THÈSE

Pour l'obtention du grade de
DOCTEUR DE L'UNIVERSITÉ DE POITIERS
UFR des sciences fondamentales et appliquées
XLIM
(Diplôme National - Arrêté du 25 mai 2016)

École doctorale : Mathématiques, informatique, matériaux, mécanique, énergétique, Poitiers
Secteur de recherche : Informatique et applications

Présentée par :
Sylvain Gerbaud

Reconstructions 3D tissulaires basées sur le métabolisme sous-jacent exploré en spectroscopie par résonance magnétique multi-noyaux

Directeur(s) de Thèse :
Philippe Meseure, Sébastien Horna

Soutenue le 22 novembre 2023 devant le jury

Jury :

Président	**Géraldine Morin**	Professeure, IRIT, ENSHEIT, Toulouse
Rapporteur	**Guillaume Diamand**	Directeur de recherche CNRS, LIRIS, Université de Lyon
Rapporteur	**Jean-Luc Mari**	Professeur, LIS, Université d'Aix-Marseille
Membre	**Caroline Essert**	Professeure, iCUBE, Université de Strasbourg
Membre	**Carole Guillevin**	Ingénieure de recherche, I3M, CHU de Poitiers
Membre	**Rita Zrour**	Maîtresse de conférences, XLIM, Université de Poitiers

Pour citer cette thèse :
Sylvain Gerbaud. *Reconstructions 3D tissulaires basées sur le métabolisme sous-jacent exploré en spectroscopie par résonance magnétique multi-noyaux* [En ligne]. Thèse Informatique et applications. Poitiers : Université de Poitiers, 2023. Disponible sur Internet <http://theses.univ-poitiers.fr>

THÈSE

pour l'obtention du Grade de
DOCTEUR DE L'UNIVERSITÉ DE POITIERS

(Faculté des Sciences Fondamentales et Appliquées)
(Diplôme National - Arrêté du 25 mai 2016)

École Doctorale : **Mathématiques, Informatique, Matériaux, Mécanique, Energétique**
Secteur de Recherche : **Informatique Graphique**

Présentée par :
Sylvain GERBAUD

****

Reconstructions 3D tissulaires basées sur le métabolisme sous-jacent exploré en spectroscopie par résonance magnétique multi-noyaux

****

Directeur de Thèse :
Philippe MESEURE

****

Soutenue le 22/11/2023 devant la Commission d'Examen

****

Guillaume Damiand, Directeur de Recherche, Université de Lyon, LIRIS .....Rapporteur
Jean-Luc Mari, Professeur, Aix-Marseille Université, LIS .....Rapporteur
Caroline Essert, Professeure, Université de Strasbourg, ICube ..... Examinatrice
Carole Guillevin, Ingénieure de Recherche, Université de Poitiers, CHU ..... Examinatrice
Géraldine Morin, Professeure, Université de Toulouse, IRIT ..... Examinatrice
Philippe Meseure, Professeur, Université de Poitiers, XLIM .....Directeur de Thèse
Sébastien Horna, Maître de Conférences, Université de Poitiers, XLIM Co-encadrant de Thèse
Rita Zrour, Maître de Conférences, Université de Poitiers, XLIM .... Co-encadrante de Thèse

FINANCEMENT

Ma thèse a été co-financée par le laboratoire commun I3M, soutenu par le groupe industriel Siemens Healthineers et le CHU de Poitiers, ainsi que par la région Nouvelle-Aquitaine, lors de l'appel à projet ESR2020, projet MEDIA IRM 3D (AAPR2020-2020-8591010), et de numéro de contrat AAPR2020A-2020-8595610.

Je tenais donc, au sein de cette page, à remercier l'ensemble des financeurs de cette thèse.









RÉGION
Nouvelle-
Aquitaine

REMERCIEMENTS

L'avantage de rédiger les remerciements, contrairement à les dire à l'oral comme lors de la soutenance, c'est que personne ne pourra voir les émotions prendre le dessus pendant que j'essaye de les formuler. J'ai reçu pendant ces trois années le soutien et l'aide de très nombreuses personnes, c'est pourquoi je remercie par avance ceux dont le nom n'apparaît pas dans la suite et qui ont été là pour moi à un moment ou un autre.

Je remercie tout d'abord Guillaume Damiand et Jean-Luc Mari de m'avoir fait l'honneur d'être les rapporteurs de ma thèse. J'ai eu la chance de pouvoir les rencontrer et discuter avec eux avant ma soutenance, et j'éprouve un très grand respect pour leurs qualités humaines ainsi que leur travail. Merci également à Caroline Essert et Carole Guillevin d'avoir accepté de faire partie de mon jury, ainsi qu'à Géraldine Morin de l'avoir en plus présidée. Leurs remarques et nos échanges lors de la soutenance me permettent d'envisager une nouvelle suite pour mes travaux, et je leur en suis pleinement reconnaissant.

Une thèse ne se réalise pas tout seul, et sans la présence de mes trois encadrants, Philippe Meseure, Sébastien Horna et Rita Zrour, c'est certain que les résultats de ma thèse aurait eu une toute autre allure. Pendant ces trois années, ils m'ont soutenu et permis de passer le cap d'étudiant à expert dans mon domaine, en portant la casquette de conseillers ou bien de chefs, à tour de rôle. Plus particulièrement, je remercie Sébastien de m'avoir accorder sa confiance dès le moment où j'ai passé la porte de ton bureau pour discuter du sujet de thèse, Rita pour son expertise et sa bienveillance à n'importe quel moment de la thèse et Philippe pour avoir apporté son expérience et son recule afin de confronter les idées et me permettre de faire les bons choix pour avancer dans la bonne direction. Ils ont toujours trouver le temps pour venir discuter, m'aider et m'encourager, et c'est pourquoi travailler à leur côté a été un véritable plaisir et je les félicite pour la qualité de leur encadrement.

Je tiens à remercier l'ensemble des membres du laboratoire DACTIM, en particulier Rémy Guillevin de m'avoir accueilli et permis de travailler avec des experts médicaux tout au long de ma thèse. Je n'oublie pas mes nombreux échanges et la bienveillance de Mathieu Naudin et de Pierre Fayolle (qui a toujours su trouver le temps pour répondre à mes requêtes), avec qui j'ai pu guider et amener mon travail au plus près de la clinique.

Un grand merci à Hakim, qui m'a suivi depuis mon entrée en Master et encouragé à poursuivre en thèse. Sa camaraderie entre voisins de bureaux ont contribué à me changer les idées lorsque je ne trouvais pas les solutions à mes problèmes. Je n'oublie pas également les moments où tu as partagé ton expérience pour m'aider à grandir dans le domaine de la recherche.

À cause de l'épidémie entre 2020 et 2021, je me suis retrouvé malgré moi à passer une très grande partie de ma première année de thèse dans mon coin. Lorsque les restrictions ont commencer à se lever, j'ai pu rencontrer et tisser des liens forts avec les autres doctorants (et l'ingénieur de recherche) du laboratoire XLIM. Chacun d'entre eux a contribué, au moins par leur présence, à l'arrivée en bon port de ce voyage, et pour ça je les remercie grandement. Je pense notamment à Adrien, Alexis, Clément, Charles, Inés ainsi qu'aux co-bureaux Samuel et Ruqin qui ont dû m'entendre râler ou parler tout seul plus d'une fois devant mon code. Je n'oublie pas Arthur pour avoir beaucoup discuté avec moi et toutes les bonnes idées qu'il a su me donner, surtout en période de rédaction. Enfin, je ne peux que les féliciter d'avoir supporté mes blagues, toutes moins bonnes les unes que les autres, ainsi que ma propagande assumée en faveur du Crossfit.

Je souhaite aussi remercier plus largement mes amis, dont certains ont pu se libérer et faire le trajet pour venir assister à ma soutenance. En particulier, Apolline et Nicolas, qui malgré leur méconnaissance du milieu universitaire et de l'informatique graphique, ont toujours été là pour m'écouter parler de problèmes sans aucun doute dans une autre langue à leurs yeux et m'avoir encouragé et réconforté à chaque fois. Également Laëtitia et Flo a qui je suis entièrement reconnaissant pour tout ce qu'ils m'ont apporté depuis que je les connais.

Enfin, je tenais à remercier du fond du cœur mes parents et ma sœur, qui ont toujours là que ce soit pendant les hauts et les bas. Je ne pense pas qu'ils réalisent à quel point ils ont contribué à mon travail. Mes parents ont su m'accompagner et me supporter du mieux qu'ils pouvaient lors des nombreuses années menant à ce travail, en me laissant faire des choix pas toujours judicieux mais me permettant d'apprendre et de grandir pour devenir celui que je suis à la fin de ce voyage. Tout ce que j'espère, malgré les nombreuses embûches sur le chemin, c'est de les avoir rendus fiers. Un grand merci également à ma grande sœur qui, malgré la distance, a toujours su trouver le moyen de faire changer d'air à son petit frère qui n'avait d'yeux que pour son clavier et un code (ou un article) à terminer.

Je n'oublierai jamais la première fois qu'une vieille amie m'a dit : « Tu devrais faire une thèse ; ce serait dommage de t'arrêter maintenant, je suis convaincue que ça te plairait. ». Tu te reconnaîtras, et tu avais raison.

SOMMAIRE

1 Introduction **1**

2 Contexte scientifique & État de l'art **7**
2.1 Principes de l'Imagerie par Résonance Magnétique 8
2.1.1 Tissus cérébraux 8
2.1.2 Résonance Magnétique Nucléaire 9
2.1.3 Traitement du signal et Pondérations RMN 10
2.1.4 Acquisition 3D 11
2.1.5 Segmentation des tissus cérébraux 13
2.2 Méthodes de reconstruction de maillages 3D 16
2.2.1 État de l'art des méthodes de reconstruction 16
2.2.2 Application des méthodes de reconstruction au médical 24
2.3 Représentation volumique basée sur la topologie 30
2.3.1 Topologie discrète 30
2.3.2 Modèles à base topologique 32
2.3.3 Cartes généralisées 35
2.4 Conclusion 38

3 Reconstruction topologique 3D de données discrètes médicales **41**
3.1 Vue d'ensemble de la méthodologie 42
3.1.1 Description du modèle 42
3.1.2 Aperçu du procédé de reconstruction 44
3.2 Reconstruction des données discrètes médicales 45
3.2.1 Surfaces géométriques 45
3.2.2 Volumes topologiques 46
3.2.3 Traitement initial local des volumes 48
3.3 Intégration des tissus reconstruits et corrections 49
3.3.1 Construction du modèle multi-segment 50
3.3.2 Correction topologique à base de la sémantique 51
3.4 Correction géométrique 55
3.5 Résultats et discussions 57
3.5.1 Mise en place des résultats 57
3.5.2 Détails des modèles reconstruits 58
3.5.3 Statistiques et performances 60
3.5.4 Comparaison avec des méthodes de reconstruction classiques 63
3.5.5 Comparaison avec *FreeSurfer* 66
3.6 Conclusion et perspectives d'amélioration 67

4 Exploitation du modèle topologique en SRM **71**
4.1 Étude de la spectroscopie . . . 72
4.1.1 Présentation des données de spectroscopie . . . 72
4.1.2 Limitations des méthodes standards . . . 74
4.2 Opération topologique pour l'extraction de la grille 3D . . . 76
4.2.1 Opérations ensemblistes . . . 76
4.2.2 Définition du plan de découpe . . . 78
4.2.3 Insertion des points d'intersection des faces à découper . . . 79
4.2.4 Génération du modèle découpé . . . 80
4.3 Gestion de l'inclusion des volumes des différents tissus . . . 83
4.3.1 Inclusion par les faces découpées . . . 84
4.3.2 Intersection avec arête fictive . . . 85
4.4 Présentation du modèle topologique 3D pour la SRM . . . 86
4.4.1 Génération à partir des données de la grille de spectroscopie acquise . . . 86
4.4.2 Propriétés du modèle généré . . . 88
4.5 Re-calcul des données de spectroscopie . . . 89
4.6 Résultats . . . 91
4.6.1 Description des données . . . 91
4.6.2 Recalage avec les données anatomiques . . . 92
4.6.3 Statistiques de l'opération de découpe . . . 92
4.6.4 Sujet sain . . . 98
4.6.5 Sujet présentant une tumeur . . . 99
4.7 Conclusion . . . 101

5 Exemples d'applications du modèle 3D reconstruit **103**
5.1 Étude des particules acquises par tomographie à rayons X . . . 104
5.1.1 Contexte et enjeux . . . 104
5.1.2 Données initiales et limitations . . . 105
5.1.3 Modélisation 3D des particules . . . 106
5.1.4 Résultats et discussions . . . 108
5.2 Étude du mécanisme d'une montre . . . 113
5.2.1 Contexte et enjeux . . . 113
5.2.2 Données et représentation discrète . . . 113
5.2.3 Modélisation 3D de la montre . . . 115
5.2.4 Résultats et discussions . . . 116
5.3 Conclusion . . . 118

6 Conclusion et perspectives **121**

Bibliographie **127**

TABLE DES FIGURES

1.1 Schématisation du travail à partir des images IRM avec l'ajout de notre modèle . 3
1.2 Reconstruction du modèle 3D à partir des données IRM acquises 4
1.3 Exploitation du modèle pour la SRM 4

2.1 Schéma des trois tissus biologiques principalement acquis en IRM 9
2.2 Le phénomène RMN 10
2.3 Différentes pondérations IRM 11
2.4 Notions de matrice, plan de coupe, voxel et pixel. 12
2.5 Encodage d'une image 3D 13
2.6 Segmentation de la substance grise à partir d'images IRM 14
2.7 Exemple d'extraction de la boite crânienne 15
2.8 Exemple de la répartition des tissus cérébraux dans des voxels segmentés 16
2.9 Simplification de la table standard des *Marching Cubes* 20
2.10 Catégories d'ambiguïtés induites par la table standard des *Marching Cubes* . . . 20
2.11 Exemple de l'interpolation linéaire des points d'intersection des *Marching Cubes* 21
2.12 Triangulation 3D et 2D des *Marching Cubes* et des *Dual Marching Cubes* 22
2.13 Triangulation de Delaunay 23
2.14 Reconstruction surfacique de trois segments avec *CGAL* 26
2.15 Visualisation de la distance entre la segmentation et le modèle 3D 28
2.16 Comparaison de la reconstruction des *Flying Edges* et des *Dual Marching Cubes* 29
2.17 Illustration de la connexité en 3D 30
2.18 Illustration d'un point non-simple avec une connexité 4/8 31
2.19 Représentation par les bords d'un objet 32
2.20 Représentation de plusieurs quasi-variétés 33
2.21 Exemple de l'ambiguïté d'un graphe d'incidence 34
2.22 Représentation des G-Cartes 36
2.23 Représentation des cellules topologiques 36
2.24 Cellule topologique pendante 37
2.25 Représentation d'un objet 2D avec les liens d'inclusions entre ces cellules 38

3.1 Exemple de partitionnement de l'espace 43
3.2 Vue d'ensemble de la méthode de reconstruction 44
3.3 Reconstruction surfaciques des images IRM segmentées 46
3.4 Reconstruction initiale des volumes topologiques 47
3.5 Exemple d'une face topologique orientée 47
3.6 Vue topologique du maillage géométrique 48
3.7 Exemple de classification et d'analyse locale des volumes topologiques 49
3.8 Illustration de l'étape de nettoyage basée sur plusieurs critères 49

3.9 Schématisation du procédé de liaison topologique en dimension 3 50
3.10 Mise à jour de la sémantique pour les brins lors de l'étape de fusion 52
3.11 Illustration de la création d'un volume anonyme durant l'étape de fusion 52
3.12 Volumes anonymes identifiés et distribués dans trois classes définies 53
3.13 Correction d'un trou isolé 54
3.14 Correction d'un trou multi-connecté 54
3.15 Vue éclatée des données mises à jour pour un trou multi-connecté 55
3.16 Déformation géométrique 56
3.17 Modification du positionnement géométrique des sommets 56
3.18 Procédé de post-traitement des données initiales. 57
3.19 Procédé de post-traitement des données initiales qui contiennent une tumeur. . . 58
3.20 Reconstructions et grilles de voxels de segmentation artificielle 59
3.21 Maillage 3D surfacique des tissus d'un sujet atteint d'une tumeur 60
3.22 Classification des volumes anonymes dans un modèle complet de cervau 62
3.23 Graphiques de la durée des étapes de la méthode de reconstruction 63
3.24 Reconstruction d'un rein avec une tumeur 64
3.25 Différences entre la segmentation et plusieurs modèles 3D reconstruits 65
3.26 Pourcentage cumulé des points en fonction de leur distance à la grille de voxels . 65
3.27 Graphiques des temps de reconstruction de plusieurs méthodes et sujets 66
3.28 Exemples de reconstruction de la matière blanche, avec *FreeSurfer* 67
3.29 Visualisation des surfaces de matière blanche reconstruites, avec *FreeSurfer* . . . 67

4.1 Grille multi-voxel sur anatomie T1 73
4.2 Représentation dicrète des tissus dans un voxel de SRM 74
4.3 Cartographie d'une concentration d'un métabolite sans décomposition tissulaire 75
4.4 Opérations booléennes 77
4.5 Processus de coraffinement 77
4.6 Visualisation d'initialisation d'une face de découpe 78
4.7 Exemple d'intersection entre une ligne de séparation et des faces adjacentes . . . 80
4.8 Vue éclatée de la découpe de seulement 2 faces d'un cube par un plan de découpe 80
4.9 Vue éclatée de la séparation en 2 volumes ouverts d'un cube 81
4.10 Vue éclatée de la fermeture topologique 82
4.11 Deux configurations de volumes découpés engendrant une perte d'inclusion . . . 83
4.12 Exemple de la gestion des arêtes fictives 84
4.13 Mise à jour de la caractéristique fictive d'une arête après une découpe 86
4.14 Découpe de l'enveloppe de la grille de voxels de SRM à partir d'un modèle 3D . 87
4.15 Illustration de l'obtention du modèle représentant la grille de voxels de SRM . . 87
4.16 Visualisation et représentation des données initiales de SRM dans le modèle . . . 88
4.17 Arête topologique temporaire pour la triangulation de la face 90
4.18 Re-calcul des métabolites sur la grille de voxels de spectroscopie 90
4.19 Exemple des six premières découpes sur un modèle de cerveau réel 93
4.20 Résultats de l'opération de découpe par plan pour trois modèles différents 97
4.21 Résultats de la cartographie de la NAA pour des données saines 98
4.22 Augmentation de la résolution des cartographies 98
4.23 Augmentation de la résolution des cartographies pour le sujet avec un gliome . . 99
4.24 Résultats sur des données de gliome pour le NAA 100

5.1 Exemple de plusieurs coupes d'images acquises par tomographie 106
5.2 Méthode de recherche de corrélation des particules dans le domaine du discret . 106
5.3 Schéma de la reconstruction topologique d'une particule 107
5.4 Illustration de la reconstruction de deux particules en contact direct 108

5.5 Données fournies pour l'étude des particules 109
5.6 Illustration de la réduction de la zone de test des particules 109
5.7 Temps de reconstruction et nombre de faces reconstruites par segment 111
5.8 Reconstruction et suivi à différents temps de trois particules 112
5.9 Plusieurs coupes des images acquises de l'intérieur de la montre 114
5.10 Grille de voxels de segmentation de deux pièces mécaniques 114
5.11 Reconstruction de l'inclusion de deux pièces en contact direct 115
5.12 Exemple de sept pièces reconstruites 116
5.13 Vue éclatée des relations de voisinage entre plusieurs volumes 117

CHAPITRE 1

INTRODUCTION

Dans le cadre de l'informatique graphique (IG), la modélisation 3D est une technique pour représenter des objets en trois dimensions, c'est-à-dire avec une hauteur, une largeur et une profondeur. Contrairement à la représentation 2D qui ne montre qu'une vue d'un objet par l'intermédiaire de surfaces plates, une représentation 3D permet de visualiser sous différents angles des volumes. La 3D intervient dans plusieurs domaines, comme l'industrie du jeu vidéo et de l'animation (pour créer des scènes virtuelles), et dans la visualisation architecturale (conception assistée par ordinateur) pour créer des modèles complexes et précis, pour de la simulation par exemple. Ces diverses applications requièrent des informations, telles que la géométrie des éléments (leurs formes), ainsi que d'autres données variées contenues dans les modèles et dépendantes du contexte d'utilisation. En architecture par exemple, nous pouvons citer la composition des matériaux, les relations de voisinage entre les objets géométriques ou le placement des meubles. Ces derniers se retrouvent également dans le jeu vidéo, où l'interactivité entre les éléments et la texture des objets sont également souvent nécessaires. Il est possible d'incorporer ce type d'information au modèle mais que cela ne soit pas forcément fait selon les logiciels utilisés.

En médecine, plus particulièrement en radiologie, pour l'étude du cerveau humain, les spécialistes utilisent essentiellement la modélisation 3D pour visualiser les tissus cérébraux dans le cas du diagnostic et du suivi d'une tumeur ou de maladie neuro-dégénérative comme la maladie d'Alzheimer. Les organes sont représentés sous la forme d'un maillage, qui en modélisation 3D représente la structure géométrique d'un objet en 3D, en décomposant sa surface en petits éléments, tels que des triangles ou des quadrilatères. Cependant, les approches standards sont limitées à représenter un nombre restreint de tissus anatomiques, notamment elles ne permettent pas de modéliser le maillage d'une lésion comme une tumeur.

Dans le domaine des neurosciences, le rapport d'un radiologue est réalisé sur des images 2D acquises par imagerie par résonance magnétique (IRM). Ensuite, le neurologue prend les décisions thérapeutiques quant au diagnostic et potentiel suivi d'une pathologie, en s'appuyant

sur ces informations. Or, la visualisation et la représentation des zones d'intérêt sont limitées par les contraintes liées à la visualisation d'images 2D. Sans la profondeur, les spécialistes ne peuvent qu'interpréter grossièrement la forme de la pathologie en parcourant la pile d'images à disposition. C'est pourquoi une représentation 3D peut être utilisée conjointement aux images anatomiques. La plus répandue est la grille de voxels de segmentation des tissus, qui consiste à classifier chaque voxel de l'image selon le tissu auquel il appartient. Cependant cette représentation est limitée, notamment pour tous les calculs géométriques qui sont alors restreints à la précision des voxels. Ce résultat approximatif est problématique, par exemple lors de l'évaluation du volume d'une tumeur, de la mesure de l'épaisseur du cortex qui permet d'identifier la maladie d'Alzheimer, ou du calcul de la propagation de la sclérose en plaques. De plus, la représentation « en marche d'escalier » est visible dès que le facteur d'agrandissement est suffisamment élevé, et est éloignée de l'aspect réel d'un cerveau.

L'affichage d'une représentation voxélique est assez limité et se heurte à des problèmes de performance. En effet, un voxel n'est pas un élément de base pris en charge par un accélérateur graphique, contrairement au triangle. Or, un voxel se décompose en 12 triangles (qui ne seront pas tous visibles), ce qui implique que l'affichage d'une telle représentation n'est pas efficace. C'est pourquoi, dans la littérature, des méthodes de reconstruction ont été proposées pour transformer les voxels en maillage 3D (composé de faces triangulaires, quadrilatérales...).

Cependant, les approches appliquées exclusivement pour le domaine du médical ne permettent que de reconstruire un nombre limité de tissus, et ne représentent pas explicitement le voisinage entre les structures. En d'autres termes, aucune structure topologique n'est produite dans les résultats, ce qui ne permet pas d'assurer la qualité du modèle. Dans le domaine de l'informatique graphique, de nombreuses méthodes ont été proposées pour produire des maillages au plus proche des données d'entrées, mais leur méthodologie ne prend pas en compte les données médicales. Malgré la possibilité d'associer une structure topologique, certaines corrections peuvent introduire des erreurs, au niveau du voisinage des maillages par exemple. Dans ce cas, leur résultat ne répond pas à tous les besoins des applications médicales (sans contrôle du voisinage entre les tissus reconstruits).

La principale difficulté pour construire un modèle 3D utilisable pour les médecins est de représenter tous les tissus anatomiques au plus proche de la réalité sans connaître de vérité terrain. En effet, chaque cerveau est différent notamment d'un point de vue géométrique, et sa structure peut varier en fonction de la présence ou non d'une lésion (comme la présence de tissus tumoraux). Ainsi, la méthode de reconstruction doit prendre en compte au mieux les données anatomiques (extraites des images par exemple) pour guider la génération du maillage correspondant. Le modèle a également besoin de cohérence topologique, c'est-à-dire d'être composé de volumes sans espaces vides ni chevauchements. Pour cela, afin de contrôler la reconstruction 3D et de s'assurer de la cohérence du modèle final, le modèle doit être enrichi par des informations de sémantique (appartenance à un tissu) et topologiques. La structure topologique permet, dans ce contexte, d'exprimer les relations d'adjacence entre les sommets, arêtes, faces et volumes des différents éléments reconstruits, et ainsi facilement localiser et déterminer les erreurs.

En outre, dans plusieurs applications médicales (comme l'étude d'une tumeur), si connaître la structure de chaque élément anatomique et ses relations de voisinage avec les autres éléments est utile, d'autres données dépendantes du contexte d'utilisation du modèle peuvent être pertinentes à intégrer explicitement dans celui-ci. Par exemple, des informations en lien avec les quantités de molécules contenus dans chaque tissu ou plus simplement des informations géométriques comme les données volumétriques. Il s'agit donc de pouvoir incorporer toutes les données utiles aux méthodes dans le modèle.

Le travail présenté dans ce document se place dans le contexte de la modélisation 3D à partir de données volumiques discrètes, et plus particulièrement des images IRM. Notre objectif principal est de proposer un modèle dédié au médical, plus précisément à l'étude du cerveau dans le cas de patients sains ou malades, suffisamment riche pour permettre de centraliser les données anatomiques et toutes les informations additionnelles issues du contexte d'application (par exemple en spectroscopie par résonance magnétique, les concentrations des métabolites). Ce modèle a pour but de fournir aux radiologues et neurologues un outil supplémentaire pour faciliter et améliorer leurs diagnostics et prises de décisions (*cf.* Fig. 1.1). Le maillage associé est au plus proche des données réelles en exploitant les informations des images acquises, et utilisable pour divers domaines. Pour cela, nous avons utilisé le modèle topologique des cartes généralisées (G-Cartes), associé avec la méthode des *Flying Edges* [1] pour produire initialement les tissus segmentés des images anatomiques. De nouvelles opérations topologiques, motivées par le médical mais utilisables dans d'autres domaines, ont été adaptées et approfondies, basées sur l'information fournie par la sémantique des éléments du modèle.

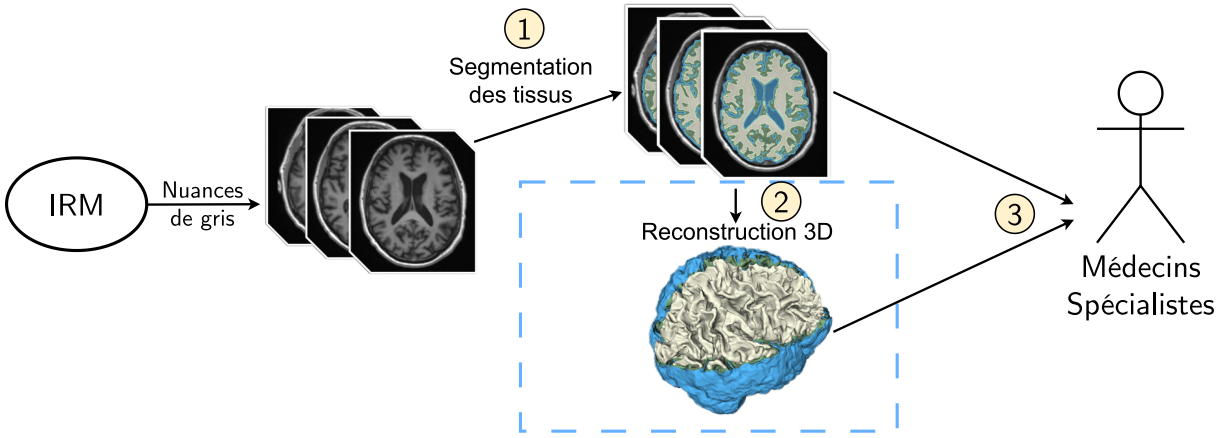
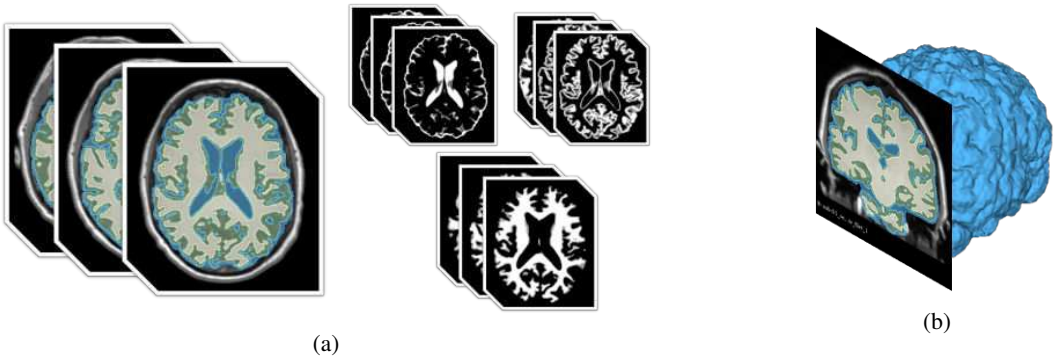


FIGURE 1.1 – Schématisation de l'utilisation d'une représentation standard 3D depuis l'acquisition IRM jusqu'à l'exploitation des résultats par les médecins spécialistes (neurologues, radiologues, ...). L'ajout de notre contribution, un modèle 3D des tissus segmentés à partir des images, est encadré en pointillés bleus.

À partir de ce modèle topologique et médical, un ensemble de contraintes de cohérence homogènes adaptées aux tissus et aux pathologies potentielles segmentées est défini : géométriques pour éviter les éléments dégénérés (faces non-planaires et arêtes de longueur nulle) ; topologiques pour représenter les relations d'adjacence entre les sommets, arêtes, faces et volumes du modèle ; sémantique pour définir la nature du tissu de chaque cellule topologique. Une propriété essentielle de notre modèle est d'être en mesure de construire un nombre quelconque de tissus à partir d'images segmentées, en respectant un ensemble de contraintes de cohérence qui permettent de garantir leur non-recouvrement et l'absence de zones vides entre eux. Le procédé de reconstruction se base notamment sur les informations fournies par les images et par le post-traitement de celles-ci (*cf.* Fig. 1.2). En outre, notre méthode offre un système de correction automatisé qui utilise le voisinage topologique et l'information de sémantique des éléments pour traiter les incohérences présentes dans les maillages reconstruits. L'équipe IG du laboratoire XLIM dispose d'un modeleur géométrique à base topologique *MOKA* [2] pour le modèle des G-Cartes, dont le noyau a été étendu pour accueillir les données médicales. Ce noyau a été intégré dans le logiciel libre d'analyse et traitement d'images médicales *3D Slicer* [3]. L'intégralité du travail présenté dans ce rapport a été développé dans un nouveau module de ce logiciel libre.

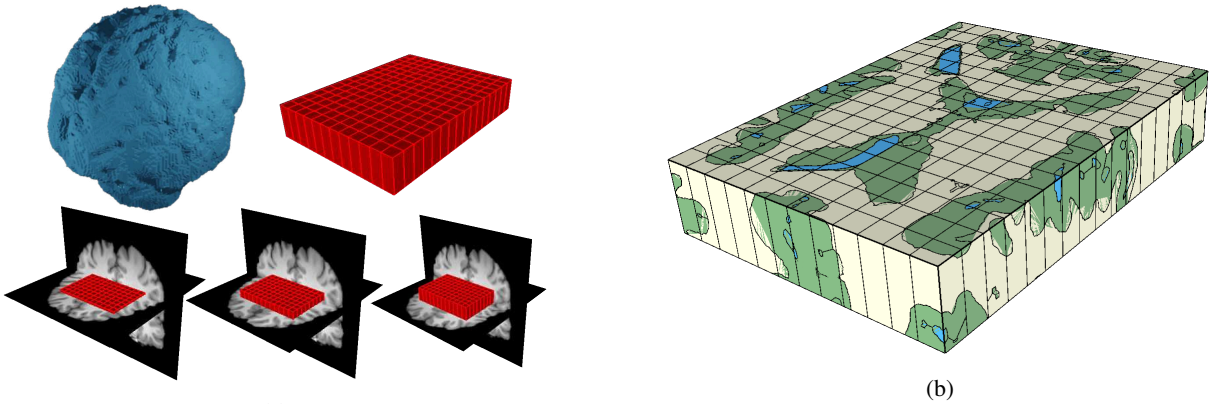
Disposant d'un modèle représentant avec précision les différents tissus segmentés d'un cerveau et comprenant un ensemble d'informations géométriques, topologiques et sémantiques,



(a) (b)

FIGURE 1.2 – Les modèles 3D reconstruits dans nos travaux utilisent comme (a) données d'entrées les images IRM, avec la grille de voxels de segmentation des tissus, ainsi que des images scalaires résultantes du post-traitement des images anatomiques, afin de (b) reconstruire un modèle complet des tissus cérébraux.

nous pouvons utiliser d'autres données pour enrichir le modèle pour des cas d'utilisation plus spécifiques. Un domaine d'application est la spectroscopie par résonance magnétique (SRM), qui est une technique non invasive pour explorer les tissus biologiques *in vivo* pendant l'examen d'imagerie par résonance magnétique (IRM) du cerveau. La SRM fournit des informations sur la composition chimique des tissus cérébraux. En exploitant les données acquises par SRM et les modèles 3D produits par notre méthode de reconstruction, nous proposons une solution aux limitations des méthodes standards quant à la visualisation, représentation et manipulation des éléments acquis et observés en SRM. Cette solution permet d'étudier les données de SRM à la lueur des tissus cérébraux. Notre approche consiste à diviser le modèle intial de sorte à ne conserver que les volumes inclus dans la grille de voxels de SRM (*cf.* Fig. 1.3), et de l'enrichir par les données de spectroscopie. La division du modèle topologique et médical représentant les tissus du cerveaux nécessite une opération topologique adaptée, qui permet de s'assurer que le résultat conserve les contraintes topologiques et sémantiques initiales.



(a) (b)

FIGURE 1.3 – Modèle 3D exploité pour la représentation et visualisation des données étudiées en SRM. (a) Les données d'entrées : un modèle 3D des tissus reconstruits, et les informations relatives à la grille de voxels de spectroscopie acquises par SRM ; (b) un nouveau modèle, exploité pour le domaine de la SRM, est ainsi extrait en respectant la forme de la grille initiale.

Le travail réalisé durant cette thèse, co-financée par la région Nouvelle Aquitaine et par le laboratoire commun I3M (Imagerie Métabolique Multi-noyaux Multi-organes), a été effectué dans le cadre du projet « Media IRM 3D » (MEdical Data Intelligent Analysis - Interpretation, Reconstruction and Manipulation in 3D) du laboratoire I3M. Ce laboratoire regroupe les laboratoires CNRS XLIM UMR 7252 et LMA UMR 7348 de l'Université de Poitiers et le service

d'imagerie de la plateforme UHF (CHU de Poitiers). Il exploite l'IRM MAGNETOM Terra 7 Tesla à usages cliniques et de recherches, acquise par le service d'imagerie de la plateforme UHF (CHU de Poitiers) en 2019. I3M travaille sur la mise en oeuvre technique et innovante de méthodes pour le traitement et l'analyse des images IRM pour l'aide aux diagnostics et le suivi des pathologies.

Le plan de ce mémoire est le suivant.

- Dans le chapitre 2, nous abordons les notions du contexte médical et le principe de l'acquisition IRM, ainsi que les informations fournies par les images anatomiques. Nous présentons également les différents types de méthodes de reconstruction utilisables sur des données volumiques discrètes, et nous détaillons les différents modèles topologiques existants, pour justifier le choix respectivement de l'algorithme des *Flying Edges* et des G-Cartes.
- Dans le chapitre 3, nous présentons les contraintes et les propriétés de notre modèle, ainsi que les différentes étapes de notre méthode de reconstruction topologique basée sur les données médicales discrètes acquises. Tout d'abord, nous offrons une vue d'ensemble de notre méthode de reconstruction, puis nous donnons des explications approfondies sur les différentes étapes nécessaires à la création du modèle.
- Dans le chapitre 4, nous exploitons le modèle topologique et médical dans un domaine d'application précis qu'est la SRM. Nous commençons par introduire le contexte de cette technique d'exploration des tissus biologiques. Ensuite, nous détaillons notre opération de découpe par plan, utilisée afin de produire le modèle exploité ensuite pour les données acquises par SRM. Des explications sur l'utilisation du modèle ainsi généré et la manipulation des données étudiées par SRM sont présentées, ainsi que les résultats des tests effectués sur des patients sains et atteints d'une tumeur.
- Dans le chapitre 5, nous étudions les possibilités d'exploitation de notre principe de reconstruction dans de nouveaux cadres applicatifs (ici, en particulier, des données d'acquisition de tomographie et données d'horlogerie).
- Dans le chapitre 6, nous concluons et présentons les différentes perspectives de notre travail, en particulier par rapport à l'utilisation du modèle dans diverses applications.

CHAPITRE 2

CONTEXTE SCIENTIFIQUE & ÉTAT DE L'ART

Sommaire

2.1 Principes de l'Imagerie par Résonance Magnétique 8
2.2 Méthodes de reconstruction de maillages 3D 16
2.3 Représentation volumique basée sur la topologie 30
2.4 Conclusion 38

Le travail présenté dans ce manuscript vise à reconstruire, à partir de grilles discrètes issues d'acquisitions dans le domaine médical, un modèle 3D représentant au plus proche la réalité les tissus anatomiques et dans le but d'être utilisé pour différents cas cliniques. Le domaine d'application est l'imagerie par résonance magnétique (IRM), pour le cerveau de sujet sain ou atteint par une maladie (tumeur cérébrale). L'objectif est de s'affranchir des limitations actuelles de la visualisation et de la représentation des données par l'utilisation des coupes 2D d'IRM et des grilles de voxels, exploitées par les experts pour leurs études et leurs diagnostics de maladies cérébrales. La principale difficulté pour construire un modèle 3D utilisable pour les médecins est de représenter les tissus anatomiques au plus proche de la réalité sans connaître de vérité terrain. En effet, chaque cerveau est différent notamment d'un point de vue géométrique. Ainsi, la méthode de reconstruction doit prendre en compte au mieux les données anatomiques (extraites des images par exemple) pour guider la génération du maillage correspondant. Le modèle a également besoin d'être composé de volumes sans espaces vides ni chevauchements, et donc d'être enrichi par des informations topologiques, géométriques et de sémantique (appartenance à un tissu).

Pour saisir les enjeux médicaux de nos travaux, nous introduisons, dans la section 2.1, les notions pour comprendre les tissus étudiés et le principe de l'acquisition IRM, ainsi que les informations fournies par les images anatomiques. Ensuite, la section 2.2 présente les différents types de méthodes de reconstruction utilisables pour reconstruire les tissus ségmentés des images médicales, en détaillant leurs avantages et inconvénients. À l'aide de comparaisons effectuées dans cette section, nous sommes en mesure de déterminer la méthode empruntée comme point d'entrée de la construction de notre modèle : la méthode des *Flying Edges* [1], basées sur l'algorithme des *Marching Cubes* [4]. Enfin, nous détaillons dans la section 2.3 les

modèles topologiques du domaine de l'informatique graphique, en commençant par la topologie discrète. Après avoir présenté les limites de cette dernière, nous présentons les modèles à base topologique pour décrire des maillages surfaciques ou volumiques, qui nous ont permis de justifier le recours aux cartes généralisées (*G-Cartes*). Une sous-section est dédiée à décrire les propriétés et les définitions nécessaires pour comprendre l'intérêt d'exploiter une G-Carte.

2.1 Principes de l'Imagerie par Résonance Magnétique

L'imagerie par résonance magnétique nucléaire (IRM) est une technique non-invasive et non-irradiante permettant la visualisation des tissus et organes in vivo. L'acquisition IRM est effectuée sous la forme de coupe 2D d'une partie de l'intérieur du corps d'un patient. L'IRM est particulièrement adaptée à la visualisation des tissus mous et à la détection des tumeurs, notamment en imagerie cérébrale. Dans cette section, nous allons présenter les tissus cérébraux principaux, puis détailler le principe de RMN et ses implications lors de l'acquisition IRM. Enfin, nous aborderons le principe de la segmentation des tissus, ainsi que les avancées dans ce domaine de recherche.

2.1.1 Tissus cérébraux

L'IRM permet de visualiser les différents types de tissus cérébraux, chacun apparaissant en différents niveaux de gris sur les images. Ceci est dù à leur composition en eau, leur densité, etc. Dans le cerveau, trois tissus biologiques sont principalement sujets à l'acquisition : le liquide céphalo-rachidien, la substance blanche et la substance grise (*cf.* Fig. 2.1).

Liquide céphalo-rachidien

Le liquide céphalo-rachidien (LCR), ou cérébro-spinal (LCS), est un liquide qui entoure et remplit les espaces entre les tissus cérébraux et la moelle épinière, et dont la composition est proche de celle du plasma. Certaines cellules immunitaires, nutriments, protéines, hormones et minéraux sont contenus dans le LCR. Ce liquide circule dans deux compartiments différents : le système externe entourant le système nerveux et le système interne qui correspond entre autres aux cavités ventriculaires (ventricules du cerveau).

Substance blanche

La substance blanche (SB) est un tissu composé principalement des axones myélinisées, prolongements des neurones permettant la transmission de l'information nerveuse. La SB constitue la partie interne du cerveau, englobée dans la substance grise. Sa couleur caractéristique dont provient son appelation est causée, lors du traitement pour la conservation, par une réaction entre le formaldéhyde ajouté et la myéline.

Substance grise

La substance grise (SG) est un tissu contenant principalement les corps cellulaires de neurones. La SG inclut les régions du cerveau impliquées dans le contrôle moteur et sensitif. L'appelation « grise » provient du fait que ce tissu est composé de moins de fibres myélinisées, par conséquent plus sombre que la substance blanche. Avec la SB, ces deux tissus forment le système nerveux central (SNC).

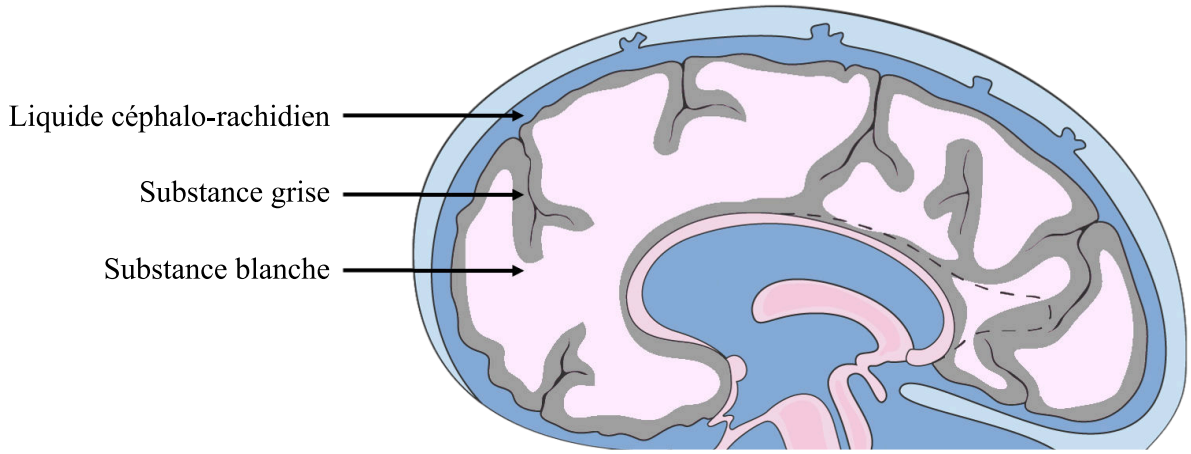


FIGURE 2.1 – Schéma des trois tissus biologiques principalement acquis en IRM (extrait de Servier Medical Art, CC BY 3.0).

2.1.2 Résonance Magnétique Nucléaire

Principe atomique et définition du champ magnétique

Découvert dans les années 1940, le phénomène de résonance magnétique nucléaire (RMN) est fondé sur la mesure d'absorption de radio-fréquence (RF) par un noyau atomique dans un champ magnétique fort. Certains noyaux atomiques, dont le spin est non-nul, possèdent des propriétés magnétiques, exploitée en RMN. En IRM conventionnelle, l'atome d'hydrogène 1 (^{1}H) est généralement utilisé car trouvé en grande quantité dans les molécules d'eau des tissus biologiques. Le principe de RMN est de placer dans un champ magnétique B_0 suffisament puissant et homogène les noyaux ^{1}H, afin que ceux-ci s'alignent de manière parallèle et anti-parallèlement [1] avec B_0. La puissance du champ magnétique est exprimée en Tesla, d'où l'appelation *IRM 3T* et *IRM 7T*, respectivement à 3 Tesla et 7 Tesla.

État d'équilibre

Majoritairement, les noyaux d'hydrogènes s'alignent parallèlement avec la direction du champ B_0 (direction dite longitudinale), entrainant une aimantation locale macroscopique M_z : les aimantations M_x et M_y sont négligeables car elles se compensent entre elles. Ce phénomène est communément appelé l'état d'équilibre. Le spin, moment angulaire créé par la rotation de la particule autour de son propre axe, des noyaux dans B_0 précessent [2] autour de B_0 à la fréquence de Larmor w_0, dont la valeur s'exprime de la manière suivante :

$$w_0 = \gamma\, B_0 \tag{2.1}$$

où γ est le rapport gyromagnétique, constant pour chaque noyau atomique.

Principe d'excitation

En plus de B_0, un deuxième champ électromagnétique B_1 vient perturber l'état d'équilibre des atomes ^{1}H en appliquant une onde RF de même fréquence que B_0 et perpendiculairement à ce dernier, engendrant une précession dans l'axe *xy* : cela constitue le phénomène de résonance (*cf.* Fig. 2.2). Cette bascule des moments magnétiques de spin dans un plan perpendiculaire à la direction de B_0 est appelée l'excitation : l'aimantation M_z diminue au profit d'une aimantation M_{xy} dans le plan *xy*.

1. Terme employé en IRM pour décrire que l'alignement des noyaux, orientés parallèlement au champ magnétique, mais en sens opposé
2. Terme employé dans le médical pour désigner un axe de rotation qui s'incline.

Principe de relaxation

Après l'interruption du champ électromagnétique B_1, les spins retournent à leur état d'équilibre, c'est-à-dire que les noyaux se ré-alignent dans la direction longitudinale. Cela a pour effet d'engendrer le retour de l'aimantation M_z et la disparition de M_{xy}. Durant ce processus, appelé la relaxation, les spins libérent de l'énergie sous la forme d'un signal oscillant ayant la même fréquence que l'onde excitatrice (B_1). En RMN, c'est ce signal de précession qui est mesuré, et ensuite capté en IRM à l'aide d'une antenne ou une bobine.

Deux types de relaxation sont mesurables, en fonction du changement d'aimantation :
- La relaxation T1, mesurée en secondes, correspond à la réapparition de M_z lié au retour des spins dans le sens longitudinale ;
- La relaxation T2, mesurée en millisecondes, équivaut au déphasage des spins entraînant la disparition de l'aimantation M_{xy}.

Ces relaxations dépendent respectivement des propriétés et interactions entre les protons des différents tissus. Dans les deux cas, un contraste dans le signal RMN est observable selon les tissus puisque ceux-ci n'ont pas les mêmes compositions chimiques, impliquant une relaxation dissociable.

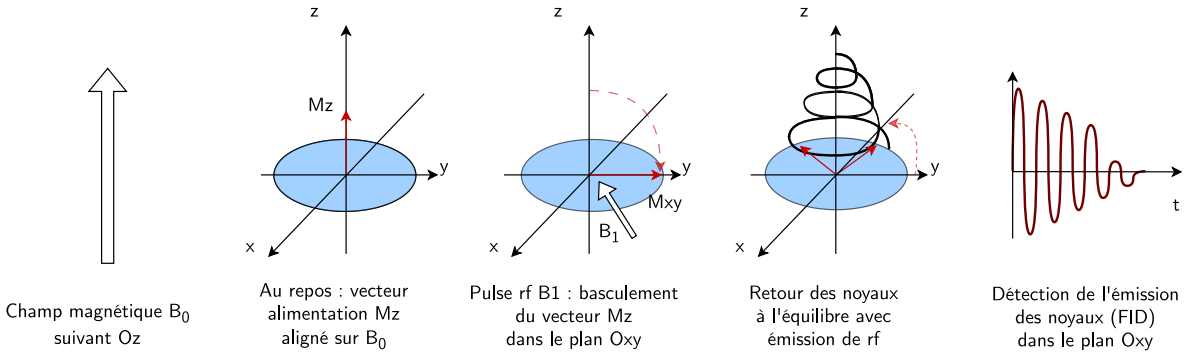


FIGURE 2.2 – Le phénomène RMN. L'état d'excitation correspond à la diminution de l'aimantation M_z au profit de l'aimantation M_{xy} causée par le champ magnétique B_1. Inversement, l'état de relaxation correspond à l'arrêt de B_1, la diminution de M_{xy} pour M_z, et le retour à l'état au repos, libérant alors de l'énergie mesurable.

2.1.3 Traitement du signal et Pondérations RMN

Avant de pouvoir générer les images par résonance magnétique, le signal RMN doit être mesuré et traité. Comme vu précédemment, sa valeur ne dépend que de l'aimantation M_{xy}, et se retrouve dans la littérature sous l'appelation *FID*, pour *free induction decay* (*signal d'induction libre*). Le signal *FID* est recueilli par une antenne ou bobine de réception placée dans le plan xOy, et est transformé en signal électrique mesurable. Ce signal prend la forme d'une sinusoïde amortie par une exponentielle de temps qui correspond à la relaxation T2.

Le signal RMN est récupéré durant la séquence d'acquisition, pendant laquelle le contraste entre les différents tissus peut être modifié en jouant selon deux paramètres essentiels :
- TR : temps de répétition, définissant la durée entre chaque pulse RF ;
- TE : temps d'écho, représentant la durée entre le pulse et le recueil du signal.

En modifiant les paramètres d'acquisition, les contrastes obtenus des tissus sont différents selon les valeurs imposées : c'est la définition de la pondération IRM. Les différentes pondérations IRM, telles que la pondération en T1, T2, FLAIR ou densité de proton, permettent alors de visualiser différemment les tissus et les lésions.

Pondération T1

Le contraste « anatomique » des images pondérées en T1 (*cf.* Fig. 2.3) résulte d'une séquence courte (TR et TE courts), créant un maximum de contraste selon la relaxation de l'aimantation M_{xy}. Avec ces paramètres, la pondération T1 permet d'obtenir un très bon compromis entre la résolution et le temps d'acquisition des images. En IRM cérébrale, la séquence anatomique T1 différencie les 3 tissus cérébraux importants de la manière suivante : la SB en blanc, la SG en gris et le LCR en noir. Dans le cas de la présence d'une lésion, celle-ci apparaitra en hyposignal (plus ou moins franc), proche du signal du LCR.

Pondération T2

Les images pondérées en T2 (*cf.* Fig. 2.3) sont opposées à celles de la pondération T1. Leur contraste « tissulaire » provient d'une séquence longue (TR et TE longs), qui nécessite donc un temps d'acquisition plus important qu'en T1 pour la même résolution. De cette manière, la substance blanche est plus foncée que la substance grise qui apparait toujours en gris, mais cette fois le LCR apparait blanc, en hyperintensité. Les phénomènes pathologiques (lésions cérébrales entre autres) sont également détectés en hypersignal.

Pondération T2 : séquence FLAIR

La séquence FLAIR, pour FLuid Attenuated Inversion Recovery, est une séquence IRM pondérée en T2 dont le signal des fluides (LCR, sang ou eau) est fortement attenué (*cf.* Fig. 2.3). Cette séquence améliore la détection des lésions, qui apparaissent en hyperintensité sur les images IRM. En neuroradiologie, l'atténuation rend particulièrement adaptée l'analyse des lésions qui sont proches des ventricules : ceux-ci sont remplis de LCR aussi hyperintenses, impliquant un manque de contraste en pondération T2.

Pondération densité de proton

Les images pondérées en densité de protons (*cf.* Fig. 2.3) sont obtenues en paramètrant un TE court et un TR long. Le contraste est observable entre les tissus en fonction de leur concentration relative en hydrogène. Cette pondération est souvent utilisée en combinaison avec des images pondérées en T1 et T2 pour obtenir une imagerie complète de l'anatomie et des potentielles pathologies.

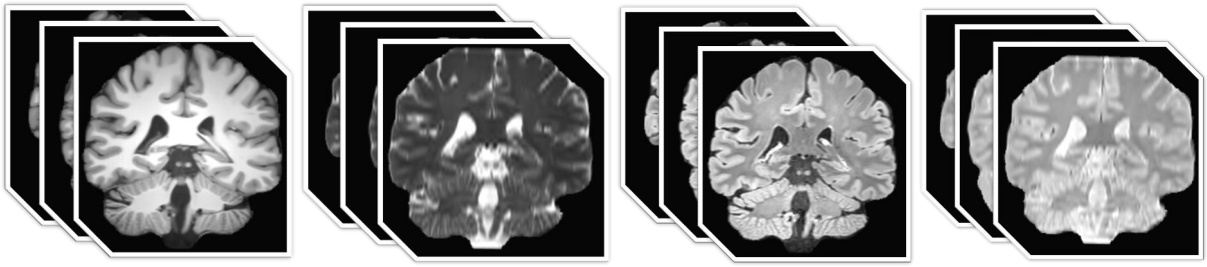


FIGURE 2.3 – De gauche à droite, pondérations : T1, T2, T2-FLAIR, densité de proton.

2.1.4 Acquisition 3D

Afin de passer d'un signal RMN aux images IRM, une transformation physique est nécessaire pour interpréter et transformer le signal capté par l'antenne de réception. Pour appréhender le résultat de l'acquisition par IRM, certaines notions sont nécessaires pour la compréhension et la manipulation des images générées : les éléments de bases que sont les pixels et voxels, mais aussi le plan de coupe (*cf.* Fig. 2.4) et l'image matricielle.

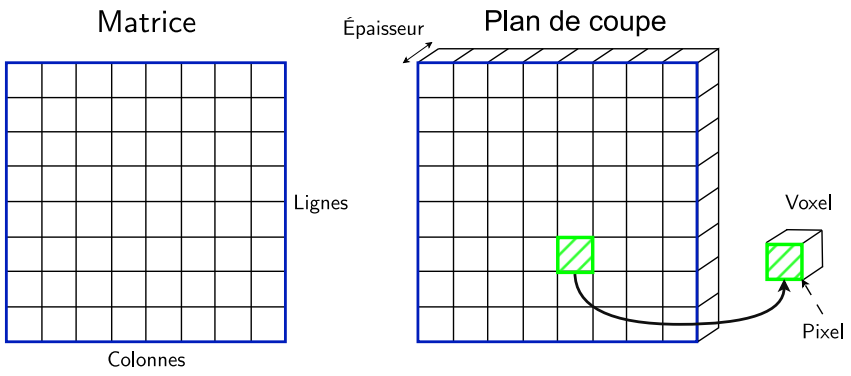


FIGURE 2.4 – Notions de matrice, plan de coupe, voxel et pixel.

Voxel

Un voxel, pour « volume element », représente le volume élémentaire échantilloné dont la valeur est équivalente à l'intensité du signal acquis à ses coordonnées 3D. Cette valeur est reportée sur le pixel correspondant de l'image.

Plan de coupe

Un plan de coupe est une section ou tranche « imaginaire » qui traverse les organes analysés d'un patient lors de l'examen IRM. La répétition successive de plan de coupe selon un axe a pour conséquence de créer une image en 3D du cerveau dans le cas de l'étude cérébrale. Cette image en 3D correspond à l'assemblage d'un ensemble de voxels. Ces plans peuvent être orientés selon les 3 axes médicaux principaux : *axial* (ou *transerve*, horizontal), *saggital* (tranche médiane) et *coronal* (vertical, de l'avant vers l'arrière).

Image matricielle

Une image matricielle, ou matrice de pixels, est divisée en une grille de pixels dont les dimensions déterminent si l'image est carrée (dans la majorité des cas) ou simplement rectangulaire. La valeur numérique contenue dans chaque case de la grille génère une image en nuances de gris, ou en couleurs dans certains cas, qui peut être traitée et analysée pour aider au diagnostic médical. Ces images sont affichées selon différents plans de coupe et permettent ainsi aux médecins de visualiser selon plusieurs angles les structures et tissus du corps humain.

En IRM, la localisation spatiale 3D du signal de l'image fait appel à 2 outils : la transformée de Fourier et le gradient de champ magnétique. Un gradient représente le taux de variation (pente) d'une donnée physique dans une direction de l'espace, linéaire dans le cas de l'IRM. Le signal RMN est acquis spatialement en 3D à l'aide de 3 gradients, dont les axes x, y et z sont données par convention :

- le gradient de sélection de coupe $G_{\Phi z}$ sélectionne à l'intérieur d'un volume un plan de coupe perpendiculaire à la direction de $G_{\Phi z}$;
- le gradient de codage de phase $G_{\Phi y}$ discrimine horizontalement chaque point ;
- le gradient de codage en fréquence $G_{\omega x}$ discrimine verticalement chaque point.

L'acquisition des données s'effectuent donc ligne par ligne, en utilisant les informations recueuillies par les gradients de codage $G_{\Phi y}$ et $G_{\omega x}$, selon le plan de coupe sélectionné par $G_{\Phi z}$ (*cf.* Fig. 2.5). Le signal pour chaque coupe 2D est ainsi codé en fréquences et phases, et l'image récupérée est codée dans l'espace de Fourier (image fréquentielle). Cette image n'est pas exploitable dans cet espace, mais est transformable en une image 2D spatiale en appliquant la transformation de Fourier inverse.

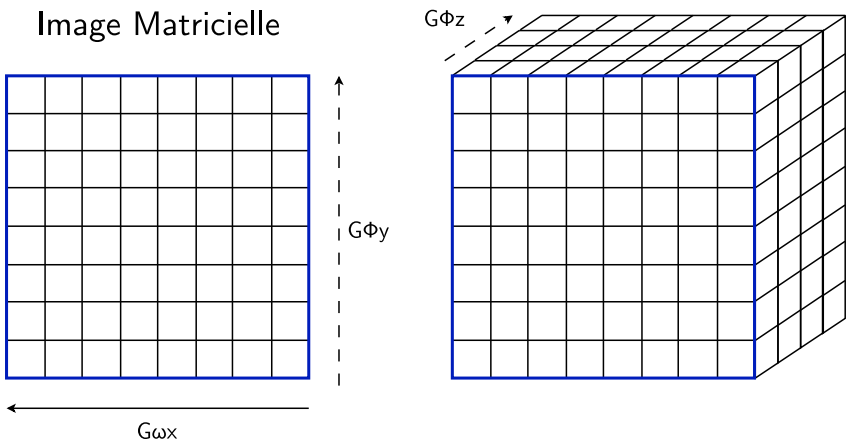


FIGURE 2.5 – Encodage d'une image 3D à l'aide des gradients de coupe $G_{\Phi z}$, phase $G_{\Phi y}$ et fréquence $G_{\omega x}$. En utilisant $G_{\Phi z}$ et $G_{\Phi y}$, une image 2D est encodée (un plan de coupe). À l'aide de $G_{\omega x}$, une image 3D fréquentielle est encodée.

L'acquisition d'IRM est un procédé complexe, dont le paramètrage est primordial pour obtenir des images de bonne qualité. Le résultat obtenu de la séquence choisie est la conséquence d'un compromis entre la résolution spatiale et le temps d'acquisition. Une très longue acquisition permettrait d'obtenir des résolutions spatiales importantes or, d'un point de vue clinique (prenant en compte le confort du patient), les acquisitions doivent nécessairement être effectuée dans un laps de temps restreint et raisonnable.

2.1.5 Segmentation des tissus cérébraux

Les images obtenues lors d'une séquence IRM permettent de fournir une base de travail pour les neurologues lors du diagnostic d'une pathologie cérébrale. Cependant, les pondérations ne fournissent que des images contrastées, où le contenu de certains voxels est difficile à identifier, et dont les applications, comme la mesure de la taille et la forme des structures anatomiques, sont limitées. Ainsi, une représentation permettant de répérer et de quantifier chacun des tissus semble être une solution adéquate au mélange d'information des images IRM. C'est pourquoi un processus de segmentation est presque systématiquement appliqué sur les images anatomiques.

En imagerie médicale, la segmentation est une technique permettant d'isoler et de mettre en évidence un tissu, une lésion ou un organe des images (*cf.* Fig. 2.6), en les séparant dans différents segments. Il est à noter que la segmentation n'est pas à confondre avec la classification ou l'etiquetage, des notions associées à l'apprentissage supervisé pour qualifier les données utilisées par leur réseau de neurones. Une segmentation médicale est représentée sous la forme d'une grille de voxels, à l'instar de l'imagerie 3D, où chaque voxel se voit attribuer une valeur numérique correspondante au label d'un tissu, ce qui permet de les différencier. Ainsi, un segment est un ensemble de voxels appartenant à la grille de segmentation, possédant un label unique afin de pouvoir l'identifier, et mesurer la taille, le volume, la densité ou visualiser la forme de la structure anatomique. Cette grille de voxels est superposable avec celle des images IRM, et dépend donc de la dimension et de l'orientation de celles-ci. En neuroradiologie, les spécialistes se servent de la segmentation des structures anatomiques cérébrales comme d'une aide à la détection et au suivi d'une lésion.

• La segmentation **manuelle** regroupe les méthodes impliquant l'intervention d'un opérateur humain (coupe par coupe, voxel par voxel). Cette tâche présente plusieurs inconvénients : fas-

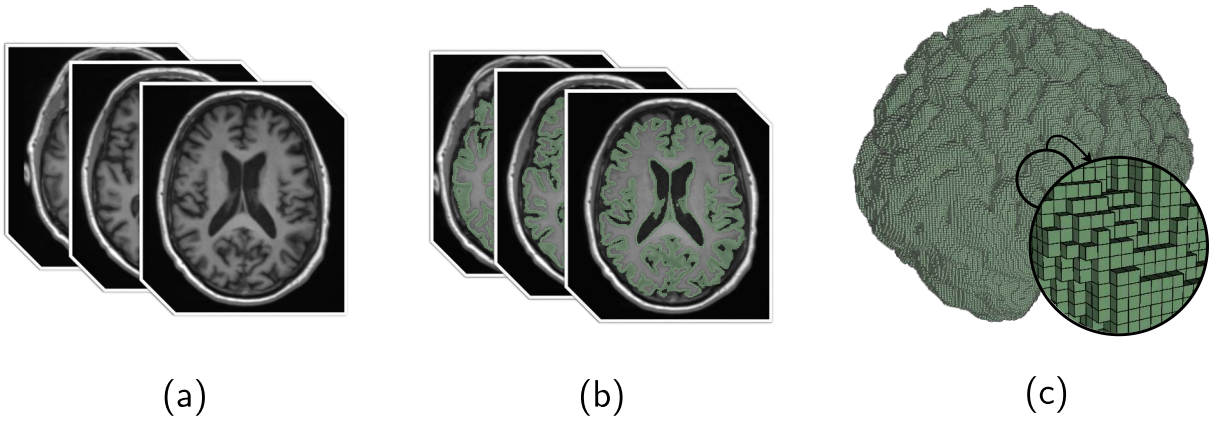


FIGURE 2.6 – Segmentation de la substance grise à partir d'images IRM : (a) coupes axiales d'images T1 du cerveau du patient ; (b) coupes axiales des mêmes images T1 mais avec la substance grise segmentée en vert ; (c) représentation voxélique de la substance grise segmentée.

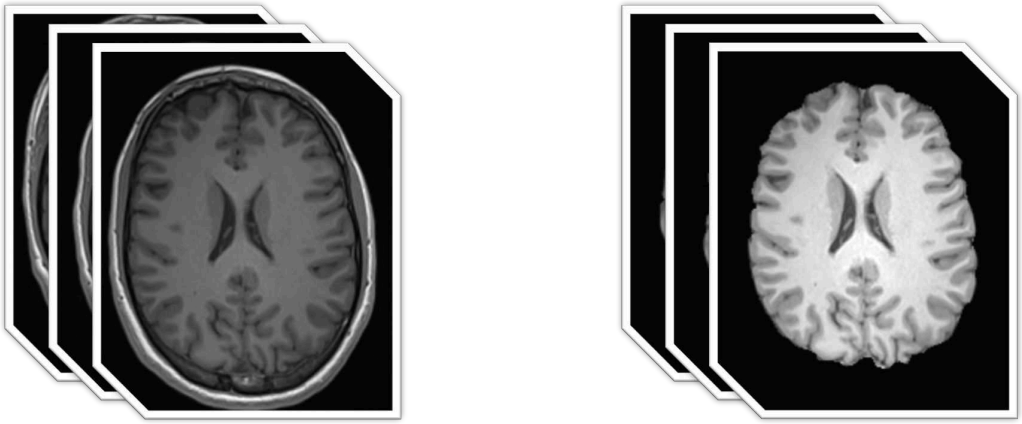
tidieuse, pas reproductible et sujette à l'erreur [5, 6]. Sa principale utilisation réside dans la génération d'atlas, qui sont utilisés pour segmenter ou pour de l'apprentissage supervisé. Pouvant utiliser ces derniers, la segmentation par **atlas**, ou template, consiste à utiliser une vérité terrain pour segmenter de nouvelles images. Théoriquement, cette méthodologie est efficace puisque les informations sur l'anatomie sont connues à l'avance. L'utilisation de recalage non-rigide [7, 8, 9] entre les images à segmenter et les atlas permet d'améliorer la qualité du résultat.

- La segmentation par **région** consiste à produire une classification des différents tissus cérébraux grâce à l'intensité des voxels ou pixels. Ces méthodes sont sensibles au bruit et aux artéfacts produits par l'IRM, ainsi qu'aux problèmes d'inhomogénéités et de l'effet de volume partiel [10] (détaillé un peu plus loin dans cette section). Parmi ces méthodes, la segmentation par **seuillage** est une approche naïve efficace [11, 12], mais qui nécessite des algorithmes en post-traitement pour gérer la connexité entre les régions segmentées. La segmentation par **croissance de région** a pour but d'extraire des groupes de voxels/pixels avec une intensité similaire [13, 14, 15]. Enfin, les approches utilisant une **classification** sont celles que nous retrouvons notamment dans les logiciels courants de traitement et d'analyse d'images médicales : *FAST* [16], *FreeSurfer* [17], *SPM* [9], *3D Slicer* [18]. Ces méthodes consistent à exploiter les caractéristiques extraites des images (intensité, textures, etc..) assignées à des classes prédéfinies.

- La segmentation par **contour** a pour objectif de reconnaître les zones de transition d'intensité et de localiser au mieux les frontières entre les régions à segmenter. Les modèles déformables sont exploités pour définir les structures anatomiques, et leur principe est le suivant : un modèle 3D est initialisé puis déformé sous contrainte pour correspondre à la frontière de la région à délimiter. Au fil des évolutions, des efforts ont été fournis pour intégrer des informations plus globales sur les régions dans les modèles déformables [19, 20, 21].

L'usage de l'apprentissage profond pour la segmentation de tissus permet de réduire fortement les temps de traitement. Prenons l'exemple de *FreeSurfer* et *FastSurfer* [22], deux outils d'imagerie médicale pour l'analyse de la surface corticale, dont le dernier est une version récente du premier. *FreeSurfer* est connu pour nécessiter plusieurs heures pour générer une segmentation complète du cerveau. Inversemment, FastSurfer permet de produire une segmentation complète du cerveau en moins d'une minute sur des données standards d'IRM, à travers trois réseaux de neurones opérant sur les coupes 2D coronales, axiales et sagittales avec une étape finale d'agrégation. Dans les méthodologies standards, une extraction du cerveau des images est nécessaire, afin de ne travailler que sur les tissus cérébraux (*cf.* Fig. 2.7). En effet, la graisse

sous-cutanée et la boîte crânienne, par exemple, sont présentes sur les images acquises et ont des valeurs de nuance de gris proche de celles de la SB, SG et du LCR, ce qui va poser des problèmes lors de la création de la segmentation (qui se sert des valeurs de nuance de gris). La méthodologie de *FastSurfer* lui permet de ne pas avoir à utiliser des algorithmes pour extraire le cerveau, simplifiant le traitement global.



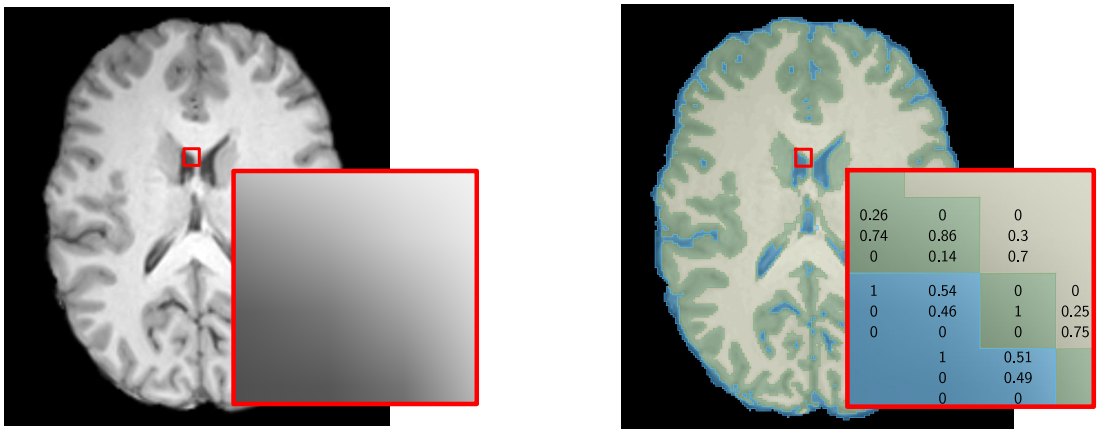
(a) (b)

FIGURE 2.7 – Exemple d'extraction de la boite crânienne avec FSL-BET [23] : (a) avant l'extraction ; (b) après l'extraction.

À travers les différentes approches présentées, le constat est qu'aucune méthode n'est universelle pour toutes les images. Dans certains cas, une technique sera plus précise tandis que d'autres ne seront pas du tout adaptées. La principale limitation est de déterminer une vérité absolue, pour chaque patient. Même en segmentant à la main avec expertise, la difficulté de segmenter augmente en fonction du nombre d'artefacts et de la qualité de l'IRM. Malgré les avancées des méthodes de segmentation basées sur des modèles d'intelligence artificielle et d'apprentissage profond, leurs architectures nécessitent d'être très robustes pour combler le manque d'explicabilité de l'obtention des résultats, et du manque de données d'entraînement.

Une critique générale sur les méthodes de segmentation est le manque de contrôle de la cohérence entre les structures anatomiques segmentées. Les solutions apportées dans la littérature manquent de contrôles significatifs après la segmentation, ce qui peut donner dans certaines zones ambiguës ou avec un faible contraste des incohérences dans le voisinage des voxels. Un autre problème inhérent à la représentation est celui de l'effet du volume partiel (**EVP**) [10]. Un seul label de tissu par voxel est fourni par une segmentation. Cette contrainte est une limite lorsqu'un voxel est composé de plusieurs tissus (par exemple, à leurs interfaces). Or, l'EVP vise à décrire la perte des petites régions de tissus suite à la sélection d'un seul tissu dans un voxel (*cf.* Fig. 2.8). Aussi, cet effet peut entraîner une attribution éronné des voxels. Ainsi, cette ambiguïté aboutit à une représentation 3D approximative. De plus, les calculs géométriques sont approximés au niveau d'un voxel : si un segment est majoritairement présent dans un voxel, le volume de tout le voxel est compté, sinon le volume exact qu'il couvre est ignoré [24].

Pour lever ces ambiguïtés et les limitations de la représentation par voxels, qui distord la réalité, des recherches sont menées dans le but de reconstruire des maillages 3D avec une géométrie continue au plus proche de la réalité anatomique. Aussi, l'approche de modélisation 3D doit incorporer un système qui prend en compte l'anatomie, connue ou non, ainsi que les contraintes entre les tissus, et fournir un meilleur contrôle de ces informations.



(a) (b)

FIGURE 2.8 – Exemple de la répartition (en pourcentage) des tissus cérébraux fournie par l'EVP dans des voxels segmentés. (a) Une coupe de l'image IRM, avec un zoom sur la zone de test possédant peu de contraste ; (b) la grille de voxels de segmentation (3 classes, bleu pour le LCR, vert pour la SG, blanc pour la SB), dont le zoom présente la zone de test : chaque triplet (de haut en bas : LCR, SG, SB) indique pour le voxel correspondant ses pourcentages d'appartenance aux tissus.

2.2 Méthodes de reconstruction de maillages 3D

Récemment, la visualisation et les opérations de reconstruction de maillage 3D à partir d'acquisitions médicales se sont développées car elles fournissent aux spécialistes une représentation plus globale des organes. Cela permet d'améliorer l'identification des formes complexes des structures anatomiques, et d'effectuer des analyses supplémentaires de l'activité fonctionnelle du corps humain. De plus, l'une des motivations de l'utilisation d'un maillage 3D dans le médical provient de la rapidité de son rendu comparé à l'affichage de voxels. En effet, les accélérateurs 3D sont dédiés aux triangles, et non aux voxels, qui nécessitent 12 triangles pour au maximum 3 faces visibles. Les méthodes de reconstruction de maillage 3D à partir d'images ont donc pour avantage de s'affranchir des limitations de la représentation voxélique. Après avoir établi un état de l'art de ces méthodes, nous allons présenter une comparaison des méthodes les plus pertinentes et sélectionner l'une d'entre elles comme point de départ de nos travaux.

2.2.1 État de l'art des méthodes de reconstruction

Dans la littérature, des approches très diverses pour la reconstruction 3D ont été proposées : extension de l'algorithme des *Marching Cubes*, approches basées sur les nuages de points, avec apprentissage supervisé ou non, de modèles déformables, etc. Certaines publications présentées par la suite sont directement appliquées au domaine médical, tandis que d'autres sont compatibles avec le domaine médical sous réserve d'une adaptation des données d'entrées.

2.2.1.1 Modèles déformables (contours actifs)

Le principe des modèles déformables [25] est de représenter un objet sous la forme d'une courbe fermée (2D) ou d'une surface (3D), appelées « contours actifs » ou « *snake* » dans la littérature, définies dans l'espace des images directement. Ces contours, après déformation, viennent épouser la forme de l'objet à reconstruire. L'idée de ce type de modèle a été largement influencé par les travaux de Kass *et al.* [26]. D'un point de vue physique, les modèles

déformables s'apparentent à des corps élastiques qui réagissent naturellement à des forces et contraintes qui leur sont appliquées.

Les modèles déformables sont différents selon le type de surfaces utilisées : les surfaces paramétriques ou les surfaces implicites. Après une initialisation du contour initial arbitraire et simple (une sphère par exemple), celui-ci est déformé de manière itérative en fonction des caractéristiques des images pour s'ajuster aux frontières des régions. Les déformations sont définies sous la forme de forces intérieures et extérieures qui proviennent de données calculées à partir des images. Les forces intérieures ont pour objectif de conserver la caractéristique lisse de l'objet tout au long des transformations. Les forces extérieures servent à déformer le contour pour le faire correspondre aux frontières de la région souhaitée. Ces forces sont obtenues à partir d'une énergie (un coût) comme l'intensité des pixels, et dont l'expression varie selon l'approche. Afin d'obtenir un modèle robuste contre les bruits et artefacts des images, ces méthodes de reconstruction prennent en compte des contraintes sous la forme de pré-conditions correspondant au résultat attendu de la surface. Les déformations appliquées permettent également d'avoir, pour les modèles finaux, une précision en dessous du voxel. Par la suite, en utilisant les avancées en matière d'apprentissage profond, de nouvelles méthodes dérivées et prolongées des modèles déformables ont été proposées.

Approches par contour paramétrique

Une courbe paramétrique est définie selon un seul paramètre, tandis qu'une surface paramétrique en nécessite deux. Un point P d'une surface paramétrée dans $\mathbb{R}^3$ a pour paramètres u et v tel que les coordonnées x, y et z de P sont dépendantes de u et v. L'avantage de ce type de représentation est de produire un modèle directement manipulable, pour des modifications manuelles ou pour le visualiser par exemple, pendant les déformations et une fois qu'elles sont effectuées. Pour rappel, le comportement physique de la déformation d'une courbe ou d'une surface paramétrique est lié à l'application des forces obtenues à partir d'une énergie créée à partir des images. C'est pourquoi la plus commune des approches consiste à trouver une minimisation de cette énergie, en proposant une configuration optimale du modèle dont le gradient fournit les forces à appliquer [27, 28]. Le principal inconvénient de ces méthodes est la difficulté à prendre en charge les auto-intersections du maillage durant les déformations [29]. Cheng et al. [30] implémente un terme supplémentaire dans la fonction d'énergie pour se prévenir des auto-intersections ce qui, en contre partie, accroît le coût et temps de calcul lorsque les faces sont proches.

Appliqué directement sur des données IRM, le logiciel *FreeSurfer* exploite les modèles paramétriques. Tout d'abord un maillage triangulé pour chaque hémisphère est généré [31, 32], basé sur la segmentation de la substance blanche. Une contrainte forte sur la topologie est imposée pour les maillages : être homéomorphe à une sphère. Des correctifs pour boucher les trous et assurer la continuité de la surface de chaque hémisphère sont alors appliqués [33], ce qui élimine également de potentiel tunnels. Ensuite, la position de la surface représentant la SB est affinée et une seconde, la surface piale (frontière entre la SB et le LCR), est placée à la limite extérieure de la SG [31, 34]. De manière générale, les changements de topologie du modèle sont difficiles à mettre en place avec les déformables paramétriques, comme la séparation ou fusion, car les solutions actuelles ne sont pas efficaces en terme de complexité temporelle.

Approches par contour implicite

Les modèles déformables implicites représentent un contour ou une surface sous la forme d'une fonction implicite f, qui attribue à chaque P de l'espace une valeur scalaire. Une courbe ou une surface implicite est alors définie comme l'ensemble des points qui satisfont $f(P) = 0$.

Ces méthodes de reconstruction donnent des solutions aux limitations énoncées concernant les modèles déformables paramétriques [35, 36]. Les approches utilisant la représentation implicite sont basées sur la « théorie de l'évolution de courbe » [37] et la « méthode des courbes de niveau » [97, 39]. Pour effectuer des déformations, les méthodes qui utilisent la théorie de l'évolution de courbe se basent les équations aux dérivées partielles (EDP). Les EDP sont utilisées pour décrire la relation entre la géométrie déformée d'un objet et une fonction implicite. Généralement, cette dernière est une fonction de vitesse qui, selon le temps, évolue dans une direction arbitraire reparamétrable pendant la déformation [40, 41]. Les méthodes des courbes de niveau, quant à elles, représentent le modèle sous la forme de lignes de niveaux de fonction 2D. L'évolution du contour s'effectue en mettant à jour, dans le temps, une fonction f à des coordonnées fixes [42].

Les méthodes implicites évitent ou corrigent les problèmes d'auto-intersections entre les éléments du modèle en cours de reconstruction, tant que le résultat est représenté sous la forme de fonction implicite [43, 44]. Le paramétrage du maillage n'est calculé qu'après avoir terminé les déformations et obtenu la forme souhaitée. Ainsi, pour extraire une surface de cette représentation implicite, une méthode d'extraction d'isosurface est utilisée, comme par exemple l'algorithme des *Marching Cubes* [4] (*cf.* Sec. 2.2.1.2). En fait, les modèles implicites ne fournissent pas explicitement les points qui composent le maillage et donc pour avoir une représentation 3D, une méthode d'extraction est nécessaire. Le maillage extrait est une approximation géométrique des surfaces implicites évaluées, et la topologie calculée est généralement préservée : sa conservation étant dépendante de la méthode de reconstruction choisie.

Approches par apprentissage profond

L'utilisation de méthodes d'intelligence artificielle et d'apprentissage profond connaît une forte croissance depuis la décennie précédente. En effet, les réseaux de neurones profonds (*DNN*) sont les systèmes privilégiés dans le cadre de la reconstruction 3D en imagerie médicale, et plus particulièrement les réseaux de neurones convolutifs (*CNN*). L'amélioration des applications basées sur des réseaux de neurones profonds pour l'imagerie médicale ont permis de proposer de nouvelles stratégies et méthodes pour reconstruire des images médicales incomplètes [45], mais pas seulement. En ce qui concerne les approches se focalisant sur la reconstruction 3D de modèles continus, ces méthodes sont des dérivées et prolongements des modèles déformables, dont la représentation est implicite ou paramétrique.

Des applications bout en bout dédiées aux modèles paramétriques sont proposées à base de DNN [46, 47, 48]. Directement appliquées à l'imagerie médicale, deux méthodes se démarquent principalement : *Voxel2Mesh* [49] et *PialNN* [50]. La première approche propose un CNN dont l'architecture est basée sur un encodeur de voxels et de deux décodeurs, un pour les voxels et un pour le maillage. *Voxel2Mesh* encode le volume initial (les images) en plus petits volumes latents, qui servent en entrée du décodeur de voxels. Ce dernier permet de fournir un vecteur d'informations extraites des voxels. Le maillage initial, sphérique, est déformé progressivement par le décodeur de maillage qui utilise les caractéristiques extraites du décodeur de voxels. La densité du maillage est adaptative, et permet de représenter les zones complexes du cerveau. Afin d'éviter les auto-intersections, des termes de régularisation sont utilisés avec le risque de potentiellement trop lisser le maillage final. *PialNN*, en revanche, n'utilise pas de termes de régularisation lors de l'apprentissage de la reconstruction. Une surface continue de SB est attendue en entrée du CNN, qui déforme ensuite le modèle par trois blocs pour prédire la surface finale (SB et piale). Chaque bloc de déformation incorpore les caractéristiques des points correspondantes aux sommets de la surface de la SB et celles extraites des images IRM.

D'autres méthodologies, basées sur l'apprentissage de fonction pour la représentation de surface implicite, sont proposées pour extraire des nuages de points ou surfaces à partir d'images [51, 52]. Park *et al.* [53] proposent un modèle basé sur l'apprentissage supervisé, appelé *DeepSDF*, qui apprend une fonction de distance signée (*Signed Distance Function*, *SDF*) à partir de données volumiques. Sa particularité est de ne pas nécessiter une segmentation explicite de la région à reconstruire. Le contour de la surface est encodé de manière à extraire les points lorsque la fonction s'annule. Inspiré par cette méthodologie, *DeepCSR* [54] exploite les avantages de ne pas avoir recours à une segmentation pour reconstruire des surfaces corticales, divisées en deux hémisphères. Une grille cartésienne de points est créée en divisant de manière régulière la boîte délimitant le modèle suivant une résolution choisie. Le réseau neuronal entraîne la fonction implicite, prédisant alors la surface implicite selon chaque point. Un algorithme de correction topologique ainsi que les travaux de Bazin *et al.* [55] sont appliqués pour conserver l'homéomorphie [3] à la sphère [56].

Dans tout les cas, les modèles déformables paramétriques et implicites, avec ou sans l'utilisation de l'apprentissage profond, nécessitent de connaître au préalable la topologie finale du modèle (par exemple, savoir que l'objet final est un seul volume, homéomorphe à la sphère).

2.2.1.2 Algorithme des Marching Cubes

Approche standard

La méthode de reconstruction de surface à partir de données volumiques discrètes la plus populaire est celle basée sur l'algorithme des *Marching Cubes* (**MC**) [4]. Sa simplicité, robustesse et rapidité de reconstruction en ont fait l'un des algorithmes de reconstruction les plus utilisés, dans n'importe quel domaine nécessitant la visualisation d'un modèle 3D. La version standard des *MC* prend pour entrée des données discrètes 3D, sous la forme d'une grille régulière composée de voxels contenant chacun une valeur scalaire. Ainsi, en considérant pour chaque voxel leur centre comme point utilisable pour les MC, l'algorithme crée des « cubes » en combinant les informations suivantes : un point à la ligne y_i et à la colonne x_i de la tranche S_k est directement adjacent aux points x_i, y_i de la tranche S_{k-1}. Chaque centre de voxel est alors un coin du cube, et l'adjacence de deux voxels forment une arête du cube.

Le MC standard construit son maillage en traitant les cubes plan par plan de manière comparable à un scan. Pour chaque cube, l'algorithme examine chaque sommet (8 sommets dans le cas 3D) et classifie le sommet soit à l'intérieur ou à l'extérieur de la surface. Chacun des 8 sommets d'un cube peut être à l'intérieur ou non, ce qui aboutit à 2^8 configurations possibles. Ainsi, le cube correspondant est traité indépendamment, suivant l'un des 256 cas possibles selon la classification de ses sommets. Cependant, l'algorithme standard réduit les 256 cas à 15, en prenant en compte la similarité de rotation, de réflexion et d'inverse (*cf.* Fig 2.9). Lorensen *et al.* stockent ces configurations topologiques dans une table de correspondance (ou de cas), construite au préalable de l'utilisation de l'algorithme.

L'avantage de traiter cube par cube linéairement avec les *MC* est que les intersections sur les arêtes n'ont besoin d'être calculées qu'une seule fois. Plus précisément, une arête est partagée par 4 cubes adjacents, par conséquent un système de mémorisation permet de ne pas avoir à calculer plusieurs fois la position du point d'impact avec la surface. Les points insérés par les *MC* sont positionnés au centre des arêtes intersectées : la géométrie est ainsi arbitraire. À

3. Terme pour désigner que deux objets sont transformables l'un en l'autre à l'aide d'une transformation continue, sans modification topologique

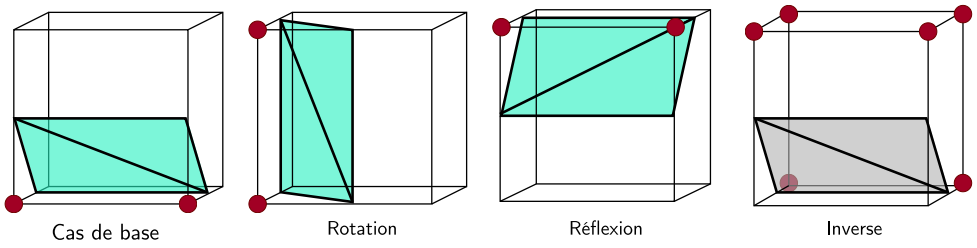


FIGURE 2.9 – Exemple d'utilisation des similarités pour le passage de 256 cas à 15, ici pour le cas 2 de la table standard des *MC*.

partir de l'identification de chaque cas pour les cubes intersectés et les points générés, les *MC* terminent la reconstruction en générant les faces correspondantes.

L'un des principaux problèmes que rencontre la version de Lorensen *et al.* est lié aux cas ambigus lors de la génération des faces. Cela implique que la cohérence et la justesse de la topologie de la surface extraite ne sont pas garanties par les MC standard (*cf.* Fig. 2.10). Le premier cas est lié au fait qu'une face partagée entre deux cubes adjacents est intersectée différemment dans chacun des cubes (*cf.* Fig. 2.10a). Cette différence résulte du fait qu'il existe plusieurs intersections possibles entre le cube et la surface dans chacun des cubes, et que les configurations par défaut ne sont pas cohérentes sur la face partagée. L'une des solutions directes et adoptées est de générer les cas uniquement avec la rotation et la réflexion [57, 58], car c'est l'exploitation de l'inverse qui injecte ces ambiguïtés dans les *MC* standard. La deuxième ambiguïté, découverte par Natarajan [60], ne concerne qu'un cube à la fois. En fait, il existe plusieurs manières de générer les triangles pour certaines configurations dans la table standard (*cf.* Fig. 2.10b). La conséquence négative de cette ambiguïté est que deux volumes reconstruits sont soit séparés, soit joints dans la même composante connexe. Concrètement, la solution privilégiée par la plupart des méthodes, pour lever les deux cas d'ambiguïté, est d'étendre la table de cas des *MC* [57, 58, 59, 61, 62].

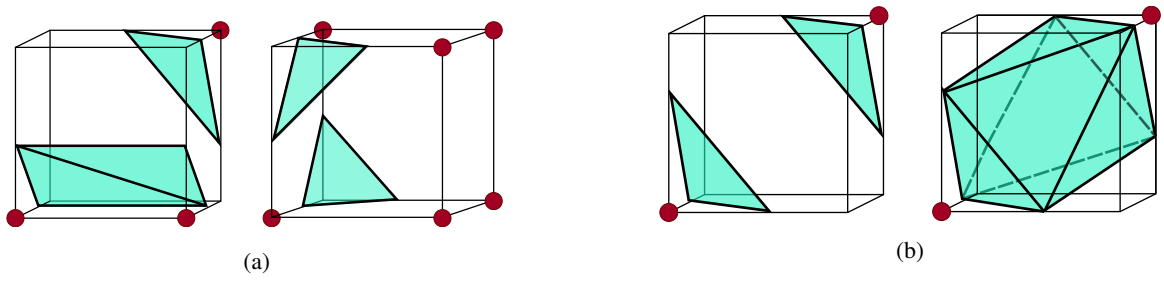


FIGURE 2.10 – Exemple des deux catégories d'ambiguïtés induites par la table standard des *Marching Cubes* : (a) triangulation incohérente au niveau de la face partagée entre deux cubes adjacents, causant une discontinuité dans la surface reconstruite (problème de cohérence) ; (b) deux triangulations possibles pour le même cas, qui n'entraînent pas de discontinuité dans la surface (problème de justesse).

Extraction d'Isosurface et Améliorations des Marching Cubes

L'une des utilisations de l'algorithme des MC concerne l'extraction de l'isosurface résultante des modèles déformables implicites (*cf.* Sec. 2.2.1.1). Une isosurface est définie comme la surface pour laquelle une fonction F satisfait l'équation 2.2, avec F une fonction scalaire dans $\mathbb{R}^3$, p un point dans $\mathbb{R}^3$ et α une constante communément appelée isovaleur.

$$F(p) = \alpha \tag{2.2}$$

Quel que soit l'algorithme utilisé en pratique, l'extraction d'une isosurface implique l'approximation par un maillage, où le champ scalaire n'est évalué qu'aux sommets du maillage. Une isosurface consiste en une seule composante, ou plusieurs disjointes.

Durant le scan des *MC* pour classifier chaque sommet des cubes, la valeur associée à un sommet est calculée puis comparée à celle de l'isovaleur α, agissant comme la valeur seuil. La localisation de l'intersection entre l'isosurface et une arête peut être estimée avec une précision en dessous de la résolution du voxel à l'aide d'une méthode d'interpolation. Les *MC* standard utilisent une interpolation dite linéaire pour estimer le point d'intersection (*cf.* Fig. 2.11). D'un point de vue géométrique, ce mécanisme permet de ne plus placer de manière arbitraire un sommet sur le centre des arêtes intersectées. Si les coordonnées V_s et V_e des extrémités d'une arête ont respectivement pour valeur L_s et L_e, alors étant donnée une isovaleur α, l'intersection I est définie selon l'équation 2.3 suivante :

$$I_{(x,y,z)} = V_{s_{(x,y,z)}} + \rho(V_{e_{(x,y,z)}} - V_{s_{(x,y,z)}}), \rho = \frac{(\alpha - L_s)}{L_e - L_s} \tag{2.3}$$

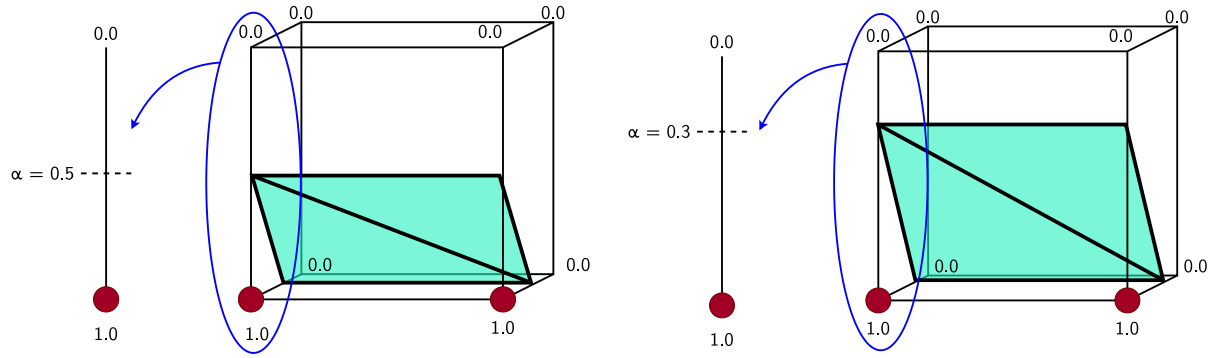


FIGURE 2.11 – Exemple de l'interpolation linéaire des points d'intersection avec l'algorithme des *MC*, en fonction de l'isovaleur et des valeurs sur chacun des sommets de l'arête : isovaleur égale à (a) 0.5, et à (b) 0.3.

Des cas dégénérés (arête de longueur nulle ou face non-plane) proviennent de la possibilité pour laquelle la valeur de l'isovalue est équivalente à la valeur associée à un sommet, impliquant qu'au moins un triangle est dégénéré pour tous les cubes incidents. Une manière de s'en prévenir est de choisir une isovaleur différente de toutes les valeurs attribuées [63], mais cela implique de connaître à l'avance le scalaire de tous les sommets.

La correction des problèmes de topologie liés à la reconstruction utilisant l'algorithme standard des *MC* est un sujet de recherche vaste. Comme précédemment précisé, de nombreuses publications ont proposé d'étendre la table de cas des *MC* afin de résoudre les problèmes de cohérence et de justesse dans le modèle reconstruit [58, 64, 65, 66, 59]. D'autres méthodes se basent sur l'utilisation d'un algorithme supplémentaire, qu'est le décideur asymptotique proposé par Nielson *et al.* [67]. Cet algorithme a pour but de corriger principalement les problèmes d'ambiguïté de justesse, en choisissant la configuration adéquate de triangles en se basant sur une évaluation des valeurs des sommets des cubes pour estimer une normale à la face, et donc orienter les triangles de manière cohérente [62, 69, 70]. Depuis quelques années, des expérimentations ont été menées pour proposer des variantes utilisant l'intelligence artificielle à travers des réseaux de neurones [68] ou d'apprentissage profond [71]. Ces approches produisent des modèles lisses mais ne contrôlent pas les auto-intersections et nécessitent une connaissance de la topologie à atteindre, bien que non garantie.

Enfin, des extensions ont été proposées comme l'algorithme des Dual Marching Cubes [72] (*DMC*), qui remplace les triangles par des quadrilatères afin de corriger les problèmes liés à la table de cas des *MC* standard. L'idée principale derrière les *DMC* est de représenter le dual des *MC*, c'est-à-dire qu'au lieu de générer des triangles à l'extérieur des voxels des données d'origines, les *DMC* créent des sommets et des triangles à l'intérieur de ces voxels. Cela a pour conséquence de reconstruire la surface intérieure des données volumiques plutôt que la surface extérieure. L'algorithme suit des étapes similaires aux *MC*, en analysant les valeurs aux sommets de la grille pour déterminer les intersections avec l'isosurface et évaluer la configuration prédéfinie à utiliser depuis une table de cas (*cf.* Fig. 2.12). Des améliorations ont été apportées par Grosso *et al.* [73] pour contourner les ambiguïtés topologiques découvertes, notamment en utilisant une version adaptée de l'algorithme du décideur asymptotique.



FIGURE 2.12 – Schématisation 3D et 2D du procédé de triangulation, pour une configuration de cube identique, par (a) les *Marching Cubes*, et (b) les *Dual Marching Cubes*.

2.2.1.3 Reconstruction multi-labels avec considération topologique

Pour rappel, les modèles à reconstruire dans nos travaux sont composés de volumes provenant de plusieurs tissus anatomiques segmentés à partir d'images médicales (*cf.* Sec. 2.1.5). Chaque segment de la grille de voxels de segmentation des tissus possède un label, unique. Dans ce cas, les données segmentées sont aussi appelées des données multi-labels. Les méthodes présentées précédemment sont en mesure de reconstruire chaque segment l'un après l'autre. Le modèle complet regroupant les labels reconstruits n'est donc pas garanti de posséder la topologie souhaitée (ni cohérente, ni juste). C'est pourquoi nous allons aborder les méthodes qui reconstruisent tous les segments, en une seule passe.

Lazar *et al.* [74] proposent une reconstruction surfacique prenant en compte des contraintes de connexité entre les sous-surfaces séparément et basée sur les travaux de Zou *et al.* [75] et Huang *et al.* [76]. Chaque surface est générée selon une topologie fixée en amont de la reconstruction. Pour s'assurer que la reconstruction prend bien en compte la topologie souhaitée, l'approche produit une formulation convexe des contraintes de consistence et de connexité connue pour la surface triangulaire finale. Ainsi, pour respecter cet ensemble de contraintes, des méthodes de relaxation optimisées sont employées. La principale limitation de cette méthode de reconstruction est de nécessiter des contraintes topologiques fortes avec les données d'entrées, qui peuvent être difficiles à connaître à l'avance, surtout dans le cas de modèles avec une géométrie complexe dont la topologie peut ne pas être arbitraire.

En l'absence de telles contraintes, Bruel *et al.* [77] propose d'utiliser l'homologie persistante pour définir la topologie du maillage final. L'homologie persistante est un outil permettant d'étudier les formes et d'extraire les caractéristiques topologiques d'un ensemble, ici d'un nuage de points. Ainsi en utilisant les informations obtenues grâce à cet outil, lors de l'extraction de la surface, la méthode de reconstruction prend en compte les contraintes établies sur la surface. Une fonction de courbes de niveaux (modèle déformable implicite) fait évoluer l'ensemble de

points en entrée en le déformant suivant la topologie attendue. Pour conserver l'homologie, une fonction implicite de vraisemblance est calculée pour identifier les points qui doivent être sur la surface en leur associant une valeur forte comparée aux autres, ce qui guide la procédure de triangulation. Cependant, le paramétrage des fonctions de vraisemblance est sensible et peut induire des erreurs topologiques dans le cas où l'optimisation topologique (répartition optimale des points dans l'espace) ne converge pas vers un résultat respectant la topologie attendue. Appliquée à l'imagerie médicale, cette approche ne garantit pas la topologie entre les différentes surfaces reconstruites, surtout dans les cas où la méthodologie d'extraction diverge.

Représenter les données multi-labels comme un nuage de points permet l'utilisation de la triangulation de Delaunay. Cette méthode subdivise l'ensemble en une structure triangulaire de manière à ce que les triangles soient le plus régulier possible en respectant des propriétés géométriques : angles proches de 60 degrés, pas de chevauchement, pas trop allongé. . ..

Selon la définition de Delaunay [78], un triangle, formé par trois points d'un ensemble donné, a un cercle circonscrit vide s'il ne contient pas d'autres points que les siens. Cela signifie que les autres points de cet ensemble ne peuvent pas être situés à l'intérieur de celui-ci. La condition de Delaunay stipule qu'un réseau de triangles est une triangulation de Delaunay si tous les cercles circonscrits des triangles du réseau sont vides (*cf.* Fig. 2.13). En étendant cette notion 2D, en remplaçant les cercles par des sphères, et les triangles par des tétrahèdres, la définition de Delaunay est appliquable à des données 3D (tétrahédrisation de Delaunay).



(a) (b)

FIGURE 2.13 – Triangulation (a) de Delaunay : aucun sommet du maillage n'est présent à l'intérieur d'un cercle circonscrit ; (b) mais pas de Delaunay : le sommet rouge est présent à l'intérieur d'un cercle circonscrit.

Des contraintes peuvent être appliquées sur la construction des différents triangles. Cette notion de triangulation de Delaunay restreinte [79] permet d'assurer la conservation de la topologie du nuage de points à reconstruire, tout en respectant les propriétés géométriques des triangles. Pons *et al.* [80] utilise cette méthodologie en l'appliquant pour un modèle déformable paramétrique. À chaque itération et donc déformation, la triangulation de Delaunay est recalculée pour assurer la topologie du maillage. Le contrôle des auto-intersections et de potentiels défauts topologiques sont donc assurés par la regénération du modèle. Cette approche est capable de reconstruire des nuages de points provenant de plusieurs matériaux identifiés à chaque point, mais nécessite quelques adaptations pour les cas avec trois matériaux et plus à cause du problème de triple jonction des courbes de niveaux [81]. L'interface entre deux matériaux est représentée géométriquement par deux triangles aux coordonnées identiques mais aux labels différents. Le maillage final est tétrahédrique, impliquant donc un maillage volumique qui peut prendre beaucoup de place en mémoire, et respecte la topologie du nuage de points initial (par exemple provenant d'une sphère ou de graines aléatoires). Le temps de reconstruction est cependant sensible à la densité du maillage : dix mille sommets nécessitent 1 seconde par itération, dans le cas de maillages faiblement denses comparés à ceux provenant d'images cérébrales (environ trente fois supérieurs). Par conséquent, la complexité temporelle augmente rapidement selon le nombre d'itérations nécessaire et le nombre d'éléments du maillage.

Inspiré de ce travail de Boissonnat *et al.*, implémenté dans le logiciel open-source *CGAL* (Computational Geometry Algorithm Library), le module « 3D Mesh Generation » [82] permet de reconstruire des maillages volumique à partir d'un nuage de points. Le maillage tétraédrique concerne des données multi-labels, et respecte également la topologie du nuage de points initial, modulo les paramètres géométriques utilisés pour la reconstruction. En plus de l'utilisation d'une triangulation restreinte, un rafinement de Delaunay [83, 84, 85] est utilisé pour vérifier et corriger les tétraèdres en fonction de divers critères comme la taille et la forme des cellules du maillage. Ce procédé permet d'obtenir une bonne répartition des sommets en garantissant la fin du processus d'affinement du modèle 3D (critères choisis par l'utilisateur), impliquant que la topologie peut être affectée au profit de la géométrie. Cela offre un compromis entre la qualité et densité du maillage (complexité). Ce rafinement est précédé d'une phase de protection des caractéristiques 1D pour s'assurer que le maillage converge peu importe les contraintes géométriques. Une caractéristique 1D fait référence à une entité géométrique telle qu'une arête ou un segment, et le mécanisme utilisé est celui des sphères de protection qui garantissent une distance minimale entre les sommets et les arêtes du maillage. Enfin, une phase d'optimisation après le rafinement permet d'améliorer la qualité du maillage en traitant les tétrahédres dégénérés. Appliqué aux données médicales cérébrales, ce module permet de produire des maillages tétraédriques respectant au mieux la topologie de la segmentation des tissus cérébraux. Cependant, les tétraèdres posent toujours des problèmes en terme de complexité mémoire pour les maillages denses.

2.2.2 Application des méthodes de reconstruction au médical

L'objectif de la méthode de reconstruction dans nos travaux est de fournir une représentation volumique des différents tissus segmentés d'un cerveau à partir de données discrètes médicales. Concrètement, ces données sont représentées sous la forme d'une grille de voxels et correspondent aux tissus du cerveau d'un patient sain ou non. D'un point de vue géométrique, les différentes surfaces doivent être superposables, c'est-à-dire que les faces à l'interface entre deux tissus soient géométriquement identiques, mais sans intersections entre leurs surfaces. Le côté adaptatif de la méthodologie est primordial pour respecter la généricité des patients et la présence potentielle de lésions dans les cerveaux. Afin de déterminer la méthode de reconstruction que nous allons utiliser, un bilan est décrit entre les différents types d'approches, avant d'établir des comparaisons qualitatives.

2.2.2.1 Bilan des méthodes

Les méthodes basées sur les modèles déformables ont été largement utilisées dans les images médicales : elles permettent également de segmenter des tissus ou lésions [86]. Exploiter des connaissances préalables anatomiques lors des déformations peuvent conduire à des résultats plus robustes et plus précis. Cependant, les modèles déformables ne peuvent être utilisées que dans le cas d'une topologie initialement connue [87]. Dans le cas du cerveau, ces méthodes n'ont été majoritairement imaginées que pour reconstruire la zone corticale du cerveau, et avec une contrainte forte sur la topologie : homéomorphisme à la sphère, sans trou ou anse. Sa principale application clinique et recherche est celle de la détection et suivi de lésion corticale et particulièrement la maladie d'Alzheimer, comme le propose l'un des outils logiciels les plus communs du domaine : *FreeSurfer* [88, 34].

Une extension des modèles déformables est leur exploitation par les techniques d'apprentissage profond. Cependant, plusieurs problèmes entravent les progrès de ces approches, notam-

ment en ce qui concerne la généralisation, la robustesse et l'explicabilité des résultats des DNN, ce dernier cas nécessitant une grande quantité de données d'apprentissage et en conséquence, s'avèrent coûteux en calcul [89]. La généralisation concerne la capacité d'un DNN à apprendre à partir d'un jeu de données et à appliquer le modèle avec d'autres jeux de données. En imagerie médicale, aucune approche DNN n'est universelle puisque les données peuvent changer drastiquement entre deux scanners IRM [90] en terme d'acquisition, même si le recalage des images dans un espace commun (MNI152 [91]) peut aider partiellement. Aussi, les recherches actuelles sont en très grande majorité portées vers la reconstruction surfacique corticale, car des contraintes fortes sur la topologie du maillage sont imposées pour connaître le résultat à l'avance (nécessaire pour un réseau de neurones). Les publications récentes montrent qu'une tendance à améliorer les versions existantes pour les surfaces corticales, comme Vox2Cortex [92] et CorticalFlow^{++} [93]. De ce fait, des données tumorales ou post-opératoire impliquant des perturbations dans la topologie de la structure des tissus ne sont pas prise en compte par ces modèles et produisent des résultats instables et différents de la réalité. Enfin, ces approches sont sensibles au contrôle des auto-intersections, dont la régulation et le test peuvent être coûteux [49, 92, 93].

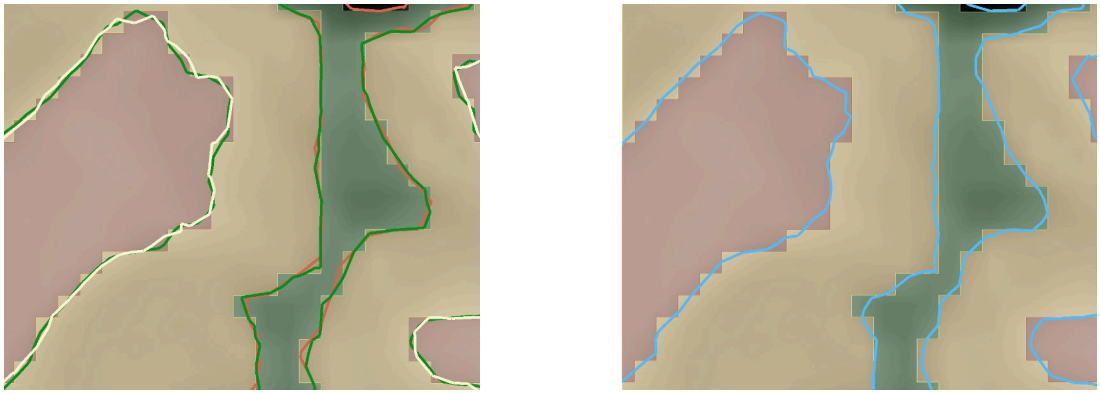
Afin de pouvoir reconstruire un nombre arbitraire de tissus, avec une topologie inconnue au préalable, les méthodologies intéressantes sont celles qui respectent au mieux la topologie de la segmentation des tissus. Cela permet d'étendre les cas d'utilisation à n'importe quel type de patient, bien que cela rende ces approches plus sensibles à la qualité de l'identification des tissus dans la grille de voxels. Cette gestion de la justesse topologique est néanmoins prise en charge par une structure annexe, étudiée dans la section suivante 2.3. La méthode des *MC* et ses extensions sont adaptées à l'utilisation dans le médical dans le cadre de la reconstruction de plusieurs tissus, sans intersection entre les surfaces générées. Le principe est de traiter les images IRM segmentées label par label, en utilisant des paramètrages sans interpolation géométrique (i.e. que les sommets des triangles sont toujours au centre des arêtes des cubes), ce qui permet d'obtenir une correspondance géométrique parfaite des faces communes entre deux tissus distincts. À titre d'exemple, l'algorithme des *Flying Edges* (*FE*) [1], une version parallélisée basée sur celui des *MC*, est présent dans l'un des logiciels courant de traitement et d'analyses d'images médicales qu'est *3D Slicer*.

Les méthodes de reconstruction développées pour être utilisées sur des données multi-labels sont utilisables avec l'imagerie médicale. Les données de segmentation des tissus sont des parfaites candidates pour ce type d'approche, puisqu'une grille de segmentation des tissus est facilement transformable en nuage de points : le centre des voxels équivaut à un point. Les méthodes proposées [74, 77, 82] permettent de respecter au mieux la topologie imposée lors du processus de reconstruction, que ce soit par une valeur arbitraire choisie par l'utilisateur, par l'étude avec l'homologie persistante ou par respect de la topologie de l'ensemble du nuage de points initial.

2.2.2.2 Étude qualitative de *CGAL*

La méthode de reconstruction utilisée par le module *3D mesh generation* de la librairie *CGAL* a été globalement décrite dans la section 2.2.1.3. Comme vu précédemment, un raffinement de Delaunay est préféré à une triangulation standard de Delaunay. La principale différence est l'ajout de points intermédiaires, qui en conséquence rendent plus dense le maillage : les points de Steiner. L'étape de reconstruction est hautement personnalisable avec différents paramètres pour les *facettes* de surface et les cellules de maillage (plus d'informations peuvent être trouvées dans la partie 2.4 de la documentation du module). La topologie exacte des données d'entrée peut être conservée, mais elle peut également être modifiée en raison de la variété des para-

mètres qui doivent être réglés pour obtenir un équilibre optimal entre la qualité et la densité du maillage. Le système de reconstruction proposé a été testé de deux manières : reconstruire indépendemment chaque segment (grille de voxel d'un seul tissu), ou reconstruire tous les tissus segmentés en même temps (*cf.* Fig. 2.14).



(a) (b)

FIGURE 2.14 – Reconstruction surfacique de trois segments (marron foncé et clair, et vert) en utilisant la méthode proposée par *CGAL*. Les modèles 3D sont représentés par les courbes qui parcourent les voxels des segments. À partir de ces données, deux possibilités s'offrent pour la reconstruction des segments : (a) chacun indépendamment, les courbes sont respectivement blanche pour le segment marron foncé, vert pour le marron clair et orange pour le vert ; (b) tous conjointement, les courbes bleus représentent sans distiction chaque segment.

La figure 2.14a montre que les différents tissus ségmentés ne peuvent pas être reconstruits séparément en raison d'une perte d'informations sur la connexité. Cette reconstruction souffre du chevauchement et des espaces vides générés par les surfaces non ajustées. Par conséquent, la meilleure solution est de reconstruire le maillage en une seule étape comme prévu initialement, en incluant chaque segment. Un ajustement parfait est réalisé entre chaque surface partagée par plusieurs segments, ce qui conduit à l'absence de trous et de chevauchements, comme le montre la figure 2.14b. Cependant, le modèle est tétraèdrique et ne différencie pas les tissus reconstruits, induisant une perte d'informations en raison de la présence d'une surface unique pour l'interface entre les surfaces générées. Des étapes supplémentaires de post-traitement sont nécessaires pour extraire la surface de chaque tissu, après l'étape de post-traitement pour transformer les tétraèdres en faces triangulaires, et ainsi réduire la complexité du maillage. Cette méthode n'est donc pas adaptée à nos besoins puisque les informations sur les tissus initiaux ne sont pas stockées, et même ignorées pour la partie géométrique. De plus, l'approximation géométrique effectuée par le processus d'affinement conduit à des résultats anatomiques inexacts car elle entraîne une perte de correspondance avec les données acquises.

2.2.2.3 Comparaison de méthodes de reconstruction 3D appliquées au domaine médical

Une étude comparative a été menée par Lechelek *et al.* [94] pour déterminer les avantages et inconvénients des méthodes de reconstruction proposées dans le logiciel *3D Slicer* et son module de recherche en radiothérapie *SlicerRT* [95]. Respectivement, ces logiciels libres proposent l'algorithme des Flying Edges (*FE*) [1] et de l'interpolation de contour (*IC*) [96]. Conjointement, une version récente de l'algorithme des Dual Marching Cubes (*DMC*) [73] et une méthode basée sur les modèles implicites de la partition multi-niveaux de l'unité (*PMU*) [97] ont été développés au sein de la solution *3D Slicer* pour permettre d'effectuer des comparaisons entre ces différentes méthodes de reconstruction. Cela a permis d'affiner le choix de la méthode à utiliser dans la suite de ces travaux.

Algorithme des Flying Edges

L'algorithme des *FE* est une version parallélisée de l'algorithme standard des *MC*. *FE* assurent la continuité de la surface reconstruite en résolvant les ambiguïtées des *MC* (ici, les problèmes de cohérence) durant le calcul des intersections. Tous les voxels du volume à reconstruire sont parcourus le long d'un axe (x,y ou z), pour déterminer et compter le nombre d'arêtes intersectées. Selon chaque axe, les sections (dans le cas des IRM, les coupes) sont traversées en parallèle et la première et dernière intersections calculées sont utilisées de sorte à réduire le nombre de voxels à considérer dans les étapes suivantes. Concrètement, au lieu de traiter l'ensemble de la grille pour les axes restants, les informations obtenues lors des intersections sont exploitées pour déterminer quelles arêtes restantes sont intersectées. Avant de calculer les points d'intersection et de générer les triangles, de la mémoire est allouée pour les contenir. La table de cas des *FE* est indexée par les arêtes, dont les combinaisons font référence aux cas des *MC*.

Algorithme du Dual Marching Cubes

L'algorithme des *DMC*, présenté brièvement dans la section 2.2.1.2, est une stratégie alternative aux *MC*, reconstruisant des maillages composés de quadrilatères uniquement. La version proposée par Grosso *et al.* [73] ne s'appuie pas sur une table de cas personnalisée pour générer ses faces. Le résultat de cet algorithme produit des surfaces étanches (sans discontinuités). Basé sur les cas standards de l'algorithme *MC*, il utilise un décideur asymptotique [98] pour résoudre les cas ambigus (pas de cas supplémentaires). Un algorithme de gestion de la valence des sommets est appliqué pour avoir une quadrature du maillage mieux formée, ce qui élimine la redondance des faces apparaissant lors des transitions entre les différentes couches.

Algorithme de l'Interpolation de Contour

L'algorithme d'*IC* présenté dans [96], et mis en œuvre dans *SlicerRT*, est une méthode de reconstruction de surface 3D fermée à partir de contours planaires. L'idée principale de l'*IC* est d'interpoler les contours transversaux adjacents, provenant des images IRM (ou CT), à l'aide de la reconstruction d'un maillage. Avant l'étape de triangulation, des correctifs sont apportés à l'ensemble de contours planaires initiaux. Lorsqu'un contour intérieur et un autre extérieur sont connectés, et donc considérés comme un seul et même contour, un trou de serrure apparaît. Ainsi, les trous de serrures des contours sont d'abord éliminés afin d'éviter des erreurs lors de la triangulation. Le correctif correspond à ajouter des points supplémentaires sur un contour s'il s'avère que deux points du contour ne respectent pas le critère de distance seuil. L'algorithme de triangulation est basé sur la variante de l'algorithme *PointWalk* qui triangule le maillage en minimisant la longueur des arêtes couvrant les contours à l'aide d'une méthode de programmation dynamique [99]. Une fois la triangulation terminée, l'algorithme scelle les contours externes pour construire la surface fermée à l'aide d'une triangulation de Delaunay.

Algorithme de la partition de l'unité à plusieurs niveaux

Présenté dans [97], l'algorithme du *PMU* interprète les contours planaires comme des points dans $\mathbb{R}^3$ et utilise des modèles implicites pour créer une surface qui s'adapte aux points 3D. L'idée de l'algorithme est de subdiviser l'ensemble de points dans l'espace à l'aide d'un schéma de subdivision récursif basé sur une structure octogonale, où l'estimation de la surface de chaque partition est effectuée localement et les fonctions implicites locales qui se chevauchent sont mélangées pour produire la surface globale. Les fonctions implicites *PMU* sont approximées à l'aide de fonctions quadriques locales par morceaux. Le choix de la fonction appropriée dépend des caractéristiques de surface locales impliquées par les normales des points.

Évaluation de ces méthodes

Ces méthodes de reconstruction ont été testées et évaluées à partir de plusieurs ensembles de données médicales, provenant soit de la base de données du service d'imagerie de la plateforme UHF (CHU de Poitiers) soit de celle de *3D Slicer* : cerveaux, os du crâne, ventricule et rein. Par soucis d'équité, les modèles reconstruits par les *FE* et les *DMC* sont également lissés suivant l'algorithme présenté par Taubin *et al.* [100], et plus particulièrement à l'aide d'un noyau d'interpolation de la fonction sinus cardinal fenêtrée. Le premier test consiste à mesurer la similarité entre le nuage de points extrait de la grille de voxels de segmentation des tissus et la surface reconstruite, pour les différentes données médicales (*cf.* Fig. 2.15). L'algorithme calcule pour chaque point de chaque ensemble la distance la plus proche par rapport soit à un point ou à une face de l'autre. Le deuxième test évalue la caractéristique de courbure de la surface reconstruite : le comportement de la courbure transmet des informations sur la forme locale de la surface et donne une idée du degré de lissage (un lissage trop important peut rendre irréaliste un résultat).

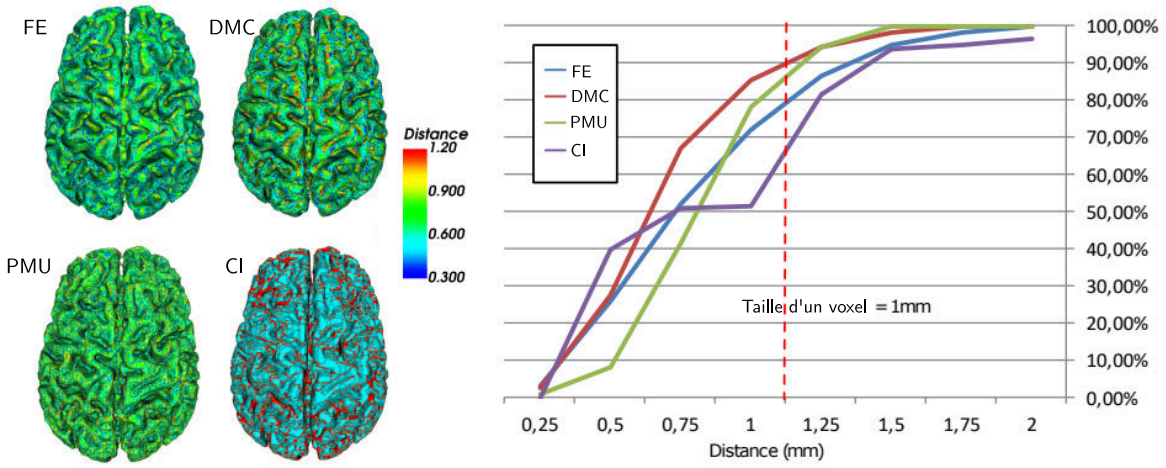


FIGURE 2.15 – Visualisation de la distance entre la segmentation et le modèle 3D. La taille des voxels de la grille de segmentation dans la direction XY est de 1mm : (à gauche) distances minimales calculées (le bleu reflète les faibles distances et le rouge les distances élevées) ; (à droite) pourcentage cumulé de la proportion d'éléments en fonction de leur distance à la segmentation (extraite et traduite de [94]).

D'après les résultats et discussions de l'étude, des conclusions ont été établies pour les différentes méthodes, incluant la reconstruction du cerveau. *CI* est assez imprécis dans le cas du cerveau, d'une part à cause des trous de cerrure bien plus nombreux dans les zones à géométries complexes du cerveau, d'autre part car cette méthode a été principalement imaginée pour des modèles plus petits. *MPU* semble être très précise pour certaines régions, mais extrapole pour d'autres. La convergence des modèles implicites permet de représenter plus précisément les zones complexes du cerveau en rendant le maillage plus dense, mais cela implique que d'autres zones sont trop lissées. *FE* et *DMC* semblent être plus proches en termes de résultats globaux. Avant le lissage, pratiquement aucune interpolation géométrique n'est appliquée sur le maillage, donc la forme intiale de la surface respecte au mieux celle de la grille de segmentation du tissu.

Au vu des observations précédentes, le choix de la méthode de reconstruction pour nos travaux se porte sur le *FE* ou le *DMC*. Le dernier test est de voir, sans lissage, la correspondance géométrique entre deux tissus adjacents (*cf.* Fig. 2.16). Le but est de s'assurer que la reconstruction des différents tissus du cerveau conserve la topologie de l'ensemble des données discrètes médicales, pour pouvoir reconnecter sans modification géométrique les différents tissus. La fi-

gure 2.16d démontre que les *DMC* ne sont pas adaptés à nos besoins, car la surface reconstruite représente l'intérieur du tissu, et donc qu'un manque de correspondance entre les surfaces de label différent est constaté. À l'inverse, les *FE* permettent d'avoir une frontière géométriquement exacte et superposable entre les différentes surfaces reconstruites (*cf.* Fig. 2.16c).

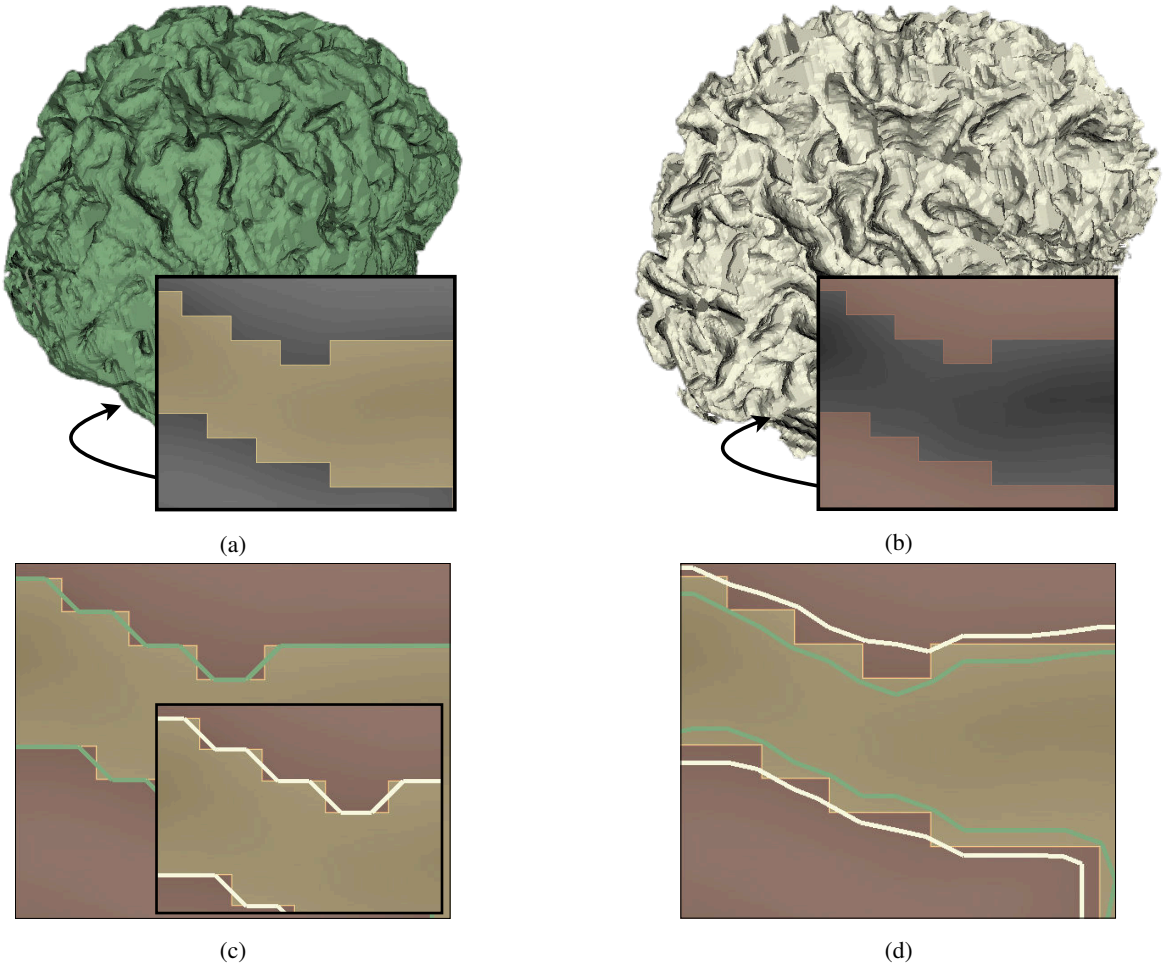


FIGURE 2.16 – Comparaison de la correspondance entre les surfaces reconstruites d'un modèle de (a) substance grise (segment marron clair) et d'un modèle de (b) substance blanche (segment marron foncé) par les méthodes des (c) *Flying Edges* et des (d) *Dual Marching Cubes*.

Les modèles déformables génèrent des modèles trop lissés ou trop denses lors de leurs tentatives, ce qui fait perdre potentiellement la cohérence entre les structures anatomiques établie par la segmentation des tissus. Les méthodes basées MC peuvent respecter la topologie initiale, mais la topologie globale entre les différents labels reconstruits nécessitent d'être étudiée et gérée par une structure topologique.

Dans nos travaux, nous avons choisi d'utiliser l'algorithme des *FE* comme point d'entrée de la reconstruction des tissus médicaux segmentés. L'utilisation du procédé simple et rapide des *FE* permet de produire des frontières cohérentes entre les segments de la segmentation des tissus cérébraux, et notamment garantit de construire des surfaces fermées.

2.3 Représentation volumique basée sur la topologie

Pour obtenir une reconstruction géométriquement au plus proche de la réalité des différentes structures médicales, il est utile de connaître les relations topologiques (adjacence, inclusion, etc.) entre les différentes régions. Représenter explicitement ces relations d'adjacence ou d'inclusion dans le modèle reconstruit permet de vérifier que certaines contraintes physiologiques de voisinage ou d'imbrication de structures anatomiques sont respectées. Parmi celles-ci, il est essentiel que le maillage ne contienne pas de chevauchements entre les volumes ou d'espaces vides, entre des structures anatomiquement juxtaposées, afin de correspondre à la réalité anatomique et d'être exploité pour des utilisations avancées (par exemple, la simulation). Ces contraintes font que le modèle à construire doit former une partition de l'espace 3D, dans laquelle chaque composante a ses propres zones de voisinage et caractéristiques. L'étude de la topologie peut s'effectuer dans l'espace des voxels avant la reconstruction d'un maillage ou sur le maillage obtenu après la reconstruction. Dans le premier cas il s'agit de la topologie discrète, qui est très utilisée dans le médical.

2.3.1 Topologie discrète

Nous nous basons sur la description de la topologie discrète (digitale) fournie par Pham *et al.* [56]. La topologie est directement étudiée dans l'espace voxel à l'aide d'une approche discrète proposée par Kong *et al.* [101], nommée « topologie discrète ».

La topologie, plus précisément la notion de connexité d'un objet défini par un ensemble de pixels/voxels, dépend d'un choix. En effet, la n-connexité est utilisée afin de préciser quels pixels/voxels sont considérés comme appartenant à la même composante connexe. Plus précisément, deux pixels/voxels sont connexes lorsqu'ils partagent au moins un sommet (8-connexité en 2D, 26-connexité en 3D) ou nécessairement une arête (4-connexité en 2D, 18-connexité en 3D) voire une face (6-connexité, en 3D). La figure 2.17 illustre ces connexités : 6-connexité en rouge, les sphères rouges et bleu correspondent à la 18-connexité et toutes les sphères autour de la sphère centrale forment la 26-connexité. La n-connexité concerne également l'extérieur d'un objet, mais elle ne peut pas être la même que celle choisie pour l'objet. En fait, les n-connexité fonctionnent par paires complémentaires afin d'éviter les lacunes (régions ni à l'intérieur, ni à l'extérieur de l'objet) ou les chevauchements (régions à la fois à l'intérieur et à l'extérieur de l'objet) lors du passage à une représentation continue de l'objet. En 2D, la n-connexité peut être 4/8 (objet/arrière plan) ou 8/4. En 3D, il peut s'agir de 6/18, 6/26, 18/6 ou 26/6.

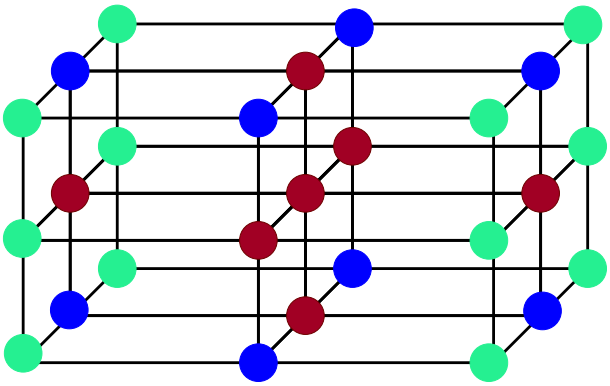


FIGURE 2.17 – Illustration de la connexité en 3D, où les sphères rouges indiquent une connexité de 6, les sphères rouges et bleus forment une connexité de 18, et toutes les sphères entourant le point central forment celle de 26.

Définition 1 (Notion de points simples) *Soit X un espace topologique discret et un point p ∈ X. p est considéré comme un point simple si pour un sous-ensemble quelconque S ⊂ X et p ∈ S, la suppression ou l'ajout de p ne modifie pas la topologie de S. Autrement dit, le nombre de composantes connexes n'est pas modifié suite à un changement opéré sur p.*

En topologie discrète, la notion de point simple est essentielle (*cf.* Déf 1) pour classifier les pixels/voxels par rapport à la n-connexité choisie. Par définition, toute transformation qui inverse l'étiquette d'un pixel d'une image binaire préserve la topologie si et seulement si ce pixel est un point simple. Ainsi un point simple est par définition un pixel qui peut être librement étiqueté comme étant à l'intérieur ou à l'extérieur d'un objet sans que la topologie de l'objet ne soit modifiée (*cf.* Fig. 2.18).

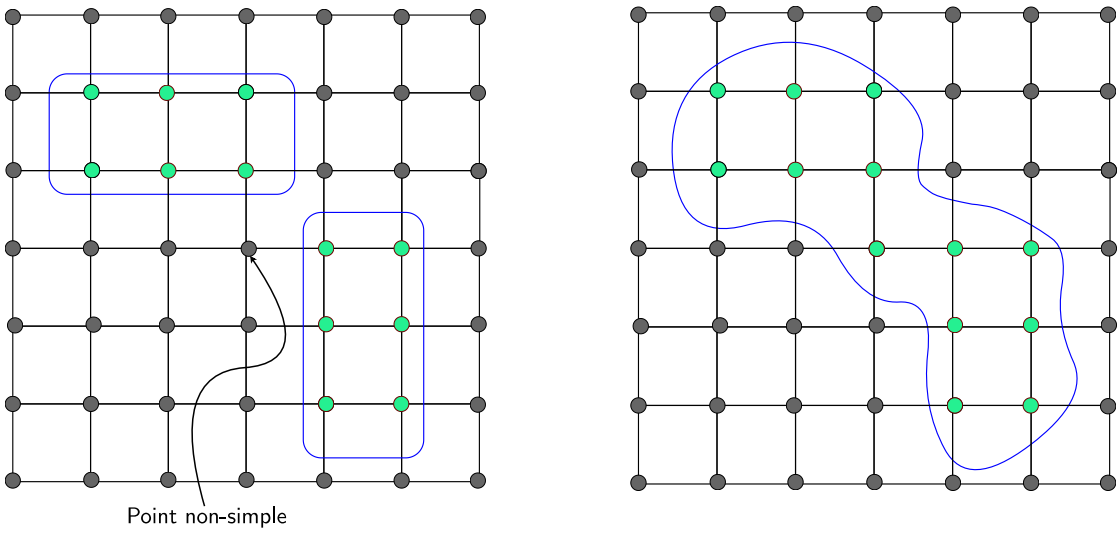


FIGURE 2.18 – Illustration d'un point non-simple avec une connexité 4/8 (objet/arrière-plan) : (a) si le point labelisé non-simple change de label, alors les deux objets 4-connexes (entouré d'un rectangle bleu) (b) fusionnent pour former un seul objet 4-connexes.

En fonction de la connexité, différentes interprétations d'un point et par extension d'un objet ont lieu. La topologie d'un ensemble de points est donc totalement dépendante de la connexité choisie, et le choix n'est pas trivial. En définitive, pour un même ensemble, sa topologie peut varier selon la connexité choisie.

La topologie discrète est un outil important pour la création et le post-traitement de grille de voxels de segmentation, par exemple en imagerie cérébrale [54, 55]. Cependant, l'utilisation d'un espace discret présente de nombreux inconvénients. Tout d'abord, le fait de devoir choisir une n-connexité par rapport à une autre a pour conséquence de modifier la définition des trous et des cavités, étant donné l'ambiguïté de la caractérisation d'un point simple ou non-simple. Ensuite, lors de l'extraction des surfaces à partir de la grille de voxels, la topologie ne peut plus être modifiée, à moins d'à nouveau extraire un maillage après avoir effectuer les modifications dans l'espace discret. Cela peut être problématique lorsque le maillage est simplifié, ou que sa géométrie ait changé, puisqu'aucun contrôle n'est possible sur le maillage. Enfin, la topologie du maillage extrait ne correspond par forcément à la topologie définie dans le discret. Pour pouvoir analyser et contrôler la topologie des surfaces extraites, un modèle à base topologique est nécessaire.

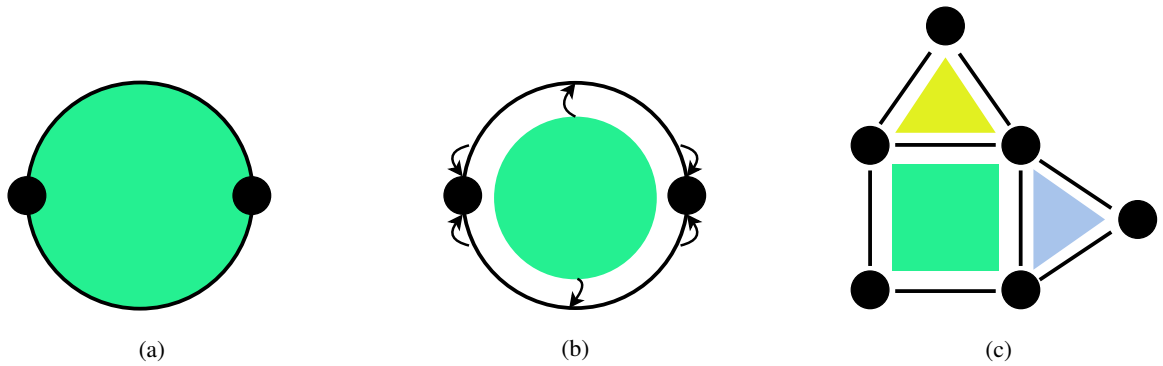
2.3.2 Modèles à base topologique

Dans le cadre de la modélisation géométrique, la topologie d'un objet est la description des propriétés qui le caractérisent en faisant abstraction de sa forme. Elle permet de décrire la structure d'un objet mais ne donne aucune information géométrique sur ce dernier. Les informations autres que topologiques sont appelées plongements. Les plongements géométriques permettent de décrire la forme de l'objet, comme par exemple les points $\mathbb{R}^3$ associés aux sommets, les courbes associées aux arêtes, la couleur aux faces.... Il est donc nécessaire, pour définir un modèle géométrique, de coupler un modèle topologique avec un plongement, qui permet de définir la forme de l'objet modélisé [102].

Notre objectif est de définir un modèle pertinent dans le cadre de la représentation des tissus et lésions cérébrales en 3D. Pour cela, nous présentons différents modèles dits « topologiques » dont le principe est de subdiviser l'espace en cellules de différentes dimensions : sommets, arêtes, faces, volumes, etc.

2.3.2.1 Modélisation à base topologique

La modélisation à base topologique a pour objectif de représenter des subdivisions de l'espace en sous-ensembles appelés cellules topologiques. Chaque cellule a une dimension topologique : 0 pour les sommets, 1 pour les arêtes, 2 pour les faces, 3 pour les volumes.... Les cellules sont liées entre elles par des relations d'adjacence si elles sont de même dimension, d'incidence si elles sont de dimensions différentes. Le principe, issu de la représentation par les bords (*cf.* Fig. 2.19), est de représenter la topologie (structure) de la subdisvision d'un objet à l'aide d'un modèle combinatoire, par exemple : la structure d'arêtes ailées [103], les cartes combinatoires [104] ou les cartes généralisées [105].



(a) (b) (c)

FIGURE 2.19 – Les objets représentés par les bords sont décomposés en cellules de différentes dimensions : sommets, arêtes, faces et volumes. Une cellule est en relation avec celles formant son bord, et éventuellement avec celles au bord desquelles elles appartiennent. (a) Représentation par les bords d'un disque, sa face (dimension 2) est associée à 2 arêtes (dimension 1), elles-mêmes associées à 2 sommets (dimension 0) ; (b) vue éclatée du même disque où les flèches représentent les relations de bord entre les cellules ; (c) modèle cellulaire composé de 3 faces, 8 arêtes, et 6 sommets.

De nombreux modèles topologiques ont été proposés afin de représenter différentes classes d'objets géométriques. Ces différents modèles sont distingués suivant le type de cellules composant l'objet. Dans le cas d'une composition de simplexes (sommets, arêtes, faces triangulaires, volumes tétraédriques...), les modèles simpliciaux sont utilisés. Autrement, pour le cas de cellules quelconques, les modèles cellulaires sont nécessaires. Pour d'autres modèles, les cellules régulières (cubiques, simplex...) sont couramment utilisées pour représenter des maillages : la

subdivision n'est pas contrainte à une sémantique particulière et certains calculs complexes sont simplifiés grâce à la régularité de la structure des cellules.

Historiquement, les premiers travaux ont été dirigés vers de la représentation en 2D pour des problèmes divers comme la subdivision de surfaces et la représentation de complexes 2D. De nos jours, ces travaux ont été améliorés et généralisés à toutes les dimensions, ce qui aboutit à une grande diversité de modèles permettant de représenter des objets, allant de complexes de dimension n jusqu'à leurs sous-classes : variétés, quasi-variétés, variétés orientables sans bord...

Une variété de dimension n est l'assemblage de cellules de dimension n le long de cellules de dimension n-1, et tel que localement chaque point de l'objet est homéomorphe à une boule. Une quasi-variété (*cf.* Fig. 2.20) assemble de la même manière, à l'exception qu'une cellule de dimension n-1 ne soit incidente qu'à au plus de deux cellules de dimension n (*cf.* Fig. 2.20). Dans beaucoup d'applications comme l'architecture et le médical, les objets observés sont tous des variétés de dimension 3, c'est-à-dire constitués de volumes.

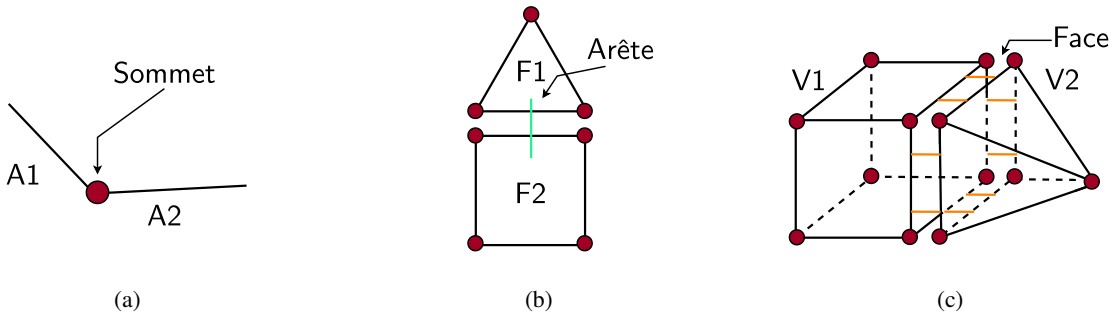


FIGURE 2.20 – Représentation de plusieurs quasi-variétés : (a) liaison de deux arêtes (dimension 1) par un sommet (dimension 0) ; (b) liaison de deux faces (dimension 2) par une arête ; (c) liaison de deux volumes (dimension 3) par une face.

Les modèles topologiques cellulaires peuvent être classés en deux grandes catégories : les graphes d'incidence et les modèles ordonnés. Les graphes d'incidence permettent de représenter des objets cellulaires quelconques, sans toutefois pouvoir représenter les relations de multi-incidence. Les objets sont représentés sous la forme de graphe, dont les nœuds correspondent aux cellules et les arcs correspondent aux relations d'incidence (*cf.* Fig. 2.21a). Des informations implicites sur le voisinage peuvent être extraites de cette structure : deux faces liées à une même arête sont adjacentes. Cependant, certains problèmes fondamentaux émergent avec la définition même de ce graphe. Avec seulement les informations d'incidences, tout type d'objets ne peut pas être représenté sans ambiguïté (*cf.* Fig. 2.21). C'est en particulier vrai pour les cellules de multi-incidence, dont il est notamment nécessaire de connaître l'ordre des cellules de leurs bords. Cette relation d'ordre entre les cellules n'est pas explicitement représentées, par l'exemple l'ordre des arêtes autour d'un sommet, or celle-ci est primordiale dans de nombreux algorithmes.

Contrairement aux graphes d'incidence, les modèles ordonnés peuvent représenter les relations de multi-incidence, ainsi qu'ajouter des contraintes de cohérence sur les propriétés topologiques des cellules ou objets. Aussi, comme leur nom l'indique, une relation d'ordre au sein des cellules incidentes est définie naturellement. Leur représentation se base sur des éléments plus « atomiques » que les cellules et sur des opérateurs prévus pour ces éléments. Lienhardt [106] a démontré que tous les modèles ordonnés sont équivalents, au domaine de modélisation près. Dans ceux-ci se retrouvent les cartes combinatoires [107], principalement utilisés pour représenter des objets subdivisés en cellules quelconques. Au sein de ces cartes se retrouvent la

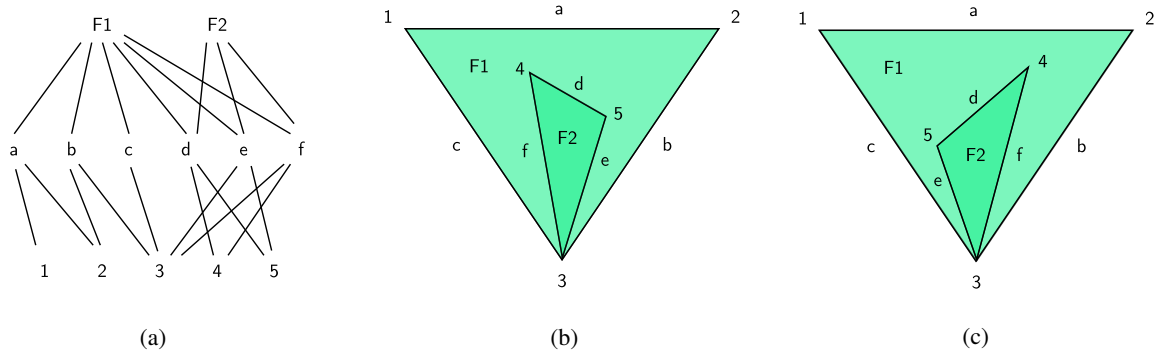


FIGURE 2.21 – Exemple de l'ambiguïté d'un graphe d'incidence (a) traduisant deux objets distincts (b) et (c). La face F2 est incidente aux arêtes d ; e et f dans (b) et (c).

famille des modèles orientés articulés autour des arêtes (*X-edge*) : demi-arêtes (*half-edge*) [108], arêtes ailées (*winged edges*) [103]. . .. À titre d'exemple, le modèle des demi-arêtes repose sur les relations d'adjacences entre les arêtes pour représenter un objet, permettant d'implicitement représenter les cellules de dimension supérieure. Les cartes combinatoires orientées utilisent le « brin » comme élément atomique, dont la correspondance 2D est la demi-arête. Elles permettent de représenter des subdivisions de surfaces orientables avec ou sans bord. Le modèle des cartes combinatoires a été étendu par Lienhardt [105] en dimension quelconque pour la représentation d'objets orientables ou non, avec ou sans bord. Ainsi, les cartes généralisées [105] permettent de représenter des quasi-variétés (orientées ou non) subdivisées [109]. Elles ont pour avantage par rapport aux cartes combinatoires (orientées) d'être homogènes en toute dimension, simplifiant l'écriture des définitions et des algorithmes.

2.3.2.2 Discussion

Une partie importante des travaux en modélisation géométrique porte sur la définition des modèles cellulaires afin d'associer une sémantique et un plongement aux cellules. Cette sémantique correspond généralement à des informations supplémentaires comme la nature d'un tissu biologique. La topologie est utilisée pour structurer et manipuler les informations de voisinage entre objets, liste de faces d'un volume ou les faces communes à deux volumes adjacents. Ces informations sont importantes pour diverses applications [110, 111, 112]. Elles sont utilisées pour structurer les données et travailler localement sur les cellules à traiter.

Dans le cas de l'étude des tissus cérébraux, le but est de représenter un cerveau (SB, SG, LCR) à travers notamment un maillage 3D, c'est-à-dire un objet réel. Par conséquent, le modèle topologique correspondant se veut orientable, fermé et composé de volumes (pour chaque tissus). En plus de la topologie, ce type de représentation nécessite les informations liées à la géométrie, pour visualiser les tissus reconstruits, et de sémantique, afin d'identifier à partir d'un élément à quel tissu il appartient. En terme de caractéristiques, le maillage doit être représenté sans espaces vides ou chevauchements, car ce n'est pas le cas dans un cerveau. Dans ce cas, nous avons besoin de représenter explicitement les relations d'adjacences entre les volumes reconstruits, pour contrôler le voisinage entre les cellules en s'aidant de l'information de sémantique (de quel tissu provient l'élement). Par exemple, dans un cerveau, la SG est entourée de LCR, et cela doit pouvoir être contrôlable dans le modèle. C'est pourquoi les cellules composant l'objet doivent être représentées ainsi que leurs relations d'adjacence [113].

Parmi les structures topologiques très connnues, les demi-arêtes et arêtes ailées sont restreintes aux maillages surfaciques, c'est-à-dire à des objets représentés uniquement comme un

ensemble de faces. En utilisant des modèles topologiques en 2D, il est possible d'identifier ces ensembles et de trouver des volumes en suivant les faces adjacentes, mais il n'est pas possible de relier ces volumes pour représenter une partition en 3D, i.e. assembler des volumes pour former des objets volumiques complexes de la même manière. Nous avons donc besoin d'une sorte d'extension des modèles 2D qui (1) représente explicitement les volumes, (2) ne contraint pas le nombre de faces dans les volumes et le nombre d'arêtes dans les faces, et (3) relie les volumes pour créer des objets ou des partitions 3D complexes. Les graphes d'adjacence ne permettent pas la multi-incidence [114] et la validité topologique du modèle est difficile à exprimer [115].

Dans ce cas, le choix logique est de s'intéresser aux modèles ordonnés. Une étude [106] a démontré que les modèles définis pour représenter les maillages 3D sont comparables aux cartes orientables 3D sans bord, et aux cartes généralisés 3D (pour n'importe quel maillage). Ainsi, notre choix est d'utiliser le modèle des cartes généralisées (G-Cartes) pour nos travaux. Les G-Cartes représentent implicitement des cellules, et permettent des opérations locales sur les cellules qui se propagent automatiquement aux cellules incidentes, tel que la suppression de faces (qui va supprimer les arêtes, brins incidents et reconstruire localement la topologie). Ce type de modèle topologique est généralisé pour ndimensions, et donc fonctionne pour les maillages 3D. Ces derniers sont représentés selon des volumes topologiques, avec leur relation d'adjacence et d'incidence explicite avec leur voisinage. Des propriétés comme l'orientabilité et la fermeture en toute dimension sont natives avec les G-Cartes. La géométrie et la topologie sont stockées dans une structure de plongements. Des travaux similaires sur certains aspects comme le contrôle et l'utilisation d'un plongement pour la sémantique ont été réalisés pour l'architecture de bâtiments [116, 117] en utilisant les cartes généralisées.

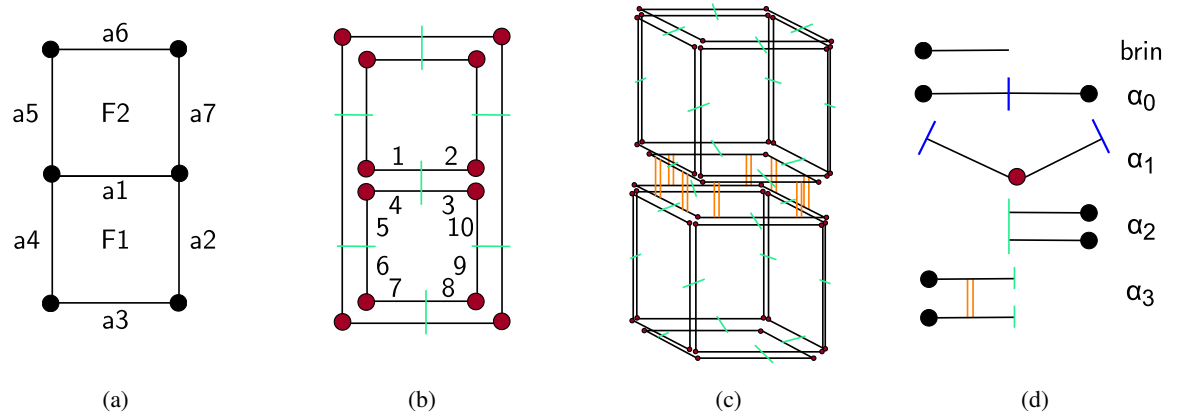
2.3.3 Cartes généralisées

Les tissus du cerveau (SB, SG, LCR, lésions...) sont des objets réels, et donc représentés par des volumes fermés et orientables, sans chevauchement ni vide entre eux. La subvision adéquate de l'espace est donc naturellement en volumes, faces, arêtes et sommets, définis par leurs bords en toute dimension. De plus, pour contrôler le voisinage entre les cellules, une représentation explicite des relations d'adjacences entre les volumes est nécessaire. Cela permet de vérifier que le modèle ne contient pas d'espaces vides. C'est pourquoi un modèle basé sur une carte généralisée, de dimension 3, est adéquate pour la représentation des tissus cérébraux.

Une carte généralisée de dimension *n*, notée *n-G-Carte*, est un modèle issu des cartes combinatoires permettant la représentation et la manipulation de la topologie d'un espace de dimension *n* subdivisé en *n* + 1 types de sous-espaces [105, 106]. La définition d'une G-Carte est basée sur un élément atomique et abstrait qu'est le « brin ». Un élément d'un sous-espace de dimension $i \in \{0,1,..,n\}$ est appelé une *i*-cellule : 0-cellule (sommets) ; 1-cellule (arêtes)... Chaque *i*-cellule est représentée implicitement par des brins reliés entre eux par des involutions notée α, et ses bords sont un ensemble de *j*-cellules, $j \in \{0,..,i-1\}$. Une involution α_i représente la relation d'adjacence de dimension *i* (*cf.* Fig. 2.22). Par exemple, α_0 représente un lien entre deux sommets, α_1 entre deux arêtes...

Définition 2 (Carte Généralisée de dimension *n*) *Une carte généralisée de dimension* $n \in \mathbb{N}$ *est une algèbre* $G = (B, \alpha_0, ..., \alpha_n)$*, où :*

- *B est un ensemble fini de brins ;*
- $\alpha_0, ..., \alpha_n$ *sont des involution sur B ;*
- $\alpha_i\alpha_j$ *est une involution,* $\forall\ i, \forall\ j, 0 \leq i \leq i+2 \leq j \leq n$.



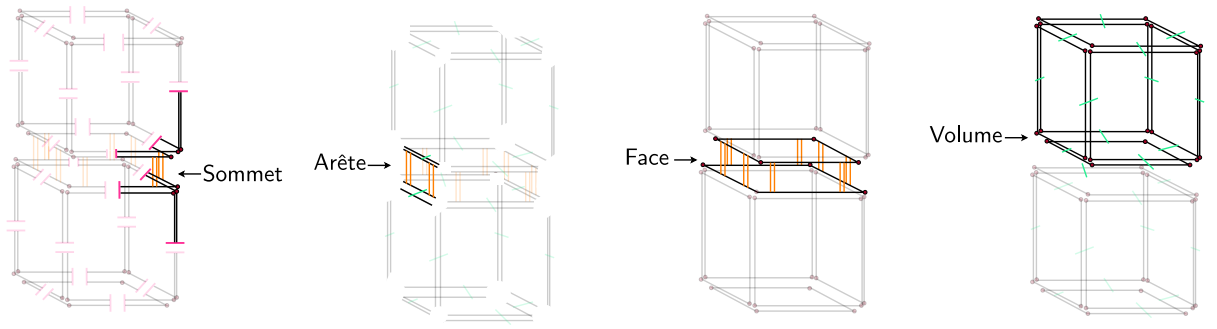
(a) (b) (c) (d)

FIGURE 2.22 – Représentation des G-Cartes : (a) un objet 2D constitué de 3 faces, 6 arêtes et 5 sommets ; (b) la G-Carte correspondante : les brins 1,2,3,4 représentent l'arête a1, les brins 3,4,5,6,7,8,9,10 représentent la face F1 ; (c) l'objet 3D composé de deux volumes, liés par α_3, représentés avec les 3-G-Cartes ; (d) représentation des involutions. Dans la plupart des schémas, les liens α_0 ne sont pas représentés pour faciliter la lecture.

En utilisant les involutions, les relations d'adjacence sont définissables. Dans ce cas-là, il s'agit de la notion de couture, et elle se définit sur les brins directement. La relation d'adjacence entre deux brins *b* et *b'* peut se définir de la manière suivante :

- Si $\alpha_i(b) = b'$ et $b \neq b'$, alors ces brins sont *i*-cousus ;
- Si $\alpha_i(b) = b'$ et $b = b'$, alors *b* est dit *i-libre*.

En appliquant un ensemble d'involutions à partir d'un brin *b*, on obtient une orbite de *b*, et donc l'ensemble des brins sur l'orbite. Une *i*-cellule est une orbite particulière de toutes les involutions à l'exception de α_i. La figure 2.23 illustre la décomposition d'une 3-G-Carte en cellules, avec leurs orbites correspondantes.



(a) (b) (c) (d)

FIGURE 2.23 – Une cellule est obtenue à partir d'un brin et d'une orbite. Dans le cas 3D : (a) $\langle \alpha_1, \alpha_2, \alpha_3 \rangle$ pour les sommets ; (b) $\langle \alpha_0, \alpha_2, \alpha_3 \rangle$ pour les arêtes ; (c) $\langle \alpha_0, \alpha_1, \alpha_3 \rangle$ pour les faces ; (d) $\langle \alpha_0, \alpha_1, \alpha_2 \rangle$ pour les volumes.

Les G-Cartes peuvent représenter des objets orientés (ou non). Pour symboliser l'orientation, un booléen est utilisé, souvent nommé *marque d'orientation*. La propriété d'orientation est définie telle que deux brins adjacents ont une valeur opposée sur cette marque d'orientation pour toute dimension (*cf.* Déf 3). Ainsi, une G-Carte est orientable si à partir d'un brin *b* quelconque, son orbite $\langle \alpha_0 \circ \alpha_1, \alpha_1 \circ \alpha_2, \alpha_2 \circ \alpha_3 \rangle = \langle \alpha_{01}, \alpha_{12}, \alpha_{23} \rangle$(b) contient un brin sur deux. Dans ce cas, deux sens d'orientation sont possibles.

Définition 3 (Orientation) *Une G-Carte (B, α_0, ..., α_n) orientable* $\Leftrightarrow \forall\ b \in B, \forall\ i \in \{0,1,..,n\}$, *Orientation(b)* $\neq$ *Orientation(αi(b)).*

En utilisant les involutions, les G-Cartes peuvent être définies comme fermées ou non. La propriété de fermeture est définie telle qu'aucun brin n'est lié à lui même (*cf.* Déf. 4). Dans le cas contraire, la G-Carte est considérée ouverte, et ne peut pas représenter un objet réel. Intrasèquement, un volume fermé est une 3-cellule pour laquelle tous ses brins sont liés à un autre volume. Cela permet de détecter automatiquement la présence d'un espace vide.

Définition 4 (Fermeture) *Soit G = (B, α_0, ..., α_n) une G-Carte. G est fermée si et seulement si* $\forall\ b \in B, \forall\ i \in \{0,1,..,n\}, b \neq \alpha_i(b)$.

Le degré d'une i-cellule C est déterminé par le nombre de cellules de dimension i+1 distinctes et incidentes à C. Par exemple, le degré d'un sommet correspond au nombre d'arêtes qui lui sont incidentes. Une *i*-cellule peut être catégorisée pendante en fonction de son degré et de celui de ses cellules incidentes. Dans le cas d'une arête, si son degré est de 1 et qu'elle est incidente à un sommet de degré 1, alors elle est pendante, sinon elle ne l'est pas. Cet exemple est illustré dans la figure 2.24.

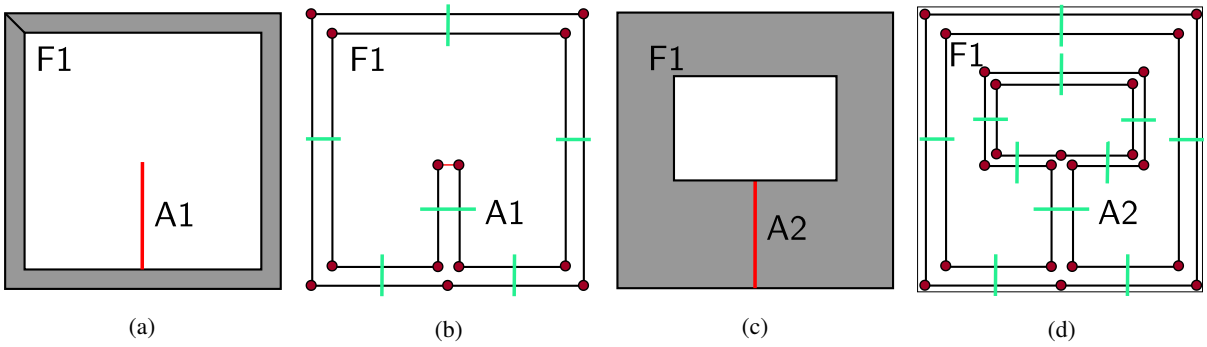


FIGURE 2.24 – Cellule pendante : (a) A1 est une arête pendante dans la face F1. Son degré est 1 et elle est incidente à un sommet de degré 1 (elle n'est reliée qu'à F1) ; (b) représentation de A1 en terme de G-Carte ; (c) A2 est une arête de degré 1 non-pendante car incidente à 2 sommets de degré 3 ; (d) représentation de A2 en termes de G-Carte

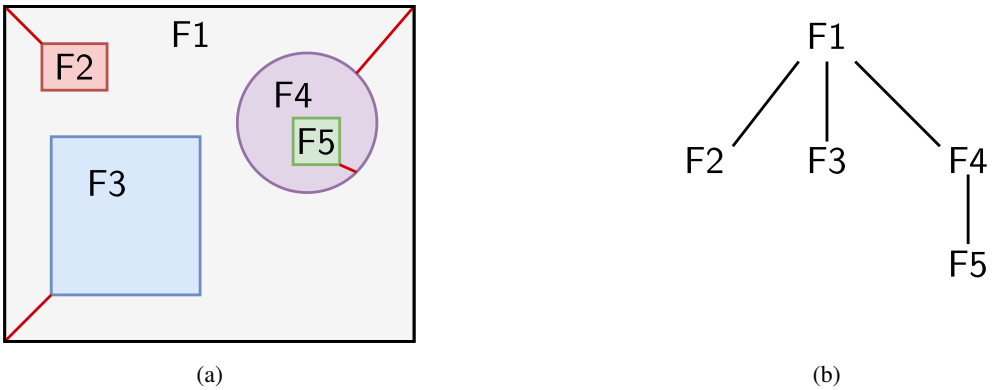
Généralement, les 3-G-Carte sont associées à un modèle géométrique, nommé *plongement géométrique*, pour pouvoir visualiser l'objet et ses formes. Les coordonnées dans $\mathbb{R}^3$ sont associées à chaque sommet, dans le cas d'un plongement géométrique linéaire (cas courant).

Gestion de l'inclusion

La gestion de l'inclusion entre les cellules n'est pas représentable avec les involutions seulement, mais peut être représentée explicitement à l'aide d'une astuce. Une solution utilisée est d'avoir recours aux cellules fictives pour lier des cellules réelles. Dans une 3-G-Carte, selon la dimension des cellules à lier, des arêtes (2D) ou faces (3D) sont employées.

D'un point de vue purement topologique, une cellule fictive de dimension n, par opposition à une cellule *réelle*, est de degré 1 (c'est-à-dire incidente deux fois à la même cellule de dimension n+1) et non pendante (*cf.* Fig. 2.24c). Dans le cas 2D, les arêtes fictives servent à connecter deux faces, l'une étant incluse dans l'autre, tandis que dans le cas 3D, les faces fictives relient des volumes, inclus l'un dans l'autre, entre eux. Ainsi, une relation d'inclusion entre les cellules liées par élément fictif est créée. Une cellule fictive ne possède pas de plongement, elle est donc purement topologique. En prenant l'exemple des arêtes fictives, puisqu'elles n'ont qu'une existence topologique, elles peuvent être déplacées n'importe où à l'intérieur de la face, tant qu'elles n'intersectent pas des arêtes réelles et restent fictives.

Une autre solution existe pour représenter l'inclusion : l'arbre d'inclusion. Le parcours des cellules fictives permet de construire un arbre d'inclusion correspondant, et inversemment (*cf.* Fig. 2.25). Il s'agit d'une structure additionnelle, dont l'architecture est la suivante : pour un objet, la racine de l'arbre est le volume qui englobe tous les autres, et les nœuds plus profondemment stockés dans l'arbre sont les volumes inclus. L'inclusion entre deux volumes est représentée par une branche, qui relie un nœud N_1 à un nœud fils N_2 inclus. Aussi, à chaque modification de la topologie de la G-Carte, l'arbre doit être mis à jour, et sa complexité temporelle dépend de celles des opérations sur l'arbre (parcours, suppression, ajout, mise à jour). En définitive, l'utilisation d'un arbre d'inclusion et/ou des cellules fictives est un choix d'implantation puisque ces représentations sont équivalentes.



(a) (b)

FIGURE 2.25 – Représentation d'un objet 2D avec les liens d'inclusions entre ces cellules. (a) l'objet avec des arêtes fictives en rouge ; (b) un arbre d'inclusion correspondant.

2.4 Conclusion

Les médecins travaillent essentiellement en visualisant les coupes 2D des images médicales acquises, notamment dans le domaine de l'imagérie par résonance magnétique. Dans le cadre de l'imagerie du cerveau, les techniques de segmentation des tissus cérébraux ont connu un essor pour améliorer la qualité de l'identification des tissus et des lésions sur des images plus ou moins fortement contrastées, plus ou moins de bonne qualité. Bien que la représentation des piles d'images 2D par une grille de voxels des tissus segmentés permet de pouvoir identifier, quantifier et mesurer des caractéristiques particulières à moindre effort pour les médecins, les problèmes liés au recouvrement partiel des voxels par les tissus, la résolution et la forme inhérente des voxels réduisent la qualité et la précision des études. Actuellement, dans la littérature, aucune méthode proposée ne permet de représenter fidèlement un nombre arbitraire de tissus cérébraux, surtout dans le cas de sujets non-sains.

Pour lever les ambiguïtés et les limitations de la représentation par voxels des images médicales, de nombreuses méthodes de reconstruction de maillage surfacique ont été proposées. Parmi ces méthodes, certaines sont pensées pour ne travailler que dans certains cas précis de structure du cerveau en utilisant les modèles déformables, ou par extension l'apprentissage profond. Étant réduites à des applications pour l'étude corticale, les méthodes de reconstruction qui nous intéressent sont celles plus généralistes, et qui ne font pas d'hypothèses préalables. Les méthodes basées sur l'algorithme des *Marching Cubes* permettent d'assurer une continuité dans la surface reconstruite, sans auto-intersection, mais sans garantir forcémment la topologie. En ce qui concerne les méthodologies avec considération topologique, celles-ci produisent un résultat au plus proche de la topologie de l'ensemble mais nécessitent soit de connaître à l'avance la topologie de chaque tissu cérébral, soit de faire une concession entre la qualité du maillage et

la topologie. Dans nos travaux, la topologie de chaque tissu n'est pas nécessairement connue puisque nous travaillons également sur des données lésionnelles ou post-opératoires. Ces dernières ont pour effet de modifier de manière non-connue à priori la topologie des structures. Ainsi, les méthodes de reconstruction permettant de produire des maillages continus sans interpolation géométrique sont les plus adaptées pour nos travaux, comme les méthodes basées *Marching Cubes*.

Afin de contrôler et manipuler la topologie, en imagerie cérébrale, les applications se servent exclusivement de modèles discrets pour modifier les grilles de voxels de segmentation des tissus. Cependant, la topologie n'est plus assurée ni contrôlée lorsque le maillage est extrait, et c'est pourquoi un modèle à géométrie continue et à base topologique est nécessaire. De nombreux modèles à base topologique pour le continu ont été proposés dans la littérature. Étant donné que nous avons besoin de représenter des volumes et explicitement leurs relations d'adjacence, un modèle en dimension 3 est privilégié. Aussi, dans nos travaux, l'information d'orientation ainsi qu'un plongement pour associer la nature du tissu aux éléments du maillage sont primordiaux. Les cartes généralisées orientées et plus précisément les 3-G-Cartes offrent des avantages non-négligeables, en plus d'opérations optimisées.

Dans ce mémoire, nous proposons un modèle à géométrie continue, volumique et adaptatif pour représenter les tissus cérébraux de patients sains et non-sains. Nous utilisons l'algorithme des *Flying-Edges* pour reconstruire les tissus en phase préliminaire, ainsi qu'une 3-G-Carte pour contrôler la topologie du maillage final. Le chapitre 3 décrit notre procédé de reconstruction topologique des tissus du cerveaux dans l'optique de produire un maillage au plus proche des données réelles. Ensuite, le chapitre 4 présente un cas d'utilisation plus spécifique du modèle reconstruit dans le domaine des neurosciences, pour l'aide à la visualisation et représentation de données médicales pour les médecins.

CHAPITRE 3

RECONSTRUCTION TOPOLOGIQUE 3D DE DONNÉES DISCRÈTES MÉDICALES

Sommaire

3.1 Vue d'ensemble de la méthodologie 42
3.2 Reconstruction des données discrètes médicales 45
3.3 Intégration des tissus reconstruits et corrections 49
3.4 Correction géométrique 55
3.5 Résultats et discussions 57
3.6 Conclusion et perspectives d'amélioration 67

Dans le chapitre 2, nous avons montré les limitations des méthodes usuelles dans le domaine du médical pour l'analyse et la représentation des tissus cérébraux, et souligné l'importance de manipuler un maillage 3D pour représenter les structures anatomiques. Cela nous a permis de conclure qu'une approche utilisant un maillage était plus appropriée qu'une représentation voxélique telle qu'une grille de segmentation des tissus. Cependant, reconstruire un maillage 3D n'est pas suffisant pour être le plus proche possible de la réalité. Même si chaque tissu est reconstruit correctement d'un point de vue topologique, l'inclusion dans un même espace de ces reconstructions ne fournit pas nécessairement une topologie globale correcte. Pour cela, un modèle à base topologique est nécessaire pour représenter les relations de voisinage et que de tels modèles ont été décrits dans le chapitre précédent.

Les travaux de ce chapitre portent sur une nouvelle méthode de reconstruction pour extraire un modèle volumique d'objets anatomiques segmentés composés de plusieurs tissus. La contribution repose sur la cohérence du maillage 3D avec les contraintes topologiques et sémantiques et sur la représentation explicite des relations d'adjacence. Les structures anatomiques étudiées ne contiennent pas d'espaces vides, sont exempts de chevauchement et possèdent des contraintes concernant leur voisinage. En pratique, de telles incohérences peuvent apparaître, ou de la donnée peut disparaître en raison de processus de reconstruction habituellement utilisés pour des applications différentes de celles souhaitées dans nos travaux. L'objectif principal de notre méthode de reconstruction pour les tissus cérébraux est de reconstruire un modèle géométrique et topologique au plus proche de la réalité en se basant sur les données discrètes acquises. Notamment, le maillage reconstruit est lisse et sans chevauchement en respectant la structure

anatomique et les contraintes topologiques. Afin de pouvoir être utilisé dans diverses applications, le modèle est adaptable, c'est-à-dire est capable de représenter également des lésions par exemple, et est enrichi par les informations topologiques et sémantiques.

Comme indiqué précédemment, le modèle représentant les différents tissus reconstruits possèdent plusieurs contraintes, notamment qu'il ne contient pas d'espaces vides et est exempt de chevauchement entre les volumes. Pour cela, nous utilisons comme point de départ pour reconstruire les tissus segmentés l'algorithme des *FE*, et exploitons le modèle topologique des G-Cartes pour les traitements suivants, pour entre autres, corriger le maillage. Le choix de la méthode des *FE* est basé sur le fait que celle-ci garantit la génération de surfaces fermées et permet d'avoir une correspondance géométrique exacte entre les faces communes de deux volumes adjacents, de provenance de segments différents. Cela implique, respectivement, la construction de volumes topologiques (correspondance topologique des surfaces fermées) et la faisabilité d'intégrer automatiquement les volumes de tissus distincts sans produire de chevauchement. Cependant, la méthode des *FE* n'assure pas que des espaces vides ne se créent pas au niveau des jonctions de plusieurs tissus. Ces espaces vides sont traités comme des volumes avec une sémantique particulière, puis sont corrigés grâce à des considérations d'ordres topologique et anatomique.

Dans ce chapitre, nous présentons notre méthode de reconstruction de données discrètes volumiques à partir d'images segmentées. Nous donnons dans la section 3.1 une description du modèle résultant de notre méthode de reconstruction, ainsi qu'un aperçu des différentes étapes qui mènent à sa création. Ces étapes sont ensuite détaillées dans les sections 3.2, 3.3 et 3.4. Enfin, nous décrivons dans la section 3.5 la reconstruction de plusieurs modèles de divers organes, puis nous présentons les résultats obtenus lors de l'évaluation de notre méthode de reconstruction. Disponible également dans cette section, un ensemble de comparaisons entre notre méthode, des méthodes plus standard et celle utilisée par le logiciel *FreeSurfer* sont détaillés.

3.1 Vue d'ensemble de la méthodologie

Nous proposons un nouveau système de reconstruction pour extraire un modèle volumique d'objets anatomiques segmentés composés de plusieurs tissus. La contribution repose sur la cohérence du maillage 3D avec les contraintes topologiques et sémantiques, sur la représentation explicite des relations d'adjacence, et sur la phase de nettoyage capable d'exploiter l'information sur les voxels de manière efficace par rapport à d'autres méthodes.

3.1.1 Description du modèle

Les éléments constituant un objet réel (ses divers volumes) ne doivent pas se chevaucher et aucun vide ne doit être créé entre ces éléments (*cf.* Fig 3.1). La représentation topologique d'un tel objet correspond donc à une partition de l'espace 3D (*cf.* Déf 5).

Définition 5 (Partition de l'espace) *Un ensemble P de sous-ensemble P_i de X, où i ∈ {1,..,n}, est une partition de X si et seulement si :*

- *Aucun sous-ensemble P_i n'est vide ;*
- *L'union des éléments des P_i est égal à X ;*
- *Les sous-ensembles P_i sont deux à deux disjoints.*

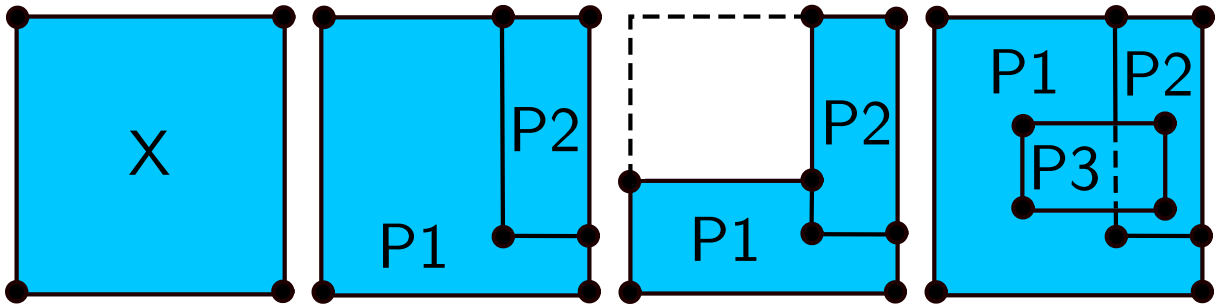


FIGURE 3.1 – (a) Un ensemble X, dont (b) est une partition de X en 2 parties. Les contraintes de la partition de l'espace sont respectées par les 2 sous-ensembles P_i. $P_i \neq \varnothing$; $\cup P_i = X$; $P_i \cap P_j = \varnothing$; (c) n'est pas une partition de X, car $\cup P_i \neq X$; (d) n'est pas une partition de X, car $P_1 \cap P_3 \neq \varnothing$ et $P_2 \cap P_3 \neq \varnothing$.

Le critère de partition de l'espace repose sur un mélange de géométrie et de topologie. Nous définissons alors les objets 3D que nous créons topologiquement de telle sorte que leurs cellules topologiques n'occupent pas le même espace et/ou sont reliées par des cellules de dimensions inférieures. Dans nos travaux, nous utilisons plus exactement une 3-G-Carte (que nous appelerons plus simplement G-Carte) pour associer les informations topologiques au modèle volumique des tissus cérébraux. D'un point de vue topologique, la G-Carte utilisée doit respecter les propriétés d'orientation (*cf.* Déf 3, p. 36) pour représenter un objet réel, et de fermeture (*cf.* Déf 4, p. 37) pour obtenir une partition de l'espace. La fermeture de la G-Carte implique qu'il n'y a pas de boucle dans le graphe et que les faces ouvertes sont interdites. Dans une partition de l'espace 3D, nous ne trouvons aucune zone vide. Le volume extérieur englobe les tissus cérébraux, et correspond au complémentaire du cerveau dans l'espace 3D. Celui-ci représente le reste du liquide céphalo-rachidien qui n'apparaît pas dans la segmentation, et ferme le modèle topologiquement. Le modèle reconstruit respecte les contraintes géométriques et topologiques récapitulées dans le tableau 3.1.

Géométrique	Topologique
Le modèle ne contient pas d'élément dégénéré (arêtes de longueur nulle, faces d'aire nulle)	Le modèle est orienté et doit être fermé en toute dimension
Le modèle est une partition de l'espace (deux cellules de même dimension ne peuvent occuper le même espace) et l'espace entier est occupé.	

TABLEAU 3.1 – Tableau des contraintes de la partition de l'espace 3D d'un objet réel

L'utilisation d'une G-Carte permet d'exploiter la représentation explicite des informations liées au voisinage, permettant, entre autres, d'améliorer l'efficacité des traitements en appliquant localement des opérations robustes et complexes. De plus, dans notre cas, nous utilisons une information sémantique spécifique au domaine pour assigner à chaque élément du modèle le label (*étiquette*) du tissu reconstruit correspondant. Cette information est conservée lors de la reconstruction et permet au cours des opérations topologiques de valider les contraintes liées à la nature tissulaire des éléments. Pour adapter notre méthode de reconstruction, un opérateur peut donner des invariants, exprimés comme un système de contraintes, notamment sémantiques. Ceux-ci sont vérifiés par le modèle reconstruit et corrigé en cas d'incohérence. Dans nos travaux sur la reconstruction de cerveau, ces invariants nous sont majoritairement fournis par des experts en radiologie, neuroradiologie et chirurgie, à travers nos collaborateurs et partenaires cliniques.

3.1.2 Aperçu du procédé de reconstruction

Pour rappel, les données discrètes fournies par l'IRM consistent en une partie délimitée de l'espace 3D représentée sous la forme de plans de coupe empilés. En utilisant un algorithme de segmentation, une grille de voxels est produite, où chaque voxel est annoté avec l'étiquette du tissu (dans notre cas, tissu cérébral) auquel il appartient. Cependant, certains voxels peuvent, en pratique, couvrir plusieurs tissus alors que la segmentation nous ne fournit qu'une seule étiquette. Aussi, en complément, la segmentation fournit également, pour chaque voxel, la probabilité d'appartenance aux divers tissus, grâce à l'effet de volume partiel (EVP). Nous utilisons cette information, l'EVP, à la fin de notre procédé de reconstruction pour contrôler, et corriger topologiquement et géométriquement notre modèle.

À partir de ces données de départ, afin d'obtenir un maillage précis et topologiquement correct, nous avons choisi de proposer un système complet ayant pour point de départ l'algorithme des *FE* associé à une G-Carte. Les différentes étapes de notre méthode sont présentées dans la figure 3.2 et les paragraphes suivants en donnent un aperçu.

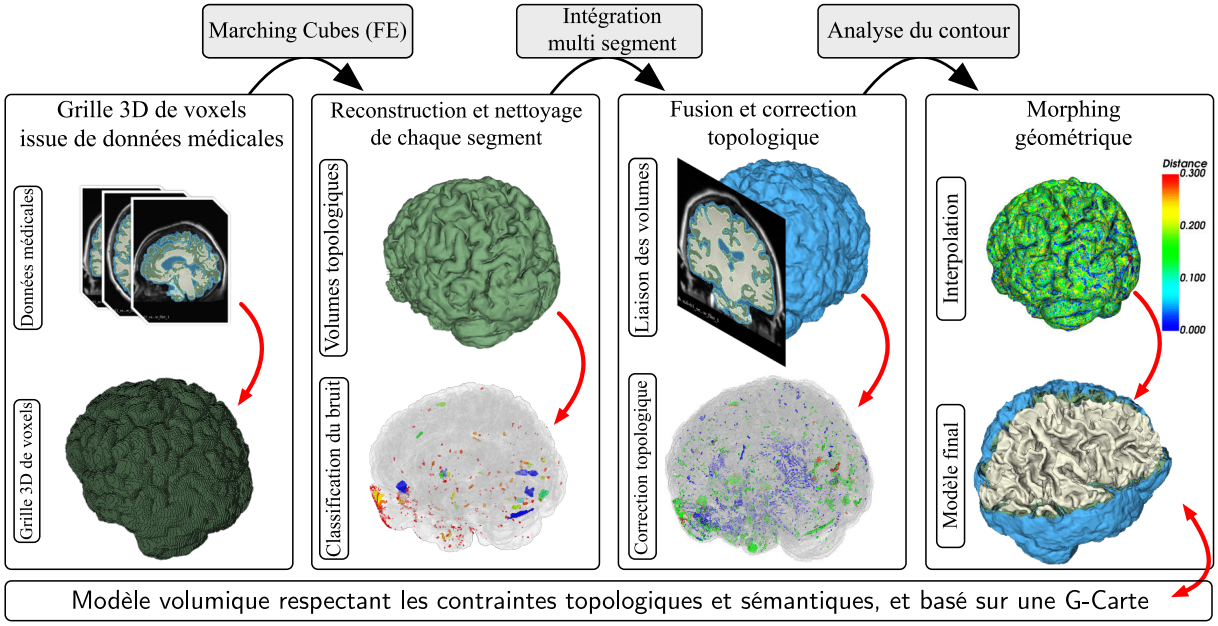


FIGURE 3.2 – Méthode de reconstruction : (1) reconstruction topologique basée sur une déclinaison des *Marching Cubes* et nettoyage du bruit de chaque tissu reconstruit indépendamment ; (2) fusion de tous les segments reconstruits, détection et correction des incohérences sémantiques et de voisinage ; (3) transformation géométrique pour déformer le modèle au plus proche des données acquises, en préservant les contraintes topologiques et sémantiques.

Le point d'entrée est l'algorithme des *FE*. Cette méthode garantit la continuité des surfaces reconstruites, ce qui permet de reconstruire des volumes topologiques fermés (le cerveau est en outre entièrement inclus dans la grille de voxels, son modèle n'est donc pas coupé en ses bords). La première étape consiste donc en une reconstruction topologique pour associer les surfaces générées par les *FE* à une G-Carte pour créer les volumes correspondant. L'information sémantique d'appartenance à un tissu est stockée pour préserver l'information sur la nature des tissus et un processus de nettoyage est appliqué pour éliminer les éléments indésirables correspondant au bruit d'acquisition.

Au cours de la deuxième étape, les volumes des tissus reconstruits sont intégrés dans le même espace (une seule G-Carte), puis reliés topologiquement par leurs faces communes lorsqu'ils sont adjacents. À cet instant, le modèle n'est pas encore une partition de l'espace 3D, et

il ne respecte pas encore les contraintes liées à la sémantique et la cohérence anatomique n'est pas vérifiée. Cette étape utilise alors les propriétés topologiques pour détecter et corriger les incohérences de voisinage, c'est-à-dire (i) les espaces vides et (ii) les voisinages anatomiques incorrects. Les opérations utilisées pour la résolution sont locales et exploitent uniquement les informations topologiques et la sémantique. Ainsi, après avoir appliqué les corrections, le modèle devient une partition de l'espace, dont seuls les aspects géométriques restent à être corrigés.

Dans la dernière étape, une transformation géométrique, préservant la topologie (homéomorphisme) et les contraintes sémantiques, est appliquée pour réduire la courbure moyenne des surfaces du maillage et calculer une forme aussi proche que possible des données d'origine. En déformant en fonction des informations sur les voxels, nous garantissons une meilleure adaptation de la forme construite aux données discrètes acquises. Les informations sur les voxels peuvent être des données statistiques calculées à partir de l'intensité des voxels, tout simplement, ou des données statistiques comme celles fournies par l'EVP.

Notre méthode produit automatiquement une partition de l'espace 3D (*cf.* Déf 5) correspondant à un maillage volumique à partir de plusieurs tissus segmentés ; en d'autres termes, le maillage est exempt d'espaces vides et de chevauchements de volumes. Cette partition présente des relations d'adjacence explicites définies par un modèle de G-Carte.

3.2 Reconstruction des données discrètes médicales

Dans cette section, nous décrivons les différentes étapes de la méthode de reconstruction d'un maillage 3D cohérent avec les contraintes topologiques et sémantiques. La méthode commence par une reconstruction et un nettoyage de chaque segment. Pour obtenir une représentation volumique des segments, deux étapes sont réalisées. Tout d'abord, chacun d'entre eux est reconstruit indépendamment. Un tissu reconstruit est généralement composé de plus d'un volume, où chaque volume est généré distinctement du reste grâce à l'utilisation des *FE*. Ensuite, une classification est appliquée afin d'éliminer les volumes indésirables (par exemple, les volumes de bruit) et de ne conserver que les volumes pertinents.

3.2.1 Surfaces géométriques

À partir d'une grille de voxels d'images IRM segmentée, l'algorithme des *FE* est appliqué pour reconstruire un maillage triangulaire à surface fermée (*cf.* Fig. 3.3) pour chaque tissu. La grille de voxels de segmentation des tissus est représentée comme suit : chaque voxel est étiqueté par une seule valeur, soit 0 s'il s'agit d'un voxel n'appartenant à aucun tissu étudié (référé comme un voxel *d'arrière-plan*), soit un nombre allant jusqu'au nombre de régions segmentées (information donnée par la segmentation) comme dans la figure 3.3a.

Cependant, pour pouvoir reconstruire chaque tissu indépendamment, la grille de segmentation avec les multi-label est transformée en grille de voxels par segment. Plus exactement, pour un segment, une grille noire et blanche est automatiquement générée : chaque voxel est binaire, et vaut 0 ou 1 selon s'il appartient ou non au segment à reconstruire (*cf.* Fig. 3.3b). Par conséquent, une isovaleur imposée de 0,5 pendant la reconstruction de l'isosurface génère des sommets au point médian des arêtes des cubes et donc au milieu des faces partagées par deux voxels adjacents (*cf.* Sec. 2.2.1.2).

La méthode des *FE* produit un partitionnement de l'espace en garantissant qu'une arête sur la grille des *MC* n'est intersectée qu'au plus une fois. Le choix de ne pas traiter les aspects

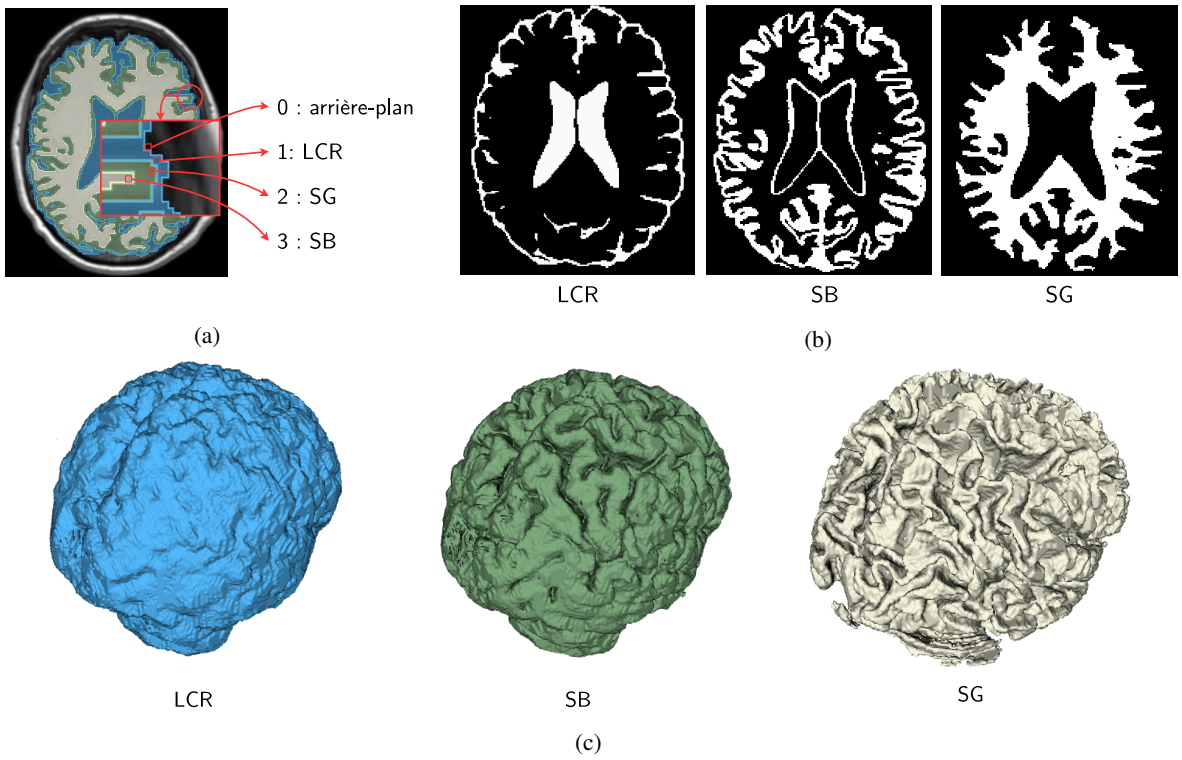


FIGURE 3.3 – À partir de la grille de voxels de segmentation des tissus cérébraux (a), une grille binaire de voxels est déduite pour chaque tissu (b). La méthode des *FE* est alors appliquée sur chacune de ses grilles, indépendament, pour reconstruire (c) un maillage surfacique fermé pour les 3 segments.

géométriques à ce stade de la reconstruction permet d'assurer la complémentarité des faces de tissus différents, les uns par rapport aux autres. En d'autres termes, deux tissus adjacents partagent nécessairement les mêmes faces (car bâties entre les milieux des mêmes arêtes) dans leurs zones de contact. Cela nous permet également d'appliquer toutes nos opérations topologiques (comme la fusion des volumes, *cf.* section 3.3) sans avoir à considérer les cas géométriquement dégénérés tels que les triangles plats. La géométrie est raffinée durant la dernière étape de notre processus, après toutes les corrections topologiques, pour garantir une bonne correspondance avec la forme réelle du tissu. Le modèle résultant est garanti sans auto-intersection ni chevauchement.

3.2.2 Volumes topologiques

Une fois les faces géométriques produites, nous reconstruisons la structure topologique à partir de l'ensemble des faces produites par les *FE*. Ce processus de reconstruction permet de construire l'ensemble des liens topologiques entre les cellules. En utilisant ce procédé, le modèle 3D produit est garanti de respecter les propriétés de fermeture et d'orientation, et est dépourvu d'éléments dégénérés. En fait, la reconstruction avec les *FE* garantit que ces incohérences géométriques n'existent pas. Cela concerne l'absence d'auto-intersections, les faces non planes et les arêtes de longueur nulle.

Puisque les *FE* reconstruisent des surfaces fermées, ces dernières forment des volumes topologiques. Pour générer ces volumes, la G-Carte associée est construite en utilisant le processus présenté par Belhaouari *et al.* [118]. Ce processus de reconstruction topologique permet de convertir un modèle géométrique en modèle topologique orienté et fermé en éliminant les incohérences géométriques telles que les arêtes et faces dégénérées. La figure 3.4 illustre les

deux principales étapes du processus : la construction des faces topologiques (*cf.* Fig 3.4b) et la reconstruction des informations de voisinage des faces à travers les involutions α_2 (*cf.* Fig 3.4c).

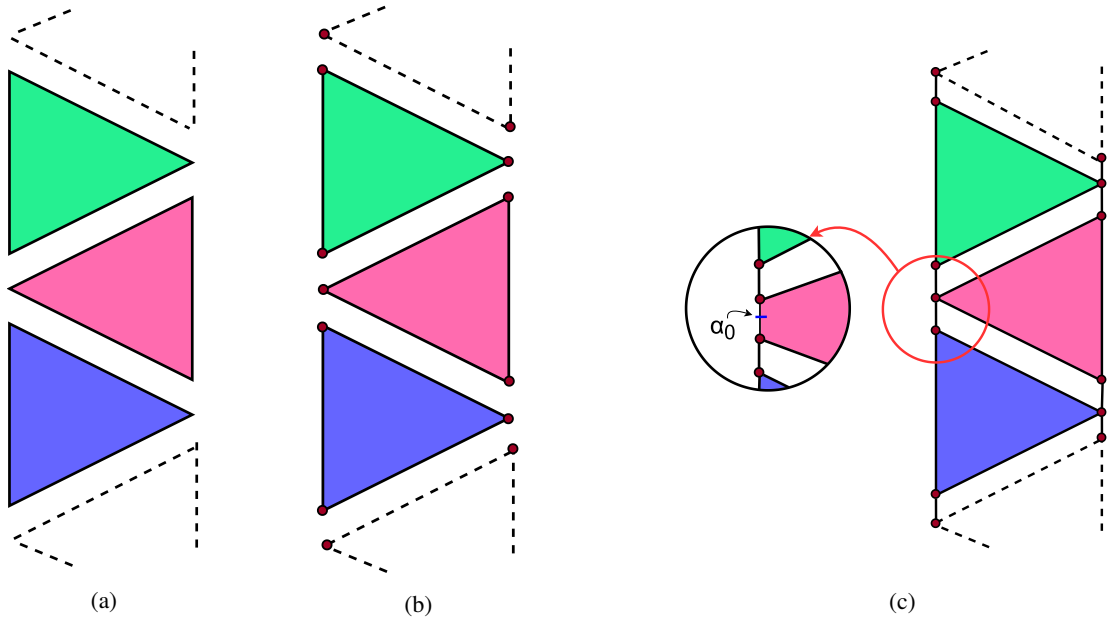


FIGURE 3.4 – Reconstruction topologique (vue éclatée) : (a) en entrée, une soupe de faces ; (b) chaque face géométrique correspond à une seule face topologique : avec α_0 et α_1 fermés, α_2 et α_3 ouverts ; (c) fermeture des liaisons α_2 : toutes les faces sont liées selon l'orientation. Le zoom sur les liaisons entre un sommet de la face rose avec un de la face verte et un de la face bleue met en évidence l'organisation des liaisons, en montrant la vue éclatée du sommet de la face rose.

À partir de l'ensemble des faces géométriques en entrée, sa correspondante topologique est créée. La méthode de reconstruction des *FE* garantit de ne pas avoir de cellules dégénérées (faces non-planes ou arêtes de longueur nulle). Chaque face compte n×4 brins, tel que n est le nombre d'arêtes, et les arêtes sont construites par les liens α_0, α_1. Ainsi, cette étape ferme les faces pour les dimensions 0, 1. La fermeture des faces en α_3 n'est pas effectuée durant cette étape, puisque celles-ci seront fermées dans une étape ultérieure pour permettre de relier les volumes des tissus entre-eux. De plus, une marque d'orientation est fixée sur les brins de la face afin de satisfaire la propriété d'orientation (*cf.* Fig 3.5). La seule dimension que la création de faces topologiques dans une 3-G-Carte ne prend pas en compte est la dimension 2.

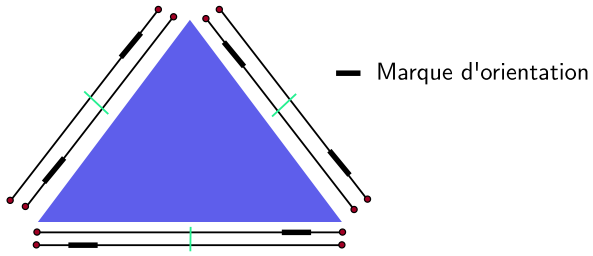


FIGURE 3.5 – Face topologique orientée : une marque d'orientation est définie pour les brins.

La fermeture en α_2 est nécessaire pour construire des volumes, en respectant à la propriété d'orientation. Cette étape s'articule autour des arêtes. Plus exactement, ce processus connecte autour de chaque arête géométrique les faces qui lui sont incidentes.

Concrètement, la construction de la G-Carte, à partir d'un ensemble de faces géométriques fourni en entrée, reconstruit les volumes topologiques correspondants. Dans ces volumes, les faces adjacentes sont explicitement reliées à leur bord commun par des liens α_2 (*cf.* Fig 3.6). En

plus de la construction des cellules topologiques, une information de sémantique est attachée aux volumes reconstruits. Cette donnée permet d'identifier l'appartenance des éléments topologiques à l'un des tissus reconstruits. Cette information est unique dans un volume et ses cellules incidentes, et est accessible directement à partir de chacun d'entre eux.

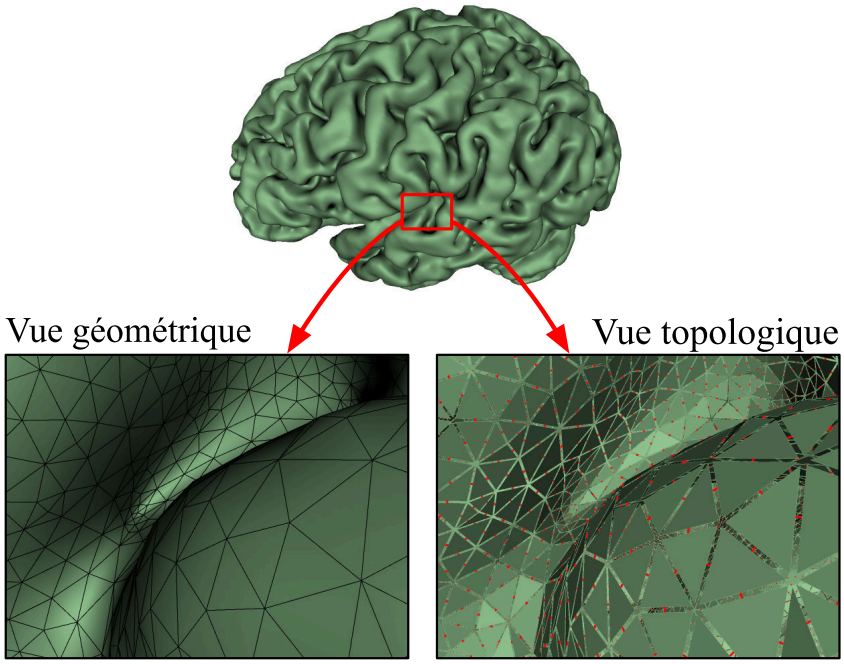


FIGURE 3.6 – Le maillage géométrique est associé à la 3-G-Carte correspondante. A droite, la vue topologique montre les liens α_2 (en rouge) entre les faces.

Il est à noter qu'à ce stade, les segments reconstruits ne sont pas encore reliés entre eux par des liens α_3. Chaque segment co-existe dans la G-Carte, mais aucun lien explicite ne les joint. Leur jointure est effectuée dans une étape ultérieure.

3.2.3 Traitement initial local des volumes

La deuxième étape consiste à éliminer les volumes correspondant au bruit produit pendant la phase d'acquisition. À ce stade, chaque volume est identifié et ses caractéristiques topologiques et géométriques sont calculées individuellement à l'aide de la structure des cartes généralisées. Une G-Carte permet de réaliser localement ces calculs sur chaque volumes (3-cellules). La figure 3.7 présente un exemple de classification, basée sur la volumétrie de chaque volume topologique.

Afin de nettoyer le bruit présent dans les modèles reconstruits de chaque tissu, une classification des volumes topologiques est effectuée. Dans notre cas, le terme « classification » est utilisé pour séparer les volumes qui sont considérés comme du bruit, et ceux qui doivent être conservés. Parmi ces derniers, des volumes sont identifiés comme étant les *composants principaux* et désignent les objets les plus grands en terme de volume et de nombre de faces, et leur nombre par tissu dépend de leur nature. Les objets plus petits et éloignés des composants principaux sont qualifiés de volumes de bruit. Le volume est mesuré au moyen d'une décomposition tétraédrique, à l'aide de la bibliothèque Tetgen [119] capable de traiter les volumes convexes et concaves, et à qui nous fournissons, un par un, les volumes de la G-Carte. La figure 3.8 montre le résultat de la classification multicritère où les volumes considérés comme inutiles peuvent

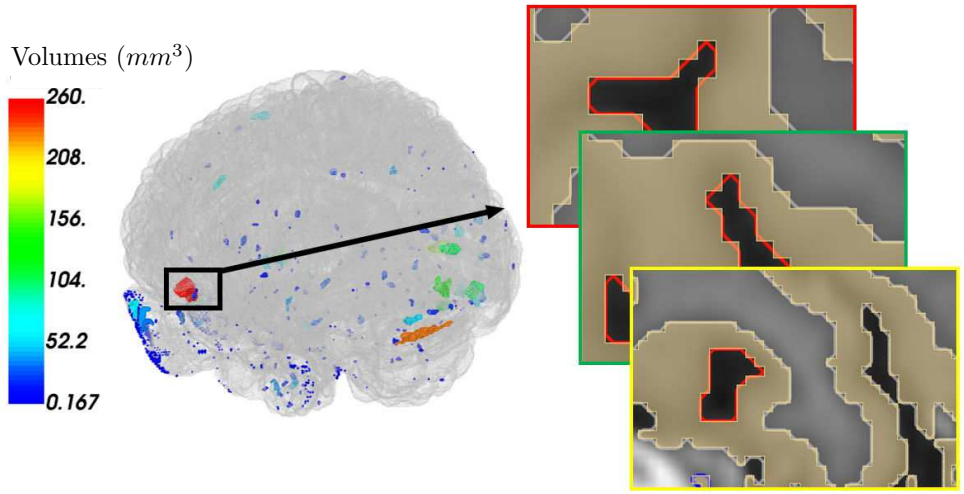


FIGURE 3.7 – L'identification directe de chaque volume topologique permet de mesurer rapidement sa taille. Une première analyse permet de classer les principaux composants (en blanc) du segment reconstruit, y compris les plus grands volumes (en rouge), qui peuvent être soit un espace vide, soit d'autres tissus.

être supprimés. La suppression des volumes indésirables, considérés comme des composants uniques connectés, repose sur l'opération de suppression de cellule des G-Cartes [120].

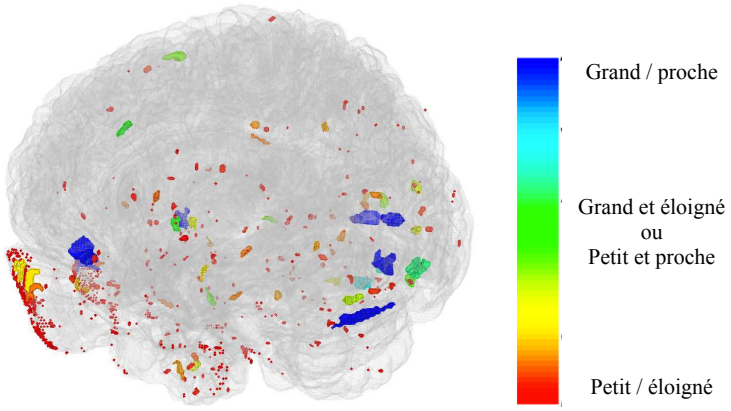


FIGURE 3.8 – Multi-critères pour la correction du bruit : les volumes de petite taille et éloignés (en rouge) de la composante principale (en gris) sont classés comme bruit et peuvent être supprimés.

Ces traitements habituellement fastidieux et nécessitant un réglage fin de nombreux paramètres sont effectués automatiquement et localement tout en conservant toutes les propriétés topologiques et la sémantique. Cette première étape ne sert pas à obtenir la topologie exacte de chaque segment, mais simplement à retirer les volumes indésirables dans chaque tissu reconstruit. Les petites cavités placées loin du bord de leur contenant, nommés *CP*, sont supprimées, alors que celles trop proches sont conservées et traitées dans une étape ultérieure (*cf.* Sec. 3.3.2).

3.3 Intégration des tissus reconstruits et corrections

Cette section décrit les procédés développés pour assembler les volumes des différents segments et ainsi, construire une partition de l'espace 3D correspondant à la segmentation des multiples tissus cérébraux. Pour cela, une opération topologique de reconnexion de volume est appliquée pour réunifier l'ensemble des données construites durant l'étape précédente. Cette opération joint les volumes adjacents par leurs faces identiques, via leur involution α_3. Ensuite,

les défauts tels que les espaces vides ou les incohérences de voisinage sont détectés et corrigés. Le résultat final de ce processus d'intégration est une représentation globale et unique de la G-Carte de l'objet issu d'une segmentation de plusieurs tissus cérébraux (en d'autres termes, une partition volumique).

3.3.1 Construction du modèle multi-segment

Afin de construire le modèle multi-segment, les volumes de provenance sémantique, donc de tissus, différents sont connectés entre-eux. Pour cela, nous utilisons la propriété des *FE* qui garantit que les faces communes entre les segments reconstruits ont un ajustement exact. En effet, tous les segments de la segmentation des tissus cérébraux sont reconstruits par les *FE* à partir de la même grille de voxels et avec une même isovaleur de 0,5 (*cf.* Sec. 2.2). Par conséquent, le processus de connexion des volumes consiste à identifier et à relier les faces identiques de différents segments adjacents par α_3. Il est à noter qu'au début de ce processus, les faces topologiques sont encore libres en dimension 3. Cependant, la propriété de fermeture de la G-Carte est respectée à la fin de cette étape, ce qui implique une fermeture des liens α_3.

L'identification des faces communes est basée sur une étude géométrique des faces deux à deux, en les parcourant topologiquement. Afin de réduire le nombre de tests nécessaire pour déterminer quelles 2-cellules sont à lier en dimension 3, un découpage des faces à l'aide d'une grille régulière est utilisé. Cette dernière est construite itérativement en respectant une capacité maximale de faces que peut contenir une case de la grille. Ainsi, le traitement s'effectue sur une partie réduite de la G-Carte, permettant de ne pas tester deux faces qui sont géométriquement très éloignées. Chaque test est effectué uniquement pour des faces dont la sémantique tissulaire est différente. L'identification des faces communes consiste à parcourir les faces testées et trouver un premier sommet identique, et ensuite de vérifier les autres. La comparaison est purement géométrique, en comparant les coordonnées des sommets. Le parcours des faces s'effectue selon l'orbite α_{01}, en se déplaçant de brin en brin suivant la même marque d'orientation. L'algorithme 1 décrit le procédé d'identification des faces (quelconques) communes à partir de deux brins, qui permet de déterminer si les sommets sont tous identiques. Si c'est le cas, alors les faces sont reliées par une liaison α_3. Il est à noter qu'une approche purement topologique en comparant non pas la position géométrique des sommets mais l'identifiant de l'arête de cube sur laquelle ils ont été positionnés. Cela implique de devoir stocker une information supplémentaire par sommet. L'approche géométrique que nous utilisons fonctionne tout aussi bien puisque les sommets sont positionnés au milieu des arêtes des cubes. Deux sommets différents sont nécessairement distants d'au moins la longueur d'une arête, ce qui permet, pour le test d'égalité, de choisir une précision de calcul assez grossière (par exemple, une 1/2 longueur d'arête) sans risque de confondre des sommets distincts.

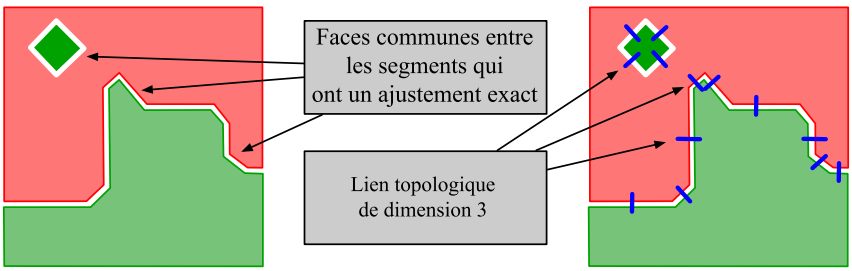


FIGURE 3.9 – Schématisation du procédé de liaison topologique en dimension 3.

Algorithme 1: Algorithme pour l'identification de deux faces communes avant liaison α_3

Entrées: *bFa*, *bFb* : un brin de deux faces Fa et Fb à tester
Sorties: *B* : résultat vrai (1) ou faux (0) de correspondance entre *Fa* et *Fb*

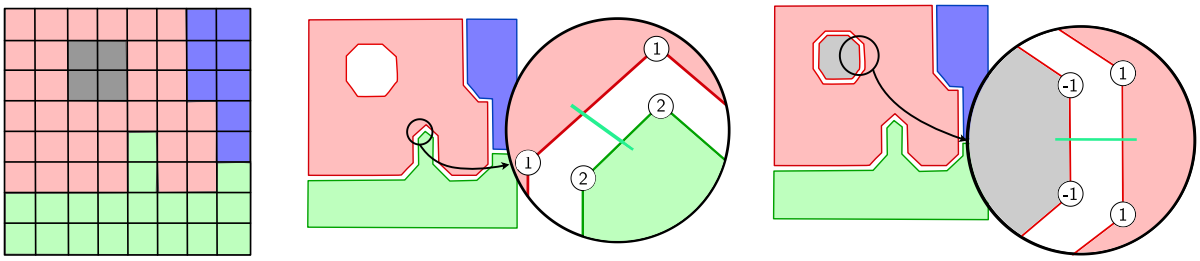
```
// ..... Test pour savoir si Fa et Fb sont de valeur sémantique différente
Si ( bFa.semantique ≠ bFb.semantique ) alors
    Si ( bFa.xyz ≠ bFb.xyz ) alors
        Retourner 0 ;
    Sinon
        Si ( bFa.orientation ≠ bFb.orientation ) alors
            bFb ← α0(bFb) ;
        Fin Si
    Fin Si
    ba ← α01(bFa) ;
    bb ← α01(bFb) ;
    Tant que ( ba ≠ bFa ) faire
        Si ( ba.xyz = bb.xyz ) alors
            ba ← α01(bFa) ;
            bb ← α01(bFb) ;
        Sinon
            Retourner 0 ;
        Fin Si
    Fin Tant que
    Retourner 1 ;
Sinon
    Retourner 0 ;
Fin Si
```

La figure 3.9 illustre le procédé de liaison en dimension 3 grâce à l'ajustement parfait des faces de sémantique différente produite par les *FE*. En ce qui concerne les faces dont aucune correspondance n'a été trouvée, celles-ci ne pas sont laissées libres (c'est-à-dire sans volume adjacent). Après avoir reconnecté les faces communes, les faces libres sont fermées sur-elles par un algorithme de fermeture de la G-Carte [121]. Cela permet de garantir la propriété de fermeture du modèle.

À la fin de cette étape, de nouveaux volumes sont générés, et donc de nouveaux brins. Leur sémantique associée correspond à un nouveau label *inconnu* désignant « volume d'origine inconnue » (*cf.* Fig. 3.10). Pratiquement, les labels des tissus sont stockés sous la forme d'un entier, donc le label *inconnu* est un entier de valeur différente des autres déjà utilisés. Ces nouveaux volumes sont traitées à l'étape suivante pour permettre de respecter les contraintes de partition de l'espace 3D (pas d'éléments inconnus/vides).

3.3.2 Correction topologique à base de la sémantique

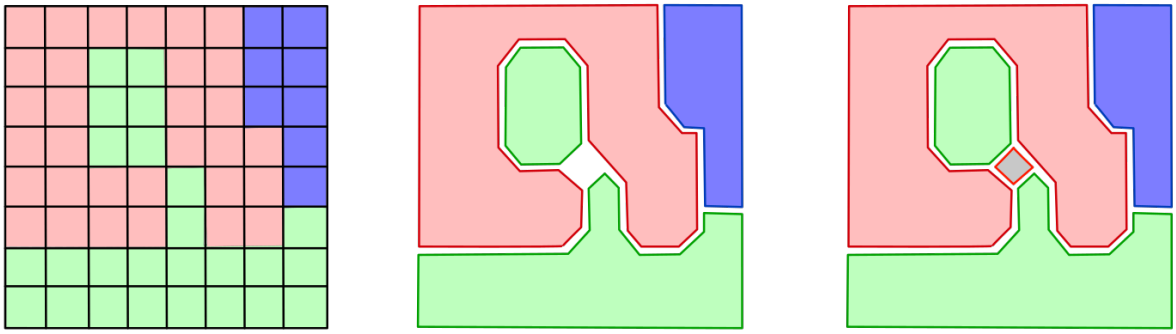
Au cours de l'étape précédente, l'exactitude des relations d'adjacence dans le modèle fusionné n'a pas été contrôlée. Comme indiqué lors de la fermeture du reste du modèle, certains espaces libres ont pu être générés et la cohérence du voisinage entre les structures peut ne pas être valide. L'objectif est donc de remplir correctement ces espaces, y compris les cavités, conformément aux connaissances anatomiques, en utilisant uniquement des opérations topologiques. Plus exactement, les corrections se basent sur la sémantique et les données fournies par l'EVP. Ces informations permettent d'étudier et de déterminer la présence prédominante d'un tissu par rapport à un autre.



(a) (b) (c)

FIGURE 3.10 – Mise à jour de la sémantique pour les brins lors de l'étape de fusion : (a) la grille de voxels de segmentation à reconstruire ; (b) connexion de faces communes, la sémantique est inchangée ; (c) création de volumes d'origine inconnue lors de l'opération de fermeture, dont le label de sémantique est *inconnu* (-1).

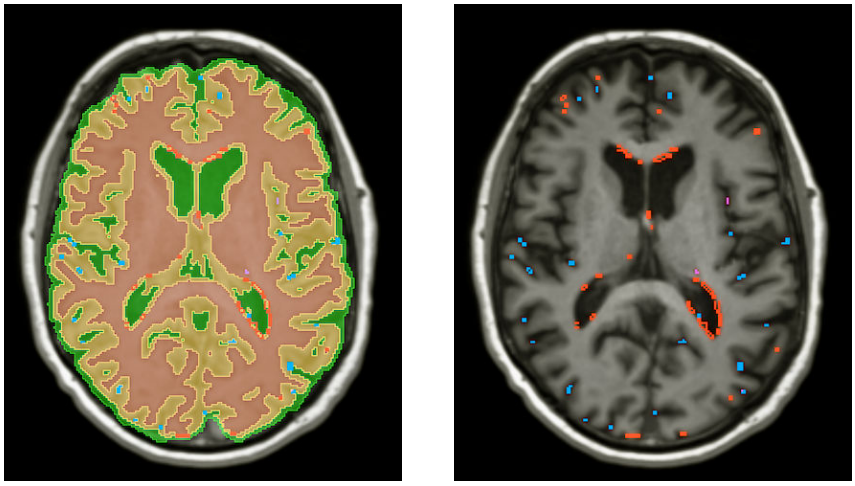
Les *FE* garantissent de ne pas reconstruire d'éléments dégénérés, mais ils ne garantissent pas que des espaces vides ne se créent pas au niveau des jonctions entre les surfaces de segments différents. Ceux-ci sont causés par des ambiguïtés des configurations des *FE*, étudiés dans la section 2.2.1.2, et illustrés dans la figure 3.11. Ainsi, un espace vide se traduit topologiquement sous la forme d'un volume de label sémantique inconnu. Ce dernier, formé par la fermeture de la G-Carte (*cf.* Fig. 3.11c), est appelé de *volume anonyme*, de part le fait qu'il n'est pas possible de savoir de quel tissu il provient. L'information de sémantique permet de les localiser directement, en les dissociant des autres volumes : si le label sémantique du volume est à la valeur fixée comme inconnue, alors nous savons qu'il s'agit d'un volume créé pendant l'étape de fusion. Pour les traiter, une étude locale de la sémantique environnante est effectuée.



(a) (b) (c)

FIGURE 3.11 – Illustration de la création d'un volume anonyme : (a) à partir de la grille de voxels de segmentation des tissus, (b) la reconstruction par les *FE* produit au niveau de la jonction entre plusieurs segments des espaces vides, qui n'apparaissent explicitement que durant la fermeture topologique du modèle (c).

Plus exactement, un parcours de l'orbite α_{012} du volume anonyme permet d'étudier la sémantique du voisinage en inspectant le label associé au brin lié par α_3 à chaque brin rencontré dans le parcours. Pour rappel, les liaisons α_3 permettent de changer de volume, et donc par incidence, de passer d'un brin avec un label sémantique inconnu à celui d'un tissu connu. Le problème des volumes anonymes est alors résolu soit grâce à la comparaison entre la combinaison de la sémantique de la structure autour du volume traité, soit grâce à la connaissance anatomique. En fait, tous les volumes anonymes sont distribués dans trois classes distinctes (*cf.* Fig 3.12). Dans deux des trois cas, les résolutions sont effectuées à l'aide des contraintes anatomiques établies par le corps médical. Le dernier cas suit quant à lui le résultat d'une étude stochastique locale de l'appartenance du volume à l'un des tissus en exploitant les données fournies par l'EVP.



(a) (b)

FIGURE 3.12 – Volumes anonymes identifiés et distribués dans trois classes définies. Les voxels correspondant à ces volumes sont affichés en bleu (cas 1), rouge (cas 2) et violet (cas 3), sur (a) la coupe IRM avec la grille de voxels de segmentation des tissus et sur (b) la coupe IRM seule.

Cas 1 : un seul voisin sémantique

Le voisinage d'un volume anonyme ne correspond qu'à un seul tissu. Cet artefact, généralement de taille très faible, correspond à une erreur lors du procédé de segmentation des images IRM. En fonction des contraintes anatomiques établies, ce volume est automatiquement supprimé (*cf.* Fig 3.13 - cas 1), mais il peut être conservé à la condition indispensable que les connaissances et règles anatomiques puissent indiquer, sans ambiguïté, la nature de ce volume.

Cas 2 : contrainte préétablie

Le voisinage d'un volume anonyme correspond à plusieurs tissus. Une analyse des contraintes anatomiques d'adjacence entre les tissus concernés est effectuée afin de décider à quel tissu le volume anonyme correspond. Ces contraintes peuvent être, par exemple, la connaissance qu'un tissu est nécessairement inclus dans un autre, ou qu'un tissu ne peut être représenté que par une seule composante connexe, ... Dans certains cas, la résolution du cas 2 peut engendrer la connexion de plus d'un volume (*cf.* Fig. 3.14 - cas 2).

Cas 3 : étude stochastique

Le voisinage d'un volume anonyme correspond à plusieurs tissus sans connaissance anatomique explicite à exploiter. La correction s'effectue alors en utilisant l'information probabiliste d'appartenance issue des voxels de la grille de segmentation des tissus, calculée par l'EVP. Localement, cette information est donnée par voxel. Donc, à partir de la surface géométrique (du volume topologique anonyme traité), celui est discrétisé dans cette même grille de voxels pour connaître les voxels inclus dans le volume. Une moyenne des probabilités pour chaque tissu est ainsi calculée pour connaître la résolution : la probabilité la plus haute est utilisée comme résultat. À l'instar du cas 2, la résolution peut engendrer la connexion de plus d'un volume (*cf.* Fig. 3.14 - cas 3)

Pour résumer, durant cette étape de correction, si les propriétés topologiques et sémantiques ne permettent pas de résoudre une incohérence, une étude locale est effectuée pour combler le vide. Dans tous les cas, le contenu sémantique le plus probable de chaque volume anonyme est identifié. Cela implique qu'un nouveau label sémantique est attaché au volume, correspondant à

la structure anatomique attendue. Une fois l'appartenance à un tissu définie, une opération topologique locale de fusion est appliquée sur les volumes anciennement anonymes pour supprimer les faces inutiles (*cf.* Fig. 3.15).

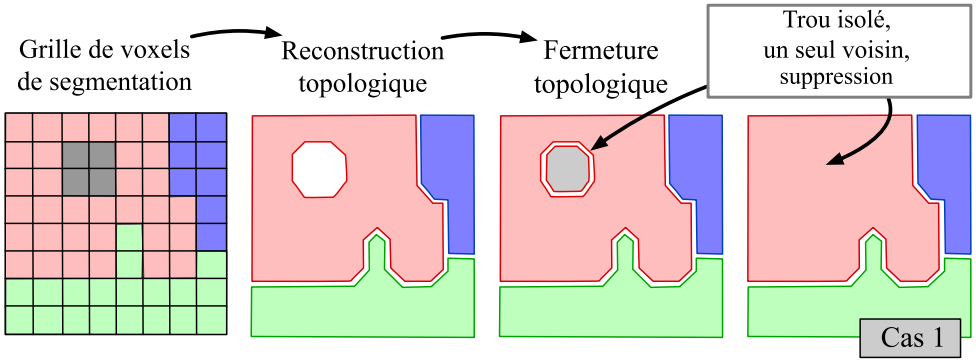


FIGURE 3.13 – Trou isolé : volume anonyme, avec un seul segment voisin, qui peut donc être automatiquement supprimé.

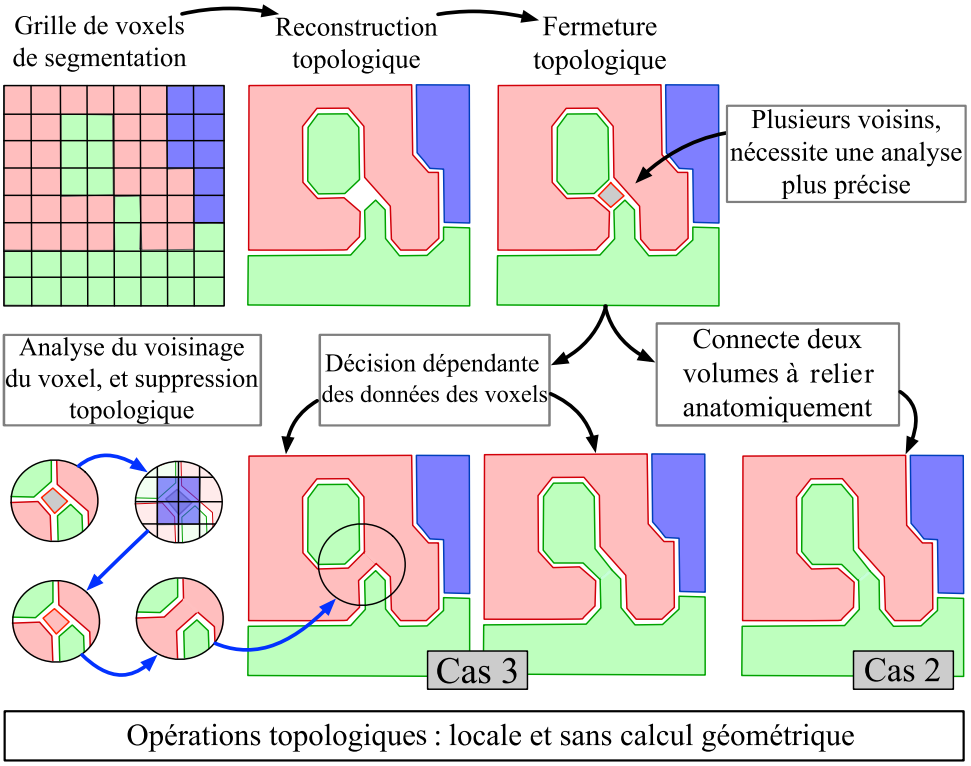
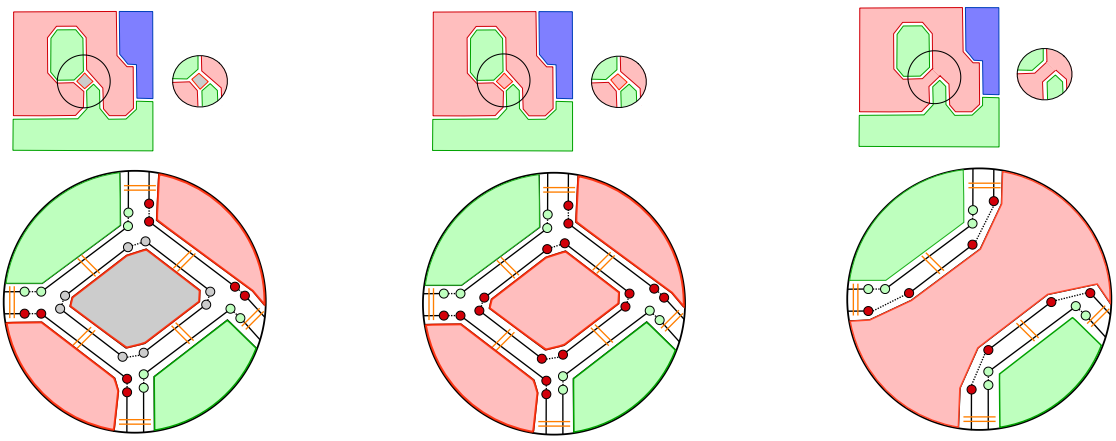


FIGURE 3.14 – Trou multi-connecté : après la fermeture topologique, si le volume généré est nécessaire pour connecter deux volumes qui, anatomiquement, doivent être reliés, la sémantique correspondante est directement affectée pour corriger le volume anonyme (cas 2). Dans le cas contraire, une analyse des données des voxels permet de définir la bonne sémantique (analyse en bas à gauche et cas 3). Enfin, dans les deux cas, les faces inutiles sont détectées (face entre la même structure) et supprimées.

La connaissance des relations de voisinage entre les volumes et les informations sémantiques relatives aux substances permettent de contrôler le modèle par rapport aux contraintes associées à la sémantique (ici, anatomiques). À la fin de cette étape, nous disposons d'un modèle topologique 3D avec des relations d'adjacence explicites entre les segments reconstruits, représenté par des volumes fermés. Les opérations de résolution utilisées pour la correction des incohérences sont effectuées exclusivement localement, grâce à la topologie, de sorte à réduire la complexité. En ignorant totalement la géométrie pour les corrections, notre modèle n'est pas



(a) (b) (c)

FIGURE 3.15 – Exemple en vue éclatée des mises à jour topologique et sémantique pour un trou multi-connecté (a). (b) La sémantique est déterminée et affectée aux brins du volume anonyme, ce qui permet d'identifier les faces à supprimer (faces liées par α_3 et ayant la même sémantique, ici en rouge) ; (c) les faces ainsi identifiées sont supprimées et le volume est actualisé.

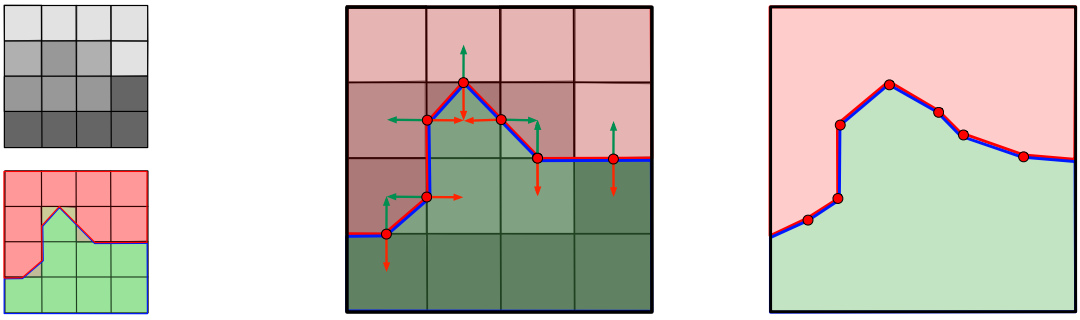
sujet à des problèmes de précision numérique. Tous les volumes possèdent une information sémantique et le maillage est exempt de défauts topologiques et géométriques. En outre, tout au long du processus, l'information sémantique est mise à jour et reste cohérente.

3.4 Correction géométrique

Enfin, une déformation géométrique fine est appliquée sur l'ensemble du modèle afin d'être géométriquement au plus proche des données acquises par l'IRM. Dans l'étape de reconstruction de surface basée sur les *FE*, les sommets des maillages générés sont arbitrairement calculés au point médian des arêtes de la grille des *MC* que la surface à construire coupe (*cf.* section 2.2). Cette procédure nous permet d'obtenir une correspondance exacte entre les faces des segments reconstruits adjacents lors de l'étape de fusion (*cf.* section 3.3). Cependant, ce positionnement géométrique est arbitraire et n'est qu'une approximation de la forme anatomique réelle des segments. L'imprécision est cependant limitée à la moitié de la taille des voxels.

Plus précisément, la dualité entre la grille des *FE* et celle de la segmentation doit être prise en compte pour comprendre comment les sommets de l'isosurface doivent être positionnés. Chaque sommet de la grille des *FE* est placé au centre d'un voxel de l'acquisition. Par conséquent, une arête construite à partir de deux de ces sommets relie les centres de deux voxels adjacents (*cf.* Fig. 3.16b). En fait, l'isosurface peut croiser ce bord n'importe où entre ces centres.

Pour calculer une position plus précise des sommets, il est possible d'utiliser les informations statistiques extraites des voxels de la grille d'origine. Cela concerne notamment l'intensité du voxel en niveau de gris. Mais, en imagerie cérébrale, nous disposons également d'informations probabilistes représentant l'appartenance d'un voxel de la grille de segmentation à un tissu, calculée lors du prétraitement de segmentation. Nous utilisons alors ces données, provenant de l'EVP, pour définir une nouvelle isovaleur associée au sommet et ainsi modifier les coordonnées de ce dernier, illustré par la figure 3.16c et l'algorithme 2. Le calcul des coordonnées du sommet s'effectue par interpolation linéraire.



(a) (b) (c)

FIGURE 3.16 – Déformation géométrique : (a) données originales des voxels (nuances de gris), la segmentation correspondante et la reconstruction topologique en 3D ; (b) déplacement de chaque sommet en estimant sa position sur la base d'une interpolation des informations statistiques du voxel ; (c) nouvelle position géométrique de ce sommet, au plus proche des données anatomiques originales.

Algorithme 2: Algorithme pour la réinterpolation géométrique des coordonnées d'un sommet

Entrées: S : sommet d'origine avec isovaleur 0.5
Sorties: S : sommet modifié avec isovaleur modifiée

```
// ..... Stocke dans une variable temporaire le label
// ..... dont la probabilité est la plus haute d'après l'analyse locale
labelSeg ← getLabelPlusGrandeProba(S) ;
// ..... Stocke la nouvelle isovaleur pour le sommet S
// ..... selon la position du voxel dont le label est labelSeg
newIsoval ← getNouvelIsovaleur(S, labelSeg) ;
// ..... Interpole les coordonnées du sommet S à l'aide de la nouvelle isovaleur
S ← modifCoordonneesSommet(S, newIsoval) ;
```

Les relations d'adjacence entre les segments établies à l'étape précédente sont conservées au cours de ce processus de morphing. Aucun espace vide ni chevauchement ne peut apparaître. En effet, si un sommet appartient à une ou plusieurs faces partagées par des volumes adjacents, la forme des deux volumes est modifiée lorsque ce sommet (partagé) est déplacé. La figure 3.17 illustre le déplacement par morphing géométrique, la variation moyenne est de l'ordre d'un septième de la longueur d'un voxel, en fonction de la direction.

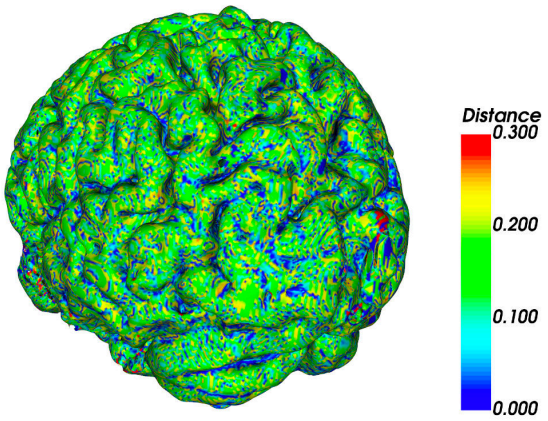


FIGURE 3.17 – Modification du positionnement géométrique des sommets au plus proche des données anatomiques acquises. La distance de déplacement ne peut pas dépasser la taille d'un demi-voxel, c'est-à-dire 0.5mm dans le cas de voxel de résolution 1x1x1mm. La plupart des variations observées se situent autour de 0.2 et 0.3mm.

3.5 Résultats et discussions

Nous décrivons dans cette section des résultats de notre méthode de reconstruction. Cela implique les post-traitements opérés sur nos jeux de données d'entrées (réels ou synthétiques) ainsi que les outils de développement utilisés. Ensuite, nous présentons les statistiques et les temps de traitement de notre méthode de reconstruction pour différents modèles reconstruits. Puis nous comparons les modèles 3D produits par notre procédé avec les méthodes de reconstruction présentées dans la section 2.2.2.3 (*FE*, *DMC* et *PMU*). Enfin nous évaluons notre méthode avec celle du logiciel *Freesurfer* (*cf.* Section 2.2.2.2).

3.5.1 Mise en place des résultats

Toutes les images réelles ont été acquises sur un Magnetom Skyra 3 Tesla (Siemens Healthineers, Erlangen, Allemagne), par le service d'imagerie de la plateforme UHF (CHU de Poitiers). La séquence utilisée est un volume 3D MPRAGE 3D T1 isotropes 0,9mm dont les paramètres sont : TE= 2,41 ms, TR=1950 ms, TI= 816 ms, FOV = 256x213 mm², matrice : 240x288, tranches : 192, facteur turbo : 224. Les données DICOM originales sont converties en NIFTI pour être utilisées dans notre pipeline complétement automatisé. En post-traitement, FSL-BET [23] est appliqué pour éliminer la graisse sous-cutanée afin de créer un masque du cerveau uniquement. Ensuite, FSL-FLIRT [122, 123] est utilisé pour recaler les images dans l'espace MNI152, impliquant notamment un changement de la résolution des voxels en 1mm isotropes. Cette étape de traitement est optionnelle, elle n'est d'ailleurs employée que pour les sujets sains étudiés dans cette section. Finalement, FSL-FAST [16] est lancé pour obtenir les 3 classes de segmentation : (i) Matière grise, (ii) Matière blanche, (iii) Liquide céphalo-rachidien. Plus exactement, FSL-FAST fournit une classification des voxels des images par des labels dans {0,1,2,3}, et ainsi les 3 classes de segmentation en sont déduits. FSL-FAST produit également une image non binaire de volume partiel pour chaque classe, où chaque voxel contient une valeur comprise entre 0 et 1. Pour rappel, une valeur représente la proportion de tissu de cette classe présente dans ce voxel, et c'est la représentation du phénomène d'EVP. La figure 3.18 illustre les étapes du post-traitement des images réelles acquises.

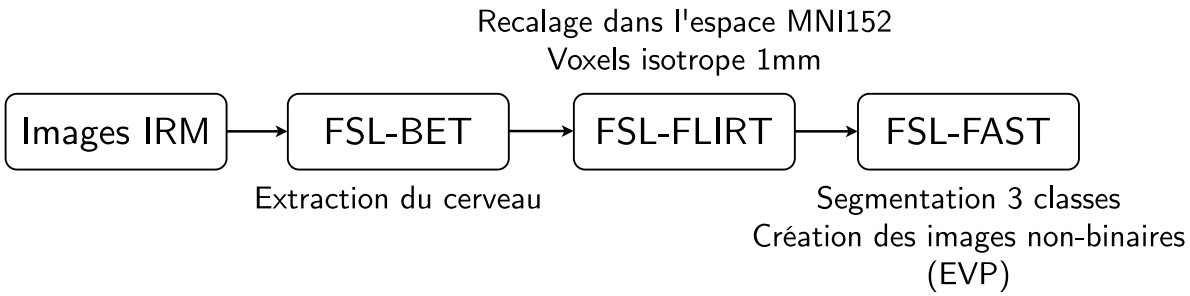


FIGURE 3.18 – Procédé de post-traitement des données initiales.

En ce qui concerne les données tumorales, le post-traitement suit le même déroulé, mais avec deux changements principaux (*cf.* Fig. 3.19). Tout d'abord, l'opération FSL-FLIRT n'est plus utilisée et donc les données restent dans l'espace d'acquisition. Ensuite, afin de segmenter la lésion, un réseau de neurones d'architecture U-Net 3D est utilisé. Cette architecture a été développée pour la segmentation d'images biomédicales. La version utilisée est une version développée par notre partenaire médical (service imagerie, plateforme UHF, CHU Poitiers). Le réseau de neurones est entrainé sur les données de tumeurs cérébrales du challenge MIC-

CAI BraTS (Brain Tumor Segmentation) 2021 [124]. Le résultat de ce RNN est une image, où chaque voxel a pour valeur 0 ou 4 : 4 pour indiquer qu'il s'agit de la tumeur, 0 pour le reste. Cette classification n'est pas anodine, puisqu'elle permet de fusionner la grille de voxels fournie par FAST (3 classes) directement avec celle de la tumeur. Ainsi, tous les voxels avec de la tumeur remplacent ceux classifiés par le FSL-FAST, puisque ce dernier ne permet pas de segmenter la lésion directement. Le réseau de neurone produit également une image non binaire basée sur l'algorithme *softmax* pour attribuer à chaque voxel de l'image sa probabilité de contenir de la tumeur. Cette information est utilisée pour les corrections du modèle basées sur l'étude stochastique du voisinage d'un volume (*cf.* Sec. 3.3.2).

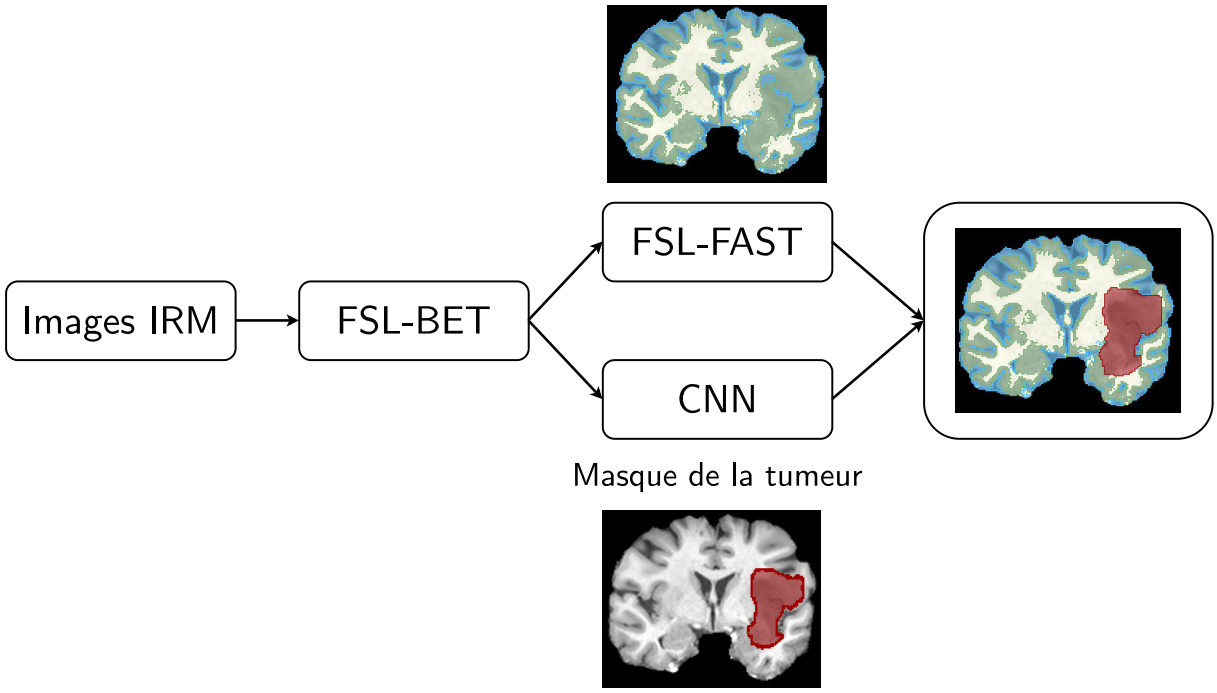


FIGURE 3.19 – Procédé de post-traitement des données initiales qui contiennent une tumeur.

Les résultats présentés dans cette section ont été produits sur un processeur Intel core™I9-9900 3.10 GHz, avec 8 cœurs et 96 Go de mémoire. Nous développons avec le logiciel libre *3D Slicer* [3], qui fournit de nombreux outils pour analyser et traiter les données médicales. La version de développement est la 4.11 (la plus stable durant le développement), les versions plus récentes ne changent pas la méthode de reconstruction présentée dans ce chapitre. Le noyau topologique de la bibliothèque *Moka* [2] a été intégré à *3D Slicer* et est utilisé pour tous les processus topologiques.

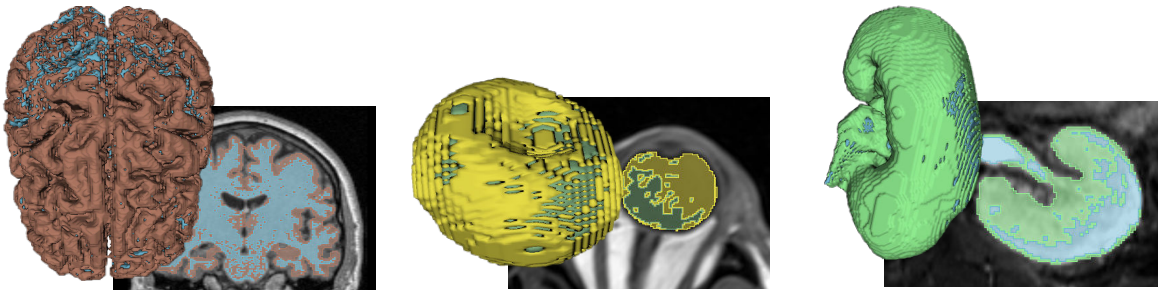
3.5.2 Détails des modèles reconstruits

Les modèles reconstruits dans ce chapitre correspondent à différents organes, provenant d'images de patients réels. Afin de diversifier les organes testés, nous avons travaillé également sur un modèle d'oeil, de rein et de cerveau segmentés à l'aide des outils présents dans le logiciel *3D Slicer*. Ces modèles seront mentionnés par le terme *synthétiques*, du fait de leur segmentation simplifiée. Nous présentons par la suite les contraintes sémantiques introduites durant le procédé de reconstruction pour les modèles.

Par défaut, la grille de segmentation d'un modèle synthétique ne représente qu'un seul tissu segmenté. Artificiellement, nous créons un segment supplémentaire dans la grille de segmen-

tation, en séparant selon deux intervalles d'intensité de voxel (*cf.* Fig. 3.20). Au niveau des contraintes sémantiques, le choix est totalement arbitraire et n'est pas une contrainte au sens anatomique. Étant donné la manière avec laquelle la segmentation a été réalisée, il est attendu pour chaque modèle synthétique d'être homéomorphe à la sphère (toplogiquement parlant). Pour y parvenir, le jeu de contrainte est simple, et intervient lors de l'étape présentée dans la section 3.3.2 :

– dans le cas d'un voisinage multi-label, le premier segment l'emporte toujours sur le second, entre d'autres termes les volumes anonymes sont reconnectés aux volumes dont la sémantique équivaut au premier segment ;
– dans le cas d'un voisinage à label unique, le volume est directement supprimé (cavité).



(a) (b) (c)

FIGURE 3.20 – Reconstructions et grilles de voxels de segmentation artificielle de tissus d'un (a) cerveau, (b) oeil et (c) rein.

Les modèles des tissus cérébraux (LCR, SB, SG) sont segmentés suivant le protocole décrit dans la section 3.5.1. Contrairement aux modèles synthétiques, l'exploitation des informations liées à l'EVP est possible pour corriger les incohérences de voisinage. En ce qui concerne les contraintes pré-établies, celles-ci utilisent certaines contraintes entre tissus, mais aussi l'information liée à la notion de composante principale. Une composante principale, notion exploitée lors de l'étape de nettoyage de la section 3.2.3, permet d'identifier pour chaque tissu un ou plusieurs volumes topologiques importants, à retrouver absolument dans le modèle final. La donnée permettant de distinguer les composantes principales est représentée sous la forme d'une marque dans le modèle topologique, au même titre que la représentation de l'orientation. Pour la suite, nous annotons les volumes marqués comme composantes principales (*CP*). Ainsi, nous nous servons de cette information pour créer une hiérarchie entre les volumes pour la résolution des incohérences. Les contraintes suivantes exploitent donc cette information. Concrètement, tous les choix de résolution sont guidés par connaissances anatomiques.

- si le voisinage du volume anonyme ne contient que des volumes marqués comme composantes principales :
  - si au moins un volume de substance grise est présent, alors le rattachement du volume se fait aux volumes de ce tissu ;
  - sinon, une étude stochastique est menée (cas 3 décrit dans la section 3.3.2).
- si le voisinage est composé de plusieurs labels et contient au moins un volume *CP* provenant d'un seul et même tissu, alors le volume anonyme est rattaché au *CP* ;
- si le voisinage est composé uniquement de volumes non-*CP*, et que le voisinage contient tous les différents labels de tissus, l'espace anonyme est associé aux volumes de substance grise ;
- si le voisinage est composé d'un seul label, le volume est directement éliminé.

Le reste des cas ne convenant pas aux contraintes formulées ci-dessus est donc résolu à l'aide de l'étude stochastique utilisant les données fournies par l'EVP (*cf.* Sec. 3.3.2).

En ce qui concerne les cerveaux contenant une lésion (comme une tumeur), une contrainte supplémentaire doit être ajoutée. Dans les résultats suivants, nous avons testé avec un patient atteint d'une tumeur (*cf.* Fig. 3.21). L'aspect principal à retenir sur cette structure est qu'il est impossible d'anticiper la topologie avant la reconstruction. Certaines tumeurs sont très diffuses, tandis que d'autres sont concentrées en un point tel une sphère. Dans ce cas, nous ne choisissons pas d'intégrer d'autres contraintes, et conservons celles présentées pour les sujets sains.

Cependant, comme décrit dans la section 3.5.1, une information semblable à celle fournie par l'EVP est disponible. Plus exactement, pour chaque voxel des images IRM, une valeur de probabilité d'appartenance de la tumeur est donnée. Cette valeur est donc exploitée pour l'étude stochastique de résolution des cas 3 de la section 3.3.2. En fait, si sa valeur est supérieure à 0.5 (indication que le volume anonyme a plus de chance d'être une tumeur), alors le rattachement se fait pour les volumes labelisés « tumeur ». Sinon, l'étude stochastique utilise l'EVP.

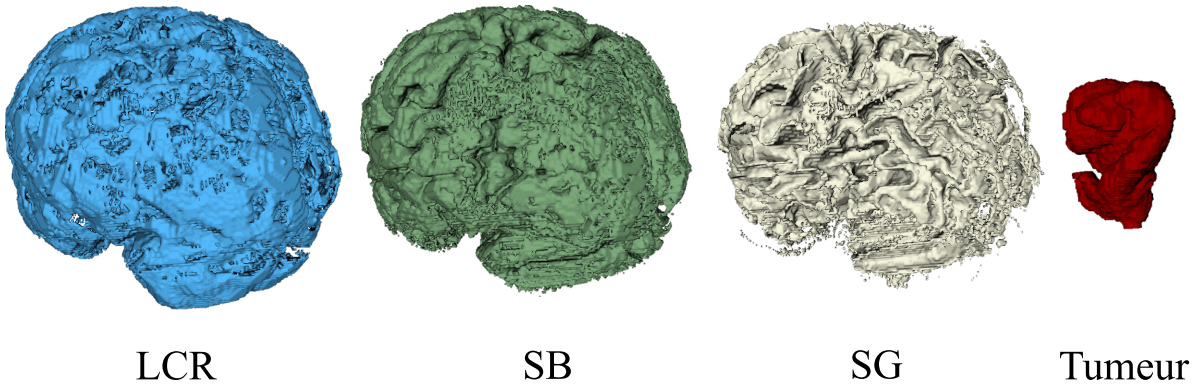


FIGURE 3.21 – Maillage 3D surfacique des tissus d'un sujet atteint d'une tumeur (*cf.* Fig. 3.19), reconstruit par les *FE*.

3.5.3 Statistiques et performances

Nous présentons les statistiques et le temps de calcul de chaque étape de notre méthode de reconstruction pour les différents modèles reconstruits présentés dans la section précédente. *Œil*, *CerveauS* et *Rein* correspondent aux modèles synthétiques, et les cerveaux numérotés ($Cerveau_1, \ldots, Cerveau_{42}$) proviennent des IRM de sujets sains fournis par notre partenaire clinique. Ce dernier nous a aussi procuré un cerveau avec une lésion, noté *Tumeur*. Les statistiques des différentes étapes de reconstruction sont recensées dans les tableaux 3.2, 3.3 et 3.4.

Le tableau 3.2 présente un échantillon représentatif des modèles utilisés, avec le nombre de faces correspondant à chaque segment reconstruit et la durée totale écoulée pendant toute la reconstruction. Sur les 42 sujets sains fournis par notre partenaire médical, nous avons sélectionné 4 cerveaux dont les statistiques sont représentatives du jeu de données. Notamment, les patients $Cerveau_{17}$ et $Cerveau_{27}$ sont respectivement les modèles reconstruits avec le temps de reconstruction le plus rapide et le plus lent. À première vue, le temps de calcul total est corrélé au nombre de faces initial du modèle. En effet, le modèle plus petit, l'œil comptant un peu moins de 10^5 faces, est 1,5 fois plus rapide à reconstruire que le rein, qui est deux fois plus dense. La complexité de la méthode de reconstruction totale n'est cependant pas linéairement proportionelle au nombre de faces reconstruites. $Cerveau_8$ compte plus de faces que $Cerveau_{20}$ mais le temps de calcul total de la reconstruction du premier est plus rapide que

pour le second. Ce phénomène est très probablement en lien avec la complexité des volumes traités durant les étapes de reconstruction (principalement durant celles de la section. 3.3.1). Les volumes du modèle $Cerveau_8$ traités par les corrections doivent être plus grands en terme de nombre d'éléments que ceux de $Cerveau_{20}$. En ce qui concerne le modèle $Tumeur$, celui-ci possède moins de faces que $Cerveau_{27}$, et nécessite pourtant plus de temps d'exécution. Nous voyons dans la suite que c'est le critère du nombre de volumes à traiter et très certainement leur complexité qui joue un rôle majeur vis-à-vis de la durée d'exécution totale.

Modèle	# faces $seg_1/seg_2/...$	Temps de calcul total
Œil	41 292 / 57 100	36s
$Rein$	82 500 / 162 892	43s
$CerveauS$	504 068 / 71 800	1min 18s
$Cerveau_8$	831 376 / 1 402 964 / 998 092	10min 02s
$Cerveau_{17}$	811 940 / 1 298 832 / 800 128	8min 57s
$Cerveau_{20}$	974 876 / 1 426 144 / 822 284	10min 35s
$Cerveau_{27}$	1 042 564 / 1 529 272 / 1 092 692	13min 52s
$Tumeur$	999 804 / 1 530 088 / 774 984 / 36 708	15min 47s

TABLEAU 3.2 – Caractéristiques de notre ensemble de modèles de test et le temps total de calcul de notre méthode de reconstruction. Pour les modèles de $Cerveau_i$, le nombre le plus faible de faces reconstruites et le temps de calcul total le plus rapide sont indiqués en vert, tandis que le nombre le plus élevé de faces et le temps le plus lent sont indiqués en jaune.

Le tableau 3.3 présente les résultats statistiques de la première étape de notre méthode : la reconstruction et le nettoyage d'un segment décrits dans la section 3.2. Globalement, nous constatons que les étapes détaillées restent du même ordre de grandeur en termes de temps de calcul en fonction du nombre de faces constituant le segment à reconstruire. Le nombre de volumes à reconstruire par segment ne semblent pas avoir un impact déterminant sur la durée d'exécution. En comparant les temps du deuxième segment du $Cerveau_8$ et du $Cerveau_{20}$, le nombre de faces reconstruites et le temps de reconstruction sont sensiblement identiques, alors que le nombre de volumes est 4 fois plus important pour le patient 20. En ce qui concerne la phase de nettoyage, les variations sont dues à la qualité des données segmentées. Un modèle avec beaucoup de volumes est plus long à traiter, principalement à cause du calcul précis de la taille des volumes opéré avec la bibliothèque de tétraédrisation *tetgen* [119]. Cette tendance se confirme avec le modèle $Tumeur$, comptant le plus de volumes à tester durant la classification, et étant le plus long en terme de durée de traitement.

Modèle	# volumes reconstruits	Temps de reconstruction	# et pourcentage de volumes supprimés	Temps de classification et de nettoyage
Œil	62 / 328	2s / 5s	6 (10%) / 75 (23%)	2s / 1s
$Rein$	189 / 225	3s / 4s	74 (39%) / 102 (45%)	5s / 7s
$CerveauS$	43 / 17	19s / 5s	4 (10%) / 2 (10%)	12s / 6s
$Cerveau_8$	950 / 2222 / 541	35s / 1min / 41s	0 / 366 (16%) / 189 (35%)	0s / 1min 18s / 50s
$Cerveau_{17}$	252 / 352 / 312	31s / 53s / 33s	0 / 73 (21%) / 158 (51%)	0s / 1min 11s / 53s
$Cerveau_{20}$	256 / 501 / 316	39s / 59s / 35s	0 / 91 (18%) / 130 (41%)	0s / 1min 32s / 1min 04s
$Cerveau_{27}$	841 / 2959 / 1208	47s / 1min 02s / 47s	0 / 1298 (44%) / 225 (19%)	0s / 1min 35s / 49s
$Tumeur$	1819 / 4204 / 2852 / 1	37s / 56s / 28s / 1s	0 / 327 (8%) / 118 (4%)/ 0	0s / 1min 52s / 1min 08s / 0s

TABLEAU 3.3 – Informations quantitatives et temps de calcul de chaque étape de la section 3.2 avec notre ensemble de données. Pour les modèles de $Cerveau_i$, le nombre le plus faible de volumes reconstruits et le pourcentage de volumes supprimés, ainsi que la reconstruction la plus rapide et le temps de calcul total de la section 3.2 sont mis en évidence en vert, tandis que le contraire est en jaune.

Le tableau 3.4 présente les résultats statistiques de la correction du modèle après l'intégration des segments dans le même espace, détaillé dans la section 3.3.2. Un point notable pour la reconstruction des modèles synthétiques est que l'étape de correction topologique basée sur la sémantique du voisinage (*cf.* Sec. 3.3.2) n'est pas basée sur l'utilisation d'une information

comme l'EVP. En fait, étant donné le processus de segmentation, l'utilisation d'une information de probablilité serait hasardeuse. C'est la raison pour laquelle les modèles synthétiques ne possédent pas de cas 3, puisqu'une résolution arbitraire suffit. Dans le cas des $Cerveau_i$ et du modèle $Tumeur$, la méthode détecte et traite plusieurs milliers d'incohérences en quelques minutes. À titre indicatif, le nombre de voxels modifié par cette opération de correction est mentionné. Cela permet de faire état du bruit existant dans la grille de segmentation des tissus, bien qu'assez insignifiant comparé à la quantité de voxels segmentés. La figure 3.22 illustre en 3D la classification des volumes anonymes détectés dans un modèle de cerveau reconstruit complet composé de plusieurs tissus.

Modèle	Procédé Sémantique/Topologique			# voxels modifiés	Temps 3.3.2 écoulé
	$Case_1$	$Case_2$	$Case_3$		
Œil	31	569	0	717	17s
Rein	22	569	0	441	18s
$CerveauS$	39	166	0	626	17s
$Cerveau_8$	155	4045	1798	2384	3min 27s
$Cerveau_{17}$	86	1296	1329	2230	2min 32s
$Cerveau_{20}$	68	1698	1533	916	3min 03s
$Cerveau_{27}$	292	4685	3668	3329	5min 32s
$Tumeur$	674	5634	4863	5862	7min 46s

TABLEAU 3.4 – Informations quantitatives et temps de calcul de chaque étape de la section 3.3.2 avec l'ensemble de données décrit précédemment. Le nombre de voxels modifiés, quand c'est possible, dans la grille de voxels de segmentation en fonction de la résolution du volume anonyme est quantifié. Pour les modèles $Cerveau_i$, le plus petit nombre de cas et le temps de calcul total de la section 3.3.2 sont surlignés en vert, tandis que le contraire est en jaune.

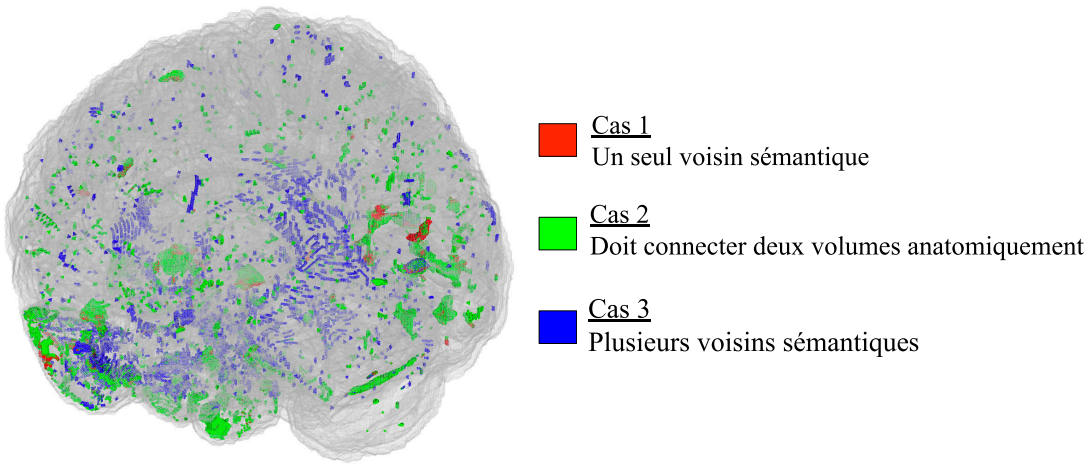


FIGURE 3.22 – Visualisation de la classification des volumes anonymes telle que décrite dans la section 3.3.2 dans un modèle complet de cervau reconstruit composé de plusieurs tissus.

Il est à noter que le temps nécessaire pour la reconnexion topologique entre les segments reconstruits (*cf.* Sec. 3.3.1) n'a pas été indiqué. Celui-ci est assez peu représentatif, de l'ordre d'1 minute et 30 secondes à 2 minutes en fonction du nombre de faces dans le modèle pour les sujets sains. Cette durée est prise en compte dans l'affichage du temps total du tableau 3.2.

En ne prenant plus en compte que le jeu de données des 42 sujets sains, nous avons déterminé que la répartition temporelle entre les 3 étapes majeures de notre méthode de reconstruction varient peu entre les patients. La reconstruction géométrique puis topologique ainsi que le nettoyage initial de chaque segment représente, dans la grande majorité, 60 à 70% du temps d'exécution de notre méthode. La reconnexion et correction des modèles fusionnés comble plutôt 20 à 30% du temps, et la réinterpolation des sommets du maillage final couvre les 5 à 10% restants. La figure 3.23 illustre ces observations.

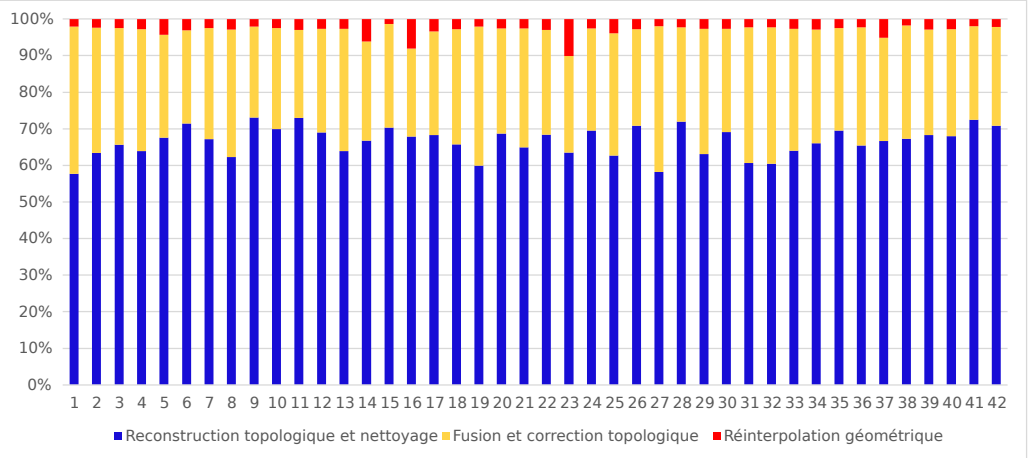


FIGURE 3.23 – Histogramme empilé à 100% généré à partir des temps de calcul des tableaux 3.2, 3.3 et 3.4.

3.5.4 Comparaison avec des méthodes de reconstruction classiques

Afin d'évaluer les performances de notre interpolation géométrique basée sur les informations probabilistes des voxels, nous nous comparons avec les modèles reconstruits pour un segment donné de trois méthodes de reconstruction 3D différentes, qui sont les suivantes : *FE*, *DMC*, *PMU*. Ces comparaisons peuvent être d'une part topologiques, d'autre part géométriques.

Sur le plan topologique, la figure 3.24 illustre les comparaisons que nous avons effectuées. Les méthodes *DMC* et *PMU*, en reconstruisant les segments indépendamment les uns des autres, ne peuvent pas garantir l'absence de recouvrement. Leur système ne produit pas de faces permettant une liaison topologique directe des volumes adjacents, car les surfaces reconstruites ne correspondent pas. Les *FE* (sans lissage) au contraire garantissent cette absence de recouvrement, en construisant les mêmes sommets pour des surfaces intersectant les mêmes arêtes de cubes (*cf.* Sec. 3.3). Cette approche exhibe néanmoins encore des zones volumiques sans étiquette (zones dites « vides ») que notre algorithme de correction topologique vient combler. Ainsi, contrairement aux *FE*, *DMC* et *PMU*, notre méthode garantit l'absence de chevauchements et de zones non identifiées. De plus, la reconstruction de surfaces lissées ou le lissage de surface sont effectués sans considération topologique et conduisent à une connectivité inexacte entre les surfaces reconstruites. Or, dans nos modèles, le lissage de la surface ne crée pas ces incohérences car il suit la logique de la réinterpolation des sommets décrite dans la section 3.4. Pour résumer, notre méthode est meilleure sur le plan topologique pour la reconstruction multi-labels, suivie par les *FE* et enfin par les *DMC* et *PMU*, et démontre l'importance d'utiliser un modèle topologique.

Sur le plan géométrique, des comparaisons ont déjà été effectuées entre ces 3 méthodes dans la section 2.2.2.3. Pour chaque méthode, autre que le *PMU* (car le maillage est déjà lisse), nous appliquons le même lissage que celui indiqué lors des comparaisons de la section 2.2.2.3. Nous évaluons notre méthode de reconstruction pour montrer les différences dans les modèles produits et l'importance de prendre en compte toutes les données initiales, ici médicales.

Il est difficile de trouver une métrique exacte pour indiquer lequel des modèles est le plus réaliste. Ceci est principalement lié au fait qu'aucune vérité terrain n'existe. En théorie, il faudrait extraire le cerveau du sujet, mesurer zone par zone la géométrie et la topologique des tissus. En pratique, c'est évidemment impossible à mettre en œuvre. Nous reprenons donc le principe de comparer la similarité entre la géométrie des modèles 3D avec les centres des voxels de la grille

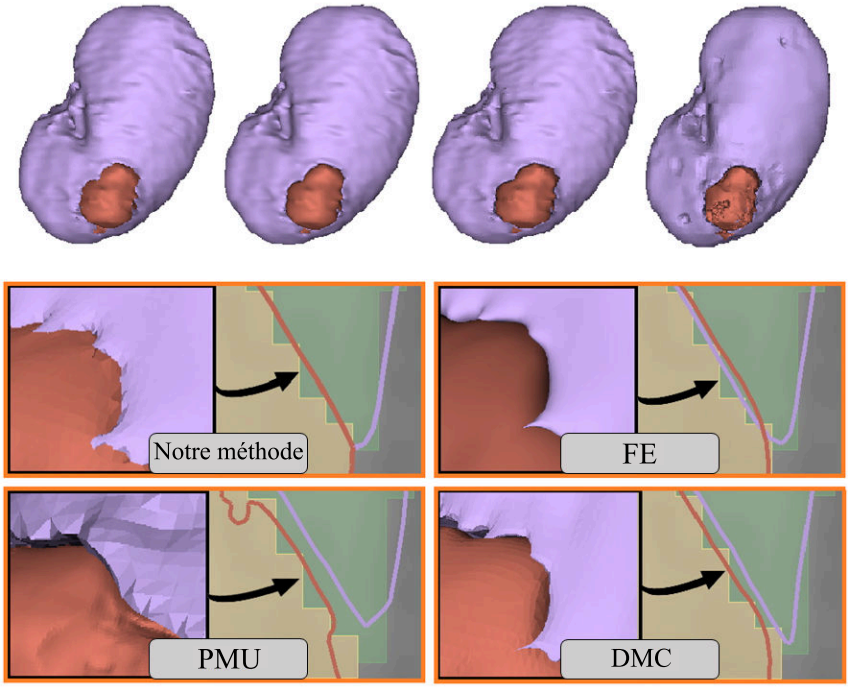


FIGURE 3.24 – Reconstruction d'un rein avec une tumeur dans le cadre du défi KiTS 2019 [125, 126]. En haut, les modèles 3D construits, de gauche à droite : notre méthode,*FE*, *DMC* et *PMU*. En utilisant le *PMU* ou les *DMC*, un espace vide entre la surface du rein reconstruit et la tumeur apparaît, tandis qu'avec les *FE*, des chevauchements apparaissent en raison du lissage de la surface.

de segmentation, car cette dernière est l'élément anatomique commun entre chaque méthode et nous sert donc de substitut.

La figure 3.25 présente les différences entre la segmentation initiale et les modèles cérébraux reconstruits avec les trois méthodes précédemment décrites et la nôtre. Ces différences sont mesurées par une distance, de la manière suivante : pour chaque sommet d'un modèle 3D, nous calculons sa distance minimale par rapport à l'ensemble des points extraits de la grille de segmentation comparée. Cet ensemble de points est généré à partir du centre de chaque voxel de la grille de segmentation. Pour chaque modèle, on peut noter une couleur verte prédominante (distance inférieure à la taille du voxel de 1mm).

En raison de sa méthodologie de reconstruction, positionnant initialement les sommets au centre des arêtes de la grille, les *FE* présentent une carte de distance très homogène autour de 0,5. Les *DMC* produisent une carte de distance moins homogène, car la présence de quelques couleurs rouges et jaunes peut être remarquée, contrairement aux *FE*. Le *PMU* présente également une dominance de couleurs rouges (grandes distances), indiquant un éloignement par rapport aux voxels de la segmentation. Ceci est dû à sa construction par méthode implicite, dont le lissage du modèle dans certaines zones marque un écart plus significatif à la segmentation. Quant à notre méthode, elle présente une carte de distance légèrement plus proche de la segmentation, caractérisée par des distances plus faibles (cyan et bleu). La réinterpolation géométrique appliquée à la fin de notre procédé permet à un ensemble non négligeable de points de se rapprocher de la surface segmentée, ce qui produit des résultats plus fidèles à l'anatomie.

Les comparaisons peuvent être approfondies en examinant les courbes de la figure 3.26. Elles montrent le pourcentage cumulé de points en fonction de la distance. En d'autres termes, il s'agit du ratio de sommets qui sont, au maximum, à une certaine distance d'un voxel de la segmentation. La méthode des *FE* produit plus de 90% des points du maillage à une distance

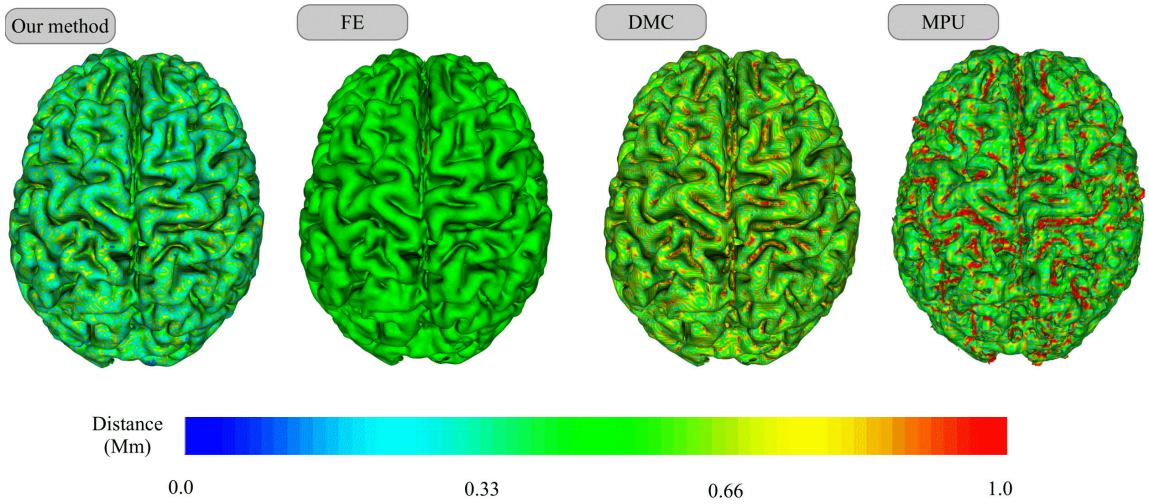


FIGURE 3.25 – Visualisation des différences entre la segmentation et plusieurs modèles 3D reconstruits. Pour chaque sommet du modèle 3D, sa distance minimale par rapport aux points extraits de la segmentation est calculée (le bleu reflète les faibles distances et le rouge les fortes distances).

inférieure ou égale à 0,5mm, c'est-à-dire à la moitié de la taille d'un voxel, ce qui est cohérent. En raison du lissage obtenu directement lors de sa construction, le *PMU* produit des points légèrement plus éloignés. Grâce à sa méthodologie, les *DMC* produisent un maillage cohérent, mais rencontrent des difficultés dans la gestion du bruit. Avant la réinterpolation géométrique (section 3.4), notre méthode produit un résultat très similaire et même légèrement meilleur par rapport aux *FE*, *PMU* et *DMC*, en raison des corrections sémantiques effectuées au cours de la deuxième étape (section 3.3.2). La courbe représentant le pourcentage cumulé des éléments en fonction de leur distance après réinterpolation géométrique (en rouge) montre une somme cumulée moins satisfaisante. En effet, la troisième étape de notre méthode opère sur des données de voxel (*cf.* Sec. 3.4), donnant une information plus fine que la résolution du voxel. Le déplacement des points 3D n'est donc pas nécessairement effectué vers le centre de leur voxel associé. Le but de ces opérations est d'obtenir des résultats aussi proches que possible des données réelles, à une précision plus fine que celle utilisée par la grille de voxels de segmentation, d'où les écarts.

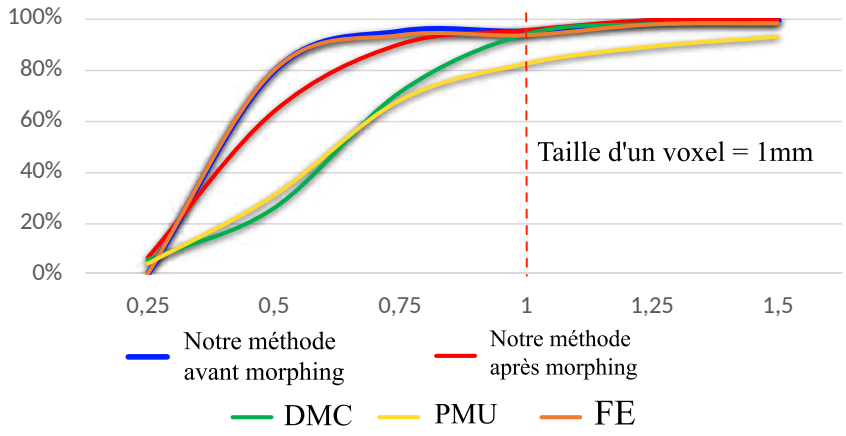
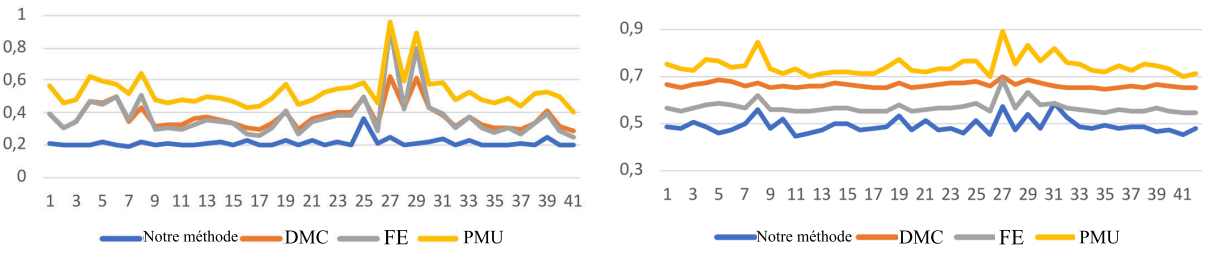


FIGURE 3.26 – Pourcentage cumulé des points en fonction de leur distance à la grille de voxels de segmentation, pour chaque méthode.

La figure 3.27 montre l'écart-type et la moyenne arithmétique du calcul de la distance entre l'objet et le grille de voxels de segmentation effectuée sur notre jeu de données médicales de



(a) (b)

FIGURE 3.27 – (a) Écart-type, (b) Moyenne arithmétique

sujets sains, soit 42 cerveaux. Indépendamment de la complexité du modèle ou de la quantité de bruit initial, notre méthode s'illustre par de meilleurs résultats que les *FE*, *PMU* et *DMC*. Nous en déduisons donc que les sommets reconstruits par notre méthode sont plus proches des centres des voxels de la grille de segmentation, et donc moins dispersés. D'un point de vue qualitatif, notre modèle final ne présente pas de zones trop éloignées des données segmentées, contrairement aux autres modèles.

3.5.5 Comparaison avec *FreeSurfer*

Actuellement, *FreeSurfer* (*FS*) est le principal logiciel permettant aux neuroscientifiques de tirer profit de la 3D [127, 128]. Le modèle déformable initialisé pour représenter la SB permet de prétraiter les volumes des images IRM et étiqueter les classes de tissus sous-corticaux. Un alignement volumique non linéaire à haute dimension est effectué sur un atlas donné pour permettre l'étiquetage des volumes et ainsi guider la reconstruction (description complète dans [129]). Son procédé de reconstruction est établi exclusivement pour la surface corticale, en d'autres termes les modèles reconstruits correspondent à la limite entre la SB et la SG corticales ainsi que de la surface piale [34]. Dans les cas de sujets sains, la reconstruction de la zone corticale est précise grâce à l'utilisation d'atlas de données.

Contrairement à notre méthode, celle de *FS* ne produit qu'un seul modèle, homéomorphe à la sphère, représentant l'interface entre SB et SG, ainsi que la surface piale. Un processus de nettoyage du bruit est utilisé pour permettre la déformation du modèle de SB. Cependant, celui-ci est très dépendant de la qualité des données. En effet, dans le cas de données trop bruitées, une intervention manuelle est nécessaire et conduit à un processus semi-automatique pour la reconstruction. En outre, notre méthode se distingue par son efficacité en terme de temps de calcul, étant donné que la reconstitution d'un modèle par *FreeSurfer* demande plusieurs heures.

Pour comparer ces deux méthodologies, nous utilisons l'un des 42 sujets sains de notre jeu de test. La reconstruction corticale de *FS* est précise grâce à l'utilisation d'atlas de données. Cependant, cette méthode se base sur une reconstruction indépendante de chaque hémisphère. La conséquence de ce choix est l'approximation de la surface des tissus reconstruits au niveau des zones où les deux hémisphères se rejoignent. Les figures 3.28 et 3.29 illustrent la différence fondamentale entre nos modèles reconstruits et ceux de *FS*. Notre méthode de reconstruction prend en compte tous les segments, et permet de représenter plus fidèlement chaque tissu cérébral, là où une reconstruction purement corticale perd en précision aux alentours de tissus non pris en compte.

En ce qui concerne les cerveaux avec lésions ou résultat d'une opération, *FS* prend très mal en charge ces types de données. Le même procédé semi-automatique est utilisé pour recons-

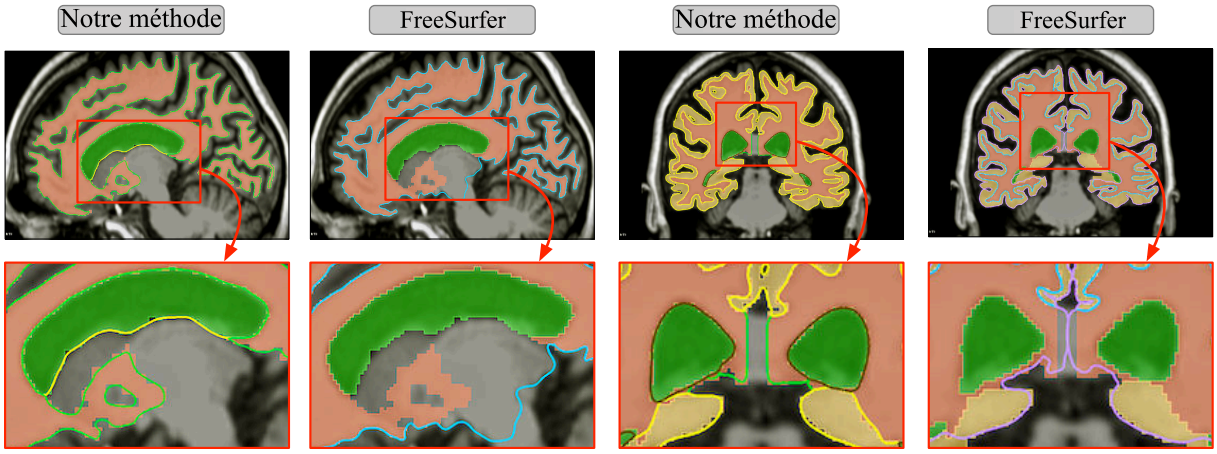


FIGURE 3.28 – Exemples de reconstruction de la matière blanche avec notre méthode en vert et *FreeSurfer* en bleu.

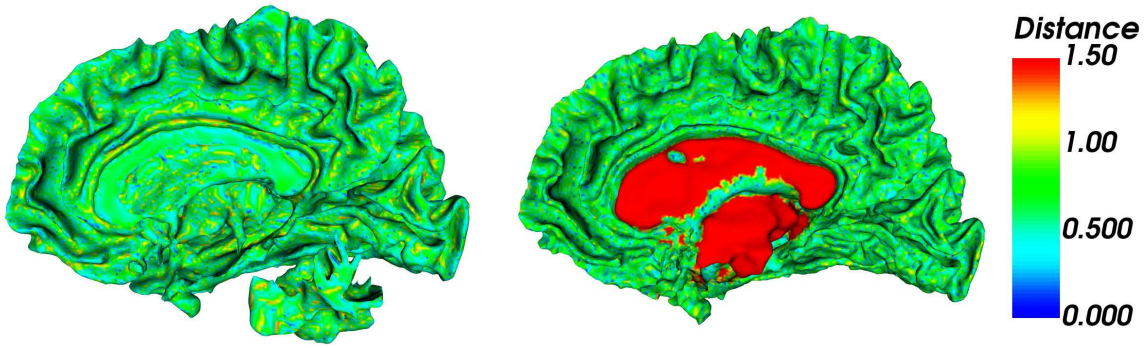


FIGURE 3.29 – Visualisation des surfaces de matière blanche reconstruites avec notre méthode à gauche et avec *FreeSurfer* à droite. Pour chaque méthode de reconstruction, les surfaces sont codées par couleur en fonction de la distance absolue par rapport à la segmentation, du bleu (petite distance) au rouge (grande distance), en utilisant notre métrique.

truire la surface corticale. Cependant, dans le cas d'une tumeur par exemple, le processus de segmentation identifie les voxels de lésions de l'image comme des voxels de substance blanche, à cause du manque de contraste à l'acquisition. Ces données peuvent provoquer des distorsions et des déformations de l'anatomie saine du cerveau. Cela peut rendre la segmentation et l'étiquetage des structures cérébrales plus difficiles pour *FS*, dont les atlas sont basés sur une anatomie saine. Plus exactement, une intervention manuelle est obligatoire pour corriger ces ambiguïtés. Évidemment, ce problème est le même pour les données post-opératoire. Dans le cas où l'intervention de l'expert permet de lever ces ambiguïtés, le modèle final ne représente pas les tissus lésionnels, mais simplement l'interface au niveau de la surface corticale. Ces inconvénients sont également présents dans la solution proposée par *FastSurfer*, puisque ce dernier base l'extraction de ses surfaces sur ce processus. Ces problèmes existent car un maillage reconstruit par *FS* est obligatoirement homéomorphe à une sphère. Ce sont des problématiques que notre méthode de reconstruction résout, puisque le nombre de segments à reconstruire n'est pas restreint.

3.6 Conclusion et perspectives d'amélioration

Dans ce chapitre, nous avons présenté une nouvelle méthode de reconstruction pour la génération de maillage volumique à partir de données médicales 3D discrètes acquises, plus particulièrement provenant d'IRM. Le procédé permet de produire, sans intervention manuelle, à partir

d'une grille de voxels de segmentation, une partition 3D de l'espace. Plus exactement, le modèle final est exempt d'espaces vides et chevauchements, et respecte un ensemble de contraintes concernant l'adjacence des tissus reconstruits.

La méthode de reconstruction utilise une G-Carte pour représenter les informations topologiques des différents tissus segmentés et reconstruits à l'aide de la méthode du *FE*, en stockant notamment une information de sémantique pour indiquer à quel tissu anatomique chaque volume du modèle appartient. Après avoir nettoyé une partie du bruit provenant de la grille de voxels de segmentation en traitant chaque volume localement, une procédure topologiquement cohérente est appliquée pour fusionner efficacement chaque segment traité. Cette procédure génère un seul modèle volumique, dont les incohérences liées à la sémantique sont détectées à l'aide d'une étude locale de leur voisinage topologique. En se basant sur un ensemble de contraintes pré-établies et les données fournies par l'EVP, chaque incohérence est corrigée à l'aide d'une opération topologique robuste, s'assurant de conserver ou mettre à jour l'information de sémantique. Notre méthode inclut une réinterpolation des sommets du maillage final à partir de la donnée discrète associée à chaque voxel. Cela a pour effet de modifier la surface des tissus reconstruits sans modifier la topologie globale. Ainsi, le modèle 3D final est au plus proche des données réelles afin d'être utilisé aussi bien dans le domaine clinique que recherche.

Nous avons effectué plusieurs expérimentations à partir de données IRM, en variant les organes segmentées, pour démontrer la polyvalence de notre méthode. En particulier, nous avons travaillé avec un jeu de données de cerveaux de sujets sains fourni par le service imagerie de la plateforme UHF, CHU Poitiers. Les modèles 3D sont reconstruits selon des contraintes d'adjacence entre les différents tissus (ou segments) en utilisant une identification sémantique cohérente et une représentation explicite du voisinage topologique. Ce type de contraintes n'est pas du tout pris en compte par les méthodes de la littérature. Notre méthode produit des maillages qui sont géométriquement plus proches des données acquises, comparé aux processus plus standard dans le médical. L'utilisation d'un modèle topologique apporte notamment des avantages pour la gestion de la cohérence de la partition de l'espace lors de l'application d'un algorithme de lissage. En comparaison avec le logiciel *FreeSurfer*, le principal outil utilisé par les neuroscientifiques, notre méthode offre une reconstruction bien plus rapide et précise. Plus particulièrement, nous sommes en mesure de reconstruire des cerveaux plus complexes, avec lésion ou post-opérés par exemple. Des outils comme *FreeSurfer* sont restreints par leur méthode de reconstruction, qui ne prend en compte qu'un nombre limité de tissus dans le modèle reconstruit final, le rendant incapable de traiter de tel cas de patient.

Un point notable dans le modèle 3D est le fait que les liens d'inclusions entre les composantes connexes (et donc volumes) ne sont pas pris en compte. Plus exactement, comme les maillages initiaux sont surfaciques, l'information liée à l'inclusion n'existe pas, et une solution topologique n'est pas envisageable pour gérer l'inclusion à ce stade (trop tardif). Dans nos cas pratiques, nous n'avons pas eu besoin d'avoir recours à la gestion des liens d'inclusion, mais si une application le nécessite, des solutions géométriques de détection d'inclusion sont possibles, et l'inclusion est représentable via l'utilisation de cellules fictives et, ou, un arbre d'inclusion (*cf.* Sec. 2.3.3).

D'un point de vue implémentation, certains points pourraient être améliorés dans le futur. Tout d'abord, notre méthode de reconstruction est presque exclusivement séquentielle, hormis la reconstruction initial d'un segment avec le *FE*. Le point critique est l'accès aux éléments de la G-Carte de la librairie *MOKA*, qui ne permet pas les accès concurrents. Ensuite, lors de l'étape de reconnexion des segments recontruits, décrite dans la section 3.3.1, nous utilisons la géomètrie pour effectuer le test de similarité entre les faces provenant de tissus différents. Une stratégie plus élégante serait de retrouver, pour chaque sommet, l'indice des voxels utilisés pour

leur création, et ainsi éviter tout problème lié à la précision numérique. Cette information peut être stockée dès la construction du maillage, ou récupérée après, dans le modèle topologique, sur l'orbite sommet correspondant.

La production d'un modèle 3D complet, représentant les différents tissus segmentés d'un cerveau avec précision, et enrichi par des informations sémantiques et topologiques élargit les perspectives d'utilisation dans le domaine transverse de la neuroscience et de l'informatique graphique. Dans le chapitre suivant, nous allons utiliser ce modèle complexe comme base de nos travaux, et exploiter les informations topologiques et sémantiques à notre disposition pour proposer une nouvelle solution pour visualiser, représenter et manipuler les données acquises en spectroscopie par résonance magnétique.

CHAPITRE 4

EXPLOITATION DU MODÈLE TOPOLOGIQUE EN SPECTROSCOPIE PAR RÉSONANCE MAGNÉTIQUE

Sommaire

4.1 Étude de la spectroscopie 72
4.2 Opération topologique pour l'extraction de la grille 3D 76
4.3 Gestion de l'inclusion des volumes des différents tissus 83
4.4 Présentation du modèle topologique 3D pour la SRM 86
4.5 Re-calcul des données de spectroscopie 89
4.6 Résultats 91
4.7 Conclusion 101

Dans le chapitre 3, nous avons détaillé notre méthode de reconstruction permettant d'obtenir un modèle 3D topologique représentant plusieurs tissus segmentés. Le modèle est enrichi par les données des images acquises, notamment la nature des tissus pour chaque cellule topologique, et représente une partition de l'espace 3D. Ce dernier point indique implicitement que les différents tissus reconstruits ne se chevauchent pas, ne s'intersectent pas, et aucun vide n'est présent entre les volumes. Dans le cas pratique du cerveau, en exploitant les données fournies par l'EVP, le modèle est au plus proche de l'anatomie réelle. Notre modèle représente également explicitement les relations d'adjacences entre les cellules topologiques grâce à l'utilisation d'une G-Carte. Enfin, la méthode de reconstruction développée permet de s'adapter à un nombre arbitraire de segments à reconstruire. Le modèle reconstruit est développé de sorte à être enrichi par l'intégration d'informations spécifiques au domaine d'application, comme l'exemple que nous allons voir dans ce chapitre.

Dans ce chapitre, nous proposons d'exploiter notre modèle 3D topologique et tissulaire du cerveau afin de visualiser et représenter les données acquises par spectroscopie par résonance magnétique (SRM) pour l'aide au diagnostic. La SRM est une technique non invasive qui permet d'explorer le métabolisme des tissus biologiques *in vivo* pendant l'examen d'imagerie par résonance magnétique du cerveau. La SRM fournit des informations sur la composition chimique

des tissus cérébraux, intialement sous la forme de spectre. Les informations acquises sont stockées à l'intérieur d'un ou de plusieurs voxels de SRM. Chaque voxel englobe plusieurs coupes de l'image IRM, et peut comprendre différents tissus. Ces derniers sont influencés par leur environnement biologique. Cependant, chaque voxel ne contient qu'un seul spectre, ne prenant pas en compte la répartition et l'influence tissualire (SG, SB, LCR ou lésion). Ainsi, cette représentation du spectre ne donne qu'une information incomplète de la pathologie étudiée. C'est pourquoi, au même titre que la reconstruction de plusieurs tissus segmentés, l'exploitation d'un modèle 3D topologique est intéressant. En effet, au sein d'un même voxel de spectroscopie, l'identification des volumes des tissus reconstruits permet de raffiner le modèle pour distribuer l'information de spectroscopie au sein des différentes structures du cerveau. Cette représentation en modèle continu fournit les outils pour visualiser et manipuler au plus proche de la réalité les données de spectroscopies.

Le modèle que nous voulons obtenir correspond à la superposition de la grille SRM sur le maillage reconstruit. Plus exactement, il s'agit de superposer le maillage reconstruit, de résolution fine, et la grille acquises par SRM, de basse résolution, afin d'affiner les informations obtenues par SRM en les adaptant aux tissus anatomiques réels. Pour y parvenir, la méthode de reconstruction présentée dans le chapitre précédent fournit le modèle initial topologique des tissus du cerveau. Une nouvelle opération de découpe par rapport à un plan est ensuite employée itérativement pour découper le modèle topologique en fonction de la grille de voxels de spectroscopie et ainsi extraire les volumes contenus dans chaque voxel. La transformation globale se base sur l'opération topologique appelée « coraffinement », et conserve l'inclusion entre les volumes après chaque découpe en mettant à jour la sémantique des éléments générés. Ainsi, le modèle généré incorpore les informations acquises par SRM, en recalculant les données médicales en fonction des tissus cérébraux (types et volumes) couvertes par chaque voxel. Notre méthode fournit alors une nouvelle représentation et visualisation de ces données comparées aux méthodes standards.

Nous présentons tout d'abord dans la section 4.1 les données acquises par SRM et les limitations actuelles de leur visualisation et leur représentation. Puis dans la section 4.2, nous décrivons l'opération topologique de découpe par plan, en commençant par se positionner par rapport à la littérature, pour ensuite détailler son fonctionnement. La gestion de l'inclusion des volumes découpés durant l'opération est décrite dans la section 4.3. Des explications sur l'exploitation du modèle généré après les découpes par plan ainsi que le re-calcul des données acquises par SRM sont données dans les sections 4.4 et 4.5. Enfin, la section 4.6 présente les résultats des tests effectués sur l'opération topologique de découpe par plan et les données de SRM.

4.1 Étude de la spectroscopie

Afin de comprendre l'ensemble des limites et enjeux autour des informations acquises par SRM, nous introduisons les données étudiées en spectroscopie ainsi que les limitations des méthodes standards quant à l'exploitation de ces données.

4.1.1 Présentation des données de spectroscopie

L'étude par SRM permet de quantifier plusieurs métabolites de l'organisme, dans une zone d'intérêt délimitée. Combinée aux images anatomiques, la SRM est utile pour le diagnostic et le suivi de pathologies telles que les maladies neurodégénératives (tumeurs, maladies d'Alz-

heimer, accidents vasculaires cérébraux,...). Un métabolite est une petite molécule présente dans les cellules des tissus. Dans le cerveau, il est possible d'observer plusieurs métabolites, tels que : la choline (Cho) (neurotransmetteur de l'influx électrique nerveux dans les synapses cholinergique), la créatine (Cr) (accumulateur et générateur de l'adénosine triphospate), le N-AcétylAspartate (NAA) (marqueur du corps cellulaire neuronal), le glutamate (neurotransmetteur de l'influx électrique nerveux dans les synapses glutamatergique) et la glutamine (Glx) (précurseur du glutamate), et de massif proche les lipides (Lip) (composant de l'isolant du neurone) et le lactate (Lac) (sources nutritionnelles principales des cellules neuronales).

Chaque métabolite possède une fréquence de résonance différente dans le spectre [130]. Le métabolite correspondant est alors identifié à l'aide du déplacement chimique (*cf.* Fig. 4.1). Le déplacement chimique correspond à la modification de la fréquence de résonance de différents groupements chimiques, contenant un noyau d'atome donné, en raison de leur environnement électronique qui modifie le champ magnétique local vu par chaque groupement. La concentration relative de chaque métabolite est évaluée en fonction d'un signal de référence et de l'intensité du signal.

La SRM peut être réalisée à l'aide de deux types de séquences différentes : la spectroscopie à voxel unique (**SVS**, ou mono-voxel, plus précise et très localisé) ou l'imagerie par déplacement chimique à multi-voxel (**CSI**). Une acquisition multi-voxel comprend plusieurs voxels adjacents arrangés dans une grille, couvrant un large volume d'intérêt en une seule mesure. Cependant, cette séquence CSI est plus sensible aux artéfacts liés au déplacement chimique [131]. En effet, ce phénomène est responsable, pour deux voxels adjacents, de causer soit une perte d'information entre les deux (un décalage entre les spectres acquis), soit un intercalage partiel de leur spectre. Pour chaque voxel acquis par SRM, les données obtenues en sortie d'acquisition sont représentées sous la forme d'un spectre (*cf.* Fig. 4.1).

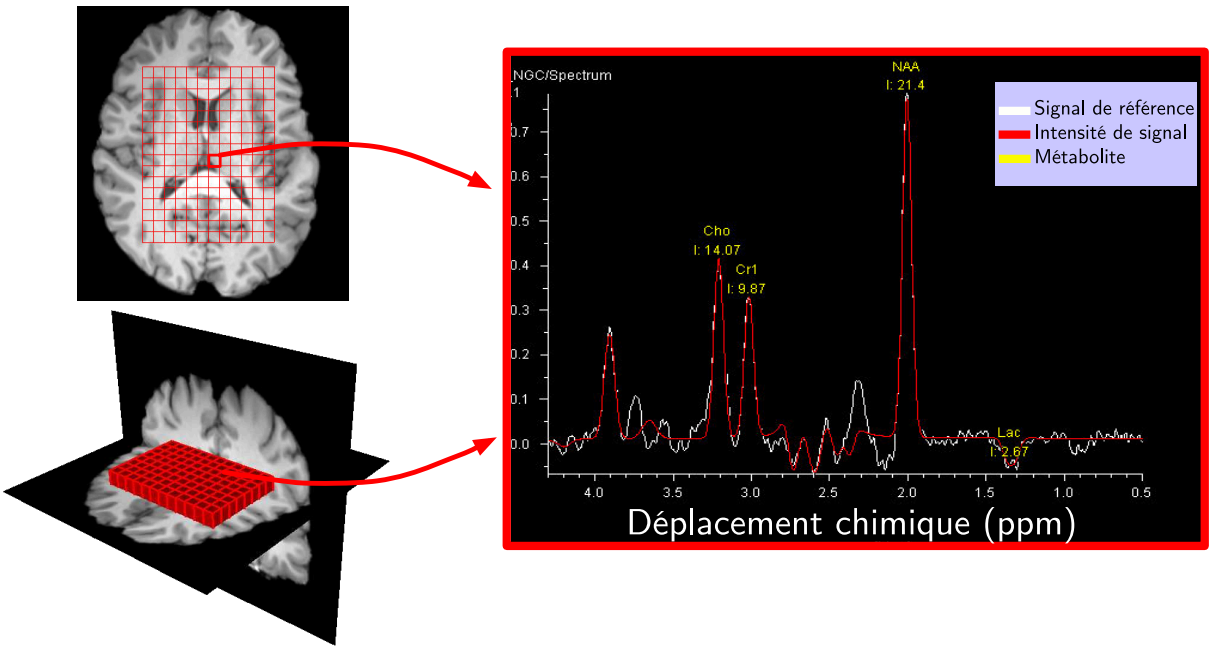


FIGURE 4.1 – Grille multi-voxel sur anatomie T1 : exemple d'un spectre pour un voxel de la grille.

La résolution spectroscopique est beaucoup plus grossière que celle utilisée en IRM. À titre de comparaison, la dimension des voxels d'une grille CSI est en règle générale 6.875x6.875x20mm^3, contre 0.89x0.89x0.9m^3 dans le cas des images anatomiques (ou 1x1x1mm^3 après post-traitement). Ainsi, chaque voxel de spectroscopie englobe plusieurs coupes IRM et peut être composé de

plusieurs tissus : substance blanche (SB), substance grise (SG) ou liquide céphalo-rachidien (LCR) au moins (*cf.* Fig. 4.2), et différents types de lésions (tumorales, plaques de sclérose en plaques...). Pourtant, une seule valeur de concentration relative pour chaque métabolite est donnée pour l'ensemble du voxel. Or, chaque type de tissu a une composition chimique différente et présente des concentrations moyennes spécifiques de métabolites. Les maladies neurologiques, telles que la maladie d'Alzheimer, la sclérose en plaques ou les tumeurs cérébrales, peuvent entraîner des changements dans les concentrations de certains métabolites. Une seule valeur par voxel est difficile à interpréter car elle ne signifie pas la même chose selon la prédominance de tel ou tel tissu dans le voxel. Cette représentation clinique est donc limitée pour visualiser finement l'impact de la pathologie. Pour étudier l'influence d'un tissu sur la répartition d'un métabolite, il est donc nécessaire de ne pas avoir une seule et unique valeur de concentration par voxel de spectroscopie.

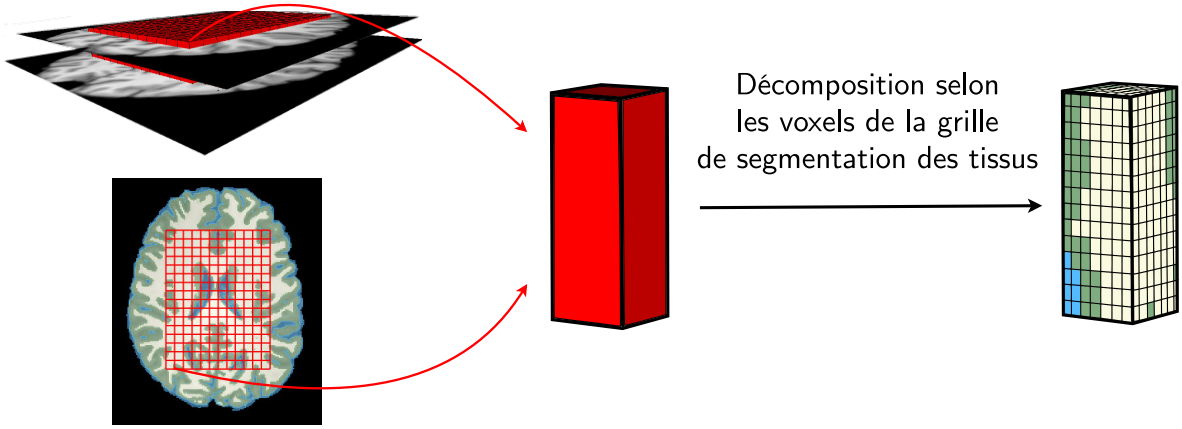


FIGURE 4.2 – Chaque voxel de la grille acquise par SMR englobe plusieurs images IRM et donc plusieurs voxels de la grille de segmentation des tissus. Ainsi, un voxel de spectroscopie peut être décomposé en voxel plus fins formant la grille de segmentation (sans que la superposition ne soit parfaite, *i.e.* des voxels de l'IRM ne sont que partiellement couverts par le voxel de SRM).

4.1.2 Limitations des méthodes standards

Les approches couramment employées pour la visualisation des données spectroscopiques sont à minima en mesure d'afficher le spectre acquis pour chaque voxel. Par exemple, des logiciels tels que *LCModel* [132] affichent également la cartographie des concentrations (ou des rapports) de métabolite associées (*cf.* Fig. 4.3). Cependant, les solutions sont assez limitées pour les raisons suivantes :

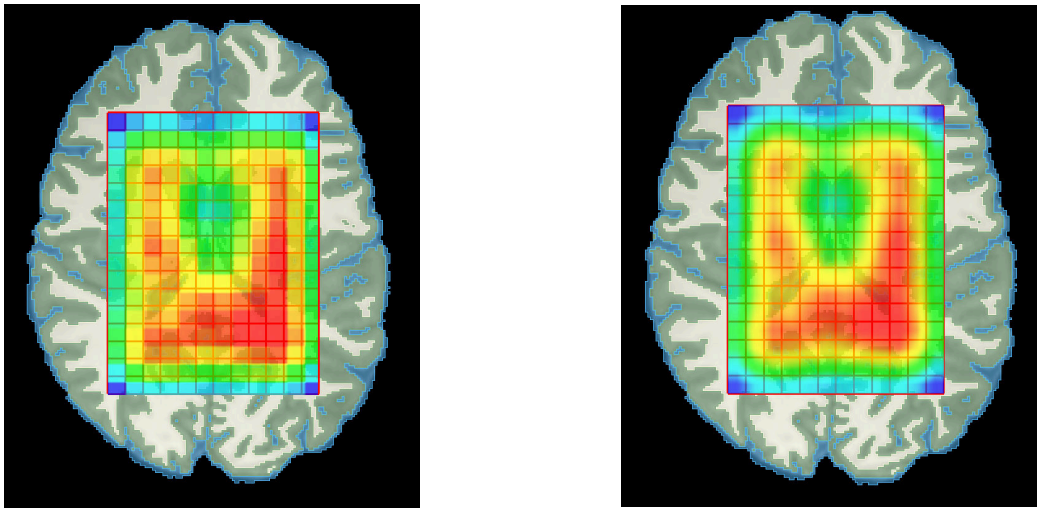
- À l'acquisition une seule valeur de concentration d'un métabolite par voxel est fournie ;
- Aucune information anatomique sur la distribution d'un métabolite entre les tissus n'est donnée.

Cette séparation entre les données anatomiques et spectroscopiques ne permet pas d'offrir aux médecins un support précis pour leurs analyses. Cette représentation n'est donc pas adaptée pour représenter finement les structures anatomiques et leur impact sur le métabolisme.

4.1.2.1 Contribution tissulaire

Étant toujours limités par une seule valeur par voxel, des algorithmes d'interpolation de base, notamment linéaire, sont appliqués aux données afin d'améliorer la résolution spatiale du résultat (*cf.* Fig. 4.3). Cependant, la composition tissulaire du volume d'un voxel de spectroscopie

n'est pas prise en compte. Or, selon la littérature [133], nous savons que les métabolites ne sont pas uniformément répartis entre les tissus, dans ce cas les informations interpolées apparaissent plutôt comme une sorte de lissage sans justification anatomique.



(a) (b)

FIGURE 4.3 – Exemple de visualisation de la cartographie d'une concentration relative d'un métabolite sans décomposition tissulaire : (a) visualisation de base et (b) visualisation avec une interpolation linéaire entre les voxels.

Dans la littérature, des méthodologies ont été proposées pour améliorer la précision des valeurs acquises sans devoir allonger ou compliquer les protocoles cliniques. Elles se basent notamment sur l'utilisation des données fournies par l'effet de volume partiel (EVP), et celle de la grille de voxels de segmentation des tissus cérébraux. Quadrelli *et al.* [133] proposent de corriger la quantification des métabolites en prenant en compte un éventuel volume du LCR, dans le cas d'un sujet sain uniquement. Cette approche ne fonctionne que pour une acquisition SVS, et ne permet que d'améliorer la valeur de la concentration relative du métabolite observé (en passant par une meilleure estimation de l'intensité du pic dans le signal). Des études sur la sclérose en plaque utilise une grille de voxels de segmentation de la SG, SB et du LCR pour estimer le volume de la lésion et en déduire le calcul de la concentration des métabolites dans la SB et SG [134, 135]. Les méthodes proposées ne permettent pas d'évaluer pour chaque tissu la concentration des métabolites, car elles évaluent principalement les concentrations dans la zone lésionnelle en comparant l'évolution de la lésion chez les patients au cours du temps. Certaines études ont également été menées en utilisant les données EVP dans le pipeline de traitement pour trouver une corrélation entre des lésions ou des maladies précises et des métabolites spécifiques quantifiés [136, 137].

Malgré les diverses avancées concernant l'étude et l'amélioration des données acquises par SRM, le domaine reste encore très ouvert. Il n'existe pas de modèle mathématique pour déterminer la contribution de chaque tissu pour la concentration d'un métabolite. À l'aide d'une étude empirique et spécifique pour certains cas (comme la sclérose en plaque notamment), une contribution relative peut être trouvée, mais uniquement pour certains tissus.

4.1.2.2 Visualisation et représentation

Au-delà de trouver la contribution tissulaire, les données de SRM sont aussi limitées en terme de visualisation et de représentation. En terme de visualisation, selon la littérature, au-

cune solution n'a été trouvée pour cartographier un métabolite en se basant sur l'anatomie pour afficher les concentrations de l'élément observé. En ce qui concerne la représentation, les méthodes proposées utilisent encore la grille de voxels de segmentation des tissus, ce qui limite certains calculs comme la volumétrie.

Des considérations supplémentaires sont à prendre en compte, notamment le fait que les grilles provenant de la segmentation et de la SRM ne sont pas superposables naturellement, soit parce que la grille SRM n'est pas alignée avec les images IRM, soit à cause de la dimension des voxels. En effet, rappelons que la résolution des voxels dans une grille CSI est habituellement de 6.875x6.875x20mm^3, tandis qu'elle est de 0.89x0.89x0.9m^3 (ou 1x1x1mm^3) pour les images anatomiques. La grille de voxels de segmentation, étant associée aux images IRM, partage les mêmes caractéristiques. Un nombre exact de voxels de la grille de segmentation n'est donc pas contenu dans un voxel de la grille SRM (6.875 / 0.89 $\approx$ 7.7). Il est envisageable de travailler uniquement avec un modèle discret [138], mais cela implique de sur-échantillonner au moins l'une des grilles pour travailler avec une résolution compatible avec les deux grilles. Les données approximées initiales (les concentrations des métabolites) ne sont pas modifiés, donc tout calcul est toujours tributaire de la résolution des voxels. Dans ce cas, une approche avec un maillage 3D correspondant au plus proche des données anatomiques serait plus adéquate que les approches par voxels car elles permettraient d'améliorer la précision des calculs nécessitant des données volumiques.

4.2 Opération topologique pour l'extraction de la grille 3D

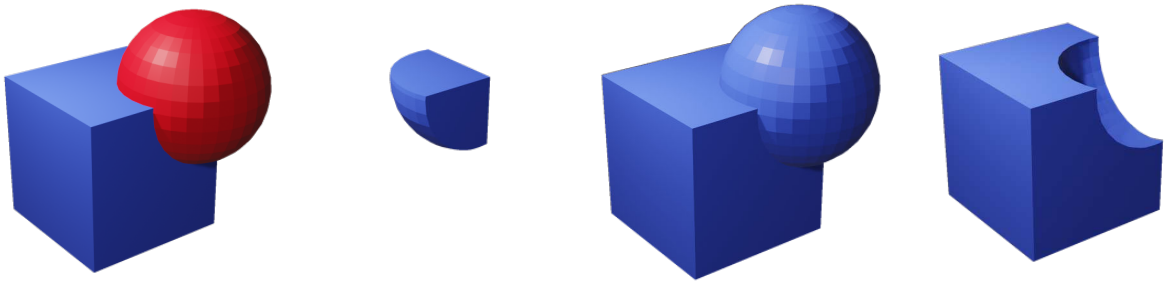
Afin d'améliorer la représentation et la visualisation des données acquises par SRM, nous exploitons notre modèle 3D topologique afin de l'enrichir en ajoutant les données de spectroscopie. L'objectif est de découper le modèle continu selon la grille de voxels de SRM, afin qu'en chaque voxel nous puissions identifier précisément chaque tissu présent et ses volumes. Nous définissons et utilisons une opération de découpe par plan, qui divise le modèle continu en deux parties séparées par ce plan. En utilisant itérativement cette opération avec les plans déduits de la grille de voxels de SRM, nous raffinons le modèle afin d'obtenir une découpe de ce dernier sous la forme des voxels de la grille. Après le découpage, nous pouvons adapter les informations de spectroscopie en fonction de la répartition des tissus présents dans le voxel, et ajouter ces informations dans le modèle final.

Cette section présente tout d'abord les limitations, pour notre objectif, des opérations ensemblistes actuelles. Ensuite, en nous basant sur les travaux de la littérature, nous décrivons l'opération topologique de découpe de maillage, depuis son initialisation jusqu'à la gestion de l'inclusion entre les volumes ainsi découpés.

4.2.1 Opérations ensemblistes

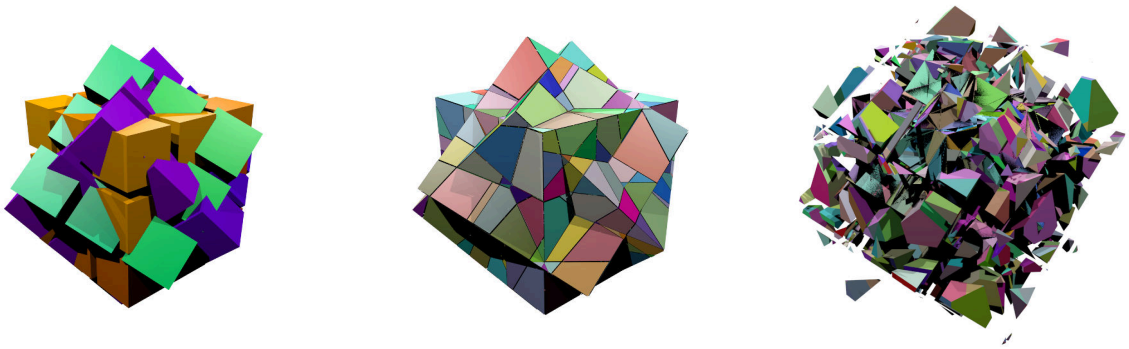
Dans la suite de nos travaux, nous cherchons à découper selon une grille un modèle 3D. Le modèle ainsi extrait doit être une partition de l'espace, c'est-à-dire, entre autres qu'aucun trou ni chevauchement ne doit être présent dans le modèle. Pour cela, nous avons besoin d'une opération pour séparer les éléments d'un maillage le long d'un plan quelconque, en conservant la cohérence topologique. Dans cette optique, le procédé se base sur une étape initiale pour pouvoir opérer des opérations ensemblistes, nommée opération de coraffinement.

Étant donnée une soupe de faces (bords de volumes), l'opération de coraffinement consiste à reconstruire un ensemble de volumes issus de la fusion des maillages initiaux, avec les relations d'adjacences nécessaires. Pour la suite de nos explications, prenons l'exemple du coraffinement des cellules entre deux objets. En pratique, toute cellule intersectée par une autre cellule est découpée selon cette dernière. Ensuite, une marque est attribuée pour chaque cellule afin de déterminer celles qui appartiennent aux deux objets ou seulement au premier ou (exclusif) au second. C'est à partir de ces informations que le coraffinement peut être utilisée pour calculer le résultat des opérations ensemblistes, dites aussi booléennes, telles que l'intersection, l'union et la différence (*cf.* Fig. 4.4), et produire le résultat de fusion d'un maillage (*cf.* Fig. 4.5). Il est à noter que cette opération n'introduit pas de chevauchement ni de trou dans le maillage final.



(a) (b) (c) (d)

FIGURE 4.4 – Opérations booléennes pour (a) deux surfaces initiales qui se chevauchent, une sphère en rouge et un carré en bleu ; (b) l'intersection, (c) l'union, (d) la différence.



(a) (b) (c)

FIGURE 4.5 – Processus de coraffinement : (a) 3 Rubik's cubes superposés dans le même espace, volumes de couleurs différentes qui s'intersectent ; (b) résultat après le processus de coraffinement 3D, toutes les faces et arêtes sont découpées le long des lignes d'intersection, les volumes ne s'intersectent plus ; (c) vue éclatée de tous les volumes ainsi obtenus.

En dehors des auto-intersections, l'opération de coraffinement est pensée pour pouvoir corriger les intersections entre les cellules topologiques de dimension 3 (volumes) reconstruits, en travaillant dans les dimensions inférieures : faces (dimension 2), arêtes (dimension 1). Une méthodologie, utilisant la structure topologique des demi-arêtes, est disponible dans le module *Polygon Mesh Processing* [139] de la librairie *CGAL*. Son algorithme de coraffinement, issu des travaux de Botsch *et al.* [140], a été étendu à des découpes des volumes délimités à l'aide d'un maillage fermé en utilisant un plan et sa normale. Malheureusement, le processus de coraffinement, plus particulièrement de découpage des faces et arêtes, reste un défi en pratique. Si l'arithmétique exacte [141] ou des prédicats [142] peuvent garantir l'exactitude, leur utilisation dans des cas réels avec des gros maillages et des coupes multiples est tout simplement impraticable à cause de leur temps de résolution. De nombreuses approches ont ainsi été proposées

pour réduire la complexité temporelle en limitant les imprécisions géométriques [139, 143]. Encore très récemment, *TopoCut* [144] propose une méthode robuste et rapide de découpage par plans multiples et arrangés de manière arbitraires, en utilisant les demi-arêtes, pour un maillage composé d'un seul volume. Cependant, celle-ci ne permet pas de travailler avec des modèles composés de plusieurs volumes connexes, puisqu'elle ne prend pas en compte l'inclusion.

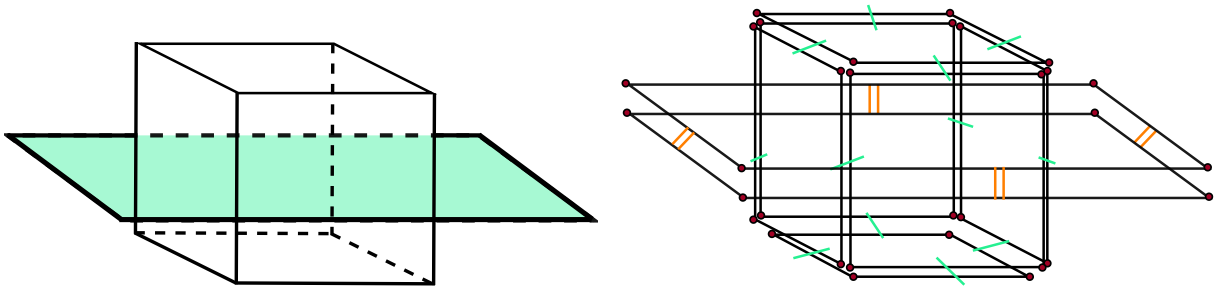
Belhaouari *et al.* [118] propose d'utiliser deux types de coraffinement :
- 1-coraffinement uniquement entre les arêtes ;
- 2-coraffinement uniquement entre les faces.

Le 1-coraffinement consiste à garantir la division des arêtes par l'insertion de tous les sommets correspondants à des intersections entre arêtes. Le 2-coraffinement, quant à lui, l'effectue sur les faces en se basant sur les plans de chacune des faces. Cette approche a été implantée pour les G-Cartes. Les travaux présentés par Guiard [145], également développés pour les cartes généralisées, proposent une approche basée sur la découpe par droite, et dont l'algorithme de coraffinement a été pensé pour les opérations booléennes.

Les approches exposées dans cette section se révèlent limitées pour le traitement notamment de l'inclusion entre les éléments. Par conséquent, nous introduisons une opération topologique de découpe de maillage dans la suite, permettant de séparer de manière précise des volumes selon un plan tout en préservant l'information d'inclusion entre les volumes découpés.

4.2.2 Définition du plan de découpe

Pour découper un maillage avec un plan, nous définissons ce dernier géométriquement et topologiquement. En pratique, nous travaillons avec une face bornée pour découper le modèle, et c'est cette face que nous appelons par la suite le *plan de découpe*. D'un point de vue géométrique, nous avons besoin d'un point $p \in \mathbb{R}^3$ et d'un vecteur de direction sous la forme d'un triplet $(x, y, z) \in \mathbb{R}^3$. Cela nous permet de déterminer l'équation du plan sur laquelle la face est positionnée. Sur ce plan, nous définissons arbitrairement 4 points géométriques pour créer le plan de découpe. D'un point de vue topologique, le plan de découpe est un volume fermé (*cf.* Fig. 4.6).



(a) (b)

FIGURE 4.6 – Visualisation d'initialisation (a) d'une face de découpe (en vert) avec un cube en vue géométrique, et (b) en vue éclatée topologique.

D'un point de vue purement technique, la librairie, utilisée pour le noyau et les opérations topologique, nécessite que le plan de découpe soit ajouté temporairement à la G-Carte du modèle. C'est l'une des raisons pour lesquelles, dans la suite, nous mentionnons les termes de plan ou face de découpe. Géométriquement, la face de découpe est choisie suffisamment large, afin que ses arêtes n'intersectent pas celles du maillage. Pour y parvenir, la boîte englobante du modèle en entrée est calculée, et ainsi les points de la face à créer sont positionnés selon

les limites de la boîte et l'ajout d'un écart de sureté. En effet dans nos travaux, les découpes sont faites pour scinder en deux le maillage à chaque opération, il n'est donc pas nécessaire de travailler avec les intersections d'arêtes, qui peuvent complexifier l'opération de découpe. Topologiquement, le plan de découpe n'est en aucun cas lié à un autre élément du modèle. Cela permet de l'identifier plus efficacement pour pouvoir le retirer du modèle après une découpe. Techniquement, une marque spécifique (et temporaire) est créée pour identifier tous les brins générés par la découpe, afin de reconnaître efficacement les éléments du plan et les supprimer une fois la découpe effectuée. Ainsi, une simple opération topologique de suppression sur les cellules marquées permet de ne conserver que les volumes provenant des tissus cérébraux.

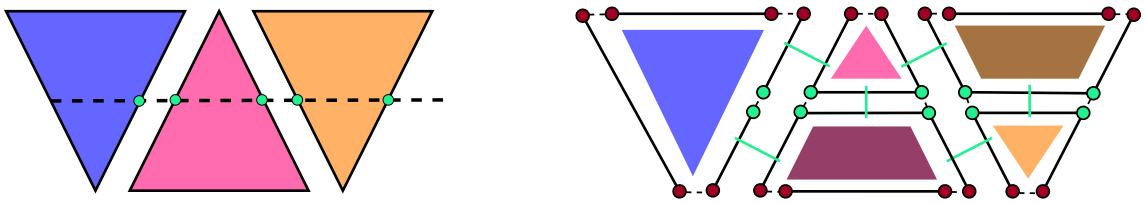
4.2.3 Insertion des points d'intersection des faces à découper

Inspirée des travaux effectués par Belhaouari *et al.* [118], la découpe s'effectue selon l'opération de coraffinement. Plus exactement, la base du système d'intersection et de l'insertion des nouveaux points est issue de leur méthodologie. Les modifications majeures apportées pour obtenir un modèle topologique fermé respectant toutes les contraintes sont décrites dans les sous-sections suivantes. Les tests d'intersection sont effectués en comparant le plan de découpe avec un ensemble restreint de faces du modèle. Les faces du modèle à découper sont quelconques : concaves ou convexes, mais toujours planes.

Grâce à l'initialisation du plan de découpe, seules les intersections des faces sont testées (*cf.* Sec. 4.2.2). Le procédé de recherche d'intersection et d'insertion des points de découpe se base en majeure partie sur le principe décrit dans la section *2-coraffinement* de l'article de Belhaouari *et al.* [118]. La mise en œuvre est prévue en 3D, prenant en considération chaque face mais aussi leur plan support. L'intersection entre une face et un plan de découpe est une *ligne de séparation*. L'opération d'insertion est basique pour les modèles à base topologique.

Concrètement, la découpe d'une face revient à un problème 1D, puisque cela dépend des intersections entre sa ligne de séparation et chacune de ses arêtes (*cf.* Fig. 4.7). Pour l'opération, nous nous plaçons dans une configuration générale qui assure que chaque face intersectée du modèle 3D initial par un plan de découpe, c'est-à-dire avec des sommets de part et d'autre du plan, est séparée en deux. Dans le cas particulier où la ligne de séparation est confondue avec le sommet d'une face du maillage, nous considérons que cette dernière est découpée un petit peu avant son sommet. Cela implique donc que pour chaque face à découper, qu'importe la configuration, un nombre pair de points d'intersection est attendu. En chaque point d'intersection calculé, un nouveau sommet topologique est inséré dans la G-Carte (*cf.* Fig. 4.7), en conservant les contraintes de cohérence du modèle, notamment vis-à-vis de la sémantique du tissu des brins ajoutés. L'insertion d'un sommet impacte automatiquement les faces incidentes, sans temps de calcul additionnel. Une fois les sommets insérés, les arêtes sont insérées dans la face afin de la couper en deux.

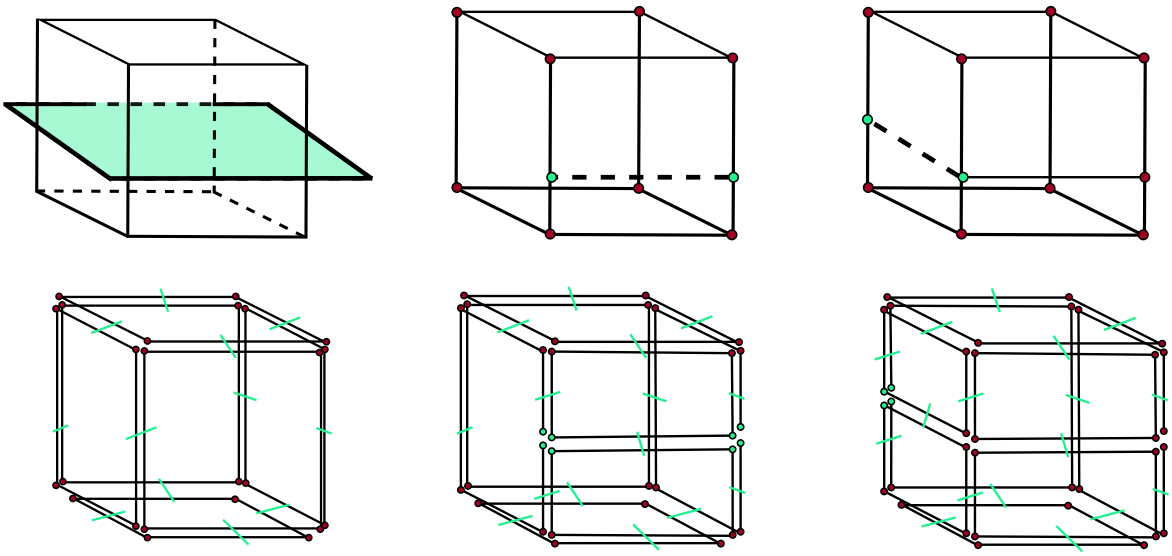
Le calcul d'intersection et les coordonnées des nouveaux points à insérer sont sensibles à la précision numérique. Par exemple, deux faces qui partagent une arête commune peuvent ne pas positionner le point d'intersection au même endroit à cause d'un très infime décalage. Pour éviter ce problème de précision numérique, nous profitons du fait que les découpes s'effectuent selon un plan. En effet, une face à couper peut exploiter la découpe déjà eventullement effectuée sur ses arêtes incidentes (*cf.* Fig. 4.8). En d'autres termes, une arête topologique n'est intersectée qu'une fois tout au plus par le même plan de découpe. Donc lors des tests, si un sommet a déjà été inséré sur une arête détectée comme intersectée, ce sommet est alors utilisé pour insérer l'arête de découpe de la face. Cela permet de ne pas être confronté aux incohérences géomé-



(a) (b)

FIGURE 4.7 – Exemple d'intersection entre (a) une ligne de séparation et des faces adjacentes, avec l'insertion des nouveaux sommets et les arêtes correspondantes en fonction des points d'intersection, en vue éclatée (b). La face en violet n'a pas tous ses points d'intersection calculés, afin de pouvoir visualiser la propagation de l'ajout d'un nouveau sommet sur une arête topologique (arête partagée avec la face initialement rose dans (a)). Les nouveaux brins insérés sont représentés en vert, pour les différencier de ceux déjà présents avant l'intersection.

triques liées à l'insertion de deux sommets extrèmement proches sur l'arête commune de deux faces.



(a) (b) (c)

FIGURE 4.8 – Schématisation en vue éclatée de la découpe de seulement 2 faces d'un cube par un plan de découpe (a) ; une face est intersectée et les nouveaux brins (et liaison pour créer les arêtes topologiques) au niveau du point d'intersection sont insérés (b), pour être réutilisé lors de la découpe d'une face adjacente (c).

4.2.4 Génération du modèle découpé

À ce stade, le maillage 3D n'a pas encore été séparé selon le plan de découpe. Pour cela, nous exploitons les points d'intersection générés par l'étape précédente. L'algorithme 3 propose de récapituler les différentes étapes nécessaires à la génération du modèle découpé :

1. le maillage est d'abord séparé en fonction de ses nouveaux sommets ;
2. une opération de fermeture est utilisée pour construire les nouvelles faces topologiques, et ainsi générer les nouveaux volumes ;
3. une fermeture supplémentaire est appliquée sur ces mêmes faces, afin de respecter la propriété de fermeture du modèle.

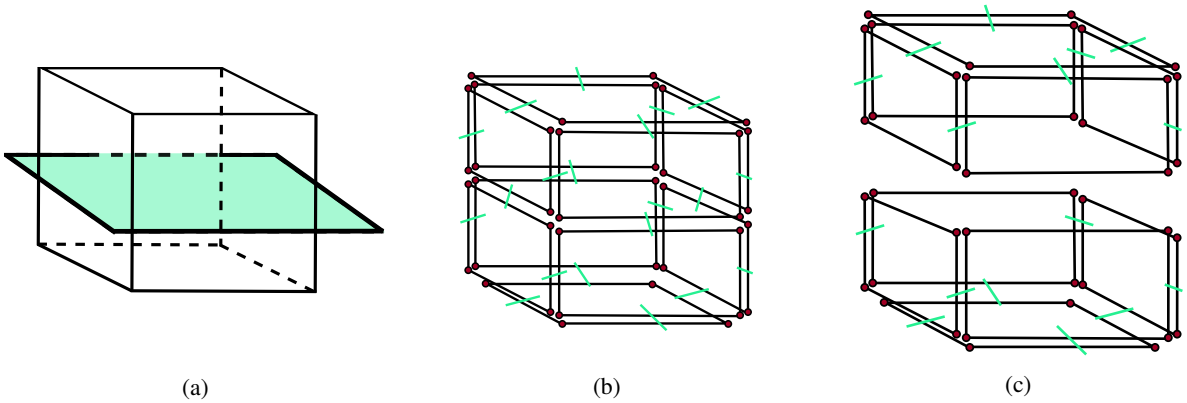
Le modèle est ainsi convenablement séparé en deux, au niveau des points d'intersection insérés selon le plan de découpe.

Algorithme 3: Algorithme pour la génération du modèle découpé à partir des sommets générés par l'étape d'insertion des points d'intersection des faces

Entrées: B : les brins créés par l'étape d'insertion des points d'intersection
Sorties: La G-Carte associée aux brins de B fermée en toute dimension

1 // ..... Initialisation d'une liste pour stocker des paires de brins
2 $new\ listePaire < brin, brin > ()$;
3 // ..... Étape 1 : découdre les brins de B pour séparer le maillage
4 // ..... et stocker les paires de brins décousus
5 **Pour tous les** ($b \in B$) **Faire**
6 $listePaire.ajouter(b, \alpha_2(b))$;
7 $2 - decoudre(b)$;
8 **Fin pour**
9 // ..... Étape 2 : création de nouvelles faces en fermant en α_2 les brins libres de B en α_2
10 $2 - fermeture(B)$;
11 // ..... Étape 3 : couture en α_3 de chaque α_2 des paires de brins stockées dans listePaire
12 **Pour tous les** ($paire \in listePaire$) **Faire**
13 $2 - coudre(\alpha_2(paire[0]), \alpha_2(paire[1]))$;
14 // ..... Liaison d'un brin orienté avec un brin non-orienté
15 **Fin pour**

Pour pouvoir séparer le modèle initial en fonction de ses points d'intersection insérés, une découpe est effectuée en fonction de ses derniers. Plus exactement, tous les nouveaux brins sont libérés (décousus) en α_2 par l'opération topologique de décousure en dimension 2. La figure 4.9 illustre le découpage engendré par cette opération.



(a) (b) (c)

FIGURE 4.9 – Schématisation en vue éclatée de la séparation en 2 volumes ouverts d'un cube par un plan de découpe (a) ; (b) tous les sommets et arêtes ont été insérés sur les faces intersectées par celle de découpe, qui sont ensuite (c) décousues en α_2, impliquant que les brins issus des intersections sont libres en α_2.

Cependant, la G-Carte n'est plus fermée car des α_2 sont libres. L'opération topologique de fermeture (*stop up*) en dimension 2 est donc utilisée. Concrètement, cette opération parcourt chaque volume pour le fermer en fonction de la dimension choisie (ici celle des faces), rassemble l'ensemble des brins libres en α_2 et crée une face les reliant entre eux. Évidemment, la contrainte d'orientation est respectée, et un ensemble de brins complémentaires est créé pour obtenir la face et fermer en α_2 le modèle (*cf.* Fig. 4.10).

La création de ces nouvelles faces engendre la présence de liaisons α_3 libres pour les nouveaux brins ajoutés à la G-Carte. Afin de respecter la contrainte de fermeture du modèle topologique, les liaisons sont corrigées. Plus précisément, nous stockons pendant l'étape de décousure en α_2 (présentée au début de cette sous-section) dans une structure annexe des paires de brins. Chaque paire de brins correspond aux brins décousus en dimension 2 (*cf.* Fig. 4.10). À partir de cette information, en prenant une paire de brins, les brins connectés en α_2 (les nouveaux brins) sont reliés entre eux par α_3 en respectant la marque d'orientation : un brin marqué lié à un brin non-marqué.

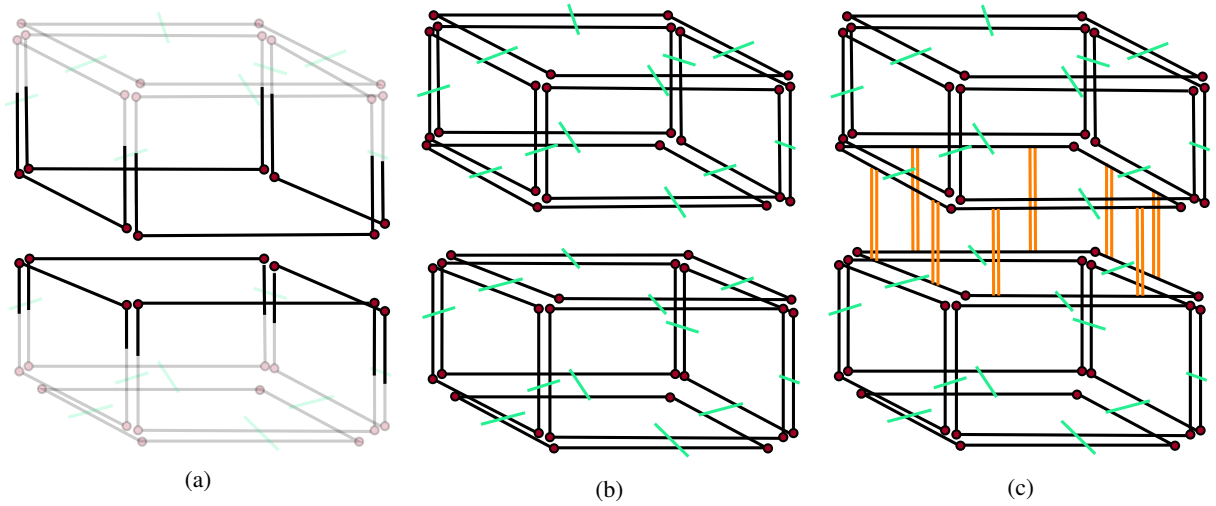


FIGURE 4.10 – Schématisation en vue éclatée de la fermeture topologique suivant l'algorithme 3. (a) Les brins libres en α_2, décousus lors de l'étape précédente, sont identifiés pour être (b) recousus selon l'opération de fermeture en α_2 des G-Cartes, générant de nouvelles faces. (c) Ces dernières sont sujets à une fermeture en α_3, afin de respecter la propriété de fermeture du modèle et ainsi créer des volumes fermés.

L'information d'appartenance à un tissu (sémantique) est conservée et mise à jour pour tous les nouveaux brins durant l'ensemble des opérations. Cependant, bien que les contraintes de fermeture et d'orientation du modèle topologique soient respectées, un problème apparaît. En effet, l'opération de découpe sépare des volumes en deux, mais le modèle final (composé de plusieurs volumes) ne correspond plus forcément à une partition de l'espace. Comme nous l'avons précisé dans la conclusion du chapitre précédent, le modèle 3D topologique initial peut être composé de certains volumes entièrement contenus dans d'autres. Ce cas n'est pas traité explicitement, les liens d'inclusions n'existent donc pas. Dans ces volumes, en utilisant un plan de découpe, l'inclusion se traduit également par des nouvelles faces co-planaires (confondues) incluses l'une dans l'autre (*cf.* Fig. 4.11). Pour rappel, dans un cerveau par exemple, aucun vide n'est présent entre les tissus cérébraux, et aucun chevauchement n'existe entre eux également, or deux faces co-planaires consistent en un chevauchement. Ainsi, la gestion de cette information est donc primordiale dans l'opération afin d'obtenir un modèle 3D cohérent.

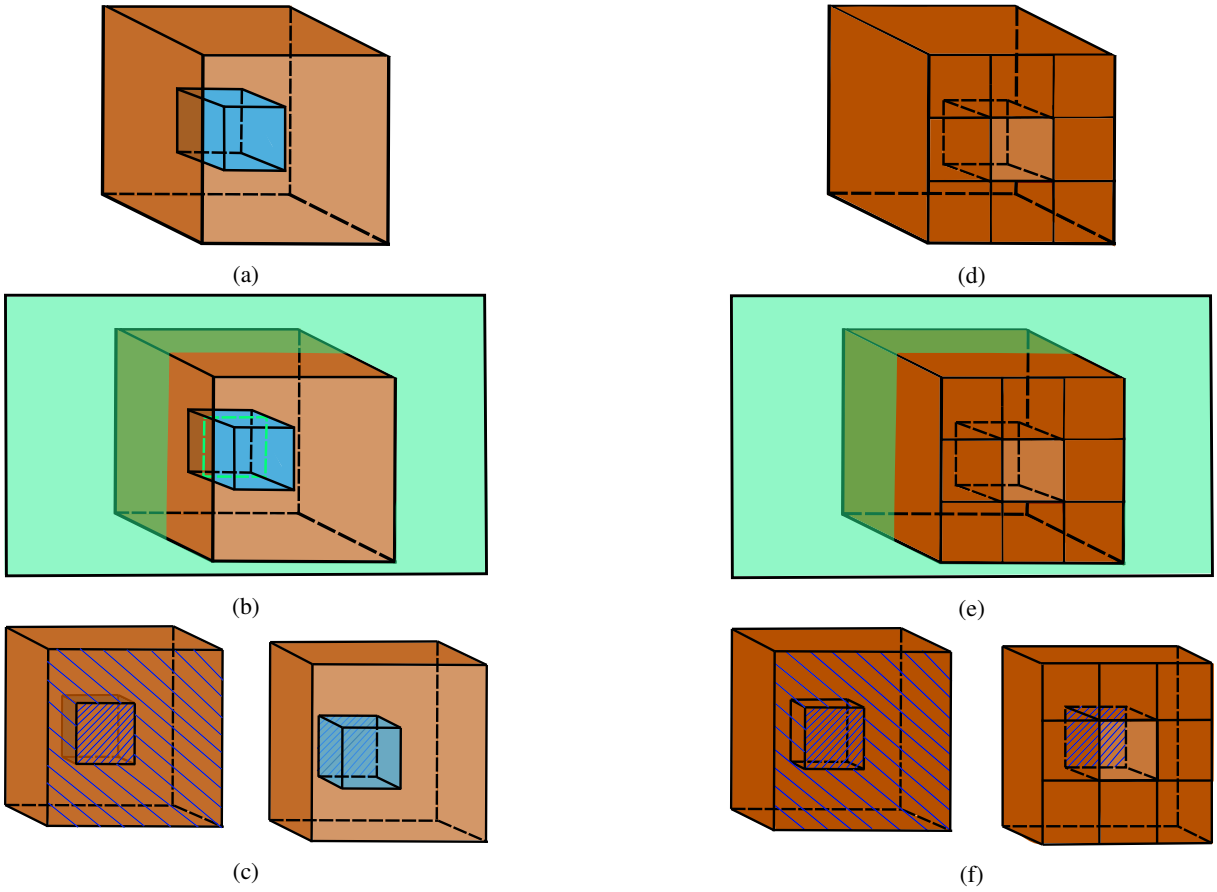


FIGURE 4.11 – Exemple de deux configurations de volumes découpés engendrant une perte d'inclusion. (a) Le volume bleu est totalement inclus dans le volume orange ; (b) les deux volumes sont découpés par un plan vertical (indiqué en vert et dont la trace sur le cube bleu est marquée par des pointillés) ; (c) la séparation et fermeture du modèle engendre deux faces co-planaires (avec inclusion géométrique), représentées par les faces hachurées en bleues foncées sur la partie de gauche (la même chose existe sur la partie de droite, par symétrie). (d) Le volume orange rentre partiellement dans lui-même ; (e) les deux volumes sont découpés par un plan vertical ; (f) deux faces co-planaires (avec inclusion géométrique) induitent par l'opération de découpe, représentées par les faces hachurées en bleues (la même chose apparaît sur l'autre partie, par symétrie).

4.3 Gestion de l'inclusion des volumes des différents tissus

Le problème de déconnexion est uniquement topologique et ne dépend donc pas de la géométrie. Afin de résoudre la perte d'information d'inclusion entre les volumes lors d'une découpe, un arbre d'inclusion des volumes est envisageable. Comme présenté dans la section 2.3.3, un arbre d'inclusion exprime l'inclusion en reliant par une branche deux nœuds N_1 et N_2, tels que N_1 est inclus dans N_2. Visuellement, l'utilisation simple de l'arbre d'inclusion ne permet pas de corriger le soucis de faces confondues observé précédemment. Aussi, à chaque découpe, l'arbre doit être mis à jour, ce qui peut s'avérer une tâche fastidieuse en fonction de la complexité de l'arbre et des relations existantes.

Comme nous l'avons vu dans la section 2.3.3, une solution adéquate est d'utiliser les cellules fictives avec notre modèle topologique. Dans notre cas de découpe par plan, nous ramenons le problème d'inclusion 3D à un problème 2D. Bien qu'initialement il s'agissait d'une relation entre volumes, nous proposons de ne gérer l'inclusion qu'au niveau des nouvelles faces créées lors de la découpe par plan. En d'autres termes, la découpe est effectuée selon un plan, donc les

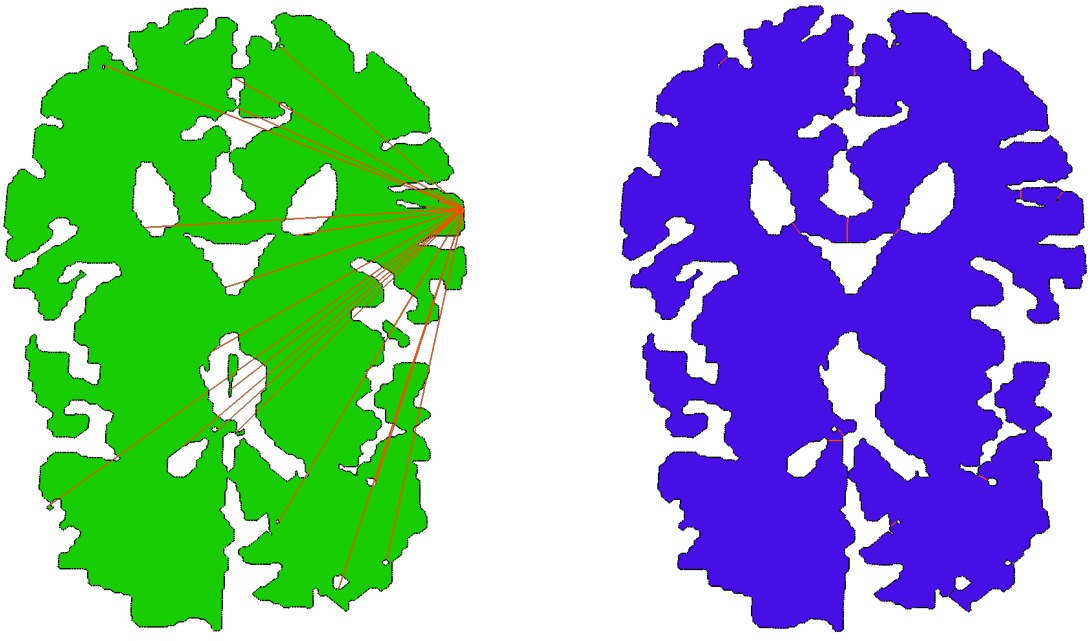
faces générées après la séparation des volumes sont dans le même plan, et donc relier les faces entre elles par une arête fictive permet de gérer proprement l'inclusion.

Dans cette section, nous décrivons la réalisation de ces cellules fictives lors de la découpe des volumes et la contrainte que cela apporte lors du calcul des intersections durant la découpe par plan.

4.3.1 Inclusion par les faces découpées

Après avoir fermé le modèle en α_3 comme décrit dans la section 4.2.4, l'opération topologique crée donc les liens d'inclusion entre les volumes en fonction de leur face incluse sur le plan 2D de découpe. Certaines contraintes sont à prendre en compte, la plus notable étant qu'une arête fictive connecte deux faces dont la valeur sémantique est identique. L'algorithme 4 présente les différentes étapes effectuées pour créer les arêtes fictives nécessaires.

À ce stade, il n'y a plus de problème lié à l'inclusion de volumes découpés. En d'autres termes, afin de gérer les configurations d'inclusion présentées ici, l'opération développée n'a pas besoin de face fictive mais uniquement des arêtes fictives. Dans notre modèle 3D topologique, une marque est utilisée pour distinguer les cellules fictives des autres.



(a) (b)

FIGURE 4.12 – Exemple de la gestion des arêtes fictives avec une approche (a) naïve, où toutes les arêtes partent du même sommet de la face contenant les autres, et (b) cherchant à minimiser la taille des arêtes fictives et évitant les intersections avec les arêtes réelles.

Le modèle découpé assure d'accéder à la valeur sémantique pour chaque cellule. Tout au long de l'opération de découpe, la sémantique d'appartenance à un tissu a été mise à jour pour les nouveaux éléments insérés, afin de conserver la cohérence sémantique du maillage reconstruit. Durant le traitement, chaque face est triée temporairement en fonction de sa nature sémantique. Ensuite, une identification des volumes de part et d'autre du plan de découpe est effectuée. Elle se base sur le barycentre de chaque volume et les données du plan. Cela permet de ne connecter que des brins du même côté du plan, et ainsi éviter de reconnecter des volumes que l'algorithme 3 (*cf.* Page. 81) avait séparé.

Algorithme 4: Algorithme pour la génération du modèle découpé à partir des sommets générés par l'étape d'insertion des points d'intersection des faces

Entrées: B : ensemble de brins représentant les faces créées par l'algorithme 3 (un brin par face)
Sorties: Modèle séparé en deux contenant les arêtes fictives pour gérer l'inclusion des volumes découpés

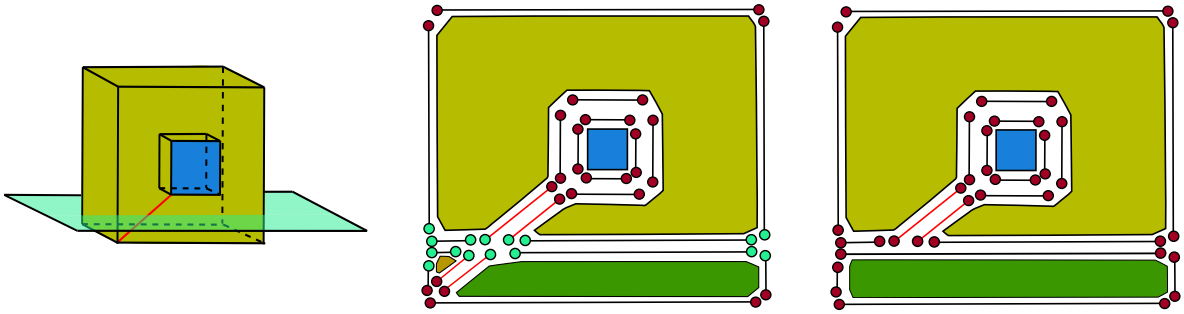
```
1  // ..... Initialisation d'un tableau à plusieurs dimensions pour stocker les brins
2  // ..... en fonction de leur tissu d'appartenance
3  new listeSemantique() ;
4  // ..... Étape 1 : tri des brins de B en fonction de leur valeur de sémantique
5  Pour tous les ( b ∈ B ) Faire
6      listeSemantique[b.semantique].ajouter(b) ;
7  Fin pour
8  // ..... Étape 2 : création des arbres d'inclusion des faces en fonction
9  // ..... de leur valeur de sémantique
10 Pour tous les ( iListe ∈ listeSemantique ) Faire
11     // ..... Création de l'arbre d'inclusion
12     new arbreInclusion() ;
13     Pour tous les ( ib ∈ iListe ) Faire
14         Pour tous les ( ib' ∈ iListe ) Faire
15             Si ( ib ≠ ib') alors
16                 // ..... Test si ib' est dans la face de ib
17                 // ..... Algorithme de test d'un point inclus dans une face issue de [146]
18                 Si ( estInclu(ib', ib) ) alors
19                     arbreInclusion.inserer(ib, ib') ;
20                 Fin Si
21             Fin si
22         Fin pour
23     Fin pour
24     // ..... Étape 3 : création des arêtes fictives pour l'inclusion des faces
25     Pour tous les ( paire ∈ arbreInclusion ) Faire
26         creerArete_Verification(paire[0], paire[1]) ;
27         // ..... Vérification lors de la création de l'arête que cela ne
28         // ..... ne produit pas d'intersection, sinon sélectionner un autre sommet à relier
29     Fin pour
30 Fin pour
```

Pour pouvoir déterminer les faces à lier par une arête fictive, une structure similaire à un arbre d'inclusion est utilisée. Pour chaque face, celles qu'elle contient entièrement sont determinées. Afin de les connecter et limiter les cas où une arête fictive traverse une autre face (*cf.* Fig 4.12), la distance minimale point à point entre les deux faces à relier est calculée. Ainsi, les deux sommets les plus proches sont utilisés comme extrémités de l'arête fictive. Il est nécessaire également de vérifier que l'arête créée ne produise pas de nouvelles intersections, sinon elle sera en conséquence déplacée dans la face de sorte à respecter cette condition.

4.3.2 Intersection avec arête fictive

Dans le cas de découpes successives, des arêtes fictives peuvent être incluses dans le modèle. Ainsi l'étape de la recherche et insertion des intersections de l'opération doit être mise à jour. En effet, lors d'une nouvelle découpe, le nombre d'intersections attendu pour une face est paire, or si un des points d'intersection intervient sur une arête fictive nous obtenons un nombre impair. Dans ce cas, tout point d'intersection sur une arête fictive est compté deux fois (*cf.* Fig. 4.13). Le reste du déroulé de l'opération pour la séparation reste comme présenté précédemment, c'est-à-

dire qu'elle est indépendante des arêtes fictives. En effet, l'algorithme ne fait pas la distinction entre une arête fictive et une arête réelle, en les traitant de la même manière.



(a) (b) (c)

FIGURE 4.13 – Schématisation de la mise à jour de la caractéristique fictive d'une arête fictive après une découpe par plan. (a) Vue 3D initiale, avec l'arête fictive en rouge ; (b) vue topologique de la face découpée contenant l'arête fictive après la découpe ; (c) simplification de la face en éliminant l'arête inutile.

L'information (la marque associée au caractère fictif d'une cellule dans le modèle topologique) est propagée sur les éléments générés de manière cohérente. Cependant, une vérification est effectuée sur les cellules fictives découpées, une fois les plongements (notamment identifiants de face et de volume) du modèle mise à jour. Certaines découpes des arêtes fictives peuvent avoir pour conséquence que l'une de ces dernières n'est plus nécessaire. La figure 4.13 illustre également ce cas éventuel. Le test de suppression se base sur l'étude du degré de l'arête fictive. Celle-ci est, par définition, de degré 1, donc si l'arête testée est de degré 2, elle est inutile et dans ce cas, supprimée. Concrètement, supprimer les arêtes inutiles permet de simplifier le modèle et de ne pas avoir de cellules inutiles (n'apportant aucune information supplémentaire).

Maintenant, l'opération de découpe par plan est opérationnelle, prenant en compte l'inclusion des volumes découpés. En tant que données d'entrée, un plan de découpe et un maillage 3D (ainsi que son modèle topologique) permettent d'utiliser l'opération, et donc de séparer en deux le maillage. Nous avons alors à disposition un outil pour extraire du modèle topologique et sémantique la grille de spectroscopie.

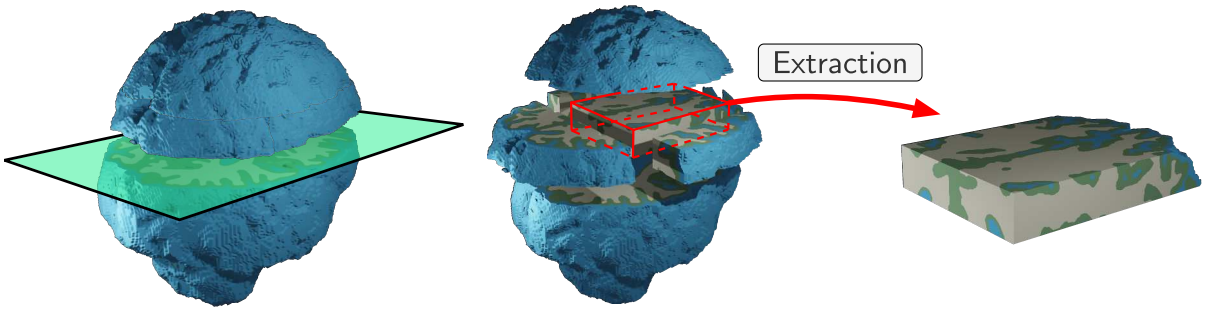
4.4 Présentation du modèle topologique 3D pour la SRM

Dans cette section, nous décrivons l'étape de découpage selon la grille de voxels de notre modèle 3D topologique pour le travail sur les données spectroscopiques. Le but est d'extraire la partie du modèle 3D contenue dans chaque voxel de la grille acquise par SRM. Ensuite, nous présentons en détail les différentes caractéristiques du modèle extrait. Enfin, nous expliquons comment exploiter le modèle pour calculer plus précisément les concentrations des métabolites.

4.4.1 Génération à partir des données de la grille de spectroscopie acquise

Nous voulons exploiter un modèle, enrichi de données topologiques, qui représente les différents tissus cérébraux présents à l'intérieur de la grille de voxels de spectroscopie. Pour y parvenir, nous utilisons l'opération de découpe par plan. Les plans utilisés pour la génération du modèle final sont définis à l'aide des informations de la forme de la grille à représenter.

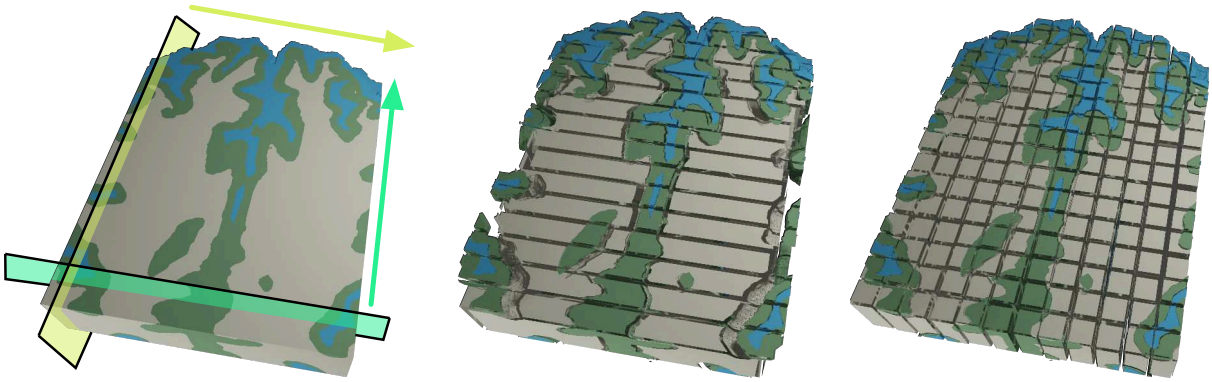
La première étape consiste à restreindre le modèle entier du cerveau à la zone correspondant à la grille de voxels de spectroscopie. Concrètement, l'opération de découpe par plan est appliquée sur les axes x, y et z, deux fois par axe, en utilisant les normales des faces de la grille initiale pour définir les plans. Après chaque séparation du modèle initial, la partie inutile est supprimée définitivement (*cf.* Fig. 4.14). Cette portion retirée du résultat correspond aux volumes qui sont extérieurs de la zone acquise durant l'acquisition par SRM. D'un côté purement technique, cela permet également de réduire la taille du maillage, ainsi réduire la complexité temporelle des traitements suivants, et la complexité mémoire du modèle.



(a) (b)

FIGURE 4.14 – Illustration de la découpe de l'enveloppe de la grille de voxels de spectroscopie à partir d'un modèle reconstruit. (a) Vue 3D de la première découpe sur le cerveau, avec les volumes séparés au niveau du plan vert ; (b) après les 6 découpes, nous pouvons extraire les volumes contenus dans la grille de SRM.

À ce stade, les découpes en fonction des voxels de la grille SRM manquent. C'est pourquoi l'opération de découpe par plan est appliquée successivement pour obtenir le nombre de colonnes et de lignes correspondant à la grille de voxels de spectroscopie. À partir des données acquises par SRM, nous pouvons déduire la normale et les coordonnées de chaque plan de découpe. La figure 4.15 illustre le résultat obtenu à partir des données initiales.



(a) (b) (c)

FIGURE 4.15 – Illustration de l'obtention du modèle représentant la grille de voxels de spectroscopie. (a) À partir du modèle précédemment découpé (*cf.* Fig. 4.14), celui-ci est découpé successivement en suivant le plan vert et la direction de la flèche verte pour représenter les lignes de la grille de voxels SRM (b) ; puis selon la même logique, suit les plans jaunes pour obtenir le modèle découpé selon les voxels de la grille SRM.

À la fin de cette étape, nous disposons d'un modèle topologique 3D représentant avec précision les volumes contenus dans la zone d'étude de l'acquisition par SRM. Le modèle est ainsi prêt à être enrichi par les informations de spectroscopie. Évidemment, les informations liées à la sémantique des tissus sont conservées pendant toutes ces étapes, et l'utilisation des arêtes fictives permet de représenter explicitement l'inclusion entre les volumes des tissus reconstruits.

4.4.2 Propriétés du modèle généré

Pour pouvoir représenter et visualiser les données acquises par SRM, nous exploitons le modèle 3D topologique, avec des plongements géométrique et sémantique (liés à la nature des tissus reconstruits). Aussi, afin de correspondre à la représentation d'un cerveau, le modèle final est une partition de l'espace. Le modèle est également enrichi des données de spectroscopie pour notamment centraliser toutes les informations et ainsi les exploiter plus facilement.

Concrètement, le modèle généré à l'aide de découpes par plan conserve l'ensemble des données sémantiques et met à jour les données topologiques (telles que les relations explicite de voisinage). En d'autres termes, pour chaque volume du modèle, nous avons l'information de quel tissu celui-ci provient. De plus, le modèle ne contient pas de cavités ni de chevauchements, et est fermé et orienté. Ces propriétés, provenant du modèle initial avant les découpes, sont préservées par l'opération topologique décrite dans ce chapitre. Ainsi, la partition de l'espace est conservée.

Désormais, le modèle est agrémenté par de nouvelles informations liées à la spectroscopie. Étant donné que les découpes par plan ont servi à séparer les volumes pour représenter les voxels de la grille acquises par SRM, chaque volume reconstruit possède l'identifiant du voxel. À l'aide de ce dernier, la concentration relative (issue du rapport de la quantité de matière de contenue dans un voxel divisée par la somme des quantités de matière de tous les constituants présents dans ce voxel) de chaque métabolite pour le voxel de spectroscopie correspondant est récupérée et également stockée dans le volume.

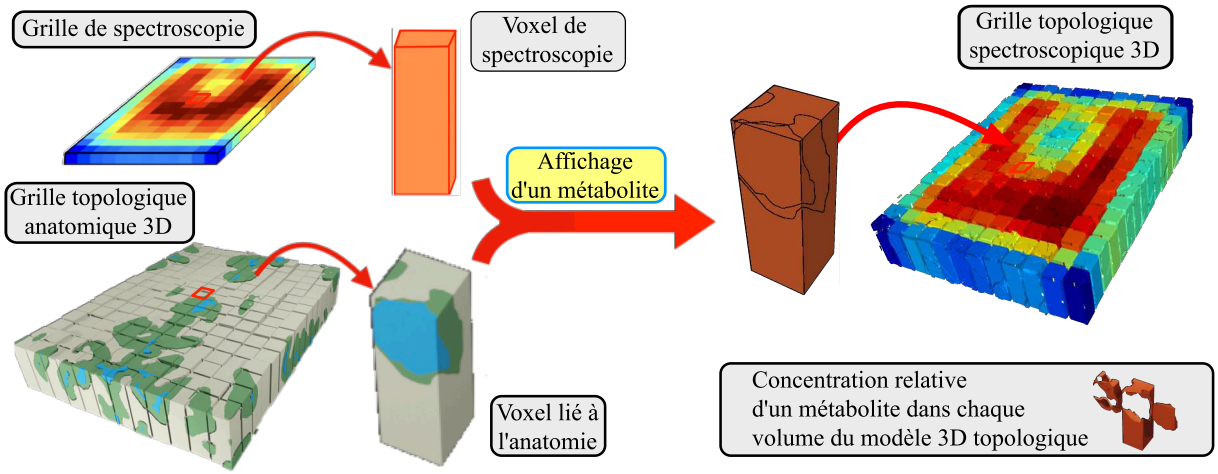


FIGURE 4.16 – Visualisation et représentation des données initiales contenues dans la grille de voxels de spectroscopie : la concentration relative d'un voxel de spectroscopie est attribuée à tous ces volumes tissulaires associés.

Pour chaque volume dans le modèle final, nous connaissons donc la nature du tissu d'origine (sémantique), la concentration relative de la métabolite initiale, l'identifiant du voxel de spectropscopie et les volumes adjacents (voisinage topologique). Ce modèle topologique englobe toutes les informations nécessaires pour calculer et représenter une concentration de métabolite précise, stockable nativement et répartie entre chaque volume anatomique reconstruit. À ce stade-là, nous sommes en mesure de visualiser et représenter la cartographie de la concentration actuelle d'un métabolite directement depuis notre modèle 3D (*cf.* Fig. 4.16).

4.5 Re-calcul des données de spectroscopie

L'acquisition par SRM ne fournit explicitement qu'une seule valeur de concentration d'un métabolite pour chacun de ses voxels. Nous savons également que les métabolites ne sont pas uniformément réparties entre les tissus anatomiques. Dans ce cas, une concentration de métabolite est calculée selon la somme de sa moyenne pondérée dans chaque tissu, se basant sur la proportion de chaque tissu dans le voxel et le taux de distribution d'un métabolite entre chaque tissu.

Nous proposons une nouvelle manière de représenter et de re-calculer les données de spectroscopie. Pour cela, nous utilisons une méthode de calcul utilisant la concentration relative du métabolite étudiée, ainsi que les volumes du voxel de spectroscopie, afin de répartir la concentration du métabolite dans chaque tissu en fonction de ses volumes. Nous exploitons alors le modèle 3D topologique présenté dans la section précédente. Ce modèle est capable d'identifier pour chaque voxel de spectroscopie les volumes anatomiques correspondant et de calculer la portion occupée par chaque tissu dans un voxel. Dans cette section, nous ne présentons qu'une formule capable de résoudre les cas pratiques du sujet sain avec seulement trois tissus (SB, SG, LCR). Il s'agit du cas le plus étudié pendant la mise en place du procédé, et il sert de preuve de concept. Les cas plus complexes, incorporant un autre tissu comme une lésion (tumeur par exemple), nécessitent une stratégie au cas par cas pour la formule. L'étude d'un cerveau avec une tumeur est expliquée dans la section 4.6.5.

Nous savons que chaque tissu a une contribution différente pour chaque métabolite (et cela inclut les lésions comme la sclérose en plaques, les tumeurs…). Malheureusement, comme présenté dans la section 4.1.2, aucune formule à ce jour n'existe pour re-calculer les concentrations de métabolites. Les pondérations de chaque tissu ne sont pas connues avec précision pour chaque métabolite à cause notamment de la complexité des cerveaux. En effet, nos travaux sont voués à améliorer la représentation et la visualisation d'une donnée plus fine, indépendamment de la justesse de la formule utilisée. Plus exactement, le jour où une telle formule existera, le modèle sera en mesure de l'incorporer sans que cela modifie son fonctionnement. De plus, notre modèle peut être utilisé par les médecins et les neurologues pour déterminer la valeur des coefficients.

Pour chaque voxel de spectroscopie, nous notons ces pondérations a_1, a_2 et a_3 (valeurs constantes), respectivemment pour chaque tissu numéroté 1, 2 et 3. Les volumes de ces derniers sont nommés V_1, V_2, et V_3, et les concentrations du métabolite associé sont notées C_1, C_2 et C_3. Le point de départ de la formule est d'utiliser la propriété de la masse du métabolite étudié, qui est égale à $C * V$. Cette masse est bien répartie entre les tissus et est toujours préservée (*cf.* Equ. 4.1).

$$C * V = C_1 * V_1 + C_2 * V_2 + C_3 * V_3 \tag{4.1}$$

Les concentrations du métabolite pour chaque tissu sont liées aux taux de distribution par les équations suivantes (*cf.* [138] pour plus de détails) :

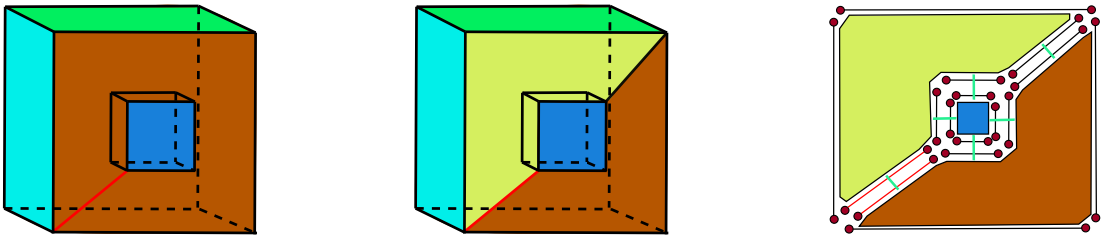
$$a_2 * C_1 = a_1 * C_2 \quad ; \quad a_3 * C_2 = a_2 * C_3 \quad ; \quad a_1 * C_3 = a_3 * C_1 \tag{4.2}$$

En remplaçant les concentrations C_2 et C_3 par leur valeur en fonction de C_1 dans l'équation 4.1, nous obtenons la concentration C_1 dans un volume V_1. L'équation 4.3 décrit comment obtenir C_1.

$$C_1 = \frac{C * V}{V_1 + \frac{a_2}{a_1} * V_2 + \frac{a_3}{a_1} * V_3} \Rightarrow C_1 = \frac{a_1 * C * V}{a_1 * V_1 + a_2 * V_2 + a_3 * V_3} \quad (4.3)$$

C_2 et C_3 sont déduits de C_1 à l'aide de l'équation 4.2. La formule nécessite de connaître les pondérations de chaque tissu, mais aussi la taille volumique de chaque volume.

Pour mesurer un volume topologique quelconque, le procédé standard est de calculer la somme des volumes des tétrahèdres qui le constituent. Dans ce cas, les faces du volume doivent être des triangles, à partir desquels sont construits des tétrahèdres, grâce à des algorithmes de tétraédrisation comme celui proposé par la bibliothèque *Tetgen* [119]. Or, les volumes du maillage produit avec l'opération de découpe par plan possèdent des faces quelconques. Un algorithme de triangulation est alors nécessaire. Si de tels algorithmes prennent en charge facilement les faces concaves, la gestion de faces avec une arête fictive n'est pas prévue. Une manière assez simple est de rajouter une arête fictive complémentaire et temporaire pour séparer la face en deux (*cf.* Fig. 4.17). Cette arête est supprimée du modèle dès que le calcul de la taille du volume est effectuée.



(a) (b) (c)

FIGURE 4.17 – Afin de gérer la triangulation des faces contenant une arête fictive (en rouge) (a), une arête temporaire n'intersectant pas de celulle réelle est ajoutée sur la même face (b) pour permettre la séparation en deux de la face. (c) La vue éclatée illustre le fait que l'arête temporaire transforme aussi temporairement l'arête fictive en arête réelle (elle n'est plus de degré 1).

Pour conclure avec cette étape, pour un volume donné, le modèle tissulaire produit dans ce chapitre fournit au voxel de spectroscopie correspondant, ses caractéristiques tissulaires et les volumes qui sont topologiquement connectés (inclusion) de manière explicite sans avoir recours à une structure supplémentaire. L'étude de la concentration d'un métabolite à l'intérieur du cerveau à l'aide de notre modèle 3D est illustré par la figure 4.18.

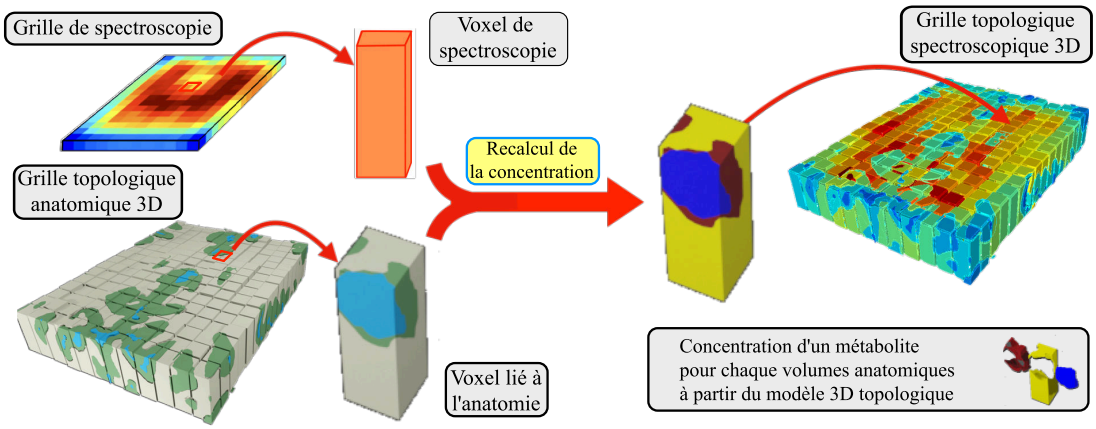


FIGURE 4.18 – Calcul des métabolites sur la grille de voxels de spectroscopie : la concentration d'un voxel de spectroscopie est distribuée dans un voxel anatomique en fonction de son tissu.

Dans la suite de ce chapitre, nous expliquons plus en détail comment exploiter ce modèle et toutes les informations qui l'enrichissent pour la représentation et visualisation des données acquises par SRM, et l'impact que cela peut avoir sur l'aide au diagnostic des médecins.

4.6 Résultats

Nous décrivons dans cette section les résultats de l'utilisation de notre modèle pour le calcul des concentrations de métabolites ainsi que la mise en place des résultats présentés par la suite. Cela implique les post-traitements opérés sur nos données d'entrées, ainsi que le traitement lié au recalage des images IRM et données SRM. Ensuite, nous présentons les statistiques et les temps de traitement de notre opération de découpe par plan pour différents modèles reconstruits. Puis nous étudions deux cas de spectroscopie. Tout d'abord, nous appliquons notre modèle sur un cerveau sain, puis sur un cerveau présentant une tumeur cérébrale de type gliome de bas grade, en les comparant ensuite à la visualisation standard.

4.6.1 Description des données

Afin de tester notre modèle et notre méthodologie, nous avons travaillé principalement sur des données de cerveaux sains et de cerveaux présentant un gliome de bas grade. Pour commencer, nous avons sélectionné des gliomes peu diffus (homogènes) afin de réduire l'ambiguïté de la segmentation dans les zones tumorales. L'ensemble de données réelles a été fourni par le service d'imagerie de la plateforme UHF (CHU de Poitiers).

Toutes les images ont été acquises sur un Magnetom Skyra 3 Tesla (Siemens Healthineers, Erlangen, Allemagne). La séquence IRM utilisée est un volume 3D MPRAGE 3D T1 isotropes 0,9mm dont les paramètres sont : TE = 2,41 ms, TR = 1950 ms, TI = 816 ms, FA = 10 deg, FOV = 256x213 mm², Matrice = 240x288, Tranches = 192, Facteur turbo = 224, Dimension du voxel = 0,9x0,9x0,9mm, TA = 4 :09 min. Les données DICOM originales (données brutes des informations d'une image médicale) sont converties en NIFTI pour être utilisées dans notre pipeline automatisé. Le post-traitement de ces images est identique à celui décrit pour les résultats du chapitre précédent : FSL-BET, puis FSL-FAST (pour la segmentation des tissus). FSL-Flirt n'est pas utilisé dans ces données-ci, car le récalage qu'il induit n'est pas nécessaire. Les données avec une tumeur ont suivi le même procédé que précédemment présenté.

L'acquisition SRM proton est réalisée sur Magnetom Skyra 3 Tesla. Plus exactement, les séquences IRM et de SRM sont effectuées pour un patient dans la même machine, avec la même position. La séquence utilisée est une CSI Semi-LASER (TE = 40 et 135 ms, TR = 1700 ms, Dimension du voxel = 13.8x13.8x20mm, Taille du vecteur = 1024 pts, FOV lecture = 220mm, TA = 4 :20 min). Tous les spectres CSI ont été post-traités à l'aide d'un outil clinique : Syngo.Via (Siemens Healthineers, Erlangen, Allemagne) afin d'obtenir une concentration relative des métabolites cliniquement pertinents (NAA, Cho, Cr, Lactate) dans les tissus.

Les modèles topologiques représentant les tissus cérébraux ont été générés avec la méthode de reconstruction présentée en détail dans le chapitre précédent. Pour diversifier les maillages testés, nous allons présenter les résultats sur d'autres objets, composés ou non de plusieurs volumes. Certains sont des objets synthétiques, tandis que d'autres proviennent de la reconstruction de tissus segmentés à partir d'images fournies par le logiciel *3D Slicer* [95].

Les résultats présentés dans cette section ont été produits dans les mêmes conditions que ceux du chapitre précédent (*cf.* Sec. 3.5), c'est-à-dire :

– sur un processeur Intel core™I9-9900 3.10 GHz, avec 8 cœurs et 96 Go de mémoire ;
– selon la version 4.11 du logiciel libre *3D Slicer* [3], les versions plus récentes ne changent pas l'opération de découpe par plan et le travail sur les données de spectroscopie présenté dans ce chapitre ;
– avec le noyau topologique de la bibliothèque *Moka* [2], intégré à *3D Slicer*.

4.6.2 Recalage avec les données anatomiques

Nous rappelons que les séquences IRM et de SRM sont effectuées dans les mêmes conditions pour un patient. Ainsi, les images anatomiques et les voxels de spectroscopie sont dans le même espace. Pour que ce soit le cas, les données relatives au placement des images et des voxels sont stockées dans les fichiers DICOM en sortie d'acquisition. Or, avec seulement les données SRM, les voxels ne peuvent pas être positionnés dans les images anatomiques. En effet, les coordonnées accessibles dans le fichier DICOM pour l'acquisition SRM sont données selon l'espace patient, tandis que les images IRM sont dans l'espace image. Nous avons donc besoin de recaler les voxels SRM en utilisant les données des images IRM, en utilisant notamment la matrice de positionnement des images anatomiques (transformation affine, fournie dans le fichier DICOM de ces dernières).

Concrètement, les informations d'IRM sont enregistrées dans les fichiers DICOM en sortie de la machine, et un autre fichier DICOM noté *CSI* contient les données de l'acquisition SRM (dans le cas d'une acquisition multi-voxel, sinon cela serait *SVS* pour un seul voxel). Dans ce fichier CSI, les données sont classifiées selon des étiquettes. Par exemple, nous pouvons accéder au nom du protocol d'acquisition avec le champ *tProtocolName*. Afin de recaler les voxels du CSI avec les images anatomiques, nous avons accès :

- Aux coordonnées du centre la grille de voxels de spectroscopie ;
- Aux dimensions (longueur, largeur et hauteur) de la grille ;
- À l'espacement entre deux centres de voxels selon les axes des trois plans (coronal, axial et sagittal).

Nous savons qu'une grille CSI est composée uniquement de voxels disposés en ligne et colonne. Leur nombre en sont déduits grâce à l'espacement et les dimensions de la grille. Étant donné que les coordonnées du centre de la grille CSI sont fournies dans l'espace patient, nous effectuons une transformation en utilisant la matrice de positionnement des images IRM. Cela permet de positionner ce centre dans l'espace des images anatomiques, et il suffit d'exploiter cette information pour trouver les coordonnées du premier voxel de la grille de spectroscopie. Ainsi, nous pouvons créer le reste des voxels à l'aide du nombre de lignes et de colonnes.

4.6.3 Statistiques de l'opération de découpe

Dans cette section, nous présentons les statistiques en relation avec l'opération de découpe par plan décrite dans ce chapitre. Les résultats pour les modèles reconstruits à partir des données fournies par le service d'imagerie de la plateforme UHF (CHU de Poitiers), c'est-à-dire $Sain$ et $Tumeur$, sont résumés dans les tableaux 4.1 et 4.2. Concernant les modèles synthétiques et les modèles reconstruits à partir de données provenant de *3D Slicer*, les temps écoulés pendant l'opération de découpe sont retranscrits dans le tableau 4.3.

Les maillages $Sain$ et $Tumeur$ sont modifiés pour pouvoir être exploités pour les données acquises par SRM. Cela implique que les découpes effectuées sur ces modèles suivent les deux

étapes décrites dans ce chapitre à partir du maillage : découpage de l'enveloppe de la grille de voxels de spectroscopie, puis séparation par le nombre de lignes et de colonnes correspondant à la même grille (*cf.* Sec. 4.4.1). Le tableau 4.1 présente l'évolution du nombre de faces et de volumes au cours de l'étape de découpage de l'enveloppe, ainsi que le temps d'exécution associé. Pour rappel, durant l'extraction de l'enveloppe, six découpes ont lieu (deux par axes), et à la fin de chacune d'entre elles, les volumes découpés jugés inutiles pour la suite sont supprimés. Ainsi, pour $Sain$ et $Tumeur$, nous observons que la première découpe est celle qui nécessite le plus de temps, mais qui élimine également le plus de volumes. Cela s'explique en partie par le fait que l'opération traite un plus grand nombre de volumes pendant son exécution (nombre qui ensuite réduit considérablement, ainsi que le temps d'exécution).

- L'ordre des découpes n'a pas été choisi au hasard pour ces deux maillages. En effet, la première découpe consiste à éliminer le plus grand nombre de volumes et ainsi réduire la taille du modèle. Cela a pour effet de réduire entre autres le temps nécessaire pour parcourir l'entièreté de la G-Carte (cas qui arrive malgré le travail majoritairement en local des opérations topologiques). Nous savons que la position d'une grille de voxels de spectroscopie est approximativement et anatomiquement la même pour chaque cerveau. Dans nos cas de test, elle se situe au niveau des ventricules, de façon plus ou moins centrée selon la présence ou non d'une tumeur (dans ce cas-là la grille est positionnée davantage dans les tissus de la lésion). Ainsi, en prenant en considération que les voxels de la grille sont de dimension 6.875x6.875x20mm, nous en déduisons qu'un plus grand nombre de volumes se situe en dessous de la grille selon le plan axial (*cf.* Fig. 4.19), et donc ce dernier est utilisé comme premier plan de découpe. Nous définissons ensuite un ordre pour les plans de découpe, qui est réutilisé pour chaque cerveau issu de données réelles. En fait, hormis selon le plan axial, l'ordre des découpes restantes importe peu, le gain de temps est insignifiant.

- Les durées d'exécution relativement longues (aux alentours de 10 minutes) sont détaillées dans le tableau 4.2 et expliquées par la suite.

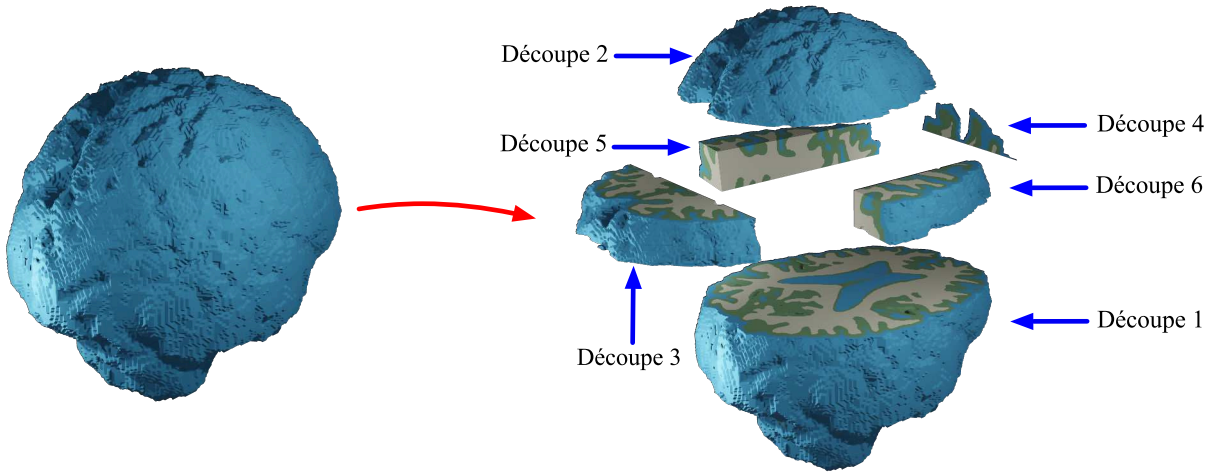


FIGURE 4.19 – Exemple des six premières découpes sur un modèle de cerveau réel : la découpe 1 permet d'éliminer le plus d'éléments du modèle selon la suppression effectuée à la fin de la séparation.

Le tableau 4.2 présente de manière plus détaillée le temps nécessaire pour l'opération de découpe par plan pour les modèles $Sain$ et $Tumeur$, toujours dans le cas de l'extraction de l'enveloppe. L'exécution d'une découpe peut être séparée en quatre étapes distinctes, présentées dans l'algorithme 5. La première, l'initialisation, consiste essentiellement à créer le plan de découpe et sélectionner les faces à tester pour la suite. Ensuite, la deuxième étape est le calcul et l'insertion des points d'intersection dans le modèle, tandis que la troisième correspond à la

Modèle	Numéro découpe	Temps écoulé	# volumes initial	# faces initial	# volumes supprimés
$Sain$	1	9min 51s	835	1 930 522	789
	2	5min 15s	105	1 483 912	69
	3	1min 14s	88	704 546	16
	4	1min 02s	87	661 663	33
	5	50s	78	612 695	23
	6	45s	77	567 077	18
$Tumeur$	1	11m 31s	3100	1 887 210	2448
	2	4m 16s	812	1 118 139	198
	3	1min 23s	669	835 324	42
	4	1min 39s	647	779 593	204
	5	1min 15s	471	778 154	51
	6	54s	442	701 193	48

TABLEAU 4.1 – Caractéristiques des six premières découpes d'un modèle de cerveau sain et tumoral, permettant de découper le modèle tissulaire afin de correspondre à l'enveloppe de la grille de voxels de spectroscopie (*cf.* Fig. 4.14).

séparation et fermeture de ce dernier. Enfin, la dernière étape se rapporte à la mise à jour de l'inclusion entre les volumes découpés par l'ajout des arêtes fictives sur les faces dans le même plan que le plan de découpe. Ce que nous pouvons constater c'est que la majorité de la durée d'exécution de l'opération de découpe consiste à l'initialisation mais surtout à la préservation de l'inclusion des volumes, correspondant au temps de mise à jour. Ce dernier prend en compte les temps d'exécution de certaines routines d'actualisation du modèle, dont la simplification fait partie des perspectives de ce travail. Au-delà du nombre de volumes traités lors de ces étapes, la principale cause de ralentissement est le parcours de la G-Carte entière, qui est effectué uniquement durant ces deux étapes. Lorsque la taille du modèle topologique se réduit, les temps d'exécution chutent rapidement en dessous de la minute. C'est pour cela que l'ordre des plans de découpe est important pour réduire le temps global nécessaire pour l'extraction du modèle intermédiaire (avant la séparation selon les lignes et les colonnes).

Modèle	Numéro découpe	Temps d'initialisation	Temps d'insertion des intersections	Temps de séparation du modèle	Temps de mise à jour
$Sain$	1	1m 18s	9s	4s	7min 31s
	2	40s	6s	2s	3min 55s
	3	20s	1s	1s	40s
	4	18s	1s	1s	22s
	5	16s	1s	1s	20s
	6	14s	1s	1s	19s
$Tumeur$	1	1min 15s	10s	4s	9min 05s
	2	37s	6s	2s	2min 52s
	3	26s	1s	1s	38s
	4	23s	1s	1s	46s
	5	22s	1s	1s	27s
	6	18s	1s	1s	22s

TABLEAU 4.2 – Temps d'exécution détaillés des divers traitements lors des six premières découpes d'un modèle de cerveau sain et tumoral.

Algorithme 5: Déroulement de la découpe de la grille de voxels à partir du modèle 3D

Entrées: *bM* : ensemble des brins du modèle M ; *dS* : ensemble des données de la grille de spectroscopie
Sorties: Ensemble des brins correspondant à l'extraction de la grille du modèle M

// ..... Exécution des découpes pour un nombre de plans connu grâce aux données la grille initiale
Pour chaque ($indexPlan \in dS.nbPlan$) **Faire**
    // ..... Étape 1 : initialisation du plan de découpe et tri des faces intersectables
    $P \leftarrow creerPlan(indexPlan, bM)$;
    // ..... Création d'une liste de faces pour stocker les faces intersectables
    $new\ listeFace()$;
    Pour tous les ($F \in bM$) **Faire**
        Si ($comparePlan(P, F)$) **alors**
            $listeFace.ajouter(F)$;
        Fin Si
    Fin pour
    // ..... Étape 2 : calcul et insertion des points d'intersection entre les faces et le plan de découpe
    // ..... Création d'une liste de brins pour stocker les brins insérés par le plan de découpe
    $new\ listeBrin()$;
    Pour tous les ($F \in listeFace$) **Faire**
        $listeBrin.ajouter(faceIntersection(P, F))$;
    Fin pour
    // ..... Étape 3 : séparation et fermeture du modèle ($cf. Alg.\ 3$)
    $separation_fermeture(listeBrin)$;
    // ..... Étape 4 : gestion de l'inclusion des volumes par les faces insérées ($cf. Alg.\ 4$)
    $inclusion(listeBrin)$;
Fin pour

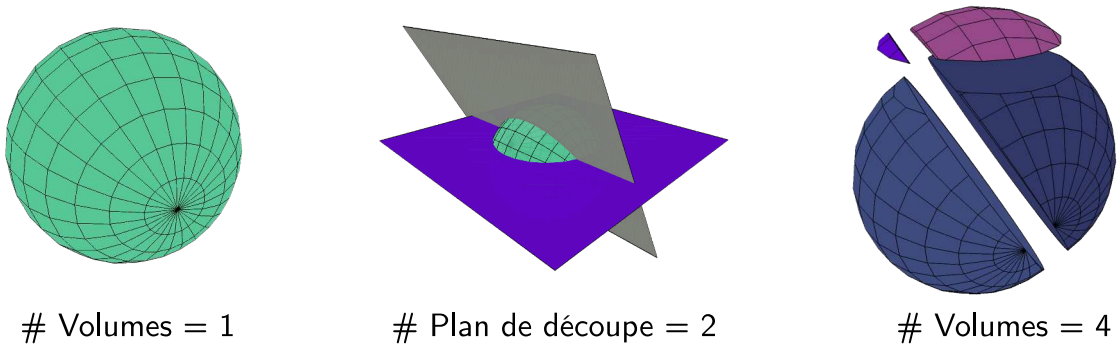
Les temps d'exécution de l'opération de découpe par plan pour le reste des découpes (lignes et colonnes) afin de générer le modèle final sont sensiblement constants. L'étape d'insertion des points d'intersection et de séparation du modèle restent aux alentours d'une seconde. En ce qui concerne l'initialisation et la gestion de l'inclusion des volumes, ceux-ci sont respectivement à environ 10 et 20 secondes. Globalement, une découpe correspond à une trentaine de secondes. En général, une grille de voxels de spectroscopie compte entre 12 lignes et 16 colonnes de voxels (ou inversement), voire 12 lignes et colonnes, donc au minimum une vingtaine de découpes (respectivement 26 et 22 plans de découpe nécessaire une fois avoir récupéré l'enveloppe de la grille de voxels du modèle 3D). Évidemment, le nombre de volumes dans le modèle augmente après chaque découpe, puisque cette fois-ci aucune suppression n'est effectuée. Or, cela n'a pratiquement pas d'influence sur le temps d'exécution car la complexité du modèle a été suffisamment réduite durant l'extraction de l'enveloppe.

Nous avons également testé l'opération de découpe par plan sur d'autres objets, synthétiques (les modèles *Sphère* et $Lapin$) ou provenant de données fournies par le logiciel *3D Slicer* (le modèle $CerveauS$). Les modèles *Sphère* et $Lapin$ sont composés initialement d'un seul volume, et ont respectivement 364 faces quadrilatérales et 30 338 faces triangulaires. Le modèle $CerveauS$, quant à lui, comporte 7 volumes et 541 104 faces. Pour les tests suivants, les plans de découpe ont été positionnés de manière quelconque. La figure 4.20 illustre le décou-

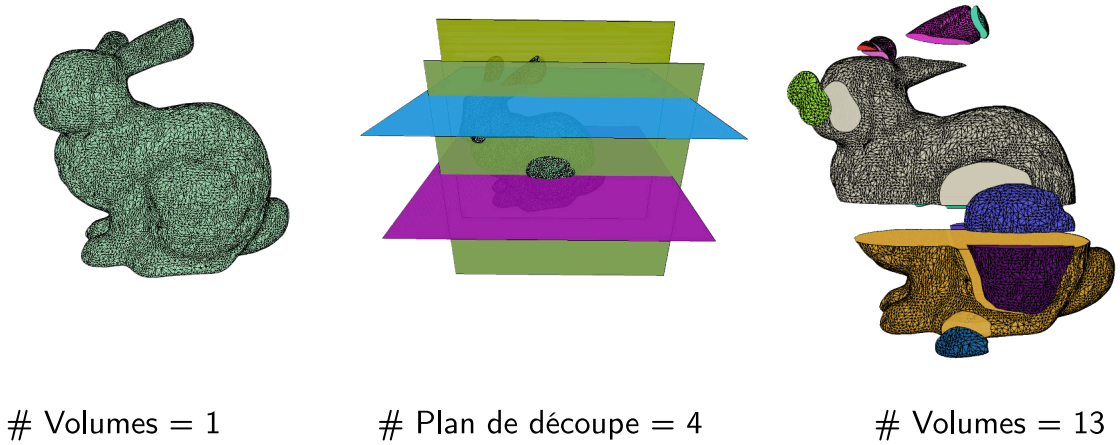
page de ces modèles, en donnant une indication sur l'évolution du nombre de volumes avant et après l'opération. L'opération de découpe par plan a conservé l'inclusion des volumes au niveau des découpes pour le modèle $Cerveau$. Le tableau 4.3 répertorie les temps d'exécution pour l'opération de découpe par plan suivant les étapes de l'algorithme 5. Nous remarquons que les observations faites pour les modèles $Sain$ et $Tumeur$ se retrouvent pour *Sphère*, $Lapin$ et $CerveauS$. En effet, pour chacun d'entre eux, la durée de mise à jour du modèle est la plus lente comparée à celles des autres étapes. La complexité du maillage, en termes de faces et de volumes, joue un rôle important quant à la durée de chaque étape : plus le maillage est complexe, plus le temps d'exécution est lent. La variation de temps de mise à jour entre les découpes 2 et 3 pour $CerveauS$ provient de l'ajout d'arêtes fictives (observables dans la figure 4.20c). En fait, le nombre de faces à tester et leur complexité peuvent faire varier la durée nécessaire de traitement de l'inclusion.

Modèle	Numéro découpe	Temps d'initialisation	Temps d'insertion des découpes	Temps de séparation du modèle	Temps de mise à jour
Sphère	1	8ms	1ms	>1ms	7ms
	2	7ms	1ms	>1ms	8ms
Lapin	1	2s	36ms	79ms	1s
	2	2s	33ms	77ms	1s
	3	1s	38ms	81ms	1s
	4	1s	42ms	86ms	1s
CerveauS	1	10s	1s	501ms	17s
	2	12s	2s	224ms	24s
	3	11s	3s	486ms	11s

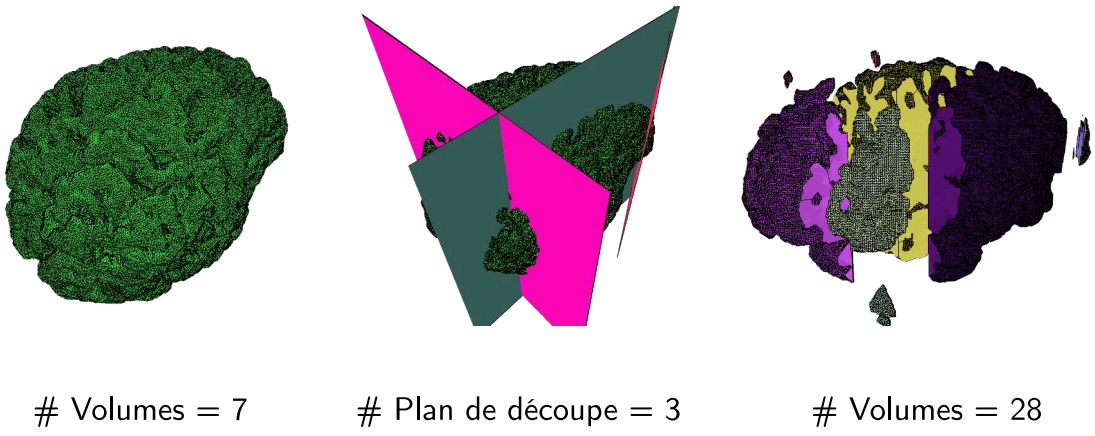
TABLEAU 4.3 – Temps d'exécution détaillés des différentes étapes de l'opération de découpe par plan sur trois modèles différents.



(a)



(b)



(c)

FIGURE 4.20 – Résultats de l'opération de découpe par plan pour trois modèles différents, dont les résultats, à droite, sont en vue éclatée. (a) Une sphère, composée de quadrilatères et découpée par deux plans ; (b) un lapin de Stanford, découpé par quatre plans ; (c) un cortex cérébral, composé de plusieurs volumes produits arbitrairement pour tester la gestion de l'inclusion lors des trois découpes. Pour chaque modèle, le nombre de volumes avant et après les découpes est donné, ainsi que le nombre de plans de découpe.

4.6.4 Sujet sain

Nous présentons tout d'abord les résultats pour des données de spectroscopie pour un sujet sain. Le but est de montrer l'importance de prendre en compte l'anatomie pour visualiser l'impact et les changements de concentration métabolique principalement au niveau des frontières entre les tissus reconstruits. En plus, nous observons l'utilité de représenter la cartographie des concentrations du métabolite avec plusieurs résolutions.

Nous avons constaté sur la figure 4.18 que les limites des tissus sont reconnaissables en visualisant les concentrations re-calculées selon les pondérations tissulaires. Les résultats dans la figure 4.21 montrent que la variation existante des concentrations en fonction de la profondeur du voxel de spectroscopie et en fonction de la nature des tissus, alors qu'avec les méthodes conventionnelles, la même valeur de concentration est donnée sur toute la profondeur du voxel pour une position 2D. Étant donnée une position spécifique à l'intérieur de la grille spectroscopique, notre représentation donne des informations visibles sur les frontières des tissus par rapport aux données originales. Par exemple, nous pouvons visualiser sur les différentes coupes les concentrations du métabolite dans les ventricules qui sont positionnés au centre des images.

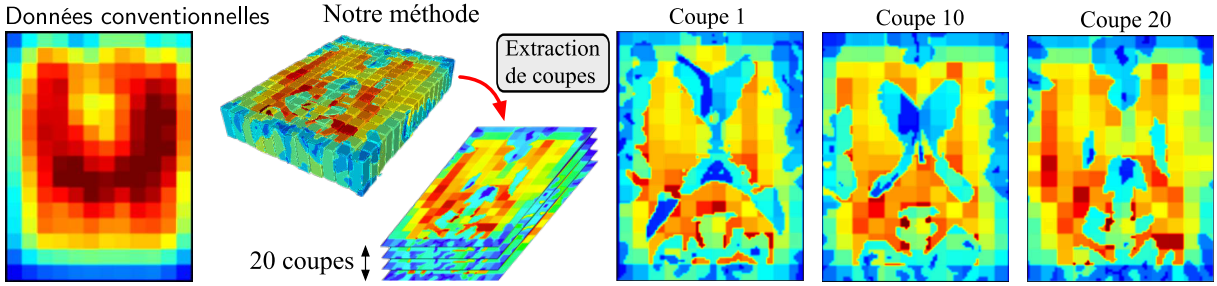


FIGURE 4.21 – Résultats sur des données saines pour la NAA : le nouveau modèle spectroscopique 3D donne directement la concentration métabolique n'importe où dans l'espace 3D, en tenant compte de la nature des tissus sous-jacents. Des coupes 2D sont générées à n'importe quelle position et résolution.

La résolution de la visualisation peut être choisie arbitrairement par les médecins pour faciliter leurs études au sujet de l'influence des tissus cérébraux sur le métabolisme. La figure 4.22 présente plusieurs résolutions pour la cartographie d'un même métabolite. Les piles d'images créées proviennent du même modèle 3D tissulaire, exploitant les informations des mêmes volumes topologiques. Au delà de gagner en netteté en augmentant la résolution, nous obtenons des informations visuelles plus précises au niveau des frontières entre les tissus (*cf.* Fig. 4.22).

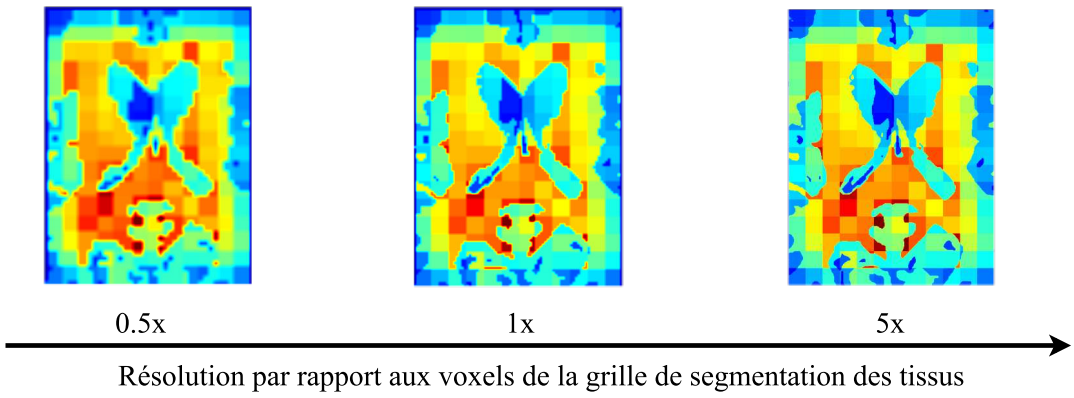


FIGURE 4.22 – Illustration de la même coupe de la cartographie du NAA pour un sujet sain selon plusieurs résolutions : plus cette dernière est précise, plus les frontières entre les tissus sont visibles, permettent d'afficher des détails supplémentaires sur les contours de chaque tissu.

4.6.5 Sujet présentant une tumeur

De la même manière que pour le sujet sain, nous présentons maintenant les résultats pour un sujet présentant une tumeur (gliome de bas-grade). L'objectif est de montrer l'importance de prendre en compte l'anatomie pour visualiser l'impact et les changements surtout au niveau des frontières pour la tumeur. De plus, nous utilisons plusieurs résolutions pour représenter la cartographie du métabolite observé. Pour le choix du métabolite, nous nous basons sur les observations faites dans les études en médecine sur le taux des métabolites pour essayer de reproduire les distributions attendues.

Pour la suite de cette section, nos tests concernant le métabolite NAA sont basées sur le bilan effectué par Horská *et al.* [147]. L'un des points importants à noter est que la concentration de NAA dans le gliome est affaiblie, comparée aux tissus qui l'entourent. Les résultats de la figure 4.24 montrent qu'en utilisant un taux de distribution différent entre les tissus, le gliome est clairement visible par rapport à la visualisation originale. Avec des frontières plus définies, nous pouvons plus facilement observer la répartition du métabolite dans la tumeur et surtout l'impact sur les tissus sains.

Pour obtenir ce résultat, nous nous sommes basés sur la formule décrite dans la section 4.5. La formule est généralisable à quatre concentrations tissulaires inconnues (représentés par les C_i dans les formules), néanmoins le système établi n'est pas résolvable avec quatre inconnue. Nous devons donc trouver une solution pour éliminer une inconnue. Pour cela, nous exploitons les relations de voisinage topologique de notre modèle et nous supposons que la concentration dans la SG est uniforme pour le NAA dans le cerveau. Concrètement, les voxels n'incorporant pas de tumeur sont d'abord sélectionnés, donc avec trois tissus au plus. Les valeurs de concentration dans la SG de ces voxels seulement sont alors calculées. Enfin, en faisant la moyenne de ces valeurs, nous pouvons l'utiliser comme concentration déjà connue (pour les volumes de SG) lors des calculs dans les voxels avec de la tumeur (*cf.* [148] pour plus de détails).

La résolution de la visualisation peut également être choisie arbitrairement. En modifiant la résolution pour la cartographie sur la figure 4.23, nous observons plus nettement les frontières de la tumeur avec les autres tissus anatomiques. Cela permet de proposer un outil pour expérimenter et visualiser la distribution des métabolites dans chacun des tissus (tumeur comprise), de manière empirique ou non, pour trouver des taux de distribution adaptés en fonction du métabolite.

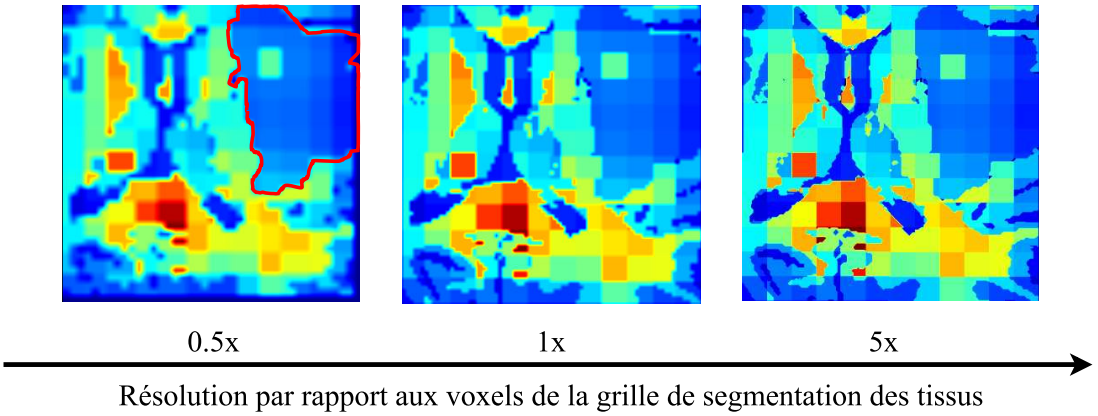


FIGURE 4.23 – Illustration selon la cartographie du NAA du gain en précision au niveau de la frontière de la tumeur (surlignée en rouge sur la coupe la plus à gauche) quand la résolution de la coupe est précise.

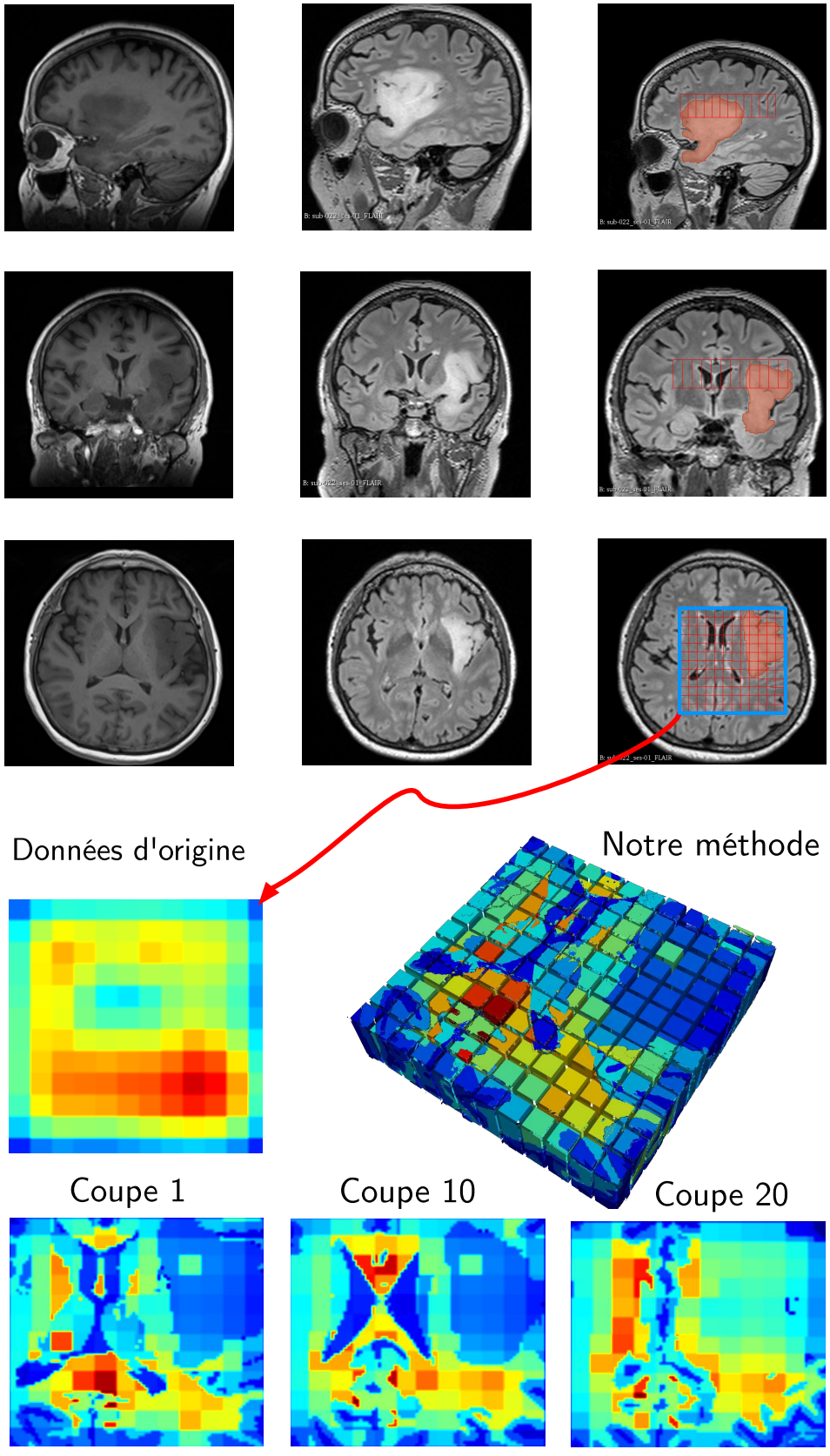


FIGURE 4.24 – Résultats sur des données de gliome pour le NAA utilisant les observations fournies par Horská *et al.* [147]. En haut, de gauche à droite pour les images anatomiques : T1, T2-flair et T2-flair segmenté d'un gliome ; En bas : distribution de la concentration métabolique calculée avec le modèle 3D et les coupes correspondantes.

4.7 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons détaillé une nouvelle opération de découpe par plan qui prend en charge l'inclusion des volumes, et également présenté un nouvel outil pour représenter et pour visualiser les données acquises en spectroscopie par résonance magnétique, et plus particulièrement les concentrations des métabolites en fonction des tissus. Ce nouvel outil utilise le modèle 3D tissulaire, contenant des informations de topologie, de sémantique et de spectroscopie, pour représenter la grille de voxels grâce notamment à l'opération de découpe par plan. Le modèle est toujours exempt d'espaces vides et de chevauchements, et conserve les relations d'inclusions entre les volumes de tissus reconstruits lors des différentes découpes successives. Notre modèle topologique 3D est adaptatif, et représente les structures anatomiques et leur impact sur le métabolisme au plus près des données réelles. Grâce à cette grille topologique, la visualisation et la représentation des données de spectroscopie sont basées sur les tissus, en prenant en compte l'ambiguïté causée par l'effet de volume partiel. La représentation est plus fine et plus juste pour les données de SRM, comparée aux méthodes utilisées en clinique.

L'opération de découpe par plan nécessite un maillage (ainsi que sa représentation topologique) et un plan de découpe quelconque en tant que données d'entrées. Cette opération permet de séparer toplogiquement des volumes en deux, tout en conservant les liens d'inclusions entre ceux-ci à l'aide d'arêtes fictives. L'information de sémantique pour chaque cellule topologique indiquant le tissu associé est mise à jour pendant tout le traitement de l'opération de découpe. Cette dernière est suffisante pour découper notre modèle topologique, car elle est utilisée itérativement pour découper selon tous les plans qui définissent la grille de voxels de spectroscopie. Après avoir découpé le modèle, ce dernier est exploité pour re-calculer les concentrations de métabolites pour chaque volume tissulaire. La formule utilisée pour les nouvelles concentrations se base sur une pondération arbitraire des tissus, suffisante pour nous permettre de proposer une nouvelle façon de représenter et visualiser les données acquises par SRM.

Nous avons réalisé plusieurs tests pour l'opération de découpe par plan afin de prouver son adaptabilité. De plus, nous avons appliqué notre méthodologie de visualisation et de représentation des concentrations de métabolites sur le cerveau d'un sujet sain et sur celui d'un sujet présentant une tumeur cérébrale. Hormis pour certains essais de notre opération de découpe, nous avons travaillé à partir de données de cerveaux humains fournis par le service d'imagerie de la plateforme UHF (CHU de Poitiers). En utilisant les volumes bien identifiés dans le modèle topologique, l'affichage des concentrations métaboliques recalculées peut être effectué à une résolution plus fine, qui peut être choisie par les médecins pour faciliter leurs interprétations. L'augmentation de la résolution des cartographies d'un métabolite permet d'apporter un niveau de détail plus fin sur la forme des tissus, notamment au niveau de leurs frontières, contrairement aux méthodes standards.

Bien que notre approche prenne en compte plusieurs limitations liées aux données acquises par SRM, un problème subsiste : le phénomène de déplacement chimique. Ce phénomène est davantage présent lors d'une acquisition d'une grille de voxels de spectroscopie que pour un voxel de spectroscopie unique. Concrètement, le spectre acquis pour un voxel de la grille est contaminé par une partie du spectre des voxels adjacents. La valeur affichée par le spectre est alors modifiée, et peut ne pas refléter la véritable valeur anatomique. Plusieurs méthodes ont été proposées pour minimiser ce phénomène [149, 150], mais cela reste un sujet très ouvert dans le domaine de la SRM. Cependant, nous pouvons envisager d'exploiter la représentation des relations de voisinage explicites dans notre modèle topologique pour traiter ce problème. Dans de futurs travaux sur des lésions telles que le gliome, notre modèle peut être utilisé pour étudier la distribution des métabolites sur chaque tissu, de manière empirique ou non.

D'un point de vue implémentation, l'opération de découpe pourrait être améliorée dans le futur. En effet, cela concerne principalement le calcul des intersections. Le procédé est relativement sensible à la précision numérique, car ces derniers sont majoritairement géométriques. Dans ce cas, modifier l'approche pour limiter ces problèmes de précision serait plus adaptée.

L'exploitation d'un modèle 3D enrichi par des informations sémantiques, topologiques mais également spécifiques à un domaine (ici la spectroscopie) élargit les perspectives d'utilisation du modèle dans d'autres domaines, et pas uniquement de façon transverse à l'informatique graphique et aux neurosciences. Cette volonté d'ouverture est aussi alimentée par l'opération de découpe par plan, qui peut convenir à tout type de maillage, pas seulement à des applications médicales.

Dans le chapitre suivant, nous allons appliquer notre procédé de construction dans plusieurs cas d'études applicatives, dans des domaines complètement différents des neurosciences, et ainsi montrer la transversalité de nos travaux.

CHAPITRE 5

EXEMPLES D'APPLICATIONS DU MODÈLE 3D RECONSTRUIT

Sommaire

5.1 Étude des particules acquises par tomographie à rayons X 104
5.2 Étude du mécanisme d'une montre 113
5.3 Conclusion 118

Dans le chapitre 4, nous avons montré une utilisation approfondie de notre modèle 3D dans le médical, en l'occurrence, la visualisation et l'interprétation des données acquises par spectroscopie par résonance magnétique (SRM). À travers les différents tests effectués, nous avons démontré l'utilité d'exploiter un modèle 3D topologique pour améliorer la qualité des données fournies par SRM. Notre modèle est enrichi par les données spécifiques à la spectroscopie, et permet d'offrir une représentation et visualisation plus fine et précise de l'influence des tissus cérébraux sur le métabolisme, en particulier en comparaison avec les approches standards dans le médical, basées sur des représentations discrètes (des grilles de voxels).

Dans ce chapitre, nous proposons d'employer notre modèle 3D topologique pour d'autres domaines que les neurosciences, plus exactement pour la physique des particules et l'horlogerie. Nous travaillons avec des données discrètes relativement proches de celles du domaine du médical. En effet, la problématique de la reconstruction est très générale et les moyens d'acquisition ne manquent pas : le médical utilise principalement des systèmes compatibles avec les tissus du vivant (scanner, IRM), alors que d'autres domaines peuvent accéder à d'autres types d'acquistion, parfois plus précis, par exemple la tomographie. Dans notre cas, nous allons travailler dans le cadre de la physique des particules et l'horlogerie. Ces données sont des piles d'images en nuances de gris, auxquelles une grille de voxels de segmentation, respectivement des particules et des pièces mécaniques, est associée. L'utilisation du modèle 3D topologique, dans les deux cas d'application, nous permet d'avoir une représentation plus réaliste que via des voxels segmentés, grâce aux volumes reconstruits. En exploitant la G-Carte du modèle, nous allons pouvoir représenter et distinguer chaque élément à l'aide des plongements, par exemple avec une valeur sémantique particulière, et aussi l'enrichir de toute information spécifique au cas d'application.

Concrètement, nous allons utiliser la méthode de reconstruction décrite dans le chapitre 3 pour produire le modèle 3D topologique associé aux données discrètes acquises. Dans le cas des particules, le modèle permet de suivre l'évolution de ces dernières selon plusieurs acquisitions effectuées à plusieurs instants, pour lesquelles une force de déformation est appliquée. Le suivi se base sur la corrélation entre les volumes reconstruits dans le temps, afin d'identifier les particules et ainsi visualiser et représenter au plus proche leur évolution réelle. En ce qui concerne l'horlogerie, le modèle est utilisé pour pouvoir observer et manipuler virtuellement les différentes pièces mécaniques reconstruites. Cela permet d'étudier et de comprendre le mécanisme, avant d'effectuer des manipulations sur l'objet réel. Dans les deux domaines, l'information de plongement liée à la sémantique sert pour l'un, à associer un volume à une particule, pour l'autre, à catégoriser les pièces.

Dans la section 5.1, nous détaillons notre étude concernant la physique des particules. Cela prend en compte la présentation des données acquises dans ce contexte, les limitations des approches par voxels utilisées et enfin l'exploitation du modèle 3D topologique reconstruit. Ensuite, ce procédé est répété pour les données d'horlogerie dans la section 5.2.

5.1 Étude des particules acquises par tomographie à rayons X

Dans le vaste domaine de la physique des particules (au niveau microscopique), le cas d'application qui nous intéresse est le suivi et l'étude de l'évolution des particules. Nous proposons de décrire le contexte et les enjeux autour de cette étude, afin de comprendre l'intérêt que suscite l'utilisation d'un modèle 3D pour représenter et visualiser le suivi des particules dans le temps. Nous détaillons les données intiales ainsi qu'une approche discrète déjà mise en place et ses limitations. Puis, nous présentons le modèle à géométrie continue, basé sur la méthode de reconstruction décrite dans le chapitre 3, et dont les données sémantiques sont adaptées pour correspondre au cas d'utilisation. Enfin, les résultats de notre étude préliminaire sur la rupture des particules sont expliqués, afin d'envisager l'approfondissement du modèle pour la simulation et le suivi de l'évolution des particules.

5.1.1 Contexte et enjeux

La rupture des particules est un phénomène qui peut engendrer la modification de manière significative de la structure (la taille et la forme des particules, et les connexions entre elles) d'un matériau granulaire. Cette rupture agit au niveau microscopique, mais les répercussions atteignent le niveau macroscopique (c'est-à-dire visible à l'œil nu). Cela a pour effet d'affecter fortement la réponse macroscopique du matériau, en provoquant sa fracture ou sa déformation. C'est pourquoi de nombreuses recherches tentent de décrire avec précision ce phénomène et les mécanismes causant cette rupture.

Concrètement, la rupture d'une particule représente l'état dans lequel la particule est fissurée et potentiellement fragmentée en plusieurs morceaux. C'est pourquoi le but de son étude s'articule de la manière suivante :

1. Visualiser en 3D les particules durant les changements ;
2. Isoler et suivre la rupture ;
3. Mesurer et décrire l'évolution de la rupture.

La raison de telles recherches est que, physiquement, les particules existent partout dans la nature (terre, grain de sable, poudre, etc.) et constitue 75% des matériaux de l'industrie. Une

rupture des particules au niveau microscopique, causant des dégâts au niveau macroscopique (effrondrement de terrain, batiment...), est notamment dangereuse d'un point de vue environnemental. Et c'est ce lien, entre le microscopique et le macroscopique, qui est principalement manquant pour comprendre ce phénomène et tenter de le prévenir.

Les besoins sont donc de modéliser le phénomène 3D à l'échelle microscopique, afin de pouvoir trouver des éléments scientifiques pour améliorer le modèle. Ce dernier est alors exploité pour mieux comprendre le phénomène/mécanisme de la rupture pour s'en prémunir, ou contrôler ses conséquences. Plus le modèle utilisé est dense, et au plus proche de la réalité, plus les simulations et études effectuées en se basant sur celui-ci sont susceptibles de fournir les données nécessaires pour mieux appréhender ce phénomène physique.

5.1.2 Données initiales et limitations

Les travaux qui nous concernent se basent plus précisément sur ceux de Karatza *et al.* [151] (dont une vidéo récapitulative est disponible en ligne [1]). L'approche proposée par Karatza *et al.* est de quantifier et qualifier l'évolution de la rupture des particules étudiée à l'aide de la tomographie à rayons X, en employant des méthodes basées sur les éléments discrets (voxels) pour leur modèle d'étude (notamment une grille de voxels de segmentation des particules de l'image 3D).

L'acquisition des données par les physiciens pour l'étude des particules est effectuée de la manière suivante : une source envoie des rayons X en direction d'un objet placé sur un plateau tournant, et une surface détectrice capte les rayonnements transmis après la traversée de l'objet. Pour chaque angle d'acquisition, une projection par rayon X sur un plan est obtenue et, pour chaque voxel, une valeur est retrouvée à partir des projections. Afin de reconstituer l'information volumique à partir des projections, la transformée inverse de Radon est utilisée. Ce système permet de reconstruire les images « en coupe » d'un objet en 3D. Dans le cas des particules, une acquisition compte généralement entre 1000 à 1400 prises de vue selon différentes orientations. Pour obtenir l'animation d'un même objet qui subit des transformations, plusieurs acquisitions sont effectuées successivement.

Les images acquises par tomographie par rayon X sont visuellement très semblables à celles acquises par imagerie par résonance magnétique (IRM). En d'autres termes, chaque voxel des images est en nuances de gris, où les voxels de valeur 0 correspondent à l'arrière-plan. La figure 5.1 illustre les images acquises lors de la tomographie par rayon X, selon différentes coupes. D'un point de vue pratique, les images issues de la tomographie présentent un nombre de coupes bien plus important que celles issues de l'IRM 3T (respectivement 1400x1400x1600 images et 240x288x192 images).

Les images peuvent représenter différents états pour les particules, notamment ces dernières à l'état initial et à l'état de déformation. À l'état initial, les particules sont compactes, relativement proches les unes des autres et occupent une bonne partie de l'espace. En revanche, lors de l'état de déformation, certaines particules bougent, et potentiellement se cassent à cause des forces appliquées. Dans ce cas, si certaines sont effectivement fragmentées, alors une rupture a probablement eu lieu.

Pour déterminer si une particule est concernée par une rupture, un mécanisme de suivi de son évolution est mis en place. Ce suivi est basé sur la taille, la texture et la position de l'élément dans l'espace. L'approche discrète proposée par Karatza *et al.* [151] utilise, pour chaque

1. https://www.youtube.com/watch?v=BeHXaU4K6ks

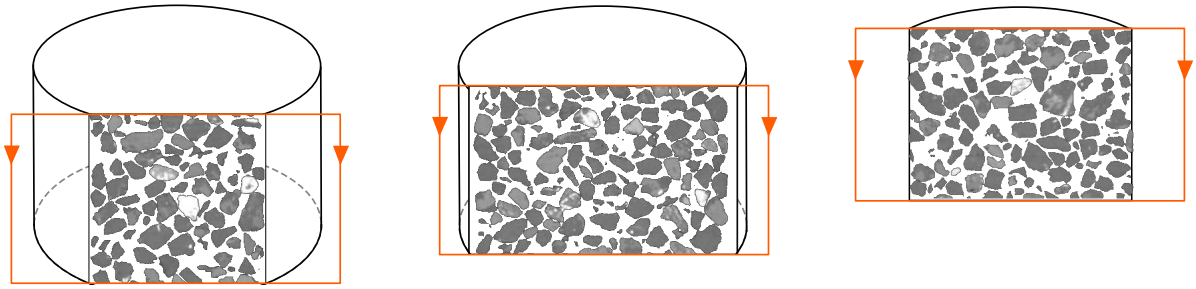


FIGURE 5.1 – Exemple de plusieurs coupes à partir des images acquises par tomographie sur un plateau tournant.

particule d'une pile d'image donnée, ces critères pour chercher à retrouver une particule dans une autre pile d'images. Les particules pour lesquelles la recherche de corrélation entre les deux piles n'aboutit pas sont alors étudiées en fonction de leur distribution spatiale, la taille et la forme des particules intactes placées autour de chacune d'elle et aussi des fragments créés (quand ceux-ci peuvent être identifiés). La figure 5.2 résume et illustre la recherche de corrélation dans l'espace image et un exemple de résultat avec une particule fragmentée.

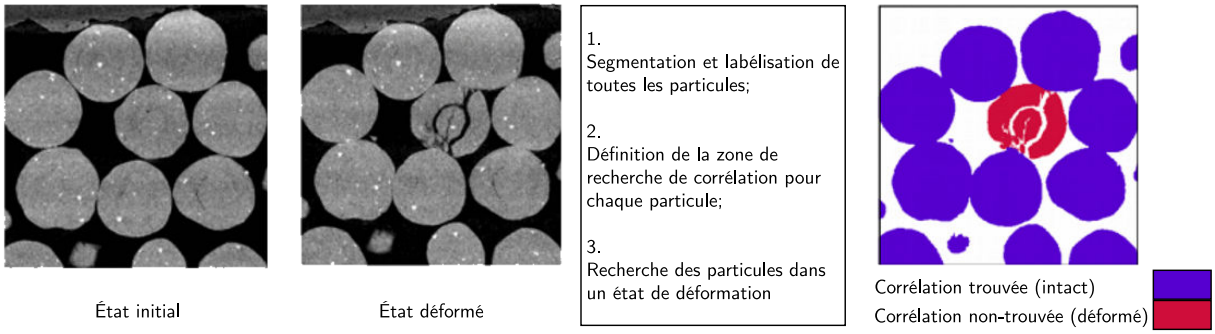


FIGURE 5.2 – Schéma décrivant la méthode de recherche de corrélation des particules dans le domaine du discret (extrait et traduit de [151]).

Comme pour les travaux autour des images IRM et la représentation voxélique, l'utilisation d'un modèle discret est limitée sur certains aspects, notamment sur la précision des calculs géométriques. En fait, le but est de pouvoir analyser précisement la fragmentation des particules. Connaître précisément la distance qui sépare les fragments de la particule d'origine est pertinent pour l'étude du phénomène. Or, avec des voxels, les calculs, dont celui de la distance, sont limités par la résolution de ceux-ci. De plus, nous avons vu dans la section 2.3.1 que la connexité entre les voxels dépend de la n-connexité choisie (arbitrairement). Ainsi, nous ne pouvons pas obtenir avec exactitude les zones de contact entre les particules adjacentes, et potentiellement certaines informations peuvent être perdues. Enfin, lors du suivi de l'évolution d'une particule, il est plus difficile, dans le discret, de reconnaître une forme après une rotation. C'est pourquoi une représentation 3D à géométrie continue, exploitant un modèle à base topologique pour exprimer les relations de voisinage explicitement, est une solution adéquate à ces limitations.

5.1.3 Modélisation 3D des particules

Le but principal de l'utilisation d'un modèle 3D est de fournir un outil permettant aux physiciens de représenter et de visualiser le suivi de ces particules, et de quantifier et qualifier l'interactivité entre ces dernières, lors d'une rupture. Aussi, nous avons besoin de connaître avec précision les zones de contact entre des particules adjacentes. Le modèle doit également

être pensé pour être utilisé lors de simulations (pour le suivi de l'évolution des particules lors de l'application de contraintes physiques, par exemple). En d'autres termes, le modèle doit être enrichi d'informations telles que la taille, la forme, le voisinage et un identifiant par particule. En terme de modélisation, une particule est composée d'un ou plusieurs volumes, selon son état de rupture. Dans le cas initial observé dans la section précédente, une particule correspond à un seul volume, contrairement au cas où une particule est fragmentée en plusieurs volumes. Chaque particule doit être identifiable par un indice unique et une information supplémentaire pour connaître son état de déformation (rupture ou non). Aucune hypothèse n'est émise sur la taille et la forme de chaque volume. D'un point de vue topologique, chaque volume est supposé homéomorphe à une sphère, c'est-à-dire qu'il n'y a pas d'inclusion, ni de cavité. Chaque particule reconstruite peut être voisine (avec au moins une face de contact) d'une ou plusieurs autres, et l'ensemble est plongé dans du vide.

Pour pouvoir modéliser les particules, nous utilisons un modèle 3D topologique. Le modèle topologique est reconstruit selon la méthode de reconstruction décrite dans le chapitre 3. Ainsi, nous allons reconstruire une partition 3D de l'espace, tel que les volumes sont identifiés et différenciables des particules. Chaque particule correspond à un segment à part entière de la segmentation. Les surfaces initiales sont reconstruites directement par la méthode des *Flying Edges* (FE), puis la reconstruction topologique génère les volumes correspondants (*cf.* Fig. 5.3). L'étape de fusion des segments permet de créer les relations explicites d'adjacence entre les particules reconstruites (*cf.* Fig. 5.4). N'ayant pas accès à une information équivalente au pourcentage d'appartenance d'un voxel à une particule (comme l'effet de volume partiel, EVP, pour les tissus cérébraux), les problèmes de configurations ambiguës issues des *MC* sont corrigés de manière arbitraire, tant que les volumes restent homéomorphes à la sphère. D'un point de vue technique, nous décidons arbitrairement que l'un des volumes est prioritaire sur les autres pour la correction : nous nous retrouvons à ne corriger que des cas 2 de correction topologique (*cf.* Sec. 3.3.2). Ce manque d'information concerne également la dernière étape de la méthode de correction : aucune déformation géométrique n'est appliquée, tant que nous n'avons pas une donnée exploitable.

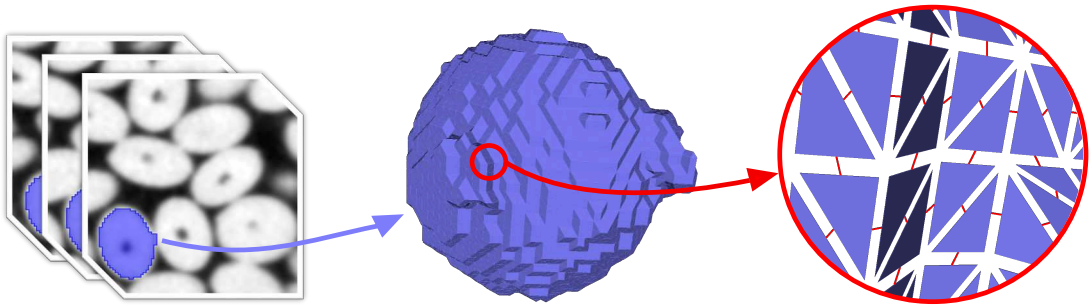
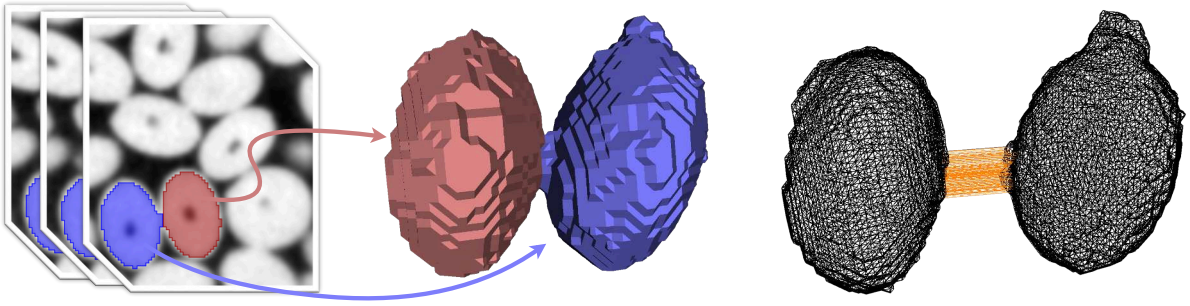


FIGURE 5.3 – Schéma de la reconstruction d'une particule. De gauche à droite : les images contenant la particule segmentée ; le segment reconstruit, en vue géométrique ; un zoom, en vue éclatée, pour montrer les relations entre les faces du modèle topologique.

Afin d'identifier chaque particule reconstruite, lors de sa reconstruction, une valeur unique de sémantique est assignée à ses volumes topologiques. Une information de sémantique supplémentaire est stockée dans les volumes, permettant de différencier les volumes provenant d'une particule ou d'une fragmentation d'une de ces dernières. De plus, en utilisant notre modèle topologique, l'homéomorphisme à la sphère pour les volumes se détecte automatiquement, dès la construction, et peut ensuite être contrôlé pendant chaque opération. En ce qui concerne l'interactivité entre les particules, les relations de voisinage sont représentées explicitement, ce qui permet de quantifier avec précision les zones de contacts entre les particules.



(a) (b)

FIGURE 5.4 – Illustration de la reconstruction de deux particules (en rouge et bleu) en contact direct. (a) À partir des images segmentées, la méthode de reconstruction produit les volumes correspondants ; (b) vue éclatée des particules, avec les relations d'adjacence explicites (en orange) entre les faces communes après l'étape de fusion (*cf.* Sec. 3.3.1).

Pour résumer, le modèle 3D topologique reconstruit permet de représenter les particules à l'échelle microscopique, et d'étudier le phénomène de rupture des particules. En effet, le modèle est en mesure de suivre les indications des travaux de Karatza *et al.* pour le suivi des particules dans le temps, de l'état initial à un état déformé. Pour rappel, dans leurs travaux, une recherche de corrélation entre deux piles d'images est effectuée, dans le domaine du discret, pour suivre une particule. Celle-ci est basée sur la taille, la texture et la position dans l'espace de la particule. Ces informations sont automatiquement accessibles dans notre modèle topologique, à partir des plongements. Pour étudier la distribution spatiale, la taille et la forme des particules intactes placées autour et également des fragments créés par la rupture, nous sommes en mesure d'exploiter notre modèle et ses relations de voisinage explicites.

5.1.4 Résultats et discussions

Les résultats présentés dans cette section ont été produits avec la même configuration que celle des chapitres précédents :

- Sur un processeur Intel core™I9-9900 3.10 GHz, avec 8 cœurs et 96 Go de mémoire ;
- Développement dans le logiciel libre *3D Slicer* [3], qui fournit les outils pour l'analyse et le traitement d'images et de données discrètes ;
- Utilisation du noyau topologique de la bibliothèque *Moka* [2], que nous avons intégré à *3D Slicer*, pour nos processus topologiques.

Données discrètes fournies et mise en place des tests

Afin d'étudier les particules et suivre leur évolution, nous avons eu accès à un jeu de données contenant l'acquisition d'un ensemble de particules à cinq moments dans le temps, sur lesquelles une force est appliquée. Dans la suite, chaque moment est noté t_i , tel que $i \in \{0,1,2,3,4\}$, où t_0 correspond à l'état initial des particules et t_4 l'état final. Aucune temporalité réelle n'est connue, nous savons seulement que ce sont cinq acquisitions différentes dans le temps. Aussi, une grille de voxels de segmentation des particules est donnée pour chaque pile d'images (*cf.* Fig. 5.5), où chaque segment correspond vraisemblablement à une particule différente.

La dimension des images 3D acquises est de 1400 voxels suivant les axes x et y, et 1600 suivant l'axe z. Sachant que les voxels sont cubiques d'arête 1mm, cela représente à peu près 2.5 milliards de voxels, pour environ 29 300 segments. D'un point de vue uniquement technique, le chargement des données de segmentation dans le logiciel *3D Slicer* prend plusieurs minutes.

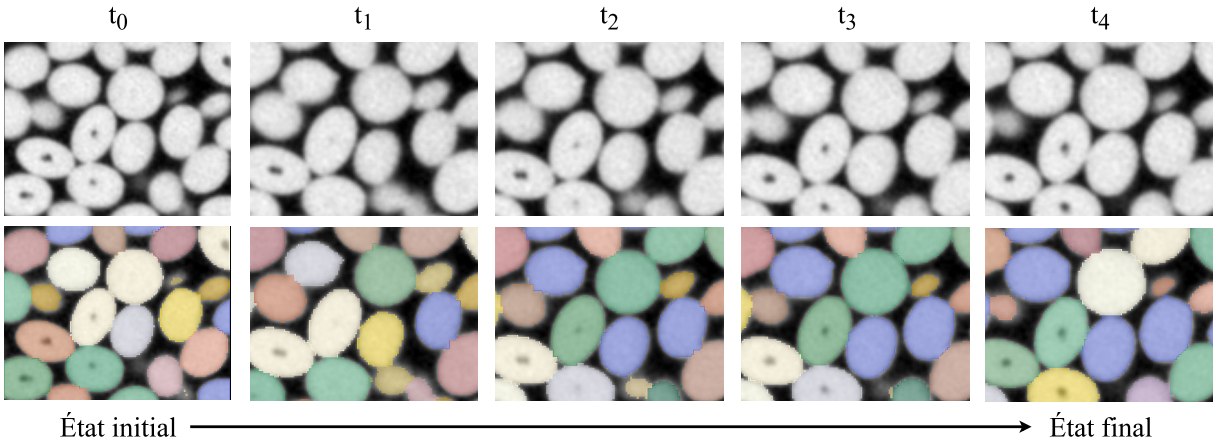


FIGURE 5.5 – Données fournies pour l'étude des particules : différents instants d'acquisition (allant de l'état initial à l'état final de la déformation) avec la grille de voxels de segmentation des particules correspondantes.

Dans notre étude prélimiaire, nous voulons reconstruire quelques particules et suivre leur évolution, ainsi, nous n'avons pas besoin de travailler sur l'ensemble des particules mais seulement sur une zone réduite des images (*cf.* Fig. 5.6). La zone étudiée est définie arbitrairement, et dans la plupart de nos tests, celle-ci contient approximativement 1 million de voxels.

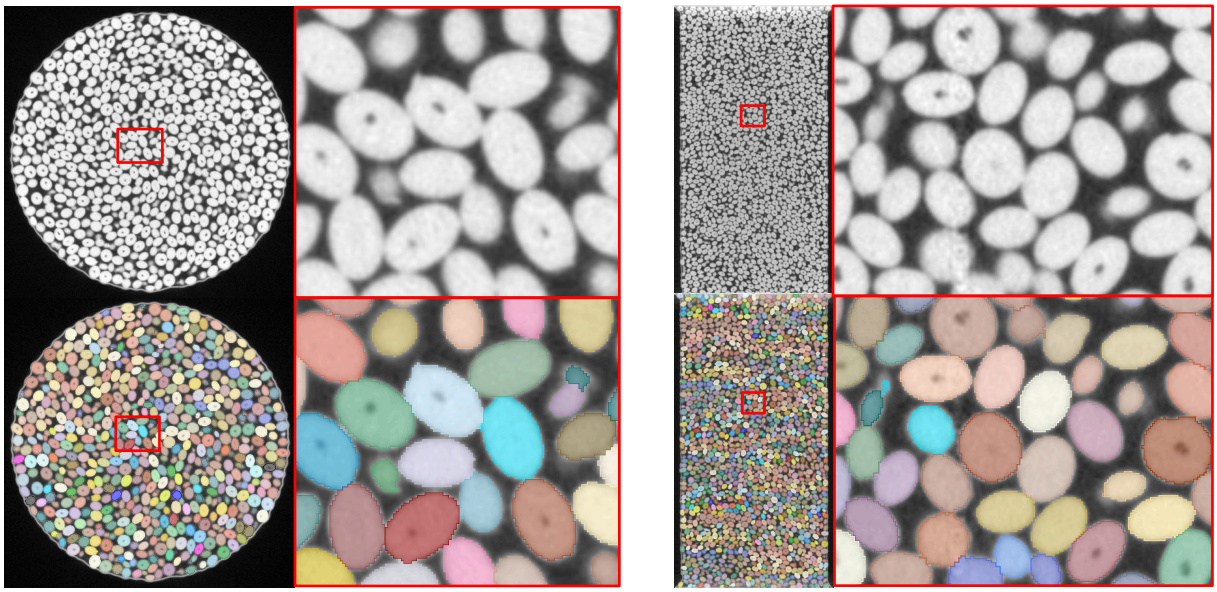


FIGURE 5.6 – Réduction de la zone de test des particules au carré rouge, visible sur les images acquises et la grille de voxels de segmentation, selon deux axes différents.

Chaque segmentation fournie contient environ 29 000 segments, et la conséquence de cette étape de nettoyage initial est de réduire ce nombre à environ 20 000. Si des critères plus précis sont donnés par les spécialistes, il est envisageable d'effectuer cette phase d'épuration pendant la reconstruction. Un point important à noter sur la reconstruction des données est le temps dont *3D Slicer* a besoin pour accéder à la grille de voxels de segmentation. Par exemple, pour une grille d'environ 100 millions de voxel (soit dix fois plus grande qu'une grille issue d'images IRM, utilisées dans les chapitres précédents), le logiciel a besoin de 8 secondes en moyenne pour y accéder et parcourir son contenu. Le reconstruction d'une segmentation complète est effectué segment par segment dans *3D Slicer* (d'après le chapitre 3) ce qui implique un temps de traitement important. Sans compter le temps de reconstruction avec la méthode des *FE*, pour 20 000 segments, cela représente près de 44 heures d'exécution. Il s'agit de l'une des raisons

qui nous a amenés à réduire la quantité de données dans nos tests, à défaut d'une meilleure solution technique pour le moment. Dans la suite, nous travaillons dans un premier temps avec des grilles d'1 million de voxels (100x100x100), puis nous effectuons une montée en charge progressive.

Reconstruction topologique

Dans la suite, nous présentons les statistiques et résultats autour de la reconstruction topologique et du suivi des particules à partir du modèle reconstruit. Les modèles représentent les particules segmentées, à partir des grilles de voxels épurées de manière naïve. Les tableaux 5.1 et 5.2 recensent les résultats de la reconstruction, pour les différents moments d'acquisition et pour différentes configurations. Les graphiques 5.7 montrent le temps de reconstruction et le nombre de faces reconstruites pour chaque segment.

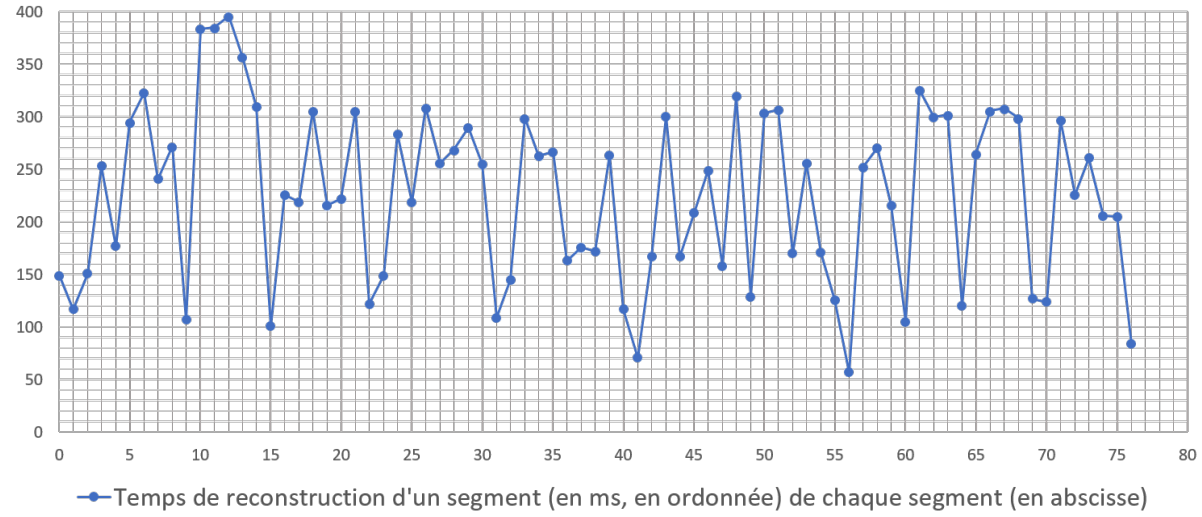
Le tableau 5.1 présente quelques statistiques représentatives de la reconstruction des particules dans la zone réduite, présentée précédemment. Les modèles étudiés correspondent aux moments t_0 à t_4, et sont notés Mt_0 à Mt_4. Concrètement, la position des particules ne change pas grandement dans le temps, ce qui implique que nous avons approximativement le même nombre d'éléments à reconstruire de t_0 à t_4 : les différences entre les t_i sont causées par le mouvement des particules. En moyenne, une particule est composée d'un peu plus de 5 000 faces. Le graphique 5.7b présente le nombre de faces par segment pour l'instant t_0, et nous permet de déduire que la moyenne de 5 000 faces est influencée par des plus petites particules (< 3 000 faces) et des plus grandes (> 7 000 faces). Comme pour les différents moments, les particules étudiées sont quasiment toutes les mêmes, cette tendance se retrouve dans chaque modèle Mt_i. Tous les modèles sont reconstruits en moins de 20 secondes, nous en déduisons donc qu'une particule nécessite environ 230 millisecondes. De même que pour le nombre de faces par particule, le temps exact de reconstruction est donné pour les 77 particules de t_0 dans le graphique 5.7a. Nous observons une corrélation, en comparant les deux courbes de la figure 5.7, entre le nombre de faces à reconstruire et la durée de reconstruction d'un segment. Les deux courbes, à quelques exceptions près, suivent la même tendance pour chaque particule. Cette corrélation, déjà abordée dans le chapitre 3 (*cf.* Sec.3.5), est donc appuyée par ces résultats.

Nous identifions également automatiquement la présence de très petits volumes reconstruits, éloignés du volume correspondant à la particule segmentée, mais ayant la même valeur sémantique (c'est-à-dire qu'ils proviennent du même segment). Ces petits volumes sont en fait du bruit, et sont automatiquement supprimés durant l'étape de nettoyage (*cf.* Sec. 3.2.3). Ce traitement ne joue pas sur le temps de traitement global, notamment dû à leur faible taille et quantité.

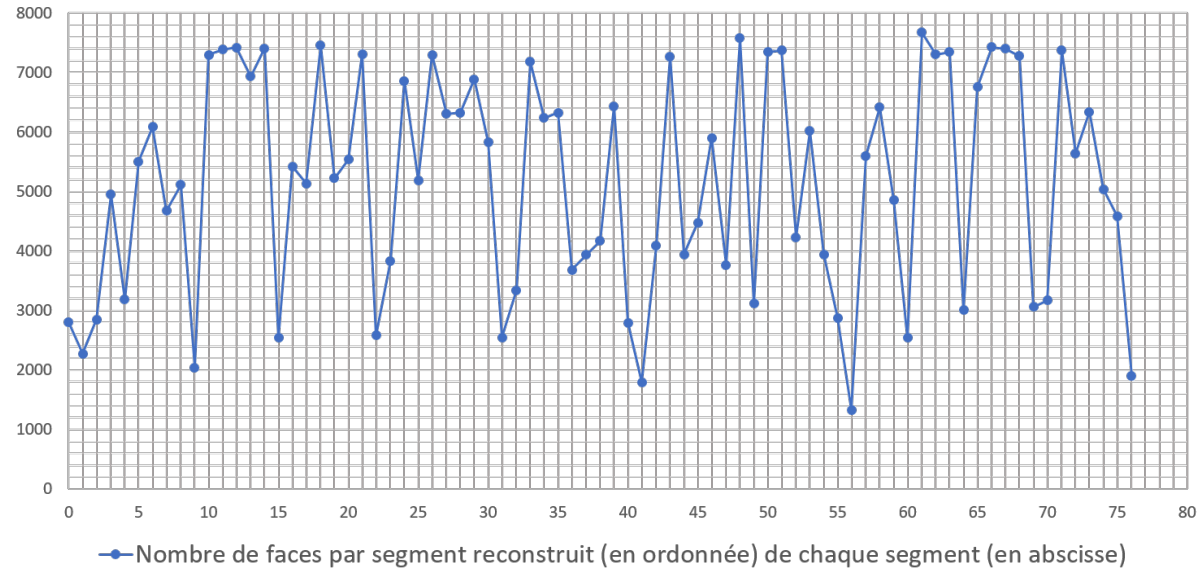
Modèle	Nombre de particules	Nombre moyen de faces/segment	Nombre total de faces/segment	Temps moyen de reconstruction	Temps total de reconstruction
Mt_0	77	5 170	398 132	226ms	17s
Mt_1	77	5 270	405 724	219ms	16s
Mt_2	78	5 194	405 132	238ms	18s
Mt_3	78	5 150	401 760	230ms	18s
Mt_4	80	5 010	400 784	241ms	19s

TABLEAU 5.1 – Nombre de faces moyen et total par segment des différents modèles reconstruits des particules, ainsi que le temps moyen et total de calcul de notre méthode de reconstruction.

Le tableau 5.2 rescence les mêmes statistiques qu'évaluées pour les modèles Mt_0 à Mt_4 précédemment, mais cette fois-ci pour des modèles correspondant à une montée en charge progressive du nombre de particules reconstruites (et par extension du nombre de faces). Ces mo-



(a)



(b)

FIGURE 5.7 – Graphiques représentant pour chaque segment reconstruit : (a) le temps de reconstruction ; (b) le nombre de faces reconstruites. Mis à part quelques exceptions, les deux courbes sont très similaires, et font le lien entre le nombre de faces à reconstruire et le temps d'exécution.

dèles sont notés Mc_0, Mc_1 et Mc_2. Nous pouvons remarquer que l'augmentation progressive du nombre de particules dans les modèles n'influence que légèrement le temps de reconstruction moyen. Certes, ce dernier est en légère hausse mais ceci est dû au nombre de faces qui augmente également (comme cela a été montré ci-dessus). Plus exactement, des mises à jour de l'ensemble de la G-Carte ont lieu pendant la reconstruction, ceci implique un parcours complet des cellules du modèle topologique. Plus ce nombre augmente, plus le temps de parcours devient long. L'impact de ces mises à jour est peu important, l'augmentation du temps de reconstruction étant faible. En ce qui concerne le temps total, celui-ci est lié directement au nombre d'éléments reconstruits. En définitive, cette montée en charge permet de confirmer les observations effectuées dans cette section sur les modèles Mt_i.

Suivi des particules

Modèle	Nombre de particules	Nombre moyen de faces	Nombre total de faces	Temps moyen de reconstruction	Temps total de reconstruction
Mc_0	364	6 169	2 245 588	268ms	1min 30s
Mc_1	620	6 580	4 080 096	279ms	2min 13s
Mc_2	1023	6 768	6 153 950	282ms	3min 34s

TABLEAU 5.2 – Statistiques sur le nombre de faces reconstruites et le temps de reconstruction de différents modèles, pendant une montée en charge progressive.

Pour observer l'évolution en 3D d'une particule, nous utilisons le modèle topologique reconstruit (*cf.* Fig. 5.8). Avec la représentation discrète, ce suivi est effectué et visualisable coupe par coupe, ce qui ne donne qu'une vue approximative du phénomène. En effet, avec le déplacement de ces dernières dans le temps, il est nécessaire de changer de coupe pour trouver l'emplacement de la particule dans les images. Dans la figure 5.8a, la coupe à l'état initial, qui montre les particules 1 à 3, est changée continuellement à chaque changement de piles d'images, jusqu'à l'état final. Cela ne permet pas de visualiser et suivre avec précision l'évolution de la particule. Grâce à notre méthode de reconstruction, les modèles reconstruits permettent, en plus d'identifier les particules entre chaque piles, de représenter et visualiser précisément leurs déplacements dans l'espace. La figure 5.8b illustre le mouvement de trois particules seulement entre l'état initial et final (la distance parcourue est relativement faible car les deux volumes se chevauchent), tandis que la figure 5.8c prend en compte tous les moments.

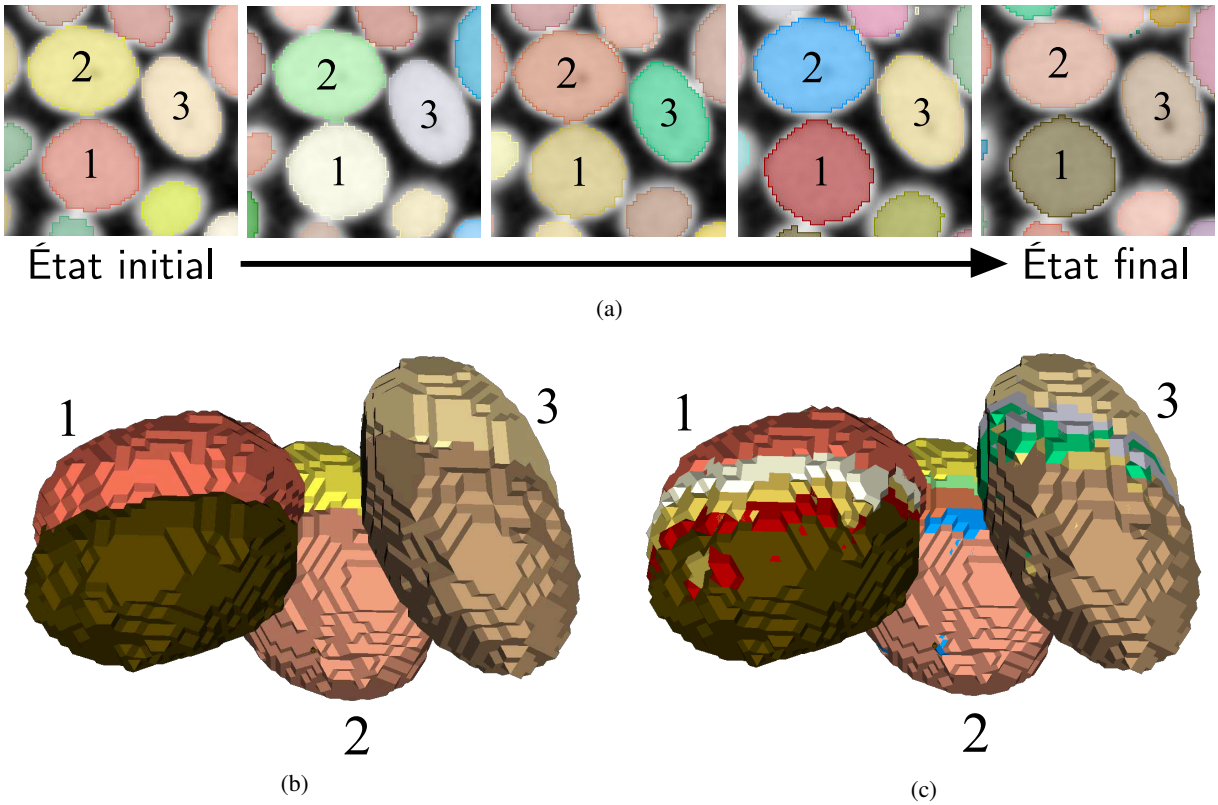


FIGURE 5.8 – Reconstruction à différents temps de trois particules et de la représentation de leur suivi. (a) Représentation discrète, où pour chaque instant (de l'état initial à l'état final), une coupe différente est visualisée à cause du déplacement des particules ; (b) et (c) représentation et visualisation grâce à notre modèle topologique du déplacement des particules correspondant (les couleurs respectent celles des segments dans (a)) : dans (b) seulement l'état initial et final sont montrés, puis dans (c) les différents instants sont montrés.

5.2 Étude du mécanisme d'une montre

Dans cette section, nous abordons une étude préliminaire dans le domaine de l'horlogerie. Plus exactement, nous travaillons à partir d'une pile d'images de l'intérieur d'une montre, décrivant son mécanisme. Nous commençons par introduire le contexte et les enjeux autour de l'étude des pièces mécaniques de la montre. Ensuite, nous abordons plus en détail les données fournies et les limitations de l'utilisation de la représentation par voxel. Nous introduisons l'exploitation du modèle 3D topologique, comme pour l'étude des particules décrite précédemment, adaptée selon les circonstances. Enfin, nous présentons et discutons des résultats obtenus.

5.2.1 Contexte et enjeux

Une montre est composée de beaucoup de pièces mécaniques, de quelques centimètres voire moins pour certaines, et celles-ci sont relativement fragiles. Dans le cas de l'étude de ces pièces, afin d'éviter un démontage qui pourrait abîmer le mécanisme, une étude fine à travers une représentation 3D de ce dernier est judicieuse. Ceci permet notamment d'identifier l'usure des pièces, et d'étudier le fonctionnement de la montre.

Dans notre cas, l'objectif de l'étude du mécanisme d'une montre se présente de la manière suivante :

1. Visualiser et représenter en 3D les différentes pièces mécaniques internes ;
2. Étudier les relations de voisinage entre les pièces afin de détecter une potentielle anomalie ;
3. Quantifier et qualifier de potentiels points de rupture, zones à risque ou pièces abimées dans la montre.

La motivation de ces travaux est d'effectuer une étude approfondie de la montre avant son ouverture. En fait, sans une caractérisation et une connaissance du mécanisme au préalable, le démontage pourrait engendrer des dégâts irréversibles à certaines pièces. Ainsi, le but de l'étude est d'éviter d'abîmer les pièces mécaniques, en faisant l'état de ces dernières pour déterminer, entre autres, la manière la plus sûre d'ouvrir la montre. Aussi, l'un des enjeux de ces travaux est de pouvoir comprendre et analyser le fonctionnement de la montre et de son montage, en la manipulant virtuellement sans démontage.

Dans ce cas, la modélisation 3D des différentes pièces ainsi que la connaissance explicite de leur relation d'adjacence est nécessaire. Cela doit permettre d'analyser les différents éléments de la montre et d'identifier de potentielles pièces abimées dans le modèle. En définitive, le modèle doit être le plus dense possible, et être au plus proche de la réalité.

5.2.2 Données et représentation discrète

Au même titre que les images étudiées dans le cas de l'étude des particules, les images de la montre sont acquises à l'aide de la tomographie. Concrètement, nous avons à disposition une image 3D. La dimension de la pile d'images est de 1885x1644x792, dont les voxels sont cubiques d'arête 1mm, ce qui représente pratiquement 2.5 milliards de voxels. Ce qui est acquis par tomographie est l'intérieur de la montre. Par exemple, ce sont les engrenages, les pièces supports et celles qui servent à connecter les engrenages aux pièces supports. La figure 5.9 illustre quelques images de l'intérieur de la montre selon plusieurs coupes, où plusieurs pièces sont reconnaissables.

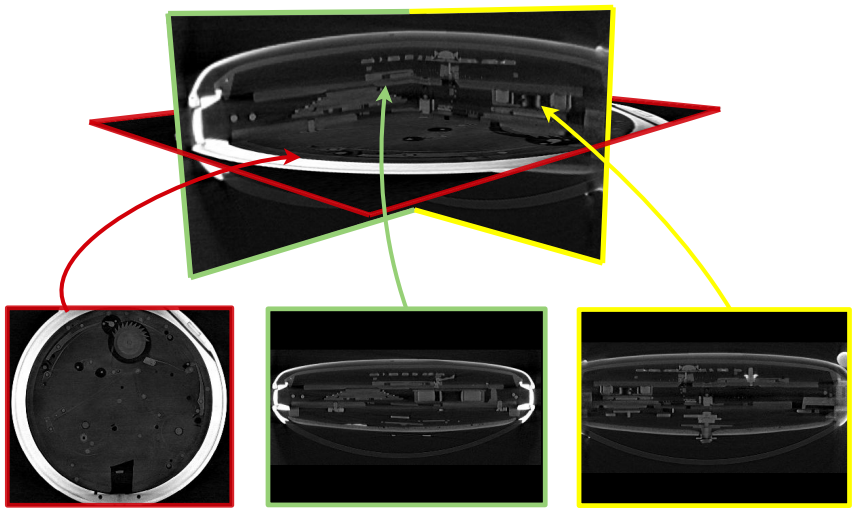
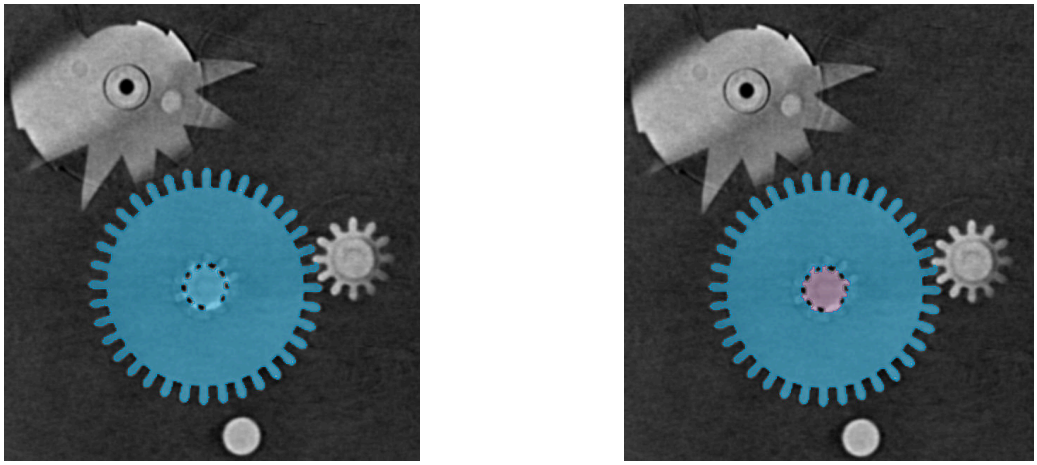


FIGURE 5.9 – Exemple de visualisation de plusieurs coupes à partir des images acquises de l'intérieur de la montre. Les coupes appartiennent à plusieurs axes, chacun associé à une couleur.

À partir des images, une approche directe est l'utilisation de la représentation voxélique, c'est-à-dire de générer la grille de voxels de segmentation de l'intérieur de la montre. Cette grille permet de séparer le vide des pièces mécaniques, et de mettre en évidence ces dernières (*cf.* Fig. 5.10). De plus, afin de pouvoir travailler sur la connexité entre chaque pièce, les séparer dans un segment différent est une alternative pertinente, illustrée dans la figure 5.10b.



(a) (b)

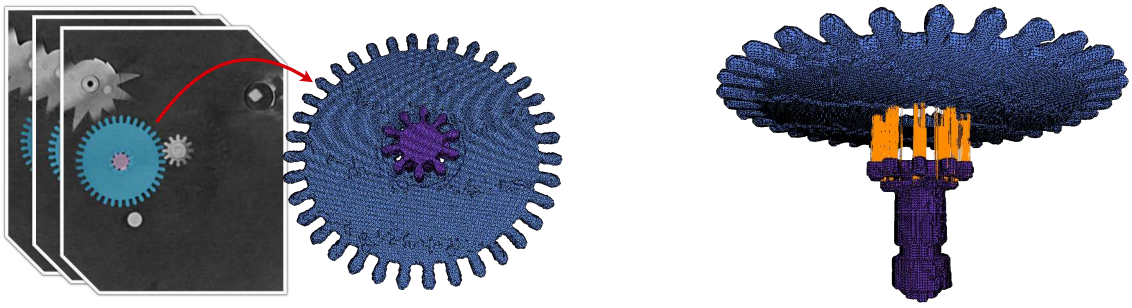
FIGURE 5.10 – Exemple d'une grille de voxels de segmentation de deux pièces mécaniques (a) dans le même segment et (b) dans un segment différent chacun.

Concrètement, les limitations liées à la représentation par voxels sont identiques à celles abordées pour l'étude des particules (*cf.* Sec. 5.1.2 pour plus de détails). Les études en horlogerie sont effectuées sur de petites pièces mécaniques, et dans notre cas, nous cherchons à les représenter au plus proche de la réalité, ainsi que de fournir un modèle pour la simulation afin d'étudier le mécanisme. C'est pourquoi un maillage 3D est plus adapté qu'un modèle discret, de résolution limitée et pas adapté à la simulation. Aussi, le modèle doit pouvoir renseigner précisément sur les connexions potentielles entre les pièces. Or nous savons que la connexité entre les voxels dans le domaine discret est tributaire de la n-connexité choisie (arbitrairement) (*cf.* Sec. 2.3.1), contrairement à une représentation explicite et précise des relations de voisinage que peut fournir un modèle à base topologique (*cf.* Sec. 2.3.3).

5.2.3 Modélisation 3D de la montre

Pour fournir aux horlogers une représentation adéquate à leurs besoins, nous proposons de produire un modèle 3D à géométrie continue des pièces mécaniques de la montre. D'un point de vue topologique, le modèle représente le vide qui existe entre les pièces, et vérifie qu'aucun chevauchement ne soit possible. Le modèle est pensé pour détecter et classifier les pièces en fonction de leur état (intactes, abimées ou cassées) et de leur nature. Dans le dernier cas, il s'agit de pouvoir les différencier par classe : décoration, engrenage, plaque…. Aussi, le modèle représente explicitement les relations de voisinage entre les pièces, afin de connaître avec précision l'interactivité entre celles-ci et détecter automatiquement des anomalies (comme deux engrenages qui se touchent complètement, comme emboités).

Pour obtenir un tel modèle, nous utilisons la méthode de reconstruction présentée dans le chapitre 3, en utilisant la grille de voxels de segmentation de la montre (*cf.* Fig. 5.11). Ainsi, le modèle reconstruit exploite une G-Carte pour modéliser les pièces mécaniques, et devient une partition 3D de l'espace, qui comme pour les particules, identifie et catégorise les volumes représentant le vide. D'un point de vue purement topologique, nous savons que chaque pièce est composée d'un ou plusieurs volumes. Le nombre de volumes est déterminé par la nature de la pièce, et dans le cas d'une roue d'engrenage par exemple, si plusieurs volumes sont reconstruits, cela implique que celui-ci est cassé et est donc fragmenté. Chaque volume n'a pas une topologie connue à l'avance, parfois homéomorphe à la sphère, au tore… et certains d'entre eux peuvent inclure d'autres pièces par exemple. En conséquence, un volume peut-être voisin d'un ou plusieurs volumes (avec au moins une face de contact), et les zones sans contact indiquent la présence de vide (comme pour les particules). Les relations de voisinage des volumes des différentes pièces sont représentées explicitement avec la G-Carte, permettant la détection automatique d'anomalie, en fonction de contraintes établies, notamment sémantiques. Les informations de sémantiques (comme la nature de la pièce, son état…) sont stockées naturellement dans la G-Carte, et donc dans le modèle reconstruit.



(a) (b)

FIGURE 5.11 – Illustration de la reconstruction de deux pièces, segmentées, dont l'une est incluse dans l'autre, en contact direct. (a) À partir des images segmentées, le volume de chaque pièce est reconstruit ; (b) vue éclatée des volumes : l'inclusion n'a pas besoin d'être représentée par une cellule fictive car des relations d'adjacence explicites (en orange) sont présents.

Comme pour la reconstruction des particules, nous n'avons pas accès à une information équivalente au pourcentage d'appartenance d'un voxel à une pièce. Tant que cela ne modifie pas la topologie de la pièce, nous corrigeons les problèmes liés aux configurations ambiguës des *MC* (*cf.* Sec. 2.2.1.2), concernant la jonction de voxels de segments différents, de manière arbitraire. De plus, le modèle n'est pas géométriquement déformé, par manque d'information pour le moment.

Pour résumer, nous sommes en mesure de pouvoir étudier le mécanisme de la montre, en 3D, à l'aide d'un modèle 3D enrichi de nombreuses informations sémantiques. Ces dernières permettent d'affiner les tests et les études menées pour comprendre le fonctionnement de la montre. Aussi, en exploitant les informations topologiques et sémantiques, nous souhaitons détecter automatiquement ou semi-automatiquement (avec l'avis d'un expert) localement les anomalies dans le modèle (pièces cassées, déformées ou manquantes pour ne citer que ces exemples). Cela implique de travailler en étroite collaboration avec des experts, pour établir un ensemble de contraintes que les pièces doivent respectées.

5.2.4 Résultats et discussions

Dans cette section, les résultats présentés et illustrés sont produits selon la configuration utilisée pour les particules (*cf.* Sec. 5.1.4). Les images segmentées sont celles détaillées dans la section précédente. Les grilles de voxels de segmentation des pièces mécaniques sont générées à partir des outils fournis par le logiciel *3D Slicer*. Les outils à disposition ne permettent pas de segmenter automatiquement toutes les pièces, à cause du manque de contraste net entre les éléments acquis. C'est pourquoi les pièces étudiées dans la suite ont été segmentée de manière semi-automatique, et sont donc relativement bruitées. Aussi, cela nous limite à ne travailler que sur une partie restreinte des images. Pour nos résultats, nous avons décidé de travailler sur sept pièces différentes segmentées, pour lesquelles un nom différent leur est associé : MP_i tel que $i \in \{1,2,...,7\}$. Les correspondances entre le nom et le modèle sont données dans la figure 5.12.

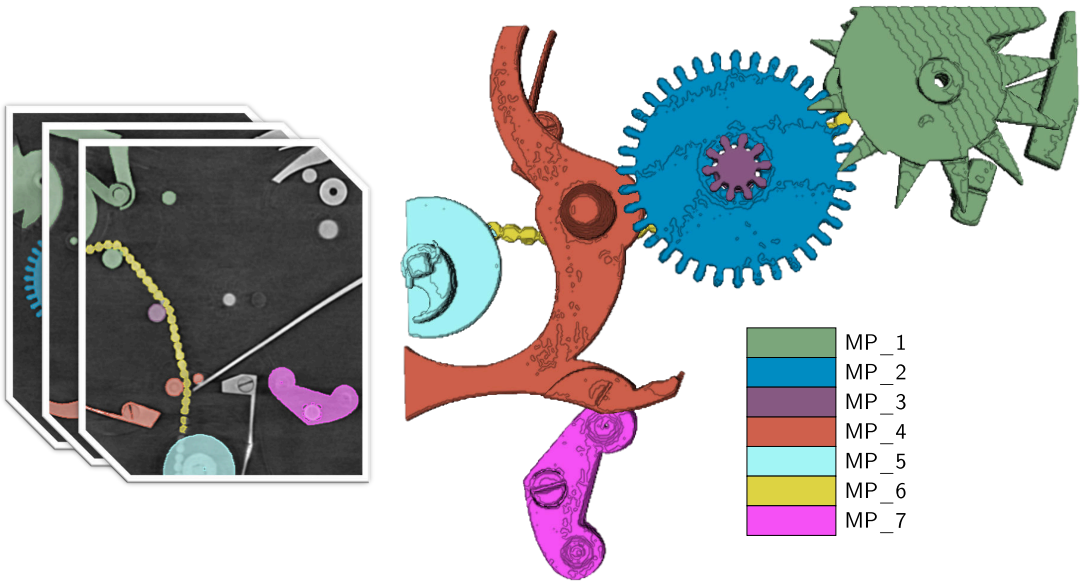


FIGURE 5.12 – Exemple de sept pièces reconstruites à partir des images segmentées. Un nom est associé à chaque pièce, et est utilisé dans les résultats suivants.

Le tableau 5.3 récapitule quelques statistiques concernant la reconstruction de chaque modèle des pièces segmentées. Concrètement, la durée nécessaire pour reconstruire chaque volume de chaque segment n'est pas étonnante : cette durée est corrélée au nombre de faces, et vient renforcer les observations effectuées lors de l'étude des particules (*cf.* Sec. 5.1.4). Ici, la reconstruction du modèle contentant toutes les pièces nécessite environ 30 secondes, pour 567 228 faces, en sachant que l'information de sémantique (de quelle pièce le volume provient) est attribuée à chaque volume. En ce qui concerne la fusion des volumes, cela représente moins de 12 secondes, avec les mises à jour du modèle. Enfin, la génération du modèle final avec la correction des problèmes de justesse (*cf.* Sec. 3.3.2) nécessite 25 secondes. Ainsi, le temps de

reconstruction du modèle final contenant ces sept pièces est d'une minute environ, en prenant en compte que certaines étapes de la reconstruction utilisent des mécanismes de parcours complet de la G-Carte, qui nécessitent un peu de temps.

Modèle	Nombre de volumes	Nombre de faces	Temps total de reconstruction
MP_1	2	190 216	9s
MP_2	1	96 908	5s
MP_3	1	20 548	1s
MP_4	1	135 540	6s
MP_5	1	40 764	2s
MP_6	1	39 968	2s
MP_7	1	43 284	2s

TABLEAU 5.3 – Statistiques de reconstruction des différentes pièces

Une montée en charge sur le nombre de pièces à reconstruire n'est pas pertinente au vu du manque d'accès à une segmentation plus proche de la réalité (et donc plus juste) des images. Par contre, avec notre modèle, nous pouvons dès lors visualiser et représenter, avec précision, les relations d'adjacence et les zones de contact. Nous sommes en mesure de pouvoir observer quelle pièce est en contact direct avec une autre. La figure 5.13 illustre les relations de voisinage entre les pièces reconstruites MP_i, plus particulièrement au niveau de la chaîne segmentée qui touche plusieurs autres pièces totalement indépendantes.

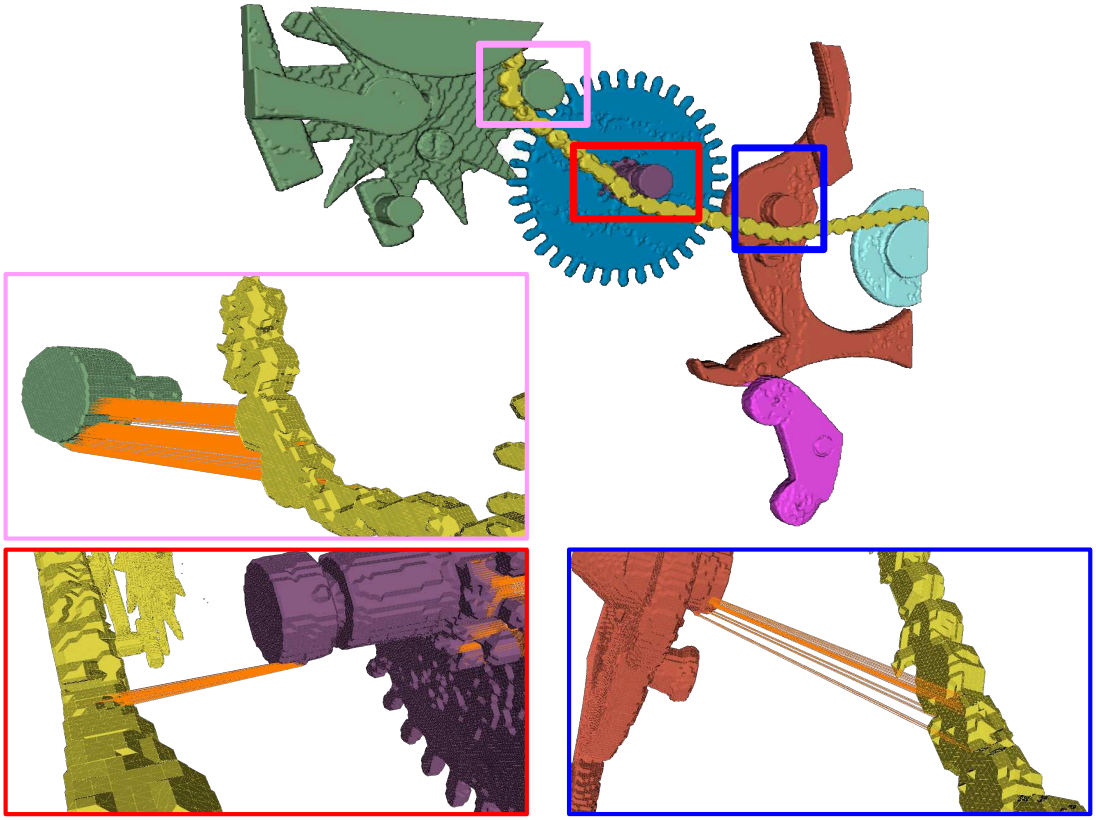


FIGURE 5.13 – Illustration en vue éclatée des relations de voisinage (en orange) entre plusieurs pièces et le volume de la chaîne (en jaune). Les encadrés de couleur correspondent à des zooms effectués sur des zones identifiées par la G-Carte automatiquement lors de la recherche d'adjacence entre des volumes.

5.3 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons abordé le besoin d'utiliser notre méthode de reconstuction dans de nouvelles applications différentes des neurosciences, que sont la physique des particules et l'horlogerie. À l'instar des travaux avec les images d'IRM et de SRM, nous avons travaillé avec des données discrètes, plus exactement avec des piles d'images acquises par tomographie et des grilles de voxels de segmentation (permettant de différencier chaque élément). Nous avons utilisé notre méthode de reconstruction, détaillée dans le chapitre 3, pour générer le modèle correspondant. Ce dernier correspond à une partition 3D de l'espace, où les volumes qui représentent le vide sont clairement identifiés à l'aide d'une information de sémantique. Les contextes et les enjeux de chaque domaine permettent de fournir les informations nécessaires à intégrer dans le modèle pour l'enrichir suffisament et être un outil pertinent pour les spécialistes. Notre modèle s'adapte très bien aux besoins des deux domaines étudiées, en offrant notamment une représentation et une visualisation plus fines et plus justes comparées à celles des approches purement discrètes utilisées.

Dans le cadre de la physique des particules, le modèle topologique est une approche pertinente quant au suivi de l'évolution des particules lors d'une déformation. La méthode standard pour suivre une particule en particulier est basée sur l'utilisation de la représentation discrète, mais son fonctionnement est totalement appliquable et adaptable à notre modèle. Une fois avoir identifié et retrouvé une même particule à travers les différentes images 3D, nous sommes en mesure, avec notre modèle, d'étudier et de représenter plus finement ses déplacements mais aussi l'évolution des relations d'adjacence avec son voisinage. En effet, un modèle à géométrie continue permet de mieux cerner la transformation des particules entre deux images 3D. En continu, en associant les sommets entre eux, nous pouvons en déduire précisément une transformation (en particulier rigide, *i.e.* une translation et une rotation). À l'inverse, en discret, même après avoir identifié les particules, déduire avec précision ce genre de transformation est beaucoup plus complexe.

En ce qui concerne l'horlogerie, le modèle est rendu dense par l'ajout des informations spécifiques comme la nature du volume reconstruit (à quel type de pièce il appartient). Sa représentation avec une géométrie continue rend possible la manipulation virtuelle du mécanisme de la montre acquise. Pour l'horlogerie, nous nous sommes davantage focalisés sur la variété des volumes reconstruits et les relations d'adjacence. Contrairement aux volumes des particules, qui sont toutes homéomorphes à la sphère, nous avons reconstruit différentes formes et structures topologiques pour les pièces.

Nous avons réalisé plusieurs tests avec notre méthode de reconstruction afin de démontrer sa viabilité. Au vu des résultats obtenus, nous avons pu confirmer les observations faites sur la méthode de reconstruction (*cf.* Sec. 3.5), et également prouver la souplesse de notre méthode.

Une limitation de la partie reconstruction de notre méthode a été observée durant nos tests. En effet, l'algorithme des *Flying Edges* utilisé reconstruit les segments un à un, en parcourant la grille de voxels de segmentation à chaque fois. Étant donné la dimension des images, et la quantité de segment, le temps de reconstruction est grandement ralenti. Une tentative de réduction du nombre de segments a été mise en place, mais la durée de ce traitement est toute aussi longue. En résumé, la mise à l'échelle est tributaire du nombre de segments à reconstruire, et de la dimension de la grille de voxels. Dans la suite de ces travaux, il serait intéressant de trouver une solution pour pouvoir travailler sur l'ensemble des données. Plusieurs options sont envisageables, notamment l'utilisation d'une solution *out-of-core* et la reconstruction parallélisée des segments. Dans le cadre de l'étude des particules, nous pourrions également étudier la

possibilité de débruiter plus justement la segmentation, au lieu de simplement éliminer les segments qui ne font pas directement partie d'une particule. Pour l'horlogerie, il est envisageable de travailler avec un expert pour fournir les informations nécessaires pour une reconnaissance semi-automatique des défauts des pièces, en utilisant la topologie et la sémantique du modèle.

CHAPITRE 6

CONCLUSION ET PERSPECTIVES

Dans le domaine médical, les experts en neurosciences ont recours à une représentation 3D du cortex cérébral pour évaluer l'étendue d'une lésion ou pour détecter des maladies neurodégénératives telles qu'Alzheimer ou la sclérose en plaques. En imagerie cérébrale, les techniques de segmentation des tissus cérébraux ont considérablement progressé pour améliorer la précision de l'identification des tissus et des lésions, même sur des images présentant une qualité d'image ou des niveaux de contraste variables. La représentation 3D utilisée est majoritairement sous la forme de grilles de voxels, en raison des informations fournies par les systèmes d'acquisition tels que les scanners et les IRM, leur permettant d'identifier, de quantifier et de mesurer des caractéristiques spécifiques avec une complexité moindre. Cependant, cette représentation présente des problèmes inhérents tels que le recouvrement partiel des voxels par les tissus, la limitation de la résolution et la forme intrinsèque des voxels, qui réduisent la qualité et la précision des études.

Pour lever les ambiguïtés et les limitations de la représentation basée sur des voxels, de nombreuses méthodes de reconstruction de maillages surfaciques ont été développées. Ces maillages 3D offrent une représentation plus détaillée et plus fine. Parmi ces méthodes, certaines sont conçues pour des cas spécifiques de structures cérébrales en utilisant des modèles déformables, ou en faisant appel à l'apprentissage profond. Cependant, aucune méthode proposée dans la littérature ne permet de représenter de manière précise un nombre quelconque de tissus cérébraux, en particulier pour les sujets présentant des lésions (tumeurs cérébrales). Dans nos travaux, la topologie de chaque tissu n'est pas nécessairement connue. De plus, nous travaillons avec des données de lésions ou post-opératoires, qui peuvent avoir un impact sur la topologie des structures de manière imprévisible, et les méthodes standard actuelles ne sont pas en mesure de les représenter correctement. Enfin, les modèles, retrouvés dans la littérature, ne vérifient pas la cohérence des voisinages entre les différents tissus anatomiques afin de valider la reconstruction (substance blanche, substance grise, liquide céphalo-rachidien…).

Travaux réalisés

Dans les travaux décrits dans cette thèse, nous proposons un modèle dédié à l'étude du cerveau dans le cas de sujets sains et de sujets atteints d'une tumeur cérébrale. Le modèle développé est suffisamment riche pour permettre de regrouper les données anatomiques et toutes les informations issues du contexte d'application, comme en spectroscopie par résonance magnétique (SRM) les concentrations des métabolites.

Dans un premier temps, nous avons présenté une nouvelle méthode de reconstruction pour la génération de maillages volumiques à partir de données médicales 3D discrètes. Celle-ci permet de produire, sans intervention manuelle, à partir d'une grille de voxels de segmentation, une partition 3D de l'espace. En effet, le modèle final est exempt d'espaces vides et de chevauchements, et respecte un ensemble de contraintes concernant l'adjacence des volumes des tissus. La méthode de reconstruction utilise une G-Carte pour représenter les informations topologiques des différentes structures segmentées et reconstruites à l'aide de la méthode des *Flying Edges* (*FE*), en stockant notamment une information de sémantique pour indiquer à quel tissu anatomique chaque volume du modèle appartient. Nous avons observé, à travers les tests et comparaisons effectuées, que notre modèle est topologiquement cohérent tout en étant fidèle aux données acquises, ce que les processus standard dans le médical ne garantissent pas. En particulier, par rapport au logiciel *FreeSurfer*, nous sommes en mesure de reconstruire des cerveaux plus complexes, avec lésion ou post-opérés par exemple.

Dans un second temps, nous avons utilisé notre modèle 3D topologique et tissulaire du cerveau afin de visualiser et représenter les données acquises par SRM. La SRM fournit des informations sur les concentrations de métabolites dans les tissus cérébraux. Ces informations sont stockées sous la forme d'une grille de voxels, de résolution grossière, où chacun d'entre eux possède une seule donnée alors qu'il est composé de plusieurs tissus (et que chaque tissu influence la concentration différemment). La connaissance et l'identification des volumes des tissus, au sein d'un même voxel de spectroscopie, permet de raffiner le modèle pour distribuer l'information de spectroscopie au sein des différentes structures du cerveau. Nous avons détaillé une nouvelle opération topologique de découpe par plan, prenant en charge l'inclusion des volumes, ce qui permet de conserver la partition 3D de l'espace. Cette opération est utilisée itérativement pour que notre modèle représente la grille de voxels acquises par SRM. Le modèle obtenu est exploité pour re-calculer les concentrations de métabolites pour chaque volume tissulaire, et ainsi répartir l'information dans chacun de ces derniers. Des tests ont été pratiqués sur le cerveau d'un sujet sain et sur celui d'un sujet présentant une tumeur cérébrale. En utilisant les volumes bien identifiés du modèle topologique, nous avons pu démontrer que nos représentations et visualisations des données de SRM, basées sur les tissus, sont plus fines et plus justes, comparées aux méthodes utilisées en clinique.

Enfin, nous avons étudié les possibilités de la mise en œuvre de notre méthode de reconstuction dans des cas d'applications différents du domaine médical, que sont la physique des particules et l'horlogerie. Le modèle généré et sa base topologique permet l'intégration des informations spécifiques au contexte et la précision géométrique des volumes reconstruits sont pertinents pour les spécialistes. Concrètement, les données qui nous sont fournies sont des piles d'images acquises par tomographie, associées avec une grille de voxels de segmentation permettant de différencier les éléments. Étant donné la dimension des images et les limitations liées au logiciel *3D Slicer* utilisé, nous travaillons sur des zones réduites pour produire nos résultats. Les différents tests que nous avons réalisés ont permis de démontrer la viabilité de notre méthode de reconstruction pour répondre aux besoins de ces domaines, ainsi que les avantages de recourir à un modèle à géométrie continue par rapport à un modèle discret (composé de voxels).

Perspectives

Nous disposons d'un modèle adaptatif, dont nous pouvons encore approfondir l'exploitation du modèle dans les applications testées, et plusieurs perspectives s'offrent à notre travail.

- **Optimisation de l'implémentation des méthodes**

D'un point de vue implémentation, certains points pourraient être améliorés. Pour commencer, les éléments de la G-Carte de la librairie *MOKA* ne sont pas accessibles de manière concurrente, ce qui implique que tous les traitements topologique sont séquentiels. Ensuite, lors de l'étape de fusion des segments recontruits, nous utilisons la géomètrie pour effectuer le test de similarité entre les faces provenant de structures différentes. Une stratégie plus élégante serait de retrouver, pour chaque sommet, l'indice des voxels utilisés pour leur création, et ainsi éviter tout problème lié à la précision numérique. Cette information peut être stockée dès la construction du maillage, ou récupérée après, dans le modèle topologique, sur l'orbite sommet correspondant. Enfin, le procédé de calcul des intersections dans l'opération de découpe est relativement sensible à la précision numérique, car il est majoritairement basé sur la géométrie. Dans ce cas, il serait plus judicieux de trouver une solution et de modifier l'approche pour qu'elle utilise davantage la topologie, ce qui permettrait de limiter ces problèmes de précision.

- **Amélioration de l'étude des données SRM**

L'un des problèmes qui subsistent quant à la manipulation des données de la séquence d'acquisition d'une grille de voxels en SRM est le phénomène de déplacement chimique. Ce phénomène est responsable, pour deux voxels adjacents, de causer soit une perte d'information entre les deux (un décalage entre les données acquises), soit un intercalage partiel de leurs données. Ainsi, les concentrations de métabolites initiales que nous traitons avec notre modèle sont une approximation de la réalité. Dans la littérature, des méthodes ont été proposées pour minimiser ce phénomène [149, 150], mais cela reste un sujet très ouvert dans le domaine de la SRM. À l'avenir, nous souhaitons exploiter la représentation des relations de voisinage explicites dans notre modèle topologique pour traiter ce problème. Étant donné que ce souci est lié aux voxels voisins, travailler sur un re-calcul des concentrations de métabolites en prenant en compte les volumes tissulaires réels et leurs voisins directs semblent être une approche adéquate. En plus du problème lié au déplacement chimique, nous souhaitons exploiter notre modèle pour permettre de trouver avec précision les concentrations des métabolites en cherchant un moyen pertinent de re-calculer les pondérations tissulaires, aussi bien dans le cas de sujet sain que de sujet avec une tumeur cérébrale. Ce travail nécessiterait une collaboration étroite avec des neurologues, qui manipulerait et testerait le modèle pour trouver précissement ces pondérations.

- **Approfondissement du modèle dans le domaine des neurosciences**

L'ajout d'autres acquisitions IRM a le potentiel d'enrichir le modèle et de pouvoir apporter aux médecins un outil en IRM complet pour tous les cas cliniques. Parmi ces acquisitions, également appelées modalités, nous pensons aux images de diffusion (*Diffusion weighted imaging* ou *DWI*) et de perfusion (*Perfusion weighted imaging* ou *PWI*). Dans le cas d'un infarctus cérébral, la combinaison de ces séquences peut être utilisée pour estimer la quantité de tissu cérébral pouvant être sauvée par thrombolyse et/ou thrombectomie. Couplées avec la séquence d'acquisition CSI en SRM, ces informations offrent une quantité non-négligeable de données pour les médecins. Un modèle discret pour stocker tous les types d'acquisitions est difficile à mettre en place, car les différentes piles d'images acquises ne sont pas de la même dimension et ne sont pas forcémment recalées entre elles. C'est pourquoi, l'utilisation de notre modèle topologique, exploité en SRM, permettra de regrouper toutes ces données en un seul et même modèle, sans être limité par le décalage des grilles de voxels puisque nous avons les volumes réels.

- **Application du modèle pour de la simulation**

L'un des avantages de la modélisation 3D volumique est de pouvoir utiliser le modèle généré pour de la simulation. Par exemple, dans le domaine des neurosciences, un besoin existe pour la biopsie virtuelle, notamment pour détecter la maladie d'Alzheimer. Pour rappel, notre modèle représente explicitement et visualise l'ensemble des contacts entre les différents volumes reconstruits de la partition 3D de l'espace. Il serait intéressant d'exploiter notre modèle dans de telles applications.

- **Extension à divers type de données en entrée**

De nos jours, les systèmes d'acquisitions génèrent des piles d'images de résolution de plus en plus précise, que ce soit en IRM avec l'utilisation d'un scanner 7T ou, comme nous avons pu le voir, avec les images acquises par tomographie (1400x1400x1600 voxels). Cette résolution est beaucoup plus précise que celle des images IRM provenant d'un scanner 3T (240x288x192 voxels). De plus, dans nos travaux avec les images 3T, nous avons travaillé avec des grilles de voxels de segmentation composées de trois segments. Or, dans le cadre des applications autres que celles médicales, ces grilles comportent un nombre plus conséquent de segments. Cela a une incidence directe sur notre méthode : cette dernière devient trop lente car elle est tributaire du nombre de segments et de la taille de la grille. En effet, les *FE*, que nous utilisons dans la partie reconstruction du modèle, reconstruisent un à un chaque segment, en parcourant la grille à chaque fois. Une solution serait alors de reconstruire tous les segments en un seul parcours de la grille, afin de pouvoir réduire la complexité temporelle du traitement, et étendre les types de données en entrée de notre méthode.

PUBLICATIONS PERSONNELLES

Revues internationales

L. Lecheleck, S. Gerbaud, R. Zrour, M. Naudin, C. Guillevin, S. Horna. *Comparative Study of 3D Reconstruction Methods for Medical Imaging*. Journal Computer Aided Design and Application (CADA), 2022, vol. 19(5), pp. 1000-1014 (Extension de l'article CAD).
(http://dx.doi.org/10.14733/cadaps.2022.1000-1014)

Conférences internationales avec comité de lecture

S. Gerbaud, S. Horna, R. Zrour, M. Naudin, C. Guillevin, P. Meseure. *Reconstruction and Topological Cleaning of Brain MR Images*. IEEE Sixth International Conference on Advances in Biomedical Engineering (ICABME), 2021, pp. 89–92.
(http://dx.doi.org/10.1109/ICABME53305.2021.9604811)

L. Lecheleck, S. Gerbaud, R. Zrour, M. Naudin, C. Guillevin, S. Horna. *Comparative Study of 3D Reconstruction Methods for Medical Imaging*. International Conference on Computer Aided Design conference (CAD), 2021, pp. 198-202.
(http://dx.doi.org/10.14733/cadconfP.2021.198-2021)

Conférences nationales sans comité de lecture

S. Gerbaud, S. Horna, R. Zrour, P. Meseure. *Reconstruction topologique 3D de plusieurs objets sémantiques à partir de données médicales volumétriques discrètes*. Journées Françaises d'Informatique Graphique (AFIG), 2021.

BIBLIOGRAPHIE

[1] W. Schroeder, R. Maynard, B. Geveci. *Flying edges : A high-performance scalable iso-contouring algorithm*. IEEE 5th Symposium on Large Data Analysis and Visualization, 2015, pp. 33–40.

[2] F. Vidil, G. Damiand, M. Dexet-Guiard, N. Guiard, F. Ledoux, A. Fousse, D. Fradin, Y. Liang, D. Menevaux, Y. Bertrand. *Moka : 3D Topological Modeler*. https ://projet.liris.cnrs.fr/moka/index.php, 2002.

[3] A. Fedorov, R. Beichel, J. Kalpathy-Cramer, J. Finet, J. C. Fillion-Robin, S. Pujol, C. Bauer, D. Jennings, F. Fennessy, M. Sonka, J. Buatti, S. Aylward, J. V. Miller, S. Pieper, R. Kikinis. *3D Slicer as an image computing platform for the quantitative imaging network*. Magn. Reson. Imaging (30), 2012, pp. 1323–1341.

[4] W. E. Lorensen, H. E. Cline. *Marching cubes : A high resolution 3D surface construction algorithm*. ACM siggraph computer graphics (21), 1987, pp. 163–169.

[5] D. C. Collier, S. SC. Burnett, M. Amin, S. Bilton, C. Brooks, A. Ryan, D. Roniger, D. Tran, G. Starkschall. *Assessment of consistency in contouring of normal-tissue anatomic structures*. Journal of applied clinical medical physics(4), 2003, pp. 17–24.

[6] C. Fiorino, M. Reni, A. Bolognesi, G. M. Cattaneo, R. Calandrino. *Intra-and inter-observer variability in contouring prostate and seminal vesicles : implications for conformal treatment planning*. Radiotherapy and oncology (47), 1998, pp. 285–292.

[7] K. M. Pohl, W. M. Wells, A. Guimond, K. Kasai, M. E. Shenton, M. Kikinis, S. K. Warfield. *Incorporating non-rigid registration into expectation maximization algorithm to segment MR images*. Proceedings In Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention—MICCAI, 2002, pp. 564–571.

[8] E. D'Agostino, F. Maes, D. Vandermeulen, P. Suetens. *Non-rigid atlas-to-image registration by minimization of class-conditional image entropy*. Proceedings In Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention—MICCAI, 2004, pp. 745–753.

[9] J. Ashburner, K. J. Friston. *Unified segmentation*. Neuroimage, 2005, pp. 839–851.

[10] M. Á. G. Ballester, A. P. Zisserman, M. Brady. *Estimation of the partial volume effect in MRI*. Medical image analysis (6), 2002, pp. 389–405.

[11] M. Sezgin, B. L. Sankur. *Survey over image thresholding techniques and quantitative performance evaluation*. Journal of Electronic imaging(13), 2004, pp. 146–168.

[12] S. Roy, P. Maiji. *A simple skull stripping algorithm for brain MRI*. IEEE Eighth International Conference on Advances in Pattern Recognition (ICAPR), 2015, pp. 1–6.

[13] R. M. Haralick, L. G. Shapiro. *Image segmentation techniques*. Computer vision, graphics, and image processing, 1985, pp. 100–132.

[14] T. Węgliński, A. Fabijańska. *Brain tumor segmentation from MRI data sets using region growing approach*. IEEE Perspective Technologies and Methods in MEMS Design, 2011, pp. 185–188.

[15] E. S. Biratu, F. Schwenker, T. G. Debelee, S. R. Kebede, W. G. Negera, H. T. Molla. *Enhanced region growing for brain tumor MR image segmentation*. Journal of Imaging (7), 2021, pp. 22.

[16] Y. Zhang, M. Brady, S. Smith. *Segmentation of brain MR images through a hidden Markov random field model and the expectation-maximization algorithm*. IEEE transactions on medical imaging (20), 2001, pp. 45–57.

[17] B. Fischl, D. H. Salat, E. Busa, M. Albert, M. Dieterich, C. Haselgrove, A. M. Dale. *Whole brain segmentation : automated labeling of neuroanatomical structures in the human brain*. Neuron (33), 2002, pp. 341–355.

[18] K. M. Pohl, J Fisher, W. E. L. Grimson, R. Kikinis, W. M. Wells. *A Bayesian model for joint segmentation and registration*. NeuroImage (31), 2006, pp. 228–239.

[19] D. B. Mumford, J. Shah. *Optimal approximations by piecewise smooth functions and associated variational problems*. Communications on pure and applied mathematics, 1989.

[20] T. F. Chan, L. A. Vese. *Active contours without edges*. IEEE Transactions on image processing (10), 2001, pp. 266–277.

[21] C. Li, R. Huang, Z. Ding, J. C. Gatenby, D. N. Metaxas, J. C. Gore. *A level set method for image segmentation in the presence of intensity inhomogeneities with application to MRI*. IEEE Transactions on image processing (20), 2011, pp. 2007–2016.

[22] L. Henschel, S. Conjeti, S. Estrada, K. Diers, B. Fischl, M. Reuter. *Fastsurfer-a fast and accurate deep learning based neuroimaging pipeline*. NeuroImage (219), 2020.

[23] S. M. Smith. *Fast robust automated brain extraction*. Human brain mapping (17), 2002, pp. 143–155.

[24] D. Maret, N. Telmon, O. A. Peters, B. Lepage, J. Trail, J. M. Inglèse, M. Sixou. *Effect of voxel size on the accuracy of 3D reconstructions with cone beam CT*. Dentomaxillofacial Radiology (41), 2012, pp. 649–655.

[25] D. Terzopoulos, K. Fleischer. *Deformable models*. The visual computer (4), 1988, pp. 306–331.

[26] M. Kass, A. Witkin, D. Terzopoulos. *Snakes : Active contour models*. International journal of computer vision (1), 1998, pp. 321–331.

[27] C. Xu, D. L. Pham, J. L. Prince. *Image segmentation using deformable models*. Handbook of medical imaging (2), 2000.

[28] I. Cohen, L. D. Cohen, N. Ayache. *Using deformable surfaces to segment 3-D images and infer differential structures*. CVGIP : Image understanding (56), 1992, pp. 242–263.

[29] D. MacDonald, N. Kabani, D. Avis, A. C. Evans. *Automated 3-D extraction of inner and outer surfaces of cerebral cortex from MRI*. NeuroImage (12), 2000, pp. 340–356.

[30] Q. Cheng, P. Sun, C. Yang, Y. Yang, P. X. Liu. *A morphing-Based 3D point cloud reconstruction framework for medical image processing*. Computer methods and programs in biomedicine (193), 2020.

[31] A. M. Dale, B. Fischl, M. I. Sereno. *Cortical surface-based analysis : I. Segmentation and surface reconstruction*. Neuroimage (9), 1999, pp. 179–194.

[32] B. Fischl, A. Liu, A. M. Dale. *Automated manifold surgery : constructing geometrically accurate and topologically correct models of the human cerebral cortex*. IEEE transactions on medical imaging (20), 2001, pp. 70–80.

[33] F. Ségonne, J. Pacheco, B. Fischl. *Geometrically accurate topology-correction of cortical surfaces using nonseparating loops*. IEEE transactions on medical imaging (26), 2007, pp. 518–529.

[34] B. Fischl, A. M. Dale. *Measuring the thickness of the human cerebral cortex from magnetic resonance images*. Proceedings of the National Academy of Sciences (97), 2000, pp. 11050–11055.

[35] V. Casselles, F. Catte, T. Coll, F. Dibos. *A geometric model for active contours*. Numerische Mathematik (66), 1993, pp. 1–31.

[36] R. Malladi, J. A. Sethian, B. C. Vemuri. *Shape modeling with front propagation : A level set approach*. IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence (17), 1995, pp. 158–175.

[37] B. B. Kimia, A. R. Tannenbaum, S. W. Zucker. *Shapes, shocks, and deformations I : the components of two-dimensional shape and the reaction-diffusion space*. International journal of computer vision (15), 1995, pp. 189–224.

[38] I. Braude, J. Marker, K. Museth, J. Nissanov, D. Breen. *Contour-based surface reconstruction using mpu implicit models*. Graphical models (69), 2007, pp. 139–157.

[39] V. I. Kigka, G. Rigas, A. Sakellarios, A. Siogkas, I. Andrikos, P. T. Exarchos, D. I. Fotiadis. *3D reconstruction of coronary arteries and atherosclerotic plaques based on computed tomography angiography images*. Biomedical Signal Processing and Control (40), 2018, pp. 286–294.

[40] B. B. Kimia, J. A. Sethian, B. C. Vemuri. *Conservation Laws and a Theory of Shape*. Ph.D. dissertation, McGill Centre for Intelligent Machines, McGill University, 1990.

[41] M. A. Grayson. *Shortening embedded curves*. Annals of Mathematics (129), 1989, pp. 71–111.

[42] S. Lu. *A novel method for 3d reconstruction of blood vessels*. Journal of Physics : Conference Series (1732), 2021.

[43] X. Han, D. L. TosuPhamn, D. Tosun, M. E. Rettmann, C. XU, J. L. Prince. *CRUISE : cortical reconstruction using implicit surface evolution*. NeuroImage (23), 2004, pp. 997–1012.

[44] Y. Y. Lahssene, L. Meddeber, T. Zouagui, R. Jennane. *A topology constrained geometric deformable model for medical image segmentation*. Biomedical Signal Processing and Control (64), 2021.

[45] E. Ahishakiye, M. Bastiaan Van Gijzen, J. Tumwiine, R. Wario, J. Obungoloch. *A survey on deep learning in medical image reconstruction*. Intelligent Medicine (1), 2021, pp. 118–127.

[46] T. Groueix, M. Fischer, V. G. Kim, B. C. Russel, M. Aubry. *A papier-mâché approach to learning 3d surface generation*. Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition, 2018, pp. 216–224.

[47] N. Wang, Y. Zhang, Z. Li, Y. Fu, H. Yu, W. Liu, X. Xue, Y. G. Jiang. *Pixel2Mesh : 3D mesh model generation via image guided deformation*. IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence (43), 2020, pp. 3600–3613.

[48] G. Gkioxari, J. Malik, J. Johnson. *Mesh r-cnn*. Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision, 2019, pp. 9785–9795.

[49] U. Wickramasinghe, E. Remelli, G. Knott, P. Fua. *Voxel2mesh : 3d mesh model generation from volumetric data*. 23rd international conference on Medical Image Computing and Computer Assister Intervention-MICCAI, 2020, pp. 299–308.

[50] Q. Ma, E. C. Robinson, B. Kainz, D. Rueckert, A. Alansary. *PialNN : a fast deep learning framework for cortical pial surface reconstruction*. 4th int. Workshop on Machine Learning in Clinical Neuroimaging, 2021, pp. 73–81.

[51] C. R. Qi, L. Yi, H. Su, L. J. Guibas. *Pointnet++ : Deep hierarchical feature learning on point sets in a metric space*. Advances in neural information processing systems (30), 2017.

[52] S. A. Bello, S. Yu, C. Wang, J. M. Adam, J. Li. *Deep learning on 3D point clouds*. Remote Sensing (12), 2020.

[53] J. J. Park, P. Florence, J. Straub, R. Newcombe, S. Lovegrove. *Deepsdf : Learning continuous signed distance functions for shape representation*. Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition (26), 2019, pp. 165–174.

[54] R. S. Cruz, L. Lebrat, P. Bourgeat, C. Fookes, J. Fripp, O. Salvado. *Deepcsr : A 3d deep learning approach for cortical surface reconstruction*. Proceedings of the IEEE/CVF Winter Conference on Applications of Computer Vision, 2021, pp. 806–815.

[55] P. L. Bazin, D. L. Pham. *Topology correction of segmented medical images using a fast marching algorithm*. Computer methods and programs in biomedicine (80), 2007, pp. 182–190.

[56] D. L. Pham, P. L. Bazin, J. L. Prince. *Digital topology in brain imaging*. IEEE Signal Processing Magazine (27), 2010, pp. 51–59.

[57] T. Nagae, T. Agui, H. Nagahashi. *Surface construction and contour generation from volume data*. Medical Imaging 1993 : Image Processing, 1993, pp. 74–84.

[58] W. Heiden, T. Goetze, J. Brickmann. *Fast generation of molecular surfaces from 3D data fields with an enhanced marching cube algorithm*. Journal of Computational Chemistry (14), 1993, pp. 246–250.

[59] E. Chernyaev. *Marching cubes 33 : Construction of topologically correct isosurfaces*. Technical Report, 1995.

[60] B. K. Natarajan. *On generating topologically consistent isosurfaces from uniform samples*. The Visual Computer (11), 1994, pp. 52–62.

[61] G. M. Nielson, A. Huang, S. Sylvester. *Approximating normals for marching cubes applied to locally supported isosurfaces*. IEEE Visualization, 2002, pp. 459–466.

[62] G. M. Nielson. *On marching cubes*. IEEE Transactions on visualization and computer graphics (9), 2002, pp. 283–297.

[63] A. Van Gelder, J. Wilhelms. *Topological considerations in isosurface generation*. ACM Transactions on Graphics (13), 1994, pp. 337–375.

[64] M. Bartsch, T. Weiland, M. Witting. *Generation of 3D isosurfaces by means of the marching cube algorithm*. IEEE transactions on magnetics (32), 1996, pp. 1469–1472.

[65] C. Montani, R. Montani, R. Scopigno. *A modified look-up table for implicit disambiguation of marching cubes*. Visual Computer (10), 1994, pp. 353–355.

[66] C. Zhou, R. Shu, M. Kankanhalli. *Handling small features in isosurface generation using marching cubes*. Computers Graphics (18), 1994, pp. 845–848.

[67] G. M. Nielson, B. Hamann. *The asymptotic decider : resolving the ambiguity in marching cubes*. IEEE visualization (91), 1991, pp. 83–91.

[68] Z. Chen, H. Zhang. *Neural marching cubes*. ACM Transactions on Graphics (40), 2021, pp. 1–15.

[69] L. Custodio, T. Etiene, S. Pesco, C. Silva. *Practical considerations on marching cubes 33 topological correctness*. Computers & Graphics (37), 2013, pp. 840–850.

[70] R. Grosso. *Construction of topologically correct and manifold isosurfaces*. Computer Graphics Forum (35), 2016, pp. 187–196.

[71] Y. Liao, S. Donne, A. Geiger. *Deep marching cubes : Learning explicit surface representations*. Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2018, pp. 2916–2925.

[72] G. M. Nielson. *Dual marching cubes*. IEEE visualization, 2004, pp. 489–496.

[73] R. Grosso, D. Zint. *Parallel Reconstruction of Quad Only Meshes from Volume Datas*. Proceedings of the 15th International Joint Conference on Computer Vision, Imaging and Computer Graphics Theory and Applications, 2020, pp. 102–112.

[74] R. Lazar, N. Dym, Y. Kushinsky, Z. Huang, T. Ju, Y. Lipman. *Robust optimization for topological surface reconstruction*. ACM Transactions on Graphics TOG (37), 2018, pp. 1–10.

[75] M. Zou, M. Holloway, N. Carr, T. Ju. *Topology-constrained surface reconstruction from cross-sections*. ACM Transactions on Graphics TOG (34), 2015, pp. 1–10.

[76] Z. Huang, M. Zou, N. Carr, T. Ju. *Topology-controlled reconstruction of multi-labelled domains from cross-sections*. ACM Transactions on Graphics TOG (36), 2017, pp. 1–12.

[77] R. Brüel-Gabrielsson, V. Ganapathi-Subramanian, P. Skraba, L. J. Guibas. *Topology-Aware Surface Reconstruction for Point Clouds*. Computer Graphics Forum (39), 2020, pp. 197–207.

[78] B. Delaunay. *Sur la sphere vide*. Izv. Akad. Nauk SSSR, Otdelenie Matematicheskii i Estestvennyka Nauk (7), 1934, pp. 1–2.

[79] J. D. Boissonnat, S. Oudot. *Provably good sampling and meshing of surfaces*. Graphical Models (67), 2005, pp. 405–451.

[80] J. P. Pons, J. D. Boissonnat. *Delaunay deformable models : Topology-adaptive meshes based on the restricted delaunay triangulation*. IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2007, pp. 1–8.

[81] K. A. Smith, F. J. Solis, D. Chopp. *A projection method for motion of triple junctions by level sets*. Interfaces and free boundaries (4), 2002, pp. 263–276.

[82] P. Alliez, J. Clément, L. Rineau, S. Tayeb, J. Tournois, M. Yvinec. *3D mesh generation*. CGAL user and reference manual (5.5.2), 2023.

[83] L. P. Chew. *Guaranteed-quality mesh generation for curved surfaces*. Proceedings of the 9th annual symposium on computational geometry, 1993, pp. 274–280.

[84] J. Ruppert. *A Delaunay refinement algorithm for quality 2-dimensional mesh generation*. Journal of algorithms (18), 1995, pp. 548–585.

[85] J. R. Shewchuk. *Tetrahedral mesh generation by Delaunay refinement*. Proceedings of the fourteenth annual symposium on Computational geometry, 1998, pp. 86–95.

[86] H. Khotanlou, O. Colliot, J. Atif, I. Bloch. *3D brain tumor segmentation in MRI using fuzzy classification*. Fuzzy sets and systems (160), 2009, pp. 1457–1473.

[87] X. Han, C. Xu, J. L. Prince. *A topology preserving level set method for geometric deformable models*. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence (25), 2003, pp. 755–768.

[88] A. M. Dale, B. Fischl, M. I. Sereno. *Cortical surface-based analysis. I. Segmentation and surface reconstruction*. Neuroimage (9), 1999, pp. 179–194.

[89] J. G. Lee, S. Jun, Y. W. Cho, H. Lee, G. B. Kim, J. B. Seo, N. Kim. *Deep learning in medical imaging : general overview*. Korean journal of radiology (18), 2017, pp. 570–584.

[90] X. Liang, D. Nguyen, S. B. Jiang. *Generalizability issues with deep learning models in medicine and their potential solutions : illustrated with Cone-Beam Computed Tomography (CBCT) to Computed Tomography (CT) image conversion*. Machine Learning : Science and Technology (2), 2020.

[91] J. C. Mazziotta, A. W. Toga, A. Evans, P. Fox, J. Lancaster. *A probabilistic atlas of the human brain : theory and rationale for its development*. Neuroimage (2), 1995, pp. 89–101.

[92] F. Bongratz, A. M. Rickmann, S. Pölsterl, C. Wachinger. *Vox2cortex : fast explicit reconstruction of cortical surfaces from 3D MRI scans with geometric deep neural networks*.

Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2022, pp. 20773-20783.

[93] R. S. Cruz, L. Lebrat, D. Fu, P. Bourgeat, J. Fripp, C. Fookes, O. Salvado. *CorticalFlow $^{++}$: Boosting Cortical Surface Reconstruction Accuracy, Regularity, and Interoperability*. arXiv preprint arXiv :2206.06598, 2022.

[94] L. Lechelek, S. Gerbaud, R. Zrour, M. Naudin, C. Guillevin, S. Horna. *Comparative Study of 3D Reconstruction Methods for Medical Imaging*. Computer-Aided Design and Applications (19), 2021, pp. 1000–1014.

[95] C. Pinter, A. Lasso, A. Wang, D. Jaffray, G. Fichtinger. *SlicerRT : radiation therapy research toolkit for 3D Slicer*. Medical physics (39), 2012, pp. 6332–6338.

[96] K. Sunderland, B. Woo, C. Pinter, G. Fichtinger. *Reconstruction of surfaces from planar contours through contour interpolation*. International Society for Optics and Photonics (9415), 2015, pp. 435–442.

[97] I. Braude, J. Marker, K. Museth, J. Nissanov, D. Breen. *Contour-based surface reconstruction using mpu implicit models*. Graphical models (69), 2007, pp. 139–157.

[98] R. Grosso. *An asymptotic decider for robust and topologically correct triangulation of isosurfaces*. Proceedings of the Computer Graphics International Conference, 2017, pp. 39(1–5).

[99] W. J. Schroeder, B. Lorensen, K. Martin. *The visualization toolkit : an object-oriented approach to 3D graphics*. Kitware, 2004.

[100] G. Taubin, T. Zhang, G. Golub. *Optimal surface smoothing as filter design*. Proceedings in Computer Vision—ECCV'96 (4), 1996, pp. 283–292.

[101] T. Y. Kong, A. Rosenfeld. *Digital topology : Introduction and survey*. Computer Vision, Graphics, and Image Processing (48), 1989, pp. 357–393.

[102] Y. Bertrand, J. F. Dufourd. *Algebraic specification of a 3D-modeler based on hypermaps*. CVGIP : Graphical Models and Image Processing (56), 1994, pp. 29–60.

[103] B. G. Baumgart. *Winged edge polyhedron representation*. Technical report, Stanford University, Dept. of Computer Science, 1972.

[104] J. R. Edmonds Jr. *A combinatorial representation for oriented polyhedral surfaces*. Ph.D. dissertation, Master of Architecture, University of Maryland, 1960.

[105] P. Lienhardt. *Subdivisions of n-dimensional spaces and n-dimensional generalized maps*. Proceedings of the fifth annual symposium on Computational geometry, 1989, pp. 228–236.

[106] P. Lienhardt. *Topological models for boundary representation : a comparison with n-dimensional generalized maps*. Computer-aided design (23), 1991, pp. 59–82.

[107] A. Vince. *Combinatorial maps*. Journal of Combinatorial Theory (34), 1983, pp. 1–21.

[108] K. Weiler. *Edge-based data structures for solid modeling in curved-surface environments*. IEEE Computer graphics and applications (5), 1985, pp. 21–40.

[109] P. Lienhardt. *Topological models for boundary representation : a comparison with n-dimensional generalized maps*. Computer-aided design (23), 1991, pp. 59–82.

[110] S. Brandel, S. Schneider, M. Perrin, N. Guiard, J. F. Rainaud, P. Lienhardt, Y. Bertrand. *Automatic building of structured geological models*. Journal of Computing and Information Science in Engeneering (5), 2005, pp. 187–198.

[111] S. Horna, G. Damiand, D. Menevaux, Y. Bertrand. *Building 3D indoor scenes topology from 2D architectural plans*. GRAPP, 2007, pp. 37–44.

[112] V. Gauthier, A. Arnould, H. Belhaouari, S. Horna, M. Perrin, M. Poudret, J. F. Rainaud. *A topological approach for automated unstructured meshing of complex reservoir*. 15th European Conference on the Mathematics of Oil Recovery, 2016, pp. 494.

[113] M. Mäntylä. *An introduction to solid modeling*. Computer Science Press, 1987.

[114] P. Lienhardt. *N-dimensional generalized combinatorial maps and cellular quasi-manifolds*. Journal of Computational Geometry & Applications, 1994, pp. 275–324.

[115] K. Weiler. *Boundary graph operators for non-manifold geometric modeling representations*. Geometric Modeling for CAD Applications, 1988, pp. 37–66.

[116] S. Horna, D. Menevaux, G. Damiand, Y. Bertrand. *Consistency constraints and 3D building reconstruction*. Computer-Aided Design, 2009 (41), pp. 13–27.

[117] M. Maria, S. Horna, L. Aveneau. *Constrained convex space partition for ray tracing in architectural environment*. Computer Graphics Forum (36), 2017, pp. 288–300.

[118] H. Belhaouari, S. Horna. *Reconstruction of volumes from soup of faces with a formal topological approach*. Computer-Aided Design and Applications (16), 2019, pp. 6.

[119] S. Hang. *TetGen, a Delaunay-based quality tetrahedral mesh generator*. ACM Transactions on Mathematical Software (42), 2015, pp. 11.

[120] G. Damiand, P. Lienhardt. *Removal and contraction for n-dimensional generalized maps*. Discrete Geometry for Computer Imagery-DGCI, 2003, pp. 408–419.

[121] G. Damiand, P. Lienhardt. *Combinatorial maps : efficient data structures for computer graphics and image processing*. Crc Press, 2014.

[122] M. Jenkinson, S. Smith. *A global optimisation method for robust affine registration of brain images*. Medical image analysis (5), 2001, pp. 143–156.

[123] M. Jenkinson, P. R. Bannister, J. M. Brady, S. Smith. *Improved optimisation for the robust and accurate linear registration and motion correction of brain images*. NeuroImage (17), 2002, pp. 825–841.

[124] U. Baid, S. Ghodasara, S. Mohan, M. Bilello, ... & S. Bakas. *The rsna-asnr-miccai brats 2021 benchmark on brain tumor segmentation and radiogenomic classification*. arXiv preprint, 2021.

[125] N. Heller, N. Sathianathen, A. Kalapara, E. Walczak, K. Moore, H. Kaluzniak, J. Rosenberg, P. Blake, Z. Rengel, M. Oestreich. *The kits19 challenge data : 300 kidney tumor cases with clinical context, ct semantic segmentations, and surgical outcomes*. arXiv preprint, 2019.

[126] N. Heller, F. Isensee, K. H. Maier-Hein, X. Hou, C. Xie, F. Li, Y. Nan, G. Mu, Z. Lin, M. Han. *The state of the art in kidney and kidney tumor segmentation in contrast-enhanced CT imaging : Results of the KiTS19 Challenge*. Medical Image Analysis, 2020, pp. 101821.

[127] E. C. Grossner, R. A. Bernier, E. K. Brenner, K. S. Chiou, F. G. Hillary. *Prefrontal gray matter volume predicts metacognitive accuracy following traumatic brain injury*. Neuropsychology (32), 2018, pp. 484.

[128] E. C. Grossner, E. K. Brenner, R. A. Bernier, A. Rabinowitz, F. G. Hillary. *Metacognition in Individuals Aging with Traumatic Brain Injury*. Preprint, 2021.

[129] B. Fischl, A. Van Der Kouwe, C. Destrieux, E. Halgren, F. Ségonne, D. H. Salat, A. M. Dale. *Automatically parcellating the human cerebral cortex*. Cerebral cortex (14), 2004, pp. 11–22.

[130] P. Jissendi Tchofo, D. Baleriaux. *Brain 1H-MR spectroscopy in clinical neuroimaging at 3T*. Journal of Neuroradiology (36), 2009, pp. 24–40.

[131] D. S. Kim, M. Garwood. *High-field magnetic resonance techniques for brain research*. Current opinion in neurobiology (13), 2003, pp. 612–619.

[132] S. W. Provencher. *Estimation of metabolite concentrations from localized in vivo NMR spectra*. Journal of Magnetic Resonance Imaging (30), 1993, pp. 685–695.

[133] S. Quadrelli, C. Mountford, S. Ramadan. *Hitchhiker's guide to voxel segmentation for partial volume correction of in vivo magnetic resonance spectroscopy*. Magnetic resonance insights (9), 2016.

[134] I. I. Kirov, A. Tal, J. S. Baab. *Serial proton MR spectroscopy of gray and white matter in relapsing-remitting MS*. Neurology (80), 2013, pp. 39–46.

[135] O. Al-Iedani, K. Ribbons, N. Gholizadeh. *Spiral MRSI and tissue segmentation of normal-appearing white matter and white matter lesions in relapsing remitting multiple sclerosis patients (⋆)*. Journal of Magnetic Resonance Imaging (74), 2020, pp. 21–30.

[136] M. S. Davitz, O. Gonen, A. Tal, J. S. Baab, Y. W. Lui, I. I. Kirov. *Quantitative multi-voxel proton MR spectroscopy for the identification of white matter abnormalities in mild traumatic brain injury : Comparison between regional and global analysis*. Journal of Magnetic Resonance Imaging (50), 2019, pp. 1424–1432.

[137] E. Plitman, E. Guma, M. Lepage, J. Near, M. M. Chakravarty. *Using proton magnetic resonance spectroscopic imaging to study glutamatergic alterations in patients with schizophrenia : A systematic review*. Schizophrenia research (210), 2019, pp. 13–20.

[138] H. Abd Alaziz Obeid, R. Zrour, B. Mercier, S. Horna, C. Guillevin, M. Kahlil. *3D Modeling for Multimodal Visualization of Medical Data*. Proceedings of CAD'23, 2023, pp. 195-199.

[139] S. Loriot, M. Rouxel-Labbé, J. Tournois, I. OẎaz. *Polygon mesh processing*. CGAL User and Reference Manual (5.5.2), 2023.

[140] M. Botsch, L. Kobbelt, M. Pauly, P. Alliez, B. Lévy. *Polygon mesh processing*. CRC press, 2010.

[141] Y. Hu, Q. Zhou, X. Gao, A. Jacobson, D. Zorin, D. Panozzo. *GMP - The GNU Multiple Precision Arithmetic Library*. GMP, 2021.

[142] Q. Zhou, E. Grinspun, D. Zorin, A. Jacobson. *Mesh arrangements for solid geometry*. ACM Transactions on Graphics (35), 2016.1–15

[143] M. Tao, C. Batty, E. Fiume, D. I. Levin. *Mandoline : robust cut-cell generation for arbitrary triangle meshes*. ACM Transactions on Graphics (38), 2019.1–17

[144] X. Fang, M. Desbrun, H. Bao, J . Huang. *TopoCut : fast and robust planar cutting of arbitrary domains*. ACM Transactions on Graphics (41), 2022, pp. 1–15.

[145] N. E. Guiard. *Construction de modèles géologiques 3D par co-raffinement de surfaces*. Ph.D. dissertation, ENMP, Paris, 2006.

[146] J. F. Hughes, A. van Dam, M. McGuire, D. F. Sklar, J. D. Foley, S. K. Feiner, K. Akeley. *Computer graphics : principles and practice (3rd ed.)*. Addison-Wesley Professional, 2013, pp. 1264.

[147] A. Horská, P. B. Barker. *Imaging of brain tumors : MR spectroscopy and metabolic imaging*. Neuroimaging Clin N Am., 2010, pp. 293-310.

[148] H. Abd Alaziz Obeid, R. Zrour, B. Mercier, S. Horna, C. Guillevin, M. Kahlil. *3D Modeling for Multimodal Visualization of Medical Data*. Computer-Aided Design and Applications (To appear), 2023.

[149] O. Dietrich, M. F. Reiser, S. O. Schoenberg. *Artifacts in 3-T MRI : physical background and reduction strategies*. European journal of radiology (65), 2008, pp. 29–35.

[150] Y. Zhang, J. Zhou, P. A. Bottomley. *Minimizing lipid signal bleed in brain 1H chemical shift imaging by post-acquisition grid shifting*. Magnetic resonance in medicine (74), 2008, pp. 320–329.

[151] Z. Karatza, E. Andò, S. A. Papanicolopulos, G. Viggiani, J. Y. Ooi. *Evolution of particle breakage studied using x-ray tomography and the discrete element method*. EPJ Web of Conferences (140), 2017, pp. 7013.

Reconstructions 3D tissulaires basées sur le métabolisme sous-jacent exploré en spectroscopie par résonance magnétique multi-noyaux

Résumé : Dans le domaine médical, une représentation 3D du cortex cérébral est utilisée pour évaluer des volumes tumoraux et détecter des maladies neurodégénératives comme Alzheimer ou la sclérose en plaques. Le besoin de la 3D vise à créer des modèles précis et complexes pour une meilleure visualisation anatomique et pour de la simulation. Les modèles 3D sont généralement basés sur des grilles de voxels en fonction des données provenant de diverses techniques d'imagerie. Cependant, cette représentation présente des limitations pour les calculs géométriques, en raison de la taille des voxels, et ne reflète pas fidèlement l'anatomie réelle du cerveau. Pour obtenir une représentation plus détaillée, des approches de modélisation 3D continue ont été proposées. Les méthodes standards dans ce domaine sont limitées. Elles ne peuvent pas représenter les lésions ni les relations entre les tissus cérébraux. Ces relations sont essentielles pour garantir et valider la cohérence des structures tissulaires dans le modèle 3D.

Nous proposons un modèle 3D continu dédié à l'étude du cerveau , qui centralise les données anatomiques et toutes les informations issues du contexte d'application. Nous décrivons une nouvelle méthode de reconstruction pour modéliser les tissus cérébraux, enrichi par des informations de sémantique et topologiques. Ces dernières sont décrites dans notre modèle par les cartes généralisées. Notre méthode utilise un ensemble de contraintes de cohérence définies en 3D, et exploite les connaissances et informations médicales pour guider la reconstruction. Ensuite, nous utilisons notre modèle pour une application de visualisation et de représentation de données acquises par spectroscopie par résonance magnétique. Cela permet notamment d'étudier, au plus proche des données réelles, l'impact des différents tissus reconstruits sur le métabolisme. Enfin, nous expliquons comment ce modèle peut être utilisé pour des applications basées sur des données acquises par tomographie.

3D tissue reconstructions based on underlying metabolism explored by multi-nucleus magnetic resonance spectroscopy

Abstract : In the medical field, a 3D representation of the cerebral cortex is used to assess tumour volumes and detect neurodegenerative diseases such as Alzheimer's or multiple sclerosis. The need for 3D is to create precise and complex models for a better anatomical visualisation and simulation. 3D models are generally based on grids of voxels based on data from various imaging techniques. However, this representation has limitations for geometric calculations, due to the size of the voxels, and does not faithfully reflect the real anatomy of the brain. To obtain a more detailed representation, continuous 3D modelling approaches have been proposed. The standard methods in this field are limited. They cannot represent lesions or the relationships between brain tissues. These relationships are essential for guaranteeing and validating the coherence of the tissue structures in the 3D model.

We propose a continuous 3D model dedicated to the study of the brain, which centralises anatomical data and all information from the application context. We describe a new reconstruction method for modelling brain tissue, enriched by semantic and topological information. The latter are described in our model by generalized maps. Our method uses a set of coherence constraints defined in 3D, and exploits medical knowledge and information to guide the reconstruction. Next, we use our model for an application involving the visualisation and representation of data acquired by magnetic resonance spectroscopy. In particular, this enables us to study the impact of the various reconstructed tissues on metabolism, as closely as possible to real data. We explain finally how this model can be used for applications based on data acquired by tomography.

Mots-clés : reconstruction volumique, imagerie médicale, modèle topologique

Keywords : volumetric reconstruction, medical imaging, topological model

---

Sylvain Gerbaud - Institut XLim - Équipe d'Informatique Graphique - Axe ASALI.
Bât Sp2mi - Téléport 2, Bd Pierre et Marie Curie - BP 30179 - 86962 Futuroscope Cedex.