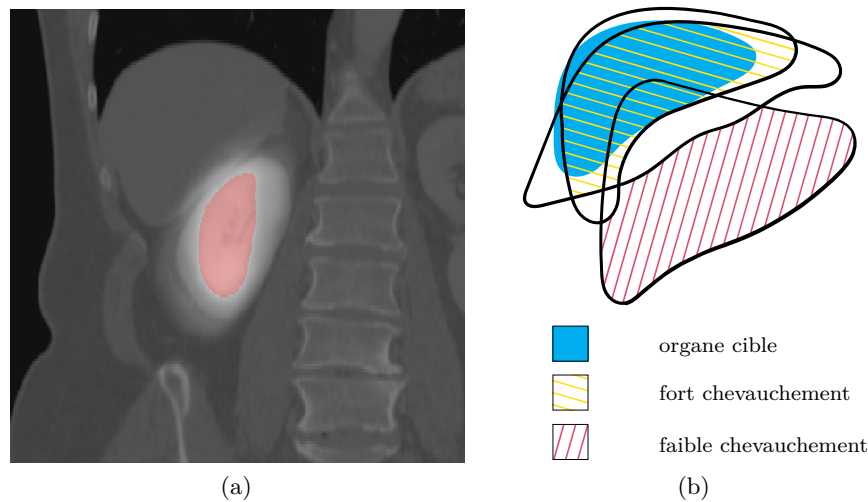


FIGURE 5.30 – (a) Atlas probabiliste du rein droit (blanc transparent) et sa région de confiance (rouge transparent) superposée sur l'image. (b) Illustration du classement des annotations : deux annotations recalées avec un bon chevauchement sont de bonnes candidates pour la construction de l'atlas, tandis qu'une annotation avec un chevauchement faible sera éliminée.

- Définir l'image source F_1 par l'image entière du patient 1, et l'image cible F_2 par l'image du patient 2.
- Recaler F_1 sur F_2 .
- Si le recalage est réussi (i.e. le nombre de paires satisfaisant le modèle est supérieur à un seuil θ), rétrécir F_1 et F_2 vers la boîte englobant l'organe O , et retourner à l'étape précédente (recalage). Sinon, terminer l'algorithme, et utiliser la transformation calculée à l'étape précédente.

Pour nos tests, nous avons utilisé 5 étapes de rétrécissement, avec $\theta = 20$. La figure 5.29 illustre l'algorithme de recalage multi-échelle.

En utilisant les images et segmentations de la base de données VISCERAL [Hanbury *et al.* (2012)], nous pouvons construire des atlas probabilistes pour les 20 structures listées dans la table 5.7. Nous construisons aussi des atlas pour trois régions supplémentaires : fond (BKG), thorax et abdomen (THAB), et enveloppe corporelle (ENV).

Pour chaque organe à segmenter dans une image donnée, nous construisons un atlas probabiliste en plusieurs étapes :

- Recaler les images annotées de référence sur l'image à segmenter, en utilisant des fenêtres rétrécissantes. Utiliser les boîtes englobantes des organes segmentés pour guider le rétrécissement des fenêtres.
- Appliquer les transformations obtenues sur les annotations (qui sont essentiellement des masques binaires).
- Classer les annotations transformées en fonction de leur chevauchement mutuel, mesuré par la métrique de similarité Dice : les annotations avec le plus grand

chevauchement moyen avec les autres sont classées en premier. La figure 5.30b illustre ce classement.

- Choisir les annotations les mieux classées, éliminant les annotations dont le chevauchement moyen est inférieur à un seuil τ .
- Accumuler les annotations sélectionnées dans une image 3D, normaliser l'image pour produire une densité de probabilité spatiale, qui représente l'atlas probabiliste.

Notre approche de classement des annotations est similaire à l'approche utilisée dans [Wolz *et al.* (2013)], avec la différence que celle-ci utilise la mesure de chevauchement pour pondérer les annotations dans la construction de l'atlas, au lieu de supprimer les annotations mal recalées. En pratique, nous fixons $\tau = 0.20$.

Segmentation utilisant intensités, voisinages et positions

Nous exprimons la segmentation d'images sous forme de problème d'étiquetage Bayésien : chaque variable $i \in \mathcal{S}$ représente un voxel de l'image ou un groupe de voxels (pour minimiser la complexité, voir section 5.3.2). Chaque variable est associée avec le noeud correspondant dans le graphe \mathcal{G} . Un étiquetage de toutes les variables, noté $\ell \in \mathcal{L}$, est appelé une configuration. L'étiquetage d'une seule variable est noté ℓ_i . La segmentation optimale est la segmentation qui minimise le terme d'énergie :

$$E(\ell) = t_1 \sum_{i \in \mathcal{S}} D_i(\ell_i) + t_2 \sum_{i \in \mathcal{S}} P_i(\ell_i) + \frac{1}{2} \sum_{i \in \mathcal{S}} \sum_{j \in \mathcal{N}_i} V_{i,j}(\ell_i, \ell_j). \quad (5.18)$$

où t_1 et t_2 sont les paramètres de température, \mathcal{N}_i est le voisinage de la variable i . Trois composantes forment cette énergie :

- la première somme prend en compte les niveaux de gris des variables. Les termes $D_i(\ell_i)$ sont définis ainsi :

$$D_i(\ell_i) = -\ln \prod_{v \in C_i} \Pr(I_v | \ell_i), \quad (5.19)$$

C_i est un groupe de voxels (dans le cas de segmentation avec partitionnement) ou un voxel seul, I_v est l'intensité du voxel v . La vraisemblance d'intensité $\Pr(I|l)$ pour un label l donné est estimée à partir d'un histogramme normalisé et lissé, construit à partir de la région de haute confiance dans l'atlas probabiliste correspondant. La figure 5.30a montre un exemple pour le rein droit.

- La deuxième somme prend en compte la position des variables (atlas probabiliste), où :

$$P_i(\ell_i) = -\ln \prod_{v \in C_i} \Pr(X_v | \ell_i), \quad (5.20)$$

C_i est un groupe de voxels (dans le cas de segmentation avec partitionnement) ou un voxel seul, X_v les coordonnées du voxel v . $\Pr(X|l)$ est la vraisemblance de la position X pour un label donné l , déterminée à partir de l'atlas probabiliste de l'étiquette l .

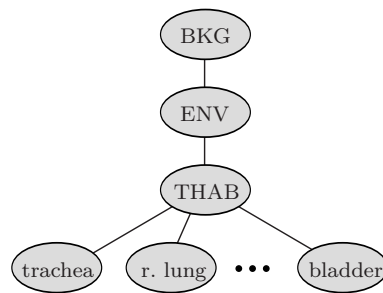


FIGURE 5.31 – Graphe d’adjacence utilisé dans nos tests

- La troisième somme prend en compte les voisinages des étiquettes. Les termes de paires $V_{i,j}(\ell_i, \ell_j)$ encodent l’a priori sur les voisinages entre étiquettes assignées aux variables. Les voisinages favorisés sont ceux respectant un modèle d’adjacence prédéfini entre les étiquettes. Ces termes sont définis similairement à l’approche proposé dans [Kéchichian *et al.* (2013)], détaillée dans la section 5.3.2. Le graphe d’adjacence utilisé dans nos tests est illustré dans la figure 5.31.

Nous minimisons (5.18) avec l’algorithme de coupe de graphe multi-étiquettes ‘expansion moves’ [Boykov and Veksler (2006)].

Résultats

Nous avons évalué notre méthode via le benchmark VISCERAL [Jimenez-del Toro *et al.* (2016)]. VISCERAL fournit des données d’entraînement et de test annotés, et une plateforme d’évaluation en ligne. Nous avons évalué notre méthode en ligne et aussi de manière indépendante, pour obtenir des résultats plus détaillés. En plus des comparaisons via VISCERAL, nous avons comparé notre approche avec des méthodes de l’état de l’art, méthodes multi-organes ou dédiées à la segmentation d’un organe spécifique par atlas probabiliste.

La base de données VISCERAL [Hanbury *et al.* (2012)] est décomposée en ensembles d’entraînement et de test comprenant respectivement 10 et 20 images annotées, avec 4 modalités d’imagerie différentes :

- CTce_ThAb : scanners CT thoraciques-abdominaux-pelviens avec agent de contraste
- CT_wb : scanners CT corps entier
- MRT1cefs_Ab : IRM abdominales avec agent de contraste
- MRT1_wb : IRM corps entier

La table 5.7 donne la liste des organes annotés, sur toutes les images sauf les images IRM abdominales qui ne possèdent pas d’annotations pour les organes thoraciques. Plus de détails sur les images et leur acquisition sont donnés dans [Winterstein *et al.* (2013)].

Nous évaluons les qualités des segmentations via deux critères : la métrique de similarité Dice (DSM) et la distance moyenne à la surface (MSD). Ces métriques sont complémentaires,

DSM mesure le chevauchement des volumes, et MSD mesure la précision des bords par rapport à la référence. Nous mesurons aussi des critères moyens, mesurés sur tous les organes segmentés. La métrique globale DSM utilisée est celle définie par l'équation (5.14) page 98.

En considérant que M_S^l et M_T^l sont les surfaces des organes $l \in L$ dans l'image segmentée \mathcal{I} et la segmentation de référence \mathcal{T} , la distance moyenne à la surface MSD pour $l \in L$ est donnée par :

$$\text{MSD} = \max_l \left(d(M_S^l, M_T^l), d(M_T^l, M_S^l) \right) \quad (5.21)$$

où pour deux surfaces A and B $d(A, B)$ est défini par :

$$d(A, B) = \frac{1}{|A|} \sum_{a \in A} \min_{b \in B} \|a - b\|. \quad (5.22)$$

La métrique globale MSD est définie de manière similaire à la métrique globale DSM (5.14).

La figure 5.32 présente des segmentations obtenues par notre méthode sur deux images de modalités différentes. Les segmentations sont représentées par des surfaces extraites des volumes étiquetés, superposées aux coupes coronales des images correspondantes. Pour chaque groupe, l'image de gauche représente la meilleure segmentation selon le critère DSM global. L'image du milieu est une agrégation des meilleures segmentations individuelles pour chaque organe selon le critère DSM. L'image de droite représente la segmentation de référence. Les qualités de segmentations restent similaires, mais des différences sont visibles sur les petits organes tels que la vessie pour l'image CTce_ThAb (haut).

Pour toutes les images de la base de données, nous suivons une approche 'leave one out' : pour segmenter chaque image, les autres images servent de référence pour construire les atlas probabilistes. Nous fixons la résolution de recalage R à 150 voxels. 100 segmentations sont effectuées pour chaque image correspondant à des balayages uniformes pour les paramètres t_1 et t_2 . Pour les images CT, $t_1 \in [0.1, 1.0]$, et pour les IRM, $t_1 \in [0.5, 1.4]$. t_2 est fixé à $c \times t_1$, où $c \in [0.1, 1.0]$.

Sur la figure 5.33, nous présentons les trois stratégies d'évaluation sur les images CTce_ThAb. Les barres bleues (gauche) reflètent les meilleurs DSM et MSD moyens obtenus pour chaque organe. Les barres orange (centre) reflètent les meilleurs DSM et MSD obtenus en fixant un jeu de paramètre pour chaque image. Les barres jaunes (droite) représentent les DSM et MSD moyens obtenus avec un jeu de paramètres fixé pour toutes les images : $t_1 = 0.2$ et $t_2 = 0.12$. Les résultats obtenus avec des paramètres fixes sont environ 10% inférieurs aux meilleurs résultats individuels.

La table 5.7 présente une évaluation quantitative sur les 4 modalités de la base VISCERAL. La colonne “#” indique le nombre d'images contenant chaque organe.

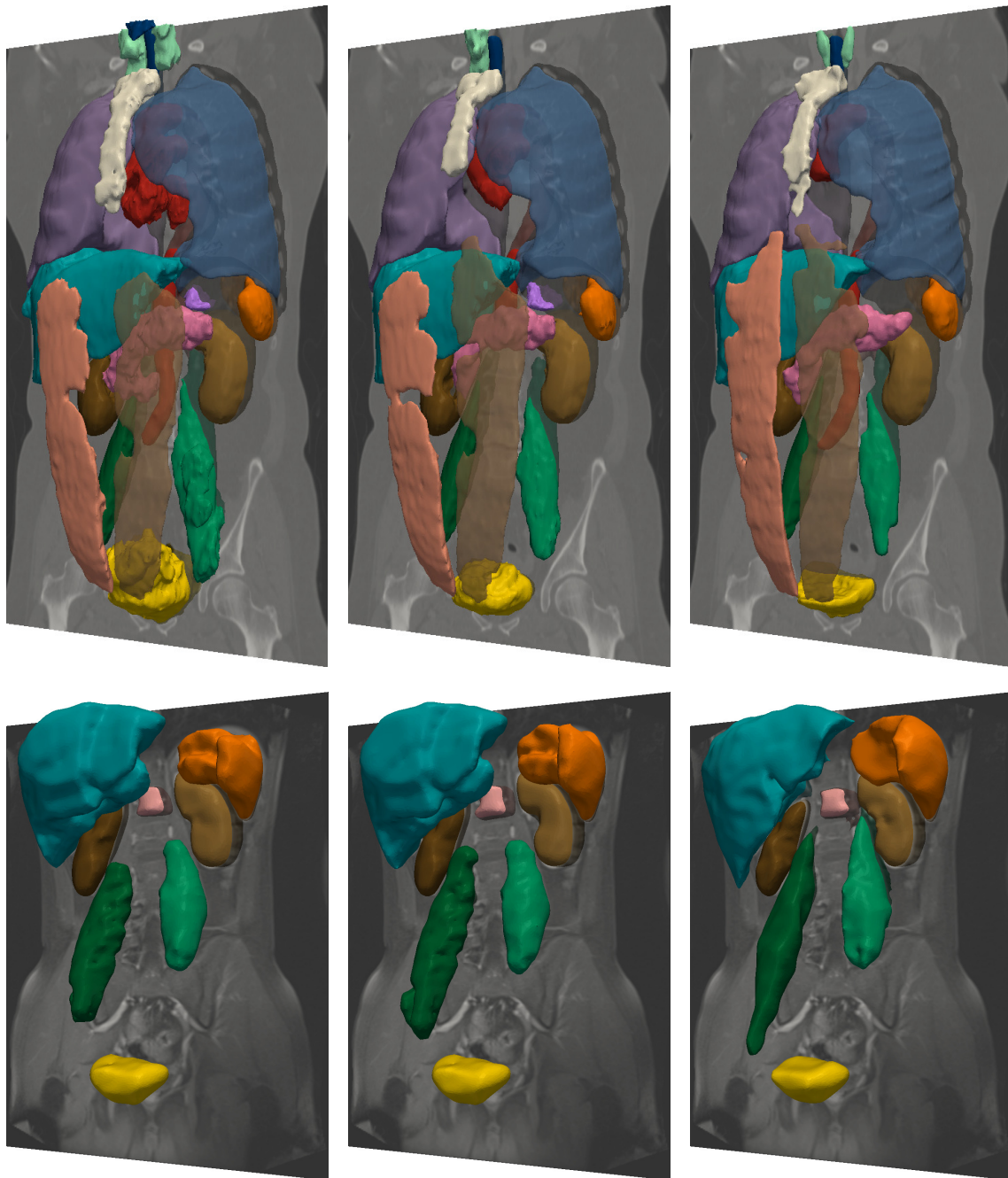


FIGURE 5.32 – Rendu 3D de segmentations multi-organes des images 10000109_1_CTce_ThAb (haut) et 10000331_4_MRT1cefs_Ab (bas) de la base de données VISCERAL. Pour chaque groupe, l'image de gauche montre la meilleure segmentation globale, l'image du centre une agrégation des meilleures segmentations pour chaque organe, et l'image de droite est la segmentation de référence.

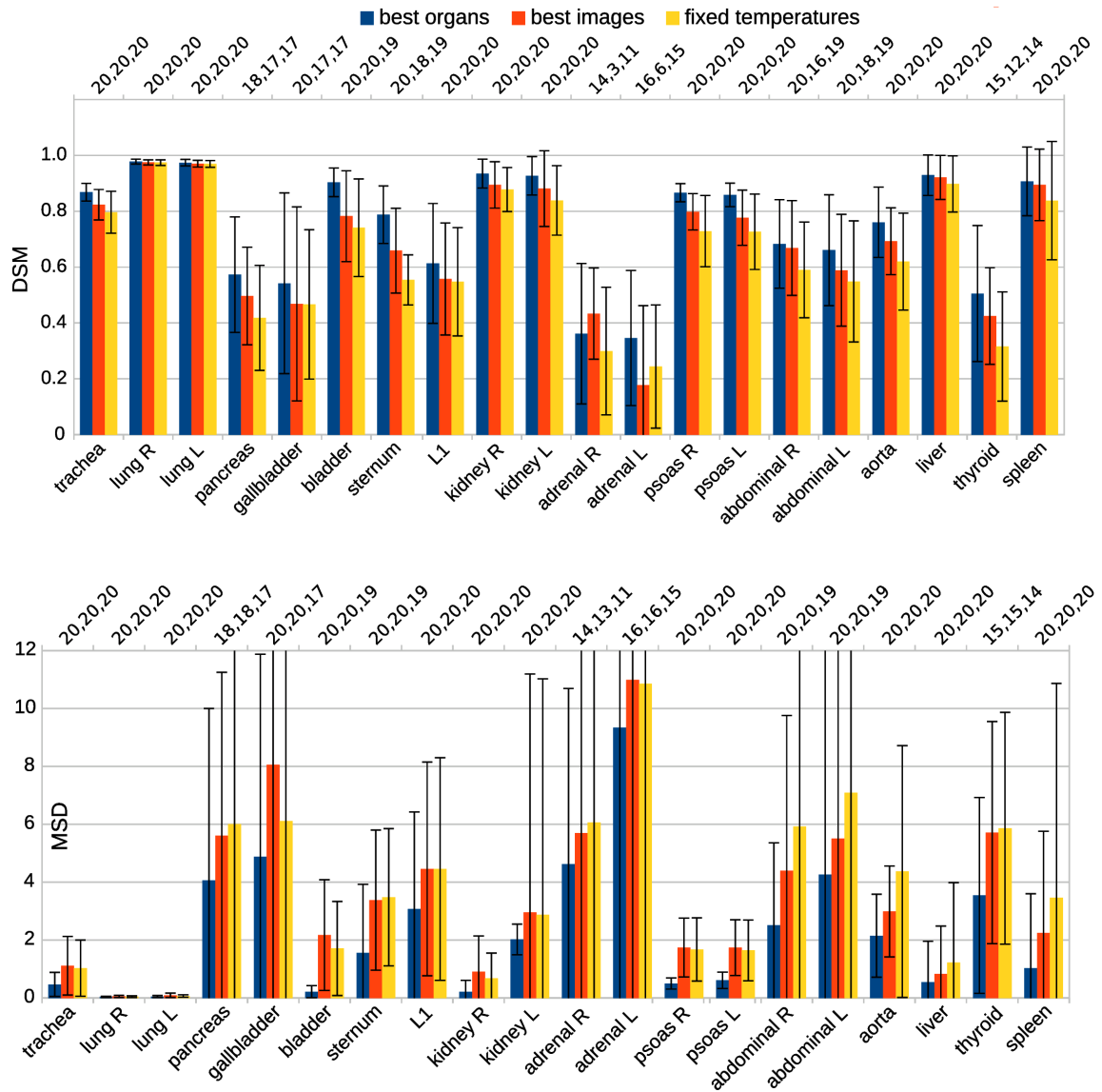


FIGURE 5.33 – Comparisons des meilleures segmentations individuelles d’organes avec les meilleures segmentations globales et les segmentations obtenues avec un jeu de paramètres fixé pour toutes les images sur les images CTce_ThAb. La taille des échantillons est donnée par les chiffres en haut des diagrammes.

TABLE 5.7 – Résultats quantitatifs 'leave one out' de notre méthode pour les quatre modalités de la base VISCERAL

Structures	CTce_ThAb			CT_wb		
	#	DSM	MSD	#	DSM	MSD
trachée	20	0.868 ± 0.031	0.465 ± 0.419	20	0.878 ± 0.047	0.349 ± 0.327
poumon D	20	0.978 ± 0.009	0.037 ± 0.019	20	0.974 ± 0.011	0.043 ± 0.025
poumon G	20	0.974 ± 0.012	0.049 ± 0.034	20	0.972 ± 0.011	0.046 ± 0.031
pancréas	18	0.573 ± 0.207	4.066 ± 5.940	20	0.441 ± 0.151	4.717 ± 2.9
vésicule biliaire	20	0.542 ± 0.323	4.882 ± 6.993	18	0.179 ± 0.200	15.96 ± 15.52
vessie	20	0.903 ± 0.052	0.215 ± 0.207	19	0.747 ± 0.124	1.232 ± 0.930
sternum	20	0.788 ± 0.103	1.557 ± 2.371	20	0.772 ± 0.098	1.035 ± 1.194
L1	20	0.613 ± 0.215	3.067 ± 3.358	20	0.486 ± 0.149	3.388 ± 1.984
rein D	20	0.935 ± 0.052	0.208 ± 0.397	20	0.762 ± 0.175	1.651 ± 2.415
rein G	20	0.941 ± 0.069	0.190 ± 0.530	20	0.852 ± 0.107	0.670 ± 1.072
surrénale D	14	0.361 ± 0.251	4.621 ± 6.077	13	0.193 ± 0.153	5.127 ± 3.232
surrénale G	16	0.346 ± 0.242	9.340 ± 20.26	14	0.219 ± 0.111	4.370 ± 2.868
psoas D	20	0.866 ± 0.033	0.496 ± 0.192	20	0.792 ± 0.101	1.085 ± 0.776
psoas G	20	0.858 ± 0.042	0.610 ± 0.284	20	0.792 ± 0.083	1.049 ± 0.693
abdominal D	20	0.683 ± 0.158	2.509 ± 2.849	20	0.510 ± 0.213	4.442 ± 3.647
abdominal G	20	0.661 ± 0.199	4.262 ± 8.083	20	0.545 ± 0.263	5.058 ± 6.670
aorte	20	0.760 ± 0.126	2.150 ± 1.433	20	0.621 ± 0.109	2.674 ± 1.150
foie	20	0.929 ± 0.072	0.546 ± 1.410	20	0.889 ± 0.039	0.689 ± 0.508
thyroïde	15	0.505 ± 0.244	3.543 ± 3.383	17	0.444 ± 0.223	3.475 ± 3.018
rate	20	0.906 ± 0.123	1.030 ± 2.570	20	0.898 ± 0.053	0.376 ± 0.603

Structures	MRT1cefs_Ab			MRT1_wb		
	#	DSM	MSD	#	DSM	MSD
trachée	0	-	-	20	0.556 ± 0.300	3.114 ± 8.672
poumon D	0	-	-	20	0.883 ± 0.037	0.312 ± 0.154
poumon G	0	-	-	19	0.866 ± 0.081	0.404 ± 0.349
pancréas	11	0.338 ± 0.265	4.624 ± 4.296	5	0.137 ± 0.147	8.798 ± 5.041
vésicule biliaire	10	0.133 ± 0.245	21.06 ± 21.01	6	0.093 ± 0.227	59.34 ± 89.44
vessie	20	0.673 ± 0.269	1.952 ± 3.246	20	0.700 ± 0.277	1.806 ± 3.064
sternum	0	-	-	5	0.280 ± 0.139	4.401 ± 2.749
L1	13	0.375 ± 0.196	4.462 ± 3.241	19	0.495 ± 0.264	2.900 ± 3.162
rein D	17	0.783 ± 0.191	1.771 ± 2.740	20	0.784 ± 0.155	0.704 ± 0.870
rein G	19	0.844 ± 0.181	1.859 ± 5.073	19	0.745 ± 0.236	0.927 ± 1.315
surrénale D	3	0.001 ± 0.002	16.83 ± 10.04	2	0.006 ± 0.008	2.770 ± 0.862
surrénale G	5	0.166 ± 0.227	9.975 ± 8.625	6	0.006 ± 0.014	14.33 ± 20.01
psoas D	20	0.749 ± 0.061	0.831 ± 0.301	20	0.747 ± 0.168	1.200 ± 2.099
psoas G	20	0.709 ± 0.086	1.318 ± 0.921	20	0.728 ± 0.248	9.779 ± 39.65
abdominal D	3	0.063 ± 0.057	14.42 ± 11.56	2	0.132 ± 0.185	5.457 ± 1.173
abdominal G	4	0.197 ± 0.164	6.592 ± 2.810	2	0.075 ± 0.103	6.175 ± 0.003
aorte	3	0.360 ± 0.288	6.440 ± 3.623	20	0.540 ± 0.083	1.741 ± 0.710
foie	20	0.868 ± 0.052	0.512 ± 0.426	19	0.818 ± 0.038	0.696 ± 0.339
thyroïde	0	-	-	13	0.283 ± 0.266	3.047 ± 2.138
rate	20	0.817 ± 0.113	0.717 ± 0.812	20	0.739 ± 0.102	0.680 ± 0.629

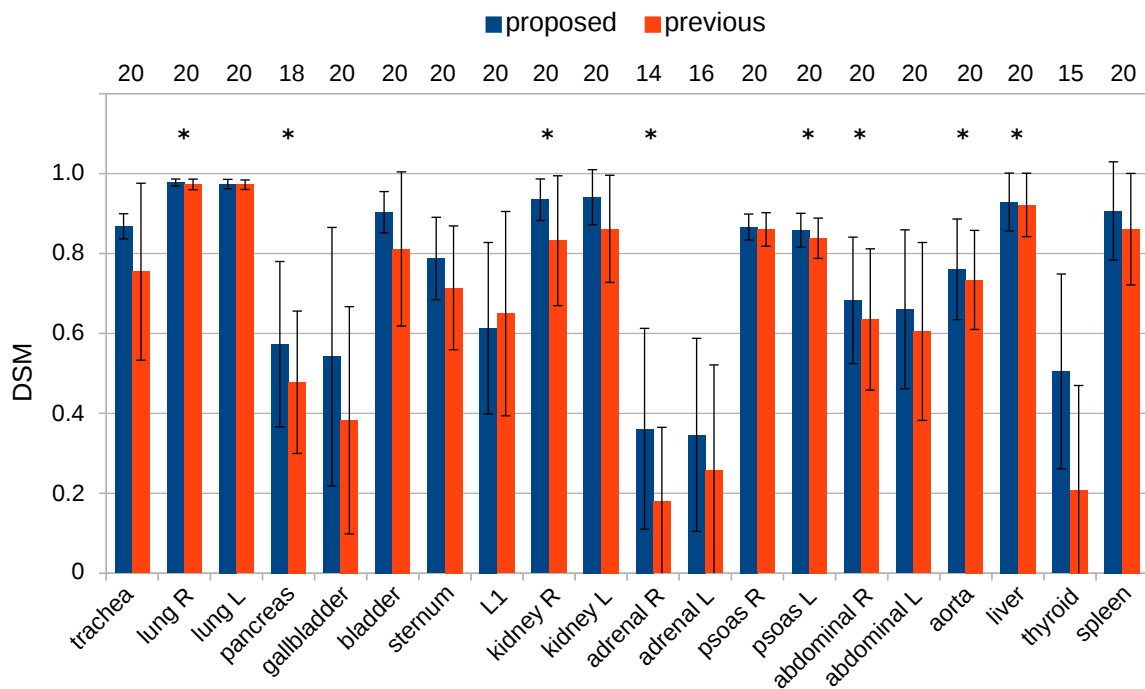


FIGURE 5.34 – Comparaison de notre méthode avec notre approche précédente [Kéchichian *et al.* (2017)] sur les images CTce_ThAb. Les tailles d'échantillons sont données en haut du diagramme, les améliorations statistiquement significatives ($p - \text{Valeur} < 0.01$) sont indiquées par “*”.

Dans la figure 5.34, nous comparons notre méthode avec notre précédent travail [Kéchichian *et al.* (2017)]. La principale différence entre ces deux approches est que dans le travail précédent, un atlas unique est construit, et toutes les images à segmenter sont recalées sur cet atlas unique. La nouvelle méthode recalc une image à segmenter sur plusieurs références, et offre donc plus de robustesse aux variabilités anatomiques. Nous pouvons observer que la nouvelle méthode obtient de meilleurs résultats pour tous les organes sauf la vertèbre L1. Une explication possible est que le recalage local de la vertèbre a pu dans certains cas dériver sur une vertèbre voisine, et donc perturber la construction des atlas.

La figure 5.35 montre les critères DSM moyens pour 4 réglages de la résolution de segmentation R : 200, 150, 100 et 50. La table 5.8 résume les temps de calcul et occupation mémoire pour ces cas, sur un ordinateur portable avec un processeur fonctionnant à 2.1 GHz et 16 Go de RAM. Le temps de construction des atlas probabilistes est le plus long des trois. Cette étape est néanmoins facilement parallélisable. Le temps de segmentation par organe est proche de l'approche récente par morceaux [Tong *et al.* (2015)] où 2h sont nécessaires pour segmenter 5 organes avec 20 atlas soit une moyenne de 0.4 h par organe. En comparaison, notre approche nécessite environ 0.57 h par organe avec $R = 100$. La figure 5.35 confirme que la qualité de la segmentation reste relativement stable pour les grands organes. Cependant, d'importantes dégradations interviennent pour les organes petits ou plus fins, comme les muscles abdominaux ou la vésicule biliaire.

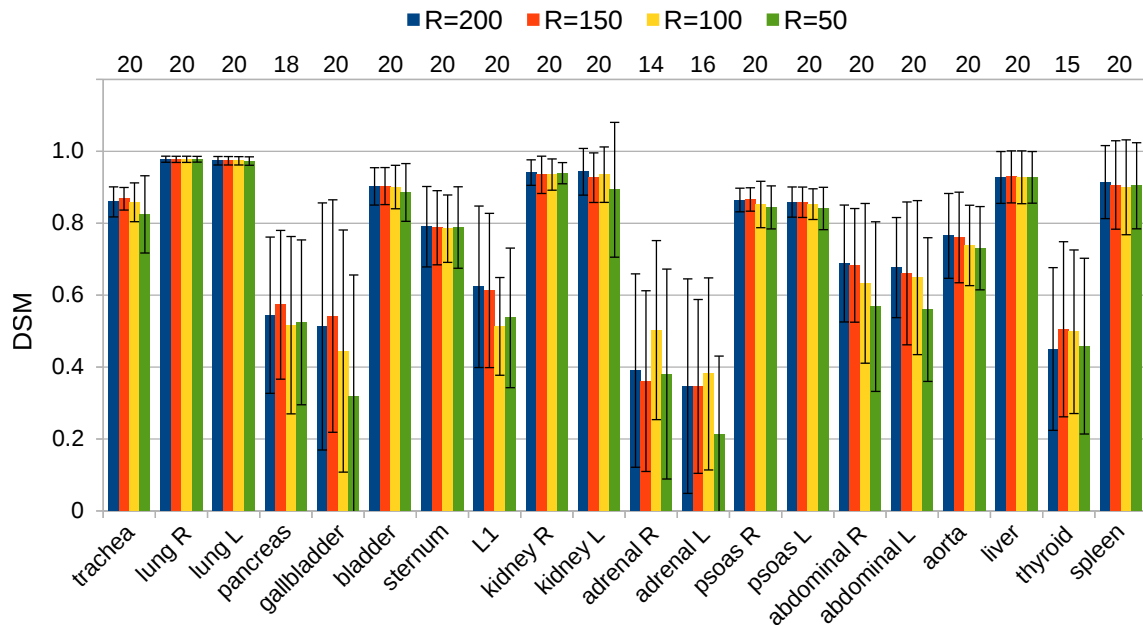


FIGURE 5.35 – Evaluation de l’impact de la résolution de recalage R sur la qualité de la segmentation, mesurée par le DSM moyen sur les images CTce_ThAb. La taille des échantillons est donnée en haut.

TABLE 5.8 – Temps de calcul moyen (par image) et occupation mémoire de notre approche sur les images CTce_ThAb pour différentes résolutions de recalage R .

R	Memoire (Mo)	Atlas(s)	Partitionnement (s)	Segmentation (s)	Total (h)
50	10542	27683	3827	1327	9.12
100		42669		1072	13.21
150		90116		1010	26.38
200		127965		1257	36.96

Parmi la douzaine de participants au benchmark VISCERAL, nous sommes les seuls avec deux autres groupes à avoir participé à la segmentation de toutes les modalités. Les conditions d'évaluations et résultats sont disponibles dans [Jimenez-del Toro *et al.* (2016)]. Les résultats sont aussi visible en ligne [Visceral (2017)]. La table 5.9 compare nos résultats avec ceux des participants ayant segmenté au moins la moitié des organes dans les images CTce_ThAb : [Gass *et al.* (2014)b], [Jimenez-del Toro and Müller (2014)] et [Wang and Smedby (2014)].

Comparaison avec des approches segmentant un seul organe

Ici, nous comparons nos résultats avec les résultats de 3 méthodes spécialisées pour les organes abdominaux majeurs. La comparaison confirme que notre méthode générique obtient des résultats comparables.

Dans [Platero and Tobar (2014)], une approche multi-atlas utilisant des recalages non-rigides est utilisée, en conjonction avec une coupe de graphe incorporant un modèle d'intensité, un a priori sur les étiquettes et une régularisation spatiale basée sur une métrique de Finsler. Sur les 10 images scanner CT avec agent de contraste testées, les auteurs rapportent un DSM moyen égal à 0.973 ± 0.007 . En comparaison, nous obtenons 0.929 ± 0.072 sur 20 images.

Dans [Yang *et al.* (2014)], une approche en deux étapes est suivie, où les reins sont d'abord localisés par recalage affine d'atlas basse résolution, puis alignés plus finement sur des atlas de résolution supérieures pour obtenir la segmentation finale. Sur 22 reins segmentés à partir d'images angiographiques CT, le DSM moyen est égal à 0.952 ± 0.018 et le MSD est égal à 0.913 ± 1.06 mm. Sur 40 reins nous obtenons un DSM moyen égal à 0.938 ± 0.061 et un MSD moyen égal à 0.20 ± 0.46 mm.

Dans [Xu *et al.* (2014)], des recalages d'atlas sont utilisés pour localiser la rate, et la fusion des atlas fournit une contrainte de forme utilisée par une segmentation par ensembles de niveaux. Sur 25 images scanner CT avec agent de contraste, le DSM moyen vaut 0.83 ± 0.08 et le MSD moyen vaut 3.48 ± 1.88 mm. En comparaison, nous obtenon un DSM moyen de 0.906 ± 0.123 et un MSD moyen de 1.030 ± 2.570 mm sur 20 cas similaires.

TABLE 5.9 – Comparaison de notre méthode avec [Gass *et al.* (2014)b], [Jimenez-del Toro and Müller (2014)], [Wang and Smedby (2014)] sur les images CTce_ThAb. Les meilleurs résultats sont présentés en caractères gras.

Structures	Notre algorithme			Gass et al. [Gass <i>et al.</i> (2014)a]	
	#	DSM	MSD	DSM	MSD
trachée	10	0.834 ± 0.050	0.538 ± 0.319	0.847 ± 0.050	0.378 ± 0.515
poumon D	10	0.973 ± 0.016	0.049 ± 0.030	0.965 ± 0.013	0.069 ± 0.035
poumon G	10	0.972 ± 0.015	0.050 ± 0.029	0.961 ± 0.011	0.121 ± 0.107
pancréas	4	0.585 ± 0.132	4.459 ± 1.885	0.460 ± 0.159	3.472 ± 2.270
vésicule biliaire	8	0.673 ± 0.220	2.433 ± 3.134	0.381 ± 0.208	6.314 ± 7.680
vessie	10	0.848 ± 0.097	0.629 ± 0.644	0.683 ± 0.090	1.514 ± 0.639
sternum	8	0.784 ± 0.112	0.801 ± 0.755	0.635 ± 0.148	1.257 ± 0.941
L1	8	0.584 ± 0.233	7.601 ± 6.271	0.624 ± 0.356	3.228 ± 5.710
rein D	10	0.950 ± 0.013	0.087 ± 0.037	0.914 ± 0.027	0.199 ± 0.116
rein G	10	0.947 ± 0.014	0.092 ± 0.042	0.913 ± 0.029	0.335 ± 0.403
surrénale D	4	0.290 ± 0.205	3.180 ± 1.910	0.213 ± 0.139	3.035 ± 1.588
surrénale G	4	0.304 ± 0.283	8.632 ± 8.740	0.250 ± 0.159	3.900 ± 2.906
psoas D	10	0.818 ± 0.024	0.989 ± 0.390	-	-
psoas G	10	0.797 ± 0.075	1.036 ± 0.673	0.813 ± 0.046	0.622 ± 0.277
abdominal D	6	0.633 ± 0.176	4.763 ± 4.905	-	-
abdominal G	5	0.703 ± 0.137	3.276 ± 3.255	-	-
aorte	10	0.681 ± 0.130	6.219 ± 7.854	0.785 ± 0.042	1.011 ± 0.619
foie	10	0.950 ± 0.012	0.182 ± 0.068	0.908 ± 0.021	0.646 ± 0.378
thyroïde	5	0.375 ± 0.170	4.427 ± 2.568	0.184 ± 0.166	5.847 ± 2.749
rate	10	0.911 ± 0.069	0.557 ± 1.364	0.781 ± 0.075	1.530 ± 1.144

Structures	Jimenez et al.			Wang & Smedby	
	#	DSM	MSD	DSM	MSD
trachée	10	0.855 ± 0.022	0.223 ± 0.046	-	-
poumon D	10	0.963 ± 0.013	0.065 ± 0.032	0.971 ± 0.014	0.070 ± 0.034
poumon G	10	0.959 ± 0.010	0.071 ± 0.022	0.972 ± 0.013	0.076 ± 0.061
pancréas	4	0.423 ± 0.136	3.804 ± 2.867	-	-
vésicule biliaire	8	0.484 ± 0.132	3.603 ± 2.910	-	-
vessie	10	0.679 ± 0.142	1.879 ± 1.192	0.866 ± 0.070	0.375 ± 0.284
sternum	8	0.721 ± 0.058	0.899 ± 0.388	0.762 ± 0.092	0.993 ± 0.649
L1	8	0.523 ± 0.301	4.504 ± 5.509	-	-
rein D	10	0.889 ± 0.026	0.243 ± 0.097	0.959 ± 0.011	0.072 ± 0.030
rein G	10	0.910 ± 0.015	0.172 ± 0.046	0.945 ± 0.027	0.137 ± 0.127
surrénale D	4	0.342 ± 0.148	2.660 ± 1.437	-	-
surrénale G	4	0.331 ± 0.176	3.115 ± 1.965	-	-
psoas D	10	0.799 ± 0.025	0.757 ± 0.230	0.845 ± 0.026	0.671 ± 0.321
psoas G	10	0.794 ± 0.049	0.742 ± 0.298	0.830 ± 0.074	0.638 ± 0.321
abdominal D	6	0.453 ± 0.173	6.600 ± 5.901	-	-
abdominal G	5	0.474 ± 0.180	6.068 ± 7.420	-	-
aorte	10	0.762 ± 0.039	1.094 ± 0.508	-	-
foie	10	0.887 ± 0.019	0.514 ± 0.179	0.949 ± 0.010	0.174 ± 0.075
thyroïde	5	0.410 ± 0.157	3.337 ± 1.295	-	-
rate	10	0.730 ± 0.116	2.005 ± 1.967	0.909 ± 0.069	0.573 ± 1.210

5.3.4 Conclusion et perspectives

Il y a plusieurs perspectives de recherche pour améliorer les méthodes de segmentation proposées dans cette section :

- Notre méthode produit de meilleurs résultats sur des images scanner que sur des IRM. Une des raisons est l'inhomogénéité de champ dans les IRM qui dégrade la qualité des images. Des approches correctrices pour les images IRM telles que [Vovk *et al.* (2007)] pourront améliorer la segmentation.
- Améliorer la construction d'atlas probabilistes avec des approches de recalage plus robustes : nous utilisons pour l'instant des recalages indépendants d'un organe à l'autre. Un recalage plus global, déformable, prenant en compte les adjacences entre les organes, offrirait de meilleurs résultats.
- Une autre piste de recherche est un traitement par régions, en procédant par transfert de points clés. L'approche proposée dans [Wachinger *et al.* (2015), Wachinger *et al.* (2018)] offre de bonnes performances de segmentation pour un temps de traitement réduit. Dans ce contexte, il serait intéressant de généraliser cette approche à des images contenant des régions anatomiques variées.
- Notre approche est performante pour différentes modalités d'imagerie (scanner, IRM), mais sans mélanger ces différentes modalités. Un défi est donc la combinaison de différentes modalités d'imagerie pour la production d'atlas probabilistes. De plus, l'apprentissage automatique, et notamment l'apprentissage profond, ont apporté des contributions significatives à la segmentation. Une des difficultés liées au contexte médical est le nombre de références annotées qui est relativement faible pour l'apprentissage profond. Une combinaison inter-modalité des annotations améliorerait donc l'efficacité de ces méthodes.

Section 6

Conclusion et perspectives

Je suis entré dans le monde de la recherche à la fin du siècle dernier, et le monde a beaucoup évolué depuis. Internet, une innovation technologique majeure, n'était qu'un moyen de communication naissant, et est de nos jours omniprésent. Les applications en ligne se sont démocratisées, capables de réaliser des tâches de plus en plus complexes, et ont même parfois remplacé les applications hors-ligne. De plus, l'écosystème informatique qui s'est développé autour d'Internet, et plus particulièrement le standard HTML, a progressé au point qu'il est désormais aussi utilisé pour certaines interfaces graphiques hors-ligne. Par exemple, DESK [[Jacinto et al. \(2012\)](#)], conçu pour le traitement d'images en ligne, sert de fondation pour le développement d'un logiciel hors-ligne, pour l'enseignement des sciences de la vie au lycée [[Institut Français de l'Education \(2019\)](#)]. Les avantages du standard HTML (multi-plateformes, facilité de développement, vitesse d'exécution) ont contribué au succès de ce projet en cours.

Par ailleurs, désormais incontournables dans le contexte du traitement de l'information, les méthodes d'apprentissage ont su profiter de l'augmentation des capacités des ordinateurs, obtenant les meilleurs résultats dans des domaines tels que la classification d'images, la reconnaissance de formes et de langage, la segmentation. Là où les recherches 'classiques' visent les modèles les plus purs, avec le moins de paramètres de réglage possible, les méthodes par apprentissage sont basées sur des modèles relativement simples, guidés par un très grand nombre de paramètres. L'apprentissage consiste ici à optimiser automatiquement les nombreux paramètres en utilisant de grandes quantités d'informations annotées [[Lecun et al. \(1998\)](#)]. Un cap symbolique a été franchi dans le domaine du jeu de go, longtemps considéré comme trop complexe pour les ordinateurs : le programme AlphaGo [[Silver et al. \(2016\)](#)], entraîné sur une base de données de parties de go, et amélioré par apprentissage par renforcement [[Williams \(1992\)](#)], a récemment battu le champion du monde humain de la spécialité. Depuis, un programme encore plus performant été proposé : AlphaGo Zero [[Silver et al. \(2017\)](#)], qui s'est entraîné à jouer contre lui-même, avec la règle du jeu comme seule donnée a priori.

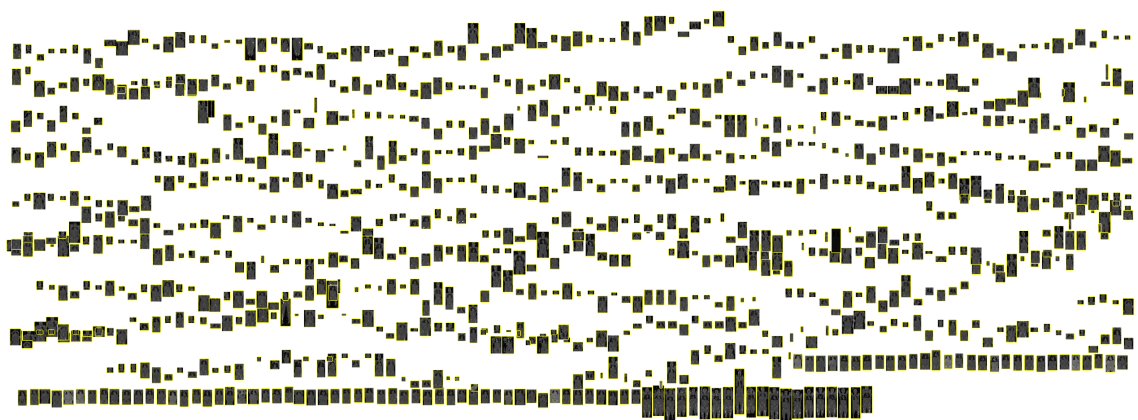
Les méthodes par apprentissage sont donc potentiellement utiles pour de nombreuses tâches. Il est toutefois important de remarquer qu'en l'état actuel, l'apprentissage ne résout pas tous les problèmes. Par exemple il existe des différences fondamentales entre le jeu de go et la médecine : tandis que les règles du go sont clairement établies, la médecine n'est pas une science exacte, et le chemin vers la compréhension complète de l'être humain est encore long. Les méthodes par apprentissage sont efficaces pour exploiter des informations connues a priori, mais extraire de nouvelles connaissances est encore un problème ouvert. Dans la suite de cette conclusion, des axes de recherche à moyen et long terme seront abordés, autour du traitement de la géométrie, de l'analyse d'images médicales et de l'anthropologie.

Traitement anonymisé pour la science médicale ouverte

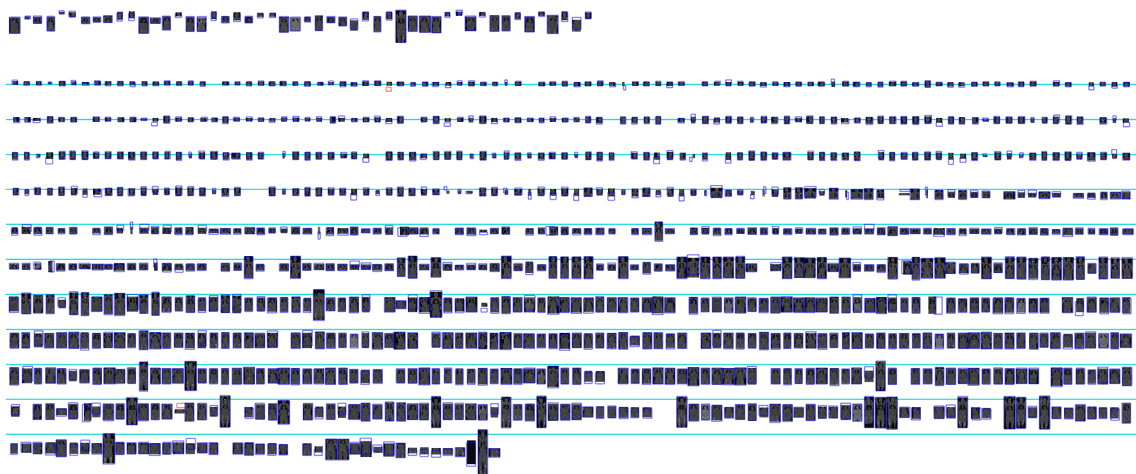
Dans le contexte du traitement des images médicales, le respect de l'anonymat des patients est primordial. En effet, une image 3D scanner ou IRM contient bien plus d'informations qu'une simple photographie, et une exploitation détournée de ces données pourrait avoir des conséquences très néfastes pour la ou les victimes. D'un autre côté, la notion de science ouverte devient de plus en plus importante, avec des objectifs multiples, tels que : accélérer la diffusion des connaissances, garantir la reproductibilité des études, partager des données pour plus d'efficacité.

Il est donc crucial de pouvoir proposer des données médicales anonymisées pour la science ouverte. Dans les hôpitaux, les images médicales sont généralement stockées au format DICOM, qui peut contenir beaucoup de données annexes aux images telles que le profil du patient (nom, age, sexe), le dispositif d'imagerie utilisé ou la région anatomique imagée. L'anonymisation peut donc prendre plusieurs formes, en fonction des applications visées. Par exemple, il est possible de supprimer uniquement les données annexes, et de remplacer l'identité du patient par un pseudonyme. En revanche, si la région imagée contient des informations sensibles (par exemple le visage) il conviendra d'altérer le contenu de l'image pour que l'identification visuelle de l'individu soit impossible. Par exemple, dans la base d'images VISCERAL [Langs *et al.* (2013)], les données annexes ont été supprimées, et les visages contenus dans certaines images ont été floutés.

Nos travaux sur le recalage d'images 3D ont permis de vérifier la pertinence de l'extraction de points clés pour le recalage et la segmentation. De plus, il semble acquis que la seule connaissance des points clés ne permet pas une reconstruction précise de l'image dont sont issus les points clés. Ainsi, la représentation par points clés est un moyen efficace pour résumer l'anatomie d'un individu sans divulguer son identité. Une perspective de recherche intéressante est donc l'exploration des représentations par points clés pour le traitement et la diffusion de grandes bases de données anatomiques anonymes. Dans ce contexte, un apprentissage sur de grandes quantités de données [Yi *et al.* (2016)] pourrait produire des méthodes d'extractions dédiées aux images médicales, possiblement capable d'extraire des points indépendamment de la modalité utilisée (scanner ou IRM).



(a)



(b)

FIGURE 6.1 – (a) 1034 volumes scanner 3D hétérogènes. (b) Recalage rigide hors cœur des volumes, en utilisant des recalages de groupes de 50 volumes (exemple de recalage en haut). Démonstration en ligne : <https://www.creatis.insa-lyon.fr/~valette/1034/>

Anatomie Computationnelle corps entier

Une autre perspective de recherche prometteuse est l'analyse de l'anatomie humaine à grande échelle, par un traitement massif des images médicales stockées dans les hôpitaux. Pour cet objectif, de nouvelles méthodes devront être proposées, capables d'analyser un très grand nombre d'images. A titre de comparaison, l'Institut Français du Textile et de l'Habillement (IFTH) a récemment effectué une campagne de mesures sur la population française, afin de redéfinir les standards de tailles des habits pour l'industrie du textile. Plus de 10000 individus ont été mesurés, avec 85 points de mesure par individu. Sachant que nous ne nous intéressons pas uniquement à l'enveloppe corporelle, mais aussi aux organes internes, un échantillonnage représentatif de la population devra comporter au minimum des dizaines de milliers d'individus. Les difficultés pour atteindre cet objectif sont multiples :

- les images médicales sont très hétérogènes : modalités d'imagerie différents, région anatomiques différentes d'une image à l'autre

- la variabilité anatomique inter-individus est très importante
- la notion d’humain pouvant servir de référence (humain moyen) est contestable. Les différences entre les hommes et les femmes en sont une illustration.

Le recalage robuste de grands groupes d’images apparaît ici comme une solution, qui évite le besoin de choisir une référence. Ce recalage devra présenter plusieurs avantages :

- faible complexité : une approche de recalage dense semble trop complexe pour pouvoir être efficace. L’extraction de points clés semble donc encore judicieuse dans ce contexte.
- Traitement hors-cœur : bien que le traitement par points clés réduise la complexité et les besoins en mémoire vive, la très grande taille de la population à analyser rend le traitement hors cœur obligatoire. La figure 6.1 présente un exemple de recalage rigide d’un groupe de 1034 volumes, utilisant uniquement des recalages partiels de groupes de 50 volumes.
- Robustesse aux groupes d’images partiellement recouvrantes : les régions anatomiques imagées diffèrent souvent d’une image à l’autre, et il sera donc nécessaire que l’algorithme soit capable de recalculer des groupes représentant des régions anatomiques très variées.

Après recalage du grand groupe d’images, l’anatomie computationnelle pourra alors être mise en œuvre, par analyse statistique. Ici, des approches comme l’apprentissage de métrique pourront être utilisées, afin d’extraire de nouvelles connaissances sur l’anatomie humaine. Ce projet peut potentiellement déboucher sur de nombreuses applications, en anthropologie, en médecine légale. Pour ce dernier cas, de nouveaux outils pourraient être proposés aux médecins légistes tels que l’autopsie virtuelle, où les victimes seraient principalement étudiées via l’imagerie médicale. Dans ce contexte, en plus des données anatomiques, il sera intéressant d’analyser localement l’état des tissus.

Modèles numériques 3D personnalisés

Un thème de recherche directement connexe à l’anatomie computationnelle est la création de modèles numériques patient-spécifiques, qui est encore un problème ouvert. Les modèles statistiques actuels ne sont pas suffisants car la variabilité anatomique du corps humain est trop grande. De plus certaines applications médicales traitant des cas pathologiques sont confrontées à des anatomies très éloignées de la moyenne, ce qui renforce le besoin en approches robustes et adaptables. Les cas rencontrés peuvent être des tumeurs ou des malformations. Dans cette optique, le problème de la segmentation 3D des organes du corps humain est encore ouvert. Les méthodes d’apprentissage sont ici une solution intéressante, avec la contrainte que la quantité de données de références est relativement faible, et que les cas pathologiques sont peu nombreux. Ainsi, une approche utilisant l’apprentissage, tel que 3DUNET [Çiçek *et al.* (2016)], tout en conservant un aspect interactif (pour corriger d’éventuelles erreurs) est une piste de recherche prometteuse. De plus, sur un plan purement géométrique, la génération de modèles maillés multi-matériaux

pose encore certaines difficultés. Par exemple, garantir une cohérence spatiale entre les organes adjacents (éviter les intersections) présente encore certaines difficultés.

Au final, les hôpitaux constituent une mine d'informations numériques (images, profils biologiques). Pour chaque patient, les images ont été produites pour principalement étudier les pathologies soupçonnées pour le patient. Une analyse globale de toutes les images acquises présente un énorme challenge pour la recherche, mais aussi une très grande opportunité pour étendre les connaissances sur l'Homme.

Section 7

Publications

7.1 Revues internationales avec comité de lecture

1. H. Jacinto, S.Valette et R. Prost, Multi-Atlas Automatic Positioning of Anatomical Landmarks, *Journal of Visual Communication and Image Representation*, vol. 50, p. 167-177, 2018.
2. J. Digne, S. Valette et R. Chaine, Sparse Geometric Representation Through Local Shape Probing, *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, vol. 24, 2018.
3. W. Baaziz, M. Bahri, A.-S. Gay, A. Chaumonnot, D. Uzio, S. Valette, C. Hirlimann et O. Ersen, Thermal behavior of Pd@SiO₂ nanostructures in various gas environments : a combined 3D and in situ TEM approach, *Nanoscale*, p. 20178- 20188, 2018.
4. R. Kéchichian, S. Valette et M. Desvignes, Automatic Multiorgan Segmentation via Multiscale Registration and Graph Cut, *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2018.
5. O. Bernard, J. G. Bosch, B. Heyde, M. Alessandrini, D. Barbosa, J. D'hooge, S. Camarasu-Pop, F. Cervenansky , S. Valette et al., Standardized evaluation system for left ventricular segmentation algorithms in 3D echocardiography, *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 35, p. 1915-1926, 2016.
6. J. Digne, Chaine, R., et Valette, S., Self-similarity for accurate compression of point sampled surfaces, *Computer Graphics Forum*, vol. 33, p. 155-164, 2014, *Proceedings of Eurographics 2014*.
7. T. Wardziak, Oxarango, L., Valette, S., Mahieu-Williame, L., et Joly, P., Modelling skin surface areas involved in water transfer in the palmate newt (*Lissotriton helveticus*), *Canadian Journal Of Zoology*, vol. 92, p. 707-714, 2014.
8. R. Kéchichian, S. Valette, M. Desvignes et R. Prost, Shortest-path constraints for

- 3D multiobject semiautomatic segmentation via clustering and Graph Cut., *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 22, no 11, p. 4224-36, 2013.
9. K. Liao, Y. M. Zhu, L. Ding, S. Valette, W. Zhang, et D. Dickens, Sparse imaging of cortical electrical current densities via wavelet transforms, *Physics in Medicine and Biology*, vol. 57, p. 6881-6901, 2012.
 10. J. Dardenne, S. Valette, N. Siauve, N. Burais et R. Prost, Modélisation adaptative 3D de structures anatomiques pour la simulation électromagnétique et thermique, *European Journal of Electrical Engineering*, vol. 14, p. 91-122, 2011.
 11. J. W. Cho, S. Valette, J. H. Park, H. Y. Jung et R. Prost, 3-D Mesh Sequence Compression Using Wavelet-Based Multi-resolution Analysis, *Applied Mathematics and Computation*, vol. 216, p. 410-425, 2010.
 12. S. Valette, R. Chaine et R. Prost, Progressive Lossless Mesh Compression Via Incremental Parametric Refinement, *Computer Graphics Forum*, p. 1301-1310, 2009, *Proceedings of Symposium on Geometry Processing 2009*.
 13. A. Gelas, S. Valette, R. Prost, et W. L. Nowinski, Variational implicit surface meshing, *Computers and Graphics*, vol. 33, p. 312-320, 2009, *Proceedings of IEEE Shape Modeling International SMI 2009*.
 14. J. Dardenne, S. Valette, N. Siauve, N. Burais et R. Prost, Variational tetrahedral mesh generation from discrete volume data, *The Visual Computer*, vol. 25, p. 401-410, 2009.
 15. S. Valette, J. M. Chassery, et R. Prost, Generic remeshing of 3D triangular meshes with metric-dependent discrete Voronoi Diagrams, *IEEE Trans Visu Comp Grap*, vol. 14, p. 369-381, 2008.
 16. S. Valette et R. Prost, Wavelet Based Multiresolution Analysis of Irregular Surface Meshes, *IEEE Trans Visu Comp Grap*, vol. 10, p. 113-122, 2004.
 17. S. Valette et R. Prost, A Wavelet-Based Progressive Compression Scheme For Triangle Meshes : Wavemesh, *IEEE Trans Visu Comp Grap*, vol. 10, p. 123-129, 2004.
 18. S. Valette et J. M. Chassery, Approximated Centroidal Voronoi Diagrams for Uniform Polygonal Mesh Coarsening, *Computer Graphics Forum*, vol. 23, p. 381-389, 2004, *Proceedings of Eurographics 2004*.
 19. S. Valette, A. Gouaillard et R. Prost, Compression of 3D Triangular Meshes with Progressive Precision, *Computers and Graphics*, vol. 28, p. 35-42, 2004.
 20. S. Valette, I. E. Magnin, et R. Prost, Mesh-based video objects tracking combining motion and luminance discontinuities criteria, *Signal Proces*, vol. 84, p. 1213-1224, 2004.

7.2 Actes de conférences internationales à comité de lecture

1. P. Dong, S. Valette, M. A Zuluaga, G. J. Kazakia, et F. Peyrin, Voronoi-Based Analysis of Bone Cell Network from Synchrotron Radiation Micro-CT Images, in IEEE ISBI, NYC, 2016.
2. R. Agier, S. Valette, L. Fanton, P. Croisille, et Prost, R., Hubless 3D medical image bundle registration, in International Joint Conference on Computer Vision, Imaging and Computer Graphics Theory and Applications, Rome, Italy, 2016, vol. 3, p. 265-272.
3. R. Kéchichian, S. Valette, M. Sdika, et M. Desvignes, Automatic 3D Multiorgan Segmentation via Clustering and Graph Cut Using Spatial Relations and Hierarchically-Registered Atlases, in Medical Computer Vision : Algorithms for Big Data, 2014, p. 201-209.
4. H. Jacinto, R. Kéchichian, S. Valette et Prost, R., Positioning of anatomical landmarks in orthopedics by mesh registration, in IEEE International Conference on Image Processing (ICIP'14), Paris, France, 2014, p. 3572-3576.
5. H. Jacinto, R. Kéchichian, R. Prost, et S. Valette, Recalage de Maillages pour le Placement de Repères Anatomiques en Orthopédie Via Internet, in CORESA, Le Creusot, 2013.
6. E. Ovreiu, J. G. Riveros Reyes, S. Valette et R. Prost, Mesh Simplification using a Two-Sided Error Minimization, in 2nd International Conference on Image, Vision and Computing (ICIVC 2012), Shanghai, China, 2012, p. 26-30.
7. H. Jacinto, R. Kéchichian, M. Desvignes, R. Prost, et S. Valette, A Web Interface for 3D Visualization and Interactive Segmentation of Medical Images, in 17th International Conference on 3D Web Technology (Web 3D 2012), Los-Angeles, USA, 2012, p. 51-58.
8. A. Marion, G. Forestier, H. Benoit-Cattin, S. Camarasu-Pop, P. Clarysse, R. Ferreira da Silva, B. Gibaud, T. Glatard, P. Hugonnard, C. Lartizien, H. Liebgott, S. Specovius, J. Tabary, S. Valette et D. Friboulet, Multi-modality medical image simulation of biological models with the Virtual Imaging Platform (VIP), in The 24th International Symposium on Computer-Based Medical Systems (CBMS 2011), Bristol, UK, 2011, p. 1-6.
9. R. Kéchichian, S. Valette, M. Desvignes et R. Prost, Efficient Multi-Object Segmentation of 3D Medical Images Using Clustering and Graph Cuts, in IEEE International Conference on Image Processing, Brussels, Belgium, 2011, p. 2196-2200.
10. E. Ovreiu, S. Valette, V. Buzuloiu, et R. Prost, Mesh Simplification using an Accurate Measured Quadratic Error, in International Symposium on Signals, Circuits & Systems, ISSCS 2011, Iasi, Romania, 2011, p. 39-42.

11. M. Audette, D. Rivière, M. Ewend, A. Enquobahrie, et S. Valette, Approach-guided controlled resolution brain meshing for FE-based interactive neurosurgery simulation, in Workshop on Mesh Processing in Medical Image Analysis, in conjunction with MICCAI 2011., Toronto, Canada, 2011, p. 176-186.
12. J. Dias, S. Valette, J. Dardenne, R. Prost et F. Peyrin, Multi-scale analysis of plates and rods in human trabecular bone, in IEEE Int Conf on Image Processing ICIP 2010, Hong Kong, Chine, 2010, p. 2289-2292.
13. J. Tabary, S. Marache, S. Valette, W. Segars et C. Lartizien, Realistic X-Ray CT Simulation of the XCAT Phantom with SINDBAD, in Proc. of the 2009 IEEE NSS and MIC Conference, Orlando, USA, 2009, p. 3980- 3983.
14. J. W. Cho, H. K. Kim, S. Valette, H. Y. Jung, et R. Prost, A Compression Method for 3-D Mesh Sequences Combining Wavelet-based Multi-resolution Analysis and Multi-order Differential Coding, in International Conference on Image Processing, Computer Vision, and Pattern, IPVC'09, Las Vegas, USA, 2009, p. 1008-1011.
15. J. Dardenne, S. Valette, N. Siauve, R. Prost, et N. Burais, Impact of Tetrahedral Mesh Quality for Electromagnetic and Thermal Simulations, in IEEE Conference on the Computation of Electromagnetic Fields (COMPUMAG'09), Florianopolis, Brazil, 2009, p. 1044-1045.
16. J. Dardenne, S. Valette, N. Siauve, B. Khaddour, et R. Prost, Exploiting Curvature to compute the Medial Axis with Constrained Centroidal Voronoi Diagram On Discrete Data, in IEEE International Conference on Image Processing (ICIP'09), Cairo, Egypt, 2009, p. 441-444.
17. J. Dardenne, S. Valette, N. Siauve, et R. Prost, Medial Axis Approximation with Constrained Centroidal Voronoi Diagrams On Discrete Data, in CGI 2008 Conference Proceedings, Istanbul, Turkey, 2008, p. 299-306.
18. J. W. Cho, M. S. Kim, S. Valette, H. Y. Jung et R. Prost, A 3D meshes sequence coding using the combination of spatial and temporal wavelet analysis, in International conference on Computer Vision, Computer Graphics Collaboration Techniques and Application (MIRAGE'07), Rocquencourt, France, 2007, vol. 4418, p. 389-399.
19. J. W. Cho, M. S. Kim, S. Valette, H. Y. Jung, et R. Prost, 3D Dynamic Mesh Compression using Wavelet-Based Multiresolution Analysis, in IEEE International Conference on Image Processing ICIP'06, Atlanta, USA, 2006, p. (529-532).
20. S. Valette, I. Kompatsiaris et M. G. Strintzis, A polygonal mesh partitioning algorithm based on protrusion conquest for perceptual 3D shape description, in Workshop towards Semantic Virtual Environments SVE 2005, Villars, CH, 2005, p. 68-76.
21. A. Gouaillard, A. Gelas, S. Valette, E. Boix et R. Prost, Curvature-based Adaptive Remeshing for Wavelet-Based Multiresolution 3D Meshes, in IEEE International Conference on Image Processing ICIP'05, Genova, Italy, 2005, p. 1033-1036.

22. M. S. Kim, S. Valette, H. Y. Jung, et R. Prost, Watermarking of 3D Irregular Meshes based on Wavelet Multiresolution Analysis, in International Workshop on Digital Watermarking (IWDW'05), Siena, Italy, 2005, vol. LNCS 3710, p. 313-324.
23. S. Valette, I. Kompatsiaris, et J. M. Chassery, Adaptive Polygonal Mesh Simplification With Discrete Centroidal Voronoi Diagrams, in Proceedings of 2nd International Conference on Machine Intelligence ICMI 2005, Tozeur, Tunisia, 2005, p. 655-662.
24. A. Gouaillard, A. Gelas, S. Valette, E. Boix, T. Kanai et R. Prost, Remeshing algorithm for multiresolution prior model in segmentation, in IEEE International Conference on Image Processing ICIP'04, Singapore, Singapore, 2004, p. 2753-2756. Google Scholar BibTex RTF Tagged MARC XML RIS
25. S. Valette, J. Rossignac, et R. Prost, An Efficient Subdivision Inversion for Wavemesh-Based Progressive Compression of 3D Triangle Meshes, in IEEE International Conference on Image Processing ICIP'03, Barcelona, Spain, 2003, vol. 1, p. 777-780.
26. Y. S. Kim, S. Valette et R. Prost, Adaptive wavelets based multiresolution modeling of irregular meshes via harmonic maps, in IEEE International Conference on Image Processing ICIP'01, Thessaloniki, Greece, 2001, vol. III, p. 210-213.
27. S. Valette, Y. S. Kim et R. Prost, The inverse problem of wavelet scheme construction for irregularly subdivided 3D triangular meshes, in QCAV2001, Le Creusot, France, 2001, vol. 2, p. 452-457.
28. S. Valette, I. E. Magnin, et R. Prost, Active mesh for video segmentation and objects tracking, in IEEE International Conference on Image Processing ICIP'01, Thessaloniki, Greece, 2001, vol. II, p. 77-80.
29. H. Benoit-Cattin, P. Joachimsmann, A. Planat, S. Valette, A. Baskurt, et R. Prost, Active mesh texture coding based on warping and DCT, in IEEE International Conference on Image Processing ICIP'99, Kobe, Japan, 1999, vol. 2, p. 830-833.
30. Y. S. Kim, S. Valette, H. Y. Jung, et R. Prost, Local wavelets decomposition for 3-D Surfaces, in IEEE International Conference on Image Processing ICIP'99, Kobe, Japan, 1999, vol. 3, p. 357-360.
31. S. Valette, Y. S. Kim, H. Y. Jung, I. E. Magnin, et R. Prost, A multiresolution wavelet scheme for irregularly subdivided 3D triangular mesh, in IEEE International Conference on Image Processing ICIP'99, Kobe, Japan, 1999, vol. 1, p. 171-174.

7.3 Chapitres d'ouvrages

1. R. Kéchichian, S. Valette, et M. Desvignes, Automatic Multiorgan Segmentation Using Hierarchically Registered Probabilistic Atlases , dans Cloud-Based Benchmarking of Medical Image Analysis, A. Hanbury, Muller, H., et Langs, G. Springer International Publishing, 2017, p. 185-201.

2. K. Mamou, F. Prêteux, R. Prost et S. Valette, Chap. 9 : Compression of Static and Dynamic 3-D Meshes , dans Compression des images et des signaux médicaux, A. Naït-Ali et Cavaro-Ménard, C. London, UK : ISTE, WILEY Publ., 2008, p. 211-245.
3. J. O. Lachaud et S. Valette, Chap. 12 : Approximation par triangulation , in Géométrie discrète et images numériques, D. Coeurjolly, Montanvert, A., et Chassery, J. M. Paris, France : Hermès, Publ., 2007, p. 265-282.
4. K. Mamou, F. Prêteux, R. Prost, et S. Valette, Chap. 9 : Compression des maillages surfaciques 3D statiques et dynamiques , dans Compression des images et des signaux médicaux, A. Naït-Ali et Cavaro-Ménard, C. Paris, France : Hermès, Publ., 2007, p. 231-268.

7.4 Conférence invitée

S. Valette, Segmentation et génération de modèles 3D pour l'imagerie médicale, 1st International Meeting of Research and innovation in the cardiovascular field IMRIC 2012, Sousse, Tunisie, Juillet 2012.

7.5 Thèse de doctorat

Modèles de maillages déformables 2D et multirésolution surfaciques 3D sur une base d'ondelettes, soutenue le 7 Janvier 2002 à l'INSA de Lyon.

Bibliographie

- [Agier *et al.* (2016)] Agier, R., Valette, S., Fanton, L., Croisille, P., and Prost, R. (2016). Hubless 3D medical image bundle registration. In *VISAPP 2016 11th Joint Conference on Computer Vision, Imaging and Computer Graphics Theory and Applications*, volume 3, pages 265–272.
- [Agier *et al.* (2018)] Agier, R., Valette, S., Kéchichian, R., Fanton, L., and Prost, R. (2018). Hubless keypoint-based 3D deformable groupwise registration. *ArXiv e-prints*.
- [Aharon *et al.* (2006)] Aharon, M., Elad, M., and Bruckstein, A. (2006). K-svd : An algorithm for designing overcomplete dictionaries for sparse representation. *Signal Processing, IEEE Transactions on*, 54 :4311 – 4322.
- [Alcantarilla *et al.* (2012)] Alcantarilla, P. F., Bartoli, A., and Davison, A. J. (2012). Kaze features. In *Proceedings of the 12th European Conference on Computer Vision - Volume Part VI, ECCV'12*, pages 214–227, Berlin, Heidelberg. Springer-Verlag.
- [Aleari *et al.* (2008)] Aleari, L. C., Devillers, O., and Schaeffer, G. (2008). Succinct representations of planar maps. *Theoretical Computer Science*, 408(2) :174 – 187. Excursions in Algorithmics : A Collection of Papers in Honor of Franco P. Preparata.
- [Allaire *et al.* (2008)] Allaire, S., Kim, J. J., Breen, S. L., Jaffray, D. A., and Pekar, V. (2008). Full orientation invariance and improved feature selectivity of 3D SIFT with application to medical image analysis. In *Computer Vision and Pattern Recognition Workshops, 2008. CVPRW'08. IEEE Computer Society Conference on*, pages 1–8. IEEE.
- [Alliez *et al.* (2002)] Alliez, P., Meyer, M., and Desbrun, M. (2002). Interactive Geometry Remeshing. *ACM Transactions on Graphics. Special issue for SIGGRAPH conference*, 21(3) :347–354.
- [Alliez *et al.* (2003)a] Alliez, P., Cohen-Steiner, D., Devillers, O., Levy, B., and Desbrun, M. (2003a). Anisotropic polygonal remeshing. *ACM Transactions on Graphics. Special issue for SIGGRAPH conference*, pages 485–493.
- [Alliez *et al.* (2003)b] Alliez, P., de Verdière, É. C., Devillers, O., and Isenburg, M. (2003b). Isotropic surface remeshing. In *Proceedings of Shape Modeling International*, pages 49–58.
- [Alliez *et al.* (2005)] Alliez, P., Cohen-Steiner, D., Yvinec, M., and Desbrun, M. (2005). Variational Tetrahedral Meshing. *ACM Transactions on Graphics*.

- [Alliez and Desbrun (2001)] Alliez, P. and Desbrun, M. (2001). Progressive encoding for lossless transmission of 3d meshes. In *ACM Siggraph Conference Proceedings*, pages 198–205.
- [Anguelov *et al.* (2010)] Anguelov, D., Dulong, C., Filip, D., Frueh, C., Lafon, S., Lyon, R., Ogale, A., Vincent, L., and Weaver, J. (2010). Google street view : Capturing the world at street level. *Computer*, 43.
- [Ashburner *et al.* (2003)] Ashburner, J., Friston, K. J., and Frackowiak, R. (2003). *Rigid body registration*. San Diego, CA : Academic Press.
- [Audette *et al.* (2011)] Audette, M., Rivière, D., Ewend, M., Enquobahrie, A., and Valette, S. (2011). Approach-guided controlled resolution brain meshing for fe-based interactive neurosurgery simulation. In *Workshop on Mesh Processing in Medical Image Analysis, in conjunction with MICCAI 2011.*, pages 176–186, Toronto, Canada.
- [Aurenhammer (1991)] Aurenhammer, F. (1991). Voronoi diagrams - a survey of a fundamental geometric data structure. *ACM Computing Surveys*, 23(3) :345–405.
- [Avants *et al.* (2008)] Avants, B., Epstein, C., Grossman, M., and Gee, J. (2008). Symmetric diffeomorphic image registration with cross-correlation : Evaluating automated labeling of elderly and neurodegenerative brain. *Medical Image Analysis*, 12(1) :26 – 41.
- [Bagci *et al.* (2012)] Bagci, U., Chen, X., and Udupa, J. K. (2012). Hierarchical scale-based multiobject recognition of 3-d anatomical structures. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 31(3) :777–789.
- [Bartoli *et al.* (2013)] Bartoli, A., Pizarro, D., and Loog, M. (2013). Stratified generalized procrustes analysis. *International Journal of Computer Vision*, 101(2) :227–253.
- [Bay *et al.* (2008)] Bay, H., Ess, A., Tuytelaars, T., and Van Gool, L. (2008). Speeded-up robust features (SURF). *Comput. Vis. Image Underst.*, 110(3) :346–359.
- [Boier-Martin *et al.* (2004)] Boier-Martin, I., Rushmeier, H., and Jin, J. (2004). Parameterization of triangle meshes over quadrilateral domains. In *Proceedings of the Symposium on Geometry Processing*.
- [Botsch *et al.* (2010)] Botsch, M., Kobbelt, L., Pauly, M., Alliez, P., and Levy, B. (2010). *Polygon Mesh Processing*. AK Peters.
- [Boykov *et al.* (2001)] Boykov, Y., Veksler, O., and Zabih, R. (2001). Fast approximate energy minimization via graph cuts. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 23(11) :1222–1239.
- [Boykov and Jolly (2001)] Boykov, Y. Y. and Jolly, M. . (2001). Interactive graph cuts for optimal boundary amp ;amp ; region segmentation of objects in n-d images. In *Proceedings Eighth IEEE International Conference on Computer Vision. ICCV 2001*, volume 1, pages 105–112 vol.1.
- [Boykov and Kolmogorov (2004)] Boykov, Y. and Kolmogorov, V. (2004). An experimental comparison of min-cut/max-flow algorithms for energy minimization in vision. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 26(9) :1124–1137.

- [Boykov and Veksler (2006)] Boykov, Y. and Veksler, O. (2006). Graph cuts in vision and graphics : Theories and applications. In *Handbook of mathematical models in computer vision*, pages 79–96. Springer.
- [Boykov and Funka-Lea (2006)] Boykov, Y. and Funka-Lea, G. (2006). Graph cuts and efficient N-D image segmentation. *Int. J. of Comput. Vision*, 70(2) :109–131.
- [Brown (1992)] Brown, L. G. (1992). A survey of image registration techniques. *ACM Comput. Surv.*, 24(4) :325–376.
- [Cazals and Pouget (2005)] Cazals, F. and Pouget, M. (2005). Estimating differential quantities using polynomial fitting of osculating jets. *Computer Aided Geometric Design*, 22(2) :121–146.
- [Chaine *et al.* (2007)] Chaine, R., Gandoin, P.-M., and Roudet, C. (2007). Mesh Connectivity Compression Using Convection Reconstruction. In Siggraph, A., editor, *ACM Symposium on Solid and Physical Modeling (ACM SPM)*, pages 41–49.
- [Chen *et al.* (2012)] Chen, X., Udupa, J. K., Bagci, U., and Yao, J. (2012). Medical image segmentation by combining graph cuts and oriented active appearance models. *IEEE Trans. Image Process.*, 21(4) :2035–2046.
- [Chen and chao Xu (2004)] Chen, L. and chao Xu, J. (2004). Optimal delaunay triangulations. *Journal of Computational Mathematics*, 22(2) :299–308.
- [Cheung and Hamarneh (2007)] Cheung, W. and Hamarneh, G. (2007). N-sift : N-dimensional scale invariant feature transform for matching medical images. In *Biomedical Imaging : From Nano to Macro, 2007. ISBI 2007. 4th IEEE International Symposium on*, pages 720–723. IEEE.
- [Cheung and Hamarneh (2009)] Cheung, W. and Hamarneh, G. (2009). n-SIFT : n-dimensional scale invariant feature transform. *IEEE Trans. Image Processing*, 18(9) :2012–2021.
- [Cho *et al.* (2010)] Cho, J., Valette, S., Park, J. H., Jung, H., and Prost, R. (2010). 3-d mesh sequence compression using wavelet-based multi-resolution analysis. *Applied Mathematics and Computation*, 216(2) :410–425.
- [Chu *et al.* (2013)] Chu, C., Oda, M., Kitasaka, T., Misawa, K., Fujiwara, M., Hayashi, Y., Nimura, Y., Rueckert, D., and Mori, K. (2013). Multi-organ segmentation based on spatially-divided probabilistic atlas from 3D abdominal CT images. In *Proc. MICCAI Conf.*, pages 165–172.
- [Cigla and Alatan (2010)] Cigla, C. and Alatan, A. A. (2010). Efficient graph-based image segmentation via speeded-up turbo pixels. In *17th IEEE Int. Conf. on Image Processing*, pages 3013–3016, Hong Kong, Hong kong.
- [Cignoni *et al.* (1998)] Cignoni, P., Rocchini, C., and Scopigno, R. (1998). Metro : Measuring error on simplified surfaces. *Computer Graphics Forum*, 17(2) :167–174.
- [Cohen-Or *et al.* (1999)] Cohen-Or, D., Levin, D., and Remez, O. (1999). Progressive compression of arbitrary triangular meshes. In *IEEE Visualization 99*, pages 67–72.

- [Cohen-Or and Sorkine (2006)] Cohen-Or, D. and Sorkine, O. (2006). Encoding meshes in differential coordinates. In *SCCG06) Proceedings of the 22nd Spring Conference on Computer Graphics*. ACM, New York. Citeseer.
- [Cohen-Steiner *et al.* (2004)] Cohen-Steiner, D., Alliez, P., and Desbrun, M. (2004). Variational Shape Approximation. *ACM Transactions on Graphics. Special issue for SIGGRAPH conference*.
- [Collins *et al.* (1998)] Collins, D., Zijdenbos, A., Kollokian, V., Sled, J., Kabani, N., Holmes, C., and Evans, A. (1998). Design and construction of a realistic digital brain phantom. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 17(3) :463–468.
- [Comaniciu and Meer (2002)] Comaniciu, D. and Meer, P. (2002). Mean shift : a robust approach toward feature analysis. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 24(5) :603–619.
- [Courbet and Hudelot (2011)] Courbet, C. and Hudelot, C. (2011). Taylor Prediction for Mesh Geometry Compression. *Computer Graphics Forum*, 30(1) :139–151.
- [Dardenne *et al.* (2008)] Dardenne, J., Valette, S., Siauve, N., and Prost, R. (2008). Medial axis approximation with constrained centroidal voronoi diagrams on discrete data. In *CGI 2008 Conference Proceedings*, page 299–306, Istanbul, Turkey.
- [Dardenne *et al.* (2009)] Dardenne, J., Valette, S., Siauve, N., Burais, N., and Prost, R. (2009). Variational tetrahedral mesh generation from discrete volume data. *The Visual Computer*, 25(5) :401–410.
- [Datta *et al.* (2005)] Datta, R., Li, J., and Wang, J. Z. (2005). Content-based image retrieval : approaches and trends of the new age. In *Proceedings of the 7th ACM SIGMM International Workshop on Multimedia Information Retrieval*, pages 253–262. ACM.
- [Dauphin *et al.* (2014)] Dauphin, Y. N., Pascanu, R., Gulcehre, C., Cho, K., Ganguli, S., and Bengio, Y. (2014). Identifying and attacking the saddle point problem in high-dimensional non-convex optimization. In Ghahramani, Z., Welling, M., Cortes, C., Lawrence, N. D., and Weinberger, K. Q., editors, *Advances in Neural Information Processing Systems 27*, pages 2933–2941. Curran Associates, Inc.
- [Deering (1995)] Deering, M. (1995). Geometry compression. In *SIGGRAPH '95 : Proceedings of the 22nd annual conference on Computer graphics and interactive techniques*, pages 13–20, New York, NY, USA. ACM.
- [DeLong and Boykov (2008)] DeLong, A. and Boykov, Y. (2008). A scalable graph-cut algorithm for N-D grids. In *26th IEEE Conf. on Computer Vision and Pattern Recognition*, Anchorage, AK, USA.
- [DeLong and Boykov (2009)] DeLong, A. and Boykov, Y. (2009). Globally optimal segmentation of multi-region objects. In *12th Int. Conf. on Computer Vision*, pages 285–292, Kyoto, Japan.

- [Dempster *et al.* (1977)] Dempster, A. P., Laird, N. M., and Rubin, D. B. (1977). Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)*, pages 1–38.
- [Digne *et al.* (2014)] Digne, J., Chaine, R., and Valette, S. (2014). Self-similarity for accurate compression of point sampled surfaces. *Computer Graphics Forum*, 33(2) :155–164. Proceedings of Eurographics 2014.
- [Digne *et al.* (2018)] Digne, J., Valette, S., and Chaine, R. (2018). Sparse geometric representation through local shape probing. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 24(7) :2238–2250.
- [Donoho and Huber (1983)] Donoho, D. L. and Huber, P. J. (1983). The notion of breakdown point. *A festschrift for Erich L. Lehmann*, 157184.
- [Du *et al.* (1999)] Du, Q., Faber, V., and Gunzburger, M. (1999). Centroidal voronoi tessellations : Applications and algorithms. *SIAM Rev.*, 41(4) :637–676.
- [Du *et al.* (2003)] Du, Q., Gunzburger, M. D., and Ju, L. (2003). Constrained centroidal voronoi tessellations for surfaces. *SIAM Journal on Scientific Computing*, 24(5) :1488–1506.
- [Du and Wang (2005)] Du, Q. and Wang, D. (2005). Anisotropic centroidal voronoi tessellations and their applications. *SIAM J. Sci Comp.*, 26 :737–761.
- [Dyer *et al.* (2007)] Dyer, R., Zhang, H., and Möller, T. (2007). Delaunay mesh construction. In *SGP '07*, pages 273–282. Eurographics Association.
- [Dyn *et al.* (1990)] Dyn, N., Levine, D., and A. Gregory, J. (1990). A butterfly subdivision scheme for surface interpolation with tension control. *ACM Transaction on Graphics*, 9 :160–.
- [Espinass *et al.* (2013)] Espinass, J., Chaine, R., and Gandoi, P. (2013). Practical reduction of edge flip sequences in two-dimensional triangulations. *CoRR*, abs/1310.2586.
- [Fischler and Bolles (1981)] Fischler, M. A. and Bolles, R. C. (1981). Random sample consensus : a paradigm for model fitting with applications to image analysis and automated cartography. *Commun. of the ACM*, 24(6) :381–395.
- [Fonov *et al.* (2011)] Fonov, V., Evans, A. C., Botteron, K., Almlı, C. R., McKinstry, R. C., and Collins, D. L. (2011). Unbiased average age-appropriate atlases for pediatric studies. *NeuroImage*, 54(1) :313 – 327.
- [Fornefett *et al.* (2001)] Fornefett, M., Rohr, K., and Stiehl, H. S. (2001). Radial basis functions with compact support for elastic registration of medical images. *Image and Vision Computing*, 19(1) :87–96.
- [Fouquier *et al.* (2012)] Fouquier, G., Atif, J., and Bloch, I. (2012). Sequential model-based segmentation and recognition of image structures driven by visual features and spatial relations. *Computer Vision and Image Understanding*, 116(1) :146–165.
- [Fox (2002)] Fox, J. (2002). Robust regression. *An R and S-Plus Companion to Applied Regression*.

- [Frahm *et al.* (2010)] Frahm, J.-M., Fite-Georgel, P., Gallup, D., Johnson, T., Raguram, R., Wu, C., Jen, Y.-H., Dunn, E., Clipp, B., Lazebnik, S., *et al.* (2010). Building rome on a cloudless day. In *Computer Vision–ECCV 2010*, pages 368–381. Springer.
- [Franchi *et al.* (2018)] Franchi, A., Valette, S., Agier, R., Prost, R., KÄlchichian, R., and Fanton, L. (2018). Computational anatomy : what prospects for forensic anthropology? In *International Academy of Legal Science. AAFS - 70th Annual Scientific Meeting*.
- [Freedman and Zhang (2005)] Freedman, D. and Zhang, T. (2005). Interactive graph cut based segmentation with shape priors. In *Proc. IEEE Conf. on Computer Vision and Pattern Recognition*, volume 1, pages 755–762, Los Alamitos, CA, USA.
- [Frey and Borouchaki (1997)] Frey, P. and Borouchaki, H. (1997). Surface mesh evaluation. In *6th International Meshing Roundtable*, pages 363–374.
- [Fulkerson *et al.* (2009)] Fulkerson, B., Vedaldi, A., and Soatto, S. (2009). Class segmentation and object localization with superpixel neighborhoods. In *IEEE 12th Int. Conf. on Computer Vision*, pages 670–677.
- [Gandoin and Devillers (2002)] Gandoin, P.-M. and Devillers, O. (2002). Progressive lossless compression of arbitrary simplicial complexes. In *SIGGRAPH '02 : Proceedings of the 29th annual conference on Computer graphics and interactive techniques*, pages 372–379, New York, NY, USA. ACM.
- [Gao *et al.* (2001)] Gao, Z., Urrutia, J., and Wang, J. (2001). Diagonal flips in labelled planar triangulations. *Graphs Combin*, 17 :647–657.
- [Garland and Heckbert (1997)] Garland, M. and Heckbert, P. S. (1997). Surface simplification using quadric error metrics. In *SIGGRAPH '97 : Proceedings of the 24th annual conference on Computer graphics and interactive techniques*, pages 209–216, New York, NY, USA. ACM Press/Addison-Wesley Publishing Co.
- [Gass *et al.* (2014)a] Gass, T., Szekely, G., and Goksel, O. (2014a). Multi-atlas segmentation and landmark localization in images with large field of view. In *Proc. MICCAI-MCV Workshop*, pages 171–180.
- [Gass *et al.* (2014)b] Gass, T., Szekely, G., and Goksel, O. (2014b). Multi-atlas segmentation and landmark localization in images with large field of view. In *Medical Computer Vision : Algorithms for Big Data*, pages 171–180. Springer.
- [Geman and Geman (1984)] Geman, S. and Geman, D. (1984). Stochastic relaxation, Gibbs distributions, and the Bayesian restoration of images. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, PAMI-6(6) :721–741.
- [Gibson *et al.* (2017)] Gibson, E., Giganti, F., Hu, Y., Bonmati, E., Bandula, S., Gurusamy, K., Davidson, B. R., Pereira, S. P., Clarkson, M. J., and Barratt, D. C. (2017). Towards image-guided pancreas and biliary endoscopy : Automatic multi-organ segmentation on abdominal ct with dense dilated networks. In *Proc. MICCAI Conf.*, pages 728–736.

- [Glocker *et al.* (2012)] Glocker, B., Pauly, O., Konukoglu, E., and Criminisi, A. (2012). Joint classification-regression forests for spatially structured multi-object segmentation. *Computer Vision–ECCV*, pages 870–881.
- [Gorthi *et al.* (2011)] Gorthi, S., Thiran, J., and Cuadra, M. B. (2011). Comparison of energy minimization methods for 3-D brain tissue classification. In *18th IEEE Int. Conf. on Image Processing*, pages 57–60.
- [Gotsman (2003)] Gotsman, C. (2003). On the optimality of valence-based connectivity coding. *Computer Graphics Forum*, 22 :99–102(4).
- [Greig *et al.* (1989)] Greig, D. M., Porteous, B. T., and Seheult, A. H. (1989). Exact maximum a posteriori estimation for binary images. *J. of the Roy. Stat. Soc. Series B (Methodological)*, 51(2) :271–279.
- [Gu *et al.* (2002)] Gu, X., Gortler, S., and Hoppe, H. (2002). Geometry images. *ACM SIGGRAPH Conference Proceedings*, pages 355–361.
- [Guimond *et al.* (2000)] Guimond, A., Meunier, J., and Thirion, J.-P. (2000). Average brain models : A convergence study. *Computer Vision and Image Understanding*, 77(2) :192 – 210.
- [Gurung *et al.* (2011)] Gurung, T., Luffel, M., Lindstrom, P., and Rossignac, J. (2011). Lr : compact connectivity representation for triangle meshes. In *SIGGRAPH '11*.
- [Guskov *et al.* (2000)] Guskov, I., Vidimčec, K., Sweldens, W., and Schröder, P. (2000). Normal meshes. In *SIGGRAPH '00 : Proceedings of the 27th annual conference on Computer graphics and interactive techniques*, pages 95–102, New York, NY, USA. ACM Press/Addison-Wesley Publishing Co.
- [Hamm *et al.* (2010)] Hamm, J., Ye, D. H., Verma, R., and Davatzikos, C. (2010). GRAM : A framework for geodesic registration on anatomical manifolds. *Medical Image Analysis*, 14 :633–42.
- [Hanbury *et al.* (2012)] Hanbury, A., Müller, H., Langs, G., Weber, M. A., Menze, B. H., and Fernandez, T. S. (2012). Bringing the algorithms to the data : cloud-based benchmarking for medical image analysis. In *Information Access Evaluation. Multilinguality, Multimodality, and Visual Analytics*, pages 24–29. springer.
- [Harris and Stephens (1988)] Harris, C. and Stephens, M. (1988). A combined corner and edge detector. In *Alvey Vision Conference*, volume 15, page 50. Manchester, UK.
- [Heckbert and Garland (1999)] Heckbert, P. S. and Garland, M. (1999). Optimal triangulation and quadric-based surface simplification. *Journal of Computational Geometry : Theory and Applications*, 14(1–3) :49–65.
- [Heimann and Meinzer (2009)] Heimann, T. and Meinzer, H.-P. (2009). Statistical shape models for 3D medical image segmentation : a review. *Med. Image Anal.*, 13(4) :543–563.
- [Heinrich *et al.* (2015)] Heinrich, M., Maier, O., and Handels, H. (2015). Multi-modal multi-atlas segmentation using discrete optimisation and self-similarities. In *Proc. ISBI Visceral Challenge*, pages 27–30.

- [Heinrich and Blendowski (2016)] Heinrich, M. and Blendowski, M. (2016). Multi-organ segmentation using vantage point forests and binary context features. In *Proc. MICCAI Conf.*, pages 598–606.
- [Hellier and Barillot (2003)] Hellier, P. and Barillot, C. (2003). Coupling dense and landmark-based approaches for nonrigid registration. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 22(2) :217–227.
- [Hoppe (1996)] Hoppe, H. (1996). Progressive meshes. In *ACM Siggraph 96 Conference Proceedings*, pages 99–108.
- [Hu *et al.* (2017)] Hu, P., Wu, F., Peng, J., Bao, Y., Chen, F., and Kong, D. (2017). Automatic abdominal multi-organ segmentation using deep convolutional neural network and time-implicit level sets. *Int. J. Comput. Assist. Radiol. Surg.*, 12(3) :399–411.
- [Huang *et al.* (2006)] Huang, Y., Peng, J., Kuo, C.-C. J., and Gopi, M. (2006). Octree-based progressive geometry coding of point clouds. In *Proc. Point-Based Graphics 06*, SPBG’06, pages 103–110. Eurographics.
- [Huang *et al.* (2008)] Huang, B., Wang, W., Bates, M., and Zhuang, X. (2008). Three-dimensional super-resolution imaging by stochastic optical reconstruction microscopy. *Science*, 319(5864) :810–813.
- [Huber (2011)] Huber, P. J. (2011). *Robust statistics*. Springer.
- [Hubo *et al.* (2008)] Hubo, E., Mertens, T., Haber, T., and Bekaert, P. (2008). Self-similarity based compression of point set surfaces with application to ray tracing. *Comput. Graph. Point-Based Graphics*, 32(2) :221–234.
- [IRCAD (2012)] IRCAD (2012). 3D-IRCADb. <http://www.ircad.fr/software/3Dircadb/3Dircadb.php>.
- [Iglesias *et al.* (2011)] Iglesias, J., Konukoglu, E., Montillo, A., Tu, Z., and Criminisi, A. (2011). Combining generative and discriminative models for semantic segmentation of CT scans via active learning. In *Inf. Process. in Med. Imaging*, pages 25–36.
- [Iglesias and Sabuncu (2015)] Iglesias, J. E. and Sabuncu, M. (2015). Multi-atlas segmentation of biomedical images : a survey. *Med. Image Anal.*, 24(1) :205–219.
- [Isenburg *et al.* (2003)] Isenburg, M., Lindstrom, P., Gumhold, S., and Snoeyink, J. (2003). Large mesh simplification using processing sequences. In *IEEE Visualization conference proceedings*.
- [Isenburg *et al.* (2005)] Isenburg, M., Lindstrom, P., and Snoeyink, J. (2005). Lossless compression of predicted floating-point geometry. *JCAD - Journal for Computer-Aided Design*, 37 :2005.
- [Isenburg and Snoeyink (2005)] Isenburg, M. and Snoeyink, J. (2005). On the non-redundancy of split offsets in degree coding. draft.
- [Ishikawa (2003)] Ishikawa, H. (2003). Exact optimization for markov random fields with convex priors. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 25(10) :1333–1336.

- [Jacinto *et al.* (2012)] Jacinto, H., Kéchichian, R., Desvignes, M., Prost, R., and Valette, S. (2012). A web interface for 3d visualization and interactive segmentation of medical images. In *17th International Conference on 3D Web Technology (Web 3D 2012)*, pages 51–58, Los-Angeles, USA.
- [Jacinto *et al.* (2018)] Jacinto, H., Valette, S., and Prost, R. (2018). Multi-atlas automatic positioning of anatomical landmarks. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 50 :167–177.
- [Jenkinson *et al.* (2002)] Jenkinson, M., Bannister, P., Brady, M., and Smith, S. (2002). Improved optimization for the robust and accurate linear registration and motion correction of brain images. *NeuroImage*, 17(2) :825–841.
- [Jimenez-del Toro *et al.* (2016)] Jimenez-del Toro, O. *et al.* (2016). Cloud-based evaluation of anatomical structure segmentation and landmark detection algorithms : Visceral anatomy benchmarks. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 35(11) :2459–2475.
- [Jimenez-del Toro and Müller (2014)] Jimenez-del Toro, O. and Müller, H. (2014). Hierarchic multi-atlas based segmentation for anatomical structures : Evaluation in the visceral anatomy benchmarks. In *Proc. MICCAI-MCV Workshop*, pages 189–200.
- [Joshi *et al.* (2004)] Joshi, S., Davis, B., Jomier, M., and Gerig, G. (2004). Unbiased diffeomorphic atlas construction for computational anatomy. *NeuroImage*, 23 :S151–S160.
- [Jovanova *et al.* (2008)] Jovanova, B., Preda, M., and Preteux, F. (2008). Mpeg-4 part 25 : A generic model for 3d graphics compression. In *2008 3DTV Conference : The True Vision - Capture, Transmission and Display of 3D Video*, pages 101–104.
- [Kéchichian *et al.* (2011)] Kéchichian, R., Valette, S., Desvignes, M., and Prost, R. (2011). Efficient multi-object segmentation of 3D medical images using clustering and graph cuts. In *18th IEEE Int. Conf. on Image Processing*, pages 2149–2152, Brussels, Belgium.
- [Kéchichian *et al.* (2013)] Kéchichian, R., Valette, S., Desvignes, M., and Prost, R. (2013). Shortest-path constraints for 3D multi-object semi-automatic segmentation via clustering and graph cut. *IEEE Trans. Image Process.*, 22(11) :4224–4236.
- [Kahl *et al.* (2015)] Kahl, F., Alvéen, J., Enqvist, O., Fejné, F., Ulén, J., Fredriksson, J., Landgren, M., and Larsson, V. (2015). Good features for reliable registration in multi-atlas segmentation. In *ISBI Visceral Challenge*, pages 12–17.
- [Kalaiah and Varshney (2005)] Kalaiah, A. and Varshney, A. (2005). Statistical geometry representation for efficient transmission and rendering. *ACM Trans. Graph.*, 24(2) :348–373.
- [Karlsson *et al.* (2005)] Karlsson, N., Di Bernardo, E., Ostrowski, J., Goncalves, L., Pirjanian, P., and Munich, M. E. (2005). The vSLAM algorithm for robust localization and mapping. In *Robotics and Automation, 2005. ICRA 2005. Proceedings of the 2005 IEEE International Conference on*, pages 24–29. IEEE.
- [Karni *et al.* (2002)] Karni, Z., Bogomjakov, A., and Gotsman, C. (2002). Efficient compression and rendering of multi-resolution meshes. In *VIS '02 : Proceedings of the*

- conference on Visualization '02*, pages 347–354, Washington, DC, USA. IEEE Computer Society.
- [Karni and Gotsman (2000)] Karni, Z. and Gotsman, C. (2000). Spectral Compression of Mesh Geometry. In *ACM Siggraph 00 Conference Proceedings*, pages 279–286.
- [Keall *et al.* (2005)] Keall, P. J., Joshi, S., Vedam, S. S., Siebers, J. V., Kini, V. R., and Mohan, R. (2005). Four-dimensional radiotherapy planning for dmlc-based respiratory motion tracking. *Medical Physics*, 32(4) :942–951.
- [Khodakovsky *et al.* (2000)] Khodakovsky, A., Schröder, P., and Sweldens, W. (2000). Progressive Geometry Compression. *ACM Siggraph Conference Proceedings*, pages 271–278.
- [King and Rossignac (1999)] King, D. and Rossignac, J. (1999). Optimal Bit Allocation in 3D Compression. *Journal of Computational Geometry, Theory and Applications*, 14 :91–118.
- [Klein *et al.* (2010)] Klein, S., Staring, M., Murphy, K., Viergever, M., and Pluim, J. (2010). Elastix : a toolbox for intensity-based medical image registration. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 29(1) :196 – 205.
- [Kobbelt (2000)] Kobbelt, L. (2000). $\sqrt{3}$ -subdivision. In *SIGGRAPH '00 : Proceedings of the 27th annual conference on Computer graphics and interactive techniques*, pages 103–112, New York, NY, USA. ACM Press/Addison-Wesley Publishing Co.
- [Kolmogorov and Zabih (2004)] Kolmogorov, V. and Zabih, R. (2004). What energy functions can be minimized via graph cuts? *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 26(2) :147–159.
- [Kéchichian *et al.* (2013)] Kéchichian, R., Valette, S., Desvignes, M., and Prost, R. (2013). Shortest-path constraints for 3d multiobject semiautomatic segmentation via clustering and graph cut. *IEEE Transactions on Image Processing*, 22 :4224–36.
- [Kéchichian *et al.* (2014)] Kéchichian, R., Valette, S., Sdika, M., and Desvignes, M. (2014). Automatic 3d multiorgan segmentation via clustering and graph cut using spatial relations and hierarchically-registered atlases. In Menze, B., Langs, G., Montillo, A., Kelm, M., Müller, H., Zhang, S., Cai, W., and Metaxas, D., editors, *Medical Computer Vision : Algorithms for Big Data*, Lecture Notes in Computer Science, pages 201–209. Springer International Publishing, Springer International Publishing.
- [Kéchichian *et al.* (2017)] Kéchichian, R., Valette, S., and Desvignes, M. (2017). Automatic multiorgan segmentation using hierarchically registered probabilistic atlases. In *Cloud-Based Benchmarking of Medical Image Analysis*, pages 185–201. Springer.
- [Kéchichian *et al.* (2018)] Kéchichian, R., Valette, S., and Desvignes, M. (2018). Automatic multiorgan segmentation via multiscale registration and graph cut. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, pages 1 – 1.

- [Labelle and Shewchuk (2003)] Labelle, F. and Shewchuk, J. R. (2003). Anisotropic voronoi diagrams and guaranteed-quality anisotropic mesh generation. In *Proceedings of the Nineteenth Annual Symposium on Computational Geometry*, pages 191–200.
- [Langs *et al.* (2013)] Langs, G., Hanbury, A., Menze, B., and Müller, H. (2013). VISCERAL : Towards large data in medical imaging – challenges and directions. In *Proceedings of the Third MICCAI International Conference on Medical Content-Based Retrieval for Clinical Decision Support, MCBR-CDS'12*, pages 92–98, Berlin, Heidelberg. Springer-Verlag.
- [Larsson *et al.* (2017)] Larsson, M., Zhang, Y., and Kahl, F. (2017). Robust abdominal organ segmentation using regional convolutional neural networks. In *Scandinavian Conf. on Image Anal.*, pages 41–52. Springer.
- [Lavdas *et al.* (2017)] Lavdas, I., Glocker, B., Kamnitsas, K., Rueckert, D., Mair, H., Sandhu, A., Taylor, S. A., Aboagye, E. O., and Rockall, A. G. (2017). Fully automatic, multi-organ segmentation in normal whole body magnetic resonance imaging (MRI), using classification forests (CFs), convolutional neural networks (CNNs) and a multi-atlas (MA) approach. *Med. Phys.*
- [Lecun *et al.* (1998)] Lecun, Y., Bottou, L., Bengio, Y., and Haffner, P. (1998). Gradient-based learning applied to document recognition. *Proceedings of the IEEE*, 86(11) :2278–2324.
- [Lee *et al.* (1998)] Lee, A. W. F., Sweldens, W., Schröder, P., Cowsar, L., and Dobkin, D. (1998). Maps : Multiresolution adaptive parameterization of surfaces. *ACM SIGGRAPH Conference Proceedings*, pages 95–104.
- [Levinshtein *et al.* (2009)] Levinshtein, A., Stere, A., Kutulakos, K. N., Fleet, D. J., Dickinson, S. J., and Siddiqi, K. (2009). TurboPixels : fast superpixels using geometric flows. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 31(12) :2290–2297.
- [Lewiner *et al.* (2006)] Lewiner, T., Craizer, M., Lopes, H., Pesco, S., Velho, L., and Medeiros, E. (2006). Gencode : geometry-driven compression for general meshes. *Computer Graphics Forum*, 25(4) :685–695.
- [Lewis (1995)] Lewis, J. (1995). Fast normalized cross-correlation. In *Vision Interface*, volume 10, pages 120–123.
- [Li (2009)] Li, S. Z. (2009). *Markov random field modeling in image analysis*. Springer.
- [Li *et al.* (2004)] Li, Y., Sun, J., Tang, C.-K., and Shum, H.-Y. (2004). Lazy snapping. *ACM Trans. on Graphics*, 23(3) :303–308.
- [Li *et al.* (2012)] Li, B., Christensen, G. E., Hoffman, E. A., McLennan, G., and Reinhardt, J. M. (2012). Establishing a normative atlas of the human lung. *Academic Radiology*, 19(11) :1368–1381.
- [Lindstrom (2000)] Lindstrom, P. (2000). Out-of-core simplification of large polygonal models. In Akeley, K., editor, *Siggraph 2000, Computer Graphics Proceedings*, pages 259–262. ACM Press / ACM SIGGRAPH / Addison Wesley Longman.

- [Linguraru *et al.* (2012)] Linguraru, M. G., Pura, J. A., Pamulapati, V., and Summers, R. M. (2012). Statistical 4D graphs for multi-organ abdominal segmentation from multiphase CT. *Medical Image Analysis*, 16(4) :904–914.
- [Litjens *et al.* (2017)] Litjens, G., Kooi, T., Bejnordi, B. E., Setio, A. A. A., Ciompi, F., Ghafoorian, M., van der Laak, J. A., van Ginneken, B., and Sánchez, C. I. (2017). A survey on deep learning in medical image analysis. *Med. Image Anal.*, 42 :60–88.
- [Liu *et al.* (2010)] Liu, X., Veksler, O., and Samarabandu, J. (2010). Order-preserving moves for graph-cut-based optimization. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 32(7) :1182–1196.
- [Lloyd (1982)] Lloyd, S. P. (Mar. 1982). Least squares quantization in pcm. *IEEE Trans. Inform. Theory*, 28 :129–137.
- [Lombaert *et al.* (2005)] Lombaert, H., Sun, Y., Grady, L., and Xu, C. (2005). A multilevel banded graph cuts method for fast image segmentation. In *10th IEEE Int. Conf. on Computer Vision*, volume 1, pages 259 – 265.
- [Loop (1987)] Loop, C., editor (1987). *Smooth subdivision surfaces based on triangles*. Master’s thesis. Dept. of Mathematics, University of Utah.
- [Lounsbery *et al.* (1997)] Lounsbery, M., DeRose, T. D., and Warren, J. (1997). Multiresolution analysis for surfaces of arbitrary topological type. *ACM Trans. Graph.*, 16(1) :34–73.
- [Lowe (1999)] Lowe, D. G. (1999). Object recognition from local scale-invariant features. In *Computer Vision, proceedings of the seventh IEEE International Conference on*, volume 2, pages 1150–1157.
- [Lowe (2004)] Lowe, D. G. (2004). Distinctive image features from scale-invariant keypoints. *International Journal of Computer Vision*, 60(2) :91–110.
- [Lucchi *et al.* (2011)] Lucchi, A., Li, Y., Boix, X., Smith, K., and Fua, P. (2011). Are spatial and global constraints really necessary for segmentation? In *2011 IEEE Int. Conf. on Computer Vision*, pages 9–16.
- [Luffel *et al.* (2014)] Luffel, M., Gurung, T., Lindstrom, P., and Rossignac, J. (2014). Grouper : A compact, streamable triangle mesh data structure. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 20(1) :84–98.
- [Läbe and Förstner (2004)] Läbe, T. and Förstner, W. (2004). Geometric stability of low-cost digital consumer cameras. In *Proceedings of the 20th ISPRS Congress, Istanbul, Turkey*, pages 528–535.
- [Lötjönen *et al.* (1998)] Lötjönen, J., Reissman, P.-J., Magnin, I. E., Nenonen, J., and Katila, T. (1998). A triangulation method of an arbitrary point set for biomagnetic problems. *IEEE Transactions on Magnetics*, 34(4) :2228–2233.
- [Lötjönen *et al.* (2010)] Lötjönen, J. M., Wolz, R., Koikkalainen, J. R., Thurfjell, L., Waldemar, G., Soininen, H., Rueckert, D., Initiative, A. D. N., *et al.* (2010). Fast

- and robust multi-atlas segmentation of brain magnetic resonance images. *NeuroImage*, 49(3) :2352–2365.
- [López *et al.* (1999)] López, A. M., Lumbreras, F., Serrat, J., and Villanueva, J. J. (1999). Evaluation of methods for ridge and valley detection. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, 21(4) :327–335.
- [Maglo *et al.* (2015)] Maglo, A., Lavoué, G., Dupont, F., and Hudelot, C. (2015). 3d mesh compression : Survey, comparisons, and emerging trends. *ACM Comput. Surv.*, 47(3) :44 :1–44 :41.
- [Maintz and Viergever (1998)] Maintz, J. and Viergever, M. A. (1998). A survey of medical image registration. *Medical Image Analysis*, 2(1) :1–36.
- [Malcolm *et al.* (2007)] Malcolm, J., Rathi, Y., and Tannenbaum, A. (2007). Graph cut segmentation with nonlinear shape priors. In *IEEE Int. Conf. on Image Processing*, volume 4, pages 365–368.
- [Martin *et al.* (2001)] Martin, D., Fowlkes, C., Tal, D., and Malik, J. (2001). A database of human segmented natural images and its application to evaluating segmentation algorithms and measuring ecological statistics. In *Proc. of the 8th Int. Conf. of Computer Vision*, volume 2, pages 416–423.
- [Mikolajczyk and Schmid (2002)] Mikolajczyk, K. and Schmid, C. (2002). An affine invariant interest point detector. In *European Conference on Computer Vision*, pages 128–142. Springer.
- [Mikolajczyk and Schmid (2005)] Mikolajczyk, K. and Schmid, C. (2005). A performance evaluation of local descriptors. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, 27(10) :1615–1630.
- [Modat *et al.* (2008)] Modat, M., Ridgway, G. R., Taylor, Z. A., Lehmann, M., Barnes, J., Hawkes, D. J., and Fox, N. C. (2008). Fast free-form deformation using graphics processing units. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 98(3) :278–284.
- [Modat *et al.* (2014)] Modat, M., Cash, D. M., Daga, P., Winston, G. P., Duncan, J. S., and Ourselin, S. (2014). Global image registration using a symmetric block-matching approach. *Journal of Medical Imaging*, 1 :1 – 1 – 6.
- [Moltz *et al.* (2009)] Moltz, J. H. *et al.* (2009). Advanced segmentation techniques for lung nodules, liver metastases, and enlarged lymph nodes in CT scans. *IEEE J. Sel. Topics Signal Process.*, 3(1) :122–134.
- [Montillo *et al.* (2011)] Montillo, A., Shotton, J., Winn, J., Iglesias, J. E., Metaxas, D., and Criminisi, A. (2011). Entangled decision forests and their application for semantic segmentation of CT images. In *Inf. Process. in Med. Imaging*, pages 184–196.
- [Moré (1978)] Moré, J. J. (1978). The Levenberg-Marquardt algorithm : implementation and theory. In *Numerical Analysis*, pages 105–116. Springer.

- [Murail *et al.* (2008)] Murail, P., Bruzek, J., Houet, F., and Cunha, E. (2008). DSP : A tool for probabilistic sex diagnosis using worldwide variability in hip-bone measurements. *Bulletins et mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris*, 17(3-4).
- [Oda *et al.* (2012)] Oda, M., Nakaoka, T., Kitasaka, T., Furukawa, K., Misawa, K., Fujiwara, M., and Mori, K. (2012). Organ segmentation from 3D abdominal CT images based on atlas selection and graph cut. *Abdominal Imaging. Computational and Clinical Applications*, pages 181–188.
- [Okada *et al.* (2012)] Okada, T., Yoshida, Y., Hori, M., Summers, R. M., Chen, Y.-W., Tomiyama, N., and Sato, Y. (2012). Abdominal multi-organ segmentation of CT images based on hierarchical spatial modeling of organ interrelations. In *Proc. of the 3rd Int. Conf. on Abdominal Imaging : Computational and Clinical Applications*, page 173–180.
- [Okada *et al.* (2015)] Okada, T., Linguraru, M. G., Hori, M., Summers, R. M., Tomiyama, N., and Sato, Y. (2015). Abdominal multi-organ segmentation from CT images using conditional shape–location and unsupervised intensity priors. *Med. Image Anal.*, 26(1) :1–18.
- [Oliveira *et al.* (2018)] Oliveira, B., Queirós, S., Morais, P., Torres, H. R., Gomes-Fonseca, J., Fonseca, J. C., and Vilaça, J. L. (2018). A novel multi-atlas strategy with dense deformation field reconstruction for abdominal and thoracic multi-organ segmentation from CT. *Med. Image Anal.*, 45 :108–120.
- [Ovreiu *et al.* (2012)] Ovreiu, E., Riveros Reyes, J. G., Valette, S., and Prost, R. (2012). Mesh simplification using a two-sided error minimization. In *2nd International Conference on Image, Vision and Computing (ICIVC 2012)*, pages 26–30, Shanghai, China.
- [Pajarola and Rossignac (2000)] Pajarola, R. and Rossignac, J. (2000). Compressed Progressive Meshes. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 6(1) :79–93.
- [Park *et al.* (2003)] Park, H., Bland, P. H., and Meyer, C. R. (2003). Construction of an abdominal probabilistic atlas and its application in segmentation. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 22(4) :483–492.
- [Pasquier *et al.* (2007)] Pasquier, D., Lacornerie, T., Vermandel, M., Rousseau, J., Lartigau, E., and Betrouni, N. (2007). Automatic segmentation of pelvic structures from magnetic resonance images for prostate cancer radiotherapy. *Int. J. of Radiation Oncology*Biography*Physics*, 68(2) :592–600.
- [Pawlowski *et al.* (2017)] Pawlowski, N., Ktena, S. I., Lee, M. C., Kainz, B., Rueckert, D., Glocker, B., and Rajchl, M. (2017). DLTK : State of the art reference implementations for deep learning on medical images. *arXiv preprint 1711.06853*.
- [Payan and Antonini (2005)] Payan, F. and Antonini, M. (2005). An efficient bit allocation for compressing normal meshes with an error-driven quantization. *Comput. Aided Geom. Des.*, 22(5) :466–486.

-
- [Peng and Kuo (2005)] Peng, J. and Kuo, C.-C. J. (2005). Geometry-guided progressive lossless 3d mesh coding with octree (ot) decomposition. *ACM Trans. Graph.*, 24(3) :609–616.
- [Peyré and Mallat (2005)] Peyré, G. and Mallat, S. (2005). Surface compression with geometric bandelets. In *SIGGRAPH '05 : ACM SIGGRAPH 2005 Papers*, pages 601–608, New York, NY, USA. ACM.
- [Peyré and Cohen (2003)] Peyré, G. and Cohen, L. (2003). Geodesic remeshing using front propagation. In *IEEE workshop on Variational, Geometric and Level Set Methods in Computer Vision*.
- [Platero and Tobar (2014)] Platero, C. and Tobar, M. C. (2014). A multiatlas segmentation using graph cuts with applications to liver segmentation in CT scans. *Computational and mathematical methods in medicine*, 2014.
- [Pluim *et al.* (2003)] Pluim, J. P., Maintz, J. A., and Viergever, M. A. (2003). Mutual-information-based registration of medical images : a survey. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 22(8) :986–1004.
- [Poulalhon and Schaeffer (2006)] Poulalhon, D. and Schaeffer, G. (2006). Optimal coding and sampling of triangulations. *Algorithmica*, 46(3) :505–527.
- [Rasoulilian *et al.* (2012)] Rasoulilian, A., Rohling, R., and Abolmaesumi, P. (2012). Group-wise registration of point sets for statistical shape models. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 31(11) :2025–2034.
- [Rister *et al.* (2017)] Rister, B., Horowitz, M. A., and Rubin, D. L. (2017). Volumetric image registration from invariant keypoints. *IEEE Trans. Image Processing*, 26(10) :4900–4910.
- [Robinson and Milanfar (2004)] Robinson, D. and Milanfar, P. (2004). Fundamental performance limits in image registration. *IEEE Trans. Image Processing*, 13(9) :1185–1199.
- [Rohlfing (2012)] Rohlfing, T. (2012). Image similarity and tissue overlaps as surrogates for image registration accuracy : Widely used but unreliable. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 31(2) :153–163.
- [Rossignac (1999)] Rossignac, J. (1999). EdgeBreaker : Connectivity Compression for Triangle Meshes. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*.
- [Rother *et al.* (2004)] Rother, C., Kolmogorov, V., and Blake, A. (2004). "GrabCut" : interactive foreground extraction using iterated graph cuts. In *ACM SIGGRAPH*, pages 309–314, New York, NY, USA.
- [Said and Pearlman (1996)] Said, A. and Pearlman, W. (1996). A new, fast, and efficient image codec based on set partitioning in hierarchical trees. *IEEE Transactions on Circuits and Systems for Video Technology*, 6(3) :243–250.

- [Scahill *et al.* (2003)] Scahill, R. I., Frost, C., Jenkins, R., Whitwell, J. L., Rossor, M. N., and Fox, N. C. (2003). A longitudinal study of brain volume changes in normal aging using serial registered magnetic resonance imaging. *Archives of Neurology*, 60(7) :989–994.
- [Schaefer and Warren (2003)] Schaefer, S. and Warren, J. (2003). Adaptive vertex clustering using octrees. In *Proceedings of SIAM Geometric Design and Computing*.
- [Schnabel *et al.* (2008)] Schnabel, R., Möser, S., and Klein, R. (2008). Fast vector quantization for efficient rendering of compressed point-clouds. *Computers & Graphics*, 32(2) :246 – 259.
- [Schnabel and Klein (2006)] Schnabel, R. and Klein, R. (2006). Octree-based point-cloud compression. In Botsch, M. and Chen, B., editors, *Symposium on Point-Based Graphics 2006*. Eurographics.
- [Schreiner *et al.* (2004)] Schreiner, J., Asirvatham, A., Praun, E., and Hoppe, H. (2004). Inter-surface mapping. *ACM Transactions on Graphics (proceedings of SIGGRAPH 2004)*, 23 :870–877.
- [Schönemann (1966)] Schönemann, P. H. (1966). A generalized solution of the orthogonal procrustes problem. *Psychometrika*, 31(1) :1–10.
- [Seifert *et al.* (2009)] Seifert, S., Barbu, A., Zhou, S. K., Liu, D., Feulner, J., Huber, M., Suehling, M., Cavallaro, A., and Comaniciu, D. (2009). Hierarchical parsing and semantic navigation of full body CT data. In *SPIE Medical Imaging*, Lake Buena Vista, FL, USA.
- [Seifert *et al.* (2010)] Seifert, S., Kelm, M., Moeller, M., Mukherjee, S., Cavallaro, A., Huber, M., and Comaniciu, D. (2010). Semantic annotation of medical images. In *SPIE Medical Imaging*, pages 762808–762808.
- [Shepp and Logan (1974)] Shepp, L. and Logan, B. (1974). The fourier reconstruction of a head section. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 21(3) :21–43.
- [Shewchuk (2002)] Shewchuk, J. R. (2002). What is a good linear finite element? - interpolation, conditioning, anisotropy, and quality measures. Technical report, In Proc. of the 11th International Meshing Roundtable.
- [Shotton *et al.* (2009)] Shotton, J., Winn, J., Rother, C., and Criminisi, A. (2009). TextonBoost for image understanding : Multi-class object recognition and segmentation by jointly modeling texture, layout, and context. *Int. J. of Comput. Vision*, 81(1) :2–23.
- [Siauve *et al.* (2004)] Siauve, N., Nicolas, L., Vollaire, C., and Marchal, C. (2004). Optimization of the sources in local hyperthermia using a combined finite element-genetic algorithm method. *International Journal of Hyperthermia*, 20(8) :815–833.
- [Sifri *et al.* (2003)] Sifri, O., Sheffer, A., and Gotsman, C. (2003). Geodesic-based surface remeshing. In *International Meshing Roundtable*.
- [Silver *et al.* (2016)] Silver, D., Huang, A., Maddison, C. J., Guez, A., Sifre, L., van den Driessche, G., Schrittwieser, J., Antonoglou, I., Panneershelvam, V., Lanctot, M., Dieleman, S., Grewe, D., Nham, J., Kalchbrenner, N., Sutskever, I., Lillicrap, T., Leach,

- M., Kavukcuoglu, K., Graepel, T., and Hassabis, D. (2016). Mastering the game of Go with deep neural networks and tree search. *Nature*, 529(7587) :484–489.
- [Silver *et al.* (2017)] Silver, D., Schrittwieser, J., Simonyan, K., Antonoglou, I., Huang, A., Guez, A., Hubert, T., Baker, L., Lai, M., Bolton, A., Chen, Y., Lillicrap, T., Hui, F., Sifre, L., van den Driessche, G., Graepel, T., and Hassabis, D. (2017). Mastering the game of go without human knowledge. *Nature*, 550 :354–.
- [Simpson (1994)] Simpson, R. B. (1994). Anisotropic mesh transformations and optimal error control. *Applied Numerical Mathematics*, 14(1–3) :183–198.
- [Smith *et al.* (2012)] Smith, J., Petrova, G., and Schaefer, S. (2012). Progressive encoding and compression of surfaces generated from point cloud data. *Computers & Graphics*, 36(5) :341–348.
- [Song *et al.* (2006)] Song, Z., Tustison, N., Avants, B., and Gee, J. (2006). Adaptive graph cuts with tissue priors for brain MRI segmentation. In *3rd IEEE Int. Symp. on Biomedical Imaging*, pages 762–765.
- [Sotiras *et al.* (2013)] Sotiras, A., Davatzikos, C., and Paragios, N. (2013). Deformable medical image registration : A survey. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 32(7) :1153–1190.
- [Suh *et al.* (2011)] Suh, J. W., Kwon, O. K., Scheinost, D., Sinusas, A. J., Cline, G. W., and Papademetris, X. (2011). Whole body nonrigid ct-pet registration using weighted demons. In *2011 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging : From Nano to Macro*, pages 1223–1226.
- [Surazhsky *et al.* (2003)] Surazhsky, V., Alliez, P., and Gotsman, C. (2003). Isotropic remeshing of surfaces : a local parameterization approach. In *Proceedings of 12th International Meshing Roundtable*.
- [Surazhsky and Gotsman (2003)] Surazhsky, V. and Gotsman, C. (2003). Explicit surface remeshing. In *Proceedings of the ACM/Eurographics Symposium on Geometry Processing*.
- [Szeliski and Coughlan (1997)] Szeliski, R. and Coughlan, J. (1997). Spline-based image registration. *International Journal of Computer Vision*, 22(3) :199–218.
- [Taubin *et al.* (1998)] Taubin, G., Guéziec, A., Horn, W., and Lazarus, F. (1998). Progressive Forest Split Compression. In *ACM Siggraph 98 Conference Proceedings*, pages 123–132.
- [Tong *et al.* (2015)] Tong, T., Wolz, R., Wang, Z., Gao, Q., Misawa, K., Fujiwara, M., Mori, K., Hajnal, J. V., and Rueckert, D. (2015). Discriminative dictionary learning for abdominal multi-organ segmentation. *Med. Image Anal.*, 23(1) :92–104.
- [Touma and Gotsman (1998)] Touma, C. and Gotsman, C. (1998). Triangle Mesh Compression. *Graphics Interface 98 Conference Proceedings*, pages 26–34.
- [Tournois *et al.* (2009)] Tournois, J., Wormser, C., Alliez, P., and Desbrun, M. (2009). Interleaving delaunay refinement and optimization for practical isotropic tetrahedron mesh generation. In *ACM SIGGRAPH 2009 Papers, SIGGRAPH '09*, pages 75 :1–75 :9, New York, NY, USA. ACM.

- [Triggs *et al.* (2000)] Triggs, B., McLauchlan, P. F., Hartley, R. I., and Fitzgibbon, A. W. (2000). Bundle adjustment – a modern synthesis. In *Vision Algorithms : Theory and Practice*, pages 298–372. Springer.
- [Turk (1992)] Turk, G. (1992). Re-tiling polygonal surfaces. *Computer Graphics*, 26(2) :55–64.
- [Tutte (1962)] Tutte, W. (1962). A Census of Planar Triangulations. *Canadian Journal of Mathematics*, 14 :21–38.
- [Valette *et al.* (2004)] Valette, S., Gouaillard, A., and Prost, R. (2004). Compression of 3d triangular meshes with progressive precision. *Computers and Graphics*, 28(1) :35–42.
- [Valette *et al.* (2005)] Valette, S., Kompatsiaris, I., and Chassery, J.-M. (2005). Adaptive polygonal mesh simplification with discrete centroidal voronoi diagrams. In *proceedings of 2nd International Conference on Machine Intelligence ICMI 2005*, pages 655–662.
- [Valette *et al.* (2008)] Valette, S., Chassery, J., and Prost, R. (2008). Generic remeshing of 3d triangular meshes with metric-dependent discrete voronoi diagrams. *IEEE Trans Visu Comp Grap*, 14(2) :369–381.
- [Valette *et al.* (2009)] Valette, S., Chaine, R., and Prost, R. (2009). Progressive lossless mesh compression via incremental parametric refinement. *Computer Graphics Forum*, 28(5) :1301–1310. Proceedings of Symposium on Geometry Processing 2009.
- [Valette and Chassery (2004)] Valette, S. and Chassery, J.-M. (2004). Approximated centroidal voronoi diagrams for uniform polygonal mesh coarsening. *Computer Graphics Forum (Eurographics 2004 proceedings)*, 23(3) :381–389.
- [Valette and Prost (2004)a] Valette, S. and Prost, R. (2004a). Wavelet based multiresolution analysis of irregular surface meshes. *IEEE Trans Visu Comp Grap*, 10(2) :113–122.
- [Valette and Prost (2004)b] Valette, S. and Prost, R. (2004b). A wavelet-based progressive compression scheme for triangle meshes : Wavemesh. *IEEE Trans Visu Comp Grap*, 10(2) :123–129.
- [Veksler *et al.* (2010)] Veksler, O., Boykov, Y., and Mehrani, P. (2010). Superpixels and supervoxels in an energy optimization framework. In *11th European Conf. on Computer Vision*, pages 211–224, Heraklion, Crete, Greece.
- [Vercauteren *et al.* (2007)] Vercauteren, T., Pennec, X., Perchant, A., and Ayache, N. (2007). Non-parametric diffeomorphic image registration with the demons algorithm. In *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 319–326. Springer.
- [Vezhnevets and Konouchine (2005)] Vezhnevets, V. and Konouchine, V. (2005). "Grow-Cut" - interactive multi-label N-D image segmentation. In *Graphicon*, pages 150–156.

- [Vincent and Soille (1991)] Vincent, L. and Soille, P. (1991). Watersheds in digital spaces : an efficient algorithm based on immersion simulations. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 13(6) :583–598.
- [Vineet and Narayanan (2008)] Vineet, V. and Narayanan, P. (2008). CUDA cuts : Fast graph cuts on the GPU. In *IEEE Computer Society Conf. on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops*, pages 1–8.
- [Visceral (2017)] Visceral (2017). Segmentation Leaderboard. <http://visceral.eu:8080/register/Leaderboard.xhtml>. Accessed : 2017-10-01.
- [Vovk *et al.* (2007)] Vovk, U., Pernus, F., and Likar, B. (2007). A review of methods for correction of intensity inhomogeneity in MRI. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 26(3) :405–421.
- [Vu and Manjunath (2008)] Vu, N. and Manjunath, B. (2008). Shape prior segmentation of multiple objects with graph cuts. In *26th IEEE Conf. on Computer Vision and Pattern Recognition*, Anchorage, AK, USA.
- [Wachinger *et al.* (2015)] Wachinger, C., Toews, M., Langs, G., Wells, W., and Golland, P. (2015). Keypoint transfer segmentation. In *Inf. Process. in Med. Imaging*, volume 9123, page 233.
- [Wachinger *et al.* (2018)] Wachinger, C., Toews, M., Langs, G., Wells, W., and Golland, P. (2018). Keypoint transfer for fast whole-body segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, page to appear.
- [Wagner (1936)] Wagner, K. (1936). Bemerkung zum vierfarbenproblem. *Jber. Deutsch. Math.-Verein.*, 46 :26–32.
- [Wang *et al.* (2006)] Wang, F., Vemuri, B. C., and Rangarajan, A. (2006). Groupwise point pattern registration using a novel CDF-based Jensen-Shannon Divergence. In *Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), 2006 IEEE Conference on*, volume 1, pages 1283–1288.
- [Wang *et al.* (2011)] Wang, H., Kläser, A., Schmid, C., and Liu, C.-L. (2011). Action recognition by dense trajectories. In *Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), 2011 IEEE Conference on*, pages 3169–3176. IEEE.
- [Wang *et al.* (2014)] Wang, Z., Bhatia, K. K., Glocker, B., Marvao, A., Dawes, T., Misawa, K., Mori, K., and Rueckert, D. (2014). Geodesic patch-based segmentation. In *Proc. MICCAI Conf.*, pages 666–673.
- [Wang and Smedby (2014)] Wang, C. and Smedby, O. (2014). Automatic multi-organ segmentation using fast model based level set method and hierarchical shape priors. *Proc. ISBI Visceral Challenge*, 1194 :25–31.
- [Wang and Yushkevich (2013)] Wang, H. and Yushkevich, P. (2013). Multi-atlas segmentation with joint label fusion and corrective learning – an open source implementation. *Frontiers in neuroinformatics*, 7 :27.

- [Wardziak *et al.* (2014)] Wardziak, T., Oxarango, L., Valette, S., Mahieu-William, L., and Joly, P. (2014). Modelling skin surface areas involved in water transfer in the palmate newt (*lissotriton helveticus*). *Canadian Journal Of Zoology*, 92(8) :707–714.
- [Welch (1984)] Welch, T. (1984). A technique for high-performance data compression. *Computer*, 17(6) :8–19.
- [Williams (1992)] Williams, R. J. (1992). Simple statistical gradient-following algorithms for connectionist reinforcement learning. *Machine Learning*, 8(3) :229–256.
- [Winn and Shotton (2006)] Winn, J. and Shotton, J. (2006). The layout consistent random field for recognizing and segmenting partially occluded objects. In *IEEE Conf. on Computer Vision and Pattern Recognition*, volume 1, pages 37–44.
- [Winterstein *et al.* (2013)] Winterstein, M., Weber, M.-A., GrÅijnberg, K., Menze, B., and Langs, G. (2013). Data set for first competition. <http://www.visceral.eu/assets/Uploads/Deliverables/VISCERAL-D2.3.1.pdf>.
- [Wolz *et al.* (2013)] Wolz, R., Chu, C., Misawa, K., Fujiwara, M., Mori, K., and Rueckert, D. (2013). Automated abdominal multi-organ segmentation with subject-specific atlas generation. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 32(9) :1723–1730.
- [Wu *et al.* (2011)] Wu, G., Jia, H., Wang, Q., and Shen, D. (2011). Sharpmean : groupwise registration guided by sharp mean image and tree-based registration. *NeuroImage*, 56(4) :1968–1981.
- [Wu *et al.* (2012)] Wu, G., Wang, Q., Jia, H., and Shen, D. (2012). Feature-based groupwise registration by hierarchical anatomical correspondence detection. *Human Brain Mapping*, 33(2) :253–271.
- [Wu and Kobbelt (2003)] Wu, J. and Kobbelt, L. (2003). A stream algorithm for the decimation of massive meshes. *Graphics Interface Proceedings*, pages 185–192.
- [Xu *et al.* (2014)] Xu, Z., Li, B., Panda, S., Asman, A. J., Merkle, K. L., Shanahan, P. L., Abramson, R. G., and Landman, B. A. (2014). Shape-constrained multi-atlas segmentation of spleen in CT. In *Proc. of SPIE-Int. Soc. for Opt. Eng.*, volume 9034, page 903446.
- [Xu *et al.* (2016)a] Xu, Z., Lee, C. P., Heinrich, M. P., Modat, M., Rueckert, D., Ourselin, S., Abramson, R. G., and Landman, B. A. (2016a). Evaluation of six registration methods for the human abdomen on clinically acquired ct. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 63(8) :1563–1572.
- [Xu *et al.* (2016)b] Xu, Z., Lee, C. P., Heinrich, M. P., Modat, M., Rueckert, D., Ourselin, S., Abramson, R. G., and Landman, B. A. (2016b). Evaluation of six registration methods for the human abdomen on clinically acquired ct. *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, 63(8) :1563–1572.
- [Yang *et al.* (2014)] Yang, G., Gu, J., Chen, Y., Liu, W., Tang, L., Shu, H., and Toumoulin, C. (2014). Automatic kidney segmentation in CT images based on multi-atlas image registration. In *Proc. IEEE EMBC conf.*, pages 5538–5541.

-
- [Yi *et al.* (2016)] Yi, K. M., Trulls, E., Lepetit, V., and Fua, P. (2016). Lift : Learned invariant feature transform. In *ECCV*.
- [Ying *et al.* (2014)] Ying, S., Wu, G., Wang, Q., and Shen, D. (2014). Hierarchical unbiased graph shrinkage (HUGS) : a novel groupwise registration for large data set. *NeuroImage*, 84 :626–638.
- [Zhang and Cootes (2012)] Zhang, P. and Cootes, T. F. (2012). Automatic construction of parts+geometry models for initializing groupwise registration. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 31(2) :341–358.
- [Zheng *et al.* (2008)] Zheng, X., Zhou, M., and Wang, X. (2008). Interest point based medical image retrieval. In *Medical Imaging and Informatics*, pages 118–124. Springer.
- [Zhu *et al.* (2013)] Zhu, D., Li, K., Guo, L., Jiang, X., Zhang, T., Zhang, D., Chen, H., Deng, F., Faraco, C., Jin, C., Wee, C.-Y., Yuan, Y., Lv, P., Yin, Y., Hu, X., Duan, L., Hu, X., Han, J., Wang, L., Shen, D., Miller, L. S., Li, L., and Liu, T. (2013). DICCCOL : Dense individualized and common connectivity-based cortical landmarks. *Cerebral Cortex*, 23(4) :786–800.
- [Institut Français de l’Education (2019)] Institut Français de l’Education (2019). EduAnat2. <http://acces.ens-lyon.fr/acces/thematiques/neurosciences/outils-numeriques/eduanat2-et-anapeda>.
- [Çiçek *et al.* (2016)] Çiçek, Ö., Abdulkadir, A., Lienkamp, S. S., Brox, T., and Ronneberger, O. (2016). 3d u-net : Learning dense volumetric segmentation from sparse annotation. In Ourselin, S., Joskowicz, L., Sabuncu, M. R., Unal, G., and Wells, W., editors, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2016*, pages 424–432, Cham. Springer International Publishing.

