

Extraction de paramètres morphométriques pour l'étude du réseau micro-vasculaire cérébral

THÈSE

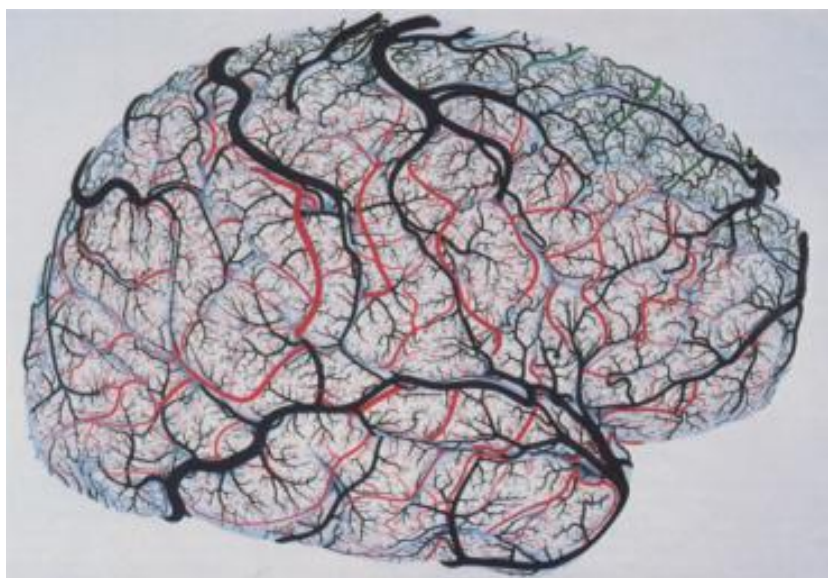
préparée à l'INRIA Sophia Antipolis (équipe EPIDAURE)
dirigée par Grégoire Malandain

présentée et soutenue publiquement le 21/01/2005
pour l'obtention du

Doctorat en informatique
de l'Université de Nice Sophia Antipolis
Spécialité Traitement du Signal et des Images

par

Céline Fouard



Composition du jury :

<i>Président :</i>	Nicholas Ayache	INRIA (Épidaure)
<i>Rapporteurs :</i>	Marinette Revenu	GREYC - CNRS UMR 6072
	Édouard Thiel	LIF (CRO)
<i>Examineurs :</i>	Grégoire Malandain	INRIA (Épidaure) <i>directeur de thèse</i>
	Jean-Pierre Marc-Vergnes	INSERM (U455)
<i>Invité :</i>	Didier Asselot	Mercury (TGS)

Résumé

L'objectif de cette thèse est de fournir des outils logiciels aux anatomistes et neuro-anatomistes afin de permettre une analyse tridimensionnelle quantitative des réseaux micro-vasculaires cérébraux.

Cette analyse demande des images de très haute résolution (permettant de tenir compte du plus petit capillaire), mais aussi des images couvrant une surface du cortex suffisamment large pour être statistiquement significative. Comme elle ne peut être acquise en une seule fois, nous proposons de paver la surface à imager de plusieurs petites images et de créer ainsi une grande "mosaïque d'images". Chaque image est acquise grâce à un microscope confocal dont la résolution impose une grille anisotrope. Nous avons alors développé des outils de reconstruction spécifiques pour ce genre de mosaïques afin de générer des images à la fois très étendues et très précises. Or ces images sont trop volumineuses pour être chargées et traitées en une seule fois dans la mémoire d'un ordinateur standard. Nous avons donc développé des outils spécifiques de traitement d'image (filtrage, seuillage, outils de morphologie mathématique, de topologie discrète...) décomposés en traitements en sous-images.

L'étude quantitative du réseau micro-vasculaire cérébral nécessite l'extraction des lignes centrales et une estimation des diamètres des vaisseaux. La géométrie discrète offre un cadre de travail rapide et puissant pour ce type de calculs. En effet, nous devons calculer une carte de distance en tout point de l'image. Afin d'avoir la meilleure précision possible tout en gardant un temps de traitement raisonnable, nous avons choisi une carte de distance du chanfrein. Une de nos contributions a été de proposer un calcul automatique des coefficients de chanfrein permettant de s'adapter à tout type d'anisotropie de grille.

L'utilisation de telles cartes de distances permet de guider des algorithmes de squelettisation. De tels outils nécessitent la conservation d'une propriété globale, la topologie. Comme nous nous plaçons dans un cadre où l'on a accès qu'à des sous-images, nous avons proposé un nouvel algorithme de squelettisation qui minimise le nombre d'accès à des sous-images afin de garantir un temps de calcul acceptable, tout en localisant correctement le squelette.

Ces algorithmes ont été intégrés dans le logiciel ergonomique Amira et sont utilisés par les chercheurs de l'unité U455 de l'INSERM.

Mots clés : micro-circulation cérébrale, géométrie discrète, distance de chanfrein, amincissement ordonné par la distance, squelettisation par blocs.

Abstract

Our aim is to provide anatomists and neuroanatomists with software tools to quantitatively analyze 3-D images of the cerebral micro-vascular network.

Such analyses require that input images be both of high resolution and of large size, to take into account the smallest capillaries and cover areas of the brain sufficiently wide to be statistically relevant, respectively. As it cannot be acquired at once, we propose to pave the image area with smaller images acquired with a confocal microscope to obtain an “image mosaic”. We developed dedicated building tools for this kind of mosaic to allow large and precise images. But these images are too large to be loaded and processed at once in the memory of a standard computer. We therefore developed dedicated image analysis tools (filtering, thresholding, mathematical morphology, discrete topology tools...) for such mosaic which process with sub-images.

Micro-vascular network analysis requires vessels' center lines extraction and a vessel diameters estimation. Discrete geometry lends itself as a particularly appropriate and powerful framework for this kind of processes. We indeed have to compute distance maps on each image point. To obtain the best trade-off between precision and computational cost, we chose chamfer distances. One of our contributions was to propose an automatic computation of chamfer coefficients adapted to any grid anisotropy.

The use of such distance maps can guide skeletonization algorithms. Such algorithms require to keep the global property of topology. As we can only access sub-images we proposed a new skeletonization algorithm which minimizes the number of disk accesses to guarantee an acceptable computational time as well as a good skeleton localization.

The developed algorithms have been integrated within the ergonomic software Amira and are currently in use at the INSERM research institute.

Keywords : brain micro-vascular network, discrete geometry, chamfer distance, distance ordered homotopic thinning, block-wise skeletonization.

Remerciements

Bien qu'ils soient plus complexes et plus tortueux que n'importe quel problème mathématique, physique ou algorithmique, ils sont aussi la plus gratifiante et la plus enrichissante des récompenses. Les rapports humains ont en effet illuminé ces trois années de thèse. Je tiens ici à exprimer ma profonde gratitude envers les gens que j'ai pu côtoyer ces trois dernières années.

Je remercie tout d'abord Christophe Mazel qui m'a proposé un projet de thèse et m'a accueilli au sein de TGS. Un grand merci également à Nicholas Ayache qui m'a accueilli dans son équipe de recherche.

Merci à Marinette Revenu et à Edouard Thiel d'avoir bien voulu être rapporteurs pour mon manuscrit de thèse. Je tiens à les remercier pour leurs pertinentes remarques et leurs nombreux conseils.

Merci à Jean-Pierre Marc-Vergnes d'avoir accepté d'être membre de mon jury malgré son emploi du temps chargé.

Cette thèse s'est déroulée grâce à une collaboration entre trois instituts. Je remercie messieurs Jean-Pierre Marc-Vergnes et Francis Cassot de l'**INSERM** pour leur intérêt pour le projet MicroVisu3D pour leurs conseils et leur expertise dans le domaine de la neuro-anatomie. Je remercie également Didier Asselot de **TGS** pour sa collaboration fructueuse dans le domaine commercial. Un grand merci également à Sylvie Assensio pour son aide administrative précieuse à TGS.

J'ai vivement apprécié l'accueil qui m'a été réservé dans le laboratoire EPIDAURE de l'**INRIA**. En effet, je remercie Xavier Pennec, Hervé Delingette et Miguel Gonzalez-Ballester pour leur disponibilité et leurs réponses didactiques à mes questions. Je remercie également Emma Lierre qui a soigneusement préparé mon dossier d'arrivée à EPIDAURE ainsi que pour les bons moments que nous avons pu passer ensemble. Je suis également très reconnaissante envers Isabelle Strobant qui est pour tous les doctorants d'EPIDAURE beaucoup plus qu'une assistante de projet, un soutien psychologique indispensable.

J'en profite aussi pour remercier le service SEMIR qui gère efficacement le parc informatique pourtant très hétérogène de l'**INRIA**.

Ces trois années auraient été beaucoup plus ternes sans les nombreux thésards et stagiaires qui se sont succédés au sein de l'équipe (par ordre d'apparition) : Sébastien Ourselin, Pascal Catier, David Rey (merci pour tes sujets de débats toujours très originaux et intéressants), Sébastien -Stab- Granger (un peu de poésie dans ce monde de brute), Stéphane Nicolau, Jonathan - dit Jojo-la-patte-folle - Stoekel (merci pour ton optimisme à toute épreuve), Maxime Sermesant (merci pour ton enthousiasme et ton charisme), Clément Forest (mon encyclopédie de bureau (- ;), Radu et Mihaella Stefanescu, Valérie Moreau (encore merci pour ton soutien pendant ma rédaction, bon courage pour la fin), Jean-Didier Lemarchal, Alain Pitiot (encore merci pour tout), Guillaume -caliméro- Flandin (comment ça, bien sûr que je ne t'ai pas oublié!), Olivier -dit Le Clatz- Clatz, Mauricio -salsalero- Reyes-Aguirre (merci de m'avoir initié à la salsa), Rasmus Paulsen, Guillaume Dugas-Phocion (bon courage pour la suite), Marc Traina, Rupert Colchester, Stefan Schmidt, Romain Olivier, Olivier Commowick (décidément patient), Thibaut Bardyn, Marius George Linguraru, Heike Hufnagel, Nicolas Savoie, Pierre Fillard, Christophe Blondel ... Et tout les nouveaux que je connais encore trop peu. J'ai gardé avec certains des amitiés sincères, il y en a que j'ai moins connus, mais tous ont contribué au fait

que je suis venue à l'INRIA -quasiment- tous les matins le sourire aux lèvres.

Je tiens aussi à remercier les différents colocataires qui m'ont supporté au cours de ces 3 années : Nicolas Dey, ses nombreux conseils et échanges sur la microscopie confocale, sa relecture attentive d'un chapitre du manuscrit, ainsi que pour sa bonne humeur et son optimisme sur la vie ; Maxime Sermesant, même s'il prend la fuite dès que j'arrive quelque part (que ce soit au catrusoutrane(TM) ou à Londres) ; Karine Robbe pour son amitié et son soutien dans la vie de tous les jours, ses échanges animés, et sa bonne humeur indéfectible -surtout avant et après la rédaction de sa thèse;-) - ; Fabien Gandon pour son assiduité à la cuisine, et son humour décapant (voir même parfois urticant) ; et Olivier Commowick pour son courage et sa patience malgré mes sautes d'humeur.

Un grand merci à ma famille qui m'a toujours soutenu pendant mes études.

Enfin, et non des moindres, je tiens à exprimer toute ma gratitude envers mon directeur de thèse Grégoire Malandain, qui m'a guidé dans ce dédale scientifique. Je le remercie pour ses -nombreuses- critiques constructives sur mon travail, pour ses conseils avisés, et surtout parce qu'il m'a continuellement incité à regarder les problèmes sous un angle nouveau. Je lui suis aussi particulièrement reconnaissante pour sa compréhension et son soutien dans les moments délicats.

Encore merci à tous.

Puisse-t-on un jour vous apporter autant que vous m'avez apporté.

PS : Je remercie pèle-mêle les cafés Carte Noire, le chocolat Nestlé et Nora Johns dont les participations à cette thèse, bien que totalement involontaires ne sont finalement pas négligeables ;-)

À mes parents

TABLE DES MATIÈRES

1	Introduction et cadre de travail	7
1.1	Les enjeux de la micro-circulation cérébrale	7
1.2	Le projet MicroVisu3D	9
1.3	Choix de la géométrie discrète	10
1.4	Vue d'ensemble du manuscrit	11
2	Du cerveau à l'image virtuelle	15
2.1	Introduction	17
2.2	Étude de la micro-circulation cérébrale	18
2.2.1	Matériel utilisé	18
2.2.2	Description des vaisseaux intracorticaux	19
2.2.3	Numérisation des données	22
2.3	Le microscope confocal	24
2.3.1	Fonctionnement du microscope confocal	24
2.3.2	Résolution latérale d'un microscope confocal	28
2.3.3	Résolution axiale d'un microscope confocal	33
2.3.4	Discretisation du signal	35
2.3.5	Paramètres d'acquisition optimaux	35
2.3.6	Anneaux de Newton	38
2.4	Protocole d'acquisition des images	38
2.4.1	Paramètres d'acquisition des images	39
2.4.2	La notion de mosaïque 3-D d'images	42
2.4.3	Exemples de jeux d'images	44
2.5	Ré-alignement des images de la mosaïque	44
2.5.1	Recalage entre 2 images	45
2.5.2	Réalignement des images de la mosaïque	49
2.6	Création de l'image virtuelle	53
2.7	Conclusion	54

3	Cartes de distances	55
3.1	Introduction	57
3.2	État de l'art	58
3.2.1	Transformation exacte de distance euclidienne	58
3.2.2	Transformation approchée de la distance euclidienne	59
3.3	Rappels sur les distances de chanfrein	60
3.3.1	Distance et norme discrètes	60
3.3.2	Cartes de chanfrein	62
3.3.3	Distances et normes de chanfrein	67
3.3.4	Calcul des coefficients optimaux	70
3.4	Calcul analytique de l'erreur	73
3.4.1	Décomposition de la géométrie du masque	73
3.4.2	Expression analytique de l'erreur	76
3.5	Critère local de norme sur un module	81
3.6	Calcul des coefficients optimaux	82
3.6.1	Géométrie du masque	82
3.6.2	Parcours en profondeur récursif	85
3.6.3	Parcours en profondeur avec alpha élagage	85
3.6.4	Résultats : exemples de masques de chanfrein	86
3.7	Calcul de cartes de chanfrein sur une mosaïque d'images	89
3.8	Conclusion	92
4	Squelettisation	93
4.1	Introduction	95
4.2	État de l'art	96
4.2.1	Rappels sur la topologie discrète	96
4.2.2	Différentes méthodes pour déterminer squelette et axe médian	106
4.2.3	Amincissement ordonné par la distance	110
4.3	Squelettisation par blocs	112
4.3.1	Homotopie	113
4.3.2	Localisation	114
4.3.3	Minceur	115
4.3.4	Exemple	117
4.4	Dépendance du squelette par rapport au bruit	117
4.5	Conclusion	119
5	Résultats	121
5.1	Introduction	123
5.2	Caractéristiques matérielles	123
5.3	Validation	124
5.3.1	Données synthétiques	124
5.3.2	Calcul de la carte de distances	126
5.3.3	Calcul du squelette	128

5.3.4	Résultats numériques	132
5.4	Résultats sur une mosaïque d'images	134
5.4.1	Création, filtrage et segmentation	134
5.4.2	Calcul de la carte de distances et des lignes centrales	140
5.4.3	La structure de données LineSet	142
5.4.4	Exploitation des résultats	143
5.5	Résultats sur des racines de plantes	146
5.6	Conclusion	147
6	Conclusion et perspectives	149
	Bibliographie	155
A	Systèmes optiques et diffraction	165
A.1	Retour aux sources : les équations de Maxwell	165
A.1.1	Onde plane	167
A.1.2	Onde sphérique	168
A.2	Le phénomène d'interférence	168
A.2.1	Vibration lumineuse	168
A.2.2	Relation avec l'intensité lumineuse	168
A.3	Le phénomène de diffraction	169
A.3.1	Principe d'Huygens-Fresnel	169
A.3.2	Diffraction à l'infini : approximation de Fraunhofer .	170
A.4	Diffraction par une pupille circulaire	171
B	Coefficient de chanfrein : feuille de calcul Maple	175
B.1	Projection sur le plan $x = M$	175
B.1.1	Cas où l'erreur est maximale au centre du triangle . .	176
B.1.2	Cas où l'erreur est la plus grande sur les axes.	177
B.2	Projection sur le plan $y = M$	178
B.2.1	Cas où l'erreur est maximale au centre du triangle . .	179
B.2.2	Cas où l'erreur est la plus grande sur les axes.	180
B.3	Projection sur le plan $z = M$	181
B.3.1	Cas où l'erreur est maximale au centre du triangle . .	182
B.3.2	Cas où l'erreur est la plus grande sur les axes.	183

LISTE DES ACRONYMES

- AU *Ayri Unit.* voir Définition page page 174. Équivalent anglais de UA.
- BOLD *blood oxygen level dependent.*
- CIFRE..... Convention Industrielle de Formation par la Recherche.
- DGCI..... *Discrete Geometry and Computer Imaging.*
- DOHT *Distance Ordered Homotopic Thinning.* Amincissement ordonné par la distance. cf section 4.2.3 page 110.
- EDT *Euclidean Distance Transform.* Transformée de distance euclidienne.
- EPIDAURE .. Epidaure Projet Images, Diagnostic AUtomatique, Robotique.
- FWHM *Full Width at Half Maximum.* Réponse impulsionnelle à mi-hauteur. Voir définition page 32.
- INRIA Institut national de recherche en informatique et automatique.
- INSERM..... Institut national de la santé et de la recherche médicale.
- IRMF Imagerie à Résonance Magnétique fonctionnelle.
- ISBI *International Symposium on Biomedical Imaging.*
- IVC *Image and Vision Computing.*
- LSM *Laser Scanning Microscope.* Microscope laser à balayage.
- MAF *Medial Axis Function.*
- MIP..... *Maximum Intensity Projection.* Projection du maximum des intensités. Il s'agit d'une image 2-D dont chaque pixel

a pour valeur le maximum des intensités rencontrées sur les pixels de même abscisse et de même ordonnée et situés sur les différentes coupes de l'image 3-D.

NA..... *Numerical Aperture.* Voir définition page 27. Équivalent anglais de ON.

ON..... Ouveture Numérique. Voir définition page 27. Équivalent français de NA.

pixel..... picture element. Élément unitaire fini d'une image bidimensionnelle. Dans notre cas, les pixels sont des carrés ou des rectangles (grille rectangulaire).

PSF..... *Point Spread Function.* Fonction d'étalement d'un point lumineux dans un appareil optique (aussi appelée réponse impulsionnelle).

resel..... *resolved element* Plus petit élément d'un spécimen qui peut être distingué de son voisinage par un appareil optique.

RFIA..... Reconnaissance de Formes et Intelligence Artificielle.

SED..... *Sequential Euclidean Distance.* Transformation de distance séquentielle.

SSD..... *Sum of Squared Differences.* Somme des carrés des différences.

TEP..... Tomographie à Emission de Positrons.

UA..... Unité d'Ayri. Voir définition page 174. Équivalent français de AU.

voxel..... *volume element* ou *volume pixel.* Élément unitaire fini d'une image tridimensionnelle. Dans notre cas, les voxel sont des cubes ou des parallélépipèdes (grille parallélépipédique).

CHAPITRE 1

Introduction et cadre de travail

Partie intégrante du projet *MicroVisu3D*, cette thèse de doctorat s'est déroulée dans le cadre d'une convention CIFRE [Convention Industrielle de Formation par la Recherche.] entre l'entreprise TGS Europe et les laboratoires EPIDAURE de l'INRIA et U455 de l'INSERM. L'objectif premier de nos travaux est de fournir des outils logiciels aux anatomistes et neuro-anatomistes afin de permettre une analyse tridimensionnelle quantitative des réseaux micro-vasculaires cérébraux. Cette collaboration entre des entités aux intérêts divers et complémentaires aura permis un transfert technologique des compétences propres à chacune.

Sommaire

1.1	Les enjeux de la micro-circulation cérébrale . .	7
1.2	Le projet MicroVisu3D	9
1.3	Choix de la géométrie discrète	10
1.4	Vue d'ensemble du manuscrit	11

1.1 Les enjeux de la micro-circulation cérébrale

Le développement des techniques d'imagerie numérique, favorisé par l'essor des moyens informatiques, permet une exploration de plus en plus précise, de plus en plus détaillée, et de plus en plus pertinente du corps humain. Le cerveau est l'un des organes qui a le plus profité de cet essor. En effet, il est encore peu connu par rapport aux autres organes, et son fonctionnement est encore loin d'être évident.

Le développement de nouvelles technologies permettra peut-être de constituer un atlas anatomique complet du cerveau humain, intégrant différentes modalités d'images à différentes résolutions [TM00].

L'étude de la micro-circulation en général, et du réseau micro-vasculaire cérébral en particulier, s'avère un élément indispensable à la compréhension du fonctionnement du cerveau. En effet, le flux micro-circulatoire est très sensible aux changements de l'architecture micro-vasculaire. Or ce flux agit non seulement sur la macro-circulation [Kle01], mais aussi sur la nutrition et donc le développement des neurones.

L'étude de la topologie et de la morphométrie micro-circulatoires est donc nécessaire au développement des modèles dont dépend une meilleure compréhension de la portée et des limites des techniques d'imagerie fonctionnelle cérébrale modernes TEP [Tomographie à Emission de Positrons.] ou IRMf [Imagerie à Résonance Magnétique fonctionnelle.]. Ces techniques ont permis, depuis une dizaine d'années, des progrès importants dans l'étude des fonctions cognitives du cerveau humain. Elles s'appuient sur l'hypothèse d'un couplage entre l'activité neuronale locale et la micro-circulation corticale [HR02].

Par exemple, l'IRMf est basée sur l'effet BOLD [*blood oxygen level dependent.*] qui dépend des propriétés magnétiques des molécules de deoxy- et oxy-hémoglobine, et mesure ainsi indirectement un taux de globule rouge dans le sang. Des variations de densité micro-vasculaire peuvent donc influencer sur la localisation et l'intensité du signal mesuré par cette modalité d'imagerie [LHH⁺93, Tur01]. Une analyse quantitative (en dimension 2 sur des portions restreintes du cerveau) de la densité micro-vasculaire ainsi que l'étude du flux sanguin ont déjà permis à Turner [Tur01] d'obtenir un modèle de prédiction de la dilution du signal fonctionnel.


L'étude de la micro-circulation peut également servir à caractériser les tissus cérébraux et en particulier à déterminer s'ils sont sains ou non. Par exemple, Craciunescu et al. [CC98, CDM99] identifient différents types de cancers en calculant la dimension fractale du réseau micro-vasculaire cérébral chez le rat. Parallèlement, Bulitt et al. caractérisent différents types de lésions cancéreuses du cerveau humain en étudiant la tortuosité du réseau vasculaire cérébral [BJM⁺04, BGPA03]. Les caractéristiques de la micro-vascularisation cérébrale sont aussi liées au vieillissement et à la maladie d'Alzheimer. A défaut d'une réelle compréhension des mécanismes de déclenchement du processus neurodégénératif, les travaux de Farkas et Luiten [FL01] montrent la possible contribution des déficiences d'ordre micro-vasculaire cérébrale.

Depuis la revue générale de Craigie en 1945 [Cra45], qui résumait plus d'un demi-siècle de travaux sur l'architecture de la micro-circulation cérébrale des espèces animales (depuis les batraciens jusqu'aux primates et à l'homme), on considère que le réseau capillaire cérébral, tout au moins chez les mammifères, est un réseau maillé continu sur lequel sont branchées des artérioles et des veinules ayant une direction perpendiculaire au cortex. On considère aussi que ce réseau présente d'importantes différences de *densité capillaire*, exprimées en terme de longueur cumulée par unité de surface, en

fonction des structures anatomiques étudiées. Par exemple, il est moins dense dans la substance blanche que dans la substance grise ; il existe aussi des disparités de densité entre les différentes aires et couches du cortex cérébral. L'affinement de ces données chez l'homme n'a fait l'objet que d'un nombre limité de travaux. Les plus complets parmi eux [DSV81, RDLTRBSB98] ont été réalisés entre autre grâce à une technique d'injection des vaisseaux avec des résines polymérisables. Cette technologie fournit, après corrosion, des moulages dont l'observation en microscopie électronique a permis un progrès notable dans les études de morphologie qualitative, sans toutefois autoriser de véritables études quantitatives. Ces travaux auront certes fourni des mesures de diamètres et de longueur des artérioles, mais ces mesures restent isolées et non systématiques. Il est d'ailleurs regrettable qu'aucune de ces études n'ait utilisé un procédé de numérisation et de traitement des données, ce qui aurait pu faciliter l'exploitation et la quantification des données, ainsi que la reproductibilité des expériences.

Toutefois, leur analyse suggère que, si des unités fonctionnelles circulatoires existent, leur taille pourrait être au moins de l'ordre du millimètre et leur organisation impliquer plusieurs artérioles et plusieurs veinules. C'est la raison pour laquelle nous pensons qu'il est nécessaire d'étudier l'ensemble du réseau vasculaire sur des volumes étendus sur plusieurs mm^3 et à différents endroits du cortex (zones où la densité vasculaire est plus ou moins homogènes, zones de la matière grise, zones de la matière blanche...).

1.2 Le projet MicroVisu3D

C'est pour permettre une étude morphométrique de grande ampleur du réseau micro-vasculaire cérébral qu'a été créé le projet *MicroVisu3D* , initié par l'unité U455 de l'INSERM [Institut national de la santé et de la recherche médicale.] dans le cadre duquel s'est déroulée cette thèse. L'objectif de ce projet est triple :

- acquérir des données numériques *complètes* sur des volumes relativement *grands* (plusieurs mm^3) du réseau vasculaire du cortex cérébral humain, ce qui implique, dans l'état actuel de l'art, la mise au point de techniques d'acquisition performantes adaptées à cet objectif ;
- analyser ces données par des méthodes automatiques ou semi-automatiques de segmentation et de reconstruction, et par l'extraction de paramètres pertinents pour la modélisation ;
- développer et intégrer un ensemble de modules d'analyse et de visualisation dans un atelier logiciel pour l'étude morphologique et topologique de la micro-circulation cérébrale (TGS Europe propose un tel atelier au travers du logiciel Amira).

Pour atteindre ces objectifs, il est nécessaire de réunir des compétences allant des techniques anatomiques à la modélisation en passant par la micro-

scopie et le traitement d'images. A cette fin, le projet *MicroVisu3D* associe les partenaires suivants :

- l'unité 455 de l'INSERM dont l'équipe 1, dirigée par F. Cassot et J.P. Marc-Vergnes a pour thème *les bases fondamentales de l'activation cérébrale : micro-circulation cérébrale*.
- l'équipe EPIDAURE [Epidaurer Projet Images, Diagnostic AUtomatique, RobotiqueE.] de l'INRIA [Institut national de recherche en informatique et automatique.] Sophia Antipolis dont le thème de recherche est l'analyse d'images médicales,
- la société TGS Europe, partenaire industriel du projet, spécialiste de l'imagerie tridimensionnelle.

1.3 Choix de la géométrie discrète

Nous avons vu plus haut que les paramètres pertinents pour l'analyse à grande échelle de la micro-circulation cérébrale sont, entre autres, le diamètre des vaisseaux, leur longueur, et leur densité. Pour extraire ces paramètres, nous avons décidé d'utiliser les distances calculées à l'intérieur (pour les diamètres) et à l'extérieur (pour la densité) des vaisseaux ; ainsi que les lignes centrales des vaisseaux qui nous donneront des indices sur la longueur et permettront une visualisation efficace du réseau.

Par ailleurs, nous souhaitons obtenir des données non seulement précises (c'est-à-dire qui permettront de tenir compte des plus petits capillaires) mais aussi couvrant une large partie du cortex (plusieurs millimètres). En effet, c'est uniquement en considérant de grandes étendues dans le cortex que les données obtenues pourront être statistiquement significatives. Ces deux exigences antagonistes vont nous conduire à acquérir de très grands volumes de données (jusqu'à plusieurs giga octets pour une image). Le volume de ces données va donc fortement contraindre le choix de l'implémentation des outils proposés.

En effet, la numérisation des images (ici par le biais du microscope confocal) projette le reflet d'un monde continu (le cortex cérébral) sur une trame discrète (l'image numérique). Or la géométrie euclidienne, très intuitive, n'est pas directement applicable aux images discrètes. Deux approches existent vis-à-vis de la géométrie adaptée aux images numériques. La première est basée sur des modèles continus de la réalité, qui sont ensuite plongés dans le domaine discret. Cette méthode permet des calculs exacts et une très grande précision.

Malheureusement, le passage du domaine continu au domaine discret exige le plus souvent beaucoup de ressources. En effet, les temps de calculs et l'utilisation de la mémoire exigés pour stocker et opérer sur des données réelles, bien que souvent raisonnable pour des images de taille standard, sont rédhibitoires pour des images comme les nôtres qui exigent des traitements

extrêmement simples et rapides.

Nous avons préféré à cette approche, une approche discrète mieux adaptée à nos images. La géométrie discrète est construite à partir des propriétés discrètes de l'image et définit une nouvelle approche de la topologie et des caractéristiques géométriques (les notions de droites, d'intersection, de connexité, par exemple, sont redéfinies). Elle donne généralement lieu à des approches rapides et locales sur les images, ce qui correspond à nos attentes car nous verrons plus loin que nos images ne peuvent être traitées de manière globale.

Les outils développés dans ce manuscrit, l'ont été dans le cadre de l'étude de la micro-circulation. Cependant, le calcul des cartes de distance et l'extraction du squelette des objets sont des techniques très utilisées dans les différents domaines de l'analyse d'image. Nous avons donc proposé des méthodes génériques pour ces calculs, qui peuvent tout aussi bien être appliqués à d'autres domaines, comme par exemple la reconnaissance de caractères, la reconnaissance ou l'interpolation de formes, le recalage...

1.4 Vue d'ensemble du manuscrit

La première partie de ce manuscrit décrit les conditions d'acquisitions et les premiers traitements qui permettent d'obtenir une image à la fois relativement grande (plusieurs mm^2 avec une profondeur de plusieurs centaines de micromètres) et très détaillée (avec une résolution de l'ordre du micromètre) du réseau micro-vasculaire cérébral. Pour cela, nous acquérons des "mosaïques d'images", c'est-à-dire que l'on acquiert plusieurs images contiguës pour former un ensemble de grande envergure. Le chapitre 2 présente tout d'abord rapidement l'analyse qualitative du réseau micro-vasculaire cérébral proposé par [DSV81]. Puis, nous présentons le protocole d'acquisition que nous avons mis au point en collaboration avec les chercheurs de l'INSERM afin d'optimiser l'utilisation du matériel disponible ainsi que quelques pré-traitements qui conduiront à la création d'une grande image. Cette partie ne contient pas de contribution majeure, si ce n'est un effort de synthétisation des méthodes de calcul de la résolution d'un microscope confocal.

Les deux chapitres suivants décrivent les outils développés dans le cadre de cette thèse pour le projet MicroVisu3D. Le chapitre 3 présente le calcul des cartes de distance. Nous avons choisi la technique dite du chanfrein qui consiste à propager des distances locales grâce aux coefficients d'un *masque de chanfrein*. L'étape la plus délicate est le calcul de ces coefficients. La plupart du temps, ils sont calculés sur des grilles isotropes. Nous proposons ici une méthode automatique de calcul de ces coefficients sur une grille quelconque (isotrope ou non). Ces travaux ont fait l'objet d'une publication lors de la conférence DGCI [*Discrete Geometry and Computer Imaging.*] [FM03a] et dans le journal IVC [*Image and Vision Computing.*] [FM04]. Le chapitre

4 présente le calcul des lignes centrales des vaisseaux. Ce calcul est basé sur la carte de distance interne des vaisseaux et sur la suppression successive des “couches” externes des vaisseaux, pour ne conserver que les éléments centraux. Si la littérature est abondante dans ce domaine, la plupart des méthodes agissent de manière globale sur l’image. Or, étant donné la quantité de nos données, nous avons dû mettre au point une méthode locale de traitement en sous-blocs. Ces travaux ont fait l’objet de présentations lors de la conférence RFIA [Reconnaissance de Formes et Intelligence Artificielle.] [FMP⁺04b] et de la conférence ISBI [*International Symposium on Biomedical Imaging.*] [FMP⁺04a].

Enfin, le chapitre 5 présente nos résultats. Nous proposons tout d’abord une validation de nos algorithmes sur des données synthétiques. Ensuite, nous montrons un exemple d’application classique de ces outils. Enfin, nous présentons une utilisation plus inattendue puisque les outils développés dans le cadre du projet *MicroVisu3D* ont pu être utilisés pour l’étude des racines de plantes. Ces travaux ont fait l’objet d’une publication en conférence [KFPM04].

La figure 1.1 résume les différentes étapes du traitement des images qui sont aussi les différentes étapes de ce manuscrit.

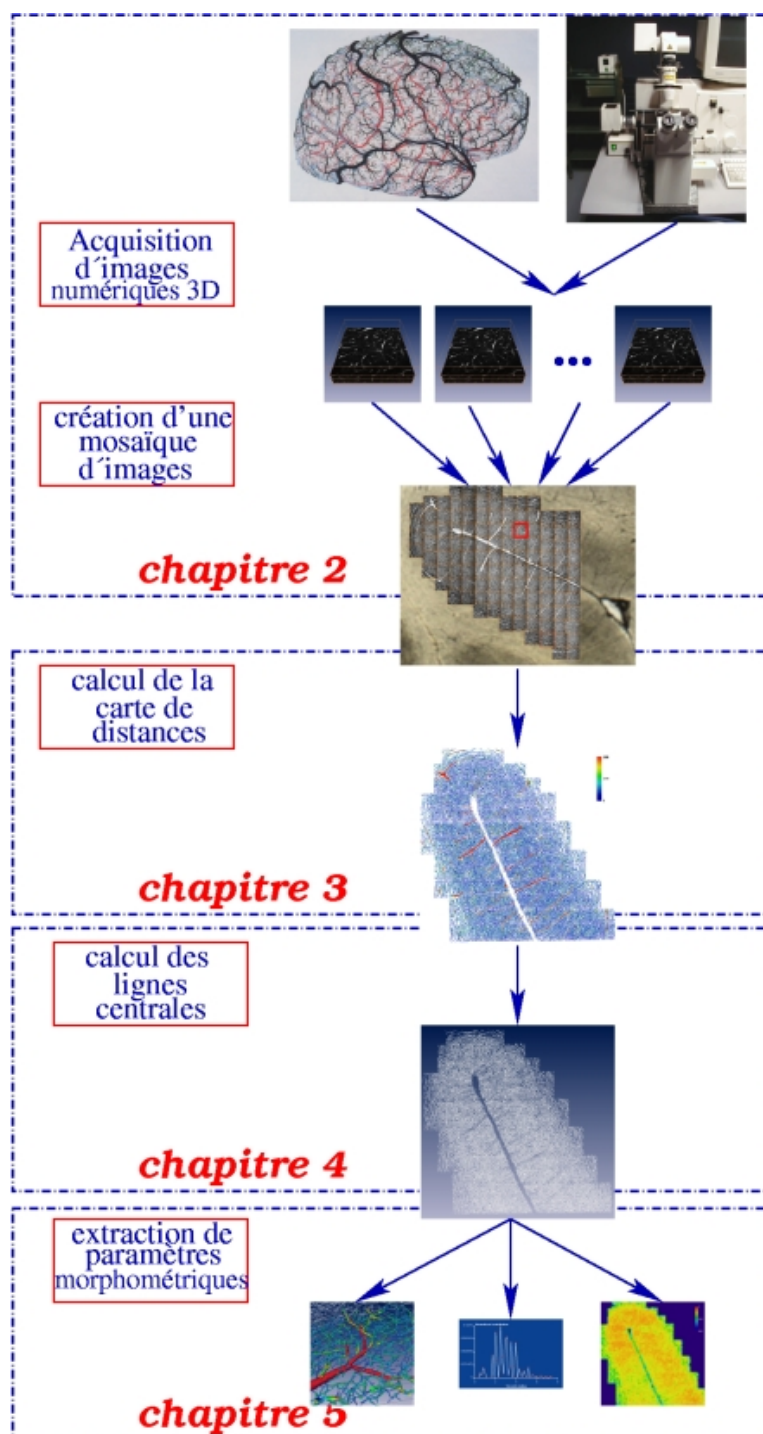
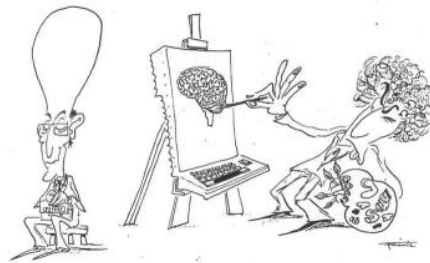


FIG. 1.1 – Vue d'ensemble du manuscrit

CHAPITRE 2

Du cerveau à l'image virtuelle



Sommaire

2.1	Introduction	17
2.2	Étude de la micro-circulation cérébrale	18
2.2.1	Matériel utilisé	18
2.2.2	Description des vaisseaux intracorticaux	19
2.2.3	Numérisation des données	22
2.3	Le microscope confocal	24
2.3.1	Fonctionnement du microscope confocal	24
2.3.2	Résolution latérale d'un microscope confocal	28
2.3.3	Résolution axiale d'un microscope confocal	33
2.3.4	Discretisation du signal	35
2.3.5	Paramètres d'acquisition optimaux	35
2.3.6	Anneaux de Newton	38
2.4	Protocole d'acquisition des images	38
2.4.1	Paramètres d'acquisition des images	39
2.4.2	La notion de mosaïque 3-D d'images	42
2.4.3	Exemples de jeux d'images	44
2.5	Ré-alignement des images de la mosaïque	44
2.5.1	Recalage entre 2 images	45
2.5.2	Réalignement des images de la mosaïque	49
2.6	Création de l'image virtuelle	53
2.7	Conclusion	54

2.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous présentons les divers traitements et transformations subis par le cerveau qui conduisent à l'obtention d'une image virtuelle 3-D du réseau vasculaire cérébral. Dans un premier temps (section 2.2), nous présentons le travail effectué par Duvernoy et al. [DSV81] qui ont observé la micro-circulation cérébrale de 25 cerveaux au microscope optique et électronique (à balayage). Leur étude est surtout qualitative et contient peu de données quantitatives. Nous souhaitons compléter cette étude grâce à des données quantitatives qui pourront être utiles, notamment pour la modélisation de certaines modalités d'imagerie, comme par exemple l'Imagerie à Résonance Magnétique fonctionnelle [Tur01].

Cependant, pour obtenir des données statistiquement significatives, la résolution exigée est de l'ordre du micromètre (les plus petits vaisseaux que l'on souhaite observer ont une épaisseur d'environ 3 micromètres) et un champ de vue de quelques millimètres (pour pouvoir suivre les gros vaisseaux). Or aucun appareil d'observation actuel ne permet d'observer des images avec une telle résolution et un tel angle de vue. Nous avons décidé d'observer les coupes au microscope confocal. En effet, le microscope confocal permet d'obtenir des images *numériques* (on ne passe pas par des images analogiques, ce qui permet d'éviter certains types de bruit lors de l'acquisition) *tridimensionnelles* (ce qui permettra d'obtenir des données quantitatives plus significatives) et *très précises* (nous verrons dans les sections 2.3.5 et 2.4.1 que la résolution du microscope confocal est largement suffisante pour les vaisseaux que nous souhaitons observer).

Comme une image issue du microscope confocal à la résolution souhaitée ne couvre qu'une petite partie du cortex cérébral (environ $500 \times 500 \times 300 \mu m$), nous avons décidé d'acquérir des séries d'images jointives (aussi appelées *mosaïques d'images*), qui peuvent couvrir une région aussi large que l'on souhaite (la section 2.4 montre un exemple d'acquisition couvrant plusieurs mm^2 du cortex).

Le microscope confocal en mode réflexion n'a à notre connaissance encore jamais été utilisé pour l'imagerie biologique. Aussi, les premières acquisitions d'images qui nous sont parvenues de l'INSERM étaient de qualité très inégales, et le bruit présent dans ces images variait entre autres suivant la résolution. Nous avons donc décidé de nous intéresser au fonctionnement du microscope confocal, décrit dans la section 2.3 afin de connaître les différentes sources de bruit et de déterminer des paramètres d'acquisition les plus adaptés à notre problème.

La section 2.4 décrit le protocole d'acquisition des images et des mosaïques d'images. De légères imprécisions lors de l'acquisition nous poussent à recalibrer les images de la mosaïque entre elles. Ce procédé est détaillé dans la section 2.5. Enfin, dans la section 2.6 nous expliquons le procédé qui permet d'obtenir une grande image à partir d'une mosaïque d'images.

2.2 Étude de la micro-circulation cérébrale

Nous reprenons ici les travaux de Duvernoy et al. [DSV81] sur lesquels se base notre étude de la micro-circulation cérébrale. Les sections 2.2.1 et 2.2.2 reprennent le protocole expérimental et les descriptions de [DSV81, Duv84]. Les figures 2.1, 2.2 et 2.3 sont extraites de [DSV81]. La section 2.2.3 explique la nouveauté de notre approche : elle permet l'acquisition d'images numériques tridimensionnelles desquelles on peut extraire des données aussi bien qualitatives que quantitatives.

2.2.1 Matériel utilisé

Nous nous sommes basés sur les travaux de Duvernoy et al. [DSV81] qui ont étudié le réseau vasculaire cérébral humain au microscope optique et à balayage. Leur étude porte sur 25 cerveaux humains. La plupart proviennent de patients âgés entre 40 et 65 ans ; quelques cerveaux proviennent de patients de moins de 20 ans. Dans, [DSV81], les auteurs utilisent trois méthodes d'observation du réseau vasculaire cérébral.

- *Injection d'encre de Chine* : le cerveau est injecté à l'encre de Chine rapidement après le décès du patient. Le reste de la matière cérébrale est ensuite immergé dans une solution de silicate de méthyle et devient ainsi transparent (méthode de Spalteholz [Pri13]). L'encre de Chine permet d'atteindre la totalité du réseau vasculaire : artères, veines et capillaires. Cette méthode permet ainsi d'observer le réseau vasculaire de toute une région du cerveau rendue transparente. Le cerveau peut être observé au microscope opératoire pour une étude générale, puis peut être découpé en sections épaisses ($400\mu m$) pour être observé au microscope optique. Le désavantage de cette méthode est que de petits vaisseaux peuvent se rompre et l'encre ainsi échappée, peut masquer les vaisseaux superficiels et une partie de la surface du cerveau.
- *Injection par des résines de basse viscosité (Mercox)* : après l'injection des vaisseaux par le Mercox, le tissu nerveux est détruit et le moule de l'arbre vasculaire est examiné au microscope électronique à balayage. Cette méthode permet d'étudier la morphologie interne des vaisseaux. Cependant, elle ne permet pas d'atteindre tous les capillaires.
- *Coloration des érythrocytes¹ à la benzidine* : l'avantage de cette méthode réside dans le fait qu'elle évite les artefacts de l'injection intravasculaire. Cependant, son résultat dépend à la fois de la qualité et de la quantité d'érythrocytes à l'intérieur des vaisseaux.

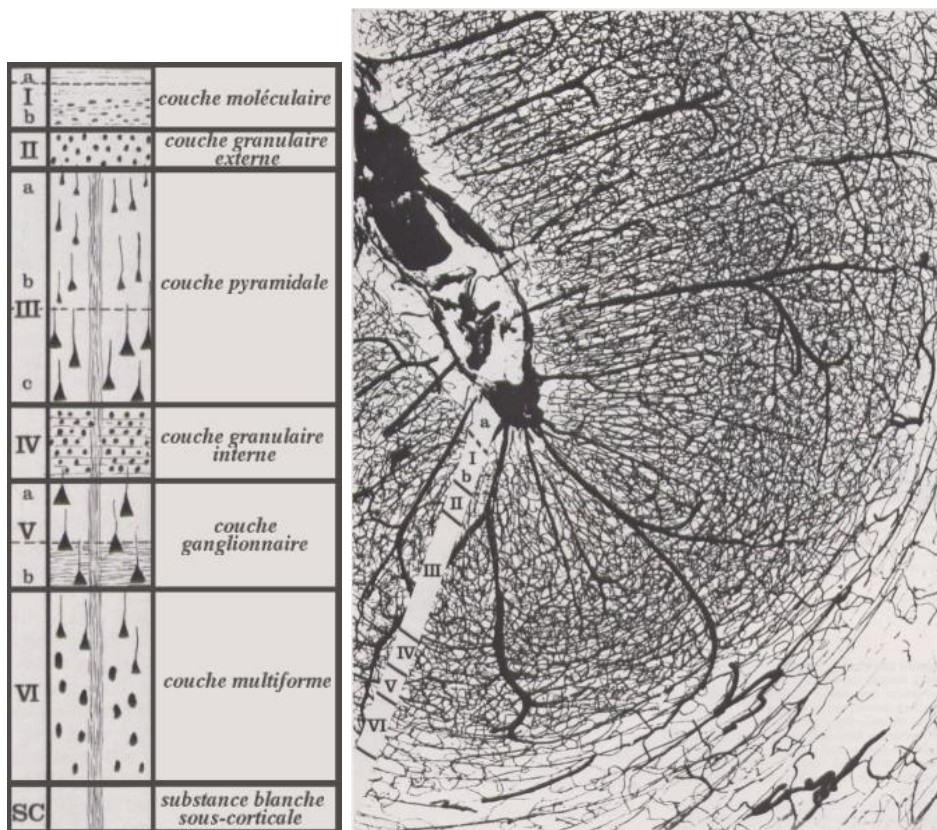
Ces trois méthodes complémentaires ont permis aux auteurs une étude qualitative très fournie du réseau vasculaire pial (à la surface du cortex) et intracortical (à l'intérieur du cortex). Dans le cadre de cette thèse, nous

¹globules rouges

avons travaillé plus particulièrement sur le réseau intracortical détaillé ci-dessous.

2.2.2 Description des vaisseaux intracorticaux

Les vaisseaux intracorticaux sont composés d'artères, de veines et d'un lit capillaire. Suivant leur degré de pénétration dans le cortex (cf. figure



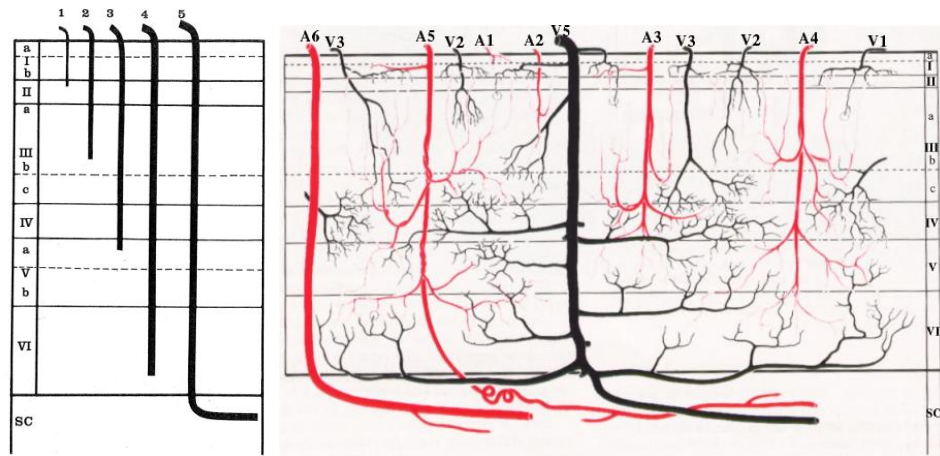
(a) Les différentes couches corticales.

(b) Couches corticales autour du creux d'un sillon.

FIG. 2.1 – Les cellules nerveuses sont organisées différemment suivant leur profondeur dans le cortex. On définit ainsi différentes couches corticales. (figures extraites de [DSV81]).

2.1), les vaisseaux intracorticaux peuvent être décrits en 6 groupes pour les artères et 5 groupes pour les veines (de A1 à A6 pour les artères et de V1 à V5 pour les veines) [DSV81, Duv84].

- Le *groupe 1* est composé de vaisseaux (veines V1 et artères A1) qui atteignent la couche moléculaire I et peuvent s'étendre dans la couche



(a) Groupes de vaisseaux associés aux différentes couches corticales.

(b) Formes caractéristiques des artères et des veines des différents groupes.

FIG. 2.2 – Les vaisseaux intracorticaux peuvent être décrits en 5 groupes suivant leur degré de pénétration dans le cortex (les artères du groupe A6 ne sont pas représentées ici). (figures extraites de [DSV81]).

granulaire externe II.

- Le *groupe 2* est composé de vaisseaux (artères A2 et veines V2) qui atteignent la partie superficielle de la couche pyramidale (IIIa et IIIb).
- Les vaisseaux du *groupe 3* (veines V3 et artères A3) sont les plus nombreux. Ils pénètrent jusqu'au milieu du cortex qui semble être la région la plus vascularisée. Cette région est centrée sur la couche granulaire interne IV et recouvre les parties adjacentes des couches pyramidale IIIc et ganglionnaire Va.
- Les vaisseaux du *groupe 4* (A4 et V4) atteignent la couche multiforme VI, c'est-à-dire la limite de la matière blanche sous-corticale.
- Le *groupe 5* est composé de vaisseaux qui traversent et irriguent tout le cortex, ainsi que la matière blanche adjacente.
- Le *groupe 6* est composé d'artères qui traversent la matière grise sans l'irriguer (i.e. sans point de branchement pour les autres vaisseaux), et qui alimentent uniquement la matière blanche.

La figure 2.2 représente les couches corticales et les groupes de vaisseaux associés.

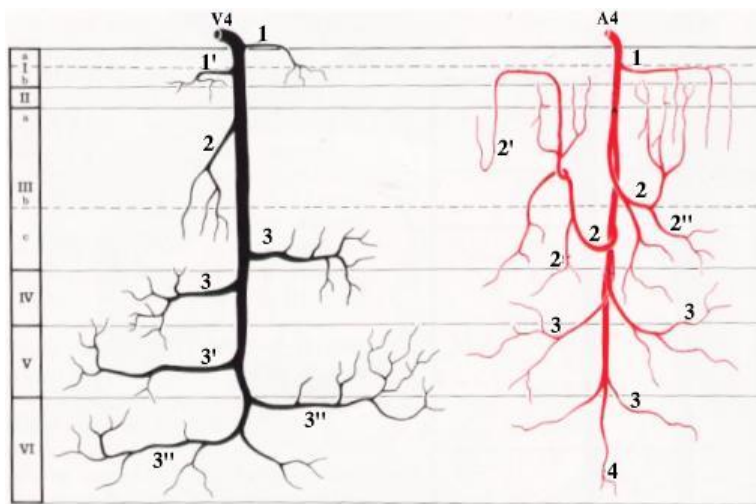


FIG. 2.3 – Artères et veines typiques. A4 : artère intracorticale typique. (1, 2, et 3) : branches superficielles, intermédiaires et profondes. (4) : tronc artériel terminal. Les branches intermédiaires ou récurrentes (2) ont des branches dans les couches superficielles du cortex (2') ou dans les couches médianes (2''). V4 : veine intracorticale typique. (1, 2 et 3) branches superficielles, intermédiaires et profondes. Les branches superficielles peuvent venir jusqu'au tronc veineux à la surface du cortex (1) ou à l'intérieur de la couche moléculaire (1'). Les branches intermédiaires (2) atteignent leur vaisseau parent avec un angle aigu. Les branches profondes ont une longueur qui augmente dans les couches corticales les plus internes (3, 3' et 3''). La disposition des couches cellulaires corticales est montrée sur la gauche (figure extraite de [DSV81]).

Artères intracorticales

Une artère intracorticale typique de type A4 a un diamètre compris entre 30 et 40 μm et traverse toute l'épaisseur du cortex. Elle présente au cours de son trajet des branches superficielles, moyennes et profondes (figure 2.3). Les branches superficielles sont rares. Les branches moyennes ont un aspect caractéristique : à partir de leur origine du tronc principal dans les couches moyennes du cortex, elles retournent vers les couches superficielles (moléculaire et granulaire externe). C'est pourquoi on les appelle *artères récurrentes* ou *artères en candélabres*. Ces branches récurrentes ont souvent un vaste territoire tandis que les ramifications profondes couvrent généralement une zone moins étendue. Les artères A5 quant à elles ont un diamètre qui varie entre 30 et 75 μm , et ont un aspect voisin des artères A4. Elles sont cependant caractérisées par leur longueur qui leur fait dépasser le cortex et pénétrer dans la substance blanche sous-corticale. Les artères A6, très volumineuses, traversent le cortex sans donner aucune branche et sont uniquement destinées

à la substance blanche. Les petites artères intracorticales (A1, A2 et A3) atteignent respectivement les couches moléculaire, pyramidale et granulaire interne. Leur morphologie est voisine de celle des artères A4 si ce n'est leur faible diamètre : environ $10 \mu m$ pour le groupe 1, entre 15 et $25 \mu m$ pour le groupe 2 et entre 15 et $30 \mu m$ pour le groupe 3.

Veines intracorticales

Comme l'artère intracorticale A4, la veine intracorticale typique V4, a un diamètre de $60 \mu m$ en moyenne, et occupe toute l'épaisseur du cortex (cf. figure 2.3). Elle a également des branches profondes, moyennes et superficielles, mais contrairement aux artères, les branches profondes sont les plus développées et occupent un vaste territoire. Les veines V5 contrastent par rapport aux autres vaisseaux intracorticaux par leur diamètre considérable ($120 \mu m$ en moyenne) qui justifie leur dénomination de *veines principales du cortex*. Leurs ramifications sont elles aussi abondantes. Ces veines principales prennent leur origine dans la substance blanche sous-corticale. Les veines de faible diamètre ($\approx 20 \mu m$ pour V1, $\approx 30 \mu m$ pour V2 et $\approx 45 \mu m$ pour V3) n'ont pas une morphologie constante contrairement aux veines volumineuses (V4 et V5) : elles ont parfois un trajet oblique et il existe d'importantes dilatations de leur diamètre aux jonctions de leur branches d'origines.

Réseau capillaire intracortical

Le réseau capillaire intracortical est d'une remarquable densité qui tranche avec la pauvreté de la trame vasculaire de la substance blanche sous-corticale. Un examen approfondi du lit capillaire du cortex permet de déceler l'existence de bandes parallèles à la surface et de densités différentes. On peut ainsi décrire 4 couches vasculaires intracorticales : la première englobe les couches moléculaire et granulaire externe ; la deuxième (la plus pauvre en capillaires), occupe les zones superficielles de la couche pyramidale ; la troisième est la plus dense de tout le lit capillaire du cortex et est centrée sur la couche granulaire interne ; la quatrième voit sa densité décroître progressivement jusqu'à la substance blanche voisine (cf figure 2.1).

2.2.3 Numérisation des données

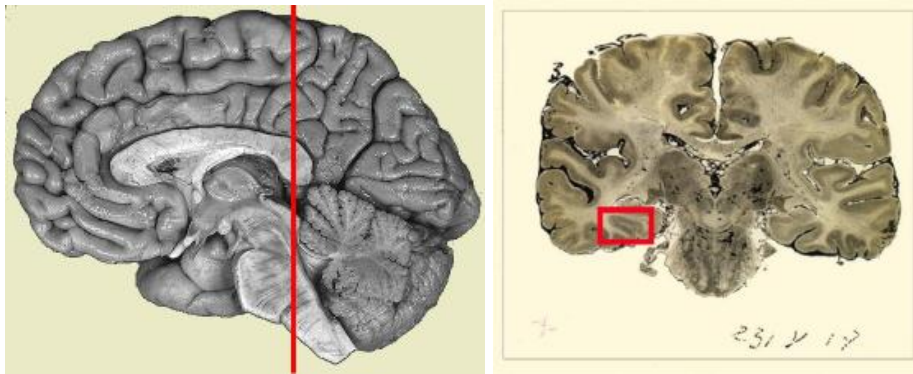
À aucun moment dans l'étude décrite dans [DSV81, Duv84], les auteurs n'utilisent de procédés de numérisation et de traitement d'images. Or, nous souhaitons à présent obtenir des données quantitatives sur la micro-circulation cérébrale.

Pour cela, nous allons nous baser sur le matériel présenté plus haut, mais avec une autre forme d'observation. Pour faire ressortir au mieux les formes et pouvoir quantifier au mieux certaines grandeurs comme les diamètres

ou la profondeur des vaisseaux, nous souhaitons observer le réseau microvasculaire en trois dimensions (3-D).

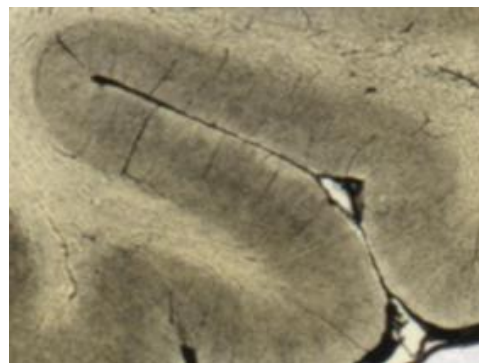
Le microscope confocal, décrit dans la section suivante permet une telle observation. De plus, l'acquisition d'une mosaïque d'images (décrite dans la section 2.4) permet de couvrir une large région du cortex.

Nous avons choisi, pour illustrer cette étude, une coupe d'un cerveau injecté à l'encre de Chine. Cette coupe est issue du cerveau d'une femme de 65 ans décédée d'un lymphome digestif deux heures avant la préparation de la coupe. Il s'agit d'une coupe frontale passant par la commissure postérieure illustrée figure 2.4.



(a) Position et orientation de la coupe dans le cortex.

(b) Coupe présentée en (a). Environ $10 \times 10 \text{ cm}^2$



(c) Zoom sur le sillon encadré dans (b). Environ $1 \times 1 \text{ cm}^2$

FIG. 2.4 – Coupe frontale passant par la commissure postérieure. La zone sélectionnée est située au niveau du sillon collatéral droit sur le versant médial du gyrus occipito-temporal médial.

Comme l'étude tridimensionnelle de la coupe entière est fastidieuse (cf. section 2.4), nous nous intéressons plus particulièrement au sillon collatéral droit sur le versant médial du gyrus occipito-temporal médial. C'est de ce sillon que seront extraites les images qui illustrent ce manuscrit. Cependant, les processus d'acquisition et de traitement d'images développés ici sont bien entendu applicables à d'autres zones et d'autres coupes du cerveau.

2.3 Le microscope confocal

L'utilisation du microscope confocal en réflexion, c'est-à-dire sans fluorescence est assez peu répandue [Pad02], et à notre connaissance, aucune étude de la micro-circulation cérébrale n'a été effectuée avec cet instrument. Nous nous sommes intéressés au fonctionnement du microscope confocal pour mieux appréhender l'acquisition des images. De plus, la littérature propose plusieurs méthodes de calcul de la résolution optimale d'un microscope confocal. Nous avons repris ces calculs afin de déterminer lesquels correspondaient le mieux à notre problème.

2.3.1 Fonctionnement du microscope confocal

Principe

Décrite pour la première fois par Marvin Minsky en 1957 [Min88], la technique d'imagerie confocale permet d'obtenir l'image d'un spécimen en trois dimensions. Dans son principe, il ressemble beaucoup à un microscope conventionnel, à l'exception d'un diaphragme placé devant le photodétecteur. Ce diaphragme élimine les faisceaux de lumière provenant des plans situés au-dessus et au-dessous du plan focal. En effet, l'une des limitations de la microscopie conventionnelle est la trop grande profondeur de champ de l'image. La zone de mise au point apparaît nette, mais les zones immédiatement au-dessus et en-dessous sont floues et perturbent l'image observée. De plus, un microscope conventionnel acquiert parallèlement tous les points du spécimen, alors qu'un microscope confocal acquiert l'image du spécimen par balayage, c'est-à-dire point par point. La figure 2.5 représente le schéma optique du microscope confocal : un rayon lumineux émis par le laser vient éclairer un point du spécimen dans le plan focal de l'objectif, après avoir été dirigé par le miroir dichroïque². Le rayon réémis (par fluorescence ou par réflexion) vient ensuite frapper un photodétecteur. Le microscope confocal acquiert ainsi un point du spécimen. Pour acquérir tout le spécimen, il effectue un balayage ligne à ligne, puis plan par plan.

Le microscope confocal peut être utilisé en fluorescence, ou en simple réflexion. La plupart du temps, il est utilisé en fluorescence. Dans ce cas, le spécimen est traité avec un marqueur fluorescent.

²miroir semi-réfléchissant.

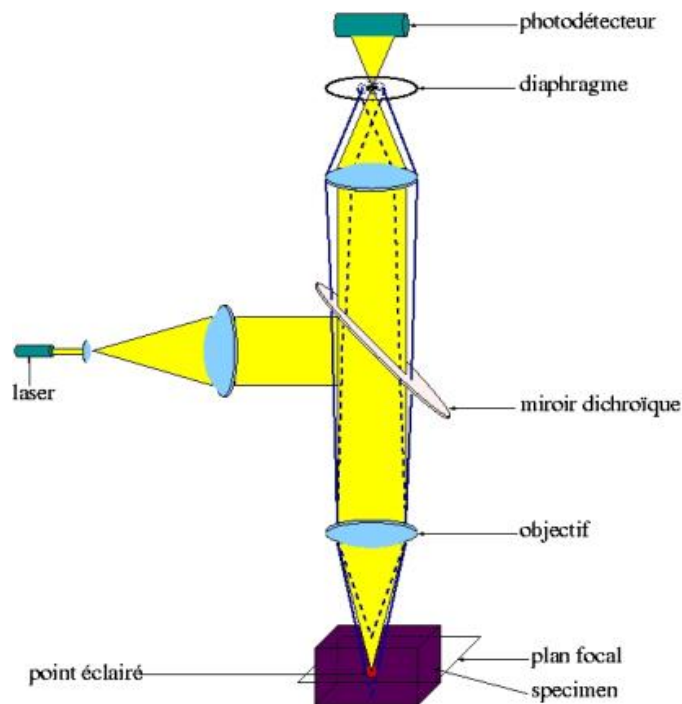


FIG. 2.5 – Schéma optique du microscope confocal.

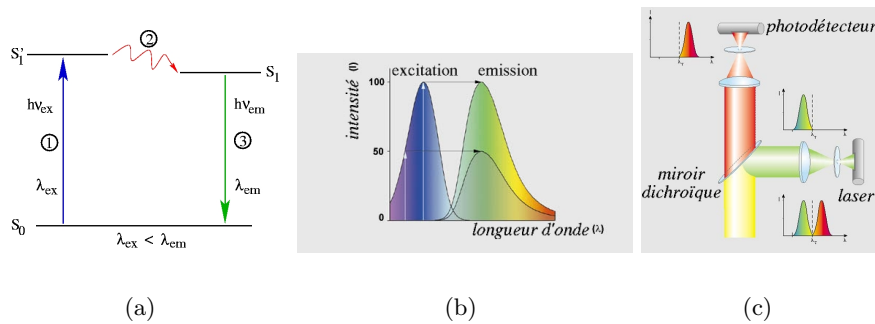


FIG. 2.6 – Principe de la microscopie par fluorescence.

La figure 2.6 (a) illustre les 3 phases intervenant lors de la fluorescence. Dans une première phase, le laser (de longueur d'onde λ_{ex}) vient exciter les molécules fluorescentes (aussi appelées fluorophores). Ces fluorophores passent de leur état de repos S_0 à un état excité S_1' grâce à l'énergie $h\nu_{ex}$ fournie par le laser. Une partie de cette énergie est dissipée (sous forme de chaleur ou de réactions chimiques) et lors de la deuxième étape, les fluorophores passent de l'état excité S_1' à l'état excité S_1 . Enfin, lors d'une troisième étape, les fluorophores retournent à leur état de repos et émettent

des photons avec une énergie $h\nu_{em} \leq h\nu_{ex}$. La longueur d'onde étant inversement proportionnelle à l'énergie, la longueur d'onde λ_{em} de la lumière réémise est donc plus grande que la longueur d'onde λ_{ex} du laser (cf. figure 2.6 (b)). Le miroir dichroïque du microscope confocal permet alors de séparer les rayons incidents des rayons ré-émis comme le montre la figure 2.6 (c).

Dans notre cas, le matériel utilisé ne peut plus être rendu fluorescent (il est déjà installé sur une plaque et ne contient pas de fluorophores). On utilise le microscope confocal en mode réflexion. On considère que le baume du Canada dans lequel sont plongées les coupes, ainsi que le parenchyme du cerveau sont transparents. Ainsi, seule l'encre de Chine dont les vaisseaux sont injectés réfléchit le rayon laser. Le miroir dichroïque est à la fois transparent et réfléchissant pour la longueur d'onde choisie (on a la même longueur d'onde pour la lumière émise et réfléchie). L'image ainsi formée est constituée d'un signal lumineux important pour les vaisseaux (là où la lumière a été réfléchie), et faible pour le fond (là où la lumière n'a pas été réfléchie vers le photo-détecteur).

Caractéristiques d'un microscope confocal

Les principaux éléments caractéristiques d'un microscope confocal sont son objectif, qui contient un jeu de lentilles et sert à obtenir une image agrandie du spécimen, et le diaphragme (en anglais *pinhole*) qui sert à limiter le flou en z .

L'objectif

L'objectif du microscope contient un jeu de lentilles qui permet de focaliser sur un point du spécimen et d'obtenir une image agrandie de l'objet observé (cf. figure 2.7). Ses principales caractéristiques sont le grossissement et l'ouverture numérique.



FIG. 2.7 – Quelques exemples d'objectifs.

Indice du milieu (*refractive index* en anglais), noté n . La lentille terminale peut être simplement à l'air, mais pour certains objectifs, cette

lentille est plongée dans un milieu d'indice de réfraction différent (souvent de l'huile), ce qui permet d'obtenir des ouvertures numériques supérieures à 1.

Ouverture numérique (*numerical aperture* en anglais), notée ON (ou *NA* en anglais). Elle dépend de l'angle maximum (α_{max}) que peut former un rayon de lumière avec la lentille, et de l'indice (n) du milieu dans lequel est plongée la lentille. La figure 2.8 résume les grandeurs utilisées. L'ouverture numérique s'exprime de la façon suivante :

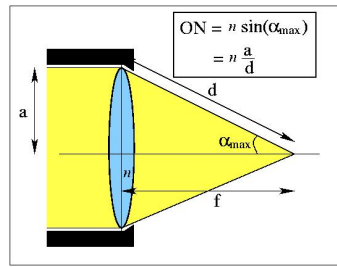


FIG. 2.8 – Ouverture numérique d'un objectif

$$ON = n \sin(\alpha_{max}) = n \frac{a}{d}$$

Grossissement (*magnification* en anglais). Il définit la grandeur par laquelle la taille de l'objet va être multipliée au niveau de l'objectif.

La figure 2.9 montre les différentes indications inscrites sur un objectif de microscope.

Le diaphragme

Le diaphragme (*pinhole* en anglais), du microscope confocal permet d'éliminer la contribution lumineuse des plans du spécimen qui ne sont pas directement focalisés. Plus le diaphragme est fermé, et plus l'image est nette, mais moins elle est lumineuse, comme le montre la figure 2.10. L'unité de grandeur utilisée pour l'ouverture du diaphragme est l'Unité d'Airy, notée *UA* (ou *AU* pour **A**iry **U**nit en anglais). Elle dépend de la longueur d'onde λ de la lumière incidente et de l'ouverture numérique de l'appareil. 1UA correspond au diamètre du disque central de la figure de diffraction. Ce disque est délimité par le premier zéro de la fonction d'Airy. La figure 2.11 illustre la figure d'Airy sur une plaque dont le diaphragme a une ouverture de 1 UA. L'unité d'Airy s'exprime de la façon suivante, en utilisant l'ouverture numérique de l'objectif (ON) et la longueur d'onde du laser (λ) :

$$1UA \approx 1,22 \frac{\lambda}{ON} \quad (2.1)$$

Pour plus de détails sur le calcul du diamètre de la tache de diffraction d'Airy, se reporter à l'annexe A (équation A.10).

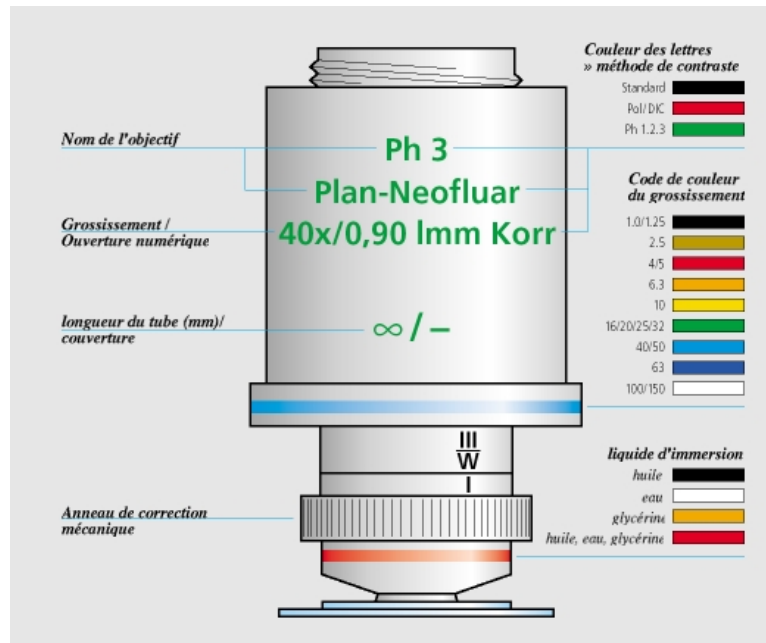
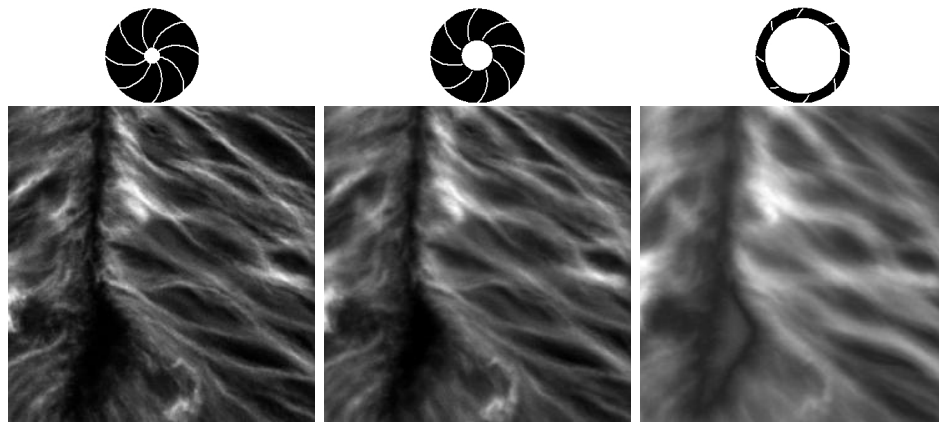


FIG. 2.9 – Caractéristiques d'un objectif.



(d) diaphragme = 1UA.

(e) diaphragme = 2UA.

(f) diaphragme ouvert.

FIG. 2.10 – Plus le pinhole est fermé, plus l'image est nette, mais moins elle est lumineuse.

2.3.2 Résolution latérale d'un microscope confocal

Comme tout système optique, le microscope confocal donne une image distordue de la réalité : l'image d'un point devient une tache (cf. annexe A). On appelle PSF [*Point Spread Function*.] la fonction d'étalement (aussi

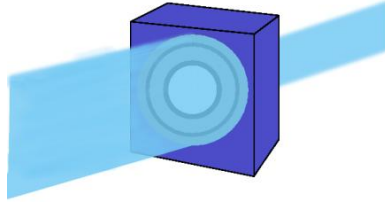


FIG. 2.11 – Figure d’Airy et ouverture du pinhole de 1 UA. La figure de diffraction présente des anneaux concentriques délimités par des zones d’intensité nulle.

appelée réponse impulsionnelle du microscope) qui transforme un point lumineux en une tache à la sortie du microscope. Aussi doit-on déterminer la taille minimale des points pour que ceux-ci soient séparables à la sortie du microscope. Plus précisément, nous devons déterminer à quelle distance doivent se trouver deux points pour pouvoir être considérés comme distincts par le microscope. Cette distance minimale entre deux points s’appelle la résolution du microscope. Dans un premier temps, nous nous intéressons à la résolution latérale δ_{XY} , c’est-à-dire la distance minimale entre deux points dans le plan latéral XY du microscope.

On trouve différentes expressions de la résolution latérale d’un microscope confocal dans la littérature. Certains préconisent d’utiliser la formule $\delta_{XY} = 0.61 \frac{\lambda}{ON}$, d’autres $\delta_{XY} = 0.51 \frac{\lambda}{ON}$ ou encore $\delta_{XY} = 0.37 \frac{\lambda}{ON}$. Nous rappelons dans cette section les différentes méthodes de calculs qui aboutissent à ces différentes résolutions.

Intensité de la PSF suivant l’ouverture du diaphragme

En mode réflexion, un même rayon lumineux traverse deux fois l’objectif du microscope confocal : une fois par le rayon laser, puis par le rayon ré-émis par réflexion (voir section 2.3.1), comme le montre la figure 2.5 page 25. Notons :

- $\underline{h}_{\lambda_{em}}$ la PSF de l’objectif pour le rayon émis par le laser.
- $\underline{h}_{\lambda_{ex}}$ la PSF de l’objectif pour le rayon réfléchi par le spécimen.
- \underline{p} la PSF du diaphragme.
- ρ la largeur de la tache de diffraction sur le récepteur.
- \otimes l’opération de convolution.

L’intensité lumineuse captée par le photo-détecteur a pour expression (donnée par [Wil90]) :

$$I = |\underline{h}_{\lambda_{em}}|^2 (|\underline{h}_{\lambda_{ex}}|^2 \otimes \underline{p}) \quad (2.2)$$

En mode réflexion, on a $\lambda_{em} = \lambda_{ex} = \lambda$ et donc $\underline{h}_{\lambda_{em}} = \underline{h}_{\lambda_{ex}} = \underline{h}$. De plus, comme on considère la fonction d’étalement dans le plan latéral, \underline{h} correspond à la PSF d’une pupille circulaire. Pour des raisons de symétrie circulaire, cette fonction peut s’écrire en fonction d’une seule variable β (qui

elle-même dépend de ON , λ et ρ : distance par rapport au centre de la figure de diffraction), et, d'après l'équation A.8 (annexe A), on a :

$$\underline{h}(\beta) = \frac{2J_1(\beta)}{\beta} \text{ avec } \beta = \frac{2\pi}{\lambda} ON\rho.$$

– Cas d'un diaphragme ouvert.

Lorsque le diaphragme est très ouvert, on est dans le cas d'un microscope conventionnel (champ large ou *widefield* en anglais), et \underline{p} peut être considérée comme une fonction constante. La fonction $|\underline{h}_{\lambda_{ex}}|^2 \otimes \underline{p}$ est alors elle aussi constante (on la considère égale à 1 par convention). On note l'intensité obtenue pour un microscope conventionnel I_{CONV} . Elle s'exprime de la façon suivante :

$$\begin{aligned} I_{CONV}(\beta) &= |\underline{h}_{\lambda_{em}}(\beta)|^2 \\ &= |\underline{h}(\beta)|^2 \end{aligned}$$

$$I_{CONV}(\beta) = \left(\frac{2J_1(\beta)}{\beta} \right)^2 \text{ avec } \beta = \frac{2\pi}{\lambda} ON\rho \quad (2.3)$$

La figure 2.12 (a) représente la fonction I_{CONV} donnée par l'équation 2.3 en fonction de β .

– Cas d'un diaphragme fermé ou ponctuel.

Lorsque le diaphragme est ponctuel, on est dans le cas confocal parfait, et \underline{p} peut être considérée comme une fonction delta de Dirac. La fonction $|\underline{h}_{\lambda_{ex}}|^2 \otimes \underline{p}$ prend alors la valeur de $|\underline{h}_{\lambda_{ex}}|^2$. On note l'intensité obtenue pour un microscope confocal parfait I_{CONF} . Elle s'exprime de la façon suivante :

$$\begin{aligned} I_{CONF}(\beta) &= |\underline{h}_{\lambda_{em}}(\beta)|^2 |\underline{h}_{\lambda_{ex}}|^2 \\ &= |\underline{h}(\beta)|^4 \end{aligned}$$

$$I_{CONF}(\beta) = \left(\frac{2J_1(\beta)}{\beta} \right)^4 \text{ avec } \beta = \frac{2\pi}{\lambda} ON\rho \quad (2.4)$$

La figure 2.12 (b) représente la fonction I_{CONF} donnée par l'équation 2.4 en fonction de β .

On remarque que $I_{CONF} = (I_{CONV})^2$ et de ce fait, I_{CONF} est deux fois plus resserrée à l'origine, ce qui implique une meilleure précision.

Lorsque la taille du diaphragme augmente, l'intensité de l'image passe graduellement de la réponse confocale à la réponse conventionnelle.

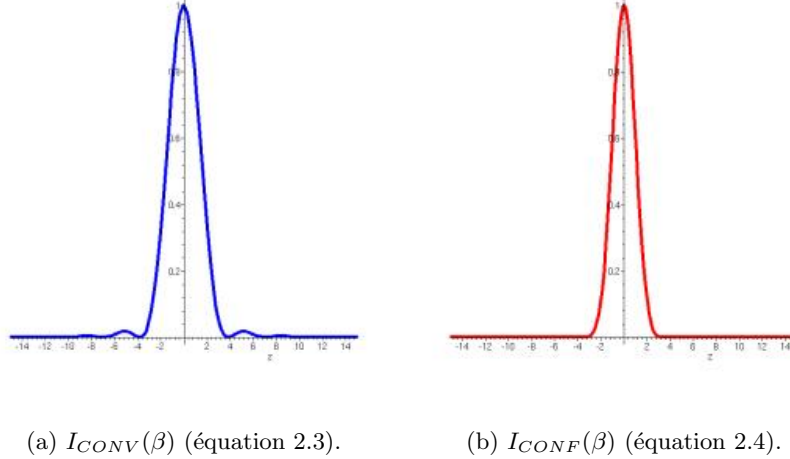


FIG. 2.12 – PSF d'un microscope conventionnel (a) et d'un microscope confocal (b).

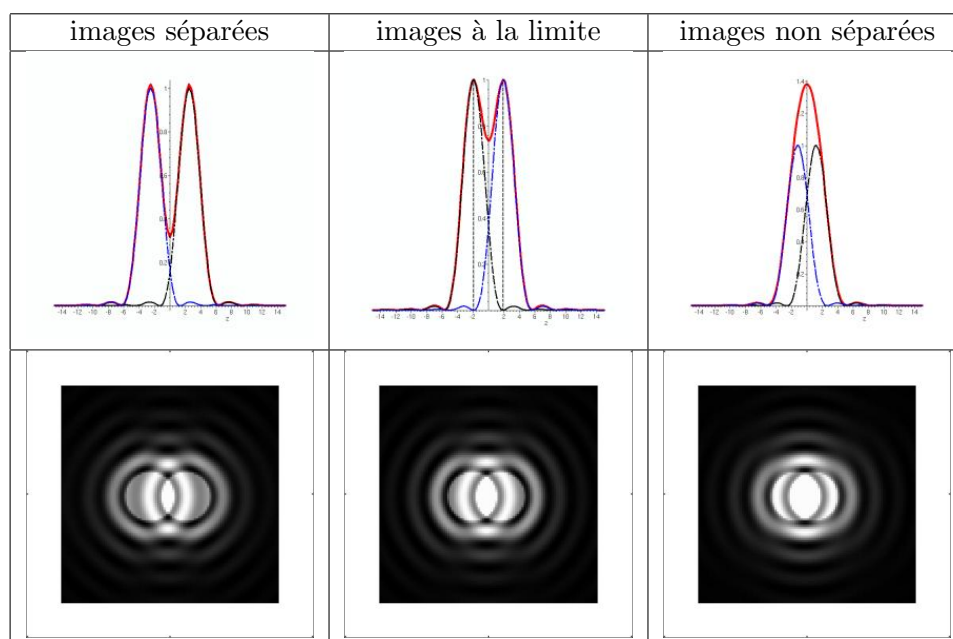
Méthode de Rayleigh

Le *critère de résolution de Rayleigh* indique que l'œil humain peut déceler la présence de deux points distincts si la distance entre leurs centres est supérieure à leur rayon commun. Le tableau 2.1 illustre différents cas : la première colonne montre deux points résolus, la deuxième, deux points en limite de résolution et la troisième, deux points non résolus. Nous nous sommes placés dans le cas conventionnel (équation 2.3) pour obtenir ces résultats. Lorsque l'on est à la limite du critère de Rayleigh, le maximum de l'une de deux taches de diffraction correspond au premier minimum de l'autre. Que l'on considère le cas du microscope conventionnel (équation 2.3) ou du microscope confocal (équation 2.4), ce cas de figure arrive lorsque la fonction $\left(\frac{2J_1(\beta)}{\beta}\right)$ s'annule, c'est à dire lorsque $\beta \simeq 1,22\pi$. On a donc

$$\delta_{XY} = \rho_{Airy} \simeq 0,61 \frac{\lambda}{ON} \quad (2.5)$$

Cette valeur peut être utilisée indifféremment pour un microscope conventionnel ou un microscope confocal.

Tous les calculs effectués précédemment sont des calculs simplifiés. Ils ne tiennent pas compte du bruit pouvant intervenir lors de la mesure. D'autres mesures de la résolution ont été proposées, qui permettent de se baser, non pas sur un calcul exact de la PSF, mais sur des mesures prises directement avec le microscope. C'est notamment le cas de la méthode de réponse impulsionnelle à mi-hauteur présentée ci-dessous.



TAB. 2.1 – Critère de résolution de Rayleigh. Les courbes sont obtenues dans le cas conventionnel (équation 2.3). La première ligne représente en bleu et noir les réponses impulsionnelles des deux points considérés, et en rouge, l'intensité totale $I(\beta)$. La deuxième ligne représente une vue planeaire de l'intensité totale $I(x, y)$. La première colonne présente le cas de deux points résolus, la deuxième colonne présente le cas de deux points à la limite de la résolution, et la troisième colonne présente l'image de deux points que l'on ne peut pas distinguer l'un de l'autre.

Méthode de la réponse impulsionnelle à mi-hauteur

On peut définir la limite de la résolution d'un microscope en prenant la valeur pour laquelle le signal d'intensité atteint la moitié de sa valeur maximale. Cette méthode est appelée FWHM [*Full Width at Half Maximum*]. Elle est couramment utilisée en microscopie, car il est souvent plus facile de mesurer l'intensité de la PSF réelle de manière empirique que de la calculer de manière numérique. La figure 2.13 représente en bleu, la courbe d'intensité pour un microscope conventionnel, et en rouge, la courbe d'intensité pour un microscope confocal, ainsi que la valeur du rayon pour une intensité égale à la moitié de l'intensité maximale (normalisée à 1).

On obtient :

- pour un microscope conventionnel $\beta \simeq 0,51\pi$ i.e.

$$\delta_{XY_{conv}} \simeq 0,51 \frac{\lambda}{ON} \quad (2.6)$$

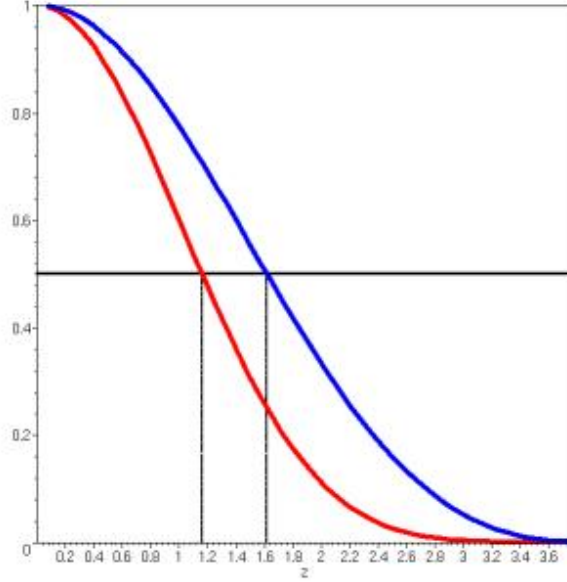


FIG. 2.13 – FWHM pour le microscope conventionnel (bleu) et confocal (rouge).

– pour un microscope confocal $\beta \simeq 0,37\pi$ i.e.

$$\delta_{XY_{conf}} \simeq 0,37 \frac{\lambda}{ON} \quad (2.7)$$

On remarque que le rapport des résolutions entre un microscope conventionnel et un microscope confocal vaut environ $\sqrt{2}$: $\delta_{XY_{conv}} \simeq \frac{\delta_{XY_{conf}}}{\sqrt{2}}$.

2.3.3 Résolution axiale d'un microscope confocal

Le calcul de la résolution axiale d'un microscope confocal est beaucoup plus complexe [SC90] et le détail des calculs serait beaucoup trop long à exposer ici. Pour déterminer la résolution axiale d'un microscope confocal, le critère de Rayleigh n'est pratiquement jamais utilisé (contrairement à la résolution latérale). On trouve dans la littérature l'expression de la réponse axiale à mi-hauteur pour un microscope confocal [WBGH] :

$$FWHM_{axial} = \sqrt{\left(\frac{0,88 \lambda}{n - \sqrt{n^2 - ON^2}}\right)^2 + \left(\frac{1,16 n t_P}{\lambda}\right)^2} \quad (2.8)$$

avec

- λ : longueur d'onde d'émission
- t_P : taille du *pinhole* en U.A.
- n : indice de réfraction du milieu de l'objectif
- ON : ouverture numérique de l'objectif du microscope confocal.

La résolution axiale est composée de deux termes (équation 2.8) : le premier terme sous la racine carrée est issu de l'optique ondulatoire, tandis que le second terme est issu de l'optique géométrique. Pour une ouverture numérique ON et une longueur d'onde λ fixées, le terme ondulatoire est constant alors que le terme géométrique est croissant avec la taille du *pinhole* t_P . Lorsque la taille du *pinhole* augmente, la FWHM augmente et la résolution diminue.

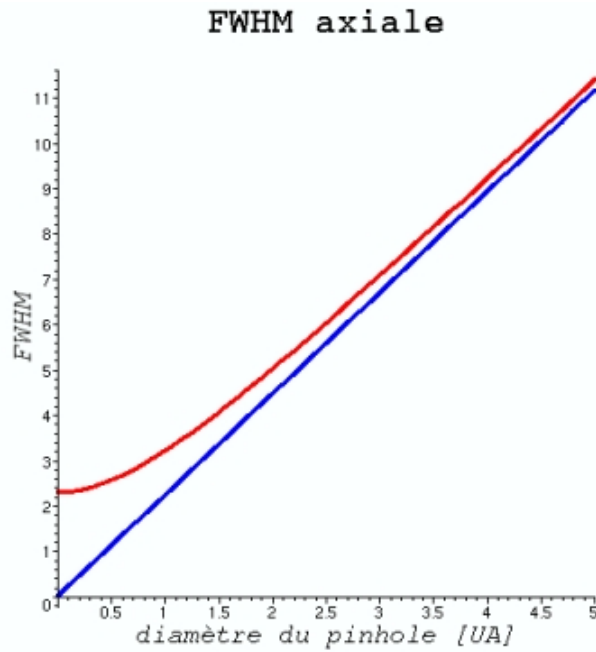


FIG. 2.14 – Réponse axiale à mi-hauteur (équation 2.8) en fonction du diamètre du *pinhole* (en rouge). Terme géométrique de l'équation 2.8 (en bleu). Paramètres : $ON = 0.6$, $n = 1$ et $\lambda = 520nm$.

Sur la figure 2.14, la courbe rouge représente l'équation 2.8 et la courbe bleue représente le terme d'optique géométrique seul pour une ouverture numérique et une longueur d'onde fixées. La différence entre les deux courbes correspond au terme d'optique ondulatoire.

Pour une taille de *pinhole* supérieure à 1 UA, on considère que l'influence des effets de diffraction est quasiment constante. Dans ce cas :

$$\delta_{Z_{conv}} = FWHM_{axial} \approx \frac{0.88 \lambda}{n - \sqrt{n^2 - ON^2}} \quad (2.9)$$

Si l'on considère de plus que l'ouverture numérique est petite ($ON < 0.5$),

un développement limité à l'ordre 1 nous donne :

$$\delta_{Z_{conv}} = \frac{1.76 n \lambda}{ON^2} \quad (2.10)$$

Pour une taille de *pinhole* t_P inférieure à 1 UA, on a le même rapport entre les largeurs des réponses impulsionnelles à mi-hauteur (FWHM) du microscope confocal et du microscope conventionnel. Comme pour la résolution latérale, on a : $\delta_{Z_{conf}} \approx \frac{1}{\sqrt{2}} \delta_{Z_{conv}}$. On obtient donc :

$$\delta_{Z_{conf}} \approx \frac{0.64 \lambda}{n - \sqrt{n^2 - ON^2}} \quad (2.11)$$

Dans le cas où l'ouverture numérique est petite ($ON < 0.5$), un développement limité à l'ordre 1 nous donne :

$$\delta_{Z_{conf}} = \frac{1.28 n \lambda}{ON^2} \quad (2.12)$$

2.3.4 Discrétisation du signal : théorème de Nyquist-Shannon

Nous venons de voir la résolution imposée par le système optique du microscope, qui définit la taille minimale d'un **resel** ($\delta_{XY}, \delta_{XZ}, \delta_Z$). Un *resel* [*resolved element*] correspond en effet au plus petit élément du spécimen qui peut être distingué de son voisinage. Cette résolution ne tient pas compte de l'enregistrement du signal dans un appareil numérique qui pourra ensuite l'afficher ou effectuer des traitements dessus.

En effet, lorsque l'on numérise le signal perçu par le photo-détecteur, celui-ci est discrétisé, c'est-à-dire qu'il est enregistré sous forme de plusieurs éléments finis appelés **pixel** [**picture element**.]s en 2-D ou **voxel** [**volume element** ou **volume pixel**.]s en 3-D.

Le théorème d'échantillonnage de Nyquist-Shannon [Nyq28] stipule qu'un signal analogique doit être échantillonné à au moins deux fois la plus haute fréquence le constituant si l'on veut le convertir en un signal numérique correspondant.

C'est-à-dire que les résolutions latérales et axiales données dans les sections précédentes doivent être divisées au moins par deux pour obtenir la taille d'un voxel d'une image acquise au microscope confocal à la fréquence de Nyquist.

2.3.5 Paramètres d'acquisition optimaux

D'après les équations précédentes, on peut déterminer les tailles de voxels en fonction d'un réglage donné du microscope (caractéristiques de l'objectif et taille du *pinhole* données), et inversement, si l'on souhaite une certaine taille de voxels, on peut déterminer les réglages optimaux du microscope. Les réglages du microscope ainsi que la taille des voxels choisie dépendront de la

résolution à laquelle nous souhaitons observer les vaisseaux, mais aussi des conditions d'acquisition (comme par exemple le nombre d'images à acquérir et le temps d'acquisition de chaque image) et de la quantité de données souhaitée.

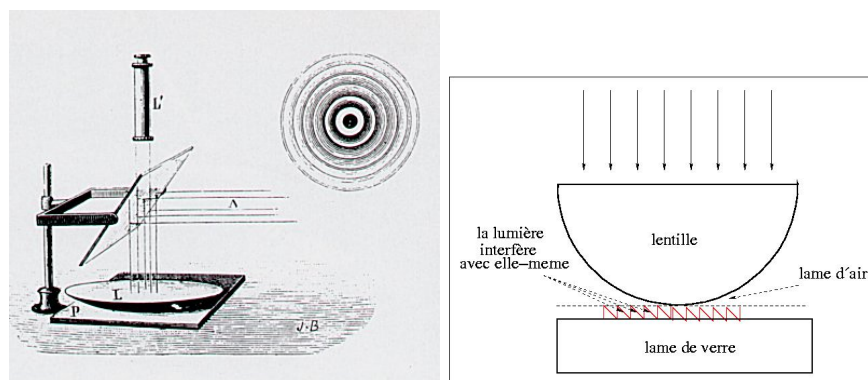
Le tableau 2.2 résume les différentes résolutions latérales et axiales pour un microscope confocal données dans les différentes équations de cette section (2.5, 2.6, 2.7, 2.9, 2.11, 2.10 et 2.12).

Résolution latérale		
	diamètre du <i>pinhole</i> > 1 UA	diamètre du <i>pinhole</i> < 0.5 UA
Critère de Rayleigh		
Resel	$\delta_{XY} = 0.61 \frac{\lambda}{ON}$	$\delta_{XY} = 0.61 \frac{\lambda}{ON}$
Voxel	$d_{XY} < 0.30 \frac{\lambda}{ON}$	$d_{XY} < 0.30 \frac{\lambda}{ON}$
Méthode FWHM		
Resel	$\delta_{XY} = 0.51 \frac{\lambda}{ON}$	$\delta_{XY} = 0.37 \frac{\lambda}{ON}$
Voxel	$d_{XY} < 0.25 \frac{\lambda}{ON}$	$d_{XY} < 0.18 \frac{\lambda}{ON}$
Résolution axiale		
	diamètre du <i>pinhole</i> > 1 UA	diamètre du <i>pinhole</i> < 0.5 UA
Resel	$\delta_Z = \frac{0.88 \lambda}{n - \sqrt{n^2 - ON^2}}$	$\delta_Z = \frac{0.64 \lambda}{n - \sqrt{n^2 - ON^2}}$
Voxel	$d_Z < \frac{0.44 \lambda}{n - \sqrt{n^2 - ON^2}}$	$d_Z < \frac{0.32 \lambda}{n - \sqrt{n^2 - ON^2}}$
Cas où $ON < 0.5$		
Resel	$\delta_Z = \frac{1.76 n \lambda}{ON^2}$	$\delta_Z = \frac{1.28 n \lambda}{ON^2}$
Voxel	$d_Z < \frac{0.88 n \lambda}{ON^2}$	$d_Z < \frac{0.64 n \lambda}{ON^2}$

TAB. 2.2 – Résolutions latérales et axiales optimales pour un microscope confocal. La résolution latérale est calculée avec le critère de Rayleigh et avec la FWHM. La résolution axiale est calculée grâce à la réponse impulsionnelle à mi-hauteur. Lorsque le diamètre du *pinhole* est compris entre 0.5 et 1 UA, on effectue une interpolation linéaire entre les deux valeurs.

2.3.6 Microscopie confocale par réflexion : le problème des anneaux de Newton

Lorsque l'on regarde une image obtenue par microscopie confocale par réflexion, on peut observer des anneaux concentriques, appelés anneaux de Newton [New04]. Il s'agit d'interférences provoquées par une lame d'air si-



(a) Montage d'observation des anneaux de Newton

(b) Formation des anneaux de Newton

FIG. 2.15 – Observation des anneaux de Newton

tuée entre une lentille plan-convexe et une lame de verre à faces parallèles. La lentille et la lame sont éclairées sous incidence quasi normale (figure 2.15). On observe au voisinage de la lame d'air des franges d'interférences circulaires et concentriques. On observe ces anneaux surtout près des interfaces (lame et lamelle), c'est-à-dire sur les premières et dernières coupes du volume d'images obtenu avec le microscope confocal. La figure 2.16 montre un exemple de coupe où l'on distingue clairement des anneaux de Newton.

Ces anneaux sont dus à la nature intrinsèque de la lumière : il ne s'agit pas d'artefacts de mesure. On ne peut donc pas modifier le montage pour les supprimer, et comme leur intensité et leur diamètre varient d'une image à l'autre, ainsi qu'à l'intérieur d'une même image, il est très difficile de les supprimer de manière logicielle.

2.4 Protocole d'acquisition des images

Comme nous l'avons vu précédemment, nous souhaitons numériser les données de micro-circulation cérébrales présentées dans la section 2.2 grâce à un microscope confocal. Pour cela, nous avons mis au point, en collaboration avec l'INSERM, un protocole d'acquisition de mosaïques l'images au microscope confocal.

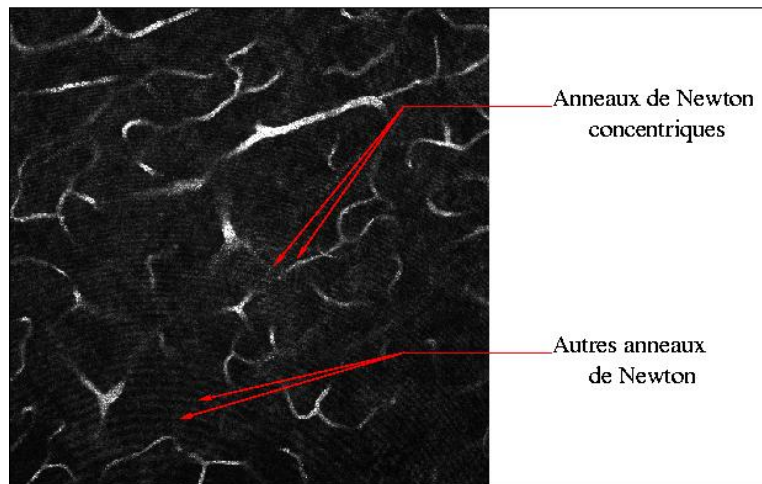


FIG. 2.16 – Image obtenue au microscope confocal par réflexion. On peut observer des anneaux d'interférence concentriques.

Les premiers jeux d'images qui nous sont parvenus étaient de qualité très variable. Nous avons donc souhaité connaître les raisons de cette variabilité et déterminer les paramètres réels d'acquisition les plus adaptés à l'observation du lit capillaire cérébral. Les tests effectués et le protocole d'acquisition utilisé sont présentés dans la section 2.4.1.

Ces paramètres nous permettent d'obtenir des images d'une excellente précision. Cependant, une image prise au microscope confocal ne couvre pas une très grande partie du cerveau. Afin d'obtenir des données quantitatives suffisamment étendues, il nous faut explorer une large partie du cortex. Pour cela, nous n'acquérons pas une image, mais une mosaïque d'images. Ce processus est expliqué dans la section 2.4.2.

Enfin, la section 2.4.3 donne des exemples de jeux d'images acquis avec le protocole cité plus haut et utilisés pour la validation des algorithmes développés plus loin.

2.4.1 Paramètres d'acquisition des images

Nous avons utilisé, pour l'acquisition des images, un microscope confocal Zeiss *LSM* [*Laser Scanning Microscope.*] 410 illustré figure 2.17.

En ce qui concerne la **longueur d'onde** du laser, nous avons choisi $543nm$ car c'est la longueur d'onde qui permet d'observer au mieux la plaque par réflexion (le miroir dichroïque du microscope est à la fois transparent et réfléchissant pour cette longueur d'onde).

Pour obtenir un bon compromis entre le grossissement et la luminosité de l'image, nous avons choisi un objectif sec ($n = 1$), dont le **grossissement** est $20\times$ et l'**ouverture numérique** de 0.75.



FIG. 2.17 – Microscope Zeiss Axiovert 410

Les ouvertures du *pinhole* inférieures à $1AU$ donnent des images qui ne sont pas assez lumineuses. Nous avons donc choisi des tailles de *pinhole* $t_P > 1AU$.

Si l'on récapitule :

- $\lambda = 543nm$ (soit $0.543\mu m$)
- $n = 1$
- $O.N. = 0.75$
- $t_P > 1UA$

D'après les équations données dans le tableau 2.2, on obtient les résolutions voxelles optimales suivantes :

- résolution latérale :

$$d_{XY} < 0.255 \frac{\lambda}{O.N} \text{ soit } d_{XY} < 0.2\mu m$$

- résolution axiale :

$$d_Z < \frac{0.44 \lambda}{n - \sqrt{n^2 - O.N^2}} \text{ soit } d_Z < 0.7\mu m$$

Ces résolutions optimales théoriques correspondent aux limites physiques du microscope confocal. Cependant, ces valeurs sont bien au-delà de la précision nécessaire pour observer des micro-vaisseaux. En effet, les plus petits capillaires que nous souhaitons observer ont un diamètre d'environ $3\mu m$. D'après le théorème de Nyquist-Shannon (cf. section 2.3.4), des voxels dont la résolution (d_{XY}, d_{XY}, d_Z) $< (1.5\mu m \times 1.5\mu m \times 1.5\mu m)$ sont suffisants pour imager des vaisseaux de $3\mu m$.

En ce qui concerne la résolution latérale, une coupe correspondant à un plan focal du microscope couvre, avec l'objectif et le zoom choisis, une portion de $640 \times 640\mu m^2$ du cortex cérébral. Le constructeur du microscope propose 3 résolutions possibles pour une telle coupe :

- soit les coupes ont une résolution de $2.50\mu m \times 2.50\mu m$ pour une taille de 255×255 pixels,
- soit les coupes ont une résolution de $1.25\mu m \times 1.25\mu m$ pour une taille de 512×512 pixels,

- soit les coupes ont une résolution de $0.625\mu m \times 0.625\mu m$ pour une taille de 1024×1024 pixels.

Les deux dernières résolutions correspondent aux exigences du théorème de Nyquist-Shannon. Cependant, comme nous le verrons dans la sections suivante, pour obtenir une couverture suffisante du cortex, le volume d'images doit être très important. Or une résolution latérale de $0.625\mu m \times 0.625\mu m$ n'est pas indispensable pour nos observations et consomme beaucoup de mémoire. De plus, comme nous verrons plus tard, les temps d'acquisition des images très détaillées peuvent être un facteur limitant pour l'acquisition. La résolution qui répond au mieux à nos attentes est la résolution intermédiaire de $1.25\mu m \times 1.25\mu m$ par voxel.

Afin d'observer les effets de la résolution axiale et de l'ouverture du *pinhole* sur nos images, nous avons effectué trois séries d'acquisition couvrant chacune une zone plus ou moins vascularisée du cerveau. Pour chaque série, nous avons fait varier la taille du *pinhole* avec des valeurs de 1, 1.5 et 2 *UA*. Nous avons aussi testé pour chaque série deux valeurs extrêmes de la résolution axiale : $0.6\mu m$ et $3\mu m$.

Le meilleur compromis semble être un *pinhole* de 1 *UA* : les vaisseaux sont beaucoup plus nets et la luminosité reste convenable.

Les anneaux de Newton sont beaucoup plus marqués sur les images dont la résolution est très haute ($0,6\mu m$) et s'estompent pour une résolution inférieure ($3\mu m$).

On observe aussi des problèmes “d'ombre” des gros vaisseaux dans les images à faible résolution. En effet, dans ces images, lorsque l'on a de gros vaisseaux sur le dessus de l'image, les petits vaisseaux situés au-dessous de ces gros vaisseaux ne sont pas visibles (cf. figure 2.18). En fait, comme le

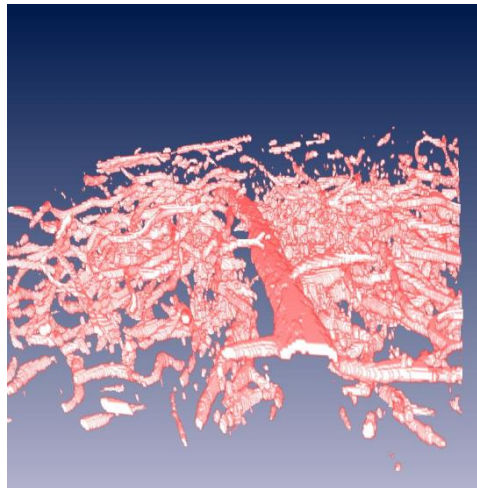


FIG. 2.18 – Lorsque la résolution axiale est trop faible, les petits vaisseaux situés au dessous d'un gros vaisseaux ne sont pas visibles.

théorème de Nyquist-Shannon n'est pas respecté, les petits vaisseaux sont mal échantillonnés et n'apparaissent que très faiblement dans l'image. Cet effet "d'ombre" n'existe plus avec résolution convenable (i.e. qui répond au critère de Nyquist-Shannon).

Un autre paramètre important est le temps d'acquisition des images. En effet, un volume d'images acquis avec une résolution axiale de $3\mu m$ comporte 100 coupes et est acquise en 3 minutes. Un volume d'images avec une résolution axiale est de $0.6\mu m$ comporte 500 coupes et est acquise en 20 minutes. Ce temps d'acquisition est un facteur limitant important dans le processus d'acquisition des images : pour couvrir une large partie du cerveau, on acquiert beaucoup d'images. En effet, acquérir une centaine d'images qui demandent 20 minutes d'acquisition chacune peut poser des problèmes logistiques importants.

Un bon compromis entre le temps d'acquisition, le volume de données et la précision souhaitée est une résolution latérale de $1.25\mu m$ et une résolution axiale de $1.4\mu m$ (qui est légèrement plus précise que la résolution de $1.5\mu m$ imposée par le théorème de Nyquist-Shannon).

Différentes séries d'acquisition ont été effectuées. Certaines, notamment, nous sont parvenues avant les différents tests sur la résolution, et compte tenu du temps d'acquisition élevé, ont été acquises avec une résolution axiale de $3\mu m$.

Enfin les coupes ont une épaisseur comprise entre 300 et $400\mu m$, mais l'on constate, quelle que soit la résolution, qu'après $150\mu m$ d'épaisseur, la lumière a du mal à passer et à être réfléchi. Le rapport signal sur bruit devient alors trop faible et l'on ne distingue plus les vaisseaux. On exploitera donc uniquement les coupes situées entre 0 et $150\mu m$.

2.4.2 La notion de mosaïque 3-D d'images

Comme nous l'avons vu dans la section précédente, une image acquise au microscope confocal couvre un volume d'environ $640 \times 640 \times 150\mu m^3$ du cortex cérébral. Or nous souhaitons obtenir des données statistiquement significative (notamment pour l'étude de la densité vasculaire) c'est-à-dire que nous souhaitons couvrir un plus vaste volume du cortex. Étendre le volume dans la direction verticale est peu aisé : l'intensité lumineuse s'estompe après $150\mu m$ d'épaisseur et les coupes n'ont pas été prévues pour être observées des deux côtés. Cependant, nous pouvons étendre la surface d'observation : pour cela, nous acquérons non pas un volume d'images, mais une mosaïque 3-D d'images. La plaque est placée sur un système mu par une vis micrométrique (cf figure 2.19), de sorte qu'elle peut être déplacée avec une précision de quelques micromètres.

Ainsi, une fois que l'on a acquis une image 3-D, on déplace la coupe d'environ la largeur d'une image ($\approx 640\mu m$), et l'on acquiert l'image 3-D située juste à côté, et ainsi de suite. On obtient alors une mosaïque composée

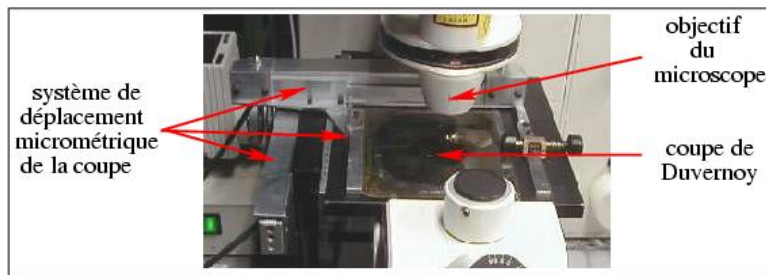


FIG. 2.19 – Système de déplacement micrométrique de la plaque du microscope.

d'images juxtaposées et qui couvre une plus large partie du cortex. La figure 2.20 montre un exemple d'une telle mosaïque.

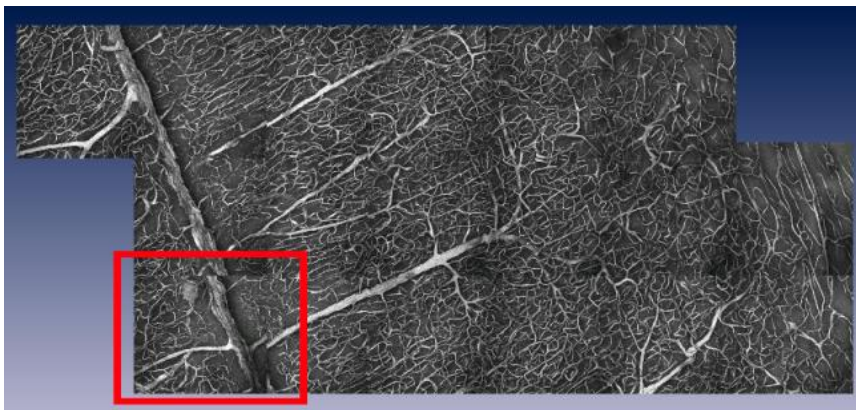


FIG. 2.20 – Exemple de mosaïque comportant 18 images 3D (vue en projection des images filtrées). On peut observer un décalage de l'image en bas à gauche (cadre rouge) dû aux imprécisions de la vis micrométrique.

Comme on peut le voir sur l'image en bas à gauche de la mosaïque présentée dans l'image 2.20, il peut arriver que la précision de la vis micrométrique ne soit pas suffisante et que la mosaïque présente un certain décalage entre les images. De plus, les erreurs peuvent se cumuler lors de l'acquisition de la mosaïque, et même si l'erreur relative entre deux images est généralement assez faible, il peut arriver qu'entre la première et la dernière image d'une grande mosaïque, l'erreur soit considérable. Pour pouvoir remédier à ce décalage, et recalibrer les images de la mosaïque entre elles (cf. section 2.5), le protocole d'acquisition prévoit un léger recouvrement entre les images jointives dont la taille correspond à peu près à 10% de la taille des images.

2.4.3 Exemples de jeux d'images

Les premiers jeux d'images qui nous sont parvenus étaient constitués de petites mosaïques de 4 ou 5 images. Plusieurs tests ont ensuite pu être effectués grâce à la mosaïque de 18 images illustrée figure 2.20. Pour des raisons de durées d'acquisition chaque image de cette mosaïque a une résolution voxelique de $1,22 \times 1,22 \times 3\mu m^3$. On constate d'ailleurs de nombreux problèmes "d'ombre des gros vaisseaux" (cf. figure 2.18). Une plus grosse mosaïque comportant environ 80 images a été acquise dans les mêmes conditions de résolution et donnant les mêmes problèmes.

Pour tenter d'y remédier, nous avons effectué différents tests pour déterminer les paramètres d'acquisition optimaux (cf. paragraphe précédent). Puis, nous avons effectué une acquisition avec des paramètres adaptés : nous avons aussi acquis une mosaïque de 118 images couvrant le sillon présenté dans la section 2.2.3 et dont la résolution voxelique de chaque image est $1,22 \times 1,22 \times 1,4\mu m$. Cette mosaïque est composée de 13×13 images. Elle couvre donc une surface d'environ $0,8 \times 0,8 cm^2$. Les problèmes "d'ombre des gros vaisseaux" ont disparus, mais les anneaux de Newton sont plus apparents. La figure 2.21 montre une projection de cette mosaïque.

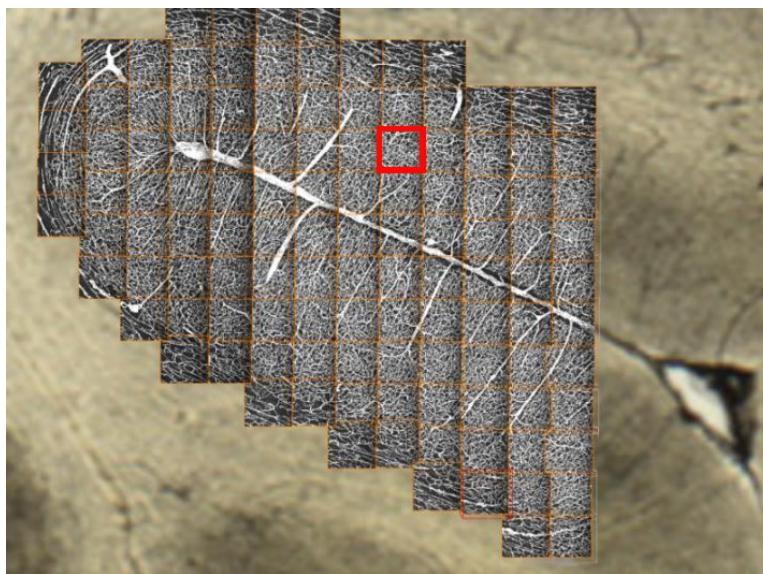


FIG. 2.21 – Mosaïque de 118 images sur le sillon de la figure 2.4 (c)

2.5 Ré-alignement des images de la mosaïque

Nous avons à présent, plusieurs "petites" images 3D ($600 \times 600 \times 150 \mu m$) avec lesquelles nous souhaitons former une seule image d'environ $1cm \times 1cm \times$

150 μ m. De petites imprécisions (de l'ordre de la dizaine de micromètres) provoquent un léger décalage entre les images jointives de la mosaïque. Nous allons, dans un premier temps, réaligner les images de la mosaïque entre elles pour compenser les déplacements effectués lors de l'acquisition. Après quoi, nous allons assembler toutes ces images pour ne former qu'une seule grande image virtuelle.

2.5.1 Recalage entre 2 images

Zone de recouvrement entre deux images

Le protocole expérimental établi en collaboration avec les chercheurs de l'unité U455 de l'INSERM prévoit, lors de l'acquisition des images, un recouvrement partiel entre les images dès que celles-ci sont jointives. Ce recouvrement d'environ 10% de la taille des images (soit ici 50 pixels) va en effet permettre de réaligner les images de la mosaïque, et ainsi de compenser les décalages induits par la vis micrométrique.

La figure 2.22 représente des exemples de coupes de deux images jointives (l'une en bleu, l'autre en vert), ainsi que leur zone de recouvrement partiel. On peut constater un décalage entre les vaisseaux dans cette zone de recouvrement.

Dans un premier temps, nous nous intéressons aux déplacements planaires (dans le plan XY) qui correspondent aux déplacements effectués par la vis micrométrique. On considère que la transformation exercée par la vis sur la plaque est une transformation rigide (la plaque n'est pas déformée par ce déplacement). Parmi les transformations rigides possibles, nous tenons compte uniquement des translations (on suppose que la plaque ne subit aucun mouvement de rotation durant l'acquisition). Les imprécisions de la vis micrométrique provoquent un léger décalage entre chacune des images jointives de la mosaïque (cf figure 2.22(a)). De plus, si la vis a un biais systématique, il se peut que deux images jointives ne soient que très peu décalées entre elles, mais lorsque ce décalage se produit toujours dans le même sens, la dernière image de la mosaïque risque d'être très décalée par rapport à sa position théorique calculée à partir de la première image.

Pour le recalage planaire, nous utilisons des projections en maximum d'intensité des images. En effet, ces projections, aussi appelées MIP [*Maximum Intensity Projection.*] sont une représentation très compacte de l'information contenue dans les volumes d'images. Une projection MIP est une image 2-D dont chaque pixel a pour intensité le maximum des intensités rencontrées sur les pixels de même abscisse et de même ordonnée et situés sur les différentes coupes de l'image 3-D. Cette image 2-D comprend ainsi plus d'informations que chacune des coupes 2-D prises séparément, et comme les vaisseaux ont une taille caractéristique très petite devant celle de l'image, celle-ci contient suffisamment d'informations pour qu'un recalage 2-D soit

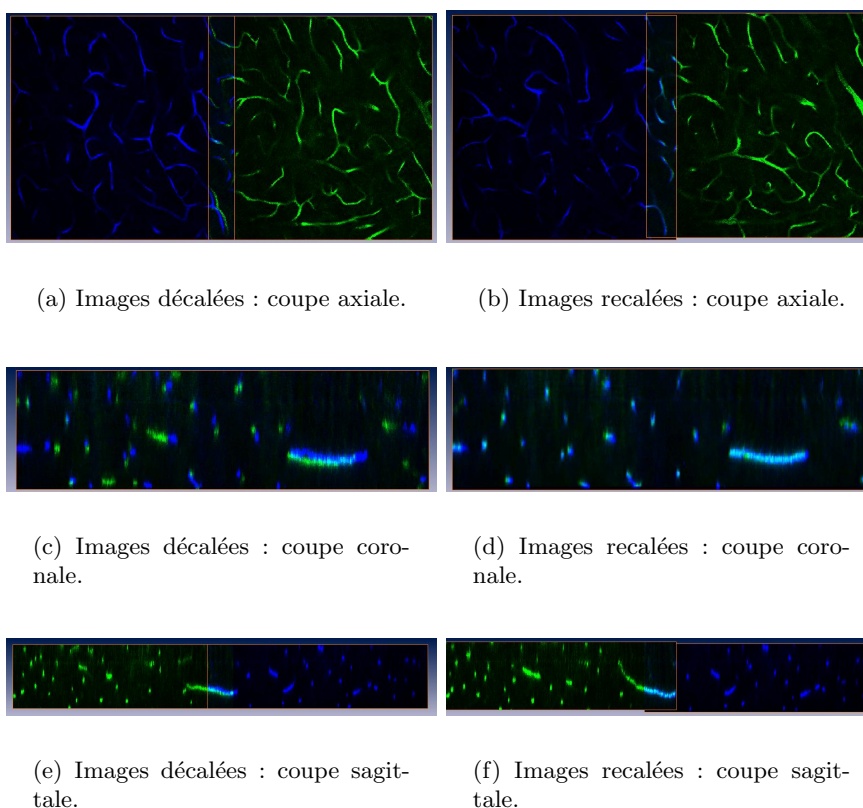


FIG. 2.22 – Exemple de coupes de deux images jointives qui ont été décalées lors de l’acquisition. La colonne de gauche (images (a), (c), (e)) montre les images avant le recalage. La colonne de droite (images (b), (d), (f)) montre les images une fois recalées.

possible. La figure 2.23 représente un exemple d’image de la mosaïque ainsi que sa projection MIP. Ainsi, lorsque deux images sont jointives, on a, sur chacune des deux projections MIP, une zone commune à chacune des deux images. Les restrictions des projections MIP à ces zones correspondent à la même zone d’observation du microscope confocal et peuvent donc être mises en correspondance.

Les images de la mosaïque présentent par ailleurs une légère déviation dans la direction Z . Ceci peut être dû au fait que la surface de la préparation n’est pas parfaitement parallèle aux lames de la plaque. En effet, lors de l’acquisition d’une image, on effectue la mise au point sur la surface de la préparation (i.e. lorsque l’on commence à observer des vaisseaux). Si cette surface n’est pas parfaitement parallèle au banc de mesure, alors l’origine des images dans la direction Z peut être décalée d’une image à l’autre (cf. figure 2.24). Une fois le recalage effectué sur le plan XY grâce aux projections MIP,

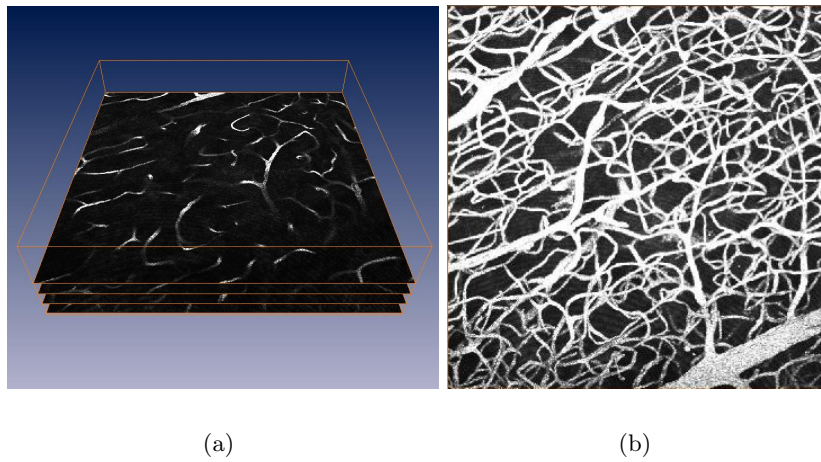


FIG. 2.23 – Exemple d'image 3D (a) et sa projection MIP (b).

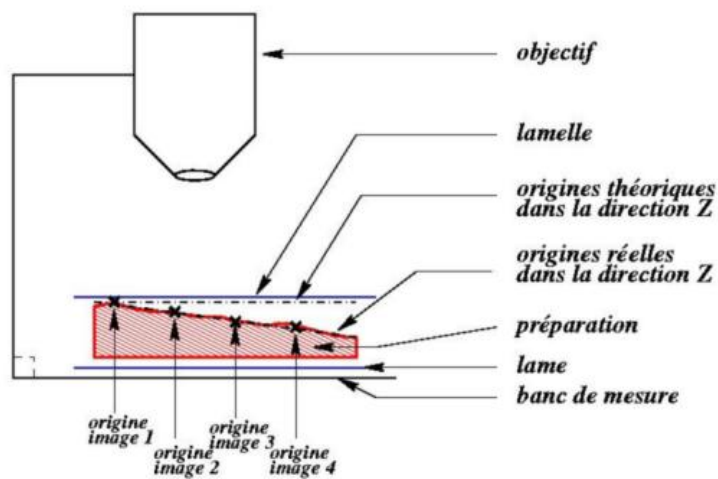


FIG. 2.24 – Lorsque la surface de la préparation n'est pas parfaitement parallèle au banc de mesure, les origines des différentes images de la mosaïque dans la direction Z peuvent être décalées. En effet, pour acquérir une image, on fait la première mise au point à la surface de la préparation (et non à la surface de la lamelle).

on cherchera la meilleure translation verticale sur le volume d'intersection des coupes. Les "imagerettes" à recaler correspondront alors à de petits volumes d'environ $50 \times 50 \times 100$ voxels.

Recalage iconique rigide

Comme nous l'avons vu précédemment, nous cherchons à compenser les translations entre les positions théoriques et réelles des images de la mosaïque. De plus, pour simplifier les calculs, nous cherchons des translations proportionnelles à la taille des voxels, c'est-à-dire que ce sont les voxels des zones communes des images qui sont mis en correspondance entre eux.

Il existe de très nombreuses méthodes de mise en correspondance entre deux images (le lecteur pourra trouver un état de l'art des différentes méthodes de mise en correspondance d'images dans [Bro92, MV98, Zha93] par exemple). On peut séparer ces méthodes en deux grandes familles : les méthodes de recalage géométrique, basées sur les formes (appelées *feature based* en anglais), et les méthodes de recalage iconique, basées sur les intensités des images à recalcr (appelées *intensity-based* en anglais). Contrairement aux méthodes géométriques, les méthodes iconiques ne nécessitent pas de segmentation préalable. Or, nous ne souhaitons appliquer aucun traitement aux images séparées avant la construction de l'image d'ensemble. C'est pourquoi nous nous sommes plutôt intéressés aux méthodes basées uniquement sur les intensités. Dans [Roc01], Roche décrit le principe du recalage iconique à travers un exemple simple : supposons que l'on souhaite recalcr deux images identiques à une transformation spatiale près³. Si l'on superpose les images de manière à compenser cette transformation, leurs intensités sont en tout point identiques. Mais si la transformation ne correspond pas au véritable décalage, alors les points qui se correspondent entre les deux images n'ont pas la même intensité. Si l'on est capable de mesurer le degré de recouvrement entre les points de même intensité, on obtient indirectement la mesure de l'écart entre la transformation considérée et la véritable transformation. Une telle mesure, peut être, par exemple, la somme des différences d'intensité au carré. Cette mesure de similarité entre deux images (aussi appelé *SSD* [*Sum of Squared Differences*.]) atteint son minimum absolu (zéro) lorsque les images sont parfaitement recalées. Formellement, si l'on note

- Θ l'ensemble des translations
- S une mesure de similarité
- \hat{T} , la transformation à appliquer à l'image J pour la recalcr sur l'image I , on obtient :

$$\hat{T} = \operatorname{argmax}_{T \in \Theta} \{S(I, J, T)\}$$

Nous avons vu, dans le paragraphe précédent, que les zones de recouvrement qui correspondent aux zones de recherche du minimum de la mesure de similarité ne sont pas très étendues. Elles nous permettent une recherche exhaustive de ce minimum : on considère Θ comme l'ensemble des translations possibles autour de la position absolue théorique T_0 de l'image.

³Ceci correspond à deux "imageries" qui représentent les zones de recouvrement de deux images jointives de la mosaïque.

Le recalage entre deux projections MIP I et J correspondant à deux images jointives de la mosaïque s'effectue alors de la manière suivante :

Algorithme 1 Alignement de l'image J sur l'image I

- 1: **pour** Toute translation planaire entière T de J **faire**
 - 2: Calculer la mesure de similarité sur la partie commune entre I et J .
 - 3: Garder la translation qui optimise la mesure de similarité.
 - 4: Mettre à jour les coordonnées de l'image J .
-

Le recalage vertical entre deux images jointives s'effectue de la même façon : on calcule la mesure de similarité sur le volume commun entre les deux images pour chacun des déplacements verticaux de l'une des deux images, et l'on garde le déplacement qui minimise la mesure de similarité.

Choix de la mesure de similarité

La mesure de similarité la plus intuitive est la somme des différences au carré (SSD) mentionnée plus haut. Étant donnée une translation T de l'image J , on a :

$$SSD_T = \sum_{(i,j,k) \in I \cap T(J)} (I(i,j,k) - T(J)(i,j,k))^2$$

Selon la translation T , les images I et $T(J)$ se recouvrent plus ou moins. Pour comparer des mesures homogènes entre elles, on normalise le critère SSD par le nombre de pixels communs aux deux images. On a alors :

$$SSD_T^N = \frac{1}{\text{card}(I \cap T(J))} \sum_{(i,j,k) \in I \cap T(J)} (I(i,j,k) - T(J)(i,j,k))^2$$

La figure 2.25 montre les différentes valeurs de la SSD lorsque l'on cherche toutes les translations possibles entre deux projections MIP d'images de la mosaïque (a), ainsi que ces deux projections une fois recalées (b).

Le critère SSD suppose une conservation de l'intensité entre les différentes images de la mosaïque. À première vue, des différences d'intensité et de contraste apparaissent entre les images, et même à l'intérieur d'une même image. D'autres critères de similarité existent comme par exemple le coefficient de corrélation qui suppose une relation affine entre les intensités des images. En pratique, l'utilisation de ce critère n'améliore pas les résultats du recalage sur nos images.

2.5.2 Réalignement des images de la mosaïque

Nous souhaitons recalculer toutes les images de la mosaïque les unes par rapport aux autres. Pour cela, nous allons recalculer chaque nouvelle image avec les images déjà recalées en procédant comme suit :

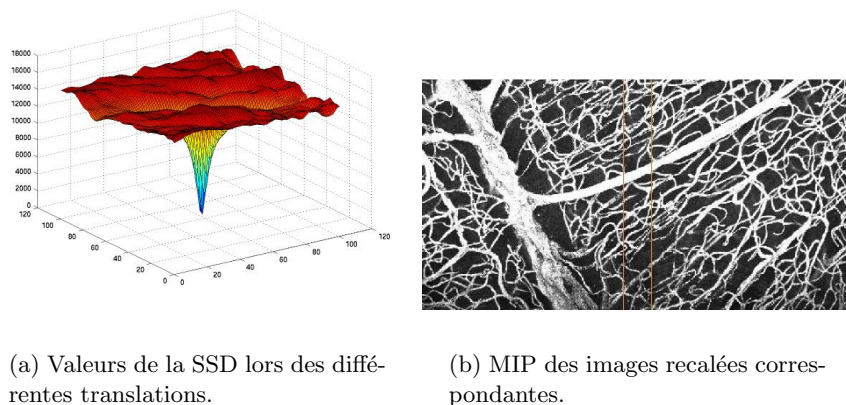


FIG. 2.25 – Exemple de recalage de deux images de la mosaïque utilisant le critère SSD. La translation optimale correspond au minimum du critère.

Algorithme 2 Réalignement des images de la mosaïque

- 1: $L_{Rec} = \{\text{Liste vide}\}$ %Liste des images déjà recalées
 - 2: $L_{NonRec} = \{\text{Images de la mosaïque}\}$ %Liste des images à recalier
 - 3: **tant que** $L_{NonRec} \neq \emptyset$ **faire**
 - 4: **si** Aucun élément de L_{NonRec} n'a de voisin dans L_{Rec} **alors**
 - 5: %Lors de la première itération, ou si la mosaïque a plusieurs composantes connexes
 - 6: Mettre la première image de L_{NonRec} dans L_{Rec}
 - 7: **sinon**
 - 8: Choisir l'image J de L_{NonRec} qui a le plus de voisins dans L_{Rec}
 - 9: Recaler J avec ses voisins dans L_{Rec}
 - 10: Faire passer J de L_{NonRec} à L_{Rec}
-

Mesure de similarité

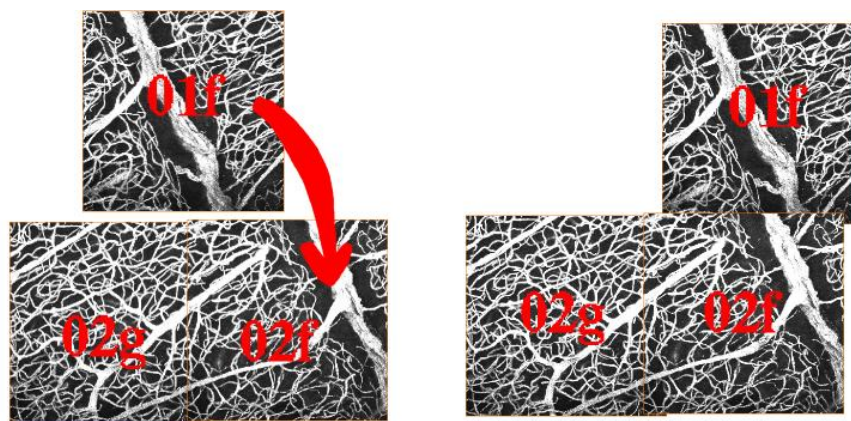
Une image peut avoir plusieurs voisines déjà recalées. Pour tenir compte de ses différentes voisines, on effectue une combinaison linéaire des SSD calculées avec chaque image, pondérées par le nombre de pixels. On obtient ainsi une mesure globale calculée sur une image par rapport à l'ensemble des images déjà recalées (noté L_{Rec}) :

$$SSD_T(J) = \sum_{I \in L_{Rec}} \left(\frac{1}{\text{card}(I \cap T(J))} \sum_{(i,j,k) \in I \cap T(J)} (I(i,j,k) - T(J)(i,j,k))^2 \right)$$

Cependant, si la surface de recouvrement est trop petite, la mesure de similarité peut ne pas être significative, surtout dans les zones sombres. Pour éviter que le recalage échoue à cause de zones non significatives, on

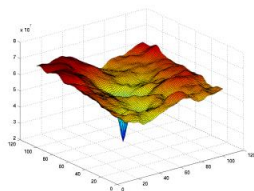
ne considère pour le calcul de la mesure de similarité, que les images qui se recouvrent entre elles sur plus de 50×50 pixels : on ne recalc pas une image sur une autre si elles n'ont qu'un "coin" en commun.

La figure 2.26 montre un exemple de recalage d'une image par rapport à deux images déjà recalées qui échoue car il tient compte d'une zone de recouvrement trop petite entre deux images. On peut voir sur la figure 2.27

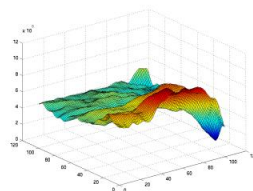


(a) On souhaite recalculer l'image 01f par rapport aux images 02f et 02g.

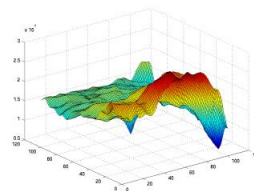
(b) Image après recalage : le recalage de l'image 01f a échoué.



(c) SSD entre les images 01f et 02f.



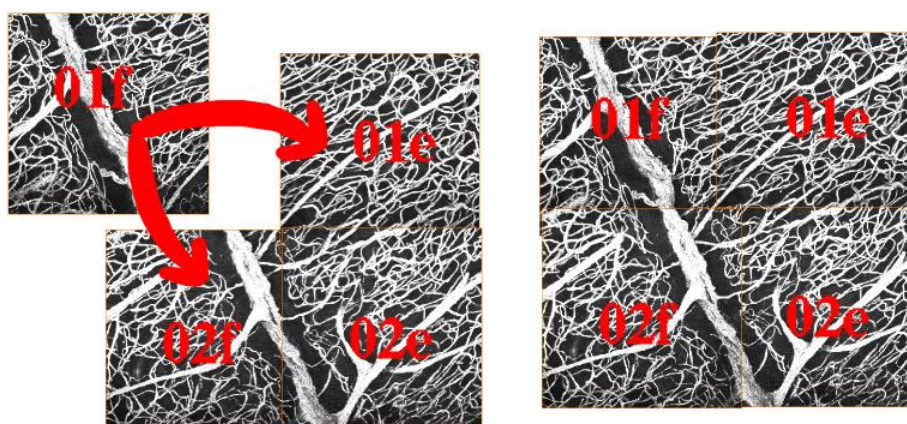
(d) SSD entre les images 01f et 02g.



(e) Combinaison linéaire des erreurs (b) et (c).

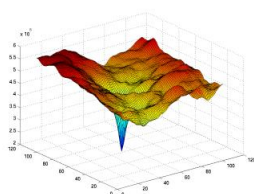
FIG. 2.26 – Si l'on souhaite recalculer l'image 01f sur les images 02g et 02f déjà recalées (a), la partie commune entre les images 01f et 02g est trop petite pour être significative et induit des erreurs (c), (d), (e), sur le recalage final (b).

le recalage d'une image par rapport à des images déjà recalées et qui ne tient pas compte des images avec lesquelles la mesure de similarité est non significative.

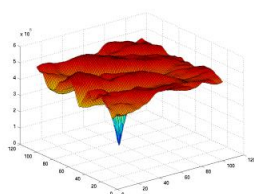


(a) On souhaite recaler l'image 01f par rapport aux images 02f et 01e.

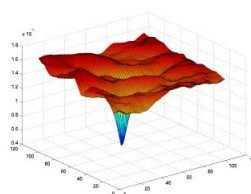
(b) Images après recalage : le recalage de l'image 01f est correct.



(c) SSD entre les images 01f et 02f.



(d) SSD entre les images 01f et 01e.



(e) Combinaison linéaire des erreurs (c) et (d).

FIG. 2.27 – Recalage de l'image 01f sur les images 02f et 01e. On ne tient pas compte de l'image 02g dont le recouvrement avec l'image 01f n'est pas significatif.

Transformation initiale

Il peut arriver que les erreurs produites par la vis micrométrique se cumulent. En effet, lorsque l'on acquiert une image, puis sa voisine, le décalage est de quelques pixels. Mais on décale ensuite la plaque dans la même direction pour acquérir une autre image voisine de la précédente et ainsi de suite. Il peut arriver qu'un biais systématique de la vis décale l'ensemble de l'acquisition dans une direction donnée. Pour recaler une image par rapport à ses voisines, on optimise un critère de similarité sur leur partie commune. Cette partie représente environ 10% de chaque image. Dans le cas de très grandes mosaïques (comme par exemple la mosaïque de 118 images présentée plus haut), si plusieurs images sont décalées de quelques pixels dans la

même direction on peut avoir un décalage de plus de 50 pixels. Dès lors, lorsque l'on souhaitera recaler une nouvelle image sur cette mosaïque, il se peut qu'il n'y ait plus de recouvrement avec les images déjà recalées. Pour éviter cela, on considère une transformation initiale T_0 qui correspond à une translation égale au barycentre de toutes les translations effectuées pour recaler les images précédentes. Ainsi, une fois que l'on a décalé l'image à recaler de T_0 , on peut chercher la translation par rapport à ses voisines sur un petit voisinage (d'une cinquantaine de pixels).

2.6 Création de l'image virtuelle

Nous avons à présent des séries d'images qui représentent chacune une large surface du cortex. Un volume d'images acquis au microscope à lui seul ne couvre qu'une très petite partie du cortex. Pour suivre des gros vaisseaux, nous avons besoin d'images beaucoup plus étendues : les figures 2.20 et 2.21 montrent des vaisseaux qui traversent plusieurs volumes d'images. Nous souhaitons donc que chaque mosaïque forme un tout indissociable afin que l'on puisse l'exploiter. Pour cela, nous allons fusionner en une seule image les images de chaque mosaïque.

Pour chaque mosaïque, on crée alors une grande image à partir des différentes images de cette mosaïque. Pour choisir la valeur des voxels situés dans les régions de recouvrement entre les images, on effectue une combinaison linéaire des valeurs des voxels correspondants dans les images de départ. Le poids affecté à chacune de ces valeurs dépend de la distance du voxel par rapport au bord de l'image, pour assurer une transition régulière. Soit I l'image finale, pour tout voxel commun aux images J_l , on a :

$$\forall p \in \bigcap \{J_l\}_{(1..m)}, I(p) = \frac{1}{\sum_{l=1}^m \text{dist}(p, \text{bord}(J_l))} \sum_{l=1}^m \text{dist}(p, \text{bord}(J_l)) \times J_l(p)$$

L'image ainsi obtenue est sauvée au fur et à mesure sur le disque dur, mais pose problème car elle ne peut être chargée en une seule fois dans la mémoire vive d'un ordinateur standard. En effet, si l'on prend l'exemple de la mosaïque qui comporte 118 images (chaque voxel étant stocké sur un octet), on a une image finale d'environ $118 \times 512 \times 512 \times 128$ octets $\approx 3,5$ Go. Même pour les ordinateurs qui possèdent une telle mémoire vive, le traitement des données en plus du chargement pose problème.

Pour charger partiellement les fichiers, nous avons donc choisi le format de fichier HDF5 [NCS03] qui est un format de stockage de données. Il peut gérer des données multi-dimensionnelles associées à des méta-données et permet ainsi un accès rapide et efficace à des sous-blocs d'une grande image.

2.7 Conclusion

Notre but est de fournir des outils informatiques adaptés à l'étude qualitative, quantitative et statistique de la micro-circulation cérébrale. Nous nous sommes pour cela basés sur l'analyse de Duvernoy & al. (section 2.2) qui, bien que très détaillée qualitativement ne comportait aucune étape de numérisation et d'analyse quantitative numérique.

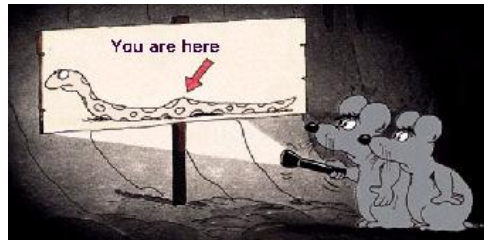
Nous avons choisi d'utiliser, pour la numérisation des données, le microscope confocal (dont le fonctionnement et les limites sont détaillées section 2.3) car il permet de donner des images numériques tridimensionnelles dont la précision est bien adaptée à notre problème. Nous avons donc proposé, en collaboration avec les chercheurs de l'unité U455 de l'INSERM, un protocole d'acquisition qui permet d'obtenir des mosaïques d'images (section 2.4). Ces mosaïques, une fois pré-traitées et transformées en grandes images (sections 2.5 et 2.6), ont une résolution très fine qui permet d'imager même les plus petits capillaires et couvrent en même temps une portion relativement étendue du cortex cérébral. En effet, dans le cas d'une mosaïque de 118 images (exposée section 2.4.3) l'image finale peut couvrir presque 1cm^2 du cortex cérébral.

Si les images obtenues ont une résolution suffisante et couvrent une partie statistiquement significative du cortex, elles ont certains désavantages. Tout d'abord, nous avons vu que la taille des voxels n'était pas forcément la même dans les directions \mathbf{X} , \mathbf{Y} , et \mathbf{Z} . La taille des voxels dans les différentes directions (d_{XY}, d_{XZ}, d_{YZ}), peut aussi varier d'une mosaïque à l'autre. Les algorithmes de traitement (notamment la mesure du rayon des vaisseaux) devront prendre en compte cette anisotropie, ainsi que le fait qu'elle puisse varier entre les images.

De plus, la taille des images, souvent plusieurs giga octets, fait qu'elles ne peuvent pas être chargées et traitées en une seule fois dans la mémoire vive d'un ordinateur standard. Nous avons choisi de traiter ces images à l'aide de sous-images : on charge un petit bloc de l'image à la fois. Cette restriction nous pousse par la suite à chercher des algorithmes assez simples et efficaces pour être adaptés à une gestion en sous-images. Or, si certains algorithmes (comme le filtrage par exemple) sont facilement adaptables en traitements par sous-blocs, d'autres devront être totalement repensés. Enfin, même si l'on ne recherche pas une réalisation en temps réels, les algorithmes déjà très lents pour de petites images seront rédhibitoires pour des images aussi volumineuses que les nôtres.

CHAPITRE 3

Cartes de distances



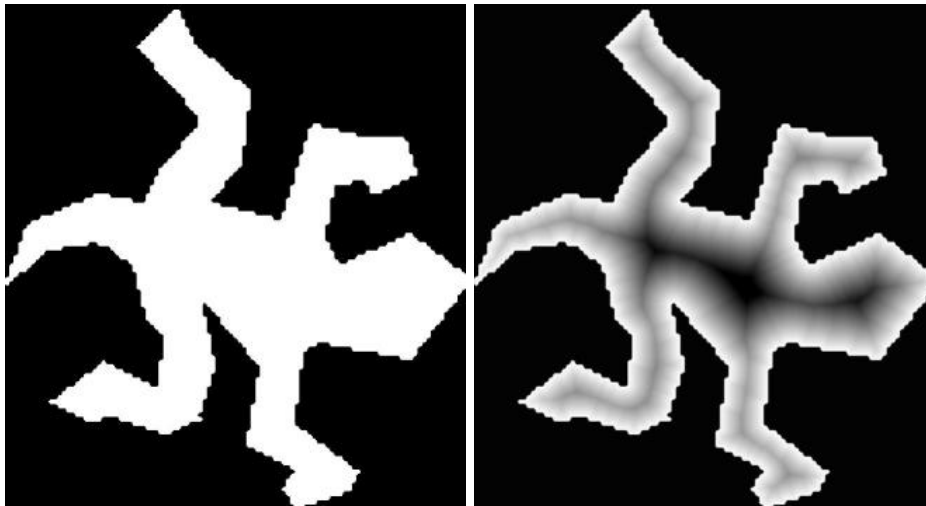
Sommaire

3.1	Introduction	57
3.2	État de l'art	58
3.2.1	Transformation exacte de distance euclidienne	58
3.2.2	Transformation approchée de la distance euclidienne	59
3.3	Rappels sur les distances de chanfrein	60
3.3.1	Distance et norme discrètes	60
3.3.2	Cartes de chanfrein	62
3.3.3	Distances et normes de chanfrein	67
3.3.4	Calcul des coefficients optimaux	70
3.4	Calcul analytique de l'erreur	73
3.4.1	Décomposition de la géométrie du masque	73
3.4.2	Expression analytique de l'erreur	76
3.5	Critère local de norme sur un module	81
3.6	Calcul des coefficients optimaux	82
3.6.1	Géométrie du masque	82
3.6.2	Parcours en profondeur récursif	85
3.6.3	Parcours en profondeur avec alpha élagage	85
3.6.4	Résultats : exemples de masques de chanfrein	86
3.7	Calcul de cartes de chanfrein sur une mosaïque d'images	89
3.8	Conclusion	92

¹Uli Stein

3.1 Introduction

Considérons une image binaire I comprenant un fond noir et un objet blanc. Chaque élément unitaire de l'image, i.e. chaque *voxel* a pour valeur soit 0 s'il est situé dans le fond, soit 1 s'il est situé dans l'objet. Les transformations de distance transforment cette image binaire en une image en niveaux de gris, où la valeur de chaque voxel de l'objet correspond à sa plus petite distance par rapport au fond. Elles sont très utilisées en analyse d'image puisqu'elles permettent d'extraire des paramètres morphologiques des objets comme la forme, la longueur ou le diamètre. Elles peuvent être utiles entre autres pour l'extraction de squelettes [Pud98], la construction de diagrammes de Voronoï, l'interpolation basée sur la forme [HZB92, GU96], ou encore le recalage [CCR⁺99]. La figure 3.1 illustre une image binaire et sa carte de distance.



(a) Image binaire

(b) Carte de distance de (a)

FIG. 3.1 – Un exemple d'image binaire et sa carte de distance.

Dans un premier temps, nous allons voir un rapide état de l'art sur les différentes façons de calculer une carte de distance. La spécificité de notre application nous a conduit à considérer la méthode dite du chanfrein. Nous verrons donc par la suite, des rappels sur les distances de chanfrein, puis comment calculer les coefficients optimaux des masques de chanfrein pour des images dont la grille est anisotrope, et enfin, comment calculer une carte de chanfrein sur une mosaïque d'images.

3.2 État de l'art

Si l'on devait calculer la distance de chacun des points de l'objet d'une image binaire par rapport à chacun des points du fond, on obtiendrait un coût algorithmique beaucoup trop élevé par rapport aux exigences du traitement d'images. De nombreux auteurs se sont donc penchés sur des alternatives au calcul exhaustif des cartes de distance. Pour cela, ils utilisent la cohérence spatiale d'une carte de distance qui permet la notion de propagation d'information locale. Aussi, de nombreuses transformations de distances ont été proposées dans la littérature. Une analyse bibliographique très complète est proposée dans [Cui99]. Nous proposons ici un rapide rappel de l'état de l'art dans le domaine.

3.2.1 Transformation exacte de distance euclidienne

Une première catégorie d'algorithmes vise à calculer des cartes de distances avec une estimation exacte de la distance euclidienne. On les note *EDT* [*Euclidean Distance Transform.*].

Il existe deux façons d'utiliser la propagation de distances locales pour le calcul des EDTs :

- soit de manière *séquentielle*, c'est-à-dire que l'on traite chaque voxel de l'image l'un après l'autre. Lorsque l'on a besoin de la valeur d'un voxel voisin, on considère sa dernière valeur après modification.
- soit de manière *parallèle*, c'est-à-dire que l'on traite tous les voxels de l'image en même temps pour former une nouvelle image. Lorsque l'on a besoin de la valeur d'un voxel voisin, on considère sa valeur dans l'image originale. On ré-itére ce processus sur la nouvelle image, jusqu'à la stabilisation de l'image obtenue.

Danielsson propose dans [Dan80] une méthode séquentielle, notée *SED* [*Sequential Euclidean Distance.*] qui consiste à propager des vecteurs reliant les points de l'objet aux points du fond les plus proches. Elle effectue 4 ou 8 passages pour une image 2D. Ragnelman [Rag93] propose d'utiliser différents masques pour cette méthode, réduisant ainsi le nombre de passages sur les images (il obtient par exemple trois passages sur une image 3D). Yamada [Yam84] propose une version parallèle de cet algorithme en utilisant un filtre qu'il applique sur toute l'image jusqu'à convergence.

Sih et Mitchell [SM92] définissent une transformée de distance comme une érosion par un élément structurant dont la largeur correspond à la distance maximale dans l'image. Ils décomposent ensuite cet élément structurant en plus petits éléments pour permettre le calcul. Huang et Mitchell [HM94] adaptèrent cette méthode pour calculer le carré de la distance euclidienne.

D'autres méthodes encore proposent de calculer des transformées de distance grâce aux diagrammes de Voronoï discrets [BGKW95, Coe02]. Elles

considèrent un ensemble de sites P correspondant aux points discrets du complémentaire de l'objet considéré. Le diagramme de Voronoï discret de P donne, en tout point de l'objet, le point de P qui lui est le plus proche. Ainsi, pour obtenir la transformée de distance, il suffit ensuite d'étiqueter les points discrets de l'objet par sa distance au point de P donné par le diagramme. Résoudre le problème du calcul du diagramme de Voronoï permet ainsi de résoudre le problème du calcul de la transformée en distance euclidienne.

D'autres enfin [ST94] calculent des distances exactes en considérant le carré de la distance euclidienne d'abord sur les lignes, puis sur les colonnes, et enfin sur les plans de l'image. Ils déterminent ainsi le chemin le plus court pour atteindre un point à l'extérieur de l'objet, puis calculent la longueur euclidienne de ce chemin.

3.2.2 Transformation approchée de la distance euclidienne

Comme nous l'avons vu dans le chapitre consacré à l'acquisition des images, les images que nous devons traiter concernent un volume considérable de données (plusieurs giga octets). L'exploitation de ces images nous a poussé à nous intéresser aux transformations de distance approchées pour deux raisons :

1. nous avons besoin d'algorithmes extrêmement **simples** et rapides, consommant peu de mémoire, et pouvant être facilement adaptés à un calcul en sous-images ;
2. nous souhaitons obtenir une carte de distance contenant des entiers pour des problèmes de stockage et pour faciliter les calculs de squelettes des vaisseaux.

Or, les algorithmes présentés ci-dessus sont très efficaces pour des images de taille normale, mais difficilement adaptables à notre cas. En effet, les algorithmes parallèles sont très simples et très rapides, mais multiplient au moins par deux la taille des images stockées en mémoire. On stocke le résultat de chaque passe dans une image différente de l'image de départ. Quant aux algorithmes séquentiels, les plus rapides ne sont pas toujours facilement adaptables à une réalisation en sous-images.

Les distances de chanfrein, proposées par Montanari [Mon68], et popularisées par Borgfors [Bor84] réalisent ces attentes. En effet, elles calculent une estimation entière proportionnelle à la distance euclidienne en propageant des estimations de distances locales, et peuvent être très efficacement implémentées grâce à un algorithme qui effectue deux passages sur l'image [RP66].

Cette transformation calcule une valeur approchée de la distance euclidienne. Le point délicat de cette méthode est le choix judicieux du masque de chanfrein qui minimisera l'erreur entre les valeurs obtenues et la distance euclidienne. C'est ce que nous verrons dans la section 3.6.

3.3 Rappels sur les distances de chanfrein

Nous avons choisi d'utiliser les distances de chanfrein qui peuvent être calculées en propageant des distance locales grâce à des masques de chanfrein. Dans cette section, nous rappelons quelques propriétés des distances et masques de chanfrein, proposées par Rémy et Thiel [RT00], en nous appuyant sur le formalisme de [Thi01]. Nous décrivons ensuite des calculs classiques de coefficients optimaux.

On note \mathbb{R} le corps des réels, et \mathbb{Z} l'anneau des entiers. Un espace vectoriel est défini sur un corps commutatif noté K . Soit $n \in \mathbb{N}$, alors K^n est un espace vectoriel sur K . Par exemple, \mathbb{R}^n est un espace vectoriel sur \mathbb{R} . Cependant, comme \mathbb{Z} est un anneau commutatif et non un corps, \mathbb{Z}^n ne définit pas un espace vectoriel sur \mathbb{Z} .

Les notions de **distance** et de **norme** sont généralement définies sur un espace vectoriel de dimension finie \mathbb{R}^n et à valeurs dans \mathbb{R} . On souhaite ici définir une distance **discrète**, c'est-à-dire une distance sur \mathbb{Z}^n à valeurs dans \mathbb{Z} . Comme \mathbb{Z}^n n'est pas un espace vectoriel, on doit étendre les notions de distance et de norme.

Dans la suite, étant donné un sous-groupe F de \mathbb{R} , on note $p = (p_i)_{i=1..n}$ un élément de F^n avec $\forall i \in [1..n], p_i \in F$. Un vecteur \mathbf{v} sera aussi noté $(v_i)_{i=1..n}$.

3.3.1 Distance et norme discrètes

DÉFINITION 3.1 (distance)

Soit E un ensemble non vide (par exemple \mathbb{Z}^n) et F un sous-groupe de \mathbb{R} . Une distance sur E à valeur dans F , notée (d, E, F) , est une application $d : E \times E \rightarrow F$ qui vérifie les propriétés suivantes :

$$\begin{array}{lll}
 (\text{positivité}) & \forall p, q \in E & d(p, q) \geq 0 \\
 (\text{définition}) & \forall p, q \in E & d(p, q) = 0 \Leftrightarrow p = q \\
 (\text{symétrie}) & \forall p, q \in E & d(p, q) = d(q, p) \\
 (\text{inégalité triangulaire}) & \forall p, q, r \in E & d(p, q) \leq d(p, r) + d(r, q)
 \end{array}$$

Les distance usuelles de \mathbb{R}^n , d_1 , d_2 (la distance euclidienne, aussi notée

d_E) et d_∞ sont définies comme suit :

$$\begin{aligned} d_1(p, q) &= \sum_{i=1}^n |q_i - p_i| \\ d_2(p, q) &= \sqrt{\sum_{i=1}^n |q_i - p_i|^2} \\ d_\infty(p, q) &= \max_{i=1..n} \{|q_i - p_i|\} \end{aligned}$$

On appelle *distance discrète* une distance $(d, \mathbb{Z}^n, \mathbb{Z})$. d_1 et d_∞ sont des distances discrètes ($\forall p, q \in \mathbb{Z}^n$, $d_1(p, q) \in \mathbb{Z}$, et $d_\infty(p, q) \in \mathbb{Z}$). Mais ce n'est pas le cas de d_E . De plus, même si le carré et la troncature de d_E sont des applications discrètes, ce ne sont pas des distances. En effet, elles ne vérifient pas l'inégalité triangulaire (par exemple en dimension 1, soient $o(0)$, $p(-1)$, et $q(2)$, alors $d_E^2(po) = (-1)^2 = 1$, $d_E^2(oq) = 2^2 = 4$ et $d_E^2(pq) = 3^2 = 9$ d'où $d_E^2(p, q) = 9 > 5 = d_E(po) + d_E(oq)$). Or, d_E est la distance la plus utilisée dans le domaine continu car elle est invariante par rotation. Les distances de chanfrein offrent un moyen d'approximer une valeur proportionnelle à la distance euclidienne dans l'espace discret $(\mathbb{Z}^n, \mathbb{Z})$.

Une norme est généralement définie sur un espace vectoriel. La notion de *module* permet de généraliser la notion d'espace vectoriel à des ensembles tels que \mathbb{Z}^n . Un module ressemble beaucoup à un espace vectoriel, à ceci près que dans les modules, les coefficients sont pris dans des anneaux (comme \mathbb{Z}) au lieu d'être pris dans des corps (comme \mathbb{R}).

DÉFINITION 3.2 (module)

Soit A un anneau commutatif (par exemple \mathbb{Z}) avec deux éléments neutres notés 0 et 1. Un ensemble E (par exemple \mathbb{Z}^n) est appelé module sur A (ou A -module), noté (E, A) , si E possède une opération de groupe commutatif (notée $+$), une loi externe (notée \cdot) et satisfait les propriétés suivantes :

$$\begin{aligned} (\text{identité}) \quad & \forall \mathbf{x} \in E & 1 \cdot \mathbf{x} &= \mathbf{x} \\ (\text{associativité}) \quad & \forall \mathbf{x} \in E, \forall \lambda, \mu \in A, & \lambda \cdot (\mu \cdot \mathbf{x}) &= (\lambda \mu) \cdot \mathbf{x} \\ (\text{distributivité scalaire}) \quad & \forall \mathbf{x} \in E, \forall \lambda, \mu \in A, & (\lambda + \mu) \cdot \mathbf{x} &= \lambda \cdot \mathbf{x} + \mu \cdot \mathbf{x} \\ (\text{distributivité vectorielle}) \quad & \forall \mathbf{x}, \mathbf{y} \in E, \forall \lambda \in A, & \lambda \cdot (\mathbf{x} + \mathbf{y}) &= \lambda \cdot \mathbf{x} + \lambda \cdot \mathbf{y} \end{aligned}$$

La principale différence entre un module et un espace vectoriel vient du fait que les éléments d'un anneau ne sont pas inversibles pour la loi externe (par exemple, $2 \in \mathbb{Z}$, mais $\frac{1}{2} \notin \mathbb{Z}$). En particulier, une base d'un module de dimension n est une famille de n vecteurs indépendants $(v_i)_{i=1..n}$, i.e. :

$$\forall \alpha \in A^n, \sum_{i=1}^k \alpha_i \mathbf{v}_i = 0, \iff \forall i \in [1..n] \alpha_i = 0.$$

Mais une famille linéairement indépendante de n vecteurs peut ne pas être une base de A^n . Par exemple, les vecteurs $(1, 0)$ et $(0, 2)$ sont linéairement indépendants, mais ne forment pas une base de \mathbb{Z}^2 car le vecteur $(0, 1)$ ne peut pas être atteint par une combinaison linéaire d'entiers.

On définit une norme dans un module de la même façon que dans un espace vectoriel :

DÉFINITION 3.3 (norme)

Soit (E, A) , un module et F un sous-groupe de \mathbb{R} . Une norme sur (E, A) à valeurs dans F est une application $g : E \rightarrow F$ qui vérifie :

$$\begin{array}{lll} \text{(positivité)} & \forall \mathbf{x} \in E & g(\mathbf{x}) \geq 0 \\ \text{(définition)} & \forall \mathbf{x} \in E & g(\mathbf{x}) = 0 \iff \mathbf{x} = \mathbf{0} \\ \text{(inégalité triangulaire)} & \forall \mathbf{x}, \mathbf{y} \in E & g(\mathbf{x} + \mathbf{y}) \leq g(\mathbf{x}) + g(\mathbf{y}) \\ \text{(pseudo homogénéité)} & \forall \mathbf{x} \in E, \forall \lambda \in A, & g(\lambda \mathbf{x}) = |\lambda|g(\mathbf{x}) \end{array}$$

Considérons à présent une image binaire I c'est-à-dire une application d'un ensemble fini de \mathbb{Z}^n vers $\{0, 1\}$.

DÉFINITION 3.4 (carte de distance)

Étant donnée une image binaire I , soient $X = \{p \in E | I(p) = 1\}$ l'objet de l'image, et $\bar{X} = \{p \in E | I(p) = 0\}$ le fond de l'image. La carte de distance de I est une image en niveaux de gris où la valeur de chaque pixel de l'objet correspond à sa plus petite distance au fond, i.e. :

$$DM_X : \begin{cases} E \rightarrow F \\ p \mapsto d(p, \bar{X}) = \inf \{d(p, q), q \in \bar{X}\} \end{cases}$$

3.3.2 Cartes de chanfrein

Une méthode efficace pour calculer une carte de distance est la méthode dite du chanfrein qui consiste à propager des distances locales grâce à un masque de chanfrein.

Masque de chanfrein

Soient (E, A) un module, et F un sous-groupe de \mathbb{R} .

DÉFINITION 3.5 (masque de chanfrein)

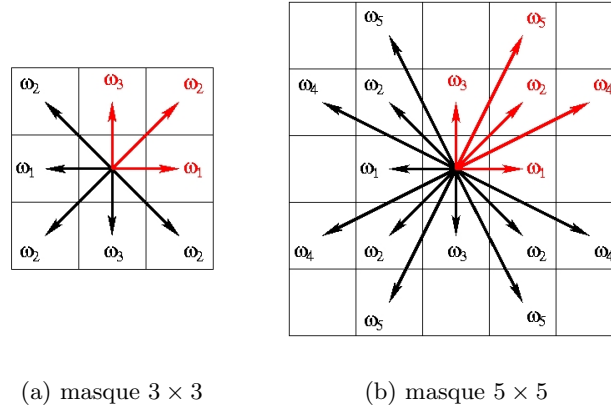
Un masque de chanfrein est un ensemble fini de vecteurs pondérés $\mathcal{M}_C =$

$\{(\mathbf{v}_k, \omega_k) \in E \times F, 1 \leq k \leq m\}$ qui contient au moins une base de E , et qui vérifie les propriétés suivantes :

$$\begin{aligned} (\text{pondérations positives}) \quad & \forall k \quad \omega_k > 0 \text{ et } \mathbf{v}_k \neq \mathbf{0} \\ (\text{symétrie}) \quad & \forall (\mathbf{v}, \omega) \in \mathcal{M}_C, \quad ((\pm v_i), \omega) \in \mathcal{M}_C \text{ avec } \mathbf{v} = (v_i) \end{aligned}$$

On appelle $\mathcal{C}(E, A, F)$ l'ensemble des masques de chanfrein dans un module (E, A) avec des coefficients dans F .

En pratique, les vecteurs \mathbf{v}_k représentent des déplacements autorisés dans un voisinage du point central, à partir desquels on va pouvoir propager une distance locale. On peut considérer différentes tailles de voisinages du point central. On définit alors la *taille d'un masque* comme le nombre de voxels (en comptant le voxel central) dans la largeur et la longueur (et la profondeur en $3D$) du masque.

(a) masque 3×3 (b) masque 5×5 FIG. 3.2 – Exemples de masques $2D$

Par exemple, la figure 3.2 (a) représente un masque 2-D de taille 3×3 et la figure 3.2 (b) représente un masque 2-D de taille 5×5 .

Principe de calcul d'une carte de chanfrein

On peut calculer une carte de chanfrein de manière séquentielle ou parallèle. L'algorithme parallèle est le plus intuitif. On initialise tout d'abord l'image à 0 pour le fond et ∞ pour l'objet (en pratique une très grande valeur). Puis on centre le masque sur chacun des pixels de l'objet. Le pixel considéré prend alors comme valeur le minimum entre

- sa précédente valeur et
- les valeurs obtenues en ajoutant
 - le poids correspondant à chacun des vecteurs du masque et
 - la valeur du point de l'image correspondant à ce vecteur.

Tous les calculs se font simultanément sur chaque pixel à partir de l'image initialisée et forment une nouvelle image. On réitère ce processus jusqu'à ce qu'aucun des pixels ne change de valeur. La figure 3.3 montre les images intermédiaires obtenues par ce calcul. Cependant, bien que massivement

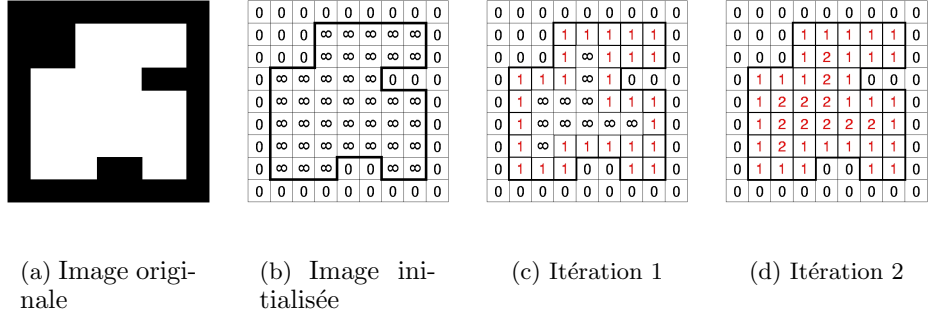


FIG. 3.3 – Étapes de l'algorithme de calcul parallèle d'une carte de chanfrein. On considère un masque 2-D 3×3 où $\omega_1 = \omega_2 = \omega_3 = 1$ (cf figure 3.2 (a))

parallélisable, cet algorithme ne possède pas un temps de calcul déterminé. En effet, le nombre de passages sur l'image dépend de l'épaisseur de l'objet.

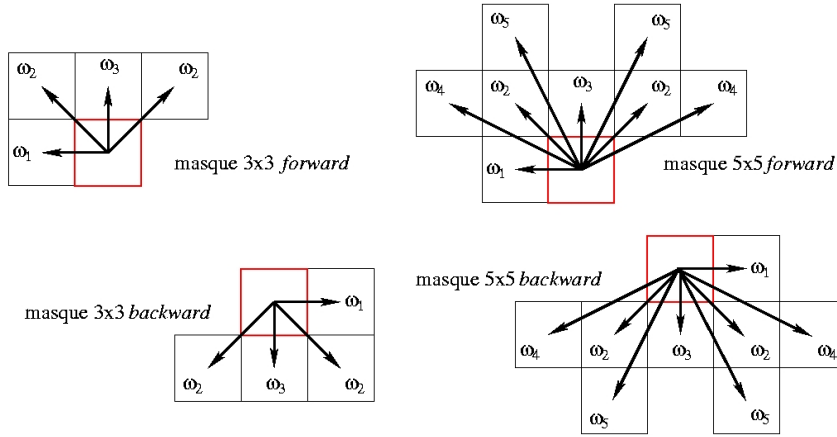
Rosenfeld et Pflatz ont montré dans [RP66] que cet algorithme parallèle pouvait être remplacé par deux opérations séquentielles sur l'image. Ceci s'effectue en décomposant le masque parallèle pour former 2 masques séquentiels symétriques par rapport à O comme le montre la figure 3.4. On effectue alors deux passages sur l'image initialisée (notons I_x , I_y et I_z les dimensions de l'image originale I dans les directions \mathbf{x} , \mathbf{y} et \mathbf{z}) :

- un passage avant (appelé passage *forward*) qui parcourt l'image dans le sens vidéo :

- 1: **pour** $z = 1$ à I_z **faire**
- 2: **pour** $y = 1$ à I_y **faire**
- 3: **pour** $x = 1$ à I_x **faire**
- 4: $p = (x, y, z)$
- 5: $I(p) = \min \left(I(p), \min_{\mathbf{v}_k \in \mathcal{M}_C^{forward}} (I(p + \mathbf{v}_k) + \omega_k) \right)$

- un passage arrière (appelé passage *backward*) qui parcourt l'image dans le sens vidéo inverse :

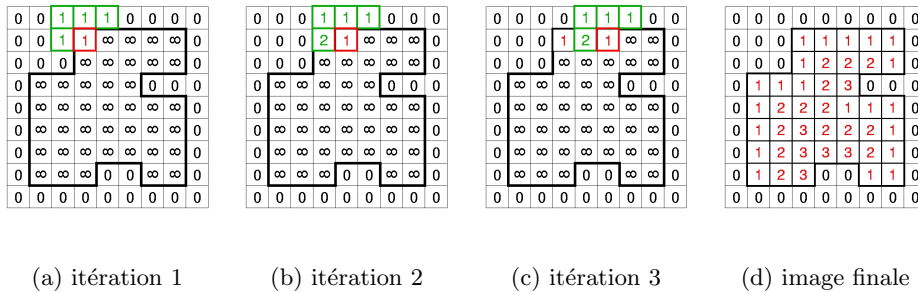
- 1: **pour** $z = I_z$ à 1 **faire**
- 2: **pour** $y = I_y$ à 1 **faire**
- 3: **pour** $x = I_x$ à 1 **faire**
- 4: $p = (x, y, z)$
- 5: $I(p) = \min \left(I(p), \min_{\mathbf{v}_k \in \mathcal{M}_C^{backward}} (I(p + \mathbf{v}_k) + \omega_k) \right)$



(a) Masques séquentiels 3×3 correspondant à la figure 3.2 (a) (b) Masques séquentiels 5×5 correspondant à la figure 3.2 (b)

FIG. 3.4 – Masques de chanfrein utilisés par l’algorithme itératif

Les figures 3.5 et 3.6 représentent les premières étapes des passages *forward* et *backward* à partir de l’image initialisée 3.3 (b).



(a) itération 1 (b) itération 2 (c) itération 3 (d) image finale

FIG. 3.5 – Premières étapes ((a), (b) et (c)) et étape finale (d) du passage *forward* sur l’image initialisée 3.3 (b) (les valeurs possibles du point considéré sont en vert.)

Points visibles

Par souci d’homogénéité, on choisit les vecteurs d’un masque de chanfrein parmi les vecteurs visibles de l’espace :

DÉFINITION 3.6 (vecteur visible)

Un vecteur $\mathbf{v} \in \mathbb{Z}^n$ est dit visible (depuis l’origine) s’il n’existe aucun vecteur de \mathbb{Z}^n qui soit colinéaire à \mathbf{v} et dont l’extrémité soit comprise entre O

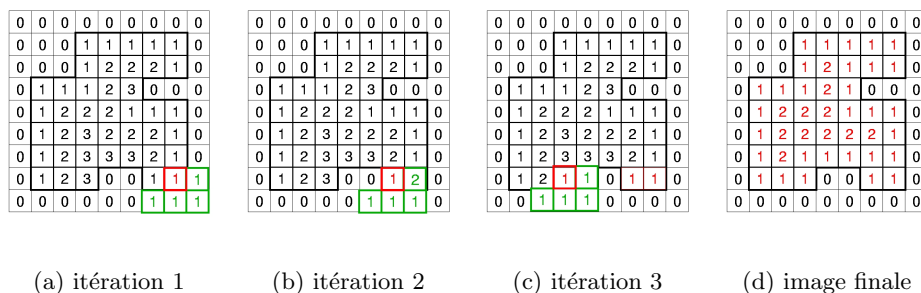


FIG. 3.6 – Premières étapes ((a), (b) et (c)) et étape finale (d) du passage *backward* sur l'image 3.5 (d) (les valeurs possibles du point considéré sont en vert.)

et l'extrémité de \mathbf{v} .

Une condition nécessaire et suffisante pour cela est $\text{pgcd}(v_i)_{i=1..n} = 1$ [HW79]

En effet, supposons qu'un masque de chanfrein contienne un vecteur \mathbf{v} non visible. Alors il existe un vecteur \mathbf{w} du masque qui vérifie $\mathbf{v} = \lambda \mathbf{w}$ avec $\lambda \in \mathbb{R}^+$. Notons q l'extrémité du vecteur \mathbf{w} (i.e. $\mathbf{O}q = \mathbf{w}$). Si $\omega_{\mathbf{v}} = \lambda d_C(O, q)$, alors l'algorithme de Rosenfeld associe déjà le poids correct au point q et le masque est redondant. Si $\omega_{\mathbf{v}} \neq \lambda d_C(O, q)$ alors la carte de distance obtenue n'est pas homogène selon la direction \mathbf{v} et l'on n'est pas sûr de pouvoir prédire $d_C(O, q)$, ce qui n'est pas souhaitable. Ainsi, pour simplifier le calcul des coefficients de chanfrein, et pour être capable de prévoir le résultat d'un algorithme de chanfrein, on ne considère dans un masque de chanfrein, que des vecteurs visibles depuis l'origine.

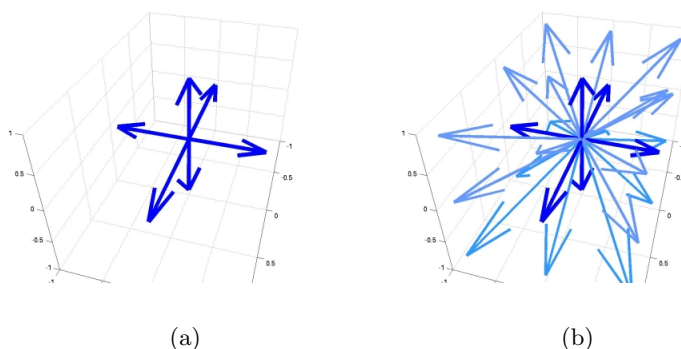


FIG. 3.7 – Exemples de géométries de masques $3 \times 3 \times 3$.

La figure 3.7 représente deux exemples de masques 3D $3 \times 3 \times 3$ qui contiennent uniquement des points visibles.

3.3.3 Distances et normes de chanfrein

DÉFINITION 3.7 (chemin de p à q)

Soit un masque de chanfrein \mathcal{M}_C et deux points $p, q \in E$, un chemin de p à q est une séquence de vecteurs $\mathbf{v}_k \in \mathcal{M}_C$ allant de p à q . On obtient alors :

$$\mathcal{P}_{pq} = \sum_{\mathbf{v}_k \in \mathcal{M}_C} \lambda_k \cdot \mathbf{v}_k = \mathbf{pq} \text{ avec } \forall k, \lambda_k \geq 0$$

Le coût W associé à ce chemin \mathcal{P}_{pq} est défini par :

$$W(\mathcal{P}_{pq}) = \sum_{k=1}^m \lambda_k \cdot \omega_k$$

Un masque de chanfrein \mathcal{M}_C contient au moins une base de E . Il existe donc toujours un chemin \mathcal{P}_{Oq} et un chemin \mathcal{P}_{Oq} . De plus, pour tout vecteur $\mathbf{v}_k \in \mathcal{M}_C$, on a $-\mathbf{v}_k \in \mathcal{M}_C$. Donc, il existe un chemin \mathcal{P}_{pq} pour tout couple donné (p, q) .

DÉFINITION 3.8 (distance de chanfrein)

Une distance de chanfrein d_C entre deux points p et q de E est le coût minimal associé à chacun des chemins \mathcal{P}_{pq} allant de p à q :

$$d_C = \min_{\mathcal{P}_{pq}} W(\mathcal{P}_{pq})$$

Étant donné un module (E, A) et un masque de chanfrein $\mathcal{M}_C \in \mathcal{C}(E, A, F)$, on peut montrer la propriété suivante :

Proposition 3.1 Soient (E, A) un module, et F un sous-groupe de \mathbb{R} . Étant donné un masque de chanfrein $\mathcal{M}_C \in \mathcal{C}(E, A, F)$, alors la distance de chanfrein d_C associée à ce masque est une distance sur E

La démonstration a été faite pour la première fois par Verwer [Ver91a] et reprise par Rémy dans [Rem01] et Thiel dans [Thi01]. Elle consiste à montrer que les quatre propriétés d'une distance (définition, positivité, symétrie et inégalité triangulaire) sont vérifiées par la distance de chanfrein. Soient p, q et $r \in E$. Par définition d'une distance de chanfrein, il existe $(\lambda_k)_{k=1..m} \in E^m$ tel que $d_C(p, q) = \sum_{k=1}^m \lambda_k \omega_k$ et $\mathbf{pq} = \sum_{k=1}^m \lambda_k \mathbf{v}_k$

positivité Par définition d'un masque de chanfrein (3.5), $\forall k \in [1..m] \omega_k > 0$. Comme $\forall k, \lambda_k \geq 0$, on a $\sum_{k=1}^m \lambda_k \omega_k \geq 0$ et $d_C(p, q) \geq 0$ pour tout couple de points (p, q) .

définition Si $p = q$, le chemin alors $\mathcal{P}_{pq} = \sum_{k=1}^m 0 \cdot \mathbf{v}_k = \mathbf{0}$ est un chemin de p à q . Le coût associé à ce chemin est $W(\mathcal{P}_{pq}) = 0$. Ce coût est minimal (d'après la propriété de positivité), donc $d_C(p, q) = 0$. Réciproquement, si $d_C(p, q) = 0$, comme $\forall k \in [1..m], \omega_k > 0$, on a $\forall k \in [1..m], \lambda_k = 0$ et donc $\mathbf{pq} = \sum_{k=0}^m \lambda_k \mathbf{v}_k = \mathbf{0}$ d'où $p = q$.

symétrie Par définition, un masque de chanfrein est central-symétrique. Donc $\forall \mathbf{v}_k \in \mathcal{M}_C, \exists \mathbf{v}'_k = -\mathbf{v}_k \in \mathcal{M}_C$ et $\omega'_k = \omega_k$. Soit $\mathcal{P}_{pq} = \sum_{k=0}^m \lambda_k \mathbf{v}_k$ le chemin de coût minimal menant de p à q (i.e. $d_C(p, q) = \sum_{k=1}^m \lambda_k \omega_k$) alors $\mathcal{P}_{qp} = \sum_{k=0}^m \lambda_k \mathbf{v}'_k$ est un chemin de q à p . De plus, le coût de ce chemin est aussi minimal. En effet, imaginons qu'il existe un chemin $\mathcal{Q}_{qp} = \sum_{k=1}^m l_k \mathbf{v}_k$ dont le coût soit inférieur à celui de \mathcal{P}_{qp} , alors $\mathcal{Q}'_{pq} = \sum_{k=1}^m l_k + (-\mathbf{v}_k)$ est un chemin allant de p à q , et $W(\mathcal{Q}'_{pq}) = \sum_{k=1}^m l_k < \sum_{k=1}^m \lambda_k$. On a donc $W(\mathcal{Q}'_{pq}) < d_C(p, q)$ ce qui est contradictoire (une distance de chanfrein est un coût minimal). Par conséquent : $d_C(q, p) = d_C(p, q)$.

inégalité triangulaire Soient $\mathcal{Q}_{pr} = \sum_{k=1}^m \alpha_k \mathbf{v}_k$ le chemin de coût minimal de p à r (i.e. $d_C(p, r) = \sum_{i=k}^m \alpha_k \omega_k$) et $\mathcal{Q}_{rq} = \sum_{k=1}^m \beta_k \mathbf{v}_k$ le chemin de coût minimal de r à q (i.e. $d_C(r, q) = \sum_{k=1}^m \beta_k \omega_k$). Supposons $d_C(p, q) > d_C(p, r) + d_C(r, q)$ (i.e. $W(\mathcal{P}_{pq}) > W(\mathcal{Q}_{pr}) + W(\mathcal{Q}_{rq})$). Considérons à présent le chemin $\mathcal{Q}_{pq} = \mathcal{Q}_{pr} + \mathcal{Q}_{rq} = \sum_{k=1}^m (\alpha_k + \beta_k) \mathbf{v}_k$. On a alors $\mathcal{Q}_{pq} = \mathbf{pr} + \mathbf{rq} = \mathbf{pq}$. Donc \mathcal{Q}_{pq} est un chemin de p à q . On aurait donc $W(\mathcal{Q}_{pq}) < W(\mathcal{P}_{pq}) = d_C(p, q)$ ce qui est impossible. On a donc bien $d_C(p, q) \leq d_C(p, r) + d_C(r, q)$.

Dans [Thi01], Thiel prouve de plus qu'une distance de chanfrein est une norme dans un espace vectoriel :

Proposition 3.2 *Soient K un corps commutatif, E un espace vectoriel sur K et F un sous-groupe de \mathbb{R} . Étant donné un masque de chanfrein $\mathcal{M}_C \in CM(E, K, F)$, alors la distance de chanfrein d_C associée à $\mathcal{M}_C \in CM(E, K, F)$ induit une norme sur (E, K) .*

Une distance de chanfrein induit donc une norme sur un espace vectoriel. Cependant, \mathbb{Z}^n n'est pas un espace vectoriel, mais un module.

Dans \mathbb{Z}^n , le masque induit une norme si et seulement si en chaque point, on obtient les mêmes valeurs que lorsque le masque est plongé dans \mathbb{R}^n . Une condition suffisante pour cela est obtenue de la façon suivante : soit $RB_{\mathcal{M}}$ le polytope² de R^n défini par :

$$RB_{\mathcal{M}} = \text{conv} \left\{ O + \frac{\mathbf{v}_i}{\omega_i}, 1 \leq i \leq m \right\}$$

²un polytope est l'enveloppe convexe d'un nombre fini de points. Il s'agit de la généralisation de la notion de polygone convexe en dimension n .

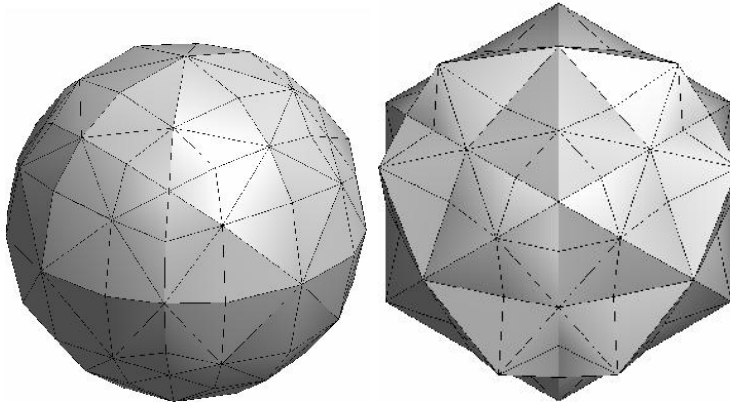
Considérons \mathcal{F} une facette de $RB_{\mathcal{M}}$. On appelle sous-facette de \mathcal{F} un simplexe³ S tel que $\dim(S) = \dim(\mathcal{F}) = n - 1$ et tel que S est l'enveloppe convexe de n sommets de \mathcal{F} . On dit que S est unimodulaire si les vecteurs \mathbf{v}_i correspondant aux sommets de S forment une base unimodulaire (i.e. le déterminant de la matrice formée par les n vecteurs est égal à ± 1).

On a alors le théorème suivant [Thi01] :

Théorème 3.1 (Condition suffisante de norme sur un module)

Soit $\mathcal{M}_C \in \mathcal{C}(\mathbb{Z}^n, \mathbb{Z}, F)$ un masque de chanfrein avec $F = \mathbb{Z}, \mathbb{Q}$ ou \mathbb{R} . Alors $d_{\mathcal{M}}$ induit une norme dans \mathbb{Z}^n si pour chaque facette \mathcal{F} de $RB_{\mathcal{M}}$, il existe une triangulation de \mathcal{F} en sous-facettes unimodulaires. (La réciproque n'est pas vraie).

Dans la suite (section 3.4.1), nous construisons des masques de chanfrein munis d'une triangulation régulière (i.e. unimodulaire cf section 3.6.1), car cela nous permettra d'exprimer de manière analytique la distance de chanfrein en tout point de l'image (décomposée en différents cônes d'influence) uniquement en fonction des vecteurs et des poids du masque de chanfrein (nous verrons même qu'il s'agit uniquement des poids et des vecteurs générateurs du cône considéré). On considère alors le polyèdre Ω de sommets $\{O + \frac{\mathbf{v}_i}{\omega_i}\}$



(a) masque de chanfrein induisant une norme sur \mathbb{Z}^3

(b) masque de chanfrein ne satisfaisant pas la condition suffisante du théorème 3.1

FIG. 3.8 – exemples d'ensembles Ω pour des masques de chanfrein $5 \times 5 \times 5$.

³un simplexe de dimension k est l'enveloppe convexe de $k + 1$ points linéairement indépendants

et organisé suivant la triangulation du masque (la figure 3.8 montre deux exemples de ce polyèdre pour un masque $5 \times 5 \times 5$ avec différentes pondérations). Comme nous choisissons une organisation des vecteurs de nos masques en triangulation régulière, chaque facette du polyèdre Ω est décomposable en sous-facettes unimodulaires.

Pour obtenir les conditions du théorème 3.1, il suffit alors de rendre l'ensemble Ω convexe (nous verrons dans la section 3.5 des conditions locales sur chaque cône d'un masque de chanfrein pour que l'ensemble Ω soit convexe). En effet, l'enveloppe convexe d'un ensemble de points étant unique, si Ω est convexe, alors $\Omega = RB_{\mathcal{M}}$ et $RB_{\mathcal{M}}$ est donc bien décomposable en sous-facettes unimodulaires, et par conséquent, $d_{\mathcal{M}}$ induit bien une norme sur \mathbb{Z}^3 .

3.3.4 Calcul des coefficients optimaux

Une distance de chanfrein entre 2 points p et q calculée à partir d'un masque de chanfrein $\mathcal{M}_C = \{(\mathbf{v}_k, \omega_k), 1 \leq k \leq m\}$ est une somme discrète de coefficients de chanfrein : $d_C(p, q) = \sum_{k=1}^m \lambda_k \omega_k$, $\mathbf{p}\mathbf{q} = \sum_{k=1}^m \lambda_k \mathbf{v}_k$. Pour approximer au mieux la distance euclidienne, il faut choisir judicieusement les poids ω_k . Ensuite, lorsque l'on souhaitera augmenter la précision, il suffira d'augmenter le nombre de couples (\mathbf{v}_k, ω_k) , i.e. la taille du masque de chanfrein. Le premier point est le plus délicat.

Borgefors fut la première à proposer une méthode de calcul de ces coefficients optimaux pour les images de dimension 2, 3 ou plus pour des grilles isotropes [Bor84, Bor86, Bor96]. Nous présentons ici quelques exemples de calculs de coefficients optimaux.

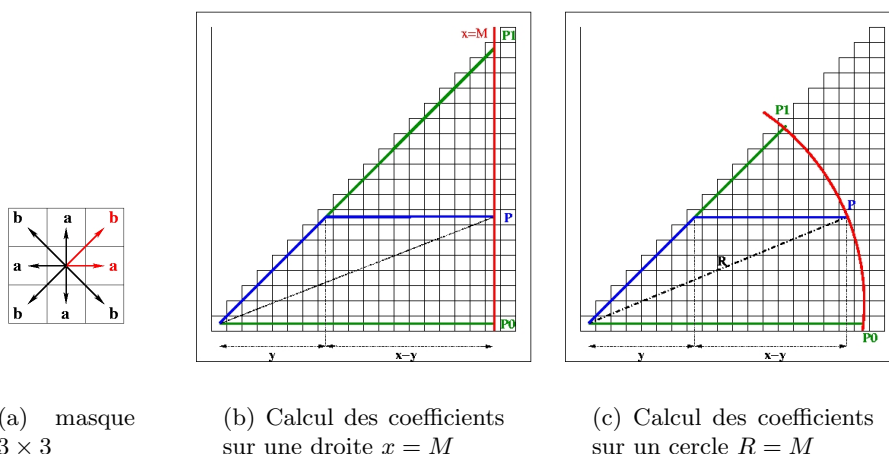


FIG. 3.9 – Exemples de schémas de calculs pour les coefficients du masque 2-D 3×3 pour une grille isotrope

Nous présentons tout d'abord le calcul de coefficients optimaux 2-D 3×3 proposé dans [Bor86]. Pour des raisons de symétrie, on ne calcule que 2 coefficients : a (le coefficient horizontal) et b (le coefficient diagonal) comme indiqué dans la figure 3.9 (a). De plus, on ne considère que les points tels que $0 \leq y \leq x$ (on déduira les autres cas par symétrie). Afin de déterminer les coefficients optimaux, Borgfors minimise l'erreur maximale entre la distance de chanfrein et la distance euclidienne. Ce calcul est effectué sur les points situés sur une droite d'équation $x = M$ (figure 3.9(b)). Pour chaque point $p(M, y)$ de cette droite, on obtient :

- la distance euclidienne par rapport à l'origine : $d_E(O, p) = \sqrt{M^2 + y^2}$,
- la distance de chanfrein par rapport à l'origine : $d_C(O, p) = yb + (M - y)a = y(b - a) + Ma$ et
- l'erreur absolue⁴ : $E(y) = d_C(y) - d_E(y) = y(b - a) + Ma - \sqrt{M^2 + y^2}$,

sous les conditions $b > a$ et $b < 2a$ pour être assuré d'avoir le chemin le plus court. La dérivée de la fonction E : $\frac{\partial E}{\partial y} = (b - a) - \frac{y}{\sqrt{M^2 + y^2}}$ s'annule pour $y_1 = \frac{M(b-a)}{\sqrt{1-(b-a)^2}}$. L'erreur peut être extrémale pour 3 valeurs de y : $\{0, y_1, M\}$ qui correspondent respectivement aux erreurs $E_0 = (a - 1)M$, $E_1 = \left(a - \sqrt{1 - (b - a)^2}\right) M$ et $E_2 = (b - \sqrt{2}) M$.

On égalise ensuite ces trois erreurs : $E_1 = E_2 = E_3$ pour minimiser leur maximum, ce qui donne des valeurs réelles optimales pour a et b : $a_{opt} = \frac{1 + \sqrt{2\sqrt{2}-2}}{2} \approx 0.95509\dots$ et $b_{opt} = \frac{2\sqrt{2}-1 + \sqrt{2\sqrt{2}-2}}{2} \approx 1.36930\dots$. On peut remarquer que $a_{opt} < 1$ et $b_{opt} < \sqrt{2}$. En effet, prendre $a_{opt} = 1$ et $b_{opt} = \sqrt{2}$, reviendrait à considérer l'erreur uniquement sur les axes horizontaux et diagonaux, alors que le maximum de l'erreur se situe dans une direction d'environ 23 degrés par rapport à l'horizontal.

Verwer [Ver91b] critiqua cette approche car elle induisait une anisotropie dans le schéma de minimisation de l'erreur en donnant trop d'importance à la direction diagonale. Il proposa un calcul d'erreur sur le cercle unité (cf figure 3.9 (c)) ce qui est équivalent à un calcul d'erreur relative sur une ligne droite (cf tableau 3.1 pour une comparaison entre les différents schémas de calcul).

Dans tous ces calculs, on obtient des coefficients optimaux a_{opt} et b_{opt} réels, et la carte de chanfrein calculée avec ces coefficients est elle aussi réelle (i.e. définie sur l'espace métrique $(\mathbb{Z}^n, \mathbb{R})$). Pour obtenir une distance discrète, i.e. définie sur $(\mathbb{Z}^n, \mathbb{Z})$, les coefficients optimaux a_{opt} et b_{opt} doivent être approximés par des coefficients entiers a_{int} et b_{int} .

Rechercher une distance de chanfrein qui approxime la distance euclidienne *proportionnellement à une constante* par exemple ε , permet une certaine liberté dans le choix de ces coefficients entiers. La distance de chanfrein s'exprime alors par $d_C = \sum_{k=1}^m n_k \omega_k$ avec $\omega_k \in \mathbb{N}$ et est liée à la distance

⁴Le terme *absolu* ne signifie pas ici positif, mais est à opposer au terme relatif. L'erreur absolue que l'on considère est signée, mais n'est pas normalisée par la distance totale.

	Calcul	
	sur une droite $x = M$	sur un cercle $R = M$
Coordonnées des points	$P(M, y)$	$P(\sqrt{M^2 - y^2}, y)$
Bornes de l'intervalle de calcul	$y_0 = 0,$ $y_2 = M$	$y_0 = 0,$ $y_2 = \frac{M}{\sqrt{2}}$
$d_E(O, P)$	$\sqrt{M^2 + y^2}$	M
$d_C(O, P)$	$yb + (M - y)a$	$yb + (\sqrt{M^2 - y^2} - y)a$
Erreur absolue : $E^{abs}(y) = d_C(O, P) - d_E(O, P)$		
$E^{abs}(y)$	$(b-a)y + Ma - \sqrt{M^2 + y^2}$	$(b-a)y + a\sqrt{M^2 - y^2} - M$
$\frac{dE^{abs}}{dy}(y_1) = 0$	$y_1 = (b-a)M\sqrt{\frac{1}{1-(b-a)^2}}$	$y_1 = \frac{(b-a)M}{\sqrt{a^2 + (b-a)^2}}$
Extrema de l'erreur absolue		
$E^{abs}(y_0)$	$(a-1)M$	$(a-1)M$
$E^{abs}(y_1)$	$(a - \sqrt{1 - (b-a)^2})M$	$(\sqrt{(b-a)^2 + a^2} - 1)M$
$E^{abs}(y_2)$	$(b - \sqrt{2})M$	$(\frac{b}{\sqrt{2}} - 1)M$
Erreur relative : $E^{rel}(y) = E^{abs}(y)/d_E(O, P)$		
$\frac{dE^{rel}}{dy}(y_1) = 0$	$y_1 = M\frac{b-a}{a}$	$y_1 = \frac{M(b-a)}{\sqrt{(b-a)^2 + a^2}}$
Extrema de l'erreur relative		
$E^{rel}(y_0)$	$(a-1)$	$(a-1)$
$E^{rel}(y_1)$	$\sqrt{(b-a)^2 + a^2} - 1$	$\sqrt{(b-a)^2 + a^2} - 1$
$E^{rel}(y_2)$	$\frac{\sqrt{2}}{2}(\sqrt{2} - b)$	$\frac{b}{\sqrt{2}} - 1$

TAB. 3.1 – Résumé de différents schémas de calcul d'erreur pour un masque 3×3 .

euclidienne par l'expression : $d_C/\varepsilon \approx d_E$. Par exemple, l'approximation de b_{opt}/a_{opt} par b_{int}/a_{int} conduit au couple de coefficient 2D 3×3 généralement utilisé : (3, 4) avec $\varepsilon = 3$.

Ce calcul a été étendu pour de plus grands masques masques [Bor86, Ver91b] et à d'autres dimensions [Bor96]. Il a aussi été fait pour des grilles non isotropes [CB95, MBLKF94, SB04]. Cependant, tous ces calculs restent fastidieux et non systématiques.

La section suivante présente la dérivation analytique de l'erreur relative qui permettra le calcul automatique des coefficients optimaux pour toute taille et tout facteur d'anisotropie en dimension 3.

3.4 Calcul analytique de l'erreur vis-à-vis de la distance euclidienne

Étant donné un masque de chanfrein $\mathcal{M}_C = \{(\mathbf{v}_i, \omega_i)\}$, l'erreur relative entre la distance de chanfrein et la distance Euclidienne ne dépend localement que d'un nombre limité de coefficients. Nous allons voir dans cette partie, comment décomposer un masque de chanfrein en *cônes réguliers* où la distance de chanfrein est définie localement, ce qui permettra d'exprimer analytiquement l'erreur locale et d'en trouver les extrema locaux.

Optimiser toutes les erreurs locales revient à calculer les coefficients réels optimaux $\{\omega_{i,opt}\}$ (comme vu dans la section précédente). À notre connaissance, ceci n'a jamais été fait dans le cas général (i.e. pour une taille de masque et une anisotropie de l'image arbitraire) et n'est pas l'objectif de ce travail. Cependant, connaître les extrema des erreurs permet de comparer différents ensembles de coefficients et d'extraire le *meilleur* ensemble $\{\omega_{i,int}\}$ (i.e. celui qui conduira à la plus petite erreur maximale) de tous les ensembles de coefficients entiers classés dans l'ordre lexicographique de leurs coordonnées.

Dans la suite, on note (x, y, z) les coordonnées d'un point $p \in \mathbb{Z}^3$ et (x_i, y_i, z_i) les coordonnées d'un vecteur $\mathbf{v}_i \in \mathbb{Z}^3$.

3.4.1 Décomposition de la géométrie du masque

D'après sa définition (3.5), un masque de chanfrein est symétrique par rapport à l'origine. On peut donc se contenter de calculer les coefficients optimaux sur le premier octant $(\frac{1}{8}\mathbb{Z}^3)$, délimité par les demi-droites (O, \mathbf{x}) , (O, \mathbf{y}) et (O, \mathbf{z}) . On appelle générateur \mathcal{M}_C^g la réduction d'un masque de chanfrein \mathcal{M}_C au premier octant. La figure 3.10 (a) représente le générateur du masque de la figure 3.7 (b).

Estimer l'erreur entre la distance de chanfrein et la distance euclidienne peut être délicat lorsque l'on considère de grands masques. On peut réduire cette difficulté si l'on est capable de définir des régions où la distance de chanfrein est définie localement, c'est-à-dire où la distance de chanfrein dépend d'un petit nombre de poids du masque. Pour cela, on décompose le masque en *cônes*, un cône étant défini par un triplet de vecteurs. Plus précisément, on divise le masque en *cônes réguliers* qui ont des propriétés intéressantes [Thi01, ?]. La figure 3.7 (b) montre une telle décomposition.

DÉFINITION 3.9 (cône continu)

Un cône continu $\langle \mathbf{v}_i, \mathbf{v}_j, \mathbf{v}_k \rangle$ représente la région de \mathbb{R}^3 délimitée par les les vecteurs \mathbf{v}_i , \mathbf{v}_j , et \mathbf{v}_k . c'est-à-dire :

$$\langle \mathbf{v}_i, \mathbf{v}_j, \mathbf{v}_k \rangle = \{M \in E : \mathbf{OM} = \lambda_i \cdot \mathbf{v}_i + \lambda_j \cdot \mathbf{v}_j + \lambda_k \cdot \mathbf{v}_k, \lambda_i, \lambda_j, \lambda_k \in \mathbb{R}^+\}$$

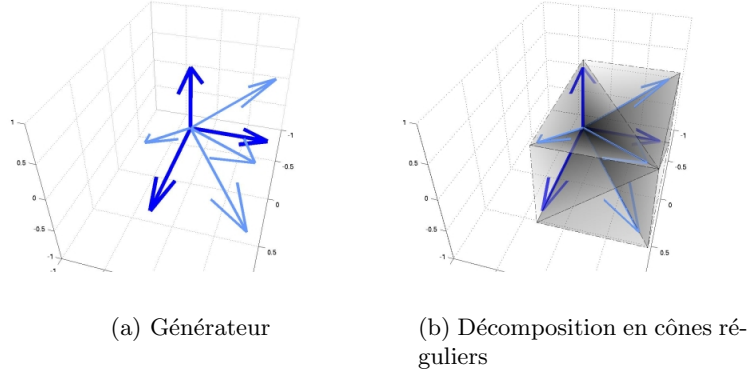


FIG. 3.10 – Réduction du masque de la figure 3.7 (b) à $\frac{1}{8}\mathbb{Z}^3$.

DÉFINITION 3.10 (cône discret)

Un cône discret $\langle\langle \mathbf{v}_i, \mathbf{v}_j, \mathbf{v}_k \rangle\rangle$ est l'ensemble des points de \mathbb{Z}^3 inclus dans le cône continu $\langle \mathbf{v}_i, \mathbf{v}_j, \mathbf{v}_k \rangle$

DÉFINITION 3.11 (cône régulier)

Un cône régulier est un cône discret $\langle\langle \mathbf{v}_i, \mathbf{v}_j, \mathbf{v}_k \rangle\rangle$ qui vérifie $\Delta_{i,j,k} = \pm 1$, avec :

$$\Delta_{i,j,k} = \begin{vmatrix} x_i & x_j & x_k \\ y_i & y_j & y_k \\ z_i & z_j & z_k \end{vmatrix}$$

L'intérêt d'un cône régulier, c'est que tout point appartenant à un tel cône peut être atteint par une combinaison linéaire entière des trois vecteurs délimitant ce cône, comme le montre l'exemple de la figure 3.11 (on peut trouver la démonstration dans [HW79]).

En effet, étant donné un point discret $p(x, y, z) \in \langle\langle \mathbf{v}_i, \mathbf{v}_j, \mathbf{v}_k \rangle\rangle$, il existe $a, b, c \in \mathbb{R}$ tels que

$$\mathbf{Op} = a\mathbf{v}_i + b\mathbf{v}_j + c\mathbf{v}_k \text{ i.e. } \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x_i & x_j & x_k \\ y_i & y_j & y_k \\ z_i & z_j & z_k \end{pmatrix} \begin{pmatrix} a \\ b \\ c \end{pmatrix}$$

Ce système peut être résolu par :

$$a = \frac{1}{\Delta_{i,j,k}} \begin{vmatrix} x & x_j & x_k \\ y & y_j & y_k \\ z & z_j & z_k \end{vmatrix}, \quad b = \frac{1}{\Delta_{i,j,k}} \begin{vmatrix} x_i & x & x_k \\ y_i & y & y_k \\ z_i & z & z_k \end{vmatrix}, \quad \text{et } c = \frac{1}{\Delta_{i,j,k}} \begin{vmatrix} x_i & x_j & x \\ y_i & y_j & y \\ z_i & z_j & z \end{vmatrix}.$$

Comme $x, y, z, x_i, y_i, z_i, x_j, y_j, z_j, x_k, y_k, z_k$ sont tous des entiers, si $\langle\langle \mathbf{v}_i, \mathbf{v}_j, \mathbf{v}_k \rangle\rangle$ est régulier, alors $\Delta_{i,j,k} = \pm 1$ et a, b, c sont entiers.

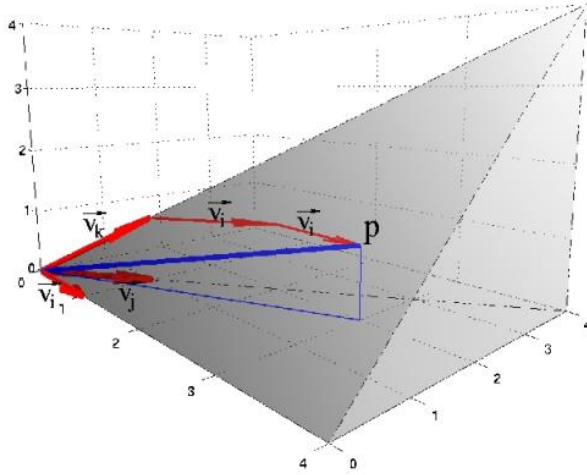


FIG. 3.11 – Exemple de cône régulier

Ainsi, si l'on choisit un générateur $\mathcal{M}_C^g = \{(\mathbf{v}_i, \omega_i), i \in [1..m]\}$ de masque de chanfrein dont la triangulation ne comporte que des cônes réguliers (on dit alors que ce générateur a une *triangulation régulière*), on est sûr que pour tout point $p(x, y, z) \in \langle\langle \mathbf{v}_i, \mathbf{v}_j, \mathbf{v}_k \rangle\rangle$, il existe $(n_i, n_j, n_k \in \mathbb{N}^3)$ tels que $\mathbf{Op} = n_i \mathbf{v}_i + n_j \mathbf{v}_j + n_k \mathbf{v}_k$ et que la distance ainsi calculée est minimale. La distance de chanfrein à l'intérieur d'un tel cône ne dépend donc que de \mathbf{v}_i , \mathbf{v}_j , et \mathbf{v}_k .

En revanche, si le cône n'est pas régulier, il existe au moins un point du cône discret qui ne peut pas être atteint par combinaison linéaire entière des vecteurs délimitant le cône. C'est le cas d'un exemple cité dans [Ver91b] et représenté sur la figure 3.12. Le vecteur $\mathbf{v}_{(3,2,1)} \in \langle\langle \mathbf{v}_1(2,1,0), \mathbf{v}_2(2,1,1), \mathbf{v}_3(2,2,1) \rangle\rangle$ ne peut pas être obtenu comme combinaison linéaire entière de \mathbf{v}_1 , \mathbf{v}_2 , et \mathbf{v}_3 . En effet, ce cône n'est pas régulier ($\Delta_{1,2,3} = -2 \neq \pm 1$), et $\mathbf{v} = 0.5\mathbf{v}_1 + 0.5\mathbf{v}_2 + 0.5\mathbf{v}_3$. Ceci vient en effet du fait que \mathbb{Z}^n est un module et non un corps (cf section 3.3.4) et qu'une famille de 3 éléments indépendants de \mathbb{Z}^3 n'est pas forcément une base de \mathbb{Z}^3 .

Par la suite, on ne considère que les générateurs de masques construits avec une *triangulation régulière*, c'est-à-dire qui ne contient que des cônes réguliers. Grâce aux suites et séries de Farey, il est possible de construire automatiquement, de manière récursive, des géométries de générateur de masque qui ont une triangulation régulière (cf section 3.6.1). De plus, pour simplifier les calculs d'erreur, on trie les vecteurs générateurs des cônes réguliers de telle sorte que $\Delta_{i,j,k} = +1$.

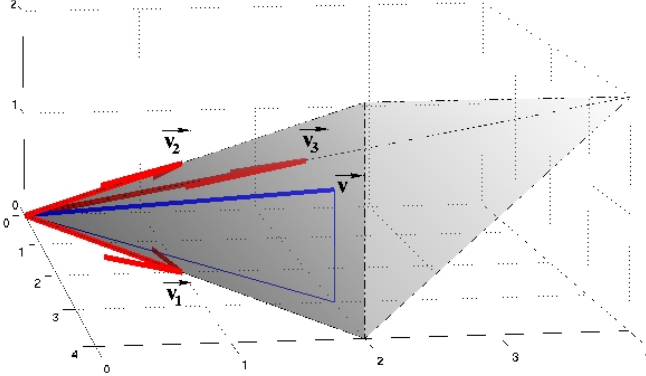


FIG. 3.12 – Le vecteur $\mathbf{v} \in \langle\langle \mathbf{v}_1, \mathbf{v}_2, \mathbf{v}_3 \rangle\rangle$ ne peut pas s'obtenir par combinaison linéaire entière de \mathbf{v}_1 , \mathbf{v}_2 , et \mathbf{v}_3 .

3.4.2 Expression analytique de l'erreur

Étant donné un générateur de masque \mathcal{M}_C^g décomposé en cônes réguliers, on peut calculer l'erreur entre la distance de chanfrein et la distance euclidienne. Pour obtenir une distribution d'erreur isotrope, on choisit de calculer une erreur relative au lieu d'une erreur absolue. Étant donné qu'une distance de chanfrein est une approximation de la distance euclidienne *proportionnellement à une constante de multiplication* ε (cf section 3.3.4), l'erreur relative est :

$$E = \frac{\frac{1}{\varepsilon}d_C - d_E}{d_E} = \frac{d_C}{\varepsilon d_E} - 1 \quad (3.1)$$

Cette erreur va permettre de comparer différents jeux de coefficients, et déterminer le *meilleur* jeu de coefficients qui sera utilisé pour le calcul pratique de la carte de distance.

Pour faciliter la recherche des extrema, on calcule l'erreur sur les plans $x = M$, $y = M$, et $z = M$. Rappelons que le calcul de ces extrema est indépendant d'un cône à l'autre.

On effectue ce calcul sur une grille 3-D cubique anisotrope où l'on note d_x , d_y et d_z les longueurs euclidiennes des voxels respectivement dans les directions \mathbf{x} , \mathbf{y} et \mathbf{z} .

Distance de chanfrein, distance euclidienne et erreur relative

On considère un cône régulier $\langle\langle \mathbf{v}_i, \mathbf{v}_j, \mathbf{v}_k \rangle\rangle$ dans un générateur de masque de chanfrein \mathcal{M}_C^g et un point $p(x, y, z)$ à l'intérieur de ce cône. On a vu dans

la section précédente qu'il existe $a, b, c \in \mathbb{Z}$ tels que :

$$d_C(O, p) = a.\omega_i + b.\omega_j + c.\omega_k \quad (3.2)$$

avec

$$a = \frac{1}{\Delta_{i,j,k}} \begin{vmatrix} x & x_j & x_k \\ y & y_j & y_k \\ z & z_j & z_k \end{vmatrix}, \quad b = \frac{1}{\Delta_{i,j,k}} \begin{vmatrix} x_i & x & x_k \\ y_i & y & y_k \\ z_i & z & z_k \end{vmatrix}, \quad c = \frac{1}{\Delta_{i,j,k}} \begin{vmatrix} x_i & x_j & x \\ y_i & y_j & y \\ z_i & z_j & z \end{vmatrix}$$

i.e.

$$a = \left((y_j z_k - y_k z_j).x + (x_k z_j - x_j z_k).y + (x_j y_k - x_k y_j).z \right) \quad (3.3)$$

$$b = \left((y_k z_i - y_i z_k).x + (x_i z_k - x_k z_i).y + (x_k y_i - x_i y_k).z \right) \quad (3.4)$$

$$c = \left((y_i z_j - y_j z_i).x + (x_j z_i - x_i z_j).y + (x_i y_j - x_j y_i).z \right) \quad (3.5)$$

Si l'on remplace a, b, c par leur valeur donnée dans les équations (3.3), (3.4), et (3.5) dans l'expression (3.2), on obtient :

$$\begin{aligned} d_C &= \left(\begin{aligned} &\left((y_j z_k - y_k z_j).x + (x_k z_j - x_j z_k).y + (x_j y_k - x_k y_j).z \right).\omega_i \\ &+ \left((y_k z_i - y_i z_k).x + (x_i z_k - x_k z_i).y + (x_k y_i - x_i y_k).z \right).\omega_j \\ &+ \left((y_i z_j - y_j z_i).x + (x_j z_i - x_i z_j).y + (x_i y_j - x_j y_i).z \right).\omega_k \end{aligned} \right) \\ &= \left(\begin{aligned} &\left((y_j z_k - y_k z_j).\omega_i + (y_k z_i - y_i z_k).\omega_j + (y_i z_j - y_j z_i).\omega_k \right).x \\ &+ \left((x_k z_j - x_j z_k).\omega_i + (x_i z_k - x_k z_i).\omega_j + (x_j z_i - x_i z_j).\omega_k \right).y \\ &+ \left((x_j y_k - x_k y_j).\omega_i + (x_k y_i - x_i y_k).\omega_j + (x_i y_j - x_j y_i).\omega_k \right).z \end{aligned} \right) \end{aligned}$$

Ce qui peut s'exprimer par [Thi01] :

$$d_C(O, P) = \alpha.x + \beta.y + \gamma.z \quad (3.6)$$

avec

$$\alpha = (y_j z_k - y_k z_j).\omega_i + (y_k z_i - y_i z_k).\omega_j + (y_i z_j - y_j z_i).\omega_k \quad (3.7)$$

$$\beta = (x_k z_j - x_j z_k).\omega_i + (x_i z_k - x_k z_i).\omega_j + (x_j z_i - x_i z_j).\omega_k \quad (3.8)$$

$$\gamma = (x_j y_k - x_k y_j).\omega_i + (x_k y_i - x_i y_k).\omega_j + (x_i y_j - x_j y_i).\omega_k \quad (3.9)$$

Notons d_x, d_y et d_z les tailles des voxels dans les directions \mathbf{x}, \mathbf{y} et \mathbf{z} . En effet, les image étant anisotropes, la taille des voxels peut varier dans ces différentes directions. La distance euclidienne est exprimée par :

$$d_E(O, P) = \sqrt{d_x^2 x^2 + d_y^2 y^2 + d_z^2 z^2} \quad (3.10)$$

En utilisant les équations 3.6 et 3.10, l'expression de l'erreur relative devient pour tout $p \in \langle\langle \mathbf{v}_i, \mathbf{v}_j, \mathbf{v}_k \rangle\rangle$:

$$E = \frac{\alpha.x + \beta.y + \gamma.z}{\varepsilon \sqrt{d_x^2.x^2 + d_y^2.y^2 + d_z^2.z^2}} - 1$$

avec α , β et γ donnés par les équations (3.7), (3.8) et (3.9).

Calcul de l'erreur sur un plan

D'après l'orientation du cône considéré (cf figure 3.10 (b)) on cherche à minimiser l'erreur maximale soit sur le plan $x = M$, soit sur le plan $y = M$, soit sur le plan $z = M$, $M \neq 0$. On détaille ici le cas d'un calcul sur le plan $x = M$ (le calcul sur les autres plans peut être déduit par permutation circulaire sur les lettres).

On choisit de minimiser l'erreur dans le domaine continu. En effet, l'erreur maximale dans le domaine continu donne une borne supérieure de l'erreur maximale dans l'espace discret. De plus cette considération nous permet de dériver une fonction continue afin d'en trouver les extrema.

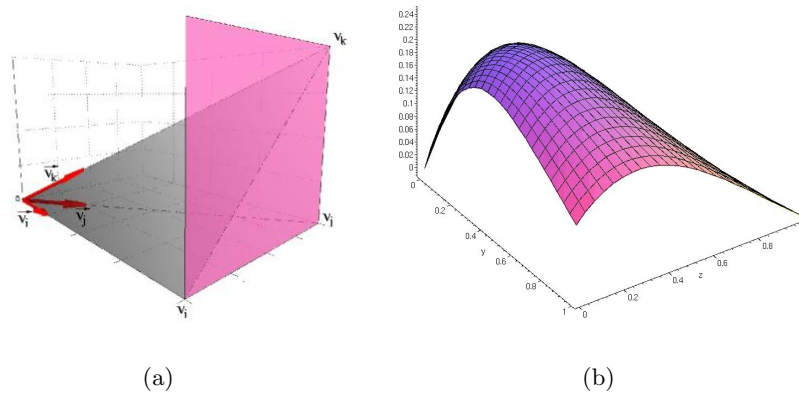


FIG. 3.13 – Calcul de l'erreur sur le plan $x = M$

Le calcul de l'erreur sur le plan $x = M$ se fait en considérant tous les points $p(M, y, z) = Mp(1, y', z')$ avec $y' = \frac{y}{M}$ et $z' = \frac{z}{M}$ situés à l'intérieur du triangle (V_i, V_j, V_k) où $V_i = (M, M\frac{y_i}{x_i}, M\frac{z_i}{x_i})$, $V_j = (M, M\frac{y_j}{x_j}, M\frac{z_j}{x_j})$, et $V_k = (M, M\frac{y_k}{x_k}, M\frac{z_k}{x_k})$ (cf figure 3.13 (a)). L'erreur devient alors :

$$E_{\text{cone}}(x, y) = \frac{1}{\varepsilon} \frac{\alpha M + \beta y + \gamma z}{\sqrt{d_x^2.M^2 + d_y^2.y^2 + d_z^2.z^2}} - 1$$

ou $E_{\text{cone}}(x', y') = \frac{1}{\varepsilon} \frac{\alpha + \beta.y' + \gamma.z'}{\sqrt{d_x^2 + d_y^2.y'^2 + d_z^2.z'^2}} - 1$

La fonction E_{cone} est continue sur le compact représenté par le triangle (V_i, V_j, V_k) . La figure 3.13 (b) montre un exemple de cette fonction sur l'unique cône formé par le générateur $\mathcal{M}_C^g = \{((1,0,0), \omega_3), ((1,1,0), \omega_6), ((1,1,1), \omega_8)\}$ dans une image anisotrope où $d_x = 1$, $d_y = 1,5$ et $d_z = 2$. E_{cone} étant une fonction continue sur un compact, elle est bornée et atteint ses bornes. Ces bornes peuvent être situées à trois endroits du triangle :

À l'intérieur du triangle

il s'agit de l'erreur définie par $\frac{\partial E_{cone}}{\partial y'} = \frac{\partial E_{cone}}{\partial z'} = 0$

$$\frac{\partial E_{cone}}{\partial y'}(y', z') = \frac{\beta d_x^2 - (\alpha + \gamma z')y' d_y^2 + \beta z'^2 d_z^2}{\varepsilon (d_x^2 + d_y^2 y'^2 + d_z^2 z'^2)^{\frac{3}{2}}} \quad (3.11)$$

$$\frac{\partial E_{cone}}{\partial z'}(y', z') = \frac{\gamma d_x^2 + \gamma y'^2 d_y^2 - (\alpha + \beta y')z' d_z^2}{\varepsilon (d_x^2 + d_y^2 y'^2 + d_z^2 z'^2)^{\frac{3}{2}}} \quad (3.12)$$

Les équations (3.11) et (3.12) sont toutes deux nulles au point $P = M.(1, \frac{\beta d_x^2}{\alpha d_y^2}, \frac{\gamma d_x^2}{\alpha d_z^2})$ où E_{cone} prend la valeur extrême :

$$E_{ijk}^{cone} = \frac{1}{\varepsilon} \sqrt{\frac{\alpha^2}{d_x^2} + \frac{\beta^2}{d_y^2} + \frac{\gamma^2}{d_z^2}} \quad (3.13)$$

Sur un côté du triangle

Le triangle possède trois arêtes, mais nous présenterons le calcul pour l'arête $[V_i V_j]$. Dans ce cas, un point p appartenant à cette arête peut s'écrire $p = aV_i + (1-a)V_j$, ce qui conduit à l'expression suivante de l'erreur le long d'une arête :

$$E_{cone}(a) = \frac{1}{\varepsilon} \frac{(\beta.Y + \gamma.Z)a + (\alpha + \beta.y_j + \gamma.z_j)}{\sqrt{(d_y^2 Y^2 + d_z^2 Z^2)a^2 + 2(d_y^2 y_j Y + d_z^2 z_j Z)a + d_x^2 + d_y^2 y_j^2 + d_z^2 z_j^2}} - 1 \quad (3.14)$$

avec $\begin{cases} Y = y_i - y_j \\ Z = z_i - z_j \end{cases}$. Après dérivation, on peut montrer que l'extremum est atteint pour

$$a_{max} = - \frac{(\beta(y_j Z - z_j Y) + \alpha Z)z_j d_z^2 + (\gamma(z_j Y - y_j Z) + \alpha Y)y_j d_y^2 - (\beta Y + \gamma Z)d_x^2}{(\beta(y_j Z - z_j Y) + \alpha Z)Z d_z^2 + (\gamma(z_j Y - y_j Z) + \alpha Y)Y d_y^2}$$

Si $0 \leq a_{max} \leq 1$, la valeur extrême de E_{ij}^{cone} est donnée par $E_{cone}(a_{max})$ (dont l'expression est trop complexe pour être écrite ici). On calcule de la même façon E_{ik}^{cone} et E_{jk}^{cone} .

Sur l'un des sommets du triangle

Si l'extremum est situé sur l'un des sommets du triangle, l'erreur prend

alors l'une des trois valeurs suivantes :

$$E_i^{cone} = \frac{1}{\varepsilon} \frac{\omega_i}{\sqrt{d_x^2 x_i^2 + d_y^2 y_i^2 + d_z^2 z_i^2}} - 1 \quad (3.15)$$

$$E_j^{cone} = \frac{1}{\varepsilon} \frac{\omega_j}{\sqrt{d_x^2 x_j^2 + d_y^2 y_j^2 + d_z^2 z_j^2}} - 1 \quad (3.16)$$

$$E_k^{cone} = \frac{1}{\varepsilon} \frac{\omega_k}{\sqrt{d_x^2 x_k^2 + d_y^2 y_k^2 + d_z^2 z_k^2}} - 1 \quad (3.17)$$

Nous pouvons à présent calculer, pour chaque cône régulier du générateur l'erreur relative maximale et l'erreur relative minimale notées τ_{min}^{cone} and τ_{max}^{cone} dans le domaine continu :

$$\begin{aligned} \tau_{min}^{cone} &= \min \{ E_{ijk}^{cone}, E_{ij}^{cone}, E_{ik}^{cone}, E_{jk}^{cone}, E_i^{cone}, E_j^{cone}, E_k^{cone} \} \\ \tau_{max}^{cone} &= \max \{ E_{ijk}^{cone}, E_{ij}^{cone}, E_{ik}^{cone}, E_{jk}^{cone}, E_i^{cone}, E_j^{cone}, E_k^{cone} \} \end{aligned}$$

Centrage de l'erreur

On calcule alors le minimum et le maximum de l'erreur relative pour un masque de chanfrein \mathcal{M}_C en comparant les valeurs minimales et maximales de l'erreur relative sur tous les cônes du générateur.

L'erreur extrême sur le masque tout entier s'exprime alors de la manière suivante :

$$\begin{aligned} \tau_{min} &= \min \{ \tau_{min}^{cone} / cone \in \mathcal{M}_C^g \} \\ \tau_{max} &= \max \{ \tau_{max}^{cone} / cone \in \mathcal{M}_C^g \} \end{aligned}$$

On s'intéresse à l'erreur maximale $\tau = \max(|\tau_{min}|, |\tau_{max}|)$. Pour que τ soit minimale, on doit centrer l'intervalle $[\tau_{min}, \tau_{max}]$ par rapport à 0 de telle sorte que $\tau_{max} = -\tau_{min}$. Comme le montrent les équations (3.13), (3.14), et (3.15, 3.16, 3.17), τ dépend d'une constante multiplicative ε qui laisse un degré de liberté supplémentaire. Thiel montre dans [Thi94] que la constante multiplicative optimale ε_{opt} qui permet d'avoir $\tau_{max} = -\tau_{min}$ est :

$$\varepsilon_{opt} = \varepsilon \left(\frac{\tau_{min} + \tau_{max}}{2} + 1 \right)$$

De plus, ε_{opt} ne dépend pas du coefficient ε initialement choisi pour le calcul. En effet, par définition, on a :

$$\tau_{min} = \left(\frac{d_C}{\varepsilon dE} \right)_{min} - 1 \text{ et } \tau_{max} = \left(\frac{d_C}{\varepsilon dE} \right)_{max} - 1$$

Si l'on place ces valeurs dans l'expression de ε_{opt} , on obtient :

$$\varepsilon_{opt} = \varepsilon \left(\frac{\left(\frac{d_C}{\varepsilon d_E}\right)_{min} - 1 + \left(\frac{d_C}{\varepsilon d_E}\right)_{max} - 1}{2} + 1 \right) = \frac{1}{2} \left(\left(\frac{d_C}{d_E}\right)_{min} + \left(\frac{d_C}{d_E}\right)_{max} \right)$$

Dans la suite, on note τ_{opt} l'erreur relative maximale optimale obtenue avec la constante multiplicative ε_{opt} , i.e. $\tau_{opt} = \tau_{max}(\varepsilon_{opt}) = -\tau_{min}(\varepsilon_{opt})$.

3.5 Critère local de norme sur un module

Afin de calculer automatiquement des coefficients d'un masque de chanfrein qui vérifie les conditions d'une norme, on doit pouvoir calculer ces conditions automatiquement. D'après la condition de norme sur un module (théorème 3.1) donnée dans la section 3.3.3, une condition suffisante pour qu'un masque induise une norme sur \mathbb{Z}^3 est que le polyèdre Ω de sommets $\{O + \frac{\mathbf{y}_i}{\omega_i}\}$ et organisé suivant la triangulation du masque, soit convexe. Le théorème de Tietze [Tie28] permet de caractériser localement un ensemble convexe :

Théorème 3.2 (Tietze)

Un compacte de \mathbb{R}^n est convexe si et seulement si tous ses points sont localement convexes.

Dans notre cas, on peut dire que le polyèdre Ω est convexe si et seulement si chacune de ses arêtes est *ournée vers l'extérieur*. Cette condition peut s'exprimer de la manière suivante pour tout couple de cônes adjacents (c_1, c_2) du masque de chanfrein :

$$\forall (c_1, c_2) \in \mathcal{M}_C, \left\{ \begin{array}{l} c_1 = \langle\langle (\mathbf{v}_i, \omega_i), (\mathbf{v}_j, \omega_j), (\mathbf{v}_l, \omega_l) \rangle\rangle \\ \text{et} \\ c_2 = \langle\langle (\mathbf{v}_j, \omega_j), (\mathbf{v}_k, \omega_k), (\mathbf{v}_l, \omega_l) \rangle\rangle \end{array} \right\}, \left| \begin{array}{cccc} x_i & x_j & x_k & x_l \\ y_i & y_j & y_k & y_l \\ z_i & z_j & z_k & z_l \\ \omega_i & \omega_j & \omega_k & \omega_l \end{array} \right| \geq 0. \quad (3.18)$$

La figure 3.14 représente la géométrie et les notations utilisées dans le critère de convexité locale (3.18). Un masque de chanfrein induit une norme sur \mathbb{Z} si et seulement si chacune de ses arêtes vérifie l'équation (3.18), et, par symétrie, si et seulement si, chaque arête de son générateur vérifie l'équation (3.18). Étant donné un cône c_1 de la triangulation régulière d'un générateur de masque de chanfrein, et c_2 l'un de ses symétriques (c'est-à-dire un cône qui partage une face avec c_1 , comme indiqué sur la figure 3.14), alors soit c_2 est aussi dans le générateur du masque (et le critère de convexité local peut être testé automatiquement), soit c_2 est à l'extérieur du générateur, et alors, les poids qui lui seront affectés sont ceux de c_1 . En effet, on construit le masque entier à partir de son générateur par symétrie. On peut donc aussi tester

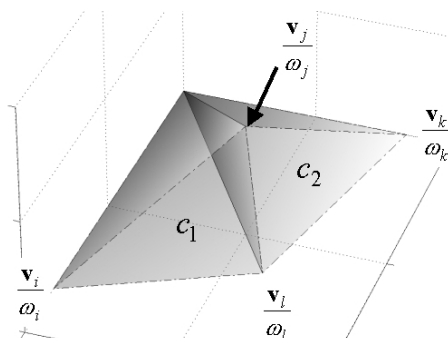


FIG. 3.14 – Géométrie des cônes vérifiant le critère de convexité locale 3.18.

automatiquement la condition de convexité locale pour les arêtes situées “au bord” du générateur du masque de chanfrein.

3.6 Calcul des coefficients optimaux

Pour déterminer les jeux de coefficients optimaux, on teste les jeux de coefficients entiers (triés dans l’ordre lexicographique des coordonnées) et on garde le jeu de coefficients dont l’erreur relative maximale est inférieure à celle des autres ensembles de coefficients. On effectue ce calcul en deux parties : tout d’abord, pour une taille de masque donnée (par exemple $3 \times 3 \times 3$ ou $5 \times 5 \times 5$), on construit les vecteurs du générateur du masque, ainsi que sa triangulation régulière. Ensuite, on parcourt les jeux de coefficients, on vérifie les conditions locales de norme, et on calcule l’erreur relative maximale optimale.

3.6.1 Géométrie du masque

Les masques les plus rencontrés dans la littérature sont les masques 2-D 3×3 et 3-D $3 \times 3 \times 3$. Certains masques 2-D plus larges ont aussi été considérés, car en dimension 2, la régularité de la triangulation ne pose pas beaucoup de problèmes. Ce n’est pas le cas en dimension 3. Or si l’on veut être capable de prédire les valeurs de la carte de chanfrein, et ainsi l’erreur par rapport à la distance euclidienne, on doit avoir une triangulation régulière. Remy [Rem01] donne des critères pour obtenir des cônes réguliers en surchargeant des cônes non réguliers, c’est-à-dire en rajoutant des vecteurs appropriés et en subdivisant ces cônes. Cependant, cette méthode nécessite de connaître les coefficients a priori et peut échouer selon les coefficients. Comme nous souhaitons développer une méthode automatique et simple nous avons décidé de construire directement une triangulation régulière en utilisant la triangulation de Farey.

Utilisation de la symétrie

Pour construire la géométrie du masque, on réduit la triangulation au premier octant. En effet, le masque de chanfrein usuel $3 \times 3 \times 3$ est triangulé naturellement de manière régulière. Son générateur :

$$\mathcal{M}_{3 \times 3 \times 3}^g = \{((1,0,0), \omega_{100}), ((1,1,0), \omega_{110}), ((1,1,1), \omega_{111}), ((0,1,1), \omega_{011}), \\ ((0,0,1), \omega_{001}), ((1,0,1), \omega_{101})\}$$

(voir figure 3.10) contient 6 cônes : le cône $\langle\langle(1,0,0), (1,1,0), (1,1,1)\rangle\rangle$, ses symétriques par rapport au plan $y = z$, leurs symétriques par rapport au plan $x = y$ et leurs symétriques par rapport au plan $y = z$ (cf figure 3.10 (b)). Pour obtenir de plus grands masques, on ajoute des vecteurs à l'intérieur des cônes existants. On peut ne le faire qu'à l'intérieur du premier cône, le reste de la triangulation sera déduite par symétrie.

Ensembles de Farey

Un ensemble de Farey $\widehat{\mathcal{F}}_n$ d'ordre n est l'ensemble des points irréductibles $(\frac{y}{x}, \frac{z}{x})$ de $\mathbb{Q} \cap [0, 1]$ dont le dénominateur est inférieur ou égal à n . Il est constitué uniquement de points visibles.

L'ensemble de Farey d'ordre n correspond aux vecteur du générateur d'un masque 3-D de taille $(2n + 1) \times (2n + 1) \times (2n + 1)$. Par exemple, la série de Farey d'ordre 1 ordonnée dans l'ordre lexicographique $\widehat{\mathcal{F}}_1 = \{(\frac{0}{1}, \frac{0}{1}), (\frac{1}{1}, \frac{0}{1}), (\frac{1}{1}, \frac{1}{1})\}$ correspond à l'ensemble de vecteurs $\{(1,0,0), (1,1,0), (1,1,1)\}$.

L'ensemble de Farey d'ordre $n + 1$ $\widehat{\mathcal{F}}_{n+1}$ peut être construit à partir de $\widehat{\mathcal{F}}_n$ par :

$$\widehat{\mathcal{F}}_{n+1} = \widehat{\mathcal{F}}_n \cup \left\{ \left(\frac{y}{x}, \frac{z}{x} \right) \widehat{+} \left(\frac{y'}{x'}, \frac{z'}{x'} \right) \text{ avec } x + x' \leq n \text{ et } \left(\frac{y}{x}, \frac{z}{x} \right), \left(\frac{y'}{x'}, \frac{z'}{x'} \right) \in \widehat{\mathcal{F}}_n \right\}$$

L'addition étant définie comme suit [HW79] : $\left(\frac{y}{x}, \frac{z}{x} \right) \widehat{+} \left(\frac{y'}{x'}, \frac{z'}{x'} \right) = \left(\frac{y+y'}{x+x'}, \frac{z+z'}{x+x'} \right)$.

Construction récursive de la triangulation de Farey

La triangulation \mathcal{T}_1 associée à $\widehat{\mathcal{F}}_1$ est composée d'un seul cône $\langle\langle(1,0,0), (1,1,0), (1,1,1)\rangle\rangle$, qui correspond au triangle de Farey $\langle\langle(\frac{0}{1}, \frac{0}{1}), (\frac{1}{1}, \frac{0}{1}), (\frac{1}{1}, \frac{1}{1})\rangle\rangle$, et qui est régulier.

Pour construire \mathcal{T}_{n+1} à partir de \mathcal{T}_n , on met tous les triangles de Farey de \mathcal{T}_n dans une liste \mathcal{L} . Ensuite, on examine successivement les triangles de \mathcal{L} , et l'on essaie de construire un nouveau triangle en divisant en deux les triangles existants.

Considérons un triangle $\langle\langle A, B, C \rangle\rangle$ de \mathcal{L} . On essaie d'ajouter un nouveau sommet le long de la plus grande arête⁵, disons AC . Un tel sommet

⁵On considère en effet que les plus grandes erreurs entre la distance de chanfrein et la distance euclidienne ont plus de chances de se produire le long des plus grandes arêtes.

appartient à \mathcal{F}_{n+1} si et seulement si $x_A + x_C \leq n + 1$. Si l'inégalité précédente n'est pas vérifiée, on remet le triangle dans la liste, et il ne sera plus pris en compte. Si $x_A + x_C \leq n + 1$ est vérifié, alors on note $B' = A \hat{+} C$ le nouveau point de Farey, et l'on met les deux nouveaux triangles $\langle\langle A, B, B' \rangle\rangle$ et $\langle\langle B', B, C \rangle\rangle$ dans la liste \mathcal{L} . Ces deux nouveaux triangles sont réguliers. En effet, $\Delta_{ABB'} = \Delta_{AB(A \hat{+} C)} = \Delta_{ABA} + \Delta_{ABC} = 0 + \Delta_{ABC} = 1$ et $\Delta_{B'BC} = \Delta_{(A \hat{+} C)BC} = \Delta_{ABC} + \Delta_{CBC} = \Delta_{ABC} + 0 = 1$.

On arrête la construction de \mathcal{T}_{n+1} lorsque l'on ne peut plus ajouter de sommets d'ordre $n + 1$ dans les triangles de la liste \mathcal{L} . On peut remarquer que si l'on stoppe la construction de la triangulation de Farey d'ordre $n + 1$ avant d'avoir inséré tous les sommets possibles, on obtient des masques intermédiaires dont la triangulation est régulière (cf figure 3.15).

La figure 3.15 montre les différents étapes de la construction de \mathcal{T}_2 à partir de \mathcal{T}_1 . \mathcal{T}_3 et \mathcal{T}_4 sont représentés sur la figure 3.16.

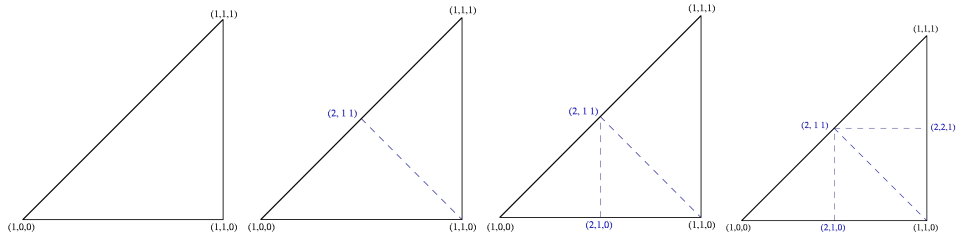


FIG. 3.15 – Construction de \mathcal{T}_2 à partir de \mathcal{T}_1 . On représente les cônes par leur projection sur le plan $x = 1$. De gauche à droite, les triangulations correspondent respectivement aux masques $3 \times 3 \times 3$, $3 \times 3 \times 5$, $3 \times 5 \times 5$, et $5 \times 5 \times 5$.

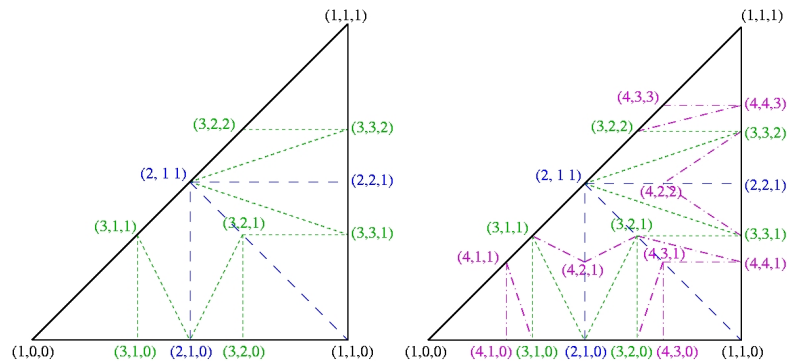


FIG. 3.16 – \mathcal{T}_3 et \mathcal{T}_4 .

3.6.2 Parcours en profondeur récursif

Une fois que l'on a la géométrie du générateur de chanfrein, on peut calculer des jeux de coefficients $\{\omega_i\}$ qui satisfont les conditions de norme en faisant décroître l'erreur relative maximale.

La première méthode consiste en une recherche exhaustive : on teste tous les jeux $\{\omega_a\}$ possibles⁶ dans l'ordre lexicographique. Pour un ensemble donné de coefficients $\{\omega_i\}$, avec tous les ω_i connus, on vérifie les conditions de norme (équation 3.18) et on calcule τ_{opt} (section 3.4.2). Si les conditions de convexité sont toutes vérifiées, et que τ_{opt} est inférieur aux erreurs relatives maximale précédentes, on garde le jeu de coefficients $\{\omega_i\}$ comme résultat intermédiaire. On recommence avec l'ensemble $\{\omega_i\}$ suivant.

3.6.3 Parcours en profondeur avec alpha élagage

La vérification des conditions de norme locales (notées CNL) ne met en jeu que quatre coefficients. Si cette vérification échoue pour un jeu de coefficients $\{\omega_i\}$, il échouera aussi pour un jeu de coefficients $\{\omega'_i\}$ qui contient aussi ces 4 coefficients. On peut donc réduire le temps de calcul en vérifiant les conditions de norme locales le plus tôt possible (i.e. dès que les 4 coefficients de deux cônes adjacents sont fixés), et non une fois tous les coefficients fixés.

La recherche du jeu de coefficients optimaux peut être décrite par le pseudo-code suivant :

```

1: %Main Program
2: pour  $\omega_1$  de 1 à une valeur donnée par l'utilisateur faire
3:   TEST( 1 )
4:
5: procédure TEST(  $n$  )
6:  $m \leftarrow$  nombre total de coefficients dans le générateur du masque de chan-
   frein considéré.
7: si on peut tester des CNLs avec  $(\omega_1, \dots, \omega_n)$  alors
8:   tester ces CNLs et retour si l'une d'elles n'est pas vérifiée
9: si  $n$  est égal à  $m$  alors %Tous les  $\omega_i$  sont fixés.
10:   Calculer l'erreur  $\tau_{opt}$ 
11:   si la valeur de  $\tau_{opt}$  calculée est plus petite que la précédente alors
12:      $(\omega_1, \dots, \omega_m)$  est un ensemble optimal de coefficients
13:   retour
14: pour  $\omega_{n+1}$  de  $\omega_1 \|\mathbf{v}_{n+1}\|_\infty$  à  $\omega_1 \|\mathbf{v}_{n+1}\|_1$  faire %Fixer récursivement
    $\omega_{n+1}$ .
15:   TEST(  $n + 1$  )

```

⁶Considérons que le coefficient ω_1 est associé au vecteur \mathbf{x} . Lorsque ω_1 est fixé, on fait varier ω_i de $\omega_1 \|\mathbf{v}_i\|_\infty$ à $\omega_1 \|\mathbf{v}_i\|_1$. On obtient ainsi un ensemble de recherche fini pour ω_1 fixé.

Une version séquentielle du même algorithme s'écrit sous la forme suivante :

```

1:  $i \leftarrow 1$ ,  $\omega_1 \leftarrow \omega_{1,\min}$  %Initialisation
2: répéter
3:   si Les CNLs définies avec  $\{(\mathbf{v}_j, \omega_j)\}_{j=1\dots i}$  sont vérifiées alors
4:     si  $i = m$  alors %Tous les  $\omega_i$  sont fixés
5:       Calculer  $\tau_{opt}$ , écrire  $\{\omega_i\}$ 
6:     tant que  $i \geq 0$  ET  $\omega_i = \omega_{i,\max}$  faire
7:        $i \leftarrow i - 1$  %Revenir au coefficient précédent
8:     si  $i \geq 0$  alors
9:        $\omega_i \leftarrow \omega_i + 1$  %Incrémenter  $\omega_i$ 
10:    sinon %Les  $\omega_i$  sont partiellement fixés, aller au coefficient suivant
11:       $i \leftarrow i + 1$ 
12:       $\omega_i \leftarrow \omega_{i,\min}$ 
13:    sinon %Aller au jeu (partiel) de coefficients suivant
14:      tant que  $i \geq 0$  ET  $\omega_i = \omega_{i,\max}$  faire
15:         $i \leftarrow i - 1$  %Revenir au coefficient précédent
16:      si  $i \geq 0$  alors
17:         $\omega_i \leftarrow \omega_i + 1$  %Incrémenter  $\omega_i$ 
18: jusqu'à  $i = 0$ 

```

3.6.4 Résultats : exemples de masques de chanfrein

Nous présentons dans cette section des exemples de coefficients de chanfrein obtenus grâce à notre méthode⁷. Cette méthode s'applique aussi bien à des grilles isotropes qu'anisotropes. Pour les grilles isotropes, la symétrie du générateur permet de réduire encore plus le domaine de recherche, et ainsi de calculer des coefficients pour de plus grands masques.

Masques de chanfrein pour des grilles isotropes

Afin de simplifier les notations, on nomme les points de Farey dans l'ordre lexicographique : $a(1, 0, 0)$, $b(1, 1, 0)$, $c(1, 1, 1)$, $d(2, 1, 0)$, $e(2, 1, 1)$, $f(2, 2, 1)$, $g(3, 1, 0)$, $h(3, 1, 1)$, $i(3, 2, 0)$, $j(3, 2, 1)$, $k(3, 2, 2)$, $l(3, 3, 1)$, $m(3, 3, 2)$. On calcule les ensembles de coefficients en faisant varier ω_1 de 1 à 20.

Le tableau 3.2 montre les coefficients obtenus pour un masque $3 \times 3 \times 3$ (on arrête la triangulation de Farey à l'ordre 1), le tableau 3.3 montre les coefficients obtenus pour un masque $5 \times 5 \times 5$ (on arrête la triangulation de Farey à l'ordre 2), le tableau 3.4 montre les coefficients obtenus pour un masque $7 \times 7 \times 7$ (on arrête la triangulation de Farey à l'ordre 3). La dernière colonne de chaque tableau indique le temps utilisé pour trouver les coefficients avec notre implémentation Java.

⁷Un code Java de cet algorithme est disponible sur <http://www.cb.uu.se/~tc18/>

a	b	c	ε_{opt}	$\tau_{opt}(\%)$	temps
1	1	1	0.789	26.79	1ms
1	2	2	1.207	17.16	5ms
2	3	3	1.984	12.70	5ms
2	3	4	2.225	10.10	6ms
3	4	5	3.073	7.94	7ms
4	6	7	4.291	6.79	9ms
7	10	12	7.401	6.39	16ms
11	16	19	11.710	6.32	35ms
12	17	21	12.801	6.26	52ms
19	27	33	20.235	6.11	82ms

TAB. 3.2 – coefficients d'un masque de chanfrein $3 \times 3 \times 3$.

a	b	c	d	e	f	ε_{opt}	$\tau_{opt}(\%)$	temps
1	1	1	2	2	2	0.789	26.79	3ms
1	2	2	3	3	4	1.207	17.16	9ms
2	3	3	5	5	6	1.984	12.70	20ms
2	3	4	5	6	7	2.225	10.10	21ms
3	4	5	7	7	9	2.995	5.57	40ms
4	6	7	9	10	13	4.179	4.29	55ms
5	7	9	11	12	15	5.048	2.94	80ms
9	13	16	20	22	28	9.189	2.66	610ms
11	16	20	25	27	34	11.288	2.55	1.5s
20	29	35	45	49	62	20.5	2.44	35s

TAB. 3.3 – coefficients de masque de chanfrein $5 \times 5 \times 5$.

Ces tableaux permettent de choisir un compromis entre la précision et le temps de calcul lors du calcul des cartes de chanfrein. En effet, lorsque l'on calcule une carte de distance avec l'algorithme de Rosenfeld :

- avec un masque $3 \times 3 \times 3$, l'algorithme effectue 13 opérations sur chaque pixel, et le maximum de l'erreur obtenue vis-à-vis de la distance euclidienne est d'environ 6.5%,
- avec un masque $5 \times 5 \times 5$, l'algorithme effectue 37 opérations sur chaque pixel, et le maximum de l'erreur obtenue vis-à-vis de la distance euclidienne est d'environ 2.5%,
- avec un masque $7 \times 7 \times 7$, l'algorithme effectue 97 opérations sur chaque pixel, et le maximum de l'erreur obtenue vis-à-vis de la distance euclidienne est inférieure à 2%

Masques de chanfrein pour des grilles anisotropes

La figure 3.17 montre une distance calculée à partir du point central dans une grille 2-D anisotrope ($d_x = 1$ et $d_y = 2$).

On présente ici, un exemple de résultats calculés pour une grille anisotrope avec $d_x = 1.0$, $d_y = 1.2$ et $d_z = 2.0$. Pour simplifier les notations, on appelle : $aX(1, 0, 0)$, $aY(0, 1, 0)$, $aZ(0, 0, 1)$, $bXY(1, 1, 0)$, $bXZ(1, 0, 1)$, $bYZ(0, 1, 1)$, $c(1, 1, 1)$, $dXY(2, 1, 0)$, $dXZ(2, 0, 1)$, $dYX(1, 2, 0)$, $dYZ(0, 2, 1)$,

a	b	c	d	e	f	g	h	i	j	k	l	m	ε_{opt}	$\tau_{opt}(\%)$	temps
1	1	1	2	2	2	3	3	3	3	3	3	3	0.789	26.79	2ms
1	2	2	3	3	4	4	4	5	5	5	6	6	1.207	17.16	121ms
2	3	3	5	5	6	7	7	8	8	8	9	9	1.984	12.70	273ms
2	3	4	5	6	7	7	8	8	9	10	10	11	2.225	10.10	305ms
3	4	5	6	7	9	9	9	10	11	12	13	14	2.842	5.57	1.5s
4	6	7	9	10	13	13	13	15	16	17	19	20	4.139	5.31	14.5s
4	6	7	9	10	13	13	14	15	16	17	19	20	4.179	4.29	14s
5	7	9	11	12	15	16	16	18	19	21	22	24	5.010	3.71	1mn04s
5	7	9	11	12	15	16	17	18	19	21	22	24	5.048	2.94	1mn04s
7	10	12	16	17	21	22	23	26	27	29	31	33	7.104	2.47	14mn51s
8	11	14	18	19	24	25	26	29	30	33	34	38	7.940	2.31	41mn07s
10	14	17	22	24	30	32	33	36	37	41	43	47	10.022	2.24	4h21mn24s
11	16	19	25	27	34	35	37	41	42	46	49	53	11.208	2.12	10h02mn01s
12	17	21	27	29	36	38	40	44	45	49	52	56	12.084	2.03	20h17mn26s

TAB. 3.4 – coefficients de masque de chanfrein $7 \times 7 \times 7$.

$dZX(1, 0, 2)$, $dZY(0, 1, 2)$, $eX(2, 1, 1)$, $eY(1, 2, 1)$, $eZ(1, 1, 2)$, $fXY(2, 2, 1)$,
 $fXZ(2, 1, 2)$, $fYZ(1, 2, 2)$.

aX	aY	aZ	bXY	bXZ	bYZ	c	ε_{opt}	$\tau_{opt}(\%)$	temps
1	1	2	1	2	2	2	0.879	27.18	2ms
1	1	2	2	2	2	2	1.045	24.58	3ms
2	2	4	3	4	4	4	1.906	17.31	5ms
3	4	6	5	6	7	7	3.169	15.33	9ms
3	4	6	5	7	7	7	3.207	13.98	10ms
3	4	6	5	7	7	8	3.392	11.54	12ms
4	5	8	6	9	9	10	4.316	10.99	19ms
5	6	10	8	11	12	13	5.522	10.91	38ms
5	6	10	8	12	12	13	5.580	10.39	40ms
8	10	16	13	18	19	20	8.778	10.22	105ms
9	11	18	14	20	21	23	9.918	9.81	171ms
13	16	26	21	30	31	33	14.397	9.70	0.5s
15	18	30	24	34	35	38	16.573	9.65	0.9s
19	23	38	30	43	45	48	20.925	9.61	2.6s

TAB. 3.5 – coefficients de masque de chanfrein anisotrope $3 \times 3 \times 3$. $d_x = 1$, $d_y = 1.2$, $d_z = 2$.

Le tableau 3.5 montre le résultat pour un masque de chanfrein $3 \times 3 \times 3$. Le tableau 3.6 montre le résultat pour un masque de chanfrein $3 \times 3 \times 5$, ce qui signifie que l'on a arrêté la triangulation de Farey au premier point de l'ordre 2. Le tableau 3.6 montre le résultat pour un masque $3 \times 5 \times 5$.

Pour comparer nos coefficients avec ceux présentés dans [SB04], le tableau 3.8 présente les coefficients obtenus pour $d_x = d_y = 1$ et $d_z = 1.5$.

3.7. CALCUL DE CARTES DE CHANFREIN SUR UNE MOSAÏQUE D'IMAGES 89

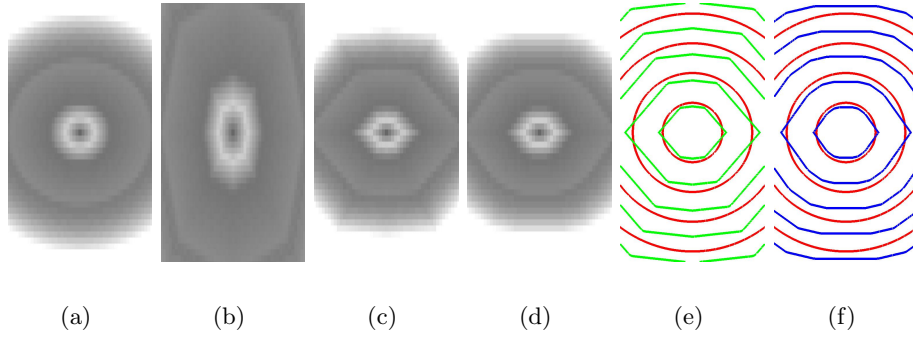


FIG. 3.17 – Exemples de cartes de distance 2-D sur une grille anisotrope : (a) carte de distance euclidienne ; (b) carte de chanfrein calculée avec un masque 3×3 destiné à une image isotrope ; (c) carte de chanfrein calculée avec un masque 3×3 pour une grille anisotrope, calculé avec notre méthode ; (d) carte de chanfrein calculée avec un masque 5×5 pour une grille anisotrope, calculé avec notre méthode ; (e) iso-lignes euclidiennes (rouge), avec les iso-lignes de chanfrein d'un masque 3×3 anisotrope (c) (vert) ; (f) iso-lignes euclidiennes (rouge), avec les iso-lignes de chanfrein d'un masque 5×5 anisotrope (d) (bleu).

aX	aY	aZ	bXY	bXZ	bYZ	c	eX	eY	eZ	ε_{opt}	$\tau_{opt}(\%)$	temps
1	1	2	1	2	2	2	3	3	4	0.879	27.18	2ms
1	1	2	2	2	2	2	3	3	4	1.045	24.58	5ms
2	2	4	3	4	4	4	6	6	8	1.906	17.31	12ms
2	2	4	3	4	4	5	6	7	8	1.951	14.59	13ms
3	4	6	5	7	7	7	10	11	13	3.207	13.98	31ms
3	4	6	5	7	7	8	10	12	13	3.391	11.54	34ms
4	5	8	6	9	9	10	13	15	17	4.285	10.36	81ms
5	6	10	8	11	12	13	16	19	22	5.410	9.07	208ms
9	11	18	14	20	21	23	29	34	39	9.783	8.57	2.8s
10	12	20	16	22	23	25	32	37	43	10.750	8.48	5s
15	16	26	21	29	31	33	42	49	57	14.159	8.40	22s
18	22	36	28	40	42	46	58	67	78	19.492	8.23	2mn46s

TAB. 3.6 – coefficients de masque de chanfrein anisotrope $3 \times 3 \times 5$. $d_x = 1$, $d_y = 1.2$, $d_z = 2$.

3.7 Calcul de cartes de chanfrein sur une mosaïque d'images

Comme nous l'avons vu dans le chapitre 2, nous travaillons avec des images de très grandes tailles qui ne peuvent être chargées en une seule fois dans la mémoire d'un ordinateur standard. Nous avons donc décidé de traiter ces images bloc par bloc afin d'optimiser les calculs. Cependant, en ce qui

a_X	a_Y	a_Z	b_{XY}	b_{XZ}	b_{YZ}	c	e_X	e_Y	e_Z	d_{XY}	d_{XZ}	d_{YZ}	d_{ZX}	d_{ZY}	ε_{opt}	$\tau_{opt}(\%)$	temps	
1	1	2	1	2	2	2	2	3	4	2	2	2	3	4	4	0.820	21.94	05ms
2	2	4	3	4	4	4	5	6	8	4	5	5	6	8	8	1.819	13.34	27ms
3	4	6	5	7	7	8	10	12	13	13	9	9	11	12	13	3.347	13.04	200ms
3	4	6	5	7	7	8	10	12	13	7	9	9	11	13	13	3.392	11.54	203ms
4	5	8	6	10	9	10	12	15	18	9	12	11	14	18	17	4.285	10.36	734ms
5	6	10	8	11	11	12	15	18	21	11	14	14	17	21	20	5.230	9.83	3s
5	6	10	8	11	12	13	16	19	21	12	14	14	18	21	21	5.414	9.66	3s
5	6	10	8	11	12	13	16	19	22	12	14	14	18	21	21	5.428	9.37	3s
5	6	10	8	12	12	13	16	19	22	12	15	14	18	21	21	5.468	8.56	3s
7	8	14	11	15	16	17	21	25	29	16	19	19	24	29	28	7.283	8.46	25s
10	12	20	15	24	22	24	29	35	43	22	29	26	33	43	41	10.288	8.32	7mn16s
11	13	22	16	23	24	26	32	38	44	24	30	28	36	44	44	11.166	8.27	14mn21s
11	13	22	17	23	24	26	32	38	44	24	30	29	36	44	44	11.168	8.26	15mn28s
11	13	22	17	25	26	28	34	41	47	26	31	30	39	45	46	11.808	8.25	15mn53s
12	14	24	18	26	27	29	35	43	50	27	33	32	41	50	48	12.454	8.24	28mn26s
13	16	26	21	29	30	33	40	48	56	30	37	36	45	54	54	19.997	8.11	1h06mn54s
14	17	28	22	35	32	35	42	51	63	32	42	38	48	63	60	14.874	8.09	2h19mn30s
14	17	28	22	31	32	35	43	51	59	32	39	38	48	57	58	14.899	7.91	2h19mn44s
15	18	30	23	33	34	37	45	54	63	34	42	40	51	62	61	15.801	7.74	4h14mn06s
19	23	38	30	48	44	48	58	70	86	44	58	52	66	86	82	20.416	7.60	44h46mn58s
20	24	40	31	44	46	50	61	73	85	46	56	54	69	82	83	21.295	7.59	74h15mn12s
20	24	40	31	45	46	50	61	73	85	46	56	54	69	82	83	21.308	7.53	74h15mn14s

TAB. 3.7 – coefficients de masque de chanfrein anisotrope $3 \times 5 \times 5$. $d_x = 1$, $d_y = 1.2$, $d_z = 2$.

$a_X = a_Y$	b_{XY}	a_Z	$b_{XZ} = b_{YZ}$	c	ε_{opt}	$\tau_{opt}(\%)$	temps
1	1	2	2	2	1.020	30.69	3ms
1	2	2	2	2	1.192	18.62	6ms
2	3	3	3	4	1.99	16.74	11ms
2	3	3	4	4	2.172	10.67	14ms
4	6	6	7	8	4.274	9.20	37ms
5	7	8	9	10	5.302	8.52	87ms
8	11	12	14	16	8.466	8.33	267ms
11	16	17	20	23	11.976	8.15	511ms
12	17	18	22	25	13.026	7.87	678ms
16	23	24	29	33	17.347	7.76	2s
17	24	26	31	35	18.386	7.70	2.5s

TAB. 3.8 – Coefficients pour un masque de chanfrein $3 \times 3 \times 3$ pour $d_x = 1$, $d_y = 1$, $d_z = 1.5$. Les coefficients sont ordonnés de la même façon que dans [SB04]. Les jeux de coefficients en gras sont identiques à ceux trouvés dans [SB04].

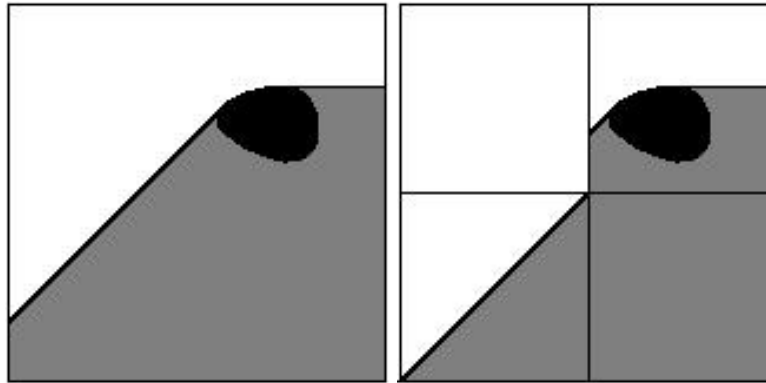
concerne le calcul d'une carte de chanfrein, un simple passage *forward* suivi d'un simple passage *backward* sur chaque bloc risque de ne pas propager correctement les distances. En effet, considérons une division de l'image en sous-blocs et notons B_x , B_y et B_z le nombre de blocs selon chaque direction. Tout d'abord, afin de propager correctement les distances, les blocs doivent se superposer partiellement. Ce recouvrement doit être proportionnel à la taille du masque considéré, c'est-à-dire que l'on prendra un pixel de recouvrement pour un masque $3 \times 3 \times 3$, 2 pixels pour un masque $5 \times 5 \times 5$ et ainsi de suite. Ensuite, un passage naïf sur l'image qui consisterait en un simple passage *forward* sur chaque bloc, comme par exemple :

- 1: **pour** $k = 1$ à B_z **faire**

3.7. CALCUL DE CARTES DE CHANFREIN SUR UNE MOSAÏQUE D'IMAGES91

- 2: **pour** $j = 1$ à B_y **faire**
- 3: **pour** $i = 1$ à B_x **faire**
- 4: Faire un passage *forward* sur le bloc $B(i, j, k)$

ne conduit pas à une propagation avant correcte, comme le montre la figure 3.18. Il en est de même pour le passage arrière. En effet, en dimension 2, par



(a) Propagation correcte

(b) Propagation incorrecte

FIG. 3.18 – Passage avant : un passage naïf sur les blocs ne conduit pas à une propagation correcte des distances locales.

exemple, d'après la géométrie d'un masque *forward* (cf image 3.4), la mise à jour d'un point ne dépend pas seulement des points situés au dessus et à gauche de lui, mais aussi de certains points situés à droite. Ainsi, la mise à jour des points du bord d'un bloc peut dépendre de points situés dans les blocs qui n'ont pas encore été traités. De même en dimension 3.

Afin de propager correctement les distances locales, on doit ajouter quelques passages sur les blocs (dans le même esprit que l'algorithme de Danielsson [Dan80]) :

- **Passage avant**
 - Pour chaque ligne de blocs
 - Faire un passage avant sur la ligne : de gauche à droite faire un passage *forward* sur chaque bloc de la ligne
 - Faire ensuite un passage arrière sur cette ligne : de droite à gauche faire un passage *forward* sur chaque bloc de la ligne (sauf le dernier)
 - Pour chaque plan de blocs
 - Faire un passage avant sur le plan de blocs : de haut en bas faire un passage *forward* sur chaque ligne du plan de blocs
 - Faire ensuite un passage arrière sur le même plan de blocs : de bas en haut, faire un passage *forward* sur chaque ligne du plan

- de blocs (sauf pour la dernière ligne)
- **Passage arrière**
 - Pour chaque ligne de blocs
 - Faire un passage arrière sur la ligne : de droite à gauche faire un passage *backward* sur chaque bloc de la ligne
 - Faire ensuite un passage avant sur cette ligne : de gauche à droite faire un passage *backward* sur chaque bloc de la ligne (sauf le premier)
 - Pour chaque plan de blocs
 - Faire un passage arrière sur le plan de blocs : de bas en haut faire un passage *backward* sur chaque ligne du plan de blocs
 - Faire ensuite un passage avant sur le même plan de blocs : de haut en bas, faire un passage *backward* sur chaque ligne du plan de blocs (sauf pour la première ligne)

On peut remarquer que pour un passage avant, la dernière ligne de blocs et le dernier bloc de chaque ligne ne sont traités qu'une seule fois alors que les autres blocs sont traités deux fois. On peut donc en déduire une stratégie sur le choix de la taille des différents blocs, en choisissant par exemple les plus grands blocs à la fin des lignes ou sur la dernière ligne de chaque bloc. De même pour le passage arrière.

3.8 Conclusion

Dans cette partie, nous nous sommes intéressés aux cartes de distances, et plus particulièrement aux cartes de chanfrein qui constituent un excellent compromis entre la précision et le coût algorithmique pour le calcul des distances euclidiennes. Après avoir rappelé différents concepts qui, bien que n'étant pas les nôtres, étaient indispensables à la compréhension, nous avons proposé une nouvelle méthode de calcul automatique des coefficients du masques de chanfrein, valable pour toute taille de masque 3-D, et quelle que soient les dimensions élémentaires de la grille parallélépipédique formant l'image. Nous avons ensuite proposé un algorithme de calcul de carte de chanfrein en sous-images, ce qui nous permet de calculer la distance à l'intérieur de chacun des vaisseaux de nos mosaïques d'images.

CHAPITRE 4

Squelettisation



Sommaire

4.1	Introduction	95
4.2	État de l'art	96
4.2.1	Rappels sur la topologie discrète	96
4.2.2	Différentes méthodes pour déterminer squelette et axe médian	106
4.2.3	Amincissement ordonné par la distance	110
4.3	Squelettisation par blocs	112
4.3.1	Homotopie	113
4.3.2	Localisation	114
4.3.3	Minceur	115
4.3.4	Exemple	117
4.4	Dépendance du squelette par rapport au bruit	117
4.5	Conclusion	119

¹“Squelette aux pots” inspiré de la philosophie épicurienne, musée national de Naples.

4.1 Introduction

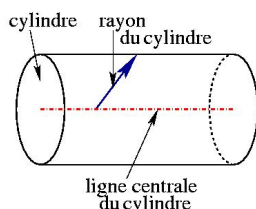


FIG. 4.1 – Si l'on modélise un vaisseau avec un cylindre, la plus petite distance à l'extérieur de chacun des points de sa ligne centrale correspond à son rayon.

vaisseau en ce point (cf. figure 4.1).

De manière générale, les lignes centrales, ou plus généralement les squelettes, sont très utilisés en analyse d'images et reconnaissance de formes. En dimension 2, les squelettes représentent des lignes inter-connectées au centre d'un objet. En dimension 3, ils peuvent représenter des lignes centrales (c'est ce qui nous intéresse ici) ou bien des surfaces centrales. Ils permettent de décrire synthétiquement non seulement la forme, mais aussi certaines propriétés mathématiques des objets, comme par exemple la longueur ou la surface. Ils sont par ailleurs utilisés en compression d'image car ils décrivent les objets de façon compacte.

De nombreux algorithmes ont été proposés pour déterminer le squelette d'un objet [BNSdB99] (un rapide état de l'art est donné dans la section suivante), mais tous supposent implicitement que l'image à traiter peut être chargée entièrement dans la mémoire de l'ordinateur. En effet, la squelettisation repose sur une propriété topologique globale de l'image. Or comme nous l'avons vu dans le chapitre d'acquisition des données, nos images ne peuvent être chargées et traitées en une seule fois et leurs traitements doivent être décomposés en sous-blocs. Si certains algorithmes s'adaptent sans trop de difficultés à un traitement en sous-blocs, le cas de la squelettisation est plus délicat. En effet, cette opération doit assurer de conserver les propriétés topologiques *globales* de l'image, alors que l'on ne peut appliquer que des opérateurs locaux aux sous-blocs.

La section suivante présente plusieurs algorithmes de calcul du squelette dont l'algorithme d'amincissement ordonné par la distance. La section 4.3 présente un algorithme de squelettisation par blocs basé sur l'algorithme précédent. La section 4.4 présente les limites de la robustesse de notre méthode.

Pour déterminer les caractéristiques morphométriques des vaisseaux, nous avons choisi d'en extraire les lignes centrales. En effet, en représentant chaque vaisseau par une ligne située en son centre, on obtient un ensemble de dimension 1, ce qui permet non seulement de visualiser de manière détaillée la totalité du réseau, mais permet aussi d'extraire le nombre de vaisseau, leur longueur ainsi que le nombre de jonctions. De plus, si l'on modélise un vaisseau par un cylindre (ou un ensemble de cylindres), et si l'on associe à chaque point de sa ligne centrale la plus petite distance à l'extérieur du vaisseau, on obtient le rayon du

4.2 État de l'art

La squelettisation est une opération homotopique, c'est-à-dire qu'elle conserve la topologie de l'objet à traiter. Cette propriété est primordiale pour nous car nous souhaitons représenter le réseau vasculaire original par le réseau de ses lignes centrales. De plus, l'étude topologique du squelette (détection des jonctions, etc...) permet d'avoir des informations sur la topologie du réseau. Enfin, la préservation de propriétés régionales comme le centrage du squelette n'est pas essentielle en général, mais nous intéresse ici car elle nous permettra d'extraire les diamètres des vaisseaux.

Nous rappelons dans un premier temps les définitions des différentes caractéristiques topologiques des objet discrets, puis nous présentons rapidement les différentes méthodes d'extraction de squelettes. Enfin nous détaillons l'algorithme d'amincissement ordonné par la distance sur lequel nous nous sommes appuyés pour déterminer les lignes centrales des vaisseaux dans les mosaïques d'images.

4.2.1 Rappels sur la topologie discrète

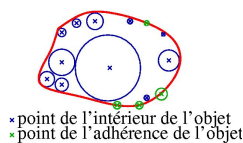


FIG. 4.2 – Exemples de points de l'intérieur et de l'adhérence d'un objet.

On définit une topologie sur un ensemble $E \subset \mathbb{R}^n$ par une famille T de parties de E telle que :

- $\emptyset \in T$
- toute réunion de parties de T est dans T
- toute intersection finie de T est dans T .

On définit l'intérieur d'un ensemble T , \dot{T} , comme l'ensemble des points x tels qu'il existe une boule ouverte centrée en x et entièrement incluse dans T . On définit l'adhérence \bar{T} d'un ensemble T comme l'ensemble des points x tels que toute boule ouverte centrée en x rencontre T . L'intérieur et l'adhérence permettent de définir la frontière $Fr(T)$ d'un ensemble T comme $Fr(T) = \bar{T} - \dot{T}$. Un exemple de frontière d'un objet est représenté en rouge dans la figure 4.2).

Le théorème de Jordan (dont une version sur \mathbb{R}^2 est donné ci-dessous) permet de s'assurer qu'un objet est défini par sa frontière.

Théorème 4.1 (de Jordan) *Soit H une courbe fermée simple dans \mathbb{R}^2 alors :*

- $C \setminus H$ a exactement 2 composantes connexes, dont l'une est bornée (extérieure / intérieure)
- la frontière de chacune des 2 composantes connexes de $C \setminus H$ est H .

Réciproquement, soient deux sous-ensembles connexes C_1 et C_2 disjoints dans un sous ensemble C connexe de \mathbb{R}^2 , tel que l'un soit borné, et que

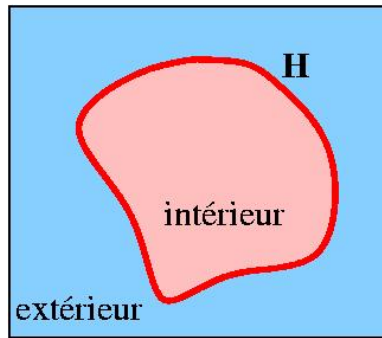


FIG. 4.3 – Théorème de Jordan : une courbe simple fermée définit un intérieur et un extérieur.

l'union de leurs fermés soit C , alors $C \setminus (C_1 \cup C_2)$ est une courbe simple fermée.

Considérons à présent une image discrète binaire I . I est définie sur un sous-ensemble F de \mathbb{Z}^n comme une application

$$I : \begin{cases} F \longrightarrow \{0, 1\} \\ p \longmapsto I(p). \end{cases}$$

Dans cette section, on supposera que le support F de I est infini. On appelle *fond* l'ensemble des points de l'image dont la valeur est 0 et *objet* l'ensemble des points de l'image dont la valeur est 1. On peut représenter I par une grille ou par un graphe. Les “cases” de la grille, i.e. les nœuds du graphe sont les points discrets $p \in E$. On appelle généralement ces points *pixel* en dimension 2 et *voxel* en dimension 3.

Les définitions et théorèmes vus dans le domaine continu ne s'appliquent pas directement aux images discrètes. On définit pour cela les notions de voisinage élémentaire et de connexité.

Adjacence, voisinage, connexité

On définit des **relations d'adjacence** dites discrètes entre les *pixels/voxels* correspondant aux arcs du graphe comme suit :

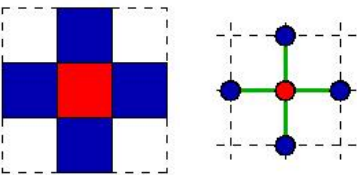
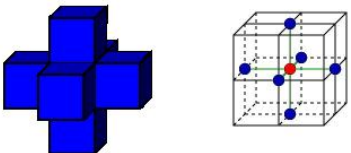
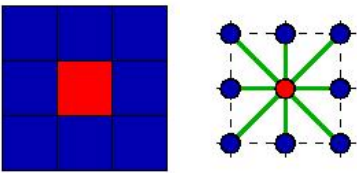
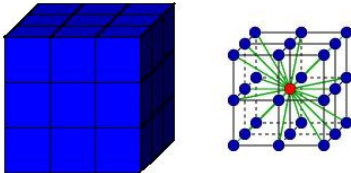
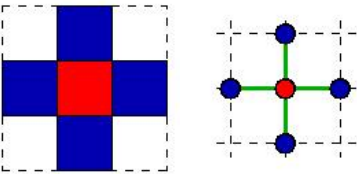
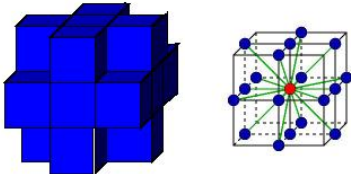
ω_n : $\omega_n(u, v) = \text{vrai}$ si u et v diffèrent de ± 1 sur une seule coordonnée.

En dimension 2, ω_2 définit **4 voisins** à tout pixel de l'image. La relation d'adjacence ω_2 définit **4-connexité**. En dimension 3, ω_3 définit 6 voisins à tout voxel de l'image. La relation d'adjacence ω_3 définit la **6-connexité**.

α_n : $\alpha_n(u, v) = \text{vrai}$ si $u \neq v$ et u et v diffèrent de -1, 0 ou 1 sur chacune de leurs coordonnées. En dimension 2, α_2 définit 8 voisins à tout pixel de l'image. La relation d'adjacence α_2 définit la **8-connexité**. En dimension 3, α_3 définit 26 voisins à tout voxel de l'image. La relation d'adjacence α_3 définit la **26-connexité**.

μ_n : $\mu_n(u, v) = \text{vrai}$ si $\alpha_n(u, v)$ est vrai et si $\|u - v\|_1 \leq n - 1$. En dimension 2, μ_2 est identique à ω_2 . Elle correspond donc à la 4-connexité. En dimension 3, μ_3 définit 18 voisins à tout voxel de l'image. La relation d'adjacence μ_3 définit la **18-connexité**.

Le tableau 4.1 illustre ces différentes relations d'adjacence en dimension 2 et 3 avec une représentation en grille (à gauche) et une représentation en graphe (à droite).

	dimension 2	dimension 3
ω	 <p>4-adjacence</p>	 <p>6-adjacence</p>
α	 <p>8-adjacence</p>	 <p>26-adjacence</p>
μ	 <p>4-adjacence</p>	 <p>18-adjacence</p>

TAB. 4.1 – Relations d'adjacence sur \mathbb{Z}^2 et \mathbb{Z}^3 .

Étant donné $k \in \{4; 6; 8; 18; 26\}$, on appelle k -adjacence la relation d'adjacence définie par la k -connexité (par exemple ω_2 est aussi appelée 4-adjacence). On dit que deux points u et v sont k -voisins si et seulement si la relation de k -adjacence entre ces deux points est vérifiée (par exemple, u et v sont 4-voisins si et seulement si $\omega_2(u, v) = \text{vrai}$).

Ces relations d'adjacence sont toutes symétriques : si p est k -voisin de q , alors q est k -voisin de p .

Composantes connexes et chemins

On dit que deux sous-ensemble A et B de l'image sont k -adjacents s'il existe au moins un point de A k -adjacent à un point de B . Considérons une relation de k -adjacence. On dit qu'un ensemble de points S de l'objet

(respectivement du fond) est *k*-connexe s'il ne peut pas être partitionné en deux sous-ensembles qui ne sont pas *k*-adjacents entre eux.

Une *composante k*-connexe d'un ensemble de points S (par exemple l'ensemble des points appartenant à l'objet, ou l'ensemble des points appartenant au fond), est un sous-ensemble non vide *k*-connexe de S qui n'est *k*-adjacent à aucun autre ensemble de points de S . Il s'agit donc d'un ensemble *k*-connexe maximal.

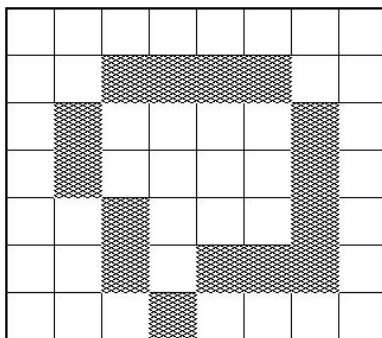


FIG. 4.4 – Si l'on considère les pixels blancs comme des pixels du fond et les pixels gris comme des points de l'objet, on a un objet constitué d'une composante 8-connexe ou de 5 composantes 4-connexes.

La figure 4.4 représente un exemple 2-D où l'objet est constitué d'une composante 8-connexe, ou de 5 composantes 4-connexes.

Pour tout ensemble de points S , on appelle *k*-chemin une séquence $\langle p_i, 0 \leq i \leq l \rangle$ de points de S tel que pour tout $0 \leq i < l$, p_i est *k*-adjacent à p_{i+1} . Un chemin $\langle p_i, 0 \leq i \leq l \rangle$ est appelé un chemin de p_0 à p_l . On dit d'un chemin qu'il est *fermé* lorsque $p_0 = p_l$.

Le fait qu'il existe un *k*-chemin entre deux points p et q est une relation *réflexive* ($\langle p_0 \rangle$ est un chemin de p_0 à p_0), *symétrique* (si $\langle p_i, 0 \leq i \leq l \rangle$ est un chemin de p_0 à p_l , alors $\langle p_i, l \geq i \geq 0 \rangle$ est un chemin de p_l à p_0) et *transitive* (si $\langle p_i, 0 \leq i \leq l \rangle$ est un chemin de p_0 à p_l et $\langle p_i, l \leq i \leq m \rangle$ est un chemin de p_l à p_m , alors $\langle p_i, 0 \leq i \leq m \rangle$ est un chemin de p_0 à p_m). La relation "il existe un *k*-chemin de p à q " définit donc une *relation d'équivalence* appelée *k*-connexité. On peut remarquer que les classes d'équivalences des *k*-chemins sont des composantes *k*-connexes.

Quelle connexité choisir ?

Si l'on choisit une seule relation d'adjacence pour toute une image discrète, le théorème de Jordan n'est alors plus vérifié. Considérons par exemple l'exemple représenté sur la figure 4.5. Les pixels blancs appartiennent au fond et les pixels gris appartiennent à l'objet.

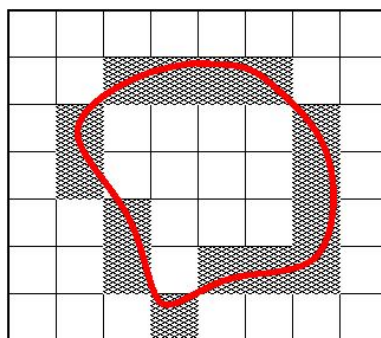


FIG. 4.5 – Dans le domaine discret, si l'on considère une seule relation d'adjacence pour toute l'image, le théorème de Jordan n'est plus vérifié.

- Si l'on choisit la *8-connexité*, **l'objet** est composé d'une seule composante 8-connexe qui est un chemin fermé et **le fond** est composé d'une seule composante 8-connexe, ce qui est en contradiction avec le théorème de Jordan (on n'a pas d'intérieur/extérieur).
- Si l'on choisit la *4-connexité* **le fond** est composé de 2 composantes 4-connexes dont une bornée et **l'objet** est composé de 5 composantes 4-connexes (on n'a pas de chemin fermé), ce qui est en contradiction avec la réciproque du théorème de Jordan.

Pour éviter ce paradoxe, appelé paradoxe de connexité [KR89], on choisit des relations de connexité différentes pour le fond et pour l'objet. En général, on choisit pour la dimension 2, la 4-connexité pour l'objet et la 8-connexité pour le fond ou réciproquement. Pour le cas 3-D, on peut choisir la 6-connexité pour l'objet et la 26-connexité pour le fond, ou l'inverse, ou encore la 6-connexité pour l'objet et la 18-connexité pour le fond et réciproquement (mais on ne peut pas choisir le couple (18, 26)).

Par exemple, avec le même exemple que précédemment (cf. figure 4.6), si l'on choisit :

- la 8-connexité pour l'objet et la 4-connexité pour le fond, on obtient **un objet** composé d'une seule composante 8-connexe (la courbe fermée) et **un fond** composé de 2 composantes 4-connexes (intérieur et extérieur), ce qui vérifie le théorème de Jordan ;
- la 4-connexité pour l'objet et la 8-connexité pour le fond, **l'objet** est composé de 5 composantes 4-connexes (pas de courbe simple fermée) et **le fond** est composé d'une seule composante connexe (pas de notion d'intérieur/extérieur), ce qui n'est en contradiction ni avec le théorème de Jordan, ni avec sa réciproque.

En pratique, on peut alors définir une image binaire comme un quadruplet (F, m, n, S) , [KR89] où

- F est un sous-ensemble de \mathbb{Z}^P
- S est un sous ensemble de F , et correspond à l'ensemble des points de

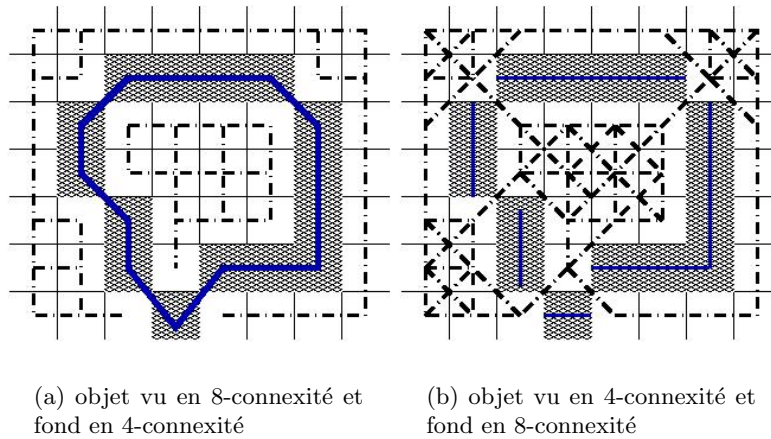


FIG. 4.6 – Si l'on choisit une connexité différente pour le fond et pour l'objet, le théorème de Jordan est respecté.

l'objet

- m et n correspondent aux connexités de l'objet et du fond : on peut choisir
 - $(m, n) = (4, 8)$ ou $(8, 4)$ si $F \subset \mathbb{Z}^2$
 - $(m, n) = (6, 26)$ ou $(26, 6)$ ou $(6, 18)$ ou $(18, 6)$ si $F \subset \mathbb{Z}^3$

Tunnels et cavités

On appelle *arrière plan* la composante connexe du fond qui est infinie.

Une *cavité* d'un objet est une composante connexe du fond qui n'est pas connectée avec l'arrière plan. Les figures 4.6 (a) et 4.7 (a) représentent une cavité à l'intérieur de l'objet respectivement en dimension 2 et en dimension 3.

En dimension 3, on définit aussi la notion de *tunnel*. Elle peut être vue comme un tunnel à l'intérieur d'un tore. On détecte la présence d'un *tunnel* lorsqu'il existe un chemin fermé de l'objet qui ne peut pas être déformé homotopiquement en un seul point. La notion de cavité est *bien* définie, c'est-à-dire qu'il existe une seule façon de la combler. La notion de tunnel, quant à elle est *mal* définie car il existe plusieurs façons de combler un tunnel. La figure 4.7 représente à l'aide d'un graphe, une cavité et un tunnel dans une image tridimensionnelle.

On dit qu'un point de l'objet est *isolé* s'il n'est adjacent à aucun autre point de l'objet. Un point de l'objet est appelé *point de bord* s'il est adjacent à un ou plusieurs points du fond. Dans le cas contraire, on dit que c'est un *point intérieur*.

Un objet ou un ensemble de points peut être caractérisé par plusieurs types de mesures topologiques. Les plus simples sont le nombre de compo-

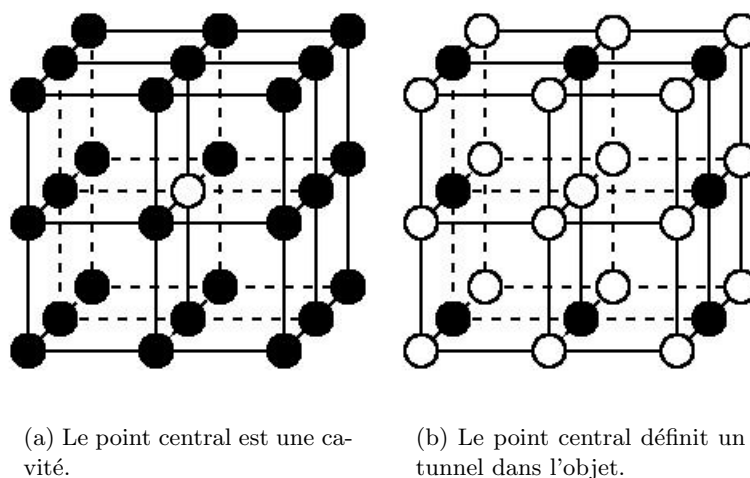


FIG. 4.7 – Exemple de cavité et de tunnel dans un objet en dimension 3. Les points blancs correspondent au fond et les points noirs à l'objet.

santes connexes dont il est constitué et le nombre de tunnels qu'il contient. La différence entre ces deux nombres est appelé nombre d'Euler, et est utilisé dans des problèmes de reconnaissance des formes, comme un des attributs qui caractérisent l'objet.

Squelette et axe médian

Pour extraire les lignes centrales de nos vaisseaux, nous pouvons considérer deux approches :

- l'une qui définit une ligne centrale comme un *axe médian*,
- l'autre qui définit une ligne centrale comme un *squelette*.

La première approche fut introduite par Blum [Blu67] grâce à la métaphore des feux de prairie. Il définit en effet l'axe médian comme le lieu des points où les fronts de propagation s'évanouissent (figure 4.8). Calabi et Harnett [CH68] définissent quant à eux l'axe médian comme le lieu des centres des boules maximales d'un objet. Dans ce cas, une boule est définie comme maximale dans un objet s'il n'existe aucune autre boule incluse dans l'objet et qui la contient. La figure 4.9 montre des exemples de boules maximales. Un axe médian est donc défini comme un ensemble fin et centré par rapport à l'objet de départ.

La seconde approche, introduite par Hidiltch [Hil69], puis Kong et Rosenfeld [KR89], considère le squelette d'un objet. Un squelette est un objet fin et topologiquement équivalent à l'objet de départ. La figure 4.10 donne un exemple de squelette obtenu dans [KR89].

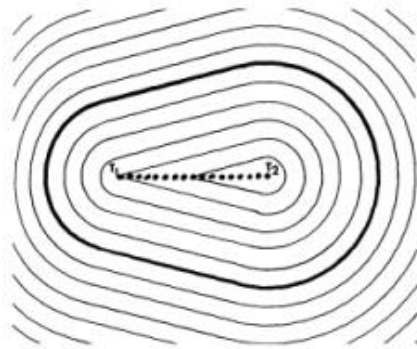


Fig. 3. Generation of new contour description (medial axis function) centered on enclosed space. (t_1 is appearance of corner, t_2 is disappearance. The locus of points and their times are required.)



Fig. 4. A three-dimensional static alternative to the two-dimensional kinetic view of the process. (The MAF is the ridge formed where the union of cones on the input contour intersect each other.)

FIG. 4.8 – Images extraites de [Blu67]. Blum définit un nouveau descripteur de contour : l'axe médian (*MAF*) centré par rapport à un espace clos. Il donne une interprétation de la *MAF* comme l'arête formée par l'intersection des fronts de propagations (image de gauche).

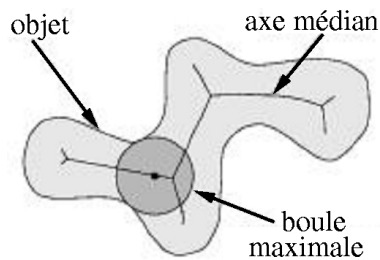


FIG. 4.9 – Exemple de boule maximale définie par [CH68].

Dans notre cas, la topologie est la première propriété que nous souhaitons conserver. Nous nous sommes donc intéressés aux squelettes homotopiques. Cependant, comme nous envisageons aussi d'extraire les rayons des vaisseaux, nous souhaitons que les lignes centrales des vaisseaux soient situées le plus possible au centre des vaisseaux. Nous souhaitons donc utiliser la notion de squelette avec la contrainte de centrage par rapport à l'objet original. Par la suite, nous utiliserons la définition suivante du squelette, car elle conduit à un squelette ayant de bonnes propriétés pour les analyses mathématiques de l'objet :

DÉFINITION 4.1 (squelette d'un objet) *Un squelette est un sous-ensemble de l'objet ayant les propriétés suivantes :*

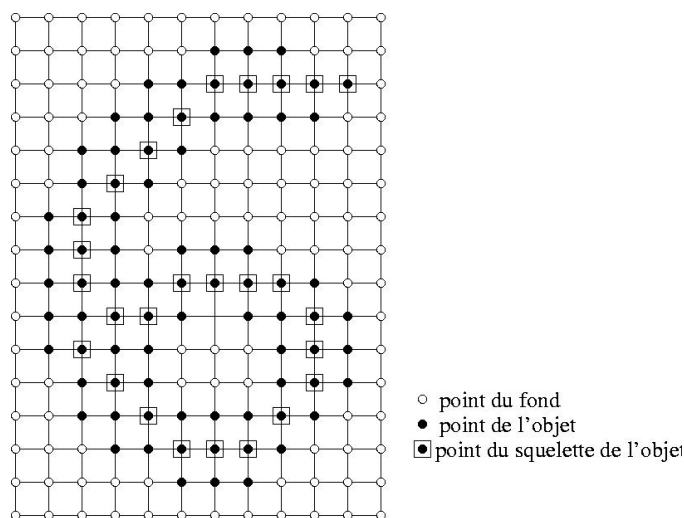


FIG. 4.10 – Figure extraite de [KR89]. Squelette homotope à l'objet de départ.

homotopie : *le squelette est topologiquement équivalent à l'objet original, en particulier, il a le même nombre de composantes connexes, le même nombre de tunnels et de cavités que l'objet original.*

minceur : *le squelette est topologiquement mince, c'est-à-dire qu'il a un pixel d'épaisseur.*

localisation : *le squelette est situé au centre de l'objet.*

En pratique, lorsque l'on considère des images discrètes (i.e. composées de voxels), un squelette discret est rarement exactement homotope, fin et centré. En effet, il arrive que la largeur du squelette doive être supérieure à un pixel notamment dans les intersections pour pouvoir garantir l'homotopie. De plus, lorsque la largeur de l'objet est composée d'un nombre pair de voxels, le squelette ne peut être à la fois fin et centré. On dira d'un squelette discret qu'il est homotope, fin et centré, s'il est parfaitement homotope, fin partout sauf aux endroits où l'homotopie exige un plus grand nombre de pixels et centré (ou le plus centré possible dans le cas où c'est impossible).

Certains processus, notamment la compression, exigent aussi d'un squelette qu'il soit réversible (c'est-à-dire que l'on puisse reconstruire l'objet à partir du squelette). Cette propriété n'est pas indispensable pour l'application que nous visons. De plus, comme la préservation de la réversibilité ajoute un coût en mémoire, elle n'est pas désirable pour notre application.

Classification topologique des points

Certains algorithmes de squelettisation (comme par exemple les algorithmes présentés dans [KR89]) déterminent un squelette en effaçant peu à

peu des points de l'objet. Cependant, pour garantir l'homotopie du squelette, les points détruits doivent avoir certaines caractéristiques. On appelle ces points des *points simples*, ils sont définis comme suit :

DÉFINITION 4.2 (point simple) *On appelle point simple un point dont le changement de valeur (passage de 1 à 0 si le point appartenait à l'objet ou de 0 à 1 si le point appartenait au fond) ne change pas la topologie de l'image.*

Il existe de nombreuses façons de caractériser des points simples [FM03b, Kle03]. La plus simple et la plus rapide vient de Bertrand et Malandain [BM94].

Elle s'appuie sur une caractérisation topologique de tous les points discrets 3-D en observant un voisinage du point considéré. Une méthode simple et efficace pour classifier topologiquement les points est donnée dans [MBA93]. De plus, cette méthode est locale car elle n'utilise que le voisinage direct du point considéré. Considérons par exemple une image $I(\mathbb{Z}^3, 26, 6, X)$. Notons $N_k(x)$ le k -voisinage d'un point $x \in X$ et $N_k^*(x) = N_k(x) \setminus \{x\}$ ce même voisinage sans le point x . Les auteurs de [MBA93] définissent alors pour tout point x de l'objet les nombres :

- C^* : le nombre de composantes 26-connexes de $X \cap N_{26}^*(x)$
- \bar{C} le nombre de composantes 6-connexes de $\complement X \cap N_{18}(x)$ 6-adjacentes à x .

Ceci permet la caractérisation de chacun des points de l'objet donnée dans le tableau 4.2 et illustrée par la figure 4.11.

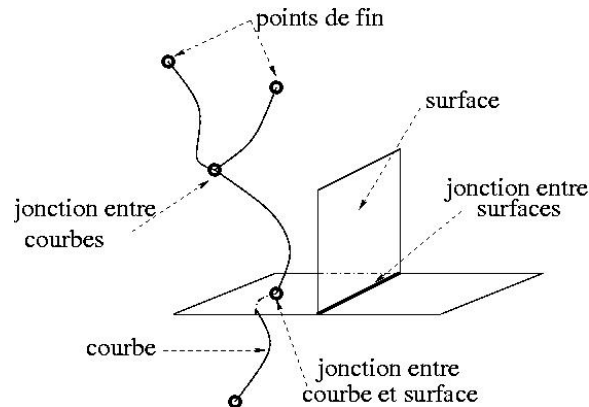


FIG. 4.11 – Différents types topologiques pour les points discrets 3-D.

D'après la description précédente, on obtient la caractérisation suivante pour les points simples [BM94] :

Théorème 4.2 (caractérisation des points simples) *Un point x est simple si et seulement si $\bar{C}(x) = 1$ et $C^*(x) = 1$.*

Type A	point intérieur	$\bar{C} = 0$	
Type B	point isolé		$C^* = 0$
Type C	point de bord	$\bar{C} = 1$, $C^* = 1$
Type D	point de courbe	$\bar{C} = 1$, $C^* = 2$
Type E	jonction de courbe	$\bar{C} = 1$, $C^* > 2$
Type F	point de surface	$\bar{C} = 2$, $C^* = 1$
Type G	jonction surface/courbe(s)	$\bar{C} = 2$, $C^* \geq 2$
Type H	jonction de surface	$\bar{C} > 2$, $C^* = 1$
Type I	jonction surfaces/courbe(s)	$\bar{C} > 2$, $C^* \geq 2$

TAB. 4.2 – Classification topologique des points donnée par [MBA93].

4.2.2 Différentes méthodes pour déterminer squelette et axe médian

Méthodes continues

La construction d'un axe médian peut se faire dans le domaine continu en utilisant le diagramme de Voronoï ou les équations aux dérivées partielles.

Squelettisation basée sur le diagramme de Voronoï [AM97] :

on choisit des points discrets sur le contour continu de l'objet. Le squelette est alors un sous-graphe du diagramme de Voronoï de ces points, entièrement contenu dans l'objet (cf. figure 4.12). Cette méthode est basée sur les points du contour de l'image, ce qui représente une petite quantité de données. Le squelette obtenu est connecté et topologiquement équivalent à l'objet car la représentation des objets par leur contour conserve implicitement ces notions. Il est de plus centré grâce à la définition du diagramme de Voronoï, et fin car on utilise une représentation continue. Cependant, cette méthode peut poser des problèmes lors des passages entre les domaines continus et discrets. De plus, la complexité des algorithmes et le temps de calculs sont rédhibitoires pour d'aussi grandes images que les nôtres. Enfin, outre les difficultés liées à la discrétisation des contours (échantillonnage, etc.), l'extraction d'un squelette à partir d'un diagramme de Voronoï en 3-D n'est pas la simple extension du cas bidimensionnel.

Squelettisation basée sur les équations aux dérivées partielles .

Le squelette peut aussi être déterminé grâce aux *ensembles de niveaux*. La surface de l'objet est alors représentée comme une surface évolutive $\mathcal{S}(p, t)$ où p est une paramétrisation de la surface, et t le temps, et qui évolue selon l'équation aux dérivées partielles suivante : $\frac{\partial \mathcal{S}}{\partial t} = \beta \mathcal{N}$ où \mathcal{N} est le vecteur unité normal à \mathcal{S} et β la vitesse de l'évolution de la surface. Les auteurs de [GF00], par exemple, proposent de résoudre cette équation en utilisant une fonction distance u telle que $\forall t, u(\mathcal{S}, t) = 0$. u correspond alors à la distance signée du fond par

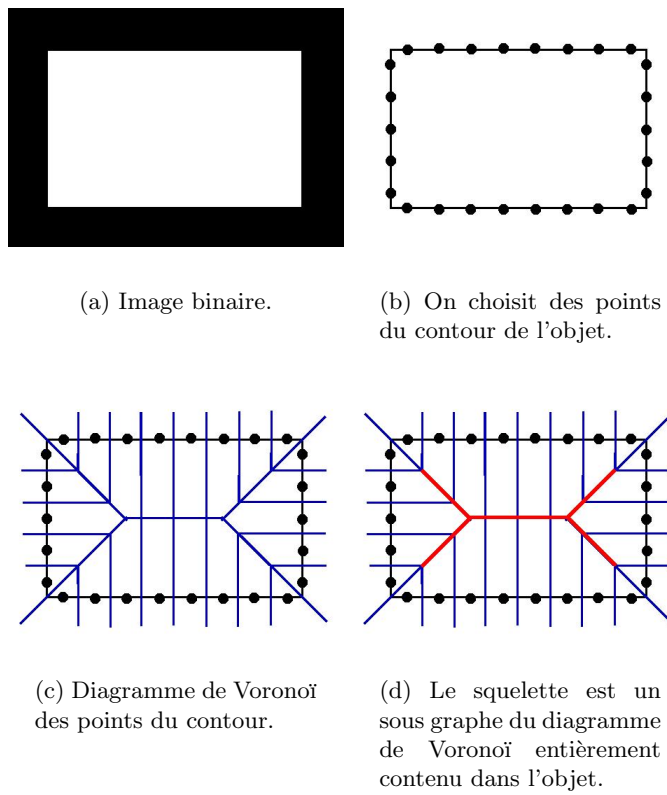


FIG. 4.12 – Construction du squelette à partir du diagramme de Voronoï des points du contour de l'objet.

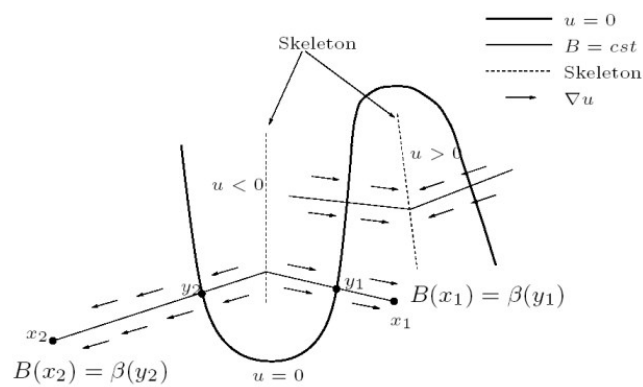


FIG. 4.13 – Figure extraite de [GF00]. Le squelette de l'ensemble de niveau zéro est déterminé par les points où ∇u n'est pas défini.

rapport à la surface \mathcal{S} . Les auteurs démontrent que le squelette de l'ensemble de niveau zéro ($u = 0$) est déterminé par les points où le gradient de la fonction distance (∇u) n'est pas défini (cf. figure 4.13). Le principal problème des méthodes d'ensembles de niveaux (comme la plupart des méthodes de segmentation) est qu'ils demandent une initialisation de l'objet à segmenter ou à squelettiser. Dans notre cas, une initialisation manuelle est impensable, et une initialisation automatique difficilement réalisable.

Méthodes discrètes

Les méthodes continues, bien qu'exactes (elles donnent des squelettes ayant les bonnes propriétés), sont souvent délicates à mettre en œuvre et difficilement adaptables à des images de la taille des nôtres.

On peut en revanche s'intéresser aux méthodes discrètes, généralement simples et rapides. L'obtention de squelette ou ligne central peut alors être basée sur les cartes de distance ou sur l'amincissement.

Squelettisation basée sur les cartes de distance Dans ce cas, le squelette est défini comme le lieu des maxima locaux des cartes de distance [CH68, MF98] (ceci correspond comme dans la méthode des ensembles de niveaux aux endroits où le gradient de la fonction distance (∇u) n'est pas défini). L'extraction du squelette se fait en deux temps :

1. on cherche l'axe médian grâce aux maxima locaux de la carte de distance. Ce sous-ensemble est fin, mais généralement non connexe. Il peut aussi servir de sous-ensemble initial à partir duquel on peut reconstruire un squelette.
2. on essaie de rendre ce sous-ensemble connexe, en cherchant des configurations de voisinage dans la carte de distance afin de retrouver des lignes de crête ou des arêtes de la surface associée [NGC92], ou encore des chemins (ou *cluster*) [ZKT98] qui vont connecter l'ensemble des maxima locaux.

Le squelette résultant n'est pas nécessairement homotope (suivant la méthode de reconstruction), ni nécessairement fin (suivant le choix du seuil et des méthodes de reconnections des maxima locaux), mais il est *centré* par construction. La figure 4.14 représente un exemple de squelette obtenu par un seuillage des maxima locaux de la carte de distance, suivi d'une reconstruction.

Squelettisation basée sur l'amincissement Dans ce cas, le squelette est obtenu en "épluchant" les couches frontières de l'objet, c'est-à-dire en supprimant les points simples (cf. définition 4.2) situés au bord de l'objet et qui ne sont pas des *points de fin*. En effet, si l'on enlève itérativement tous les points simples, on conserve un objet topologiquement équivalent à l'objet original, mais géométriquement

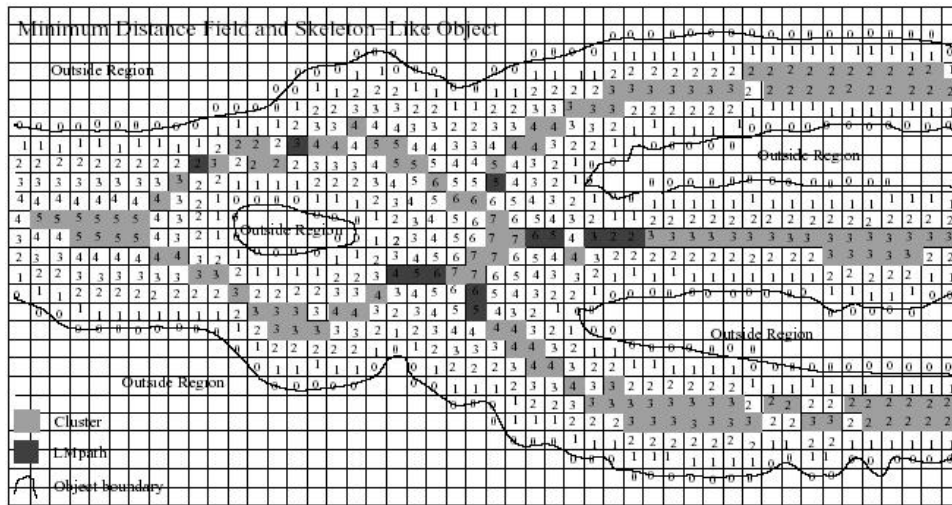


FIG. 4.14 – Figure extraite de [ZKT98] représentant un squelette obtenu grâce à une méthode basée sur les cartes de distance.

trop simplifié (cette opération est appelée *shrinking*) : une composante connexe sans tunnel ni cavité se retrouvera réduite à un seul point. On définit alors une condition de *points de fin* qui sont des points localisés aux extrémités d'une ligne ou sur le pourtour d'une surface et qui ne seront pas effacés : ils permettront donc de conserver les lignes ou les surfaces. Pour les courbes, par exemple, un point de fin est un point de courbe (cf. caractérisation topologique des points au paragraphe 4.2.1) qui n'a qu'un seul voisin dans l'objet. Les points simples peuvent être supprimés successivement [PSBK01] ou en parallèle [TF81, GB90, PK99a, PK99b, MW00, LB02]. Un problème se pose dans le cas des algorithmes parallèles : si l'on détruit simultanément plusieurs points simples, il peut arriver que l'on change la topologie de l'objet. En effet, la figure 4.15 extraite de [LB04] représente un exemple d'objet 2-D 4-connexe pour lequel, si l'on supprime tous les points simples simultanément, la topologie de l'objet n'est plus conservée. Une solution couramment adoptée pour les algorithmes d'amincissement parallèles bidimensionnels est l'utilisation de *stratégies directionnelles* pour l'effacement des points simples [Ros75]. On choisit des directions (par exemple *Nord*, *Sud*, *Est* et *Ouest*) selon lesquelles les points pourront être supprimés en parallèle. Les directions sont utilisées successivement pour que le processus d'amincissement soit le plus symétrique possible. Cette stratégie directionnelle a de bonnes propriétés topologiques en dimension 2. Cependant, elle n'est pas suffisante pour conserver l'homotopie en dimension 3. Les auteurs développent alors des stratégies en sous-itérations direction-

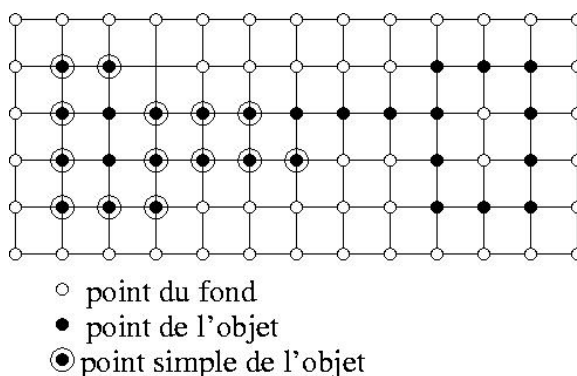


FIG. 4.15 – Figure extraite de [LB04]. Si l'on supprime parallèlement les points simples de l'objet, la topologie n'est plus préservée.

nelles [TF81, GB90, PK99a, PK99b], ou bien définissent une autre classe de points simples qui assure qu'un ensemble de points simples est lui-même simple. Cette classe de points est appelée points *P*-simples [Ber95, LB04].

Enfin, d'autres auteurs [Jon00] utilisent des opérations morphologiques à l'aide de masques pour supprimer les points simples.

Ces méthodes conduisent à un squelette *homotope* à l'objet par construction, *mince*, géométriquement représentatif (si les points de fin ont été correctement caractérisés), mais pas nécessairement centré.

4.2.3 Amincissement ordonné par la distance

Des méthodes hybrides, introduites relativement récemment [ST95, Pud98], permettent de bénéficier des avantages des deux approches discrètes. Ces méthodes consistent en un amincissement homotope, c'est-à-dire qu'elles suppriment itérativement des *points simples* mais dans l'ordre croissant de la valeur d'une carte de distances calculées à l'intérieur de l'objet, ce qui conduit à un squelette centré. On parle alors d'*amincissement ordonné par la distance* (ou *DOHT* [*Distance Ordered Homotopic Thinning*]).

Le principe du *DOHT* est décrit par le pseudo-code de l'algorithme 1.

Par construction, le squelette obtenu est *homotope*, (les points ne sont enlevés que si cette opération préserve la topologie de l'objet) et aussi *mince* que le permet la topologie (tous les points qui ne sont pas des points de fin sont détruits jusqu'à ce qu'aucun point supplémentaire qui n'est pas un point de fin ne puisse être supprimé sans changement de topologie).

Étant donné que l'on utilise une carte de distance codée avec des entiers (cf. chapitre précédent), il peut arriver que plusieurs points situés au centre de l'objet aient la même valeur dans la carte de distance. Pour centrer au mieux le squelette, et éviter qu'il se décale plutôt d'un côté ou de l'autre,

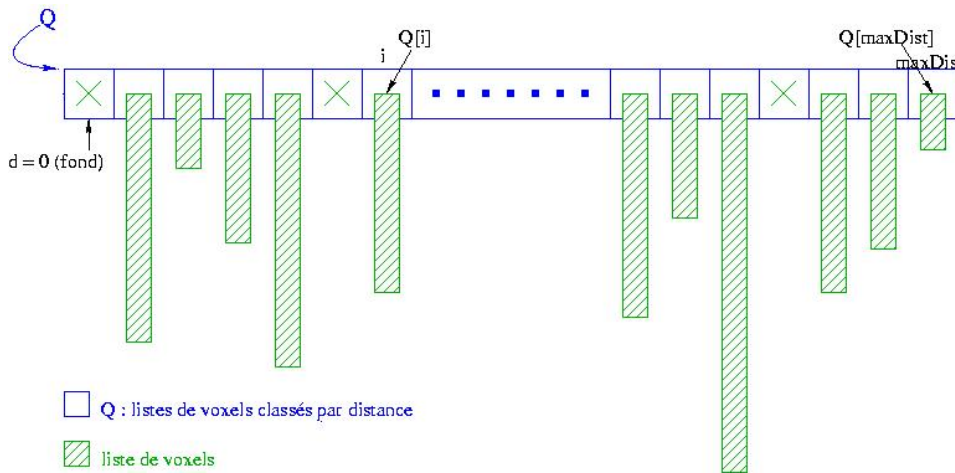


FIG. 4.16 – Liste des points ordonnés par la distance.

Algorithme 3 1. Amincissement ordonné par la distance.

```

1: Entrée : Image binaire Image[ ] % Image d'entrée
2: Entrée : Image d'entiers DistMap[ ] % Carte de distance de l'image
   d'entrée
3: Sortie : Image binaire Image[ ] % Squelette de l'image d'entrée

   % Ordonnancement des points dans une double liste (figure 4.16)
4: Q = NouvelleDoubleListe(taille : maxDist)
   % La liste Q contient autant d'entrées qu'il y a de valeurs dans la carte
   de distances.
5: pour chaque point p de l'image faire
6:   si (p ∈ Objet) alors
7:     Insérer(p, Q[DistMap[p]])
     % le point p est "rangé" dans la liste Q selon sa distance au bord de
     l'objet.

   % Amincissement ordonné par la distance
8: pour dist de 1 à maxDist faire
9:   tant que des points sont supprimés faire
10:    pour tout point p ∈ Q[dist] faire
11:      si Image[p] est supprimable alors
12:        % i.e. si p est un point simple situé au bord de l'objet, et s'il
        n'est pas un point de fin
13:        Image[p] = FOND % On "supprime" p
14:        Enlever(p, Q[dist])
  
```

nous avons ajouté à cette méthode une stratégie directionnelle héritée des méthodes parallèles d'amincissement. On obtient ainsi un squelette le plus *centré* possible.

4.3 Squelettisation par blocs

Tous les algorithmes que nous avons vus dans la section précédente pré-supposent que l'image binaire à squelettiser peut être chargée et traitée en une seule fois dans la mémoire d'un ordinateur standard. Or, comme nous l'avons remarqué dans le chapitre concernant l'acquisition des données, nos données ne peuvent être traitées en une seule fois. Nous avons adopté une stratégie de traitement en sous-images, c'est-à-dire que l'on charge successivement des blocs de l'image suffisamment petits pour être traités.

Or, si pour un grand nombre d'outils de traitement des images, comme les opérations algébriques, les opérateurs simples de morphologie mathématique, le filtrage, etc., le traitement en sous-blocs ne pose pas de problème majeur, il n'en est pas de même pour les algorithmes de squelettisation. En effet, dans ce cas, il faut s'assurer que des traitements *locaux* par sous-images vont conserver les propriétés *régionales* attendues du squelette (comme la localisation au centre de l'objet par exemple).

Seuls quelques auteurs proposent des outils de calcul de lignes centrales par blocs. Par exemple, Vossepoel et al. [VSD97] effectuent une squelettisation en divisant l'image en sous-blocs qui se recouvrent partiellement et qui sont squelettisés séparément grâce à une transformée de distance euclidienne. Le taux de recouvrement des blocs est contrôlé par la largeur maximale attendue des composants de l'objet. Ensuite, les différentes parties du squelette sont reconnectées au milieu des zones de recouvrement. La figure 4.17 illustre ce procédé. Cependant, pour savoir quels points doivent être reliés les uns aux autres, un étiquetage préalable des objets à squelettiser doit être effectué. Dans notre cas, ce sont les lignes centrales des vaisseaux qui vont nous permettre de distinguer les vaisseaux les uns des autres. Un étiquetage préalable paraît difficile à réaliser.

Paruka et al. [PSA02], pour la détection de fibres nerveuses dans le cerveau utilisent un algorithme d'amincissement à l'aide de masques sur des sous-blocs qui se recouvrent partiellement. Cependant, comme le centrage du squelette n'est pas indispensable dans leur cas, aucune précaution n'est prise pour ne pas délocaliser le squelette au bord des blocs.

Nous proposons ici une adaptation de l'algorithme d'amincissement ordonné par la distance à un traitement en sous-blocs. Cette adaptation est guidée par les propriétés que doit impérativement conserver un squelette : l'homotopie, la localisation et la minceur.

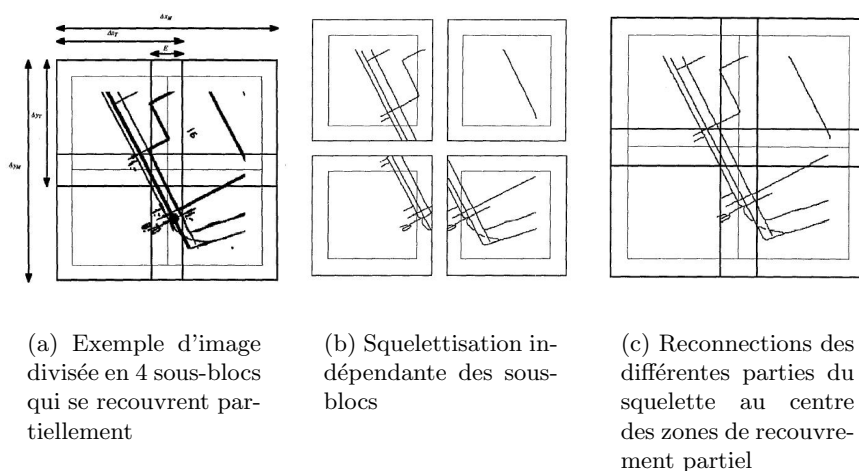


FIG. 4.17 – Figures extraites de [VSD97]. Les sous-blocs sont d'abord squelettisés indépendamment, puis les points du squelette sont reconnectés au milieu des zones de recouvrement partiel.

4.3.1 Homotopie

L'homotopie est une propriété globale, qui peut être garantie localement en examinant les voisins du point à supprimer. Cependant, lorsque l'objet traverse deux blocs, des problèmes de déconnexions peuvent apparaître en bordure de ces blocs. En effet, considérons un point en bordure de bloc. Son voisinage n'est que partiellement connu au moment où l'on traite ce bloc. Si l'on suppose que le voisinage du point considéré appartient au fond, l'objet peut être déconnecté entre les deux blocs comme le montrent les figures 4.19 (b) et 4.22 (a). Par ailleurs, si l'on suppose que le voisinage du point considéré appartient à l'objet, on peut aussi avoir des problèmes de topologie par rapport aux trous et aux cavités. Dans certains cas tridimensionnels, des déconnexions peuvent aussi apparaître (cf figure 4.18).

La figure 4.19 (a) montre un exemple de vaisseaux qui traverse deux blocs et le squelette que l'on souhaite obtenir. La figure 4.19 (b) montre le squelette obtenu lorsque les deux blocs sont traités indépendamment.

Pour résoudre ce problème, on *gèle* les points situés au bord des blocs, c'est-à-dire que l'on considère un point comme *supprimable* uniquement si son voisinage est entièrement inclus dans le bloc considéré. Cette condition garantit l'obtention d'un squelette homotope, puisqu'elle assure que seuls les points simples à l'intérieur du bloc sont détruits et qu'aucune suppression n'a lieu au bord des blocs. Cependant, des branches indésirables (aussi appelées *barbules*) apparaissent. Elles pourront toutefois être détruites par un passage sur un bloc à cheval sur les deux blocs précédents.

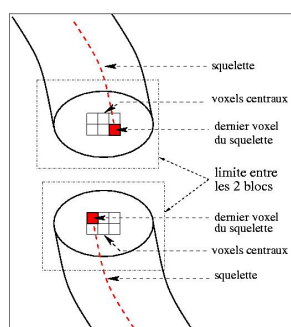
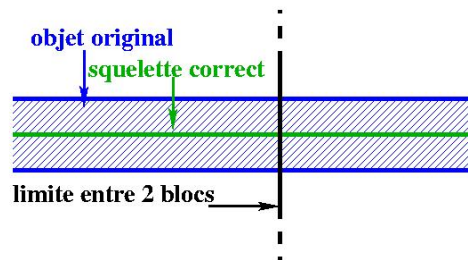


FIG. 4.18 – Lorsque les pixels centraux ont la même valeur dans la carte de distance, des déconnexions peuvent apparaître entre deux blocs, même si l’on considère le voisinage inconnu du point à détruire comme appartenant à l’objet.

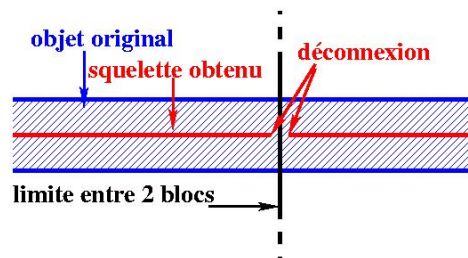
4.3.2 Localisation

Contrairement à l’homotopie qui est une propriété locale, la localisation du squelette dépend de toute une région de l’objet, et est donc plus difficile à assurer. En effet, si l’on détruit tous les points simples sauf ceux du bord des blocs, le squelette peut alors être décalé. Comme le montrent les figures 4.20 (a) et (b) certains points qui devraient appartenir au squelette sont détruits si l’on ne gèle que les points du bord. En effet, les points du squelette obtenu se retrouvent “collés” au bord du premier bloc qui est aminci, et non pas centrés par rapport à l’objet initial. Pour résoudre ce problème, on considère qu’un point est *supprimable* seulement s’il est plus éloigné du bord du bloc que du bord de l’objet, c’est-à-dire si sa distance par rapport au bord de l’objet est plus petite que sa distance par rapport au bord du bloc (cf. figure 4.20 (c)). En fait, un point ne peut être supprimé que si sa boule maximale associée est entièrement incluse dans le bloc. On peut noter que cette condition *gèle* aussi les points qui sont au bord du bloc comme l’exige la condition de connexité.

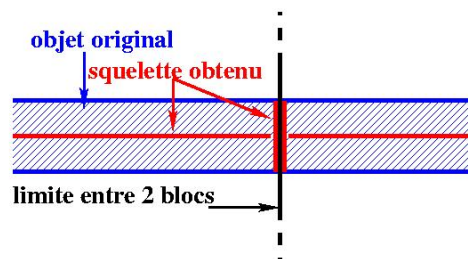
La figure 4.20 (d) montre la composante de l’objet que l’on garde après la phase de squelettisation. Le squelette correct est situé à l’intérieur de cette composante, mais n’est pas forcément centré par rapport à cette dernière. Ceci n’est pas gênant, car si l’on applique une nouvelle phase de squelettisation sur cette partie de l’image, la suppression des points se fera dans l’ordre de la carte de distance de l’objet original. Or le squelette correct est situé sur les maxima de cette carte de distance et l’algorithme de squelettisation détruira tous les points situés autour avant d’arriver aux points du squelette. On obtiendra ainsi un squelette *médial*.



(a) squelette attendu.



(b) traitement indépendant des blocs.



(c) points du bord "gelés".

FIG. 4.19 – Problèmes de déconnexions au bord des blocs.

4.3.3 Minceur

Les deux conditions précédentes donnent un squelette *homotope* et *centré*. Cependant, comme le montrent les figures 4.19 (c) et 4.20 (c), il n'est pas fin partout. En effet, les parties de l'objet situées au bord des blocs ne sont pas totalement amincies. Pour obtenir un squelette fin, on ré-applique l'algorithme de squelettisation sur les parties non encore amincies, c'est-à-

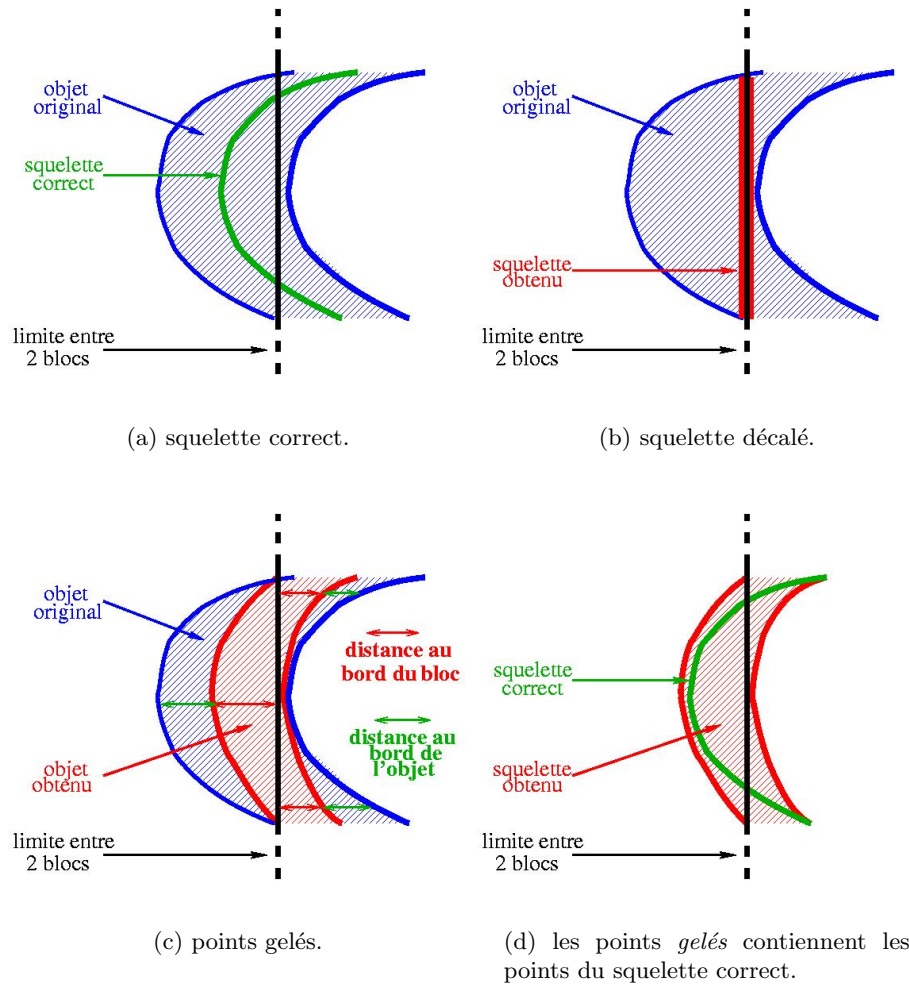


FIG. 4.20 – Problèmes de décalage du squelette.

dire sur les bords des blocs. Ceci est effectué en faisant glisser les blocs dans l'image. La figure 4.21 montre un exemple 2-D des différents blocs utilisés.

Premier passage : on partitionne tout d'abord l'image en plusieurs blocs adjacents (figure 4.21 (a)). On amincit ces blocs avec les conditions précédentes.

Passage sur les bords dans la direction x : les régions en bordure des blocs n'ont pas été totalement amincies. On redécoupe dans l'image des bandes qui recouvrent les frontières précédentes (figure 4.21). La largeur des bandes correspond au double du plus grand rayon trouvé dans la carte de distances, pour assurer que chacun des points restant dans les bandes sera traité.

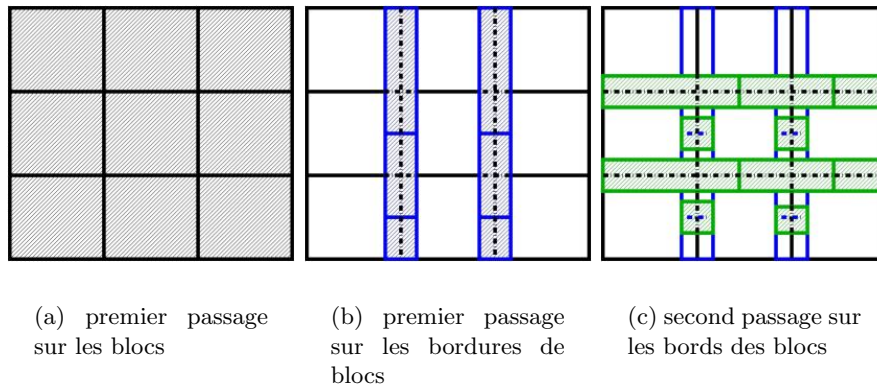


FIG. 4.21 – Problèmes de minceur du squelette.

Passage sur les bords dans les directions y et z : on procède de la même façon sur les frontières en y (figure 4.21 (c)) et en z (pour les images 3-D).

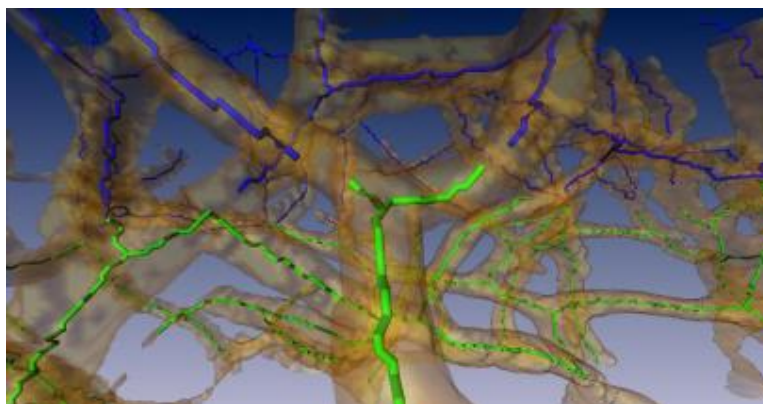
Le squelette ainsi obtenu est *connexe*, car le voisinage de tout point supprimé est entièrement connu, *médial*, car les points sont détruits dans l'ordre de la carte de distance, et l'on prend soin de ne pas décaler le squelette sur les bords des blocs, et *fin* car l'on effectue plusieurs passages sur les bordures des blocs, de telle sorte que toutes les parties de l'objet soient situées au moins une fois au centre d'un bloc.

4.3.4 Exemple

La figure 4.22 montre qu'une déconnexion peut apparaître entre les blocs lorsqu'ils sont traités indépendamment. En effet, la figure 4.22 (a) représente en vert et en bleu deux squelettes 3-D calculés séparément sur deux blocs (les limites des blocs ne sont pas représentées). La figure 4.22 (b) représente le résultat obtenu avec notre méthode. Le squelette obtenu est fin, homotope et centré.

4.4 Dépendance du squelette par rapport au bruit

Nous avons proposé un algorithme qui donne un squelette topologiquement équivalent et centré par rapport à l'objet binaire de départ. Cependant, le résultat de l'amincissement reste très dépendant de l'image segmentée. En effet, si lors du processus de binarisation, on crée un trou à l'intérieur d'un vaisseau, alors, le squelette va "s'enrouler" autour de ce trou pour rester topologiquement équivalent à l'objet segmenté (cf. figure 4.23). De même, lorsque deux vaisseaux sont déconnectés lors du processus de binarisation, le squelette, homotope à l'objet de départ, sera lui aussi déconnecté.



(a) 2 blocs d'image traités indépendamment (un squelette vert et un bleu). On considère que les points situés en dehors des blocs appartiennent au fond.



(b) 2 blocs d'image traités avec notre méthode.

FIG. 4.22 – Lorsque les blocs sont traités séparément, des déconnexions peuvent apparaître aux bords des blocs. En effet, le squelette vert et le squelette bleu ne sont pas connectés sur l'image (a).

Un soin tout particulier doit donc être apporté à la binarisation des vaisseaux, car c'est de la binarisation que dépendra l'exactitude et la précision du réseau de lignes centrales.

Enfin, des branches indésirables du squelette (aussi appelées *barbules*) peuvent apparaître lorsque les bords des vaisseaux sont bruités. La figure 4.24 illustre ce phénomène. Pour éviter ces branches indésirables, certains auteurs changent la caractérisation des points de fin, ou refont un passage sur le squelette pour les éliminer. Dans notre cas, on constate empiriquement

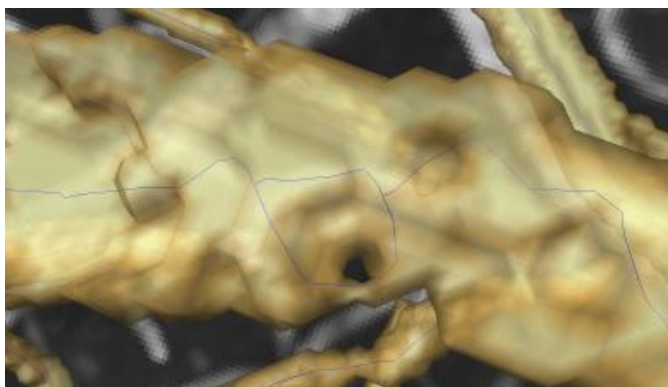


FIG. 4.23 – Si la binarisation induit un trou dans un vaisseau, le squelette va “s’enrouler” autour de ce trou pour rester topologiquement équivalent au vaisseau.

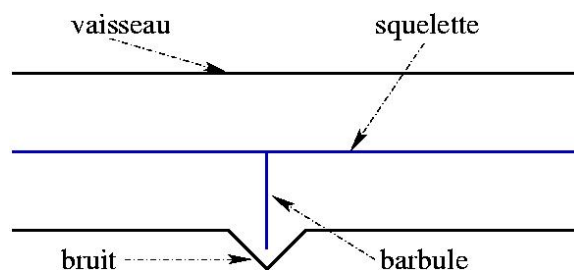


FIG. 4.24 – Du bruit dans les contours de l’objet peuvent induire des branches indésirables du squelette.

que lorsque l’on adopte une stratégie directionnelle pour l’amincissement des vaisseaux, le nombre de ces barbules est quasi-nul, c’est-à-dire qu’un expert considère que les branches des squelettes présentes (même les plus petites) correspondent à un vaisseau segmenté.

4.5 Conclusion

Nous avons proposé une méthode de squelettisation qui permet de garantir des propriétés locales (minceur), régionales (localisation) et globales (topologie) au sein d’une mise en œuvre par blocs. Outre les caractéristiques *classiques* de telles méthodes (points simples, points de fin, etc.), notre méthode permet d’éviter les effets de bords (en particulier la délocalisation) inhérents à un traitement par blocs en vérifiant que la boule maximale centrée en un point est incluse dans le bloc à traiter. Dans une première passe, on traite des blocs 3-D sans recouvrement (faute de ne pas pouvoir charger l’image entière), puis on traite des sous-images recouvrant les frontières entre

ces blocs, la largeur de celles-ci dépendant de la taille des objets à amincir. De ce fait, les zones intérieures des blocs (les blocs sans les frontières) ne sont traités qu'une seule fois. Le surcoût algorithmique lié au traitement par blocs ne se manifeste que sur les frontières. Bien que nous n'ayons eu le temps de l'implémenter, une version parallèle de cet algorithme est rendue possible par le traitement en sous-blocs indépendants.

CHAPITRE 5

Résultats

Sommaire

5.1	Introduction	123
5.2	Caractéristiques matérielles	123
5.3	Validation	124
5.3.1	Données synthétiques	124
5.3.2	Calcul de la carte de distances	126
5.3.3	Calcul du squelette	128
5.3.4	Résultats numériques	132
5.4	Résultats sur une mosaïque d'images	134
5.4.1	Création, filtrage et segmentation	134
5.4.2	Calcul de la carte de distances et des lignes centrales	140
5.4.3	La structure de données LineSet	142
5.4.4	Exploitation des résultats	143
5.5	Résultats sur des racines de plantes	146
5.6	Conclusion	147

5.1 Introduction

Le but du projet MicroVisu3D est de fournir des outils logiciels pour l'étude de la micro-circulation cérébrale. Ces outils sont destinés aux biologistes et neuro-anatomistes, comme par exemple nos collaborateurs de l'INSERM. C'est pourquoi nous avons choisi d'intégrer les algorithmes présentés dans les chapitres précédents dans un logiciel ergonomique et intuitif de visualisation et de modélisation de données scientifiques. Nous avons choisi pour cela le logiciel commercial Amira [Ami02] qui permet de visualiser des données scientifiques provenant de divers domaines, comme par exemple la médecine, la biologie, la chimie, la physique ou encore les sciences de l'ingénieur. De plus, il existe une version étendue d'Amira, AmiraDev, destinée aux développeurs. Il s'agit d'une plateforme de programmation qui permet d'utiliser les fonctionnalités présentes dans Amira (comme la visualisation, par exemple) et d'ajouter des modules de traitement de données (on peut aussi ajouter des modules de visualisation, ou de lecture/écriture de fichiers).

Dans ce chapitre, nous présentons des résultats de nos algorithmes implémentés dans Amira, sur divers jeux de données. La section 5.2 donne un rapide aperçu des caractéristiques de la machine utilisée pour obtenir ces résultats. Dans un premier temps (section 5.3), nous nous intéressons à des données synthétiques dont les caractéristiques sont connues afin de valider nos méthodes et d'avoir une idée de la précision que l'on peut obtenir. Ensuite, nous présentons quelques résultats obtenus sur une mosaïque d'images de microscopie confocale, du même type que les mosaïques présentées dans le chapitre 2. Enfin, nous proposons l'application de nos méthodes à un domaine différent : l'étude des racines de plantes.

5.2 Caractéristiques matérielles

Tous les résultats présentés dans ce chapitre ont été produits sur un PC portable muni :

- d'un processeur INTEL PENTIUM 4M avec une vitesse de 1.7 GHz
- d'une mémoire vive (*RAM*) de 512 Mo
- d'une carte graphique RADEON 7500 AGP
- du système d'exploitation WINDOWS 2000 PROFESSIONNEL

La quantité considérable de données à traiter (4 Go par image soit environ 20 Go pour l'ensemble du traitement) nous a conduit à stocker les images sur un disque distant, dont l'accès est assuré par un serveur SAMBA. Les données transitent par trois machines, nommées LEWIS, EPIDAURE et CARDAN. Le programme s'exécute sur LEWIS, puis les données transitent de LEWIS (client SMB) vers EPIDAURE (serveur SMB) via un protocole SMB. Elles sont ensuite renvoyées de EPIDAURE (alors considéré comme un client NFS) vers CARDAN (serveur NFS) où elles sont stockées, via un protocole NFS. Les trois

machines (LEWIS, CARDAN, EPIDAURE) sont connectées au réseau en ethernet 100 Mbps full-duplex ; elles sont connectées au niveau 2 (pas de passage de routeur ou de firewall) par un réseau à 1 Gbps. Cependant, ces données ne nous permettent pas d'estimer un temps moyen de lecture/écriture des données distantes. En effet, de nombreux goulots d'étranglements peuvent exister tant au niveau du réseau (interface saturée ou lien d'interconnexion saturé) qu'au niveau des machines (charge CPU, charge I/O, passage des données entre SAMBA et NFS sur EPIDAURE, etc.). Pour toutes ces raisons, si l'on tient compte du temps global de calcul, on risque de calculer le temps de transit des données sur le réseau plutôt que le temps de calcul des algorithmes présentés ici. C'est pourquoi, lorsque nous présentons les temps de calculs, nous présentons le temps global (qui risque de ne pas être significatif), ainsi que le temps de calcul qui ne tient pas compte du chargement, ni de l'écriture des fichiers (et qui donc sous-estime le temps de calcul global sur une machine avec lecture/écriture locale des fichiers).

5.3 Validation sur des données synthétiques

Pour tester la validité de nos algorithmes, nous avons produit des données synthétiques dans lesquelles nous représentons des tubes dont les coordonnées et les diamètres sont connus. Ces données, bien que de petite taille (pour faciliter leur lisibilité), sont ensuite découpées en sous-images pour pouvoir être traitées par blocs comme les mosaïques réelles.

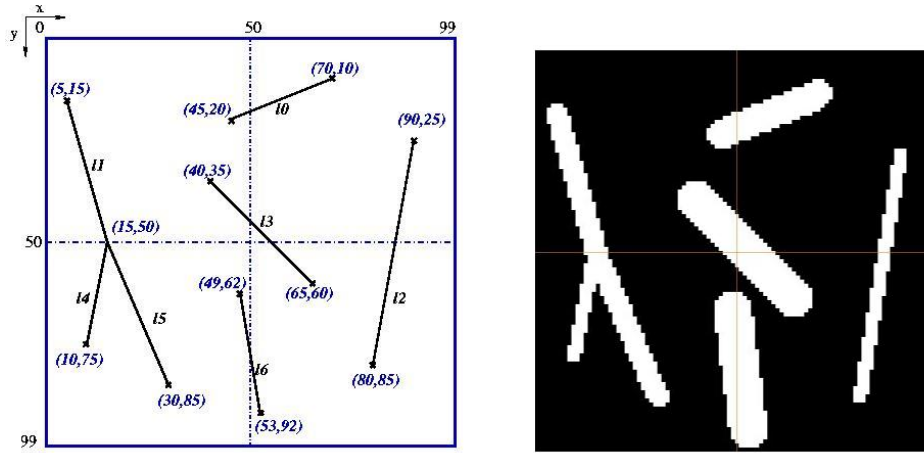
5.3.1 Données synthétiques

Considérons une image de $100 \times 100 \times 50$ voxels. Pour simplifier l'étude, nous choisissons des voxels de taille unitaire (un voxel = $1 \times 1 \times 1$ unité considérée). Pour un traitement en sous-blocs, cette image sera découpée en 4 sous-images de $50 \times 50 \times 50$ voxels chacune.

Nous traçons sur cette image, à l'aide de la méthode de Bresenham [Bre65], des lignes dont on choisit les coordonnées des points d'origine et de fin. La figure 5.1 (a) représente ces lignes ainsi que leurs coordonnées. Pour faciliter la visualisation des résultats, nous avons choisi de tracer toutes ces lignes sur le plan $z = 25$ de l'image.

Ensuite, pour modéliser des *vaisseaux synthétiques* par des cylindres, nous dilatons chaque droite avec un élément structurant sphérique de diamètre connu. Le résultat de cette dilatation est illustré figure 5.1 (b).

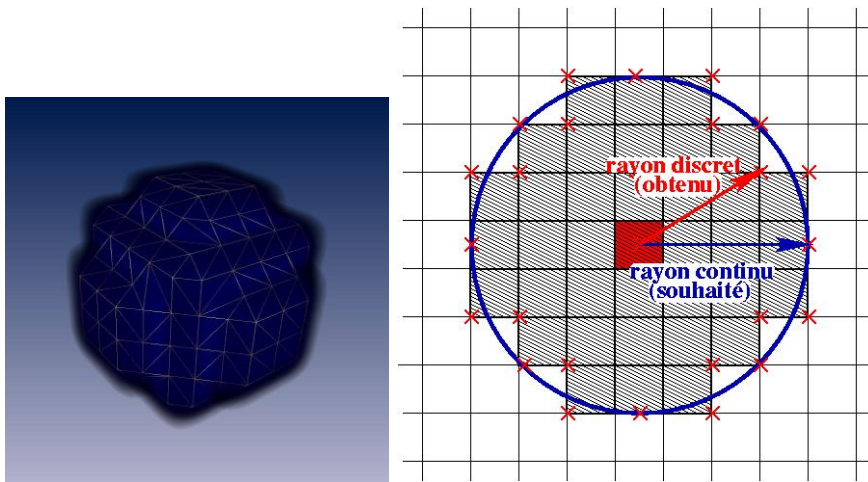
Les éléments structurants utilisés sont construits par seuillage sur une carte de distance euclidienne calculée à partir du point central. Ces éléments structurants sont discrets, et donc non parfaitement sphériques (cf figure 5.2 (a)). Or cette discrétisation pose des problèmes pour l'évaluation des distances. En effet, les distances discrètes ne sont pas calculées en tout point de l'espace continu, mais uniquement entre les centres de chacun des voxels,



(a) Coordonnées des lignes synthétiques originales.

(b) Plan $z = 25$ de l'image synthétique après dilatation des lignes par des éléments structurants sphériques.

FIG. 5.1 – Image synthétique originale.



(a) vue 3D d'un élément structurant "sphérique" discret

(b) vue du plan central de cet élément structurant

FIG. 5.2 – L'élément structurant considéré n'est pas parfaitement sphérique du fait qu'il est discret. Son rayon réel est donc légèrement inférieur à son rayon théorique.

modulo $1/2$ voxel pour les bords de l'objet car l'on considère que les frontières des objets sont situées aux frontières des voxels. Or, pour calculer le rayon d'un vaisseau, on considère la plus petite distance par rapport à l'extérieur. Il en résulte une sous-estimation des rayons des éléments structurants comme illustré figure 5.2 (b).

Le tableau 5.1 récapitule les coordonnées des lignes avec la valeur du seuil de la carte de distance utilisé pour construire l'élément structurant sphérique (cas continu). Il indique aussi le diamètre obtenu en tenant compte du fait que l'élément structurant est discret (cas discret).

5.1.

Ligne	coordonnées de départ	coordonnées d'arrivée	longueur	diamètre (cas continu)	diamètre (cas discret)
ℓ_0	(45, 20)	(70, 10)	26.93	7	6.211
ℓ_1	(5, 15)	(15, 50)	36.40	5	4.243
ℓ_2	(90, 25)	(80, 85)	60.83	3	2.464
ℓ_3	(40, 35)	(65, 60)	35.36	9	8.165
ℓ_4	(15, 50)	(10, 75)	25.50	3	2.464
ℓ_5	(15, 50)	(30, 85)	38.08	5	4.243
ℓ_6	(49, 62)	(53, 92)	30.27	9	8.165

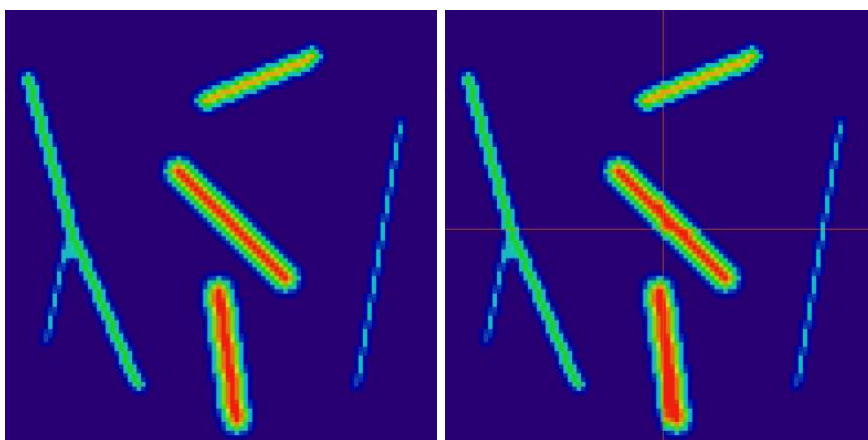
TAB. 5.1 – Coordonnées et diamètres des lignes synthétiques.

5.3.2 Calcul de la carte de distances

Nous avons choisi, pour le calcul de la carte de distance un masque de chanfrein 3D $3 \times 3 \times 3$ pour être le plus proche possible de l'expérience avec les données réelles. En effet, même si, sur une grille isotrope les coefficients de plus grands masque sont rapides à calculer, lorsque l'on considère une image anisotrope (ce qui est le cas réel), ces calculs deviennent beaucoup plus longs. Nous verrons de plus que les masques de chanfrein $3 \times 3 \times 3$ nous donnent une précision satisfaisante. Nous avons calculé les différentes cartes de distance évoquées avec le masque suivant :

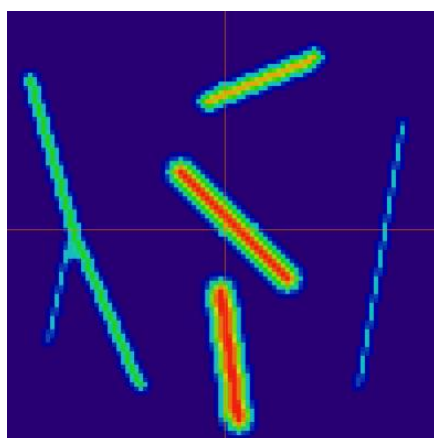
$$\mathcal{M}_C^g = \{((1, 0, 0), 4), ((1, 1, 0), 6), ((1, 1, 1), 7)\}.$$

La figure 5.3 (a) représente la carte de distance calculée sur l'image entière considérée comme un seul bloc. La figure 5.3 (b) représente les cartes de distances obtenues séparément sur chacune des quatre sous-images. On peut constater des irrégularités, notamment sur les ligne ℓ_3 et ℓ_6 . Ces irrégularités viennent du fait que les distances ne sont pas propagées entre les différents blocs. La figure 5.3 (c) représente la carte de distance obtenue avec notre méthode de calcul sur une mosaïque.



(a) Carte de distance calculée sur une seule image.

(b) Cartes de distances calculées séparément.



(c) Carte de distances calculée sur la mosaïque

FIG. 5.3 – Cartes de distances calculées séparément sur les sous-images de la mosaïque (a), ou avec notre algorithme (b).

Le tableau 5.2 récapitule les différents temps de calculs pour la carte de distance (on ne tient pas compte des temps de lecture/écriture des fichiers).

	une seule image $100 \times 100 \times 50$	une mosaïque d'images 4 images $50 \times 50 \times 50$
Initialisation	0.01s	0.02s (0.77s)
Passage avant	0.01s	0.03s (1.24s)
Passage arrière	0.01s	0.05s (1.61s)
Temps total	0.03s	0.09s (3.62s)

TAB. 5.2 – Temps d'exécution de l'algorithme de cartes de distances. Les temps donnés entre parenthèses tiennent compte des temps de lecture/écriture sur un disque distant.

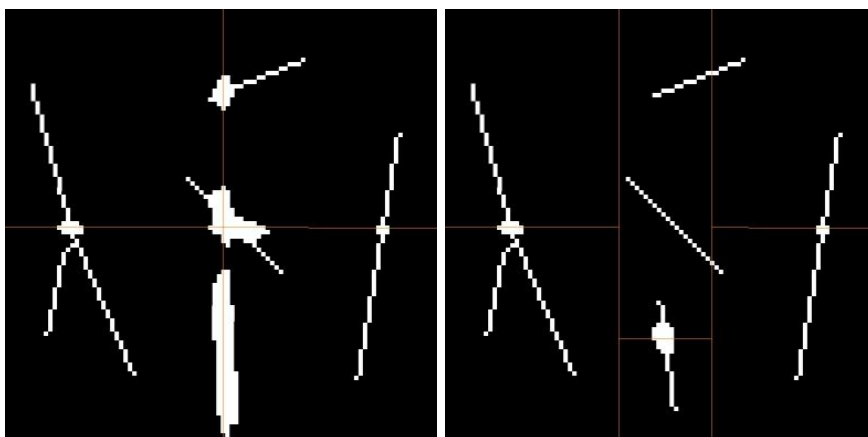
5.3.3 Calcul du squelette

La figure 5.4 représente les différentes étapes de notre algorithme de squelettisation par blocs. Lors de la première étape, les 4 blocs jointifs sont traités séparément. On “gèle” tous les points de l'objet dont la boule maximale n'est pas entièrement incluse dans le bloc. Les parties de l'objet situées en bordure de bloc ne sont donc pas totalement amincies. Les étapes 2 et 3 amincissent les parties situées à la frontière des blocs précédents en préservant la topologie et la localisation du squelette.

La figure 5.5 (a) représente le squelette obtenu si l'on traite l'image comme un seul bloc, c'est-à-dire le squelette que l'on souhaite obtenir. La figure 5.5 (b) représente les différents squelettes obtenus si l'on traite chacun des 4 blocs indépendamment. On peut constater des déconnexions à chaque changement de bloc. La figure 5.5 (b) représente le squelette final obtenu avec notre méthode centré sur la carte de distance. On obtient bien un squelette topologiquement correct (on a bien autant de composantes connexes qu'au départ, et l'on a gardé les jonctions entre les tubes, même lors des changements de blocs), fin (le squelette obtenu est 8-connexe et d'un pixel d'épaisseur) et parfaitement centré¹ (i.e. situé sur les maxima de la carte de distance).

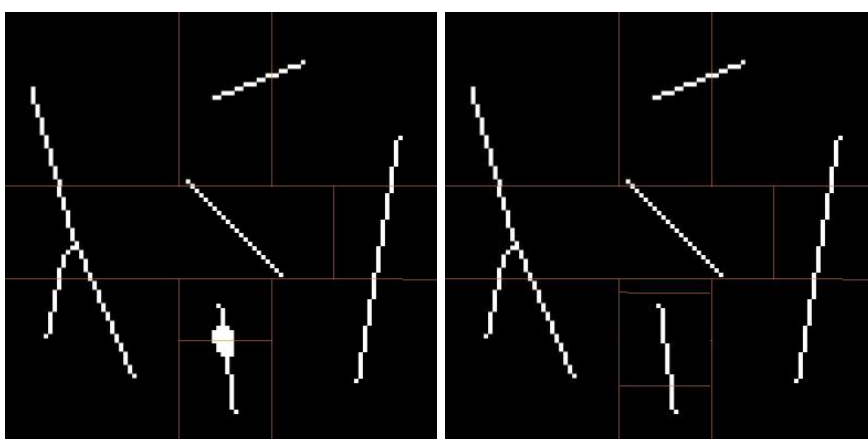
Le tableau 5.3 donne les différents temps de calcul pour le squelette.

¹Étant donné que les lignes ont été épaissies avec des éléments structurant symétriques autour d'un voxel central, elles ont toutes un diamètre impair en nombre de pixel. Dans ce cas, le squelette peut être parfaitement centré.



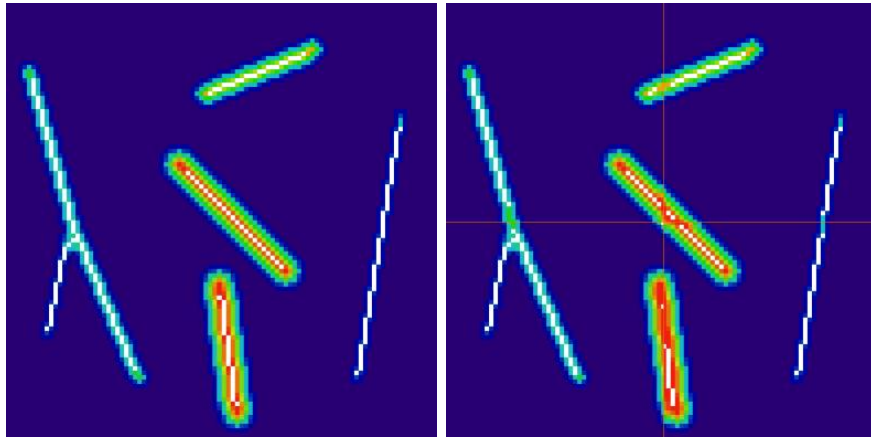
(a) Étape 1 : on procède sur 4 blocs jointifs en “gelant” les points de l’objet dont la boule maximale n’est pas entièrement incluse dans le bloc.

(b) Étape 2 : on procède sur des bandes recouvrant les frontières dans la direction x . La largeur de la bande est fonction de la distance maximale trouvée dans l’image.



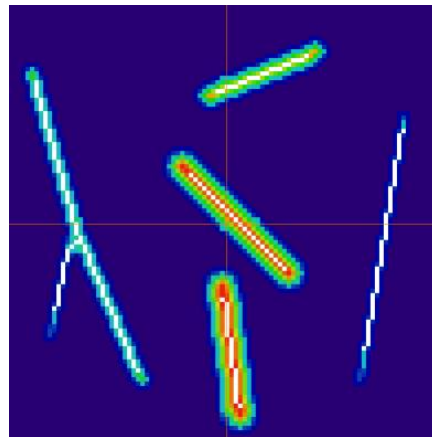
(c) Étape 3 : on procède sur des bandes recouvrant les frontières dans la direction y . On considère les frontières des blocs initiaux ainsi que les frontières des bandes précédemment amincies.

FIG. 5.4 – Les différentes étapes de la squelettisation par bloc. On ne représente que le plan $z = 25$ où sont dessinées les lignes pour faciliter la visualisation.



(a) Squelettisation sur l'image considérée comme un seul bloc.

(b) Squelettisation indépendante des 4 blocs.



(c) Squelettisation par bloc avec notre méthode.

FIG. 5.5 – Squelettes obtenus si l'on ne divise pas l'image originale en sous-images (a), par traitement séparé des blocs (b) ou avec notre méthode (c). Chaque figure représente en couleurs la carte de distance de l'images, et en blanc, les pixels du squelette.

Étape	une seule image $100 \times 100 \times 50$	une mosaïque d'images 4 images $50 \times 50 \times 50$
Blocs disjoints	/	0.11s (0.61s)
Frontière dir. x	/	0.03s (0.04s)
Frontière dir. y	/	0.04s (0.08s)
Temps total	0.09s	0.18s (0.73s)

TAB. 5.3 – Temps d'exécution de l'algorithme de squelettisation. Les temps notés entre parenthèse tiennent compte de la lecture/écriture des fichiers sur un disque distant.

5.3.4 Résultats numériques

Une fois que la carte de distance et le squelette sont déterminés, on affecte à chaque point de chaque ligne la distance correspondante sur la carte de distance, ce qui nous permet de déterminer en chaque point de chaque ligne le rayon du vaisseau. Pour obtenir des valeurs réelles, nous divisons les valeurs données par la carte de distance (calculée sur des entiers) par le facteur $\varepsilon_{opt} = 4.291$ donné dans le tableau 3.2.

On peut alors effectuer différents traitements qui seront présentés dans les sections suivantes. Nous pouvons aussi générer des fichiers qui listent, pour chaque point de chaque ligne, ses coordonnées et le diamètre qui lui est associé. D'autres fichiers résument le nombre de lignes, et pour chacune, sa longueur, et son diamètre moyen. En ce qui concerne le cas présenté plus haut, on obtient les fichiers suivants.

- le fichier contenant chacun des points (on n'a laissé que le premier et le dernier point de chaque ligne) :

```
# MicroVisu3D file
# Number of lines 7
# Number of points 198
# Number of inter. 1
#
# No          x          y          z          d
#
0      68.000000      12.000000      25.000000      6.058780
      [..]
0      48.000000      20.000000      25.000000      6.058780
1      7.000000      18.000000      25.000000      4.194540
      [...]
1      16.000000      53.000000      25.000000      3.495450
2      90.000000      29.000000      25.000000      1.631210
      [...]
2      81.000000      78.000000      25.000000      1.631210
3      42.000000      39.000000      25.000000      7.689990
      [...]
3      63.000000      60.000000      25.000000      7.689990
4      16.000000      53.000000      25.000000      3.495450
      [...]
4      11.000000      69.000000      25.000000      1.631210
5      16.000000      53.000000      25.000000      3.495450
```

			[...]	
5	30.000000	83.000000	25.000000	4.194540
6	49.000000	67.000000	25.000000	7.689990
			[...]	
6	53.000000	91.000000	25.000000	7.689990

Les coordonnées de départ et d'arrivée sont approximativement les mêmes que les coordonnées théoriques. On constate cependant quelques pixels de décalage entre eux. Ce décalage est principalement dû à deux facteurs :

- ▶ la dilatation effectuée pour donner un diamètre aux vaisseaux déplace légèrement les points de départ et d'arrivée des lignes, ainsi que les points de jonction,
 - ▶ la définition des points de fin dans le processus de squelettisation peut décaler les bords de l'objet vers le centre de ce dernier.
- le fichier suivant indique les longueurs et les diamètres moyens trouvés par l'algorithme :

```
# MicroVisu3D file
# Number of lines 7
# Number of points 198
#
# line length smallest @ largest@ mean @
#
0 23.313711 6.058780 6.058780 6.058780
1 38.727928 3.495450 4.194540 4.185514
2 52.727932 1.631210 2.796360 2.338326
3 29.698481 7.689990 7.689990 7.689992
4 17.892923 1.631210 3.495450 2.400976
5 35.799000 3.495450 4.194540 4.166922
6 25.656857 7.689990 8.389080 8.129716
```

Le tableau 5.4 permet de comparer les données théoriques (présentées dans le tableau 5.1) avec les données réelles obtenues (présentées dans les fichiers précédents). Nous avons vu plus haut les raisons qui conduisent à une forte sous-estimation de la longueur des vaisseaux. Pour ce qui est des diamètres, le calcul des coefficients optimaux, présenté dans le chapitre 3.6.4 prévoit une erreur relative maximale de 6.79% pour le masque choisi (cf tableau 3.2). Cette valeur est respectée.

No ligne	Longueur			Diamètre moyen		
	théorique	réelle	% d'erreur	théorique	réel	% d'erreur
ℓ_0	26.93	23.31	13.4	6.211	6.059	2.4
ℓ_1	36.40	38.73	6.4	4.243	4.195	1.1
ℓ_2	60.83	52.73	13.3	2.464	2.338	5.1
ℓ_3	35.36	29.70	16.0	8.165	7.700	5.7
ℓ_4	25.50	17.89	29.8	2.464	2.401	2.6
ℓ_5	38.08	35.80	32.2	4.243	4.167	1.8
ℓ_6	30.27	25.66	15.2	8.165	8.130	0.4

TAB. 5.4 – Tableau récapitulatif pour la comparaison des données théoriques et des données réelles.

5.4 Résultats sur une mosaïque d'images

Nous nous intéressons à présent à des tests sur des données réelles. Des tests ont été effectués sur différents jeux de données, mais nous illustrerons ce chapitre avec la mosaïque présentée dans la section 2.4.3 (page 44) car il s'agit de la mosaïque la plus significative, de par son emplacement, sa résolution et sa quantité de données.

A notre connaissance, aucune étude de paramètres morphométriques de cette ampleur n'a été menée sur la micro-circulation cérébrale humaine. C'est pourquoi la validation quantitative des résultats obtenus dans cette section est difficile. En effet, contrairement aux données synthétiques, nous ne connaissons pas les valeurs théoriques que nous devons obtenir.

De plus, les valeurs quantitatives absolues que l'on pourrait obtenir avec ces données sont certainement biaisées par les manipulations du matériel : les vaisseaux ont pu se déformer pendant le découpage des coupes, certains vaisseaux (notamment les gros), ont pu être mal injectés, ou écrasés lors de la préparation...

Cette section s'organise suivant le protocole de traitement des données : on crée tout d'abord la mosaïque (section 5.4.1), elle est alors filtrée, et segmentée, puis on calcule la carte de distance et les lignes centrales des vaisseaux (section 5.4.2), que l'on exploite grâce à la structure de données *LineSet* (section 5.4.3). Enfin, certains modules nous permettent d'exploiter les données ainsi obtenues (section 5.4.4).

5.4.1 Création, filtrage et segmentation de la mosaïque d'images

Nous rappelons ici les étapes préliminaires aux traitements de nos données.

Lecture et positionnement des images

Chaque image acquise au microscope confocal est stockée électroniquement sous forme d'un ensemble de *coupes*. Chaque *coupe* d'une image correspond à un plan focal du microscope. Lorsque l'on charge une image de la mosaïque dans Amira, on précise son origine et la taille de chacun des voxels (cf figure 5.6). L'origine de chaque image est déterminée de manière relative par rapport à ses voisines : on choisit une origine absolue arbitraire, puis chaque image est décalée de $550\mu\text{m}$ (512 pixels avec $1.22\mu\text{m}$ par pixel moins 60 pixels de recouvrement environ) par rapport à ses voisines, comme illustré figure 5.7. Ce positionnement n'est pas très précis (il peut y avoir

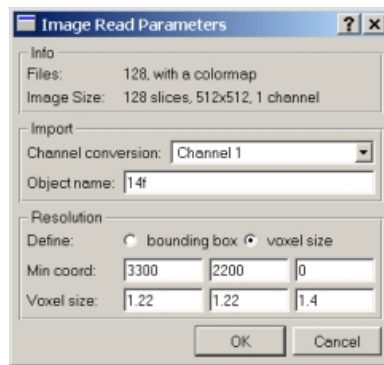


FIG. 5.6 – Lorsque l'on charge une image acquise au microscope confocal, on précise le nombre de pixels, la taille de chaque pixel et une origine absolue.

une dizaine de pixels de décalage entre deux images jointives), mais ceci sera corrigé par un recalage entre les différentes images de la mosaïque.

Les images sont ensuite sauveées en trois dimensions avec toutes les informations mentionnées ci-dessus au format standard de stockage des images du logiciel Amira.

Filtrage des images

Le matériel d'acquisition donne des images bruitées, notamment par un bruit impulsionnel important. Pour éliminer ce bruit impulsionnel, on applique un filtrage médian avec un noyau de taille $3 \times 3 \times 3$. Ensuite, on applique un filtre gaussien de largeur $3 \times 3 \times 3$ avec $\sigma = 1$ pour lisser les bords des vaisseaux. Les caractéristiques de ces filtres ont été déterminées de manière empirique. La figure 5.8 représente le grossissement d'une projection du maximum des intensités MIP d'une image de la mosaïque (a), après le filtrage médian (b), et après le filtrage gaussien (c).

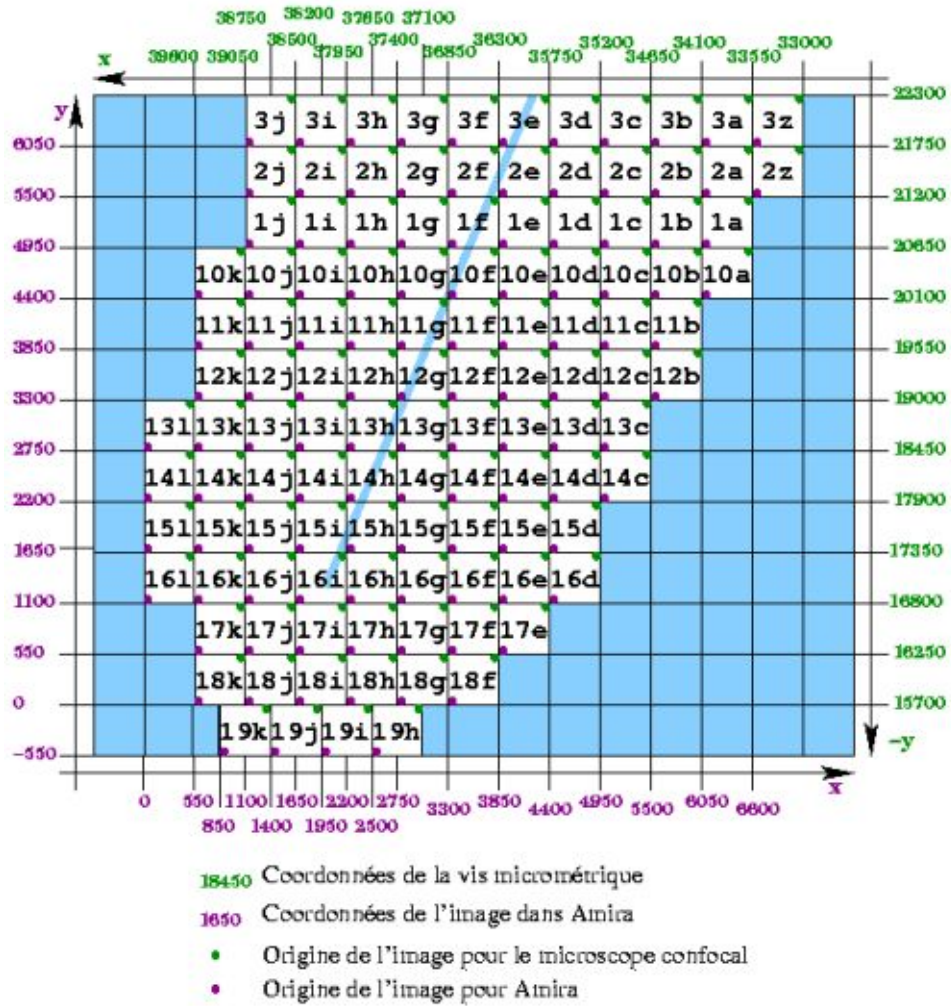
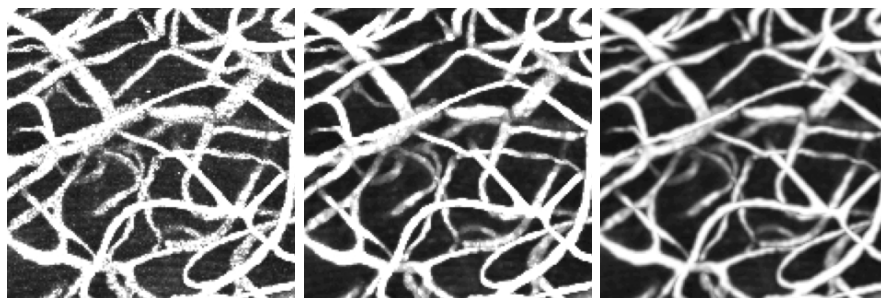


FIG. 5.7 – L'origine absolue de la mosaïque est arbitraire, mais elle permet de préciser les positions des images les unes par rapport aux autres. (On peut constater que les systèmes de coordonnées du microscope et du logiciel Amira sont inversés).



(a) Image originale.

(b) Après application d'un filtre médian

(c) Après application d'un filtre gaussien

FIG. 5.8 – Grossissements de la projection *MIP* d'une image avant et après application de filtres médian et gaussien.

Recalage et création d'une grande image

On effectue ensuite le recalage entre les différentes images de la mosaïque comme indiqué dans la section 2.5. La figure 5.9 représente l'image de la mosaïque une fois recalée.

Le tableau 5.5 représente les décalages dans les différentes directions obtenus lors du recalage de la mosaïque présentée plus haut. On constate que

	direction x	direction y	direction z
décalage minimum (voxels)	0	4	0
décalage maximum (voxels)	21	60	10
décalage moyen (voxels)	6	30	3
transformation initiale	17	119	2

TAB. 5.5 – Décalage rencontrés lors du recalage de la mosaïque figure 5.9 dans les différentes directions de l'espace.

le décalage le plus important est réalisé dans la direction y . Ceci s'explique par le protocole d'acquisition en ligne suivant la direction x des différentes images de la mosaïque. On peut aussi remarquer que le décalage dans la direction z est très faible en comparaison des décalages dans les autres directions (il n'est pas dû aux mêmes facteurs que les décalages plans).

Nous avons à présent une mosaïque composée de plusieurs images indépendantes, qui se recouvrent partiellement et qui sont correctement positionnées entre elles. Les traitements qui suivent nécessitent d'avoir accès indifféremment à n'importe quel endroit de la mosaïque. Pour permettre un accès optimal et régler le problème de recouvrements partiels entre les images, on crée une seule grande image par mosaïque en interpolant les valeurs des points situés sur les zones de recouvrement (cf section 2.6). On obtient une

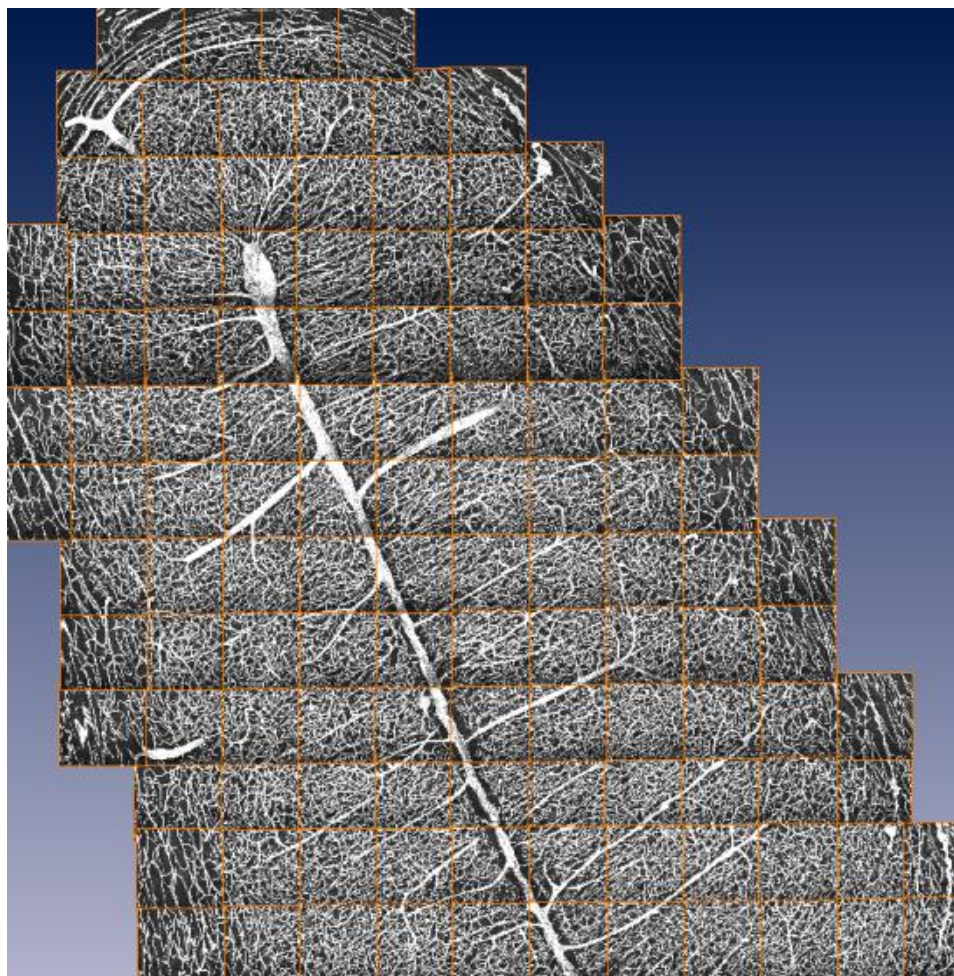


FIG. 5.9 – Projection *MIP* de toutes les images de la mosaïque après qu'elles ont été recalées entre elles.

image de plusieurs giga octets qui peut être stockée sur le disque dur, mais qui ne sera jamais totalement chargée dans le mémoire vive de l'ordinateur (on ne chargera que des morceaux de cette image aussi appelés sous-images).

Segmentation

Nos algorithmes de calcul de carte de distance et d'extraction du squelette s'appliquent sur des images binaires. Nous devons donc, à présent, segmenter l'image obtenue. La manière la plus simple et la plus rapide de segmenter notre mosaïque d'images est d'utiliser un seuillage global, dont la valeur est choisie par l'utilisateur. Les filtres appliqués précédemment ont permis de réduire drastiquement le bruit présent dans les images. Cependant, comme nous l'avons vu dans le chapitre 2.3 sur l'utilisation du microscope

confocal, les dernières “coupes” des images, c’est-à-dire les plans focaux situés en bas de la préparation sont souvent beaucoup plus sombres et plus bruités que les plans situés au dessus. Pour tenir compte de ces différences d’intensité, l’utilisateur peut choisir un seuil pour les premières coupes de l’image et un seuil pour les dernières coupes. On effectue une interpolation linéaire entre les deux seuils pour adoucir le passage d’un seuil à l’autre (on souhaite qu’il y ait le moins d’irrégularités possible lors du passage d’une coupe à l’autre).

Lors de la préparation, il arrive que certains gros vaisseaux soient mal injectés et donnent un résultat *en croissant de lune* comme indiqué sur la figure 5.10. Un éditeur de segmentation manuelle présent dans Amira permet

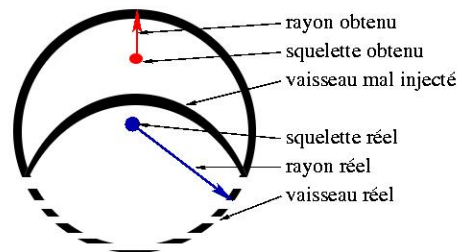


FIG. 5.10 – Il arrive que des gros vaisseaux soient mal injectés. Ils prennent alors la forme d’un *croissant de lune*. Si l’on applique l’algorithme de squelettisation sur ce vaisseau, le squelette sera mal placé, et le rayon du vaisseau sera largement sous-estimé.

alors de segmenter manuellement les gros vaisseaux comme illustré sur la figure 5.11.

La segmentation manuelle permet aussi de supprimer les éléments situés dans le sillon lui-même. En effet, il y a dans le sillon un ensemble de vaisseaux qui s’enroulent les uns autour des autres. Il est impossible, étant donné la qualité de nos images, le bruit causé par le microscope et les différents jeux d’ombres de les dissocier les uns des autres. L’espace du sillon est donc effacé à la main pour éviter de brouter les mesures sur les vaisseaux qui nous intéressent.

On obtient ainsi une image binaire dont les pixels du fond ont la valeur 0 et les pixels des vaisseaux ont la valeur 1. Cette méthode de segmentation permet d’obtenir les résultats que nous montrons par la suite. Nous l’avons choisi car elle est simple et très rapide à mettre en œuvre. Cependant, elle manque de robustesse et de répétabilité. En effet, il existe une grande variabilité inter et même intra-opérateur. Une même personne pourra choisir des seuils différents suivant les images sur lesquelles il se base pour déterminer le(s) seuil(s). De même, plusieurs opérateurs pourront trouver des valeurs différentes pour le seuil. Deux seuils différents pourront changer le diamètre

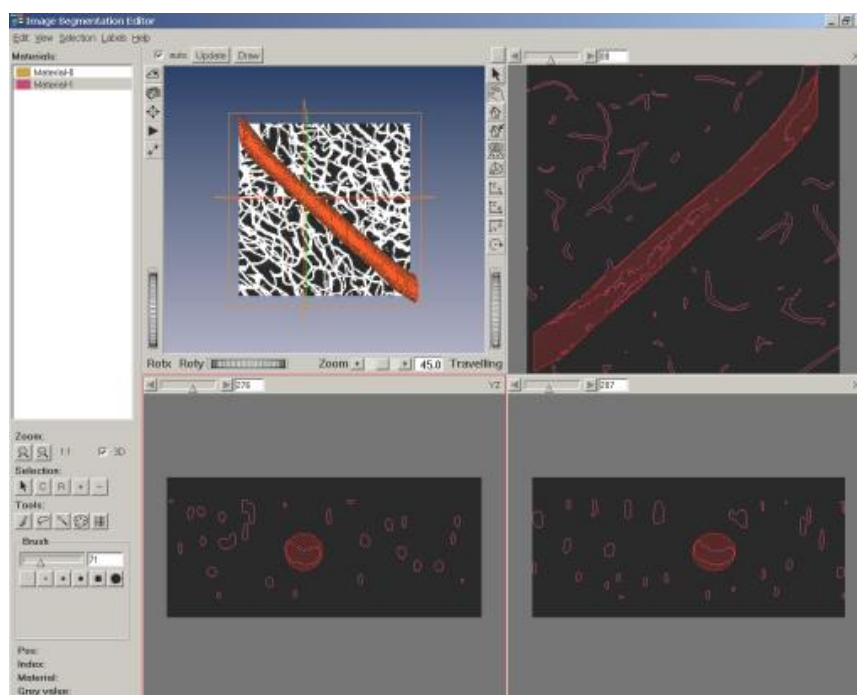


FIG. 5.11 – Segmentation manuelle sous Amira des gros vaisseaux (souvent mal injectés).

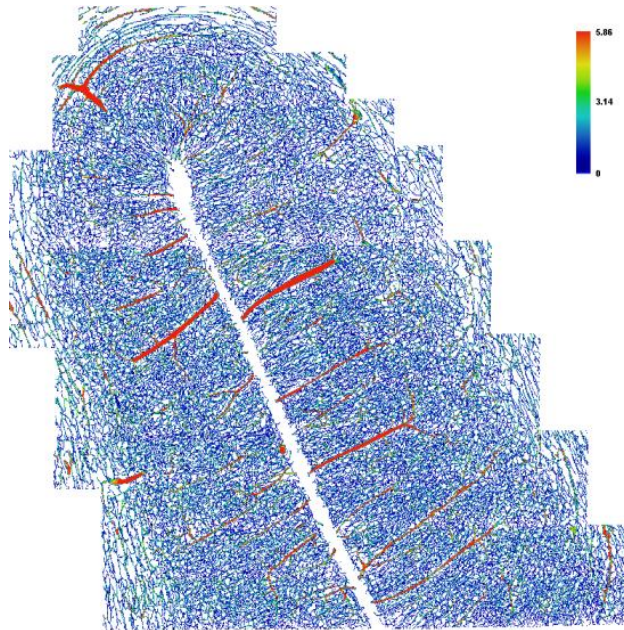
qui est affecté à certains vaisseaux. On peut supposer qu'étant donné le grand nombre de vaisseaux, les valeurs moyennes changeront peu. Mais il serait bon par la suite d'adopter une stratégie plus automatisée permettant de limiter la variance inter et intra-opérateurs.

De plus, l'utilisation d'une seule valeur de seuil pour toutes les images de la mosaïque (même si cette valeur peut changer entre la première et la dernière coupe) est assez inadaptée. En effet, l'on peut observer des changements d'intensités entre les images, et même au sein d'une même image. Une approche plus locale, comme par exemple le seuillage adaptatif mériterait d'être testé pour ces images. Nous n'avons malheureusement pas eu le temps d'investiguer plus avant dans cette direction.

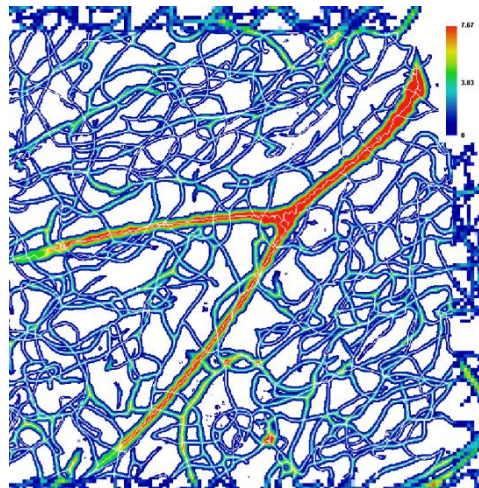
5.4.2 Calcul de la carte de distances et des lignes centrales

Nous présentons ici les temps d'exécution pour le calcul de la carte de distance et du squelette pour la mosaïque d'images. Le tableau 5.6 représente les temps d'exécution des différentes étapes du calcul de la carte de distance.

Le tableau 5.7 représente les temps d'exécution des différentes étapes du calcul du squelette. On constate que le surcoût engendré par le traitement



(a) Carte de distance globale à l'intérieur des vaisseaux (image sous-échantillonnée)



(b) Zoom sur la carte de distance. Vue en transparence de l'image des lignes centrales.

FIG. 5.12 – Exemples de vues de la carte de distance et de l'image binaire des lignes centrales de la mosaïque d'image présentée plus haut.

Étape	nb blocs	temps de calcul total	temps moyen / bloc
Init.des frontières	121	2min23s (2h10min29s)	1.19s (1min04s)
Passage avant	341	5min13s (6h05min05s)	0.92s (1min04s)
Passage arrière	242	5min03s (6h01min58s)	1.25s (1min29s)
Temps total	704	12min39s (14h17min32s)	1.08s (2min21s)

TAB. 5.6 – Temps d’exécution des différentes étapes de calcul de la carte de distance. Les temps notés entre parenthèses correspondent aux temps si l’on tient compte de la lecture/écriture distante des fichiers.

Étape	nb blocs	temps de calcul total	temps moyen / bloc
Blocs disjoints	288	1h00min26s (3h47min51s)	12.59s (47s)
Frontières dir. x	132	0h06min16s (0h50min04s)	02.85s (22s)
Frontières dir. y	264	0h12min07s (1h39min51s)	02.76s (22s)
Frontières dir. z	144	0h13min37s (1h51min05s)	05.68s (46s)
Total	828	1h32min28.48s (8h08min53.73s)	06.70s (35s)

TAB. 5.7 – Temps d’exécution des différentes étapes de calcul du squelette. Les temps notés entre parenthèses correspondent aux temps si l’on tient compte de la lecture/écriture distante des fichiers.

par blocs (i.e. traitement des frontières des blocs) est faible : environ la moitié du temps de traitement des blocs disjoints.

La figure 5.12 représente un exemple de visualisation globale de la carte de distance sous-échantillonnée (la carte entière ne peut être chargée en mémoire), ainsi qu’un exemple de visualisation locale du squelette obtenu.

5.4.3 La structure de données *LineSet*

Nous avons obtenu les lignes centrales des vaisseaux sur une image binaire. Pour faciliter la visualisation et la manipulation de ces lignes centrales, nous utilisons une structure de donnée qui permet de ne stocker que les points appartenant aux lignes centrales, organisés suivant les différentes lignes. Cette structure de données, beaucoup plus légère qu’une image binaire permet de visualiser l’ensemble du réseau de lignes centrales des vaisseaux, comme illustré figure 5.13.

L’opération suivante consiste à affecter à chaque point de chaque ligne la valeur de la carte de distance correspondante. Ceci indique en chaque point le rayon du vaisseau correspondant. La structure de donnée *LineSet* permet alors de visualiser les vaisseaux comme un ensemble de cylindres centrés en chacun des points des lignes centrales et dont le rayon correspond au rayon du vaisseau en ce point comme illustré figure 5.14.

Le logiciel Amira offre alors la possibilité de corriger manuellement le *LineSet*, c’est-à-dire d’ajouter ou d’éliminer des points, des lignes, ou des

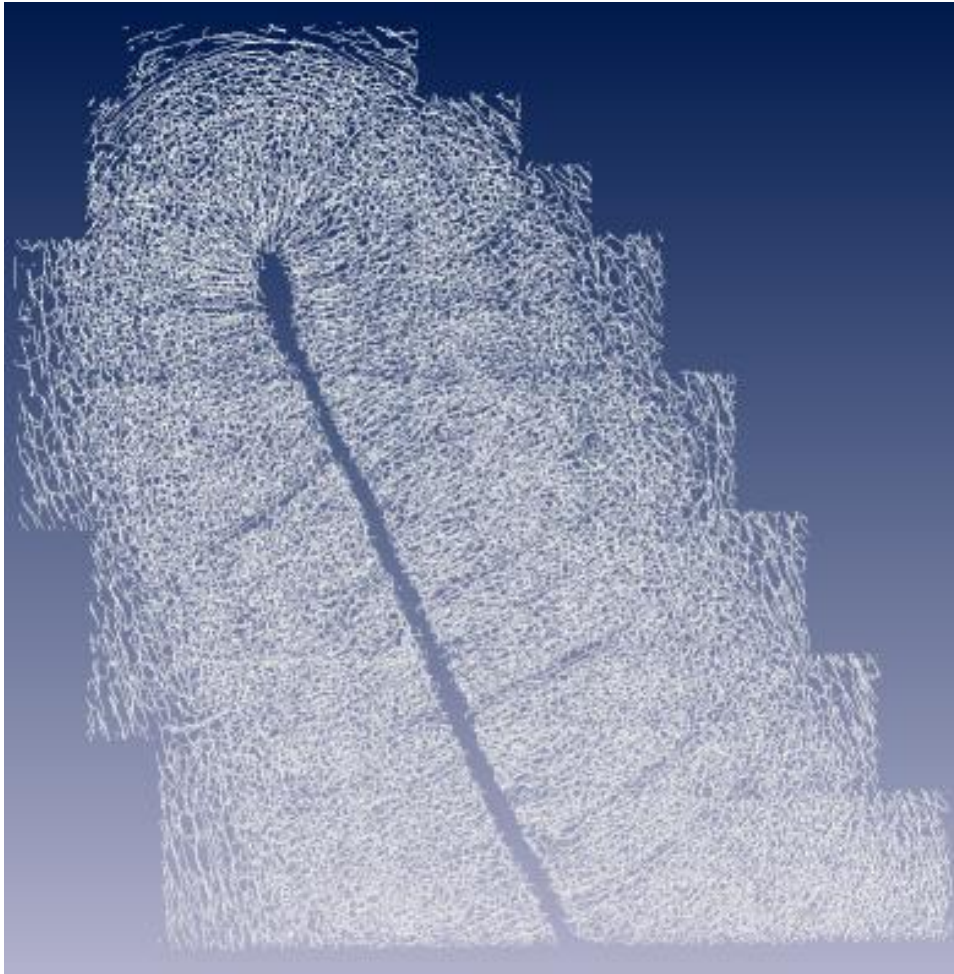


FIG. 5.13 – Vue d'ensemble des lignes centrales du réseau micro-vasculaire obtenu sur les images précédentes.

connexions entre les lignes. Bien que quelque peu fastidieuse, cette opération peut permettre de corriger les gros vaisseaux et d'obtenir un réseau plus cohérent.

5.4.4 Exploitation des résultats

Nous présentons ici quelques modules qui permettent d'exploiter les données quantitatives obtenues. En effet, la structure de donnée *LineSet* permet à l'utilisateur d'observer le réseau entier de vaisseaux ainsi que le détail de certaines connexions.

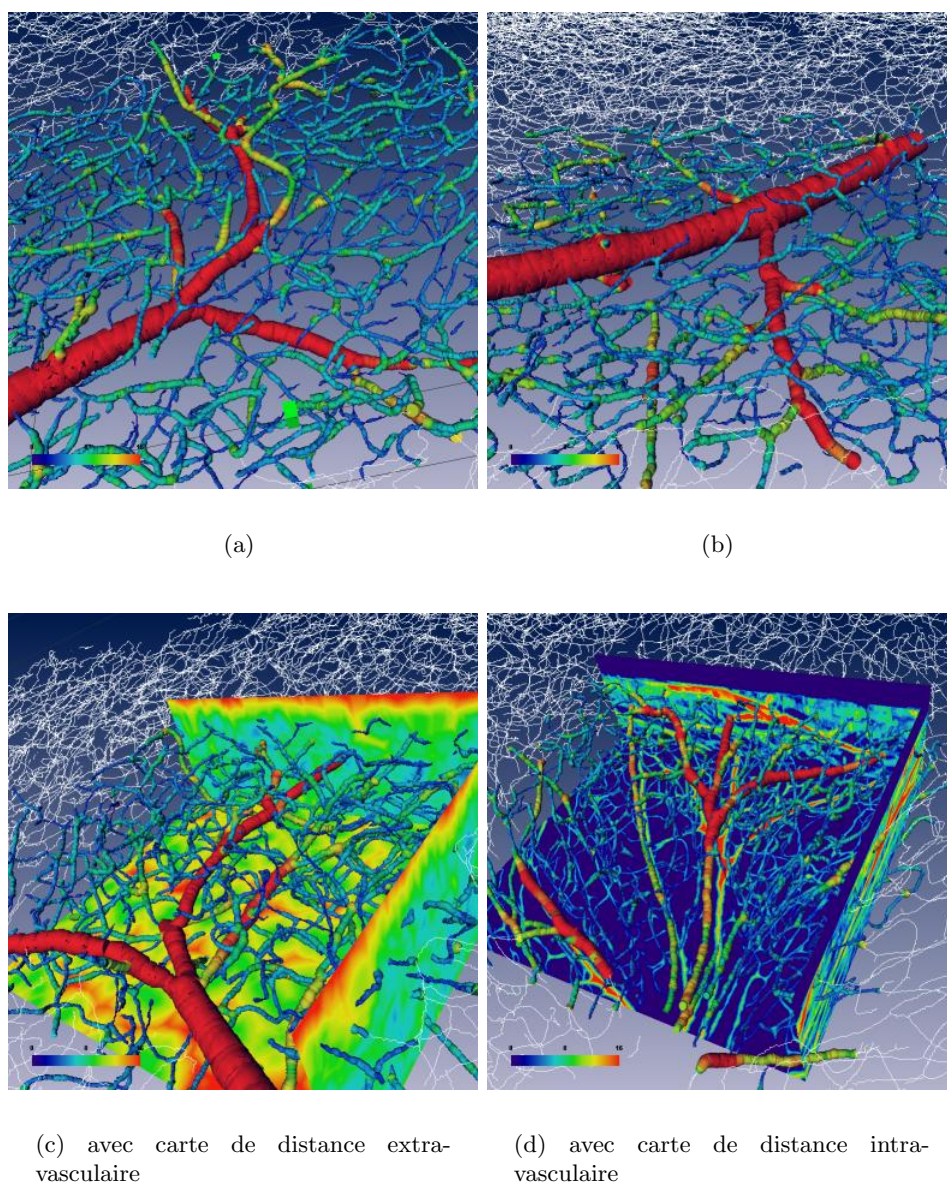
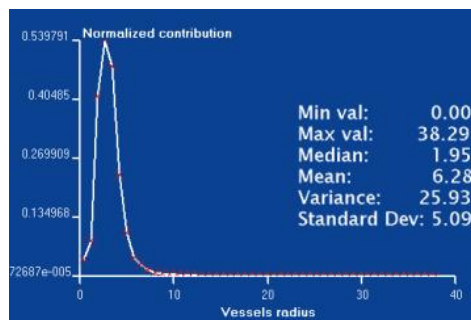


FIG. 5.14 – Les vaisseaux sont modélisés comme des ensembles de cylindres centrés en chaque point de chaque ligne centrale de vaisseau, avec pour rayon, le rayon estimé grâce à la carte de distance. On ne peut visualiser tout le réseau de cette façon. Les images (a), (b), (c) et (d) présentent une telle modélisation à différents endroits de la mosaïque.

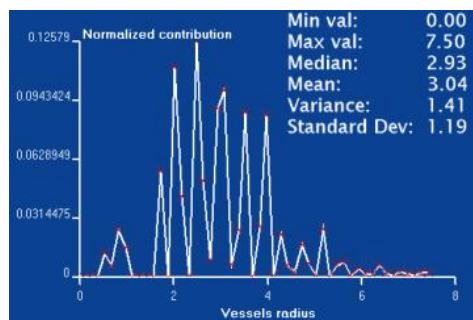
Histogramme

Les lignes centrales et les diamètres calculés en chaque point nous permettent d'obtenir des valeurs moyennes des rayons. En effet, si l'on pondère

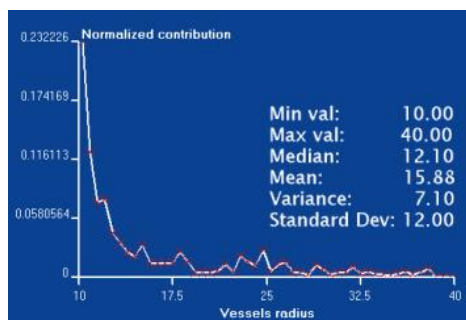
chaque rayon présent dans l'image par la longueur de vaisseau qu'il occupe, on obtient des histogrammes tels que ceux présentés dans la figure 5.15. On peut alors en déduire la répartition des différents types de vaisseaux selon leurs rayons.



(a) Ensemble des rayons.



(b) Petits vaisseaux.



(c) Grands vaisseaux

FIG. 5.15 – Histogrammes des rayons pondérés par la longueur des vaisseaux.

Carte de distance extra-vasculaire

Il est aussi possible d'avoir une idée de la densité vasculaire en examinant la carte de distance extra-vasculaire. On a ainsi la distance minimale entre deux vaisseaux, ce qui exprime le fait que le réseau vasculaire est plus ou moins dense à différents endroits, comme illustré figure 5.16.

Données numériques

Comme nous l'avons vu dans la section 5.3.4, on peut aussi obtenir des données numériques sous forme de fichiers contenant les coordonnées et les différents diamètres des lignes centrales. Ces fichiers pourront alors servir

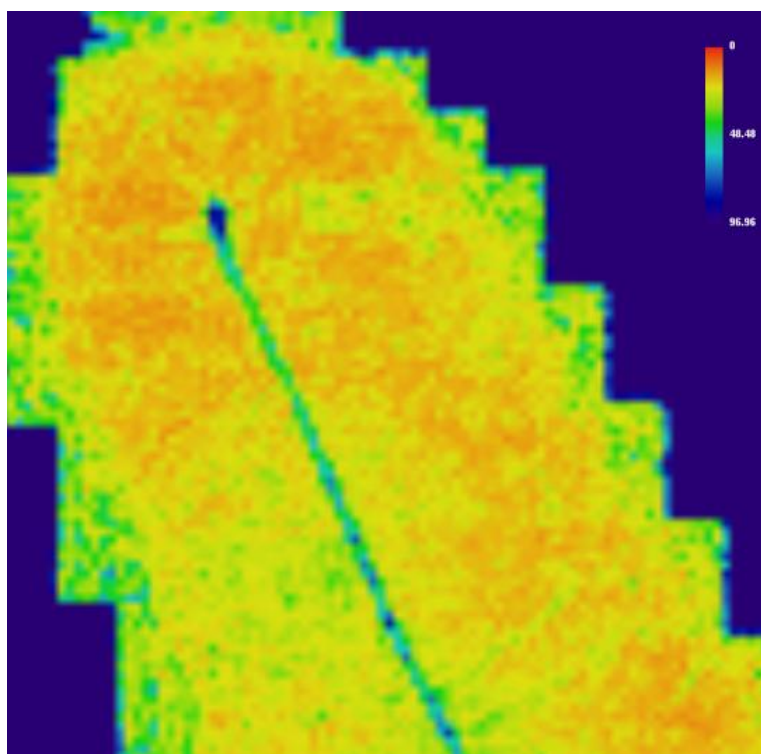


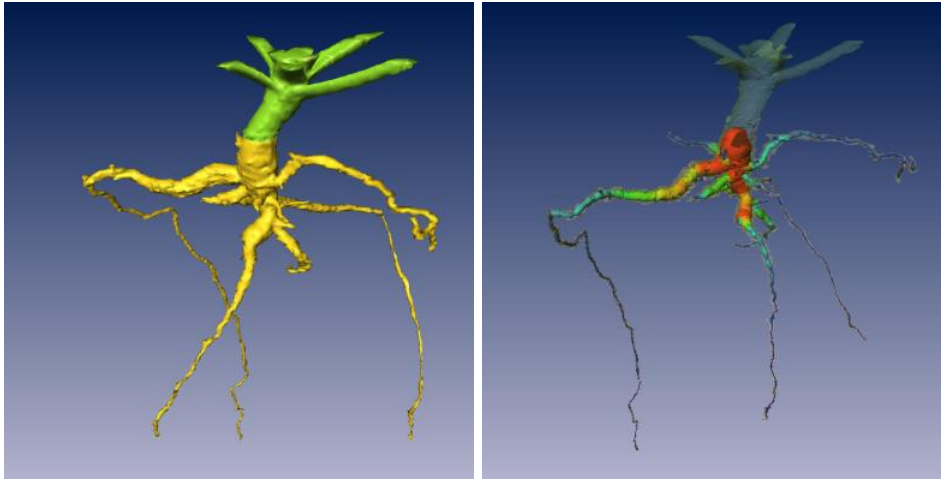
FIG. 5.16 – Carte de distance extra-vasculaire. La carte a été sous-échantillonnée et projetée (projection *MIP*) pour une meilleure visualisation. On constate des zones rouges très vascularisées ainsi que des zones vertes proches du sillon et proches de la matière blanche, où le réseau vasculaire est moins dense.

d'entrée pour des logiciels de simulation ou spécialisés dans les études statistiques.

5.5 Résultats sur des racines de plantes

L'étude des racines de certaines plantes peut permettre de caractériser leur développement dans différents milieux et avec différents traitements. Un moyen intéressant pour étudier les racines de plantes est la tomographie par rayons X, car elle permet de conserver les racines intactes, et ainsi d'observer leur évolution au cours du temps. Ce procédé est cependant peu utilisé car il a une résolution spatiale limitée, une taille d'échantillon souvent limitée [JGMG03] et un coût d'acquisition important, mais surtout parce qu'il existe très peu de méthodes numériques d'analyse tridimensionnelle dédiées à ce problème. Les chercheurs Peter Kolesik et Ann Mc Neill de l'université d'Adelaïde ont étudié des plans de colza qui ont poussé dans des carottes de

terre de 15 cm de diamètre et de 50 cm de profondeur provenant d'un sol constitué de sable et d'argile de la péninsule Eyre en Australie. Ces carottes de terre sont contenues dans des tubes en plastique fermés sur le dessous et sont visualisées avec un scanner à rayon X médical aux différentes étapes de développement de la plante. Chaque image est constituée d'une pile de 1300 coupes chacune de 512×512 pixel. La taille de chaque pixel est de $0.335 \times 0.335 \times 0.4mm^3$, ce qui permet d'observer des racines jusqu'à 1mm de diamètre. Les images sont ensuite segmentées suivant le facteur d'absorption des tissus de la plante aux rayons X. La figure 5.17 (a) représente l'une de ces images. Ces images sont ensuite traitées comme les mosaïques d'images de micro-vascularisation cérébral afin d'obtenir des lignes centrales auxquelles sont ajoutés les rayons des racines. La figure 5.17 (b) illustre ce résultat.



(a) Iso-surfaces observées sur une tomographie à rayon X d'un plan de colza après segmentation des différents tissus de la plante.

(b) *LineSet* correspondant aux lignes centrales des racines de la figure (a).

FIG. 5.17 – Application de notre méthode sur des racines de plantes

Les mesures des diamètres moyens des racines à différentes profondeurs du sol ont permis aux biologistes de mieux comprendre et de simuler l'évolution de la plante.

5.6 Conclusion

Nous avons présenté ici les résultats des algorithmes proposés dans les chapitres précédents sur différents jeux d'images. Un problème crucial dans

l'imagerie médicale est la validation des résultats, et il existe plusieurs processus de validation d'un procédé, les plus courants étant :

1. la comparaison avec une valeur étalon unanimement reconnue (i.e. un *gold standard*) ;
2. l'utilisation d'un fantôme ;
3. la simulation par des images synthétiques ;
4. la comparaison des résultats obtenus avec d'autres protocoles.

Malheureusement, nous ne connaissons aucune mesure étalon sur de grandes images tridimensionnelles du réseau micro-vasculaire cérébral. En ce qui concerne le fantôme, nous avons vu que certains auteurs utilisent un procédé d'injection par des résines qui durcissent et qui peuvent être observées après destruction de la matière corticale. Nous n'avons malheureusement pas connaissance de telles expériences accompagnées d'imagerie tridimensionnelle, et surtout cette expérience paraît difficile à réaliser sur de larges portions du cortex. De plus, le manque de connaissances sur la micro-circulation rend très difficile la production d'images significatives à grande échelle. Nous avons cependant tenté de valider qualitativement et quantitativement nos algorithmes sur des mosaïques d'images synthétiques de plus faibles ampleurs. Les résultats furent concluants, puisque nous avons trouvé des lignes centrales de vaisseaux homotopes, fines et centrées, et que les valeurs des diamètres étaient cohérentes avec nos prévisions. Enfin, en ce qui concerne la comparaison avec d'autres modalités d'images, il serait en effet utile de comparer nos résultats avec d'autres protocoles d'acquisition d'images micro-vasculaires, comme par exemple le synchrotron, ou encore avec des méthodes d'acquisition qui permettent la visualisation de différents critères, comme par exemple l'IRMf qui permettrait de donner une idée de la densité vasculaire.

Quoiqu'il en soit, les comparaisons de ces mesures avec des valeurs réelles doivent être effectuées avec un soin tout particulier, sachant que le procédé de préparation histologique des coupes de Duvernoy dégrade considérablement les tissus et peut affecter le réseau.

CHAPITRE 6

Conclusion et perspectives

Le but de notre étude était de fournir des outils logiciels aux anatomistes et neuro-anatomistes pour l'étude de la micro-circulation cérébrale. Dans cette optique, nous avons développé un protocole d'étude qui permet d'envisager un volume très étendu à partir de plusieurs échantillons de très haute définition. Nous nous intéressons à présent aux limites de ces méthodes, ainsi qu'à leurs possibles évolutions vers diverses applications.

Aspect méthodologique

La méthodologie que nous proposons comporte un protocole d'acquisition, des méthodes de filtrage et segmentation, le calcul de cartes de distance et de squelettes des vaisseaux ainsi qu'une modélisation et une représentation des vaisseaux qui permet d'extraire des paramètres qualitatifs et quantitatifs.

Acquisition

Nous avons dans un premier temps proposé un protocole d'acquisition de mosaïques d'images de microscopie confocale. Ce mode d'acquisition de plusieurs petites images jointives, permet un pavage de l'espace à imager. Il en résulte que l'espace à imager n'est plus limité par l'instrument de mesure et peut être aussi grand que l'on souhaite. De plus, un recouvrement partiel entre les images jointives permet de corriger d'éventuelles erreurs de positionnement de l'image et de créer une grande mosaïque dont la valeur de chaque voxel est connue et unique.

Le pavage de l'espace que nous présentons aux cours de nos travaux est essentiellement planaire. En effet, après l'acquisition d'une image, on décale la coupe dans le plan XY uniquement. L'aspect tridimensionnel vient de

l'épaisseur des coupes prise en compte par le microscope confocal. On peut imaginer un protocole d'acquisition effectuant un réel pavage tridimensionnel, c'est-à-dire un protocole qui permettrait "d'empiler virtuellement les coupes", de juxtaposer les images également selon l'axe vertical. Ceci nécessiterait cependant de revoir le mode de préparation des coupes et d'effectuer de nouveaux traitements. En effet, nous avons vu dans le chapitre consacré à l'acquisition que la résolution du microscope ne permet pas d'imager la coupe au delà de $180\mu m$ d'épaisseur. Il faudrait alors produire des coupes suffisamment fines qui pourraient être imagées sur toute leur profondeur. Une autre contrainte est que la perte de matière qui survient lors de la découpe devra être suffisamment faible pour pouvoir être négligée lors du recalage vertical. Enfin, le recalage vertical devra être adapté à ce genre de mosaïque.

La microscopie confocale est une technique d'imagerie tridimensionnelle de haute résolution parmi d'autres. On peut imaginer appliquer cette technique de découpage et de pavage des zones à imager pour d'autres modalités d'image comme par exemple le synchrotron.

Filtrage et segmentation

Le filtrage et la segmentation des vaisseaux dans la mosaïque d'image sont les principales faiblesses de notre approche. Or, c'est hélas un point très sensible pour l'extraction des paramètres morphométriques. En effet, les différents résultats (lignes centrales et diamètres des vaisseaux) dépendent beaucoup de la binarisation des images. Par exemple, la topologie des lignes centrales peut être bruitée par les trous et cavités laissés dans les vaisseaux lors de la segmentation. De plus, le rayon d'un vaisseau dépend de l'emplacement de sa *frontière* avec l'extérieur, et donc de la binarisation. Nous avons choisi la méthode extrêmement simple qu'est le seuillage manuel global. Son avantage réside dans sa simplicité et sa rapidité. Nous l'avons choisi car les premières images qui nous sont parvenues avaient une très bonne définition et un excellent contraste. Nous nous sommes alors concentrés sur les autres problèmes posés par l'étude de ces images. Cependant, le seuillage manuel global a beaucoup d'inconvénients pour notre application. Tout d'abord, le fait qu'il soit manuel implique une grande variabilité inter-utilisateur. En effet, le choix de la valeur du seuil varie de plusieurs niveaux de gris entre les différents experts. Ensuite, le fait que l'on ait affaire non pas à une image isolée, mais à une mosaïque d'images induit aussi une grande variabilité intra-opérateur. En effet, des variations d'intensité peuvent survenir au cours de l'acquisition des différentes images, et ainsi faire varier le seuil d'une image à l'autre au sein d'une même mosaïque.

Une première amélioration pourrait être d'automatiser le choix du seuil pour limiter sa variabilité. Ensuite, on peut imaginer des méthodes de régularisation d'intensité pour les diverses images d'une même mosaïque, ou bien

des méthodes de seuillage adaptatif c'est-à-dire que le choix du seuil pourrait être ajusté localement en fonction des moyennes et différences d'intensité dans le voisinage des points considérés. On peut aussi imaginer l'utilisation d'autres méthodes de segmentation que le seuillage. L'utilisation d'outils de morphologie mathématique pourrait par exemple permettre, si l'on choisit correctement un élément structurant, de donner des informations sur la forme que l'on souhaite modéliser, c'est-à-dire un cylindre. Cependant, quelle que soit la méthode de segmentation choisie, nous devons garder à l'esprit que l'initialisation manuelle des objets à segmenter (plusieurs milliers de vaisseaux) est impensable, et qu'une initialisation automatique risque de s'avérer compliquée.

Coefficients de chanfrein

Les images acquises au microscope confocal, comme la plupart de images médicales sont stockées sur une grille anisotrope. Le calcul des rayons des vaisseaux, et plus généralement des distances dans l'image doit tenir compte de cette anisotropie. De plus, le rapport des longueurs des voxels dans les différentes directions peut varier d'une acquisition à l'autre et d'une modalité à l'autre. Nous avons choisi, dans un souci d'efficacité d'utiliser les distances de chanfrein. Le point le plus délicat de cette méthode est de déterminer des coefficients les plus adaptés possible à ce calcul. Nous avons proposé une méthode de calcul des coefficients de masque de chanfrein. Nous avons de plus rendu cette méthode automatique afin qu'elle puisse être appliquée quelle que soit la modalité d'acquisition et l'anisotropie. Pour mener à bien ce calcul, nous recherchons, parmi tous les jeux de coefficients entiers possibles, le jeu de coefficient qui minimisera l'erreur entre la carte de chanfrein et la carte de distance euclidienne. Il serait intéressant de s'interroger sur l'éventuelle convergence de ce jeu de coefficients : existe-t-il un jeu de coefficients réels optimaux ? Si oui, le jeu de coefficients entiers optimaux converge-t-il vers ce jeu de coefficients réels ? Peut-on alors accélérer la recherche des coefficients entiers ?

Cartes de distance et squelettisation par blocs

Les mosaïques d'images que nous utilisons représentent des quantités de données trop importantes pour pouvoir être chargées et traitées en une seule fois. Nous avons donc proposé des outils adaptés à ce type de données, en considérant des traitements en sous-images. Nous avons tout d'abord adapté le calcul des cartes de chanfrein à un traitement en sous-blocs. Nous avons ensuite proposé un algorithme de squelettisation qui agit localement (sur des sous-images) tout en préservant les propriétés du squelette : homotopie, localisation et minceur. Nous avons de plus fait en sorte que ce procédé minimise le nombre d'accès à des sous-images afin de garantir un temps de

calcul acceptable.

Ce genre de calcul en sous-images peut être appliqué à n'importe quelle image binaire trop importante pour être chargée en une seule fois dans la mémoire. Il peut avoir des applications dans des domaines aussi variés que l'étude des racines de plantes, d'un réseau de neurones, ou de pipelines pétroliers. De plus, même si nous ne l'avons pas implémenté, on peut imaginer adapter aisément ce genre de calcul à des calculs parallèles.

Représentation qualitative et extraction de paramètre quantitatifs

Une fois les lignes centrales et les rayons des vaisseaux calculés, nous représentons les vaisseaux comme des ensembles de cylindres grâce à la structure de donnée *LineSet*. Ceci nous permet une visualisation efficace et temps-réel de l'ensemble des lignes centrales du réseau. Nous pouvons aussi imaginer divers traitements qui permettraient de pallier les inconvénients de la segmentation. En effet, le squelette que nous calculons est parfaitement homotope au vaisseau segmenté de départ. Mais lorsque la segmentation a coupé un vaisseau, on se retrouve avec deux lignes centrales distinctes. On peut imaginer un processus qui reconnecterait les lignes centrales déconnectées grâce à un calcul de distance entre les extrémités des deux lignes, et à une comparaison de leur direction respective.

Nous avons présenté, dans le chapitre des résultats, plusieurs méthode de visualisation et d'exploitation des résultats. Nous pouvons imaginer extraire d'autres paramètres à partir des lignes centrales et des rayons, comme par exemple des mesures de tortuosité ou de dimension fractale des vaisseaux, des distributions de diamètre et de longueurs suivant les couches corticales, etc...

Aspect applicatif

Du point de vue de notre application, un point très délicat est la validation des méthodes et des résultats. Par ailleurs, nous nous sommes efforcé de développer des outils génériques qui peuvent être appliqués à d'autres domaines.

Validation

La validation est un sujet très sensible en imagerie médicale. Nous avons validé nos méthodes sur des images synthétiques (cf chapitre Résultats), mais la validation sur des données en grandeur réelle est très délicate. D'un point de vue qualitatif, les images de régions plus ou moins denses autour du sillon correspondent aux observations effectuées par Duvernoy et al. sur les coupes. D'un point de vue quantitatif, cependant, nous ne connaissons aucune étude

comparable. Une possibilité serait de comparer les résultats obtenus avec nos méthodes avec des résultats obtenus avec d'autres modalités (comme par exemple, comparer les différentes densités vasculaires sur plusieurs zones du cortex).

Vers une imagerie in-vivo

Les techniques que nous employons pour imager le réseau micro-vasculaire cérébral sont très destructives. En effet, pour pouvoir être observé au microscope confocal, le cerveau est découpé en fines lamelles. Depuis peu, de nouvelles techniques d'imagerie confocale voient le jour, et permettent d'acquérir des images de micro-circulation *in vivo* [MLRK04, LGLG⁺04, SPL04]. Notre étude pourrait alors permettre de caractériser des phénomènes tumoraux comme par exemple l'angiogénèse. On peut aussi penser à plus long terme à la modélisation des phénomènes micro-circulatoires qui pourraient apparaître lors d'une sténose ou d'un shunt.

From nano to macro

Le protocole d'étude que nous avons développé permet d'explorer un vaste volume à très haute résolution. De manière général, le passage d'une échelle microscopique à une échelle macroscopique est primordial pour la compréhension des phénomènes macroscopiques. En effet, c'est en expliquant et quantifiant les phénomènes microscopiques que l'on peut maîtriser ce qui se passe à une échelle plus grossière. Par exemple, si l'on modélise correctement l'effet BOLD qui se produit lors d'une IRM, on peut expliquer certains comportements du signal grâce à l'étude du réseau micro-vasculaire. Ce passage d'une échelle à l'autre peut être appliqué sans trop de changement à nos méthodes dans tous les domaines où l'on peut construire des mosaïques d'images d'objets tubulaires. C'est le cas par exemple de l'étude des neurones, des racines de plantes... On peut aussi envisager des domaines a priori très éloigné de la biologie, comme par exemple l'étude de la porosité des matériaux, ou la cartographie de pipelines pétroliers.

□ “L’homme est un enfant né à minuit; quand il voit le soleil pour la première fois, il croît qu’hier n’a jamais existé.”
Proverbe chinois.

- [AM97] D Attali and A. Montanvert. Computing and simplifying 2D and 3D continuous skeletons. *Computer Vision and Image Understanding*, 67(3) :261–273, September 1997.
- [Ami02] Zuse Institute Berlin (ZIB) and Indeed - Visual Concepts, Berlin. *Amira 3.0 – Programmer’s Guide*, November 2002. <http://amira.zib.de>.
- [Ber95] G. Bertrand. On P-simple points : a solution for parallel thinning. In *dgc*, pages 233–242, 1995.
- [BGKW95] H. Brey, J. Gil, D. Kirkpatrick, and M. Werman. Linear time euclidean distance transform algorithms. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(5) :529–533, may 1995.
- [BGPA03] E. Bullit, G. Gerig, S.M. Pizer, and S.R. Alward. Measuring tortuosity of the intracerebral vasculature from MRA images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 22 :1163–1171, 2003.
- [BJM⁺04] E. Bullit, I. Jung, K. Muller, G. Gerig, S. Aylward, S. Joshi, K. Smith, W. Lin, and M. Ewend. Determining malignancy of brain tumors by analysis of vessel shape. In *Proceedings of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI 2004)*, pages 645–653. Springer, 2004.
- [Blu67] H. Blum. A transformation for extracting new descriptors of shape. *Models for Perception of Speech and Visual Form*, pages 362–380, 1967.

- [BM94] G. Bertrand and G. Malandain. A new characterization of three-dimensional simple points. *Pattern Recognition Letters*, 15(2) :169–175, February 1994.
- [BNSdB99] G. Borgefors, I. Nystrom, and G. Sanniti di Baja. Computing skeletons in three dimensions. *Pattern Recognition*, 32(7) :1225–1236, July 1999.
- [Bor84] G. Borgefors. Distance transformations in arbitrary dimensions. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 27 :321–345, February 1984.
- [Bor86] G. Borgefors. Distance transformations in digital images. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 34(3) :344–371, February 1986.
- [Bor96] G. Borgefors. On digital distance transforms in three dimensions. *Computer Vision and Image Understanding*, 64(3) :368–376, November 1996.
- [Bre65] J.E. Bresenham. Algorithm for computer control of a digital plotter. *IBM System Journal*, 4(1) :25–30, 1965.
- [Bro92] L.G. Brown. A survey of image registration techniques. *ACM Computing Survey*, 24(4) :325–376, December 1992.
- [CB95] D. Coquin and P. Bolon. Discrete distance operator on rectangular grids. *Pattern Recognition Letters*, 16 :911–923, 1995.
- [CC98] O. Craciunescu and S.T. Clegg. Towards the understanding of blood perfusion in tumor vascular networks using contrast enhanced MRI and invasion percolation. In *Advances in Heat and Mass Transfer in Biotechnology, HTD*, volume 362, pages 143–147, 1998.
- [CCR⁺99] J. Cai, J.C. Chu, D. Recine, M. Sharma, C. Nguyen, R. Rodebaugh, V.A. Saxena, and Ali A. CT and PET lung image registration and fusion in radiotherapy treatment planning using the chamfer-matching method. *Int J Radiat Oncol Biol Phys*, 43(4) :883–91, March 1999.
- [CDM99] O. Craciunescu, S.K. Das, and Dewhirst M.K. Three-dimensional microvascular networks fractal structure : A potential for tissue characterization ? In *Advances in Heat and Mass Transfer in Biotechnology, HTD*, volume 363, pages 9–13, 1999.
- [CH68] L. Calabi and W.E. Harnett. Shape recognition, prairie fires, convex deficiencies and skeletons. *American mathematical monthly*, 75 :335–342, 1968.

- [Coe02] D. Coeurjolly. *Algorithmique et géométrie discrète pour la caractérisation des courbes et des surfaces*. PhD thesis, Université Lumière Lyon 2, décembre 2002.
- [Cra45] E.H. Craigie. The architecture of the cerebral capillary bed. *Biology Reviews*, 20 :133–146, 1945.
- [Cui99] O. Cuisenaire. *Distance Transformations : Fast Algorithm and Applications to Medical Image Processing*. PhD thesis, Université catholique de Louvain, October 1999.
- [Dan80] P.E. Danielsson. Euclidean distance mapping. *Computer Graphics and Image Processing*, 14 :227–248, 1980.
- [DSV81] H.M. Duvernoy, S. Selon, and J.L. Vannson. Cortical blood vessels of the human brain. *Brain Research Bulletin*, 7(5) :519–579, November 1981.
- [Duv84] H.M. Duvernoy. La microarchitecture vasculaire du cortex cérébral. *Union Médicale du Canada*, 113(4) :267–270, avril 1984.
- [FL01] E. Farkas and P.G.M Luiten. Cerebral microvascular pathology in aging and Alzheimer’s disease. *Progress in Neurobiology*, 64 :571–611, 2001.
- [FM03a] C. Fouard and G. Malandain. Systematized calculation of optimal coefficients of 3-d chamfer norms. In Ingela Nyström, Gabriella Sanniti di Baja, and Stina Svensson, editors, *Proc. of DGCI’03*, 2886, pages 214–223, Napoly, Italy, November 2003. LNCS 2886.
- [FM03b] S. Fourey and R. Malgouyres. A concise characterization of 3d simple points. *Discrete Applied Mathematics*, 125(1) :59–80, 2003.
- [FM04] C. Fouard and G. Malandain. 3-D chamfer distances and norms in anisotropic grids. *Image and Vision Computing*, 2004. to appear.
- [FMP⁺04a] C. Fouard, G. Malandain, S. Prohaska, M. Westerhoff, F. Cassot, C. Mazel, D. Asselot, and J.P. Marc-Vergnes. Skeletonization by blocks for large datasets : application to brain microcirculation. In *International Symposium on Biomedical Imaging : From Nano to Macro (ISBI’04)*, Arlington, VA, USA, April 2004. IEEE.
- [FMP⁺04b] C. Fouard, G. Malandain, S. Prohaska, M. Westerhoff, F. Cassot, C. Mazel, D. Asselot, and J.P. Marc-Vergnes. Squelettisation par blocs pour des grands volumes de données 3D : application à la microcirculation cérébrale. In *Proc. of RFIA’04*, Toulouse, France, 2004.

- [GB90] W. Gong and G. Bertrand. A simple parallel 3D thinning algorithm. In *International Conference on Pattern Recognition*, pages 188–190, 1990.
- [GF00] J. Gomes and O. D. Faugeras. Level sets and distance functions. In *European Conference on Computer Vision (ECCV)*, pages 588–602, 2000.
- [GU96] G.J. Grevera and J.K. Udupa. Shape-based interpolation of multidimensional grey-level images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(6) :881–892, December 1996.
- [Hil69] C.J. Hilditch. *Machine Intelligence*, volume 4, chapter Linear skeletons from square cupboards, pages 403–420. Edinburgh University Press, 1969.
- [HM94] C.T. Huang and O.R. Mitchel. A euclidean distance transform using grayscale morphology decomposition. *IEEE transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 16(4) :443–448, April 1994.
- [HR02] D.J. Heetger and D. Ress. What does fMRI tell us about neuronal activity? *Nature Reviews Neuroscience*, 3 :142–151, February 2002.
- [HW79] G.H. Hardy and E.M. Wright. *An Introduction to the Theory of Numbers*. Clarendon Press, 5th edition, 1979.
- [HZB92] G.T. Herman, J. Zheng, and C.A. Bucholtz. Shape-based interpolation. *IEEE Computer Graphics & Applications*, pages 69–79, May 1992.
- [JGMG03] P.M. Jenneson, W.B. Gilboy, E.J. Morton, and P.J. Gregory. X-ray micro-tomography system optimised for the low-dose study of living organisms. *Applied Radiation and Isotopes*, 58 :177–181, 2003.
- [Jon00] P.P. Jonker. Morphological operations on 3D and 4D images : From shape primitive detection to skeletonization. In Gunilla Borgerfors, Ingela Nyström, and Gabriella Santini di Baja, editors, *Discrete Geometry for Computer Imagery (DGCI)*, volume 1953, pages 371–391. Springer, 2000.
- [KFPM04] P. Kolesik, C. Fouard, S. Prohaska, and A. McNeill. Automated method for non-destructive 3D visualisation of plant root architecture using X-ray tomography. In *4TH International Workshop on Functional-Structural Plant Models*, page 27, Montpellier, France, June 2004. UMR AMAP/CIRAD.
- [Kle01] D. Kleinfeld. Cortical blood flow through individual capillaries in rat vibrissa S1 cortex : Stimulus induced changes

- in flow are comparable to the underlying fluctuations in flow. In Tomita, editor, *Proceedings for Brain Activation and CBF Control*, June 2001.
- [Kle03] G. Klette. Simple points in 2D and 3D binary images. In N. Petkov and M.A. Westenberg, editors, *Computer Analysis of Images and Patterns*, LNCS 2756, pages 57–64. Springer-Verlag, 2003.
- [KR89] T.Y. Kong and A. Rosenfeld. Digital topology : Introduction and survey. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 48 :357–393, 1989.
- [LB02] C. Lohou and G. Bertrand. A new 3D 6-subiteration thinning algorithm based on p-simple points. In Achille J.-P. Braquelaire, Jacques-Olivier Lachaud, and Anne Vialard, editors, *Discrete Geometry for Computer Imagery (DGCI)*, volume 2301, pages 102–113. Springer, 2002.
- [LB04] C. Lohou and G. Bertrand. A 3-D 12-subiteration thinning algorithm based on p-simple points. *Discrete Applied Mathematics*, 139(1–3) :171–195, April 2004.
- [LGLG⁺04] E. Laemmel, M. Genet, G. Le Goualher, A. Perchant, J.F. Le Gargasson, and E. Vicaut. Fibered confocal fluorescence microscopy (cell-vizioTM) facilitates extended imaging in the field of microcirculation. *Journal of Vascular Research*, 41 :400–411, 2004.
- [LHH⁺93] S. Lai, A.L. Hopkins, E.M. Haacke, D. Li, B.A. Wasserman, P. Buckley, L. Friedman, H. Meltzer, P. Hedera, and R. Friedland. Identification of vascular structures as a major source of signal contrast in high resolution 2D and 3D functional activation imaging of the motor cortex at 1.5T : Preliminary results. *Magnetic Resonance in Medicine*, 30(3) :387–392, September 1993.
- [MBA93] G. Malandain, G. Bertrand, and N. Ayache. Topological segmentation of discrete surfaces. *International Journal of Computer Vision*, 10(2) :183–197, 1993.
- [MBLKF94] J.F. Mangin, I. Bloch, J. López-Krahe, and V. Frouin. Chamfer distances in anisotropic 3D images. In *VII European Signal Processing Conference*, pages 975–978, Edinburgh, UK, September 1994.
- [MF98] G. Malandain and S. Fernández-Vidal. Euclidean skeletons. *Image and Vision Computing*, 16(5) :317–327, April 1998.
- [Min88] Marvin Minsky. Memoir on inventing the confocal scanning microscope. *Scanning*, 10 :128–138, 1988.

- [MLRK04] C. MacAulay, P. Lane, and R. Richards-Kortum. In vivo pathology : microendoscopy as a new endoscopic imaging modality. *Gastrointest Endoscopy Clin N Am*, 10 :595–620, 2004.
- [Mon68] U. Montanari. A method for obtaining skeletons using a quasi-euclidean distance. *Journal of the Association for Computing Machinery*, 15 :600–624, 1968.
- [MV98] J.B.A. Maintzn and M.A. Viergever. A survey of medical image registration. *Medical Image Analysis*, 2(1) :1–36, March 1998.
- [MW00] C.M. Ma and S.Y. Wan. Parallel thinning algorithms on 3D (18, 6) binary images. *Computer Vision and Image Understanding*, 80 :364–378, 2000.
- [NCS03] NCSA. HDF5 - a new generation of HDF, 2003.
- [New04] I. Newton. *Optiks*, volume II. Dover Publications, 1704.
- [NGC92] C.W. Niblack, P.B. Gibbons, and D.W. Capson. Generating skeletons and centerlines from the distance transform. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 54(5) :420–437, September 1992.
- [Nyq28] H. Nyquist. Certain topics in telegraph transmission theory. *Transactions of the American Institute of Electrical Engineers*, 47 :617–644, 1928.
- [Pad02] S. Paddock. Confocal reflection microscopy : The "other" confocal mode. *BioImaging*, 32(2) :274–277, 2002.
- [PK99a] K. Palágyi and A. Kuba. Directional 3D thinning using 8 subiterations. In *Discrete Geometry for Computer Imagery (DGCI)*, volume 1568, pages 325–336. Springer, 1999.
- [PK99b] K. Palágyi and A. Kuba. A parallel 3D 12-subiteration thinning algorithm. *Graphical Models and Image Processing*, 61 :199–221, 1999.
- [Pri13] H. Prinz. The Spalteholz method of preparing transparent animal bodies. *Dent Cosmos*, 55(4) :374–378, April 1913.
- [PSA02] M. Pakura, O. Schmitt, and T. Aach. Segmentation and analysis of nerve fibers in histologic sections of the cerebral human cortex. In *Processing of the Fifth IEEE Southwest Symposium on Image Analysis and Interpretation (SSIAI'02)*, pages 62–66, Santa Fe (New Mexico), 2002.
- [PSBK01] K. Palágyi, E. Sorantin, E. Balogh, and A. Kuba. A sequential 3D thinning algorithm and its medical applications. In *Information Processing in Medical Imaging (IPMI 2001)*, volume 2082, pages 409–415. Springer-Verlag, june 2001.

- [Pud98] C.J. Pudney. Distance-ordered homotopic thinning : A skeletonization algorithm for 3D digital images. *Computer Vision and Image Understanding*, 72(3) :404–413, December 1998.
- [Rag93] I. Ragnemalm. The euclidean distance transform in arbitrary dimensions. *Pattern Recognition Letters*, 14(11) :883–888, November 1993.
- [RDLTRBSB98] F. Reina De La Torre, A. Rodriguez-Baeza, and J. Sahuquillo-Barris. Morphological characteristics and distribution pattern of the arterial vessels in human cerebral cortex : a scanning electron microscope study. *The Anatomical record*, 251(1) :87–96, May 1998.
- [Rem01] E. Remy. *Normes de chanfrein et axe médian dans le volume discret*. PhD thesis, Université de la Méditerranée, Marseille, France, December 2001.
- [Roc01] A. Roche. *Recalage d'images médicales par inférence statistique*. PhD thesis, Université de Nice-Sophia Antipolis, INIRA Sophia Antipolis, février 2001.
- [Ros75] A. Rosenfeld. A characterization of parallel thinning algorithms. *Information and control*, 29 :286–291, 1975.
- [RP66] A. Rosenfeld and J.L. Pfaltz. Sequential operations in digital picture processing. *Journal of the Association for Computing Machinery*, 13(4) :471–494, October 1966.
- [RT00] E. Remy and E. Thiel. Optimizing 3D chamfer masks with norm constraints. In *International Workshop on Combinatorial Image Analysis*, pages 39–56, July 2000.
- [SB04] I.M. Sintorn and G. Borgefors. Weighted distance transforms for volume images digitized in elongated voxel grids. *Pattern Recognition Letters*, 25(5) :571–580, 2004.
- [SC90] C.J.R Sheppard and C.J. Cogswell. *Confocal Microscopy*, chapter Three-dimensional Imaging in Confocal Microscopy, pages 143–169. Academic press, 1990.
- [SM92] F.Y Shih and O.R. Mitchell. A mathematical morphology approach to euclidean distance transformation. *IEEE Transactions on Image Processing*, 1(2) :197–204, April 1992.
- [SPL04] N. Savoie, A. Perchant, and F. Lacombe. Measuring blood cells velocity in microvessels from a single image : application to *in vivo* and *in situ* confocal microscopy. In *proceedings of IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, pages 456–459, 2004.

- [ST94] T. Saito and J.I. Toriwaki. New algorithms for euclidean distance transformation of an n -dimensional digitized picture with applications. *Pattern Recognition*, 27(11) :1551–1565, 1994.
- [ST95] T. Saito and J.i. Toriwaki. A sequential thinning algorithm for three dimensional digital pictures using the euclidean distance transformation. In *9th Scandinavian Conference on Image Analysis (SCIA '95)*, pages 507–516, Uppsala, Sweden, June 6–9 1995. IAPR.
- [TF81] Y.F. Tsao and K.S. Fu. A parallel thinning algorithm for 3-D pictures. *Computer Graphics and Image Processing*, 17 :315–331, 1981.
- [Thi94] E. Thiel. *Les distances de chanfrein en analyse d'images : fondements et applications*. PhD thesis, Université Joseph Fourier, Septembre 1994.
- [Thi01] E Thiel. Géométrie des distances de chanfrein. Habilitation à Diriger des Recherches, 2001.
- [Tie28] H. Tietze. Über konvexheit im kleinen und im grossen und über gewisse den punkten einer menge zugeordnete dimensionzahlen. *Math. Zeitschrift*, 28 :697–707, 1928.
- [TM00] A.W. Toga and J.C. Mazziotta, editors. *Brain Mapping : The Systems*. Academic Press, 2000.
- [Tur01] Robert Turner. How much cortex can a vein drain ? downstream dilution of activation-related cerebral blood oxygenation changes. *NeurImage*, 16 :1062–1067, October 2001.
- [Ver91a] B.J.H Verwer. *Distance transforms : metrics, algorithms and applications*. PhD thesis, Technische Universiteit, 1991.
- [Ver91b] B.J.H Verwer. Local distances for distance transformations in two and three dimensions. *Pattern Recognition Letters*, 12 :671–682, November 1991.
- [VSD97] A.M. Vossepoel, K. Shutte, and C.F.P Delanght. Memory efficient skeletonization of utility maps. In *Proceedings of 4th International Conference on Document Analysis and Recognition*, pages 797–800, Ulm (Germany), 1997.
- [WBGH] S. Wilhelm, B. Bröbler, M. Gluch, and H. Heinz. *Confocal Laser Scanning Microscopy*. Microscopy from Carl Zeiss.
- [Wil90] T. Wilson. *Confocal Microscopy*, chapter Optical Aspects of Confocal Microscopy, pages 93–141. Academic press, 1990.

- [Yam84] H. Yamada. Complete euclidean distance transformation by parallel operations. In *Proceedings of 7th International Conference on Pattern Recognition*, pages 69–71, Montreal, Canada, 1984.
- [Zha93] Z. Zhang. Le problème de la mise en correspondance : l'état de l'art. Rapport de recherche 2146, INRIA, décembre 1993.
- [ZKT98] Y. Zhou, A. Kaufman, and A. W. Toga. 3D skeleton and centerline generation based on an approximate minimum distance field. *International Journal of Visual Computer*, 14(7) :303–314, 1998.

ANNEXE A

Le phénomène de diffraction dans un appareil optique

Tous les instruments de mesure ne renvoient qu'une projection de la réalité sur leur espace de mesure. Certains phénomènes, inhérents à la nature ondulatoire de la lumière, accompagnent inmanquablement la formation d'une image dans un appareil optique, et a fortiori dans un microscope confocal. C'est le cas de la *diffraction* qui limite la résolution du microscope et "bruite" les images obtenues.

Nous allons ici rappeler les formules qui permettent de comprendre et quantifier le phénomène de diffraction dans un appareil optique muni de lentilles.

A.1 Retour aux sources : les équations de Maxwell

La lumière étant un cas particulier d'onde électromagnétique, nous commencerons ici par quelques rappels sur les ondes électromagnétiques.

On note \mathbf{E} un champ électrique qui dépend d'une position dans l'espace \mathbf{r} et du temps t . De même, on note \mathbf{B} un champ magnétique dépendant des mêmes variables. Un champ électromagnétique ($\mathbf{E}(\mathbf{r}, t), \mathbf{B}(\mathbf{r}, t)$) est provoqué par une distribution de charges en mouvements. On caractérise cette distribution par une densité de charges $\rho(\mathbf{r}, t)$ et une densité de flux $\mathbf{j}(\mathbf{r}, t)$. Pour un champ électromagnétique ($\mathbf{E}(\mathbf{r}, t), \mathbf{B}(\mathbf{r}, t)$), les équations de Maxwell s'écrivent de la manière suivante :

$$\begin{aligned}\vec{\nabla} \cdot \mathbf{B} &= 0 && \text{équation de Maxwell-flux magnétique} \\ \vec{\nabla} \wedge \mathbf{E} &= -\frac{\partial \mathbf{B}}{\partial t} && \text{équation de Maxwell-Faraday} \\ \vec{\nabla} \cdot \mathbf{E} &= \frac{\rho}{\epsilon_0} && \text{équation de Maxwell-Gauss} \\ \vec{\nabla} \wedge \mathbf{B} &= \mu_0(\mathbf{j} + \epsilon_0 \frac{\partial \mathbf{E}}{\partial t}) && \text{équation de Maxwell-Ampère}\end{aligned}$$

Un champ électromagnétique se propage. Les équations de Maxwell ci-dessus permettent de déterminer les équations de propagation des champs

électriques et magnétiques.

Propagation du champ électrique :

$$\begin{aligned}
\vec{\nabla} \wedge (\vec{\nabla} \wedge \mathbf{E}) &= -\vec{\nabla} \wedge \left(\frac{\partial \mathbf{B}}{\partial t} \right) = -\frac{\partial}{\partial t} (\vec{\nabla} \wedge \mathbf{B}) && \text{Maxwell-Faraday} \\
&= -\frac{\partial}{\partial t} (\mu_0 \mathbf{j} + \varepsilon_0 \mu_0 \frac{\partial \mathbf{E}}{\partial t}) && \text{Maxwell-Ampère} \\
&\quad \left\{ \vec{\nabla} \wedge (\vec{\nabla} \wedge \cdot) = \vec{\nabla} (\vec{\nabla} \cdot) - \Delta \right\} && \text{Green-Ostrogradsky} \\
&= \vec{\nabla} (\vec{\nabla} \cdot \mathbf{E}) - \Delta \mathbf{E} \\
&= \vec{\nabla} \left(\frac{\rho}{\varepsilon_0} \right) - \Delta \mathbf{E} && \text{Maxwell-Gauss} \\
-\frac{\partial}{\partial t} (\mu_0 \mathbf{j} + \frac{1}{c^2} \frac{\partial \mathbf{E}}{\partial t}) &= \vec{\nabla} \left(\frac{\rho}{\varepsilon_0} \right) - \Delta \mathbf{E} && \left\{ \varepsilon_0 \mu_0 = \frac{1}{c^2} \right\}
\end{aligned}$$

Équation de propagation du champ électrique :

$$\Delta \mathbf{E} - \frac{1}{c^2} \frac{\partial^2 \mathbf{E}}{\partial t^2} = \frac{1}{\varepsilon_0} \vec{\nabla} (\rho) + \mu_0 \frac{\partial \mathbf{j}}{\partial t}$$

Propagation du champ magnétique :

$$\begin{aligned}
\vec{\nabla} \wedge (\vec{\nabla} \wedge \mathbf{B}) &= \vec{\nabla} \wedge (\mu_0 \mathbf{j} + \varepsilon_0 \mu_0 \frac{\partial \mathbf{E}}{\partial t}) && \text{Maxwell-Ampère} \\
&= \mu_0 \vec{\nabla} \wedge \mathbf{j} + \varepsilon_0 \mu_0 \frac{\partial}{\partial t} (\vec{\nabla} \wedge \mathbf{E}) \\
&= \mu_0 \vec{\nabla} \wedge \mathbf{j} - \varepsilon_0 \mu_0 \frac{\partial^2 \mathbf{B}}{\partial t^2} && \text{Maxwell-Faraday} \\
&\quad \left\{ \vec{\nabla} \wedge (\vec{\nabla} \wedge \cdot) = \vec{\nabla} (\vec{\nabla} \cdot) - \Delta \right\} && \text{Green-Ostrogradsky} \\
&= \vec{\nabla} (\vec{\nabla} \cdot \mathbf{B} - \Delta \mathbf{B}) \\
&= -\Delta \mathbf{B} && \text{Maxwell-flux magnétique} \\
\mu_0 \vec{\nabla} \wedge \mathbf{j} - \frac{1}{c^2} \frac{\partial^2 \mathbf{B}}{\partial t^2} &= -\Delta \mathbf{B} && \left\{ \varepsilon_0 \mu_0 = \frac{1}{c^2} \right\}
\end{aligned}$$

Équation de propagation du flux magnétique :

$$\Delta \mathbf{B} - \frac{1}{c^2} \frac{\partial^2 \mathbf{B}}{\partial t^2} = -\mu_0 \vec{\nabla} \wedge \mathbf{j}$$

Dans tout ce qui suit, on considérera que la propagation du champ électromagnétique s'effectue dans le vide. C'est à dire qu'il n'y a pas de charges $\rho = 0$ ni de courant $\mathbf{j} = 0$. On obtient l'équation suivant pour la propagation d'un champ électromagnétique dans le vide :

$$\begin{cases} \Delta \mathbf{E} - \frac{1}{c^2} \frac{\partial^2 \mathbf{E}}{\partial t^2} = \mathbf{0} \\ \Delta \mathbf{B} - \frac{1}{c^2} \frac{\partial^2 \mathbf{B}}{\partial t^2} = \mathbf{0} \end{cases} \quad (\text{A.1})$$

Soit $f(\mathbf{E}, \mathbf{B})$, une onde vérifiant l'équation A.1, de manière générale, on peut écrire :

$$\Delta f - \frac{1}{c^2} \frac{\partial^2 f}{\partial t^2} = 0 \quad (\text{A.2})$$

La lumière fait intervenir deux solutions particulières des équations de Maxwell : les ondes planes et les ondes sphériques. On considère alors que les rayons lumineux se propagent de manière unidimensionnelle et l'on obtient ainsi deux solutions particulières des équations de Maxwell.

A.1.1 Onde plane

Si l'on considère que le champ se déplace de manière unidimensionnelle selon l'axe x , l'équation d'onde A.2 devient :

$$\frac{\partial^2 f}{\partial x^2} - \frac{1}{c^2} \frac{\partial^2 f}{\partial t^2} = 0 \quad (\text{A.3})$$

En effectuant le changement de variable $\begin{cases} u = x - ct \\ v = x + ct \end{cases}$, on obtient l'équation suivante :

$$\frac{\partial^2 f}{\partial u \partial v} = 0 \quad (\text{A.4})$$

La fonction $f : (u, v) \mapsto f(u, v) = f_1(u) + f_2(v)$ est une solution de l'équation A.4. Par conséquent, on obtient :

$$f(x, t) = f_1\left(t - \frac{x}{c}\right) + f_2\left(t + \frac{x}{c}\right)$$

Dans le cas d'une onde plane, le champ électromagnétique est la somme d'un champ qui ne dépend que de $u = x - ct$ et d'un champ qui ne dépend que de $v = x + ct$.

On considère la fonction $f_1(x, t) = f_1(x - ct)$. Si l'on examine f_1 à l'instant d'après, on obtient : $f_1(x, t) = f_1(x + dx, t + dt)$. D'où $f_1(x - ct) = f_1((x + dx) - c(t + dt))$ et donc $dx = c dt$. f_1 représente une grandeur qui se déplace sans déformation à la vitesse c dans le sens des x positifs.

Une onde plane est la superposition de deux ondes planes progressives se propageant à la même vitesse mais dans des directions opposées. Par la suite, on considérera un cas particulier d'onde plane : l'onde plane progressive et sinusoïdale. Le champ électromagnétique est alors une fonction sinusoïdale de la variable $x - ct$ ou $t - \frac{x}{c}$, et s'exprime sous la forme :

$$\begin{cases} E_x(\mathbf{r}, t) = 0 \\ E_y(\mathbf{r}, t) = E_0 \cos\left(\omega\left(t - \frac{x}{c}\right) + \Phi_{0y}\right) \\ E_z(\mathbf{r}, t) = E_0 \cos\left(\omega\left(t - \frac{x}{c}\right) + \Phi_{0z}\right) \end{cases}$$

$$\begin{cases} B_x(\mathbf{r}, t) = 0 \\ B_y(\mathbf{r}, t) = -\frac{1}{c} E_0 \cos\left(\omega\left(t - \frac{x}{c}\right) + \Phi_{0z}\right) \\ B_z(\mathbf{r}, t) = -\frac{1}{c} E_0 \cos\left(\omega\left(t - \frac{x}{c}\right) + \Phi_{0y}\right) \end{cases}$$

L'onde plane progressive sinusoïdale présente une périodicité temporelle ainsi qu'une périodicité spatiale.

	temporelle	spatiale
pulsation	ω	$k = \frac{\omega}{c}$
période	$T = \frac{2\pi}{\omega}$	$\lambda = \frac{2\pi}{k}$
fréquence	$\nu = \frac{1}{T} = \frac{\omega}{2\pi}$	$\sigma = \frac{1}{\lambda} = \frac{k}{2\pi}$

A.1.2 Onde sphérique

Une autre solution de l'équation d'ondes A.2 est l'onde sphérique. On considère la fonction suivante : $f = f(r, t)$ en coordonnées sphériques. L'équation d'onde prend alors la forme suivante :

$$\frac{\partial^2}{\partial r^2}(rf) - \frac{1}{c^2} \frac{\partial^2}{\partial t^2}(rf) = 0$$

Sans détailler ici les calculs, on a une solution de la forme suivante : $f(r, t) = \frac{1}{r}f_1(r - ct) + \frac{1}{r}f_2(r + ct)$ avec :

- $\frac{1}{r}f_1(r - ct)$: onde sphérique divergente à partir du point O.
- $\frac{1}{r}f_2(r + ct)$: onde sphérique convergente vers le point O.

A.2 Le phénomène d'interférence

A.2.1 Vibration lumineuse

Du fait de la linéarité des équations de Maxwell, en un point $M(\mathbf{r})$, le champ électromagnétique est à la somme des champs de chacune des ondes qui interfèrent en ce point. Le champ électromagnétique résultant est caractérisé par les 3 composantes vectorielles du champ électrique \mathbf{E} et du champ magnétique \mathbf{B} .

On se place dans le cadre de l'approximation scalaire, c'est-à-dire que l'on considère que le vecteur d'onde est peu incliné et que le problème est invariant par rotation. Ces 6 composantes sont alors proportionnelles à une grandeur scalaire appelée *vibration lumineuse*. La vibration lumineuse s'exprime de la manière suivante sous sa forme complexe :

$$\underline{h}(\mathbf{r}, t) = s_0 e^{-i\left(\frac{1}{n}\mathbf{r}\cdot\mathbf{k} + \Phi_S\right)} e^{i\omega t} \quad (\text{A.5})$$

où :

- ω : pulsation de l'onde lumineuse
- \mathbf{k} : vecteur d'onde
- n : indice du milieu de propagation
- Φ_S : Phase de la source lumineuse.

L'écriture complexe d'une onde f suppose que l'on travaille avec la partie réelle de l'onde : $f_0 \cos(\omega t + \Phi) = \text{Re}(f_0 \cdot e^{i\omega t + \Phi})$.

A.2.2 Relation avec l'intensité lumineuse

Les récepteurs (électroniques ou sensoriels) ne sont pas directement sensibles

à la vibration lumineuse, mais à une moyenne dans le temps de l'intensité lumineuse. En un point M , et pendant un temps de mesure τ , on a :

$$I(M) = \frac{1}{\tau} \int_t^{t+\tau} |h(\mathbf{r}, t) dt|^2 \quad (\text{A.6})$$

Pour une source ponctuelle monochromatique, on a $I(M) = \frac{1}{2} s_0^2$. d'après l'équation A.5

Pour 2 sources ponctuelles monochromatiques, on a :

$$I(M) = I_1(M) + I_2(M) + 2\sqrt{I_1 I_2} \frac{1}{\tau} \int_t^{t+\tau} e^{i((\omega_2 - \omega_1)t - (\Phi_2 - \Phi_1))} dt$$

Si les 2 sources sont incohérentes ($\omega_1 \neq \omega_2$) l'intégrale du terme oscillant s'annule et :

$$I(M) = I_1(M) + I_2(M)$$

Dans le cas où $\omega_1 = \omega_2$, on obtient des interférences au point M :

$$I(M) = I_1(M) + I_2(M) + 2\sqrt{I_1 I_2} \cos((\mathbf{k}_2 \cdot \mathbf{r}_2 - \mathbf{k}_1 \cdot \mathbf{r}_1) + \Phi_{S2} - \Phi_{S1})$$

A.3 Le phénomène de diffraction

La diffraction est un phénomène que l'on peut observer lorsque les ondes lumineuses rencontrent des obstacles (une pupille circulaire, par exemple) dont la taille est comparable à la longueur d'onde. La figure A.1 montre le phénomène de diffraction observé par Grimaldi en 1665.

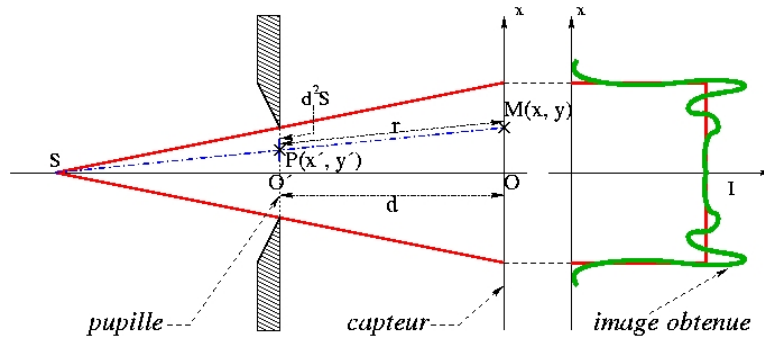


FIG. A.1 – Phénomène de diffraction observé par Grimaldi en 1665.

A.3.1 Principe d'Huygens-Fresnel

Deux ondes lumineuses ne peuvent interférer que si elles sont cohérentes. Le principe d'Huygens-Fresnel, illustré par la figure A.2, ramène le problème

Chaque point de la surface d'onde se comporte comme une source secondaire qui émet de la lumière sous forme d'onde sphériques dans un milieu homogène. La surface d'onde à l'instant $t' > t$ est l'enveloppe de ces ondes sphériques.

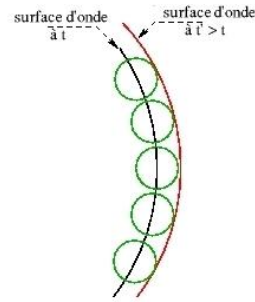


FIG. A.2 – Principe d'Huygens-Fresnel.

de la diffraction à un problème d'interférences.

Notons :

- $P(x', y')$ un point de la pupille diffractante
- $M(x, y)$ le point observé
- d^2S un élément de surface autour de P
- $\underline{S}_0(P)$ l'amplitude complexe de l'onde incidente au point P de la pupille.
- $t(P)$ la transmittance de la pupille au point P .

L'amplitude complexe de l'onde lumineuse diffractée dans la direction \mathbf{PM} s'écrit :

$$\underline{h}(M) = \iint_{P \in \text{Pupille}} t(P) \underline{S}_0(P) \frac{e^{-i\mathbf{k} \cdot \mathbf{PM}}}{PM} d^2S$$

On constate que l'onde considérée est sphérique (division par la longueur PM).

A.3.2 Diffraction à l'infini : approximation de Fraunhofer

L'approximation de Fraunhofer consiste à considérer la longueur PM comme très grande devant la largeur de la pupille ($PM \rightarrow \infty$). Ceci intervient dans le montage contenant 2 lentilles représenté figure A.3 (a) (ou par un montage équivalent A.3 (b)).

PM peut alors s'exprimer comme combinaison linéaire de ses coordonnées cartésiennes. En effet : $M \sim (x, y, d)$ et $P(x', y', 0)$. Notons $d = O'O \gg$

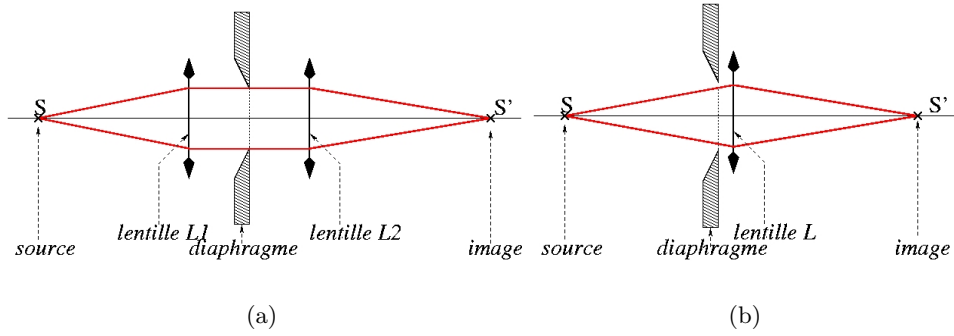


FIG. A.3 – Les deux montages (a) et (b) sont équivalents. On observe la diffraction à l’infini (approximation de Fraunhofer).

x, x', y, y' et $r_0 = O'M$ On a alors :

$$\begin{aligned}
 PM^2 &= (x - x')^2 + (y - y')^2 + d^2 \\
 PM &= d \left(1 + \frac{(x - x')^2}{d} + \frac{(y - y')^2}{d} \right)^{1/2} \\
 &\approx d \left(1 + \frac{(x - x')^2}{2d} + \frac{(y - y')^2}{2d} \right)^{1/2} \\
 &\sim d - \left(\frac{x}{d}x' + \frac{y}{d}y' \right) + \frac{x'^2 + y'^2}{2d} \\
 &\sim d - \left(\frac{x}{d}x' + \frac{y}{d}y' \right)
 \end{aligned}$$

L’amplitude complexe de l’onde plane diffractée au point M s’écrit :

$$\underline{h}(x, y) = \iint_{P \in \text{pupille}} \frac{1}{d} t(x', y') e^{i \frac{k}{d} (xx' + yy')} dx' dy' \quad (\text{A.7})$$

On constate que l’onde diffractée est aussi une onde plane.

A.4 Diffraction par une pupille circulaire

On se place dans le cas d’une lentille limitée par une pupille circulaire, d’indice de réfraction n , de rayon a et de distance focale f . L’indice de réfraction de la lentille agit sur le vecteur d’onde \mathbf{k} du rayon sortant : $\mathbf{k} = \frac{2\pi}{\lambda} n \mathbf{u}$ (avec $\mathbf{u} = \frac{\mathbf{k}}{\|\mathbf{k}\|}$).

La distance $d = \frac{na}{ON}$ correspond à la longueur d’un rayon partant du bord de la lentille jusqu’au plan focal (cf figure 2.8). La transmittance vaut :

$$t(x', y') = \begin{cases} \frac{1}{\pi} & \text{si } x'^2 + y'^2 \leq a^2 \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

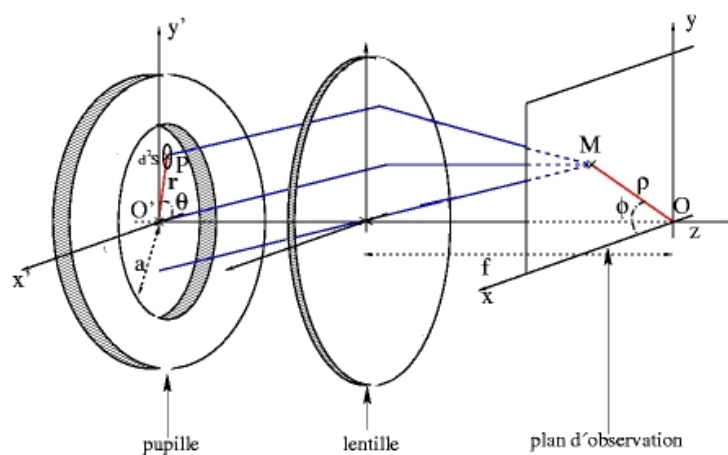


FIG. A.4 – Diffraction par une pupille circulaire

Si l'on intègre l'expression de l'équation A.7 sur une telle pupille (cf figure A.4), on obtient :

$$\underline{h}(x, y) = h_0 \iint_{P \in \text{pupille}} t(x', y') e^{i \frac{2\pi n}{\lambda d} \cdot (xx' + yy')} dx' dy'$$

En effectuant le changement de variables suivant (cf. figure A.4) :

$$\begin{cases} x = \rho \cos \phi \\ y = \rho \sin \phi \end{cases} \quad \text{et} \quad \begin{cases} x' = r \cos \theta \\ y' = r \sin \theta \end{cases}$$

on a :

$$t(r) = \frac{1}{\pi a^2} \begin{cases} 1 & \text{si } r \leq a \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

on obtient l'équation suivante :

$$\begin{aligned}
\underline{h}(\rho, \phi) &= \frac{1}{\pi a^2} \int_0^a \int_0^{2\pi} e^{i \frac{2\pi n}{\lambda d} \rho r (\cos \theta \cos \phi + \sin \theta \sin \phi)} r dr d\theta \\
&= \frac{1}{\pi a^2} \int_0^a \int_0^{2\pi} e^{i \frac{2\pi n}{\lambda d} \rho r \cos(\theta - \phi)} r dr d\theta \\
&= \frac{1}{a^2} \int_0^a 2 \frac{1}{\pi} \int_0^\pi e^{i \frac{2\pi n \rho}{\lambda d} r \cos(\theta - \phi)} d\theta r dr \\
&= \frac{1}{a^2} \int_0^a 2 J_0 \left(\frac{2\pi n \rho}{\lambda d} r \right) r dr \\
&= 2 \frac{1}{a^2} \int_0^a \left(\frac{\lambda d}{2\pi n \rho} \right)^2 J_0 \left(\frac{2\pi n \rho}{\lambda d} r \right) \frac{2\pi n \rho}{\lambda d} r \frac{2\pi n \rho}{\lambda d} dr \\
\left\{ \omega = \frac{2\pi n \rho}{\lambda d} r \right\} &= 2 \left(\frac{\lambda d}{2\pi n \rho a} \right)^2 \int_0^{\frac{2\pi n \rho a}{\lambda d}} J_0(\omega) \omega d\omega \\
\left\{ \beta = \frac{2\pi n \rho a}{\lambda d} \right\} &= 2 \frac{1}{\beta^2} \int_0^\beta J_0(\omega) \omega d\omega \\
&= 2 \frac{1}{\beta^2} \beta J_1(\beta)
\end{aligned}$$

$$\underline{h}(\beta) = \frac{2J_1(\beta)}{\beta} \quad (\text{A.8})$$

Cette fonction \underline{h} représente la répartition de la lumière d'une source ponctuelle diffractée par une pupille. On l'appelle réponse impulsionnelle ou **PSF** (pour *Point Spread Function* en anglais).

L'intensité de cette fonction s'exprime à l'aide de l'équation A.6 sous la forme :

$$I(\beta) = \underline{h}(\beta) \cdot \underline{h}^*(\beta) = |\underline{h}(\beta)|^2$$

et donc

$$I(\beta) = \left(\frac{2J_1(\beta)}{\beta} \right)^2 \quad \text{avec} \quad \beta = \frac{2\pi}{\lambda} \frac{na}{d} \rho = \frac{2\pi}{\lambda} ON \rho \quad (\text{A.9})$$

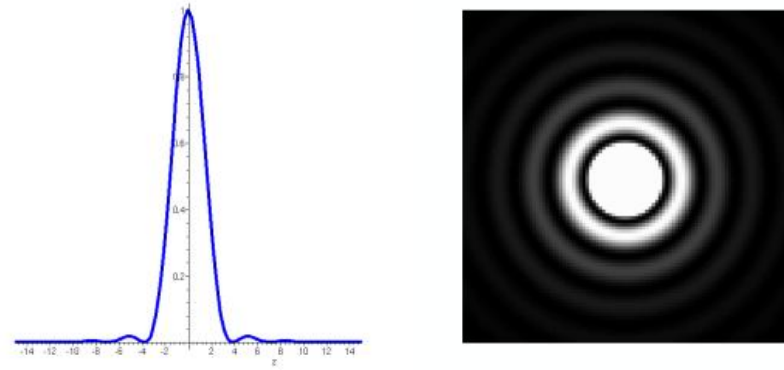
avec J_1 la fonction de Bessel du premier ordre, ρ la distance du point considéré par rapport à l'origine. La figure A.5 représente une simulation l'intensité obtenue par l'équation A.9, le long de l'axe Ox (figure A.5 (a)) et sur l'écran (figure A.5 (b)).

On peut noter que la fonction $I(\beta)$ s'annule pour la première fois pour

$$\beta \simeq 1.22\pi$$

Cette abscisse correspond au rayon du disque central. En effet, soit ρ_{Airy} le rayon du disque central, on a :

$$1.22\pi \simeq \frac{2\pi}{\lambda} ON \rho_{Airy}$$



(a) Intensité suivant l'axe Ox

(b) Intensité sur l'écran d'observa-

FIG. A.5 – Figure de diffraction d'Airy.

c'est-à-dire :

$$\rho_{Airy} \simeq 0.61 \frac{\lambda}{ON} \quad (\text{A.10})$$

ANNEXE B

Feuille Maple : Expression analytique de l'erreur relative commise par le calcul d'une norme de chanfrein en dimension 3 pour une image Anisotrope en X, Y et Z

On choisit de calculer l'erreur relative successivement sur les plans $x = M$, $y = M$ et $z = M$ (équivalent à une erreur relative sur le cercle unité)

B.1 Projection sur le plan $x = M$

```
> restart;  
> assume(alpha > 0, beta > 0, gamma > 0,  
> epsilon > 0, dx > 0, dy > 0, dz > 0);
```

On calcul les distances de chanfrein dans un cône discret régulier. α , β et γ tiennent compte de l'anisotropie de l'image.

```
> dCg := (x, y, z) -> alpha * x + beta * y +  
> gamma * z;  
> dC := (y, z) -> subs(x = 1, dCg(x, y, z));  
> dC(y, z);
```

$$dCg := (x, y, z) \rightarrow \alpha x + \beta y + \gamma z$$

$$\alpha + \beta y + \gamma z$$

Distance euclidienne des points de ce plan par rapport à l'origine

```
> dEg := (x, y, z) -> sqrt((dx*x)^2 + (dy*y)^2  
> + (dz*z)^2);  
> dE := (y, z) -> subs(x = 1, dEg(x, y, z));  
> dE(y, z);
```

$$dEg := (x, y, z) \rightarrow \sqrt{dx^2 x^2 + dy^2 y^2 + dz^2 z^2}$$

$$\sqrt{dx^2 + dy^2 y^2 + dz^2 z^2}$$

Erreur relative commise sur ce plan

```
> F := (y, z) -> (1/epsilon)*dC(y, z) / dE(y,
> z) - 1;
> F(y, z);
```

$$F := (y, z) \rightarrow \frac{dC(y, z)}{\epsilon dE(y, z)} - 1$$

$$\frac{\alpha + \beta y + \gamma z}{\epsilon \sqrt{dx^2 + dy^2 y^2 + dz^2 z^2}} - 1$$

B.1.1 Cas où l'erreur est maximale au centre du triangle

Expression des dérivées de l'erreur :

```
> Fy := (y, z) -> diff(F(y,z), y): Fy(y, z);
> Fz := (y, z) -> diff(F(y,z), z): Fz(y, z);
```

$$\frac{\beta}{\epsilon \sqrt{dx^2 + dy^2 y^2 + dz^2 z^2}} - \frac{(\alpha + \beta y + \gamma z) dy^2 y}{\epsilon (dx^2 + dy^2 y^2 + dz^2 z^2)^{(3/2)}}$$

$$\frac{\gamma}{\epsilon \sqrt{dx^2 + dy^2 y^2 + dz^2 z^2}} - \frac{(\alpha + \beta y + \gamma z) dz^2 z}{\epsilon (dx^2 + dy^2 y^2 + dz^2 z^2)^{(3/2)}}$$

Coordonnées du point où l'erreur est maximale :

```
> solve({Fy(y, z) = 0, Fz(y, z) = 0}, {y,
> z});
> yMax := beta*dx^2/(alpha*dy^2); zMax := gamma*dx^2/(alpha*dz^2);
```

$$\left\{ z = \frac{\gamma dx^2}{dz^2 \alpha}, y = \frac{\beta dx^2}{\alpha dy^2} \right\}$$

$$yMax := \frac{\beta dx^2}{\alpha dy^2}$$

$$zMax := \frac{\gamma dx^2}{dz^2 \alpha}$$

Valeur extrême de l'erreur en ce point :

```
> subs(y=yMax, z=zMax, F(y,z));
```


$$\frac{\alpha + \frac{\beta^2 dx^2}{\alpha dy^2} + \frac{\gamma^2 dx^2}{dz^2 \alpha}}{\varepsilon \sqrt{dx^2 + \frac{\beta^2 dx^4}{dy^2 \alpha^2} + \frac{\gamma^2 dx^4}{dz^2 \alpha^2}}} - 1$$

B.1.2 Cas où l'erreur est la plus grande sur les axes.

> F(y, z);

$$\frac{\alpha + \beta y + \gamma z}{\varepsilon \sqrt{dx^2 + dy^2 y^2 + dz^2 z^2}} - 1$$

On a $y = ay_i + (1 - a)y_j = (y_i - y_j)a + y_j = Ya + y_j$
 $z = az_i + (1 - a)z_j = (z_i - z_j)a + z_j = Za + z_j$

> FAxe := subs(y = a*Y + yj,

> z = a*Z + zj,

> F(y,z));

$$FAxe := \frac{\alpha + \beta(aY + yj) + \gamma(aZ + zj)}{\varepsilon \sqrt{dx^2 + dy^2(aY + yj)^2 + dz^2(aZ + zj)^2}} - 1$$

> FAxePrime := diff(FAxe, a);

$$FAxePrime := \frac{\beta Y + \gamma Z}{\varepsilon \sqrt{dx^2 + dy^2(aY + yj)^2 + dz^2(aZ + zj)^2}} - \frac{1}{2} \frac{(\alpha + \beta(aY + yj) + \gamma(aZ + zj))(2dy^2(aY + yj)Y + 2dz^2(aZ + zj)Z)}{\varepsilon(dx^2 + dy^2(aY + yj)^2 + dz^2(aZ + zj)^2)^{3/2}}$$

Coordonnées du point où l'erreur est extrémale :

> aMax := solve(FAxePrime = 0, a);

> collect(aMax, dy^2):

> collect(%, dz^2):

> collect(%, dx^2):

> aMax := %;

$$aMax := (-\beta yj dz^2 Z zj - \gamma zj dy^2 Y yj - \alpha dy^2 Y yj - \alpha dz^2 Z zj + \beta Y dz^2 zj^2 + \gamma Z dy^2 yj^2 + \gamma Z dx^2 + \beta Y dx^2) / (-\beta Y dz^2 Z zj + \beta yj dz^2 Z^2 - \gamma Z dy^2 Y yj + \gamma zj dy^2 Y^2 + \alpha dy^2 Y^2 + \alpha dz^2 Z^2)$$

$$aMax := \frac{(\beta Y + \gamma Z) dx^2}{(-\beta Y Z zj + \beta yj Z^2 + \alpha Z^2) dz^2 + (-\gamma Z Y yj + \gamma zj Y^2 + \alpha Y^2) dy^2} + \frac{(-\alpha Z zj + \beta Y zj^2 - \beta yj Z zj) dz^2 + (-\gamma zj Y yj + \gamma Z yj^2 - \alpha Y yj) dy^2}{(-\beta Y Z zj + \beta yj Z^2 + \alpha Z^2) dz^2 + (-\gamma Z Y yj + \gamma zj Y^2 + \alpha Y^2) dy^2}$$

Valeur de l'erreur en ce point :

> subs(a = aMax, FAxe);

$$\varepsilon \sqrt{\frac{\alpha + \beta (\%2 Y + yj) + \gamma (\%2 Z + zj)}{dx^2 + dy^2 (\%2 Y + yj)^2 + dz^2 (\%2 Z + zj)^2} - 1}$$

$$\%1 := (-\beta Y Z zj + \beta yj Z^2 + \alpha Z^2) dz^2 + (-\gamma Z Y yj + \gamma zj Y^2 + \alpha Y^2) dy^2$$

$$\%2 := \frac{(\beta Y + \gamma Z) dx^2}{\%1}$$

$$+ \frac{(-\alpha Z zj + \beta Y zj^2 - \beta yj Z zj) dz^2 + (-\gamma zj Y yj + \gamma Z yj^2 - \alpha Y yj) dy^2}{\%1}$$

B.2 Projection sur le plan $y = M$

> restart;
 > assume(alpha > 0, beta > 0, gamma > 0,
 > epsilon > 0, dx > 0, dy > 0, dz > 0);

On calcule les distances de chanfrein dans un cône discret régulier. α , β et γ tiennent compte de l'anisotropie de l'image.

> dCg := (x, y, z) -> alpha * x + beta * y +
 > gamma * z;
 > dC := (x, z) -> subs(y = 1, dCg(x, y, z));
 > dC(x, z);

$$dCg := (x, y, z) \rightarrow \alpha x + \beta y + \gamma z$$

$$\alpha x + \beta y + \gamma z$$

Distance euclidienne des points de ce plan par rapport à l'origine

> dEg := (x, y, z) -> sqrt((dx*x)^2 + (dy*y)^2
 > + (dz*z)^2);
 > dE := (x, z) -> subs(y = 1, dEg(x, y, z));
 > dE(x, z);

$$dEg := (x, y, z) \rightarrow \sqrt{dx^2 x^2 + dy^2 y^2 + dz^2 z^2}$$

$$\sqrt{dx^2 x^2 + dy^2 + dz^2 z^2}$$

Erreur relative commise sur ce plan

```
> F := (x, z) -> (1/epsilon)*dC(x, z) / dE(x,
> z) - 1;
> F(x, z);
```

$$F := (x, z) \rightarrow \frac{dC(x, z)}{\epsilon dE(x, z)} - 1$$

$$\frac{\alpha x + \beta + \gamma z}{\epsilon \sqrt{dx^2 x^2 + dy^2 + dz^2 z^2}} - 1$$

B.2.1 Cas où l'erreur est maximale au centre du triangle

Expression des dérivées de l'erreur :

```
> Fx := (x, z) -> diff(F(x,z), x): Fx(x, z);
> Fz := (x, z) -> diff(F(x,z), z): Fz(x, z);
```

$$\frac{\alpha}{\epsilon \sqrt{dx^2 x^2 + dy^2 + dz^2 z^2}} - \frac{(\alpha x + \beta + \gamma z) dx^2 x}{\epsilon (dx^2 x^2 + dy^2 + dz^2 z^2)^{(3/2)}}$$

$$\frac{\gamma}{\epsilon \sqrt{dx^2 x^2 + dy^2 + dz^2 z^2}} - \frac{(\alpha x + \beta + \gamma z) dz^2 z}{\epsilon (dx^2 x^2 + dy^2 + dz^2 z^2)^{(3/2)}}$$

Coordonnées du point où l'erreur est maximale :

```
> solve({Fx(x, z) = 0, Fz(x, z) = 0}, {x,
> z});
> xMax := (alpha*dy^2)/(beta*dx^2); zMax := gamma*dy^2/(beta*dz^2);
```

$$\left\{ z = \frac{\gamma dy^2}{dz^2 \beta}, x = \frac{\alpha dy^2}{\beta dx^2} \right\}$$

$$xMax := \frac{\alpha dy^2}{\beta dx^2}$$

$$zMax := \frac{\gamma dy^2}{dz^2 \beta}$$

Valeur extrême de l'erreur en ce point :

```
> subs(x=xMax, z=zMax, F(x,z));
> factor(%);
```

$$\frac{\frac{\alpha^2 dy^2}{\beta dx^2} + \beta + \frac{\gamma^2 dy^2}{dz^2 \beta}}{\varepsilon \sqrt{\frac{\alpha^2 dy^4}{dx^2 \beta^2} + dy^2 + \frac{\gamma^2 dy^4}{dz^2 \beta^2}}} - 1$$

$$\frac{\alpha^2 dy^2 dz^2 + dx^2 dz^2 \beta^2 + dx^2 \gamma^2 dy^2 - \varepsilon dx dz dy \sqrt{\alpha^2 dy^2 dz^2 + dx^2 dz^2 \beta^2 + dx^2 \gamma^2 dy^2}}{dx dz \varepsilon dy \sqrt{\alpha^2 dy^2 dz^2 + dx^2 dz^2 \beta^2 + dx^2 \gamma^2 dy^2}}$$

B.2.2 Cas où l'erreur est la plus grande sur les axes.

> F(x, z);

$$\frac{\alpha x + \beta + \gamma z}{\varepsilon \sqrt{dx^2 x^2 + dy^2 + dz^2 z^2}} - 1$$

On a $x = ax_i + (1 - a)x_j = (x_i - x_j)a + x_j = Xa + x_j$
 $z = az_i + (1 - a)z_j = (z_i - z_j)a + z_j = Za + z_j$:

> FAxe := subs(x = a*X + xj,
 > z = a*Z + zj,
 > F(x,z));

$$FAxe := \frac{\alpha(aX + xj) + \beta + \gamma(aZ + zj)}{\varepsilon \sqrt{dx^2(aX + xj)^2 + dy^2 + dz^2(aZ + zj)^2}} - 1$$

> FAxePrime := diff(FAxe, a);

$$FAxePrime := \frac{\alpha X + \gamma Z}{\varepsilon \sqrt{dx^2(aX + xj)^2 + dy^2 + dz^2(aZ + zj)^2}} - \frac{1}{2} \frac{(\alpha(aX + xj) + \beta + \gamma(aZ + zj))(2dx^2(aX + xj)X + 2dz^2(aZ + zj)Z)}{\varepsilon(dx^2(aX + xj)^2 + dy^2 + dz^2(aZ + zj)^2)^{3/2}}$$

Coordonnées du point où se trouve l'erreur maximale :

> aMax := solve(FAxePrime = 0, a);
 > collect(aMax, dy^2):
 > collect(%, dz^2):
 > collect(%, dx^2):
 > aMax := %;

$$aMax := -(\alpha X dy^2 - \alpha xj dz^2 Z zj - \gamma zj dx^2 X xj - \beta dx^2 X xj - \beta dz^2 Z zj + \alpha X dz^2 zj^2 + \gamma Z dx^2 xj^2 + \gamma Z dy^2) / (\alpha X dz^2 Z zj - \alpha xj dz^2 Z^2 + \gamma Z dx^2 X xj - \gamma zj dx^2 X^2 - \beta dx^2 X^2 - \beta dz^2 Z^2)$$

$$aMax := -\frac{(\alpha X + \gamma Z) dy^2}{\alpha X dz^2 Z zj - \alpha xj dz^2 Z^2 + \gamma Z dx^2 X xj - \gamma zj dx^2 X^2 - \beta dx^2 X^2 - \beta dz^2 Z^2} - \frac{-\beta dz^2 Z zj - \alpha xj dz^2 Z zj - \gamma zj dx^2 X xj - \beta dx^2 X xj + \alpha X dz^2 zj^2 + \gamma Z dx^2 xj^2}{\alpha X dz^2 Z zj - \alpha xj dz^2 Z^2 + \gamma Z dx^2 X xj - \gamma zj dx^2 X^2 - \beta dx^2 X^2 - \beta dz^2 Z^2}$$

Valeur de l'erreur en ce point :

> subs(a = aMax, FAxe);

$$\varepsilon \sqrt{\frac{\alpha (\%2 X + xj) + \beta + \gamma (\%2 Z + zj)}{dx^2 (\%2 X + xj)^2 + dy^2 + dz^2 (\%2 Z + zj)^2} - 1}$$

$$\%1 := \alpha X dz^2 Z zj - \alpha xj dz^2 Z^2 + \gamma Z dx^2 X xj - \gamma zj dx^2 X^2 - \beta dx^2 X^2 - \beta dz^2 Z^2$$

$$\%2 := -\frac{(\alpha X + \gamma Z) dy^2}{\%1}$$

$$-\frac{-\beta dz^2 Z zj - \alpha xj dz^2 Z zj - \gamma zj dx^2 X xj - \beta dx^2 X xj + \alpha X dz^2 zj^2 + \gamma Z dx^2 xj^2}{\%1}$$

B.3 Projection sur le plan $z = M$

> restart;

> assume(alpha > 0, beta > 0, gamma > 0,
> epsilon > 0, dx > 0, dy > 0, dz > 0);

On calcule les distances de chanfrein dans un cône discret régulier. α , β et γ tiennent compte de l'anisotropie de l'image.

> dCg := (x, y, z) -> alpha * x + beta * y +
> gamma * z;
> dC := (x, y) -> subs(z = 1, dCg(x, y, z));
> dC(x, y);

$$dCg := (x, y, z) \rightarrow \alpha x + \beta y + \gamma z$$

$$\alpha x + \beta y + \gamma$$

Distance euclidienne des points de ce plan par rapport à l'origine

182 ANNEXE B. COEFFICIENT DE CHANFREIN : FEUILLE DE CALCUL MAPLE

```
> dEg := (x, y, z) -> sqrt(x^2 + (dy*y)^2 +
> (dz*z)^2);
> dE := (x, y) -> subs(z = 1, dEg(x, y, z));
> dE(x, y);
```

$$dEg := (x, y, z) \rightarrow \sqrt{x^2 + dy^2 y^2 + dz^2 z^2}$$

$$\sqrt{x^2 + dy^2 y^2 + dz^2}$$

Erreur relative commise sur ce plan

```
> F := (x, y) -> (1/epsilon)*dC(x, y) / dE(x,
> y) - 1;
> F(x, y);
```

$$F := (x, y) \rightarrow \frac{dC(x, y)}{\varepsilon dE(x, y)} - 1$$

$$\frac{\alpha x + \beta y + \gamma}{\varepsilon \sqrt{x^2 + dy^2 y^2 + dz^2}} - 1$$

B.3.1 Cas où l'erreur est maximale au centre du triangle

Dérivées de la fonction d'erreur :

```
> Fx := (x, y) -> diff(F(x,y), x): Fx(x, y);
> Fy := (x, y) -> diff(F(x,y), y): Fy(x, y);
```

$$\frac{\alpha}{\varepsilon \sqrt{x^2 + dy^2 y^2 + dz^2}} - \frac{(\alpha x + \beta y + \gamma) x}{\varepsilon (x^2 + dy^2 y^2 + dz^2)^{(3/2)}}$$

$$\frac{\beta}{\varepsilon \sqrt{x^2 + dy^2 y^2 + dz^2}} - \frac{(\alpha x + \beta y + \gamma) dy^2 y}{\varepsilon (x^2 + dy^2 y^2 + dz^2)^{(3/2)}}$$

Coordonnées du point où l'erreur est extrémale :

```
> solve({Fx(x, y) = 0, Fy(x, y) = 0}, {x,
> y});
> xMax := (alpha*dz^2)/(gamma); yMax := beta*dz^2/(gamma*dy^2);
```

$$\left\{ x = \frac{\alpha dz^2}{\gamma}, y = \frac{\beta dz^2}{\gamma dy^2} \right\}$$

$$xMax := \frac{\alpha dz^2}{\gamma}$$

$$yMax := \frac{\beta dz^2}{\gamma dy^2}$$

Valeur de la fonction d'erreur en ce point :

```
> subs(x=xMax, y=yMax, F(x,y));
> simplify(%);
```

$$\frac{\frac{\alpha^2 dz^2}{\gamma} + \frac{\beta^2 dz^2}{\gamma dy^2} + \gamma}{\varepsilon \sqrt{\frac{\alpha^2 dz^4}{\gamma^2} + \frac{\beta^2 dz^4}{dy^2 \gamma^2} + dz^2}} - 1$$

$$-\frac{dy^2 \alpha^2 dz^2 - \beta^2 dz^2 - dy^2 \gamma^2 + \varepsilon dy dz \sqrt{dy^2 \alpha^2 dz^2 + \beta^2 dz^2 + dy^2 \gamma^2}}{dy \varepsilon dz \sqrt{dy^2 \alpha^2 dz^2 + \beta^2 dz^2 + dy^2 \gamma^2}}$$

B.3.2 Cas où l'erreur est la plus grande sur les axes.

```
> F(x, y);
```

$$\frac{\alpha x + \beta y + \gamma}{\varepsilon \sqrt{x^2 + dy^2 y^2 + dz^2}} - 1$$

On a $y = ay_i + (1 - a)y_j = (y_i - y_j)a + y_j = Ya + y_j$
 $z = az_i + (1 - a)z_j = (z_i - z_j)a + z_j = Za + z_j$

```
> FAxe := subs(x = a*x + xj,
> y = a*y + yj,
> F(x,y));
```

$$FAxe := \frac{\alpha (ax + xj) + \beta (ay + yj) + \gamma}{\varepsilon \sqrt{(ax + xj)^2 + dy^2 (ay + yj)^2 + dz^2}} - 1$$

```
> FAxePrime := diff(FAxe, a);
```

$$FAxePrime := \frac{\alpha x + \beta y}{\varepsilon \sqrt{(ax + xj)^2 + dy^2 (ay + yj)^2 + dz^2}} - \frac{1}{2} \frac{(\alpha (ax + xj) + \beta (ay + yj) + \gamma) (2 (ax + xj) x + 2 dy^2 (ay + yj) y)}{\varepsilon ((ax + xj)^2 + dy^2 (ay + yj)^2 + dz^2)^{3/2}}$$

Coordonnée du point où l'erreur est extrême :

```
> aMax := solve(FAxePrime = 0, a);
> collect(aMax, dy^2):
> collect(%, dz^2):
> collect(%, dx^2):
> aMax := %;
```

$$aMax := \frac{-\gamma x xj + \alpha x dy^2 yj^2 + \alpha x dz^2 + \beta y xj^2 + \beta y dz^2 - \alpha xj dy^2 y yj - \beta yj x xj - \gamma dy^2 y yj}{\gamma x^2 - \alpha x dy^2 y yj + \alpha xj dy^2 y^2 - \beta y x xj + \beta yj x^2 + \gamma dy^2 y^2}$$

$$aMax := \frac{(\alpha x + \beta y) dz^2}{(-\alpha x y yj + \alpha xj y^2 + \gamma y^2) dy^2 + \gamma x^2 - \beta y x xj + \beta yj x^2} + \frac{(\alpha x yj^2 - \alpha xj y yj - \gamma y yj) dy^2 - \gamma x xj + \beta y xj^2 - \beta yj x xj}{(-\alpha x y yj + \alpha xj y^2 + \gamma y^2) dy^2 + \gamma x^2 - \beta y x xj + \beta yj x^2}$$

> subs(a = aMax, FAxe);

$$\frac{\alpha (\%2 x + xj) + \beta (\%2 y + yj) + \gamma}{\varepsilon \sqrt{(\%2 x + xj)^2 + dy^2 (\%2 y + yj)^2 + dz^2}} - 1$$

$$\%1 := (-\alpha x y yj + \alpha xj y^2 + \gamma y^2) dy^2 + \gamma x^2 - \beta y x xj + \beta yj x^2$$

$$\%2 := \frac{(\alpha x + \beta y) dz^2}{\%1} + \frac{(\alpha x yj^2 - \alpha xj y yj - \gamma y yj) dy^2 - \gamma x xj + \beta y xj^2 - \beta yj x xj}{\%1}$$