

# Rapport de Stage

Master 2 STIC pour la santé option BCD  
Université de Montpellier

**Tuteur :**

Mme Corinne Lautier

**Encadrants :**

M. Christian Herlin, M. Gérard Subsol,  
M. Guillaume Captier et M. Benjamin Gilles

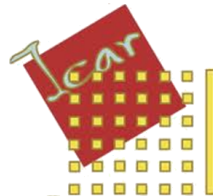
**Responsable Master:**

M. Alban Mancheron

## Étude de l'architecture du tissu adipeux en micro-imagerie. Application en modélisation tridimensionnelle

---

Antoine Rebelo



24 août 2015

## Remerciement

Je tiens tout d'abord à remercier chacun de mes encadrants pour leur aide, leur disponibilité tout au long de ce stage.

Je remercie également l'équipe BioNanoNMRI qui s'est occupée des acquisitions en  $\mu$ IRM, du Dr Renaud Lebrun (ISEM, Montpellier) qui s'est chargé de l'acquisition en  $\mu$ CT et l'équipe du laboratoire d'anatomie de la faculté de médecine de Montpellier qui a effectué les prélèvements de tissu adipeux.

# Sommaire

<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>6</b>
<b>2</b>	<b>Anatomie du CPTSC</b>	<b>7</b>
2.1	Le Complexe Peau/Tissu Sous Cutané	7
2.1.1	La peau	7
2.1.2	Le tissu adipeux sous-cutané	8
2.2	Variabilité de la structure du CPTSC	9
2.3	Vers un modèle géométrique 3D	10
2.4	Objectifs du stage	10
<b>3</b>	<b>Acquisitions par micro-imagerie 3D du CPTSC</b>	<b>11</b>
3.1	Techniques d'acquisitions utilisées	11
3.1.1	La $\mu$ IRM	11
3.1.2	La $\mu$ CT	11
3.2	État de l'art sur les procédures d'acquisition	12
3.2.1	L'IRM/ $\mu$ IRM	12
3.2.2	Le Scanner/ $\mu$ CT	13
3.3	Description des acquisitions effectuées	14
3.3.1	Image 1 : $\mu$ IRM de l'échantillon 1	14
3.3.2	Image 2 : $\mu$ IRM de l'échantillon 2	16
3.3.3	Image 3 : $\mu$ CT de l'échantillon 2	18
<b>4</b>	<b>Gestion des grandes images</b>	<b>20</b>
4.1	Présentation du problème	20
4.2	Proposition d'une méthode via un plugin ImageJ	20
4.3	Application à l'échantillon 3	21
4.4	Application à un micro-CT de fœtus	22
4.4.1	Présentation de l'image	22
4.4.2	Application à la segmentation	22
4.4.3	Résultats et Discussion	23
<b>5</b>	<b>Étude de filtres de pré-traitement</b>	<b>24</b>
5.1	Présentation des filtres	24
5.1.1	Filtres faisant du lissage	24
5.1.2	Filtres ressortant les contours	25
5.2	Comparaison des résultats	25
<b>6</b>	<b>Méthodes de segmentation du CPTSC</b>	<b>28</b>
6.1	Segmentation manuelle	28
6.1.1	Image 1 : $\mu$ IRM de l'échantillon 1	28
6.1.2	Image 2 : $\mu$ IRM de l'échantillon 2	29
6.2	Segmentation (semi-)automatique	31
6.2.1	Généralités sur les méthodes de segmentation	31
6.2.2	Méthodes automatiques testées pour la segmentation de lobules	31
6.2.2.a	Levelset	31
6.2.2.b	Enveloppe convexe	33
6.2.2.c	Croissance de régions	34
6.3	Comparaison des méthodes	36
<b>7</b>	<b>Proposition d'une modélisation de l'architecture du CPTSC</b>	<b>37</b>
7.1	Algorithme de modélisation du CPTSC	37
7.2	Résultats/Discussion	38

<b>8 Conclusion et perspectives</b>	<b>40</b>
<b>9 Bibliographie</b>	<b>41</b>
<b>10 Annexes</b>	<b>44</b>
10.1 Annexe 1 . . . . .	44
10.2 Annexe 2 . . . . .	45
10.3 Annexe 3 . . . . .	46
10.4 Annexe 4 . . . . .	47
10.5 Annexe 5 . . . . .	48

## Liste des figures

1	Représentation simplifiée de la peau . . . . .	7
2	Structure de l'épiderme . . . . .	8
3	Représentation de l'hypoderme . . . . .	8
4	Représentation du tissu adipeux sous-cutané . . . . .	9
5	Représentation du modèle géométrique du complexe Peau/Tissu Adipeux sous-cutané	10
6	$\mu$ CT localisée à l'ISEM, Faculté des Sciences de l'université de Montpellier . . . . .	11
7	Schéma du principe de fonctionnement du Scanner . . . . .	12
8	Tableau récapitulatif des paramètres d'acquisition IRM . . . . .	13
9	Localisation du premier échantillon prélevé . . . . .	14
10	Mise en place de l'échantillon 1 dans la $\mu$ IRM . . . . .	15
11	Visualisation en mode MPR de l'image 1 sur Fiji/ImageJ . . . . .	15
12	Visualisation volumique de l'image 1 sur Fiji/ImageJ . . . . .	16
13	Visualisation des problèmes liés à l'image $\mu$ IRM de l'échantillon 1 . . . . .	16
14	Visualisation en mode MPR de l'image 2 sur Fiji/ImageJ . . . . .	17
15	Visualisation volumique de l'image 2 sur Fiji/ImageJ . . . . .	17
16	Visualisation du problème d'inhomogénéité l'image 2 . . . . .	18
17	Visualisation en mode MPR de l'image 3 sur Fiji/ImageJ . . . . .	18
18	Visualisation volumique de l'image 3 sur Fiji/ImageJ . . . . .	19
19	Visualisation d'artefacts de scanner X . . . . .	19
20	Schéma du déroulement du Plugin ImageJ . . . . .	21
21	Visualisation en mode MPR de la sous-image obtenue . . . . .	21
22	Résultat sur ImageJ de la segmentation obtenue sur un morceau de la colonne vertébrale du fœtus . . . . .	23
23	Résultat sur ImageJ de la segmentation obtenue sur une main du fœtus . . . . .	23
24	Exemple d'application d'une matrice de convolution sur un pixel d'une image . . . . .	24
25	Exemple de la fonction Min sur ImageJ sur l'image 1 . . . . .	25
26	Exemple d'application de filtres sur une partie de l'image 1 . . . . .	26
27	Exemple d'application d'une matrice de convolution sur ImageJ sur l'image 2 . . . . .	26
28	Visualisation volumique de la segmentation manuelle des septa de l'image 1 sur Myrian	28
29	Visualisation volumique de la segmentation manuelle de quelques lobules de l'image 1 sur Myrian . . . . .	28
30	Visualisation volumique de la segmentation manuelle d'un lobule de l'image 1 sur ImageJ	29
31	Visualisation volumique de la segmentation manuelle de quelques lobules de l'image 2 sur Myrian . . . . .	29
32	Segmentation manuelle d'un lobule de l'image 2 sur Myrian . . . . .	30
33	Paramètres recueillis à partir des lobules segmentés . . . . .	30
34	Visualisation volumique d'un ensemble de lobules contigus sur Myrian . . . . .	31
35	Levelset de ItkSnap effectué sur un lobule de l'acquisition de l'échantillon 1 . . . . .	32
36	Levelset de ImageJ effectué sur un lobule de l'acquisition de l'échantillon 1 . . . . .	32
37	Levelset de ItkSnap effectué sur un lobule de l'acquisition $\mu$ IRM de l'échantillon 2 . . . . .	33
38	Principe de la méthode semi-automatique employant des enveloppes convexes . . . . .	34
39	Segmentation de lobules à partir des images 3D étudiées . . . . .	34
40	Principe d'une croissance de régions . . . . .	35
41	Résultats d'une croissance de régions multi-région sur l'image 2 . . . . .	35
42	Comparaison des méthodes (semi-)automatiques avec méthodes manuelles . . . . .	36
43	Schéma montrant le déroulement de l'addon Blender créé (vision 2D) . . . . .	37
44	Résultat final de l'addon Blender . . . . .	37
45	Visualisation sur Blender de la modélisation en voronoï sans les lobules gras seux . . . . .	38
46	Visualisation sur Blender de la modélisation en voronoï avec les lobules gras seux . . . . .	38

# 1 Introduction

J'ai effectué mon stage de fin d'étude dans le cadre du *Master STIC pour la santé option Bio-informatique, Connaissances et Données* au sein du LIRMM et du CHU Lapeyronie de Montpellier. Mon stage a été encadré par quatre intervenants qui sont le Dr Christian Herlin (Praticien Hospitalo-Universitaire/Chirurgien plasticien, CHU Lapeyronie), le Pr Guillaume Captier (Professeur d'Anatomie/Chirurgien plasticien pédiatrique, CHU Lapeyronie), le Dr Gérard Subsol (Chargé de recherche CNRS dans l'équipe ICAR, LIRMM) et le Dr Benjamin Gilles (Chargé de recherche CNRS dans l'équipe ICAR, LIRMM).

J'ai eu des contacts avec d'autres équipes qui se sont chargées des prélèvements des échantillons (Laboratoire d'Anatomie, Faculté de Médecine de Montpellier) et de leur acquisition (Laboratoire BioNanoMRI et ISEM, Faculté des Sciences, Montpellier).

Le sujet d'étude est centré sur l'architecture 3D du tissu adipeux humain ou CPTSC<sup>1</sup>. Actuellement, cette structure est mal appréhendée et de nombreuses interrogations anatomiques persistent. Son comportement mécanique est également mal connu alors qu'il y a des répercussions importantes en pratique clinique.

Par exemple, en chirurgie plastique, une des méthodes qui est en plein essor est l'injection de tissu adipeux. A l'heure actuelle, il n'existe aucune méthode validée de prédiction du comportement du tissu adipeux sous-cutané lors de l'injection.

Lors de ce stage, le CPTSC a d'abord été étudié par de la  $\mu$ IRM car cette modalité permet d'obtenir la meilleure résolution en contraste sur le tégument. nous avons également tester le  $\mu$ CT (appelé aussi  $\mu$ Scanner X) pour voir si on distinguait aussi l'architecture du tissu adipeux sous-cutané.

Un des objectifs de ce stage est de décomposer le tissu adipeux en sous-structures et d'étudier les lobules graisseux et les septa pour pouvoir les visualiser, les analyser et les mesurer. Pour étudier cette structure le plus précisément possible, il y a nécessité de déterminer un protocole d'acquisition adéquat pour le traitement d'image.

Nous présenterons d'abord quelques détails anatomiques du CPTSC puis nous présenterons les acquisitions. Nous détaillerons ensuite le problème de gestion de grandes images. La partie suivante se focalisera sur les filtres de traitements qui ont été testés sur les images puis sera suivi d'une partie sur les segmentations d'images qui ont été réalisées. Pour finir, nous présenterons une application à la modélisation 3D du CPTSC.

---

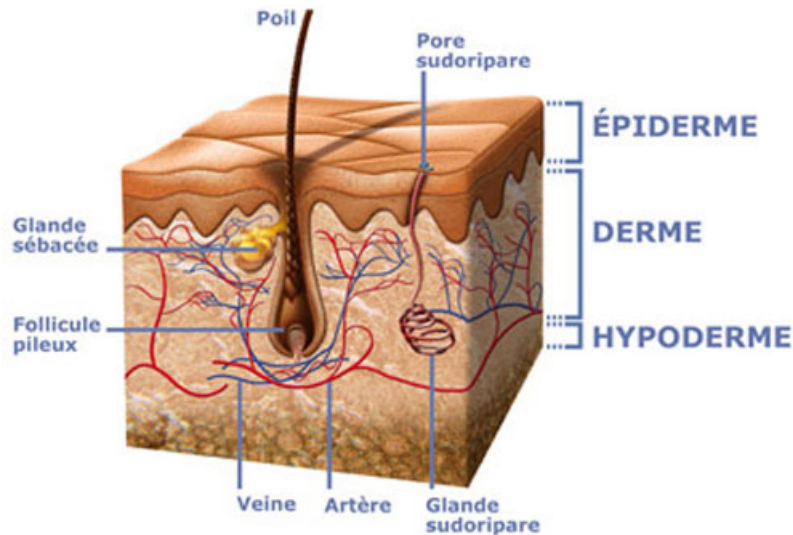
1. Complexe **P**eau/**T**issu **S**ous-**C**utané.

## 2 Anatomie du CPTSC

### 2.1 Le Complexe Peau/Tissu Sous Cutané

#### 2.1.1 La peau

Dans la définition la plus classique, la peau est composée de trois grandes couches qui sont l'épiderme, le derme et l'hypoderme [Denis et al., 2008].



**Figure 1** – Représentation simplifiée de la peau [1]

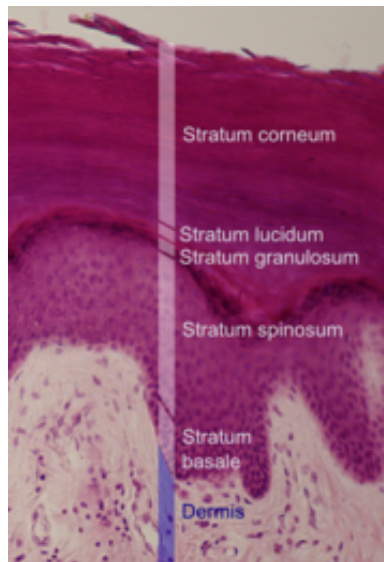
L'épiderme correspond à la couche la plus superficielle de la peau. Elle mesure entre 0,05 mm et 1 mm. C'est un épithélium pavimenteux stratifié kératinisé qui est composé de plusieurs types de cellules (kératinocytes, les mélanocytes, les cellules de Langerhans et les cellules de Merkel). On y retrouve également un grand nombre de terminaisons nerveuses mais est dépourvu de vaisseaux sanguins et de réseaux lymphatiques. Celui-ci peut être décomposé en plusieurs couches qui sont le stratum corneum, le stratum lucidum, le stratum granulosum (appelé couche granuleuse), le stratum spinosum et le stratum germinativum (appelé aussi couche basale). [Denis et al., 2008, Herlin, 2014, 2]

Le derme, quant à lui, est un tissu conjonctif qui joue un rôle de soutien (donne propriétés élastiques à la peau). Son épaisseur varie de 0,5 mm à plus de 3 mm. Le derme est décomposé en deux zones qui sont le derme papillaire (zone superficielle) et le derme réticulaire (zone profonde). [Denis et al., 2008, Herlin, 2014, 2]

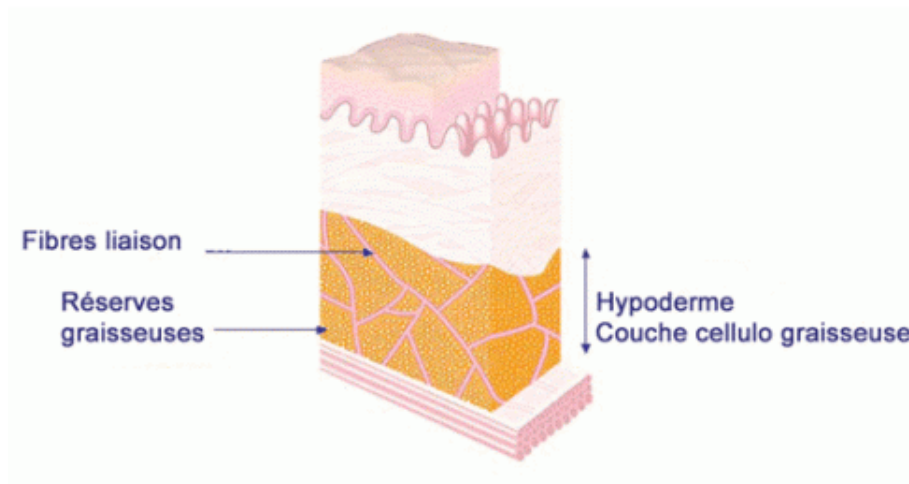
L'hypoderme est la couche la plus profonde de la peau essentiellement composée de graisse. Cette couche sert d'interface entre le derme et les structures internes du corps comme les muscles, os... Cette couche a plusieurs fonctions qui sont les suivantes :

- protection contre les chocs physiques, variations de température.
- lien entre la peau et les structures voisines permettant le passage des vaisseaux sanguins et nerf.
- réserve énergétique.

[2, 4]



**Figure 2** – Structure de l'épiderme [2]



**Figure 3** – Représentation de l'hypoderme [3]

Dans le cadre de ce stage, nous nous focaliserons sur la définition proposée par les articles de [Herlin et al., 2015, Herlin et al., 2014] qui propose de séparer la peau en deux entités différentes qui sont la peau (épiderme + derme) et le tissu adipeux sous-cutané.

### 2.1.2 Le tissu adipeux sous-cutané

Le tissu adipeux sous-cutané selon [Herlin et al., 2014, Herlin et al., 2015] est une structure séparée en deux couches qui sont le tissu adipeux superficiel (= SAT : **S**uperficial **A**dipose **T**issue) et le tissu adipeux profond (= DAT : **D**eep **A**dipose **T**issue). Cette division est faite par le Stratum membranoseum (= SM). Ces deux couches peuvent varier selon le sexe, la corpulence, l'âge et la zone du corps. Chez l'homme, la couche adipeuse profonde est plus volumineuse (66 % du volume totale) que la couche adipeuse superficielle. [Herlin et al., 2015, Herlin et al., 2014, 4]

Dans chacune de ces couches (SAT et DAT), on retrouve une structuration en plusieurs lobules contenant une multitude d'adipocytes<sup>2</sup>.

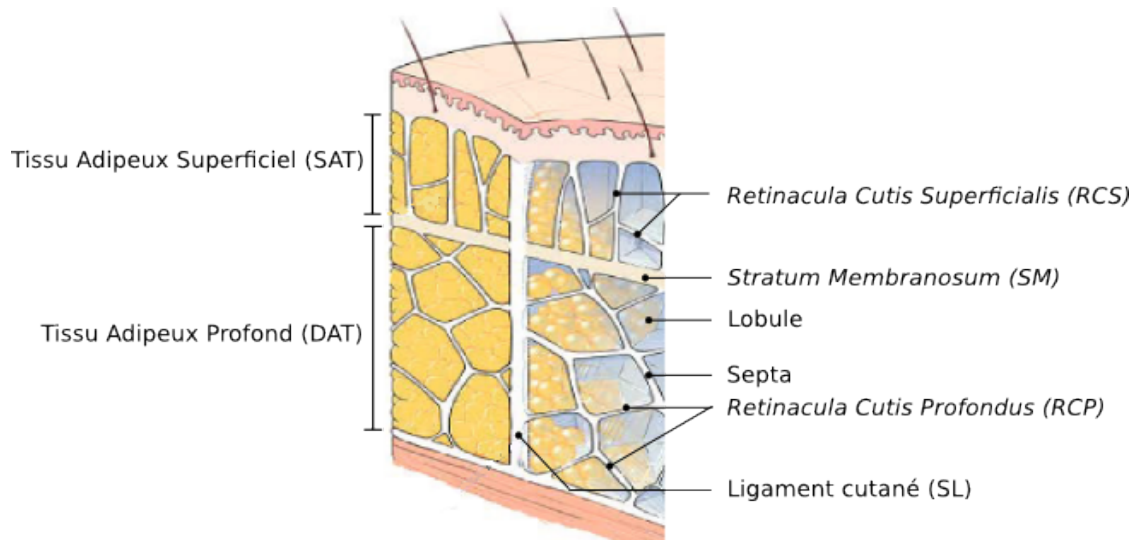
2. Cellule volumineuse atteignant un diamètre entre 50 et 150 micromètres. Elle est de forme arrondie mais lorsque celle-ci est plaquée contre d'autres cellules dans un tissu, elle prend une forme polyédrique.



Il existe aujourd'hui très peu de données sur les lobules. Ces lobules sont délimités par des cloisons conjonctives (= les septums interlobulaires). Ces cloisons ou "*septa*" permettent le passage des vaisseaux sanguins venant de la profondeur. [Herlin et al., 2014, 4,5]

On peut retrouver également des ligaments cutanés (=SL) qui sont perpendiculaires au CPTSC. Ces ligaments cutanés auraient un rôle mécanique de soutien de la peau aux structures profondes par condensation de l'entrecroisement des septa interlobulaires. Au niveau de ces ligaments, il y a des vaisseaux sanguins qui transitent dont certains sont destinés au derme. Le réseau de septa et de ligaments cutanés sont appelés RCP (pour la couche DAT) et RCS (pour la couche SAT). [Herlin et al., 2014]

Le tissu adipeux sous-cutané a deux rôles qui sont le maintien de l'homéostasie énergétique (stockage de lipides sous forme de triglycéride, processus de lipogenèse) et qu'il est un organe endocrinien.



**Figure 4** – Représentation du tissu adipeux sous-cutané [Herlin et al., 2014]

## 2.2 Variabilité de la structure du CPTSC

Un des premiers facteurs qui peut influencer la structure du CPTSC est lié à sa localisation sur le corps. L'épaisseur des différentes couches qui compose le CPTSC peut varier [Denis et al., 2008]. De plus, comme le montre la publication de [Nakajima et al., 2004], le SM peut être différent selon la localisation de la zone observée. Selon les cas, le SM peut être divisé en deux ou être simple [Nakajima et al., 2004]. Selon le protocole IRM établi, l'épaisseur d'une couche peut varier pour une même observation [Denis et al., 2008]. En effet comme le montre [Denis et al., 2008], pour deux séquences IRM différentes, on obtient des épaisseurs différentes. Par exemple, pour le dos, son épaisseur est égal à 5.97 mm pour la séquence Fiesta contre 6.12 mm pour le spin écho T1.

Il existe aussi des facteurs physiopathologiques qui peuvent influencer la structure anatomique du CPTSC. La cellulite, par exemple, aurait un impact sur la distribution des septa en modifiant leur orientation [Khan et al., 2010].

L'obésité est également un facteur qui peut modifier la structure du tissu adipeux sous-cutané en ayant un impact sur la morphologie des lobules. Il va y avoir notamment une hyperplasie (= multiplication des cellules graisseuses) et une hypertrophie (= augmentation du volume des cellules graisseuses) des lobules graisseux. [Khan et al., 2010, Mirrashed et al., 2004]

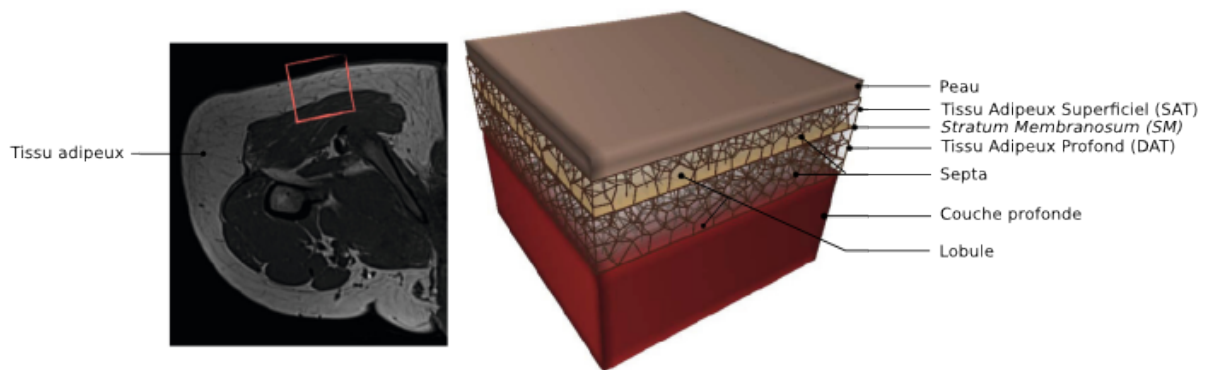
L'âge d'une personne est également un facteur à prendre en considération lors de l'étude du tissu adipeux. En effet, tout au long de la vie d'un individu, le CPTSC va évoluer. Il existe un grand nombre de modifications qui va s'opérer au sein des différentes couches de ce complexe. En se focalisant sur le tissu adipeux sous-cutané seulement, on remarque que celui-ci va subir également des modifications structurales. L'apparition des rides est aussi une conséquence de la modification des moyens de soutien collégénique du tissu adipeux. [6-8]

A travers ces études, on distingue qu'il existe plusieurs termes pour décrire une même sous-structure. Par exemple, on citera le cas du SM qui est un bon exemple. Il y a donc possibilité de trouver les termes "Fascia" [Mirrashed et al., 2004], "Fascia superficiel" (composé du fascia Scarpa et fascia Camper) [Herlin et al., 2014, Khan et al., 2010, Denis et al., 2008] et le "Stratum membranosum" [Herlin et al., 2015, Herlin et al., 2014].

Il y a aussi des ambiguïtés au niveau de certaines sous-structures comme les ligaments cutanés. Les ligaments cutanés peuvent être considérés comme des septa ou comme une structure à part entière qui servirait de pilier pour la mise en place des septa [Herlin et al., 2015].

### 2.3 Vers un modèle géométrique 3D

Suite aux problèmes énoncés précédemment, nous constatons qu'il peut y avoir une difficulté lorsque nous essayons de décrire ce CPTSC. Ceci amène donc à la nécessité d'établir un modèle de ce complexe. Un modèle générique a été proposé dans l'article [Herlin et al., 2014]. Ce modèle permet de modéliser les différentes couches du CPTSC. Chacune de ces couches est paramétrable par l'utilisateur (gestion de l'épaisseur). Une méthode procédurale a été mise en place pour modéliser les lobules graisseux de manière uniforme et homogène (Voronoi 3D).



**Figure 5** – Représentation du modèle géométrique du complexe Peau/Tissu Adipeux sous-cutané. À gauche localisation de la zone modélisée sur une image IRM [Herlin et al., 2014]

### 2.4 Objectifs du stage

Dans le cadre de ce stage, nous devons répondre à plusieurs objectifs. Le premier objectif est de valider le modèle proposé par l'article [Herlin et al., 2014] en vérifiant que l'organisation architecturale d'un ensemble de lobules suivent la même organisation que celle proposée. Le second objectif, quant à lui, est d'étudier l'architecture du tissu adipeux, en particulier les septa et les lobules graisseux de manière à pouvoir ressortir des paramètres de mesures les décrivant. Ces paramètres pourront servir notamment dans la modélisation des lobules sur le modèle actuelle de l'article [Herlin et al., 2014].

## 3 Acquisitions par micro-imagerie 3D du CPTSC

### 3.1 Techniques d'acquisitions utilisées

#### 3.1.1 La $\mu$ IRM

La  $\mu$ IRM est basée sur le même principe que l'IRM mais se focalise sur des échantillons plus petits comme des petits animaux et des végétaux et utilise des champs magnétiques très élevés [11].

L'IRM est une technique d'imagerie médicale qui permet l'acquisition 2D ou 3D de l'intérieur du corps de façon non invasive d'une personne. Cette technique suit le principe de la résonance magnétique nucléaire (= RMN) en jouant sur des propriétés (=spin) de l'hydrogène. Cette propriété atomique va être soumise à un champ magnétique créé par un aimant supraconducteur qui va provoquer un alignement des moments magnétiques de spin. Suite à cela, d'autres champs magnétiques plus faible (=radiofréquence) vont être activés ce qui va modifier légèrement l'alignement. L'atome va revenir à son état d'équilibre et va produire un signal qu'il restera juste à capter et à analyser. [9,10]

La  $\mu$ IRM a l'avantage d'offrir une bonne résolution pouvant aller jusqu'à 25  $\mu$ m. Il permet aussi d'obtenir un bon contraste pour les tissus mous plein d'eau. [12]

Dans le cadre de ce stage, les acquisitions ont été effectuées au laboratoire bioNanoNMRI (Université de Montpellier) qui possède une  $\mu$ IRM Agilent Varian équipé d'un aimant supraconducteur large trou MAGNEX horizontal de 9.4 tesla [11]

#### 3.1.2 La $\mu$ CT

La  $\mu$ CT est un Scanner miniaturisé. Elle va permettre d'acquérir des images à des résolutions de quelques  $\mu$ m. Cette technique tout comme l'IRM permet de visionner des organismes de manière non destructive. Notons tout de même qu'il est impossible avec cette technique de faire de l'in-vivo pour les êtres humains. [11,13]



**Figure 6** –  $\mu$ CT localisée à l'ISEM, Faculté des Sciences de l'université de Montpellier [13]

Le principe du Scanner appelé aussi tomodynamométrie est d'exploiter les propriétés des rayons X lorsqu'ils traversent un objet. En effet, lors du passage d'un rayon X dans un objet, celui-ci va le laisser plus ou moins passer. En mesurant cette atténuation, on va pouvoir reconstruire une image. Le scanner X permet de visionner les structures denses comme l'os. [10]

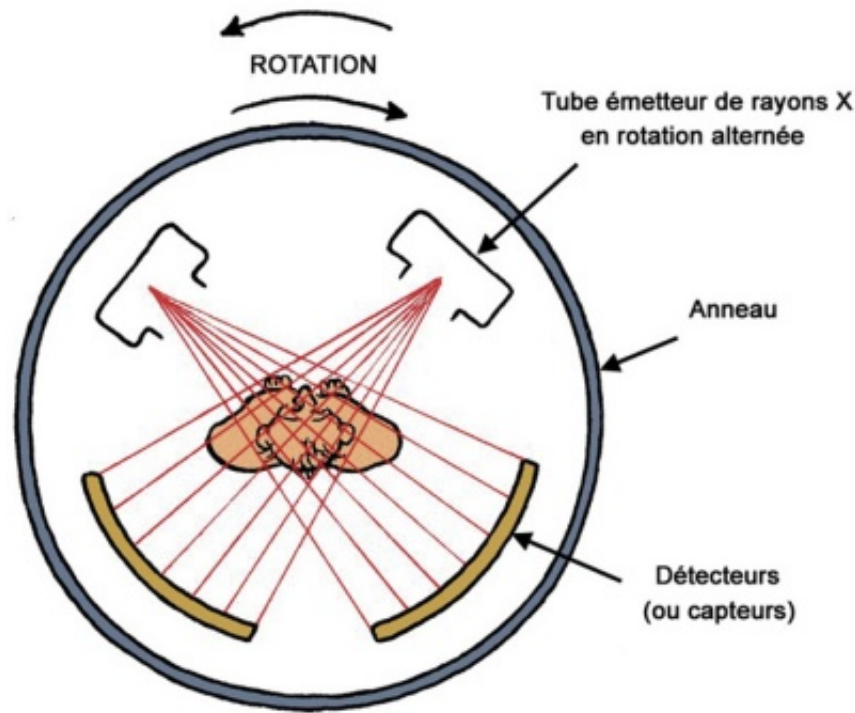


Figure 7 – Schéma du principe de fonctionnement du Scanner [10]

## 3.2 État de l'art sur les procédures d'acquisition

### 3.2.1 L'IRM/ $\mu$ IRM

A partir de l'analyse d'articles, on a pu ressortir pour certains leur protocole d'acquisition de l'IRM.

L'acquisition se fait le plus souvent in-vivo sur de l'IRM 1.5 T/3 T [Mirrashed et al., 2004, Querleux, 2014, Denis et al., 2008, Barral et al., 2010, Querleux et al., 2002]. On remarque aussi qu'ils n'utilisent pas le même protocole pour observer le CPTSC.

De manière générale, chacune de ces études fait appel à un groupe de sujets incluant des personnes saines ayant une tranche âge assez similaire avoisinant un âge moyen de 30-35 ans [Mirrashed et al., 2004, Denis et al., 2008, Querleux et al., 2002]. Les acquisitions IRM sont fait en général in-vivo ce qui implique une immobilisation de la partie étudiée et l'utilisation d'une antenne comme le montre l'article de [Denis et al., 2008]. Cette immobilisation permet d'éviter les problèmes d'artefacts dus aux mouvements. Dans certains cas on peut voir l'utilisation de d'autres procédés complémentaires à l'IRM comme l'utilisation d'un RMS (=Résonance Magnétique spectroscopie) qui permet de donner la structure chimique d'un élément comme un lobule [Querleux et al., 2002].

Il existe cependant très peu d'articles qui se focalisent sur le tissu adipeux sous-cutané en particulier mais plutôt sur la globalité du CPTSC [Denis et al., 2008] ou sur des pathologies précises comme la cellulite et l'obésité [Khan et al., 2010, Mirrashed et al., 2004]. De plus, techniquement, ces études [Khan et al., 2010, Mirrashed et al., 2004, Querleux, 2014, Denis et al., 2008, Barral et al., 2010, Querleux et al., 2002, Nakajima et al., 2004] sont plus basées sur de l'IRM classique. Ceci s'explique par le fait qu'ils travaillent in-vivo.

Toutes ces études analysées montrent que malgré la méthode utilisée, elles permettent toutes d'observer notre structure d'intérêt avec plus ou moins de précision. Ceci montre qu'il y a une réelle importance de choisir le protocole le plus adapté à la segmentation des lobules graisseux.

A partir de ces articles analysés, Nous avons fait un tableau synthétique réunissant les paramètres d'acquisition (voir Figure 8).

Ref	B <sub>0</sub>	Antenne	Séq	P	TR	TE	Angle Bascule	E	FOV	M	TP	Tacq
1	1.5 T	« 3 Inch » de 7,5 cm de diamètre	Fiesta 2D/3D	X	10.6	3.2	70°	1	6*6 cm	512*512	55	2.55 min
			Spin echo 2D/3D	T1	350	20-22	X	2.4	3*3 cm	512*256	27	1.33 min
2	3 T	Bobine Radio frequence rayon 4 et 6 cm	multi-slice gradient axial and sagittal	T1	340	19	X	1	4*4cm	256*256	<160	<10min
			axial anatomical GE coronal GE images	X	1215	26	X	X	7*7cm	X	X	X
3	1.5 T	X	Image axial 2D	X	500	17	X	3	240*240mm <sup>2</sup>	X	70	2 min 20 s
			Spin echo	X	100	11	40°	0.5	18*50 mm <sup>2</sup>			
			3D echo gradient	X	80	14	120 ou 160°		18*50mm <sup>2</sup>			
			FALSE		28	5	12 ou 13 ou 14°					
4	1.5 T	X	IDEAL-GRE	X	22	11	8 ou 12°	0.5 ou 1	6*3cm <sup>2</sup>	512*256*16	X	5 min 54
			bSSFP		22	11	8 ou 12°					
			GRE		88	5	24°					

**Abréviation**

Champ Magnétique aimant	B0	Matrice Reconstruction	M
Pondération	P	Champ de vision	FOV
Temps de répétition (en ms)	TR	Taille Pixel (en micromètre)	TP
Temps d'écho (en ms)	TE	Temps acquisition	Tacq
Épaisseur (en mm)	E		

- N°1 Denis, A., O. Loustau, H. Chiavassa-Gandois, J. Vial, C. Lalande Champetier de Ribes, J. J. Railhac, et N. Sans. « IRM haute résolution de la peau: aspects normaux ». Journal de Radiologie 89, no 7 (2008): 873-79.
- N°2 Mirrashed, F., J. C. Sharp, V. Krause, J. Morgan, et B. Tomanek. « Pilot study of dermal and subcutaneous fat structures by MRI in individuals who differ in gender, BMI, and cellulite grading ». Skin Research and Technology 10, n° 3 (2004)
- N°3 Querteux, B., C. Cornillon, O. Jolivet, et J. Bitoun. « Anatomy and physiology of subcutaneous adipose tissue by in vivo magnetic resonance imaging and spectroscopy
- N°4 Barral, Joëlle K., Neal K. Bangarter, Bob S. Hu, et Dwight G. Nishimura. « In Vivo High-Resolution Magnetic Resonance Skin Imaging at 1.5 T and 3 T ». Magnetic Resonance in Medicine 63, n° 3 (mars 2010): 790-96. Doi:10.1002/mrm.22271.

**Figure 8** – Tableau récapitulatif des paramètres d'acquisition IRM

### 3.2.2 Le Scanner/ $\mu$ CT

Dans les travaux existants, le scanner X est le plus souvent utilisé sur des échantillons in-vivo dans le but d'étudier globalement la répartition de tissu adipeux. Ainsi beaucoup de recherches essaient de segmenter le tissu adipeux viscéral et le tissu adipeux sous-cutané pour les comparer. Les auteurs de

ces articles s'intéressent en général à la région de l'abdomen [Marchadier et al., 2011, Chung et al., 2009, Judex et al., 2010].

Les études sont focalisées généralement sur des problèmes physiopathologiques comme l'obésité et le diabète ou sur des maladies telle que le cancer pour étudier des facteurs de risques. La plupart des recherches cliniques sont basées sur du scanner X classique allant à une résolution de 1 mm environs.

Il existe cependant quelques études en  $\mu$ CT qui étudient, comme le scanner X, la répartition globale du tissu adipeux. Ces études ne ciblent pas en priorité l'architecture lobulaire du tissu adipeux sous-cutané mais se basent plus sur les problèmes rencontrés en scanner. En effet, la résolution utilisée dans l'article [Judex et al., 2010] est de l'ordre de 80  $\mu$ m contre 18  $\mu$ m pour notre étude (cf partie 3.3.3).

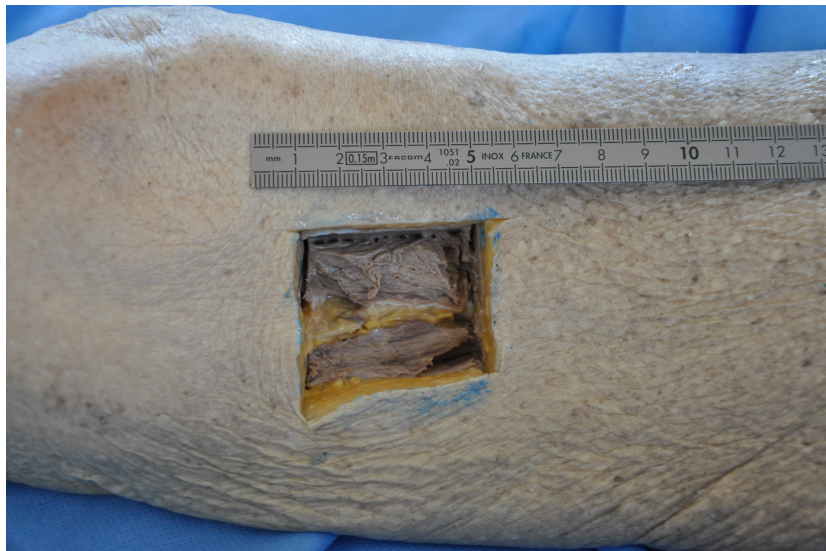
Dans ces articles [Marchadier et al., 2011, Chung et al., 2009, Judex et al., 2010], nous remarquons qu'il peut y avoir des ambiguïtés au niveau de certains termes. En effet, il y a l'utilisation du terme SAT qui correspond au tissu adipeux sous-cutané au lieu du tissu adipeux superficiel présenté dans l'article [Herlin et al., 2014].

### 3.3 Description des acquisitions effectuées

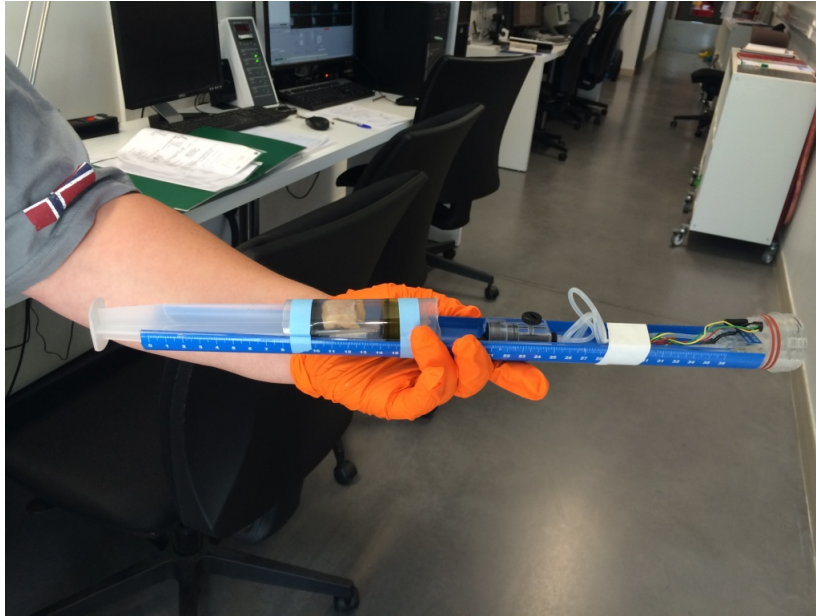
Comme expliqué ci-dessus, la plupart des études en imagerie sont portées sur du tissu vivant [Khan et al., 2010, Mirrashed et al., 2004, Querleux, 2014, Denis et al., 2008, Barral et al., 2010, Querleux et al., 2002, Nakajima et al., 2004, Marchadier et al., 2011, Chung et al., 2009, Judex et al., 2010]. Dans notre cas, nous étudions du tissu adipeux ex-vivo avec de la micro-imagerie. Il peut y avoir quelques différences lors de la visualisation car le CPTSC subit une dégradation naturelle (dessiccation, déstructuration des moyens d'union conjonctifs...). Cette dégradation peut être également accentuée par des produits de contraste.

#### 3.3.1 Image 1 : $\mu$ IRM de l'échantillon 1

Le premier échantillon a été prélevé sur un cadavre frais non préparé au niveau du genou droit par le laboratoire d'anatomie de la faculté de médecine de Montpellier (voir figure 9). Avant de passer à la  $\mu$ IRM du laboratoire bioNanoMRI, l'échantillon a été passé dans des produits de conservation et de contraste (voir annexe 1 pour plus de détails). L'acquisition a duré une quinzaine d'heures. L'image 3D a été obtenue par une séquence écho de gradient réalisée avec une antenne RF43.

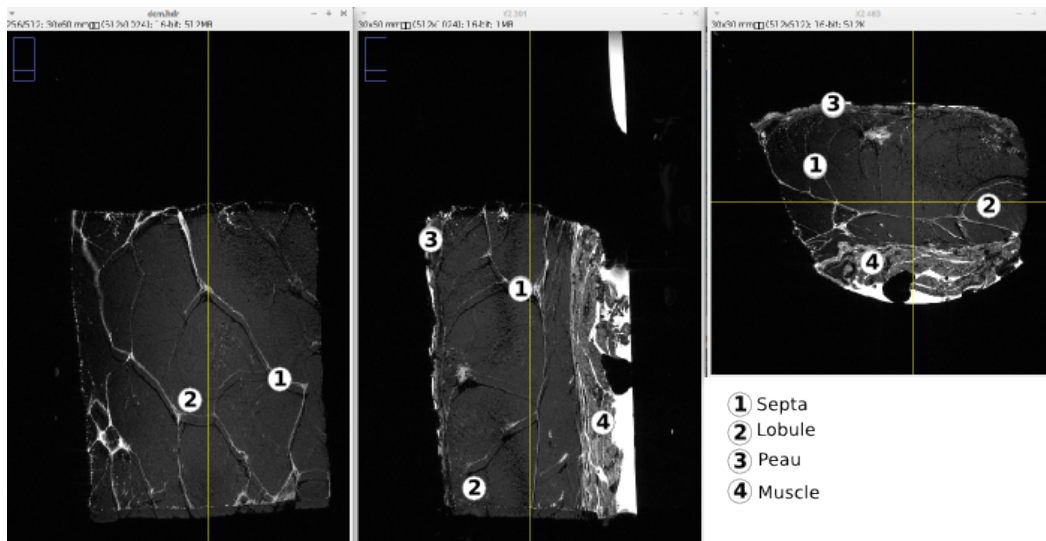


**Figure 9** – Localisation du premier échantillon prélevé



**Figure 10** – Mise en condition de l'échantillon 1 dans la  $\mu$ IRM

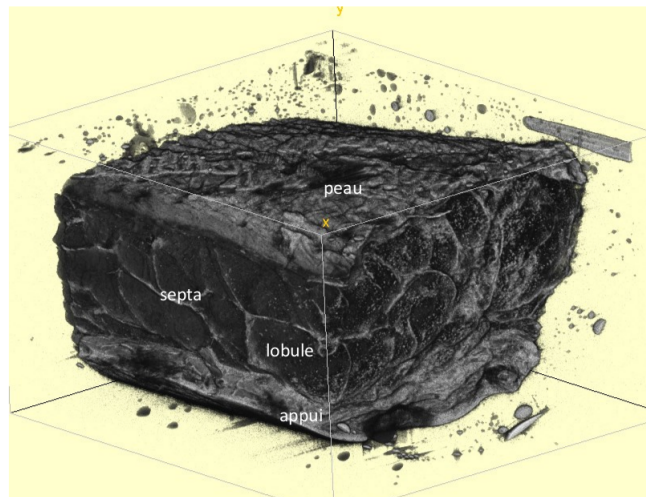
L'image 3D obtenue (512 coupes) est codée sur du 16 bits avec une dimension de 512x1024 pixels pour une taille de voxel isotrope de 0.0586 mm (voir figure 11). Cette image 3D a été fournie au format DICOM<sup>3</sup>.



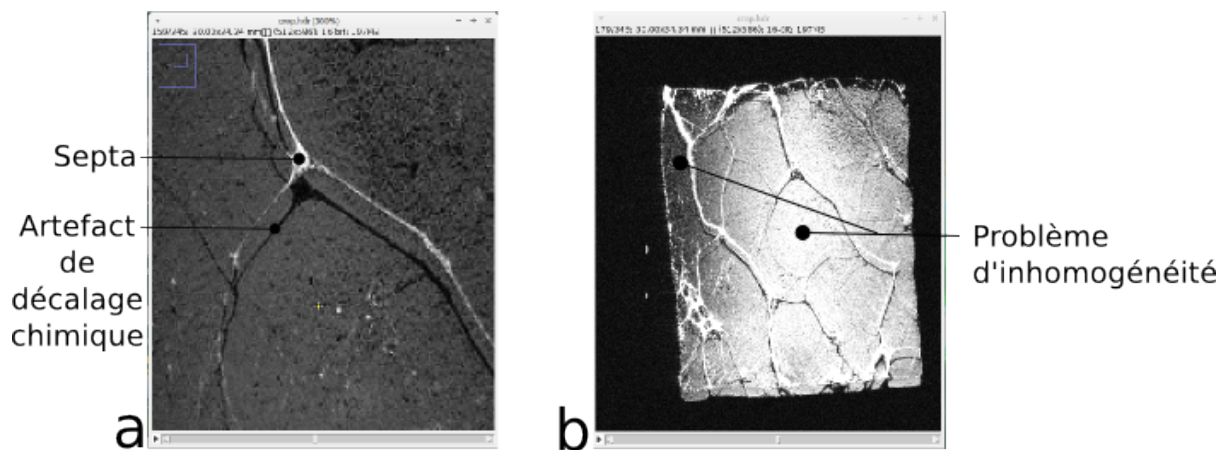
**Figure 11** – Visualisation en mode MPR<sup>4</sup> de l'image 1 sur Fiji/ImageJ

3. Le format DICOM (**D**igital **I**maging and **C**ommunications in medicine) est une norme utilisée dans le monde médicale permettant le stockage des images et les informations d'acquisition d'un patient [14].

4. Multi**P**lanar **R**econstruction



**Figure 12** – Visualisation volumique de l'image 1 sur Fiji/ImageJ



**Figure 13** – Visualisation des problèmes liés à l'image de l'échantillon 1. (a) Artefacts, (b) Problème inhomogénéité.

Cette première acquisition offre un bon aperçu du tissu adipeux sous-cutané. En effet, on arrive à voir les lobules ainsi que les septa dans les coupes qui apparaissent sous la forme de traits en blanc (voir figure 11). Une visualisation volumique permet de faire ressortir l'architecture lobulaires (voir figure 12).

Nous avons remarqué cependant que cette image présentait des artefacts qui apparaissent en noir (Voir figure 13, (a)) au niveau des septa comme une "ombre". Nous remarquons également que cette image a des problèmes d'inhomogénéité, c'est à dire que les intensités d'un même région ne sont pas homogène (voir figure 13, (b)).

### 3.3.2 Image 2 : $\mu$ IRM de l'échantillon 2

Durant le stage, une réunion a eu lieu avec le laboratoire bioNanoMRI pour discuter d'une nouvelle stratégie pour améliorer les résultats obtenus. Le but étant d'améliorer la qualité de la visualisation du tissu adipeux sous-cutané et d'éliminer les artefacts provoqués par un décalage chimique. Il a été décidé en particulier de ne pas utiliser de produits de contraste et de travailler sur un échantillon plus "frais".

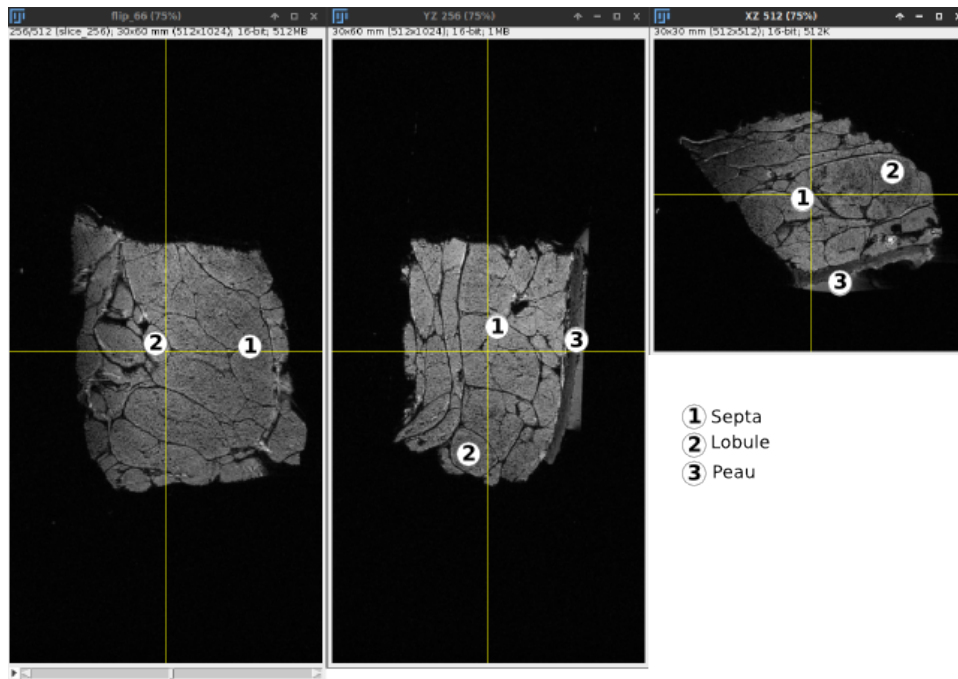
Le deuxième échantillon a été prélevé au niveau du genou gauche par le même laboratoire que le premier échantillon. Cet échantillon a suivi le même traitement que le premier échantillon sans les produits de contraste.



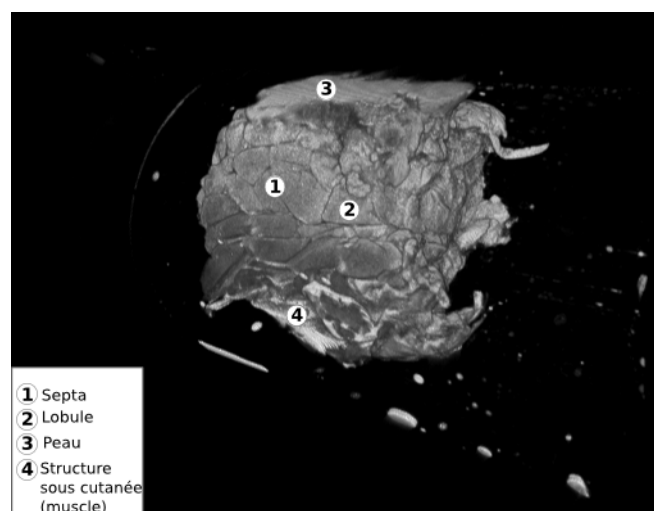
Quatre acquisitions ont été réalisées fin juin avec des protocoles différents. Deux acquisitions ont été réalisées avec un écho de gradient (avec ou sans fatSat<sup>4</sup>) et deux autres avec un spin écho (avec ou sans fatSat). Les acquisitions ont duré 3h42 pour les écho de gradient et 1h46 pour les spin écho. Les détails de ces acquisitions sont dans les annexes 2 et 3. Nous avons décidé de travailler sur l'acquisition écho de gradient sans fatSat qui semblent être la mieux visuellement.

L'image 3D obtenue est au format DICOM. Elle est codée sur du 16 bits avec une dimension de 512 coupes de 512x1024 pixels et avec une taille de voxel de 0.0586 mm.

Cette image a une meilleure qualité que l'image du premier échantillon. En effet, le décalage chimique a été supprimé et les septa sont plus visible (en noir sur figure 14). Cependant, nous avons toujours un problème d'inhomogénéité (figure 16). A partir du DICOM, on a pu ressortir une visualisation volumique de l'architecture lobulaire (Voir figure 15).

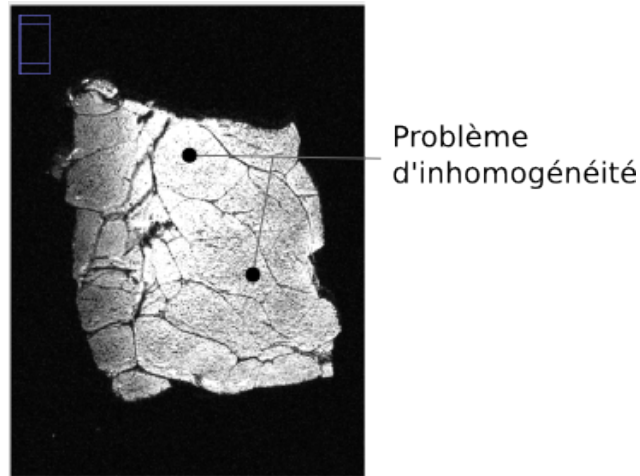


**Figure 14** – Visualisation en mode MPR de l'image 2 sur Fiji/ImageJ



**Figure 15** – Visualisation volumique de l'image 2 sur Fiji/ImageJ

4. Saturation de la graisse



**Figure 16** – Visualisation du problème d'inhomogénéité de l'image 2

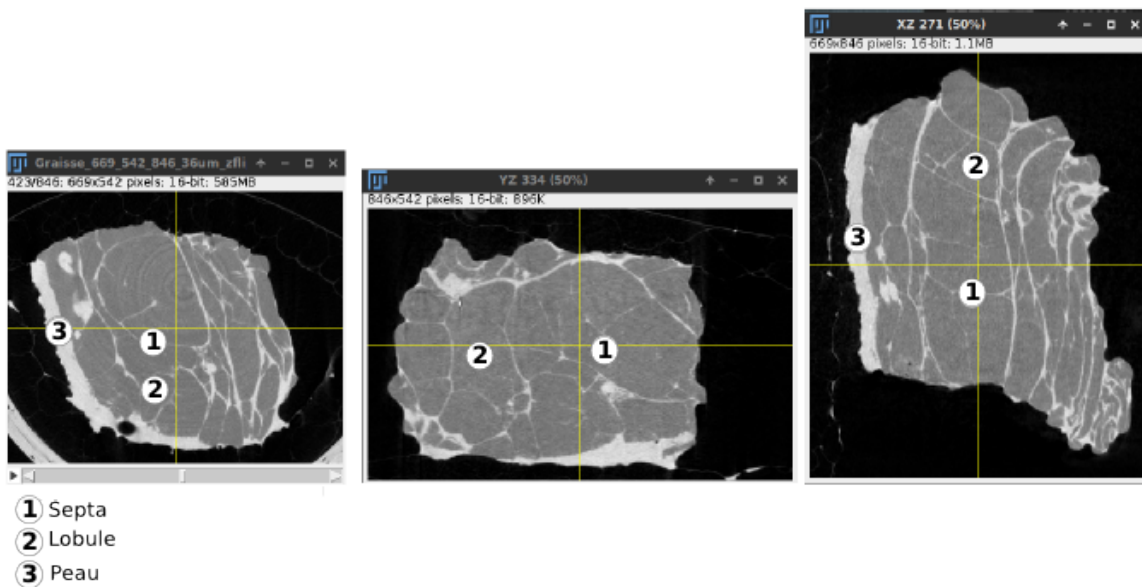
### 3.3.3 Image 3 : $\mu$ CT de l'échantillon 2

Nous avons également tester une acquisition du CPTSC à la  $\mu$ CT dans le but de voir si nous pouvions obtenir quelque chose d'intéressant. Cette acquisition a été réalisée au mois d'août à l'ISEM par Renaud LEBRUN [15].

L'acquisition  $\mu$ CT a été faite sur l'échantillon 2. Au niveau du temps d'acquisition, nous remarquons que les acquisitions  $\mu$ CT prennent beaucoup moins de temps que celles faites en  $\mu$ IRM. En effet, elle a duré seulement 45 mn.

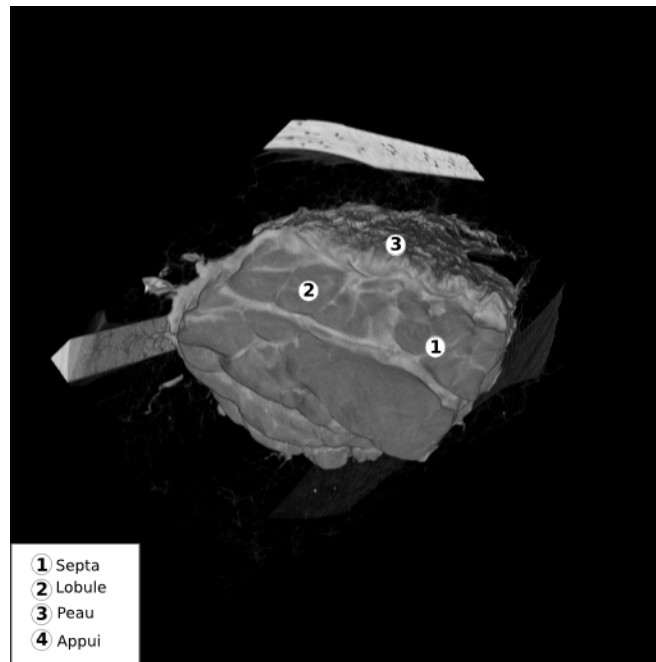
Nous avons récupéré une image au format RAW<sup>5</sup> ayant une résolution de 18  $\mu$ m. Cette image 3D est codée sur du 16 bits et est composée de 1693 coupes de 1325x1119 pixels.

Même si le scanner X n'est pas idéal pour les tissus mous, nous arrivons à distinguer les septa et les lobules. Les septa apparaissent en blanc (voir figure 11). Tout comme les autres échantillons une visualisation volumique a été faite (Voir figure 12). Nous remarquons aussi que cette image présente quelques artefacts circulaires dus au processus de reconstruction tomographique (voir figure 19).

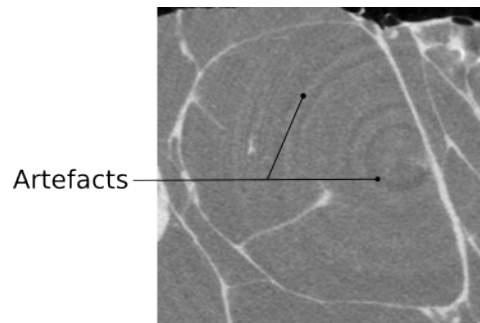


**Figure 17** – Visualisation en mode MPR de l'image 3 sur Fiji/ImageJ

5. C'est un format de fichier non standard pour les images numériques. En générale ceci provient d'appareils comme les appareils photo numériques ou les scanners [16].



**Figure 18** – *Visualisation volumique de l'image 3 sur Fiji/ImageJ*



**Figure 19** – *Visualisation d'artefacts de scanner X*

## 4 Gestion des grandes images

### 4.1 Présentation du problème

Toutes les images 3D obtenues ont une taille importante surtout pour celle de la  $\mu$ CT (5 Go). Il n'est donc pas possible de pouvoir travailler sur une grande image 3D directement. En effet, lors de l'ouverture de l'image 3  $\mu$ CT, l'ordinateur est presque saturé (ordinateur sous linux et disposant de 8 Go de RAM) ce qui ne permet pas de travailler correctement dessus avec un logiciel de traitement d'images comme ImageJ.

### 4.2 Proposition d'une méthode via un plugin ImageJ

Le problème ici, est que nous pouvons pas travailler sur l'image originale directement. Nous pouvons bien sûr travailler sur des échantillons sous-échantillonnés mais nous perdons en résolution.

Nous pouvons cependant travailler sur des portions d'une image 3D à pleine résolution mais il y a une réelle difficulté à définir une portion de celle-ci car nous avons besoin de charger l'image dans sa totalité pour pouvoir le faire. Or, dans certains cas il est impossible de charger l'image entièrement. Nous avons donc proposé une solution via un plugin ImageJ pour contourner ce problème. L'objectif étant de passer par une image sous-échantillonnée pour pouvoir obtenir une portion de celle-ci à pleine résolution.

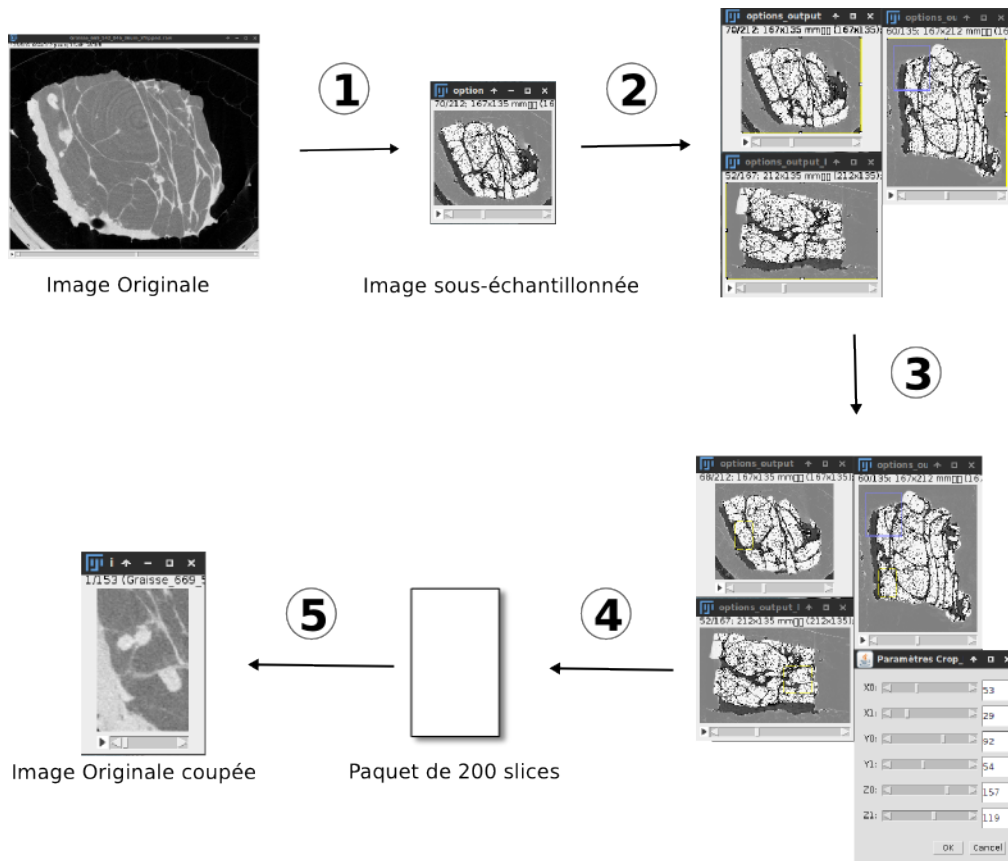
L'algorithme qui a été suivi est le suivant :

1. On sous-échantillonne notre image 3D. Dans cette étape, l'utilisateur choisit la taille en z en jouant sur l'incrémentatation c'est à dire le nombre d'images qu'on saute avant d'en prendre une. L'échelle de l'image est adaptée par rapport à ce paramètre. A la fin de ce processus, il y a enregistrement des différents paramètres de sous-échantillonnage et de l'image sous-échantillonnée (voir figure 20, N.1).
2. Création des différents plans MPR. A ce stade, on se retrouve avec trois fenêtres dont chacune représente un plan (Plans XY, YZ et XZ) (voir figure 20, N.2).
3. Ouverture d'une boîte de dialogue permettant de sélectionner une zone à couper. La mise à jour de la sélection sur les 3 fenêtres se fait automatiquement (voir figure 20, N.3).
4. Ouverture partielle de l'image originale (on charge l'image par paquets de 200 coupes) + découpage de chaque paquet en ré-adaptant les paramètres de sélection à la bonne échelle + enregistrement de chaque paquet (voir figure 20, N.4).
5. Rassemblement des différents paquets générés. L'image finale est enregistrée et prête à être utilisée (voir figure 20, N.5).

Nous rappelons qu'ImageJ est un logiciel qui permet le développement de plugin en Java ou de macro. La macro étant limité dans les actions, j'ai décidé de passer par du développement de Plugin qui est plus souple lorsque nous voulons obtenir des actions particulières. Le plugin ImageJ ci-dessus a été codé sur Eclipse<sup>6</sup>. Avant de pouvoir coder sous éclipse des plugins ImageJ, il faut au préalable importer dans son projet un package de ImageJ (Package ij-xxx.jar, xxx est la version de ImageJ). Ce package est trouvable directement dans un des dossiers de ImageJ (Dossier "jars"). Les détails des fonctions de ce package sont disponible sur internet [17] ainsi que des exemples de plugins [18].

---

6. Environnement de développement pour JAVA



### 4.3 Application à l'échantillon 3

Lorsque nous chargeons l'image 3  $\mu$ CT sur ImageJ, celle-ci sature pratiquement la RAM de l'ordinateur. Comme nous voulons étudier un lobule, nous allons appliquer ce plugin sur l'image 3. A partir de ce plugin, nous avons obtenus une sous-image 3D à pleine résolution (voir figure 21).

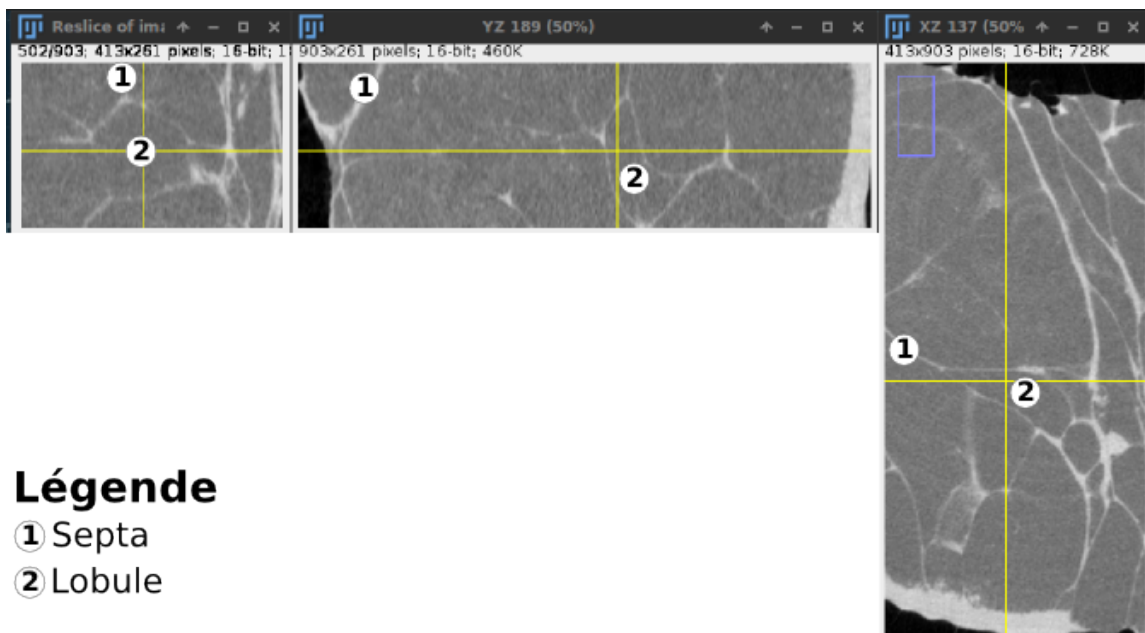


Figure 21 – Visualisation en mode MPR de la sous-image obtenue

A partir de cette sous-image, nous avons utilisé une méthode semi-automatique sur ImageJ pour pouvoir extraire un lobule. Cette méthode permet d'extraire un nuage de points que l'utilisateur a sélectionné puis de le reconstituer sous la forme d'un objet sur MeshLab<sup>7</sup>. Cette méthode sera expliquée avec plus de précision dans la partie 6.2.2.b. Le temps de manipulation est de l'ordre de quelques minutes.

Ce premier test permet de dire que le plugin ImageJ a bien fonctionné ce qui nous a permis de pouvoir segmenter un lobule sur la  $\mu$ CT de l'échantillon 2. Cependant, dans ce cas-ci, l'image pouvait être chargée entièrement (RAM presque saturée). Nous avons donc décidé de le tester sur une image plus grande qui est impossible de charger sur ce même ordinateur. Ce second test permettra de valider la méthode présentée ci-dessus. Ceci sera présenté dans la partie suivante.

## 4.4 Application à un micro-CT de fœtus

### 4.4.1 Présentation de l'image

Pour tester le plugin ImageJ sur une image très grande qui est impossible d'ouvrir sur un ordinateur standard, il m'a été proposé de faire une segmentation sur une image  $\mu$ CT d'un fœtus. Cette image 3D est composée de 2745 coupes de dimension 1660x1264. Elle est codée sur du 16 bits et a une taille de voxel de 0.03556 mm.

### 4.4.2 Application à la segmentation

Le but de cette partie est d'utiliser notre plugin de manière à pouvoir segmenter la partie osseuse et le réseau vasculaire de différentes parties d'un fœtus (Colonne vertébrale, main, cœur et mandibule<sup>8</sup>). Un plugin ImageJ a été élaboré pour automatiser au maximum la procédure que j'ai effectué.

Certaines études proposent quelques solutions de segmentation de certaines parties du corps comme l'os et le réseau vasculaire [Wan et al., 2002, Guldberg et al., 2004]. L'article [Wan et al., 2002] propose une méthode automatique pour segmenter le réseau vasculaire du cœur d'un rat. [Guldberg et al., 2004] ont proposé dans leur étude de s'intéresser au développement et à la croissance du squelette chez des petits organismes comme le rat. Pour cela, ils ont segmentés les os par seuillage. Ces deux études ont été faites sur l'échelle de l'organisme ce nous pourrons pas faire ici. Ce qu'il faut préciser aussi est que ces études n'ont pas testé les techniques de segmentation sur un fœtus humain. Il existe cependant une étude [Captier et al., 2011] qui étudie le fœtus humain mais les images utilisées dans la segmentation sont sous-échantillonnées.

L'algorithme proposé pour la segmentation de l'os et du réseau vasculaire du fœtus suit le plan suivant :

1. Application d'un filtre médian pour améliorer le contraste.
2. Segmentation du réseau vasculaire par seuillage.
3. Dilatation 3D<sup>9</sup> pour récupérer le volume partiel manquant du réseau vasculaire.
4. Masquage sur l'image originale du réseau vasculaire (en blanc, une seule intensité).
5. Seuillage de l'os.
6. Érosion<sup>10</sup> pour séparer l'os des autres parties seuillées.
7. Recherche des différentes régions de voxels appartenant à l'os .
8. Dilatation pour compenser l'érosion qui a été fait précédemment (autant d'érosion que de dilatation).

---

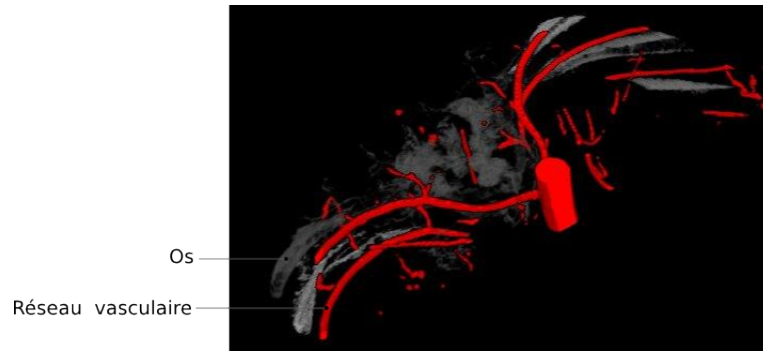
7. C'est un logiciel open source multi-plateforme travaillant sur le maillage d'un objet 3D) [27]

8. situé au niveau de la mâchoire

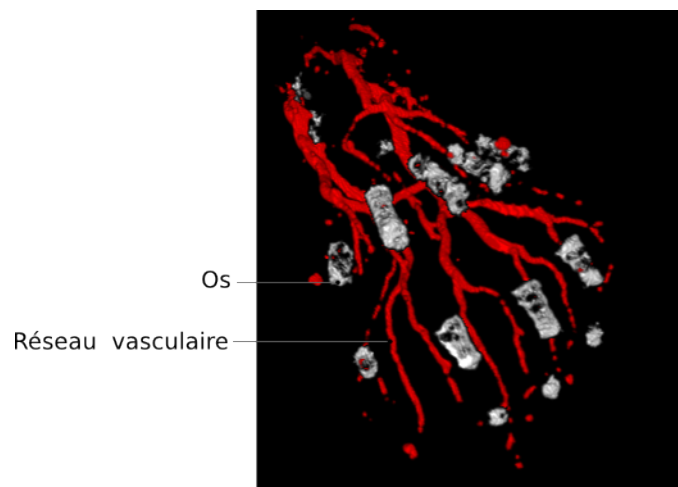
9. On étend une région de pixels

10. Contraire de dilatation

#### 4.4.3 Résultats et Discussion



**Figure 22** – *Résultat sur ImageJ de la segmentation obtenue sur un morceau de la colonne vertébrale du fœtus*



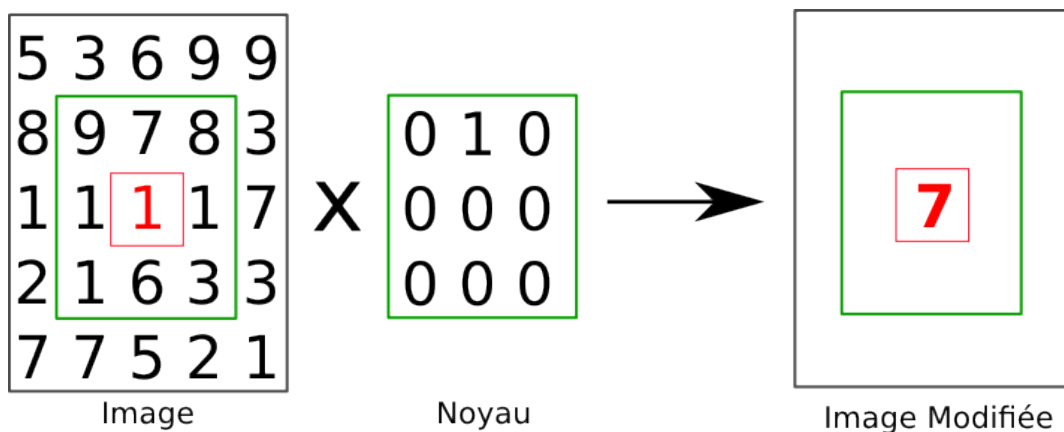
**Figure 23** – *Résultat sur ImageJ de la segmentation obtenue sur une main du fœtus*

Nous obtenons des bons résultats de segmentation de l'os et du réseau vasculaire (figures 22 et 23 pour avoir quelques exemples de résultats). Ces résultats permettent de montrer l'utilité du plugin ImageJ que nous avons proposé pour répondre au problème de gestion de grandes images. De plus, nous pouvons en conclure que ce plugin fonctionne même dans le cas où l'image est impossible de chargée et qu'il est donc possible de travailler sur des grands échantillons avec des ordinateurs standards.

## 5 Étude de filtres de pré-traitement

### 5.1 Présentation des filtres

Un filtre a pour objectif d'agir sur certains paramètres de l'image dans le but de l'améliorer. D'un point de vue mathématique, un filtre est une matrice de convolution. Cette matrice est la résultante de la modification d'une image. Pour faire une modification, celle-ci va utiliser une première matrice qui correspond à l'image et une seconde matrice appelée "noyau" (voir figure 24). Le logiciel Gimp par exemple se base sur des matrices de convolution 2D de tailles 3x3 et 5x5. Un filtre est déterminé mathématiquement. [21,22]



#### Légende :

En rouge : pixel qui va subir modification

En vert : pixels voisins pris en compte dans la modification

#### Etape de calcul :

$$(9*0)+(7*1)+(8*1)+(1*0)+(1*0)+(1*0)+(1*0)+(6*0)+(3*0) = 7$$

Figure 24 – Exemple d'application d'une matrice de convolution sur un pixel d'une image

Les filtres peuvent être classés en deux grandes familles qui sont les filtres qui font du lissage<sup>11</sup> et ceux qui font ressortir les contours.

#### 5.1.1 Filtres faisant du lissage

La première famille correspond aux filtres faisant du lissage. L'objectif de ces filtres est de diminuer le bruit<sup>12</sup> d'une image. Les principaux seront présentés ci-dessous :

- **Filtre moyenne** : Un pixel est remplacé par la moyenne de lui-même et de ses voisins. C'est un filtre de convolution "passe-bas"<sup>13</sup> [19,20,22].
- **Filtre gaussien** : Le principe de ce filtre est de corriger le bruit dans les parties homogènes d'une image. C'est un filtre isotrope<sup>14</sup> qui a un effet assez similaire au filtre moyenne. Il calcule la moyenne pondérée des valeurs dans le voisinage avec un poids plus fort au centre du voisinage et faible en périphérie [19,20,22].
- **Filtre conservatif** : Il conserve seulement les valeurs de pixels situé dans un intervalle. Si l'intensité d'un pixel n'est pas dans l'intervalle voulue, son intensité va prendre la valeur de la borne inférieur ou supérieur [19,20,22].

11. Lissage des zones unies et conservation des zones détaillées.

12. Le bruit est le résultat d'un problème vu sur une image (=parasite). Il existe plusieurs facteurs qui peuvent créer du bruit.

13. Agit sur les basses fréquences en adoucissant les détails et en réduisant le bruit granuleux

14. Propriété de leur noyau de convolution identique dans toutes les directions



- **Filtre médian** : C'est une amélioration du filtre conservatif. Il remplace un pixel par la médiane de ses voisins. C'est un filtre isotrope qui demande plus de ressources pour être mis en place [19,20,22].

### 5.1.2 Filtres ressortant les contours

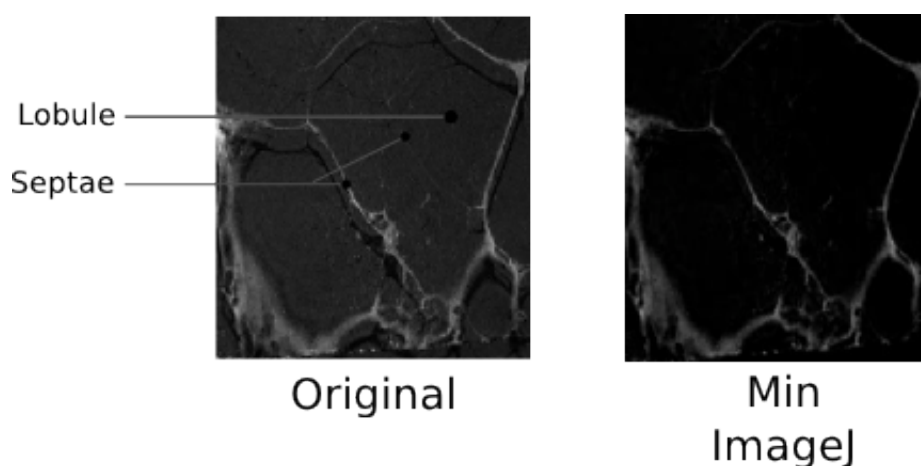
Les filtres présentés ici vont accentuer les contours et les bruits d'une image. Ce sont des filtres "rehausseur de contours" et "passe haut"<sup>15</sup>. Il en existe plusieurs dont certains seront expliqués ici :

- **Filtre Laplace** : Il met en valeur les détails qui ont une variation rapide de luminosité. Il est bien pour rendre visible les contours d'un objet et pour la reconnaissance de formes. C'est un filtre isotrope. [19,20,22]
- **Filtre gradient** : C'est un filtre anisotrope<sup>16</sup>. Il permet de visualiser les variations d'un phénomène en étudiant la norme du gradient des pixels. Cela permet de donner un effet de relief qui permet de visualiser de faibles variations de luminosité. [19,20,22]
- **Sharpening** : Accentue le contraste d'une image. Son principe consiste à assombrir les pixels foncés et d'éclaircir ceux qui sont clairs. Il y a donc renforcement des contours, des détails et du bruit. Les zones uniformes sont inchangées. [19,20,22]
- **Accentuation par différences** : On calcule la différence entre le niveau du pixel initial et celui de ses voisins. Les pixels clairs seront éclaircis (différence positif) et les pixels sombres seront assombris (différence négative). [19,20,22]
- **Accentuation par max/min** : Ramener le niveau du pixel au minimum de ses voisins pour les pixels sombres ou au maximum de ses voisins pour les pixels clairs. [19,20,22]

Il existe aussi d'autres filtres montrant les contours comme Sobel, Prewitt, Kirsch, Roberts et Huertas-Medioni. Certains de ces filtres utilisent plusieurs noyaux de convolution. [22]

## 5.2 Comparaison des résultats

Beaucoup de filtres ont été testés à travers ce stage à partir de plusieurs logiciels. Dans le cadre de ce rapport, nous donnerons seulement quelques résultats intéressants.



**Figure 25** – Exemple de la fonction Min sur ImageJ sur l'image 1. La fonction Min agit sur les valeurs des intensités inférieure à une limite en ramenant leur valeur à celle de la limite [23]

15. contraire de passe bas. agit sur hautes fréquences comme les détails. Il améliore le contraste.

16. Contraire de isotrope

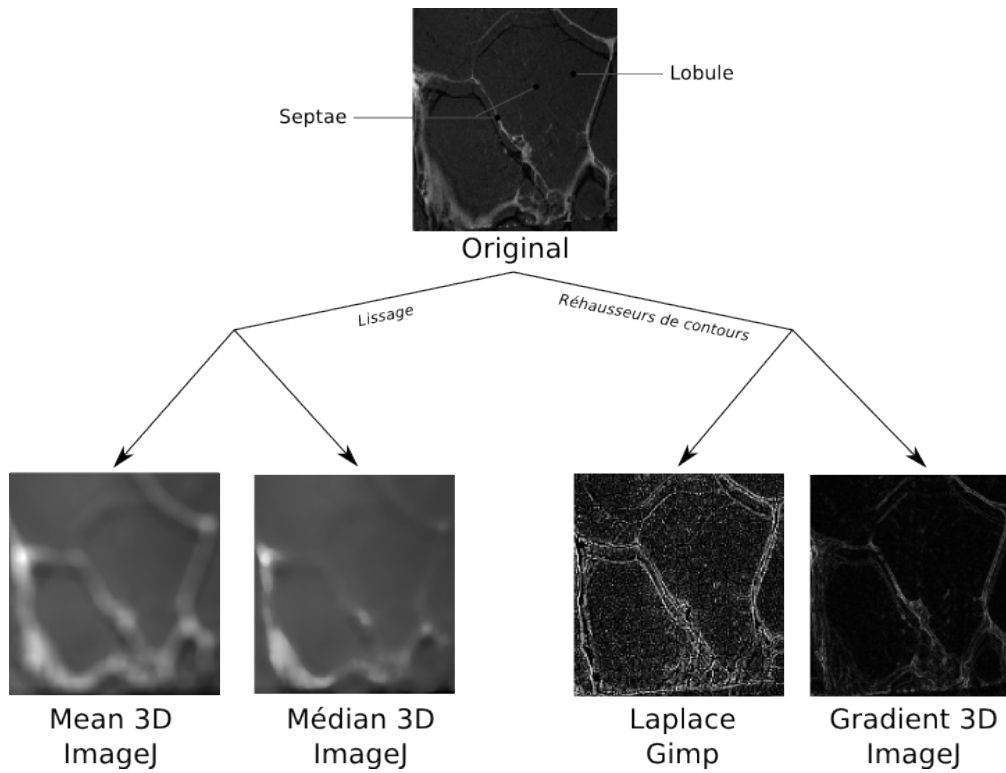


Figure 26 – Exemple d'application de filtres sur une partie de l'image 1

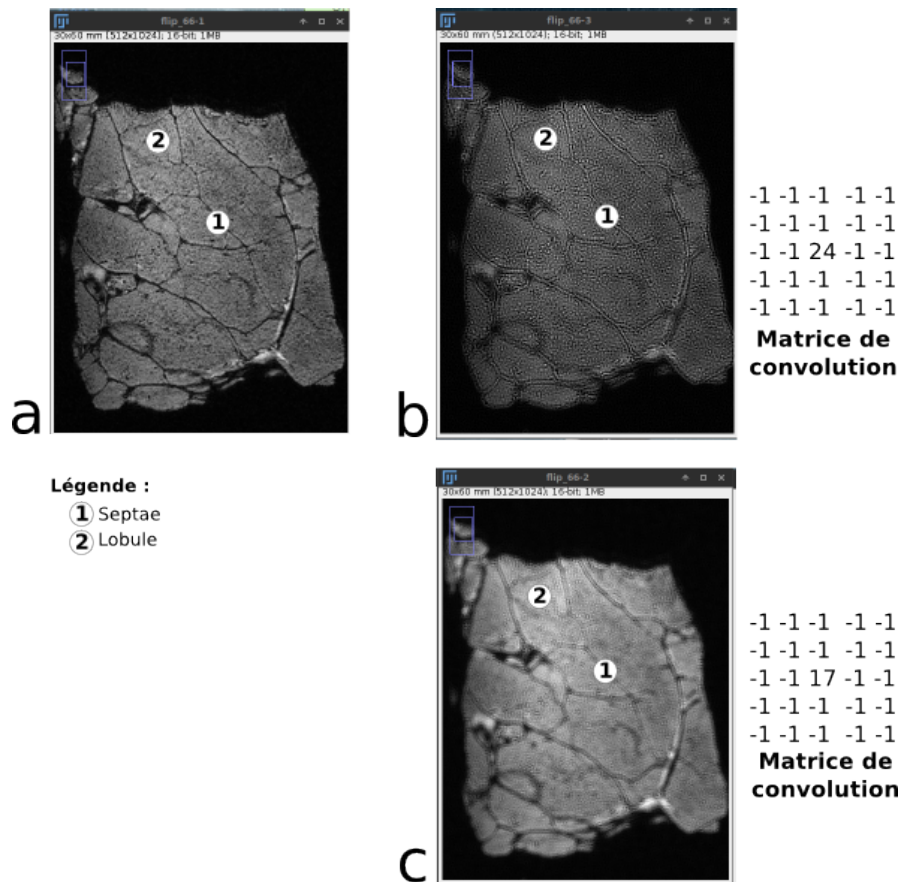


Figure 27 – Exemple d'application d'une matrice de convolution sur ImageJ sur l'image 2. (a) image originale, (b-c) après application d'une matrice de convolution.

A partir des résultats obtenus (voir figure 26), nous avons remarqué que la plupart des filtres de lissage font disparaître les septa assez rapidement. Au niveau des filtres rehausseur de contours, nous constatons qu'ils font ressortir aussi les problèmes d'artefacts (décalage chimique sur l'image 1).

De plus, en regardant de plus près, tous les septa ne sont pas visibles. Pour les fonctions de type Min (voir figure 25), nous remarquons qu'ils peuvent apporter une amélioration de l'image. En effet, à partir de ce filtre, j'ai réussi à éliminer partiellement les problèmes d'inhomogénéités sur l'image 1 ce qui permet de pouvoir faire un seuillage. Le problème de ce type de fonction est qu'il y a une perte des petits septa.

Certains logiciels comme Gimp et ImageJ permettent aussi d'appliquer directement des matrices de convolution sur une image. Il suffit pour cela de trouver les matrices à appliquer. Sur la figure 27, j'ai mis un exemple de ce qu'on peut obtenir sur l'échantillon 2 sur ImageJ.

Pour améliorer nos résultats, nous pouvons également combiner plusieurs filtres sur une même image.

Ce qui peut être également intéressant de faire est de combiner plusieurs filtres.

Lors de l'utilisation d'un filtre, il ne faut pas oublier qu'il existe des filtres agissant sur des images 2D ou 3D. Par exemple, si nous appliquons un filtre 2D sur une coupe noire et une coupe blanche alors ces coupes seront inchangées mais si nous appliquons à la place un filtre 3D alors nous obtiendrons deux coupes grises.

En conclusion, les filtres les plus intéressants restent les filtres rehausseur de contours. En effet, vu qu'il y a des problèmes d'inhomogénéité aux niveaux des échantillons, il serait préférable de trouver une manière de ressortir plus les septa pour faire notre segmentation manuelle ou (semi-)automatique. Les filtres de lissage en général font perdre très rapidement la délimitation des septa surtout ceux qui sont très peu visible. Les fonctions de type "Min" peuvent être aussi utiles dans le cadre d'un pré-traitement pour éliminer certains artefacts (voir figure 26).

## 6 Méthodes de segmentation du CPTSC

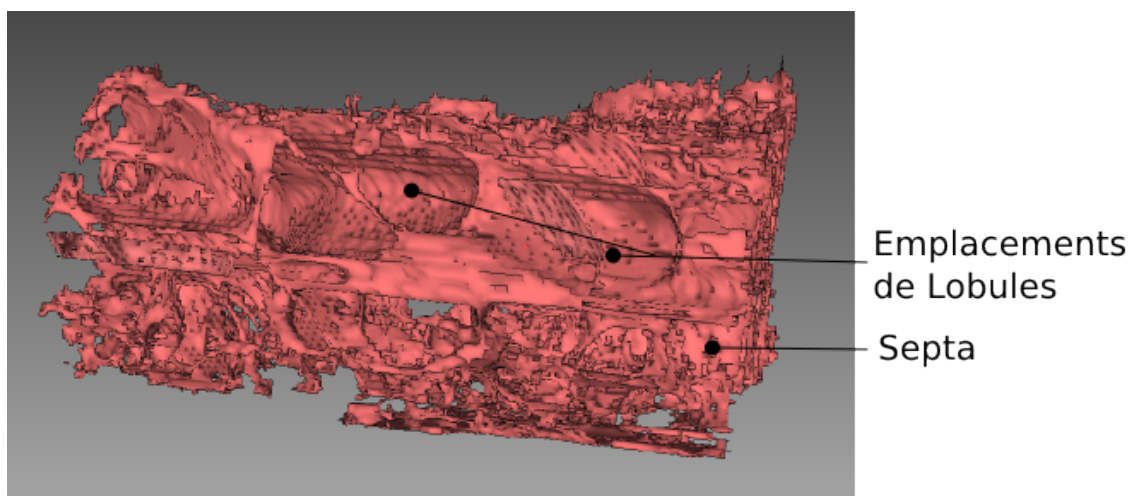
### 6.1 Segmentation manuelle

Pour pouvoir mettre en place des méthodes de segmentation (semi-)automatique, nous sommes passés dans un premier temps par de la segmentation manuelle. Celle-ci servira notamment de "*vérité terrain*" pour nos lobules et nous permettra de valider les méthodes (semi-)automatiques.

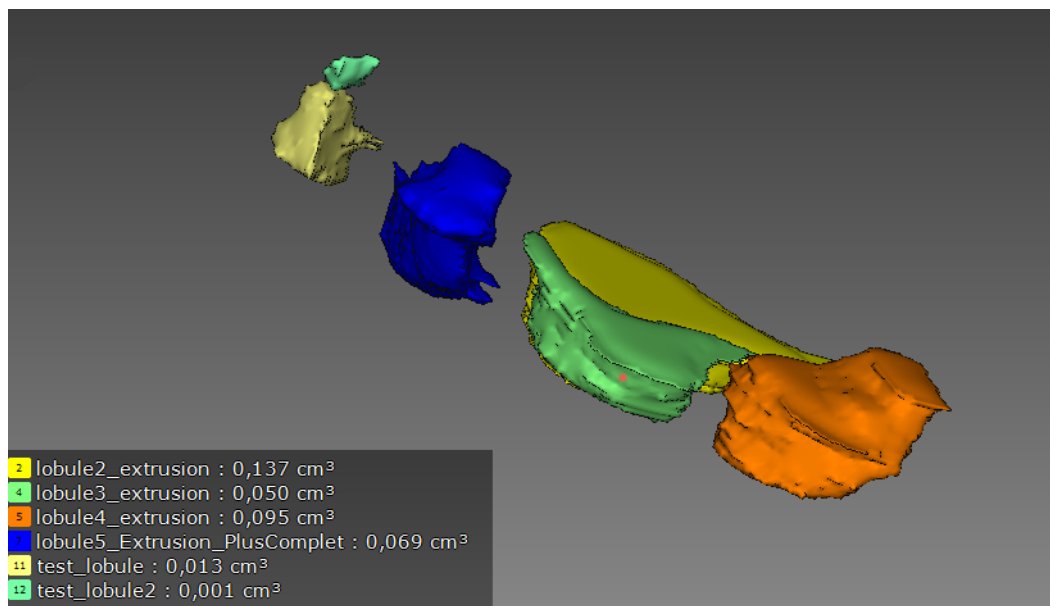
Plusieurs segmentations manuelles ont été réalisées à partir des images 3D  $\mu$ IRM correspondant aux échantillons 1 et 2. Nous avons également testé à travers ces segmentations plusieurs logiciels qui sont Myrian (logiciel commercial), ImageJ et ItkSnap (logiciels domaine public).

#### 6.1.1 Image 1 : $\mu$ IRM de l'échantillon 1

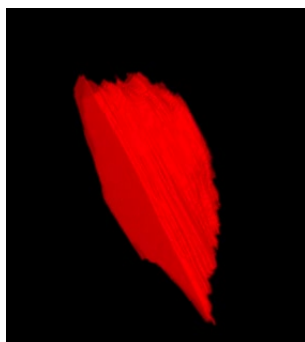
La segmentation de l'image 1 a été réalisée sur ImageJ et sur Myrian. Dans l'image 1, nous avons segmenté, à partir de Myrian, les septa du tissu adipeux sous-cutané (voir figure 28) puis quelques lobules graisseux (voir figure 29). Nous avons également segmenté un lobule sur ImageJ (voir 30).



**Figure 28** – Visualisation volumique de la segmentation manuelle des septa de l'image 1 sur Myrian



**Figure 29** – Visualisation volumique de la segmentation manuelle de quelques lobules de l'image 1 sur Myrian



**Figure 30** – Visualisation volumique de la segmentation manuelle d’un lobule de l’image 1 sur ImageJ

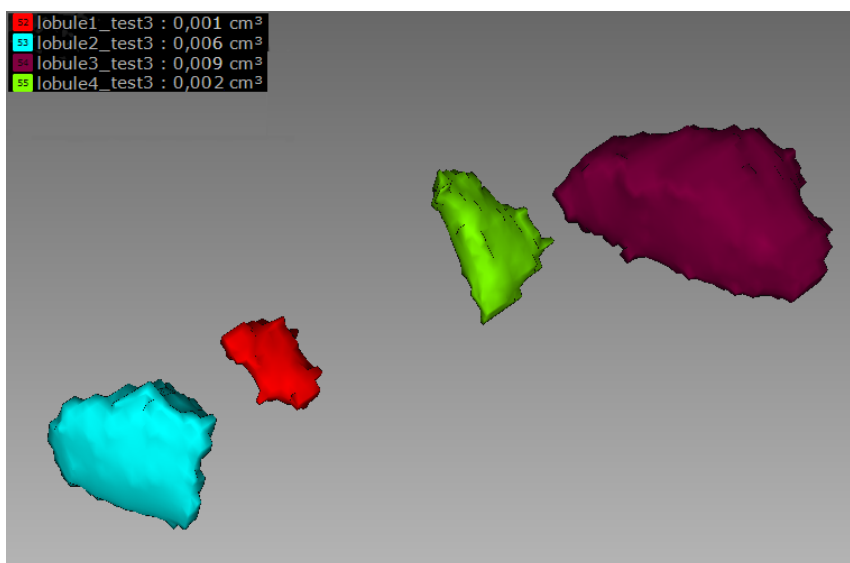
A partir de cette image 3D, nous avons constaté qu’il est très difficile d’obtenir des lobules gras car les septa ne sont pas visibles ou peu contrastés. La figure 30 est un bon exemple pour montrer cette difficulté. En effet, le lobule obtenu sur ImageJ est aplati alors qu’il devrait être globulaire. Ceci montre que nous ne pouvons pas suivre le lobule sur toutes les coupes de l’image et que nous avons sans doute raté une frontière lors de cette segmentation. De plus, le lobule de la figure 30 pourrait correspondre en réalité à plusieurs lobules.

Le décalage chimique présent dans l’image 3D de l’échantillon 1 apporte quelques ambiguïtés. Dans certaines régions où les septa ne sont pas visibles, nous avons observé la présence de traits noirs qui sont dus à ce décalage chimique. Nous nous sommes basés sur certaines délimitations de celui-ci. Cependant, nous ne pouvons pas distinguer les fausses frontières créées par l’artefact de décalage chimique des septa.

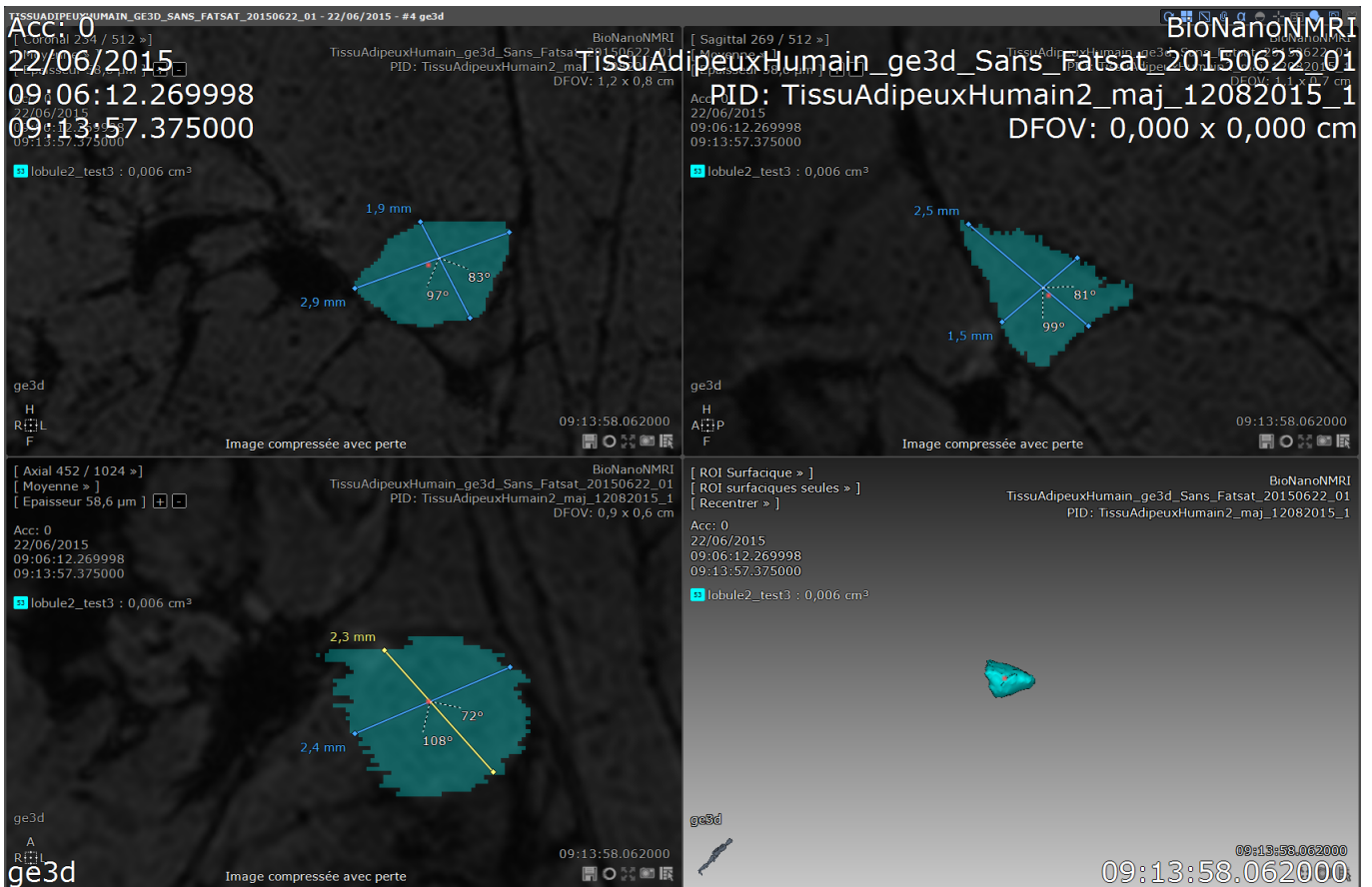
Malgré cette incertitude, nous pouvons nous faire une idée de l’architecture du tissu adipeux même si celle-ci ne paraît pas complète (voir figure 28). Comme nous pouvons l’observer sur cette figure, nous arrivons à voir les emplacements de quelques lobules. Ces emplacements permettent de nous donner une idée sur la forme des lobules. Nous remarquons également que les architectures lobulaires du SAT et du DAT sont différentes. En effet, les lobules du DAT paraissent plus allongés que ceux du SAT.

### 6.1.2 Image 2 : $\mu$ IRM de l’échantillon 2

Ceci amène donc aux segmentations qui ont été réalisées sur l’image 3D  $\mu$ IRM du deuxième échantillon. Cette segmentation a été testée sur Myrian, ImageJ et ItkSnap. Nous avons tout d’abord segmenté plusieurs lobules sur Myrian puis nous avons calculé leur diamètre sur les 3 plans. Des résultats sont présentés ci-dessous (Figures 31, 32 et 34).



**Figure 31** – Visualisation volumique de la segmentation manuelle de quelques lobules de l’image 2 sur Myrian



**Figure 32** – Segmentation manuelle d'un lobule de l'image 2 sur Myrian

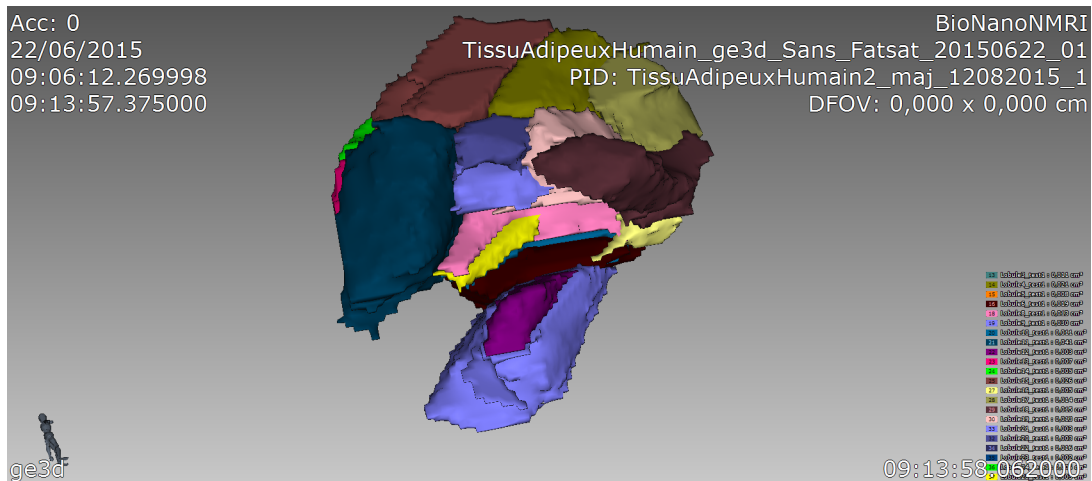
Tout d'abord, nous constatons que les lobules segmentés de l'image 2 (figure 31) sont plus petits en terme de volume que ceux de l'image 1 (figure 29). Ce qui confirme que la plupart des lobules ci-dessus ne sont pas conforme. Pour les lobules supérieurs à 10 mm<sup>3</sup> de la figure ??, il s'agit de plusieurs lobules. Cette différence de volume entre les lobules de l'image 1 et 2 peut s'expliquer par le faite que nous voyons mieux les septa sur l'image 2. Cependant il est encore difficile de pouvoir segmenter manuellement les lobules avec précision. Les septa ne sont pas visibles partout. Leurs paramètres sont notés à la figure 33.

Lobules	Volume en mm <sup>3</sup>	Plan Coronal		Plan Axial		Plan Sagittal	
		Diamètre 1	Diamètre 2	Diamètre 1	Diamètre 2	Diamètre 1	Diamètre 2
1	1	1,4	0,631	1,7	0,741	0,946	1,7
2	6	1,9	2,9	2,3	2,4	2,5	1,5
3	9	2	2,6	3,4	2	4,5	1,8
4	2	1,9	0,911	2,7	1,1	1,1	1,7
<b>Moyenne</b>	<b>4,5</b>	<b>1,80</b>	<b>1,76</b>	<b>2,53</b>	<b>1,56</b>	<b>2,26</b>	<b>1,68</b>

**Figure 33** – Paramètres recueillis à partir des lobules segmentés

A partir de ce tableau, nous remarquons que les lobules ont des tailles variables. Les lobules ont un volume de l'ordre de quelques mm<sup>3</sup>. Cependant, la plupart des valeurs de diamètre de chaque lobule évolue de la même manière ce qui sous-entend que les lobules ont une forme homogène.

Nous avons également segmenté un ensemble de lobules contigus sur Myrian (voir figure 34). Cette segmentation n'est pas parfaite car ces lobules ne sont pas correctement limités sur les trois plans. En observant de plus près certains lobules, nous remarquons que certains correspondent à plusieurs lobules lorsqu'ils sont observés sur un des plans.



**Figure 34** – *Visualisation volumique d'un ensemble de lobules contigus sur Myrian*

Nous pouvons en conclure que l'image 3D  $\mu$ IRM de l'échantillon 2 a une meilleure qualité que celle de l'échantillon 1 pour la segmentation des lobules graisseux. Cependant celle-ci ne permet pas encore de pouvoir segmenter correctement les lobules graisseux.

Ces différentes segmentations nous ont permis de pouvoir faire un bilan sur les avantages et les inconvénients de chaque logiciel utilisé pour la segmentation manuelle (voir annexes 4 et 5).

## 6.2 Segmentation (semi-)automatique

La segmentation manuelle en général reste une méthode plutôt lente pour son utilisateur. Pour le cas des lobules graisseux, il y a une difficulté à délimiter tous les septa. Nous avons donc testé différentes méthodes de segmentations (semi-)automatiques. Le but étant d'extraire des lobules graisseux rapidement et de manière reproductible, c'est à dire qu'ils font appels le moins possible à l'utilisateur.

### 6.2.1 Généralités sur les méthodes de segmentation

Nous allons faire un petit rappel sur les méthodes de segmentations. La segmentation correspond à la division d'une image en plusieurs entités.

Il existe deux grandes familles de méthodes de traitement d'images pour la segmentation 2D ou 3D.

La première famille rassemble les méthodes de segmentation dites de "région". Ces techniques vont donc se focaliser sur les différentes régions (ensemble d'intensités) qui permet de définir à quelle région appartient un voxel. Ces techniques de segmentations fonctionnent bien dans le cas où on veut étudier une région d'intensité homogène.

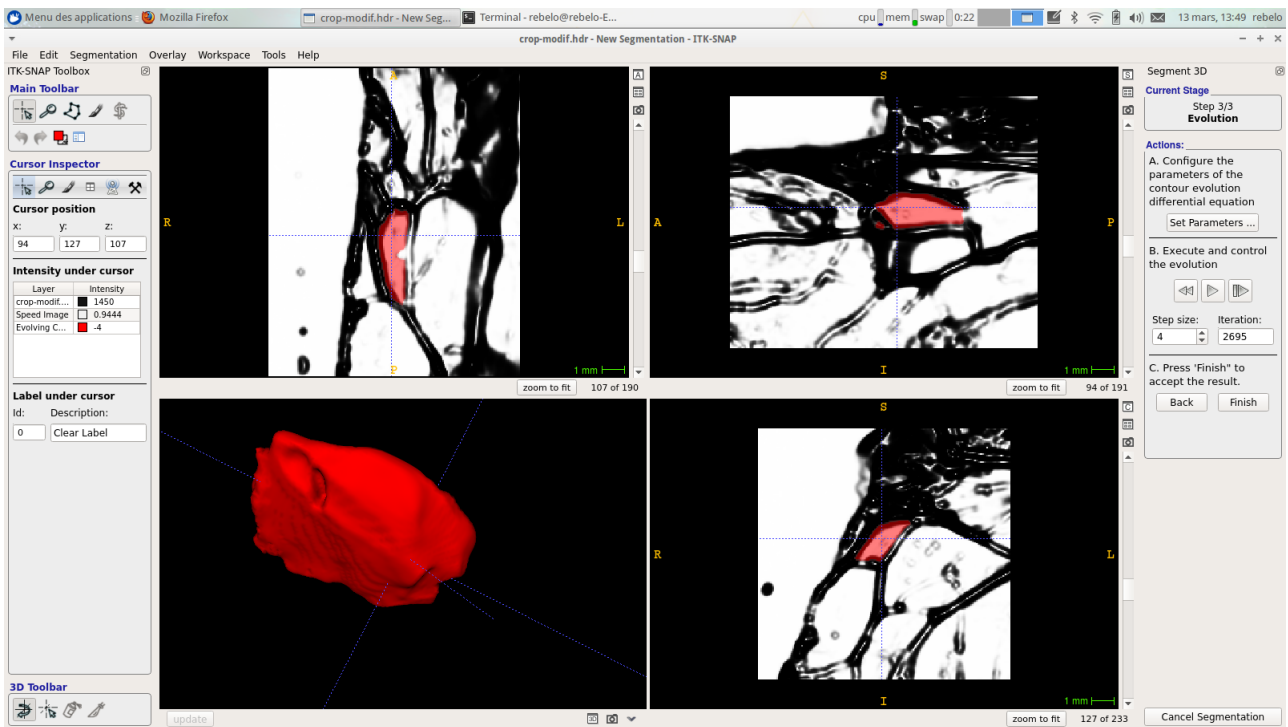
La deuxième famille correspond aux techniques de segmentation dites de "frontière". Contrairement à la première catégorie, celles-ci vont s'intéresser à délimiter les limites des zones. Ces méthodes sont plutôt fondées sur les discontinuités d'intensité ou de signal de l'image et peuvent donc délimiter des régions qui ont une intensité comparable.

### 6.2.2 Méthodes automatiques testées pour la segmentation de lobules

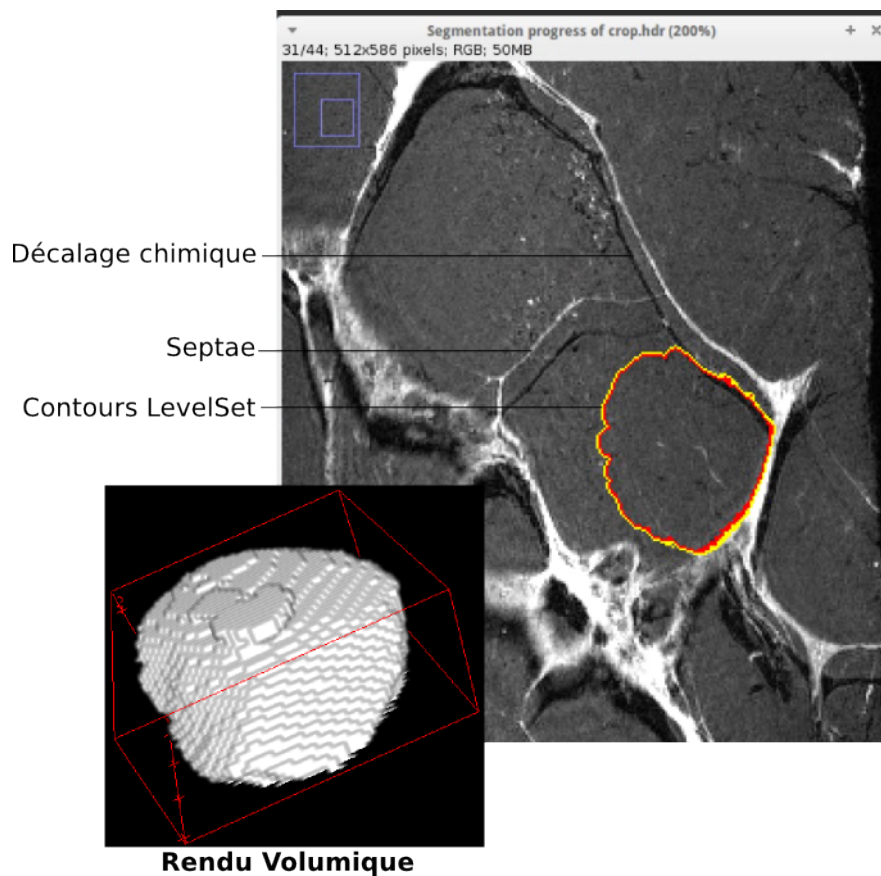
#### 6.2.2.a Levelset

Dans un premier temps, nous avons recherché et testé les méthodes proposées par des logiciels comme ImageJ et ItkSnap. Une des méthodes qui a été testée est le LevelSet qui est une méthode se basant sur les frontières. Cette méthode a pour principe de faire croître une région définie par l'utilisateur jusqu'à que celle-ci vienne se plaquer sur les contours. L'évolution de la croissance de la région est contrôlée par des méthodes mathématiques jouant sur les propriétés de l'image. Ainsi, plus celle-ci va s'approcher des contours moins vite elle se développera. Dans le cas de nos images 3D, c'est

une méthode qui peut donner de bons résultats car les images 1 et 2 ne sont pas homogènes. Des résultats sont présentés ci-dessous.

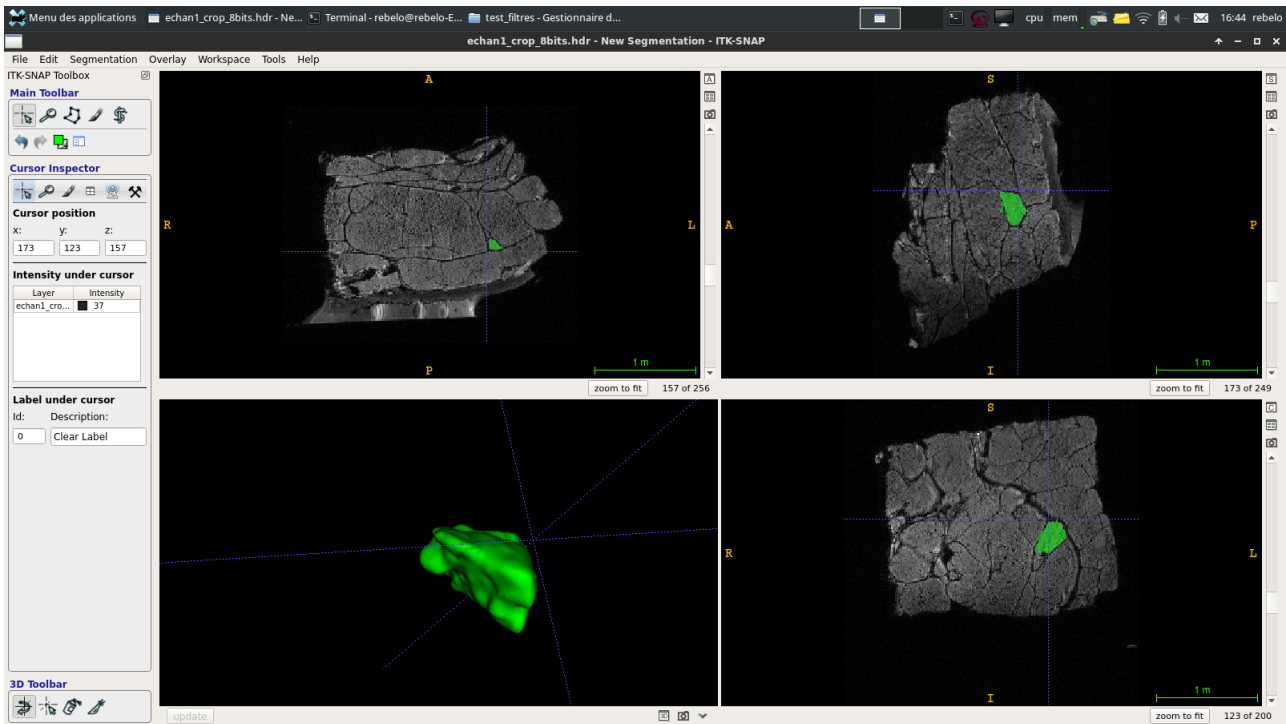


**Figure 35** – Levelset de ItkSnap effectué sur un lobule de l'acquisition de l'échantillon 1



**Figure 36** – Levelset de ImageJ effectué sur un lobule de l'acquisition de l'échantillon 1





**Figure 37** – Levelset de ItkSnap effectué sur un lobule de l'acquisition  $\mu$ IRM de l'échantillon 2

Pour pouvoir observer des résultats rapidement sur ImageJ, nous avons été obligés de travailler sur une portion réduite de l'image. Sur la figure 36, nous remarquons que certains septa n'ont pas été pris en compte par cette méthode à cause de leur manque de visibilité. De plus, nous constatons que le décalage chimique est considéré comme une limite.

Le levelSet proposé par ItkSnap donne de bien meilleurs résultats que ceux de ImageJ (figure 35 et 37). Cette différence peut être expliquée par le fait que cette méthode est contrôlée par l'utilisateur durant l'exécution. Les différents paramètres peuvent être contrôlée en temps réel et être mis en pause ou en arrêt à n'importe quel instant. Pour notre cas, les segmentations effectuées ne sont pas parfaites car il y a des septa qui sont peu contrastés ce qui provoque assez rapidement un débordement de la région (= dépasse les contours).

### 6.2.2.b Enveloppe convexe

Nous avons développé une méthode de segmentation semi-automatique d'un lobule. Elle se fonde sur un plugin ImageJ que nous avons programmé suivi d'une fonction proposée par Meshlab. L'objectif de cette méthode est d'extraire dans un premier temps un nuage de points qui correspond au limites d'un lobule graisseux.

L'algorithme du plugin suit ces différentes étapes :

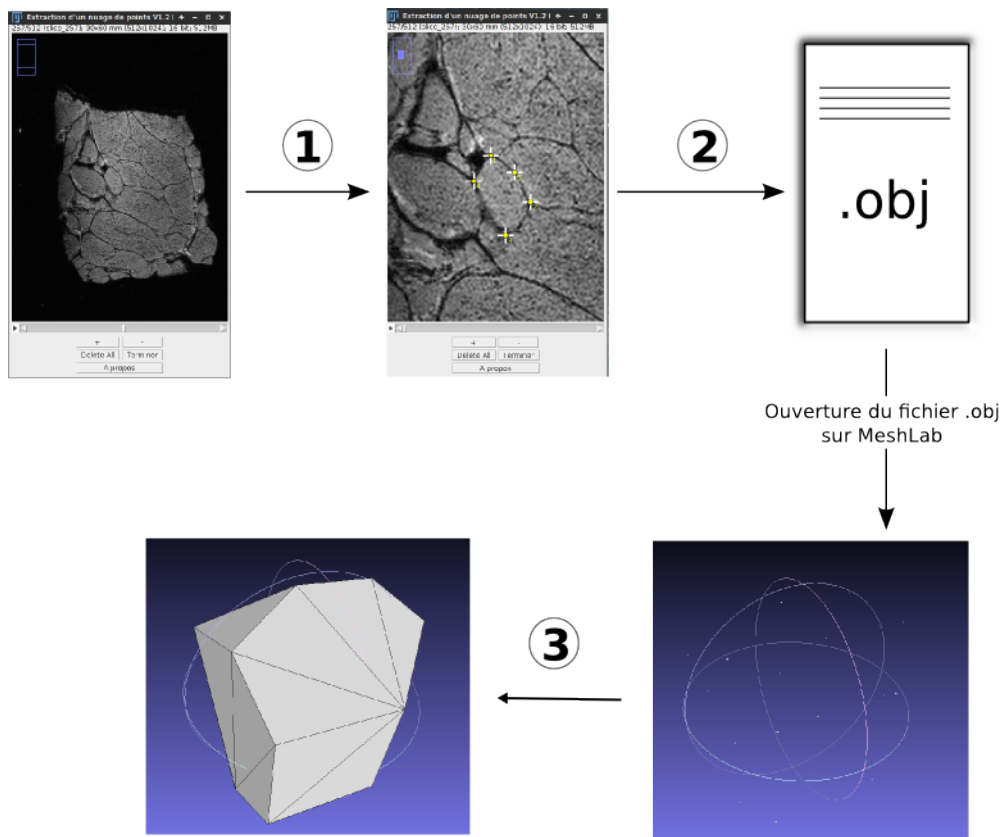
1. Chargement de l'interface. Celle-ci va être rattachée à notre image. Plusieurs fonctions sont disponibles sous la forme de boutons. Les boutons "+" et "-" correspondent à l'ajout et la suppression d'un point. Le bouton "tout supprimer" permet de supprimer tous les points qui ont été sélectionnés par l'utilisateur. Et le bouton "terminer" permet d'exporter la sélection dans un fichier .obj.
2. Sélection des points par l'utilisateur (figure 38, N.1).
3. Conversion de la sélection de points en .obj (figure 38, N.2).

Après obtention du fichier au format .obj<sup>17</sup>, nous allons extraire l'enveloppe convexe de l'ensemble de points avec le logiciel MeshLab (figure 38, N.3).

17. Le format OBJ appelé aussi WaveFront dans certains logiciels est une format contenant des informations d'un objet 3D [24]

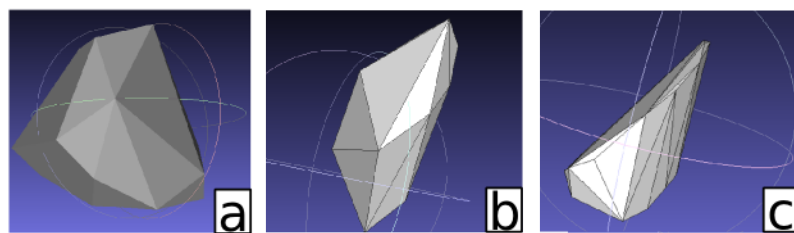
Par définition, l'enveloppe convexe d'un ensemble de points est la frontière du plus petit domaine convexe contenant ces points. Schématiquement dans un espace 3D, cela correspond à un ballon qui se dégonfle jusqu'à être en contact avec tous les points qui sont à la surface de l'enveloppe convexe [25].

Sur Meshlab, une fonction est disponible pour faire des enveloppes convexes (Filters -> Remeshing, Simplification and Reconstruction -> convex hull).



**Figure 38** – Principe de la méthode semi-automatique employant des enveloppes convexes

L'avantage de cette méthode est qu'elle permet d'extraire en quelques minutes des lobules provenant d'une image 3D quelconque. Il faut compter en moyenne une trentaine de points pour obtenir un résultat intéressant. Un résultat est présenté ci-dessous (voir figure 39).



**Figure 39** – Segmentation de lobules à partir des images 3D étudiées. Les lobules proviennent chacun d'une image 3D appartenant aux échantillons 1 (a) , 2 (b) et 3 (c)

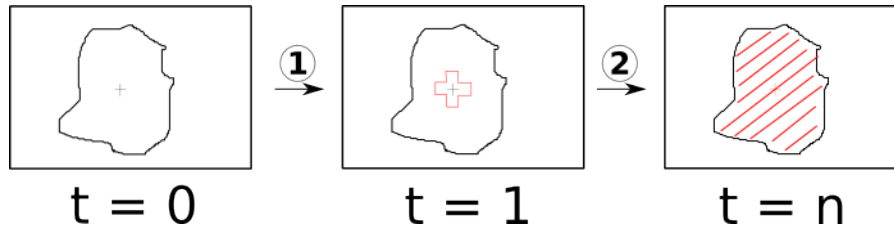
Cette méthode permet de donner une idée de la forme d'un lobule. Plus l'utilisateur sélectionnera de points pour segmenter un lobule plus la segmentation sera précise.

### 6.2.2.c Croissance de régions

Contrairement aux méthodes précédentes qui segmentaient un seul lobule, nous avons commencé à développer une méthode automatique permettant d'extraire plusieurs lobules en même temps. L'idée est qu'en essayant de segmenter des lobules contigus en même temps, on pourra extrapoler leur frontière

même si leurs septa ne sont pas bien visible. Cette méthode a été testée seulement sur l'image 3D  $\mu$ IRM de l'échantillon 2.

Cette méthode a pour principe de faire croître une région à partir d'un voxel grain en fonction de certaines contraintes de voisinage. Pour cela, chaque voxel déjà inclus dans la région va vérifier que ses voisins n'appartiennent pas aux intensités d'un septa puis va les sélectionner. Tant qu'il y a des voisins sélectionnés, l'action est répétée.

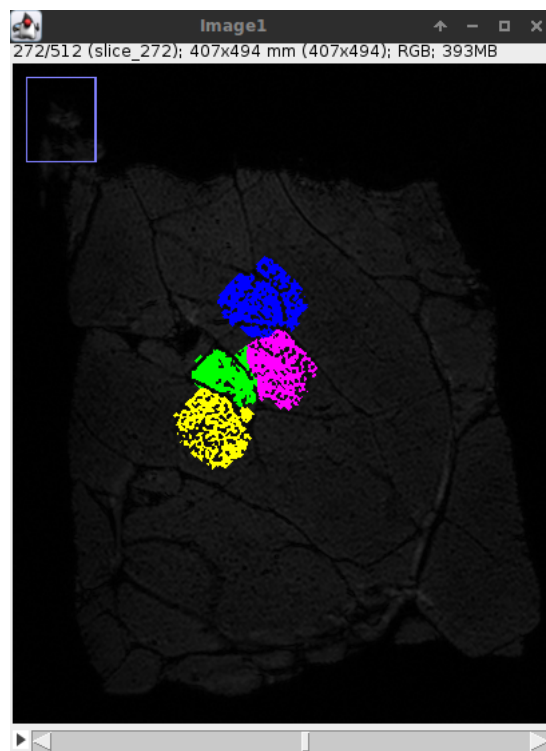


**Figure 40** – Principe d'une croissance de régions. En (1), le voxel de départ appelé voxel graine va regarder ses voisins et les sélectionner s'ils respectent les bonnes conditions. En (2), l'action en (1) est répétée pour chaque nouveau voxel. Tant qu'il y a des nouveaux voxels on continue sinon on s'arrête.

L'idée ici est d'exploiter cette méthode en intégrant plusieurs régions à la fois. Le but étant que chaque région qui se développe rejoint une autre région le long des septa même s'ils ne sont pas visible. Pour cela, nous avons développé un plugin ImageJ.

L'algorithme suit le plan suivant :

1. Choisir le nombre de régions à créer.
2. Placement d'un voxel graine en entrant ses coordonnées x, y, z pour chaque région.
3. Pour chaque voxel de chaque région, on recherche ses voisins dans un espace 6-voisinage 3D. Si un de ces voisins à une intensité ne correspondant pas aux septa, il est sélectionné et enregistré pour la prochaine itération. Les voxels qui recherchent leur voisins pendant l'itération en cours sont colorés à la fin du cycle.
4. L'étape précédente est répétée tant qu'il y a des nouveaux voxels.



**Figure 41** – Résultats d'une croissance de régions multi-région sur l'image 2

En comparant les résultats obtenus (figure 41), la méthode actuelle ne permet pas de répondre à notre problématique car beaucoup de septa sont incomplets. Celle-ci serait efficace dans le cas où l’acquisition est de meilleure qualité.

### 6.3 Comparaison des méthodes

Nous avons pu comparer les différents résultats obtenus avec la segmentation manuelle (voir figure 42).

	Lobule 1	Lobule 2	Lobule 3	Lobule 4	Lobule 5	Lobule 6
Segmentation manuelle (en mm <sup>3</sup> )	9,94	9,66	3,34	12,07	3,53	13,01
Segmentation par les enveloppes convexes (en mm <sup>3</sup> )	10,67	12,00	10,666662	15,333345	4,666667	26,000002
Taux erreur (%)	7,30	24,19	219,12	26,99	32,13	32,13
Segmentation LevelSet de ItkSnap (en mm <sup>3</sup> )	x	x	2,934673	11,429183	3,35445	x
Taux erreur (%)	x	x	-12,20	-5,34	-5,02	x

**Figure 42** – *Comparaison des méthodes (semi-)automatiques avec méthodes manuelles*

Les lobules qui ont été comparés ici proviennent de l’image 3D  $\mu$ IRM de l’échantillon 2. Nous avons testé pour chacun de ces lobules, chacune des méthodes semi-automatiques sauf celle qui correspond à la croissance de région. Le volume de chaque lobule issu de la segmentation manuelle est une moyenne qui a été calculé à partir d’une segmentation faite sur ImageJ et une sur ItkSnap. Nous constatons dans la plupart des cas que le volume trouvé lors d’un levelset sur ItkSnap est plus petit que le volume théorique (taux d’erreur compris entre -5 et -12 %). Pour la méthode employant les enveloppes convexes, nous obtenons des volumes plus élevés (+28 %) que celles de la segmentation manuelle. Ainsi nous pouvons en conclure que le levelset est plus fiable que la méthode des enveloppes convexes pour déterminer le volume d’un lobule. Cependant le levelset ne fonctionne pas dans tout les cas. Ceci est dû à un débordement trop rapide. La méthode des enveloppes convexes présente donc un avantage au levelset car il permet de pouvoir extraire les lobules plus facilement car c’est l’utilisateur qui définit les points. Cependant l’enveloppe convexe demande beaucoup plus d’interactions avec l’utilisateur que le levelset. Elle est également basée sur un seul plan contrairement au levelset de ItkSnap ce qui peut expliquer le taux d’erreur élevé.

## 7 Proposition d'une modélisation de l'architecture du CPTSC

Dans les chapitres précédents, nous avons segmenté les lobules un à un. Ici, nous allons nous intéresser à un ensemble de lobules contigus dans le but de voir leur organisation au sein du CPTSC et de pouvoir valider le modèle géométrique proposé par [Herlin et al., 2014].

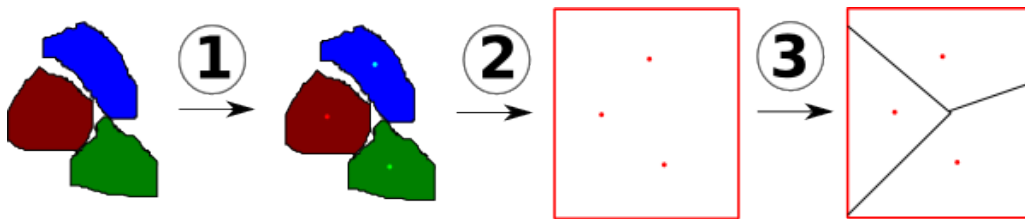
Nous avons développé une approche permettant de modéliser cette architecture lobulaires en cellules de voronoï à partir d'un ensemble de lobules segmentés. Ce type d'architecture est appelé "*diagramme de voronoï*". Un diagramme de voronoï est composé d'un ensemble de points qui vont grossir en même temps en constituant chacun une région circulaire. Lors de la rencontre de deux régions, une limite va se former à partir de la médiatrice des deux points mis en relation. Quand toutes les régions ont finis de croître, on obtient un découpage de la zone étudiée. Chaque zone correspond à une cellule de voronoï [28].

### 7.1 Algorithme de modélisation du CPTSC

J'ai décidé de travailler sur Blender<sup>18</sup> qui comme ImageJ permet de faire des Plugins. La différence est que ces plugins ou "*addons*" sont codés en Python.

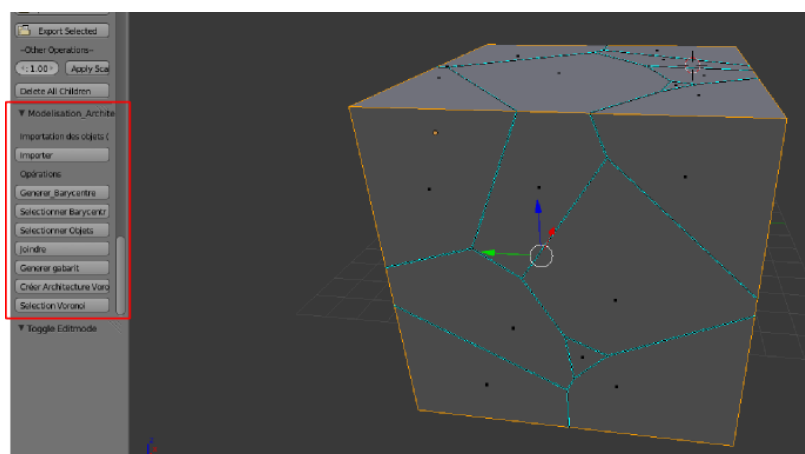
L'algorithme choisi sera le suivant :

1. Importation des fichiers .obj correspondant aux surfaces des lobules segmentés.
2. Calcul des barycentres et définition d'une zone limite via un cube (figure 43, N. 1 et N. 2).
3. Modélisation en cellules de voronoï à partir de l'addon "Cell Fracture" et des barycentres générés (figure 43, N. 3).



**Figure 43** – Schéma montrant le déroulement de l'addon Blender créé (vision 2D)

Après avoir appliqué cet algorithme, nous obtenons un cube composé de plusieurs cellules de voronoï. L'utilisateur doit à partir de cela, supprimer certaines faces pour voir l'intérieur. L'algorithme permet également de faire un affichage avec ou sans les lobules graisseux dans la modélisation.



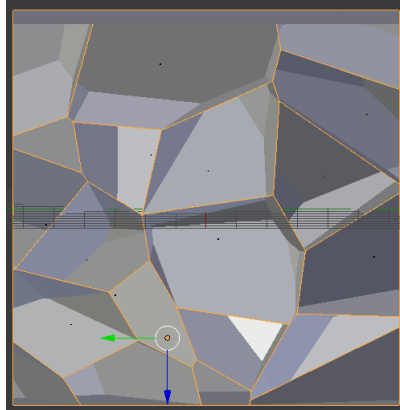
**Figure 44** – Résultat final de l'addon Blender

**Figure 44** – Résultat final de l'addon Blender

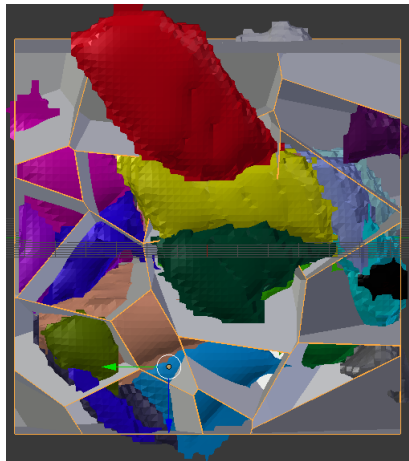
18. Logiciel libre de modélisation 3D [26]

## 7.2 Résultats/Discussion

A partir de cet objet brut (figure 44), nous pouvons faire ressortir l'architecture du CPTSC en cellules de voronoï. Des résultats sont présentés ci-dessous.



**Figure 45** – *Visualisation sur Blender de la modélisation en voronoï sans les lobules graisseux*



**Figure 46** – *Visualisation sur Blender de la modélisation en voronoï avec les lobules graisseux*

A partir de la figure 45, nous pouvons observer l'architecture voronoï qui a été modélisée. Ce type de modèle va permettre notamment de pouvoir valider ou non l'homogénéité des lobules. Ici nous nous sommes basés sur les lobules vus à la figure 34. Il faut préciser que les lobules utilisés ne sont pas segmentés parfaitement. Ceci a donc un impact sur l'organisation de cette architecture. La validation pourra donc être validé si l'ensemble des lobules est bien segmentés sur les 3 plans.

Cependant, ce résultat nous permet de dire qu'il est possible de confirmer ou non le modèle proposé par [Herlin et al., 2014]. En effet, en ajoutant les lobules à cette architecture, nous pouvons constater que les lobules ne rentrent pas dans les cellules de voronoï (figure 46). Plusieurs explications sont possible.

La première est liée à la qualité de la segmentation. Si un lobule par exemple correspond en réalité à plusieurs lobules alors son barycentre est faux et donc à un impact sur la formation des cellules de voronoï. De plus, le groupement de lobules qui a été segmenté n'est pas correctement répartis. En effet, il manque certains lobules en périphérie lorsque nous définissons notre zone limite (=cube). Ceci provoque donc un décalage dans la modélisation en voronoï.

Le deuxième explication pourrait venir du fait que le modèle proposé par [Herlin et al., 2014] ne permet pas de tenir compte de l'inhomogénéité de certains lobules. Cependant il semble que cette méthode est la plus aboutie à l'heure actuelle pour partitionner l'espace du tissu adipeux en cellules dont la morphologie avoisine celle des lobules. Une adaptation du modèle voronoïde serait intéressante à développer pour améliorer ce modèle dans des zones où il existe une grande variabilité de la morphologie

des lobules.

De plus, il ne faut pas oublier que notre étude a été réalisée à partir d'un nombre restreint d'échantillon au niveau du genou. Une étude in-vivo sur le corps entier en prenant compte des variabilités inter-individuelles semblent être nécessaire avant d'explorer une autre méthodologie.

## 8 Conclusion et perspectives

Pour conclure, beaucoup de travaux ont été effectués à travers ce stage pour étudier le CPTSC allant de l'analyse des acquisitions jusqu'à l'étude de certaines de ses sous-structures.

Deux échantillons localisés au niveau du genou ont été étudiés à partir de la  $\mu$ IRM et la  $\mu$ CT. Les images 3D obtenus à partir de la  $\mu$ IRM permettent d'observer les différentes sous-structures du tissu adipeux (septa + lobules) avec plus ou moins de précision.

L'acquisition en  $\mu$ CT est également une méthode qui permet la visualisation des septa et des lobules graisseux. Cette image 3D n'a pas pu être étudiée dans son intégralité donc il y a une importance de poursuivre cette analyse dans la suite de cette étude pour voir si ce type de modalité permet d'apporter des informations supplémentaire sur le CPTSC.

A partir des images 3D étudiées, nous avons pu testé des filtres permettant d'améliorer leur qualité. Les filtres rehausseur de contours étant les mieux adaptés à notre cas.

Une méthode via un plugin ImageJ a également été mis en place pour pouvoir étudier des portions de grandes images à haute résolution. Une prochaine étude qui pourrait être intéressant de faire est de pouvoir appliquer des techniques de segmentations sur ces grandes images en faisant du bloc par bloc. En effet, l'étude du fœtus a été étudiée que sur des portions à pleine résolution. L'idée ici serait de pouvoir à partir des zones étudiées de faire une segmentation du fœtus en totalité à pleine résolution.

Des segmentations manuelles ont été effectués sur les images  $\mu$ IRM dans le but d'extraire des lobules graisseux. Les images actuelles ne permettent pas de pouvoir segmenter les lobules parfaitement d'où l'utilité de trouver un bon protocole d'acquisition. Cependant ces premières segmentations ont permis de voir que les lobules ont une forme similaire mais des tailles de volumes différentes.

Des techniques de segmentations (semi-)automatique ont également été mis en place pour pouvoir segmenter plus rapidement et de manière reproductible les lobules graisseux. Les techniques actuelles peuvent être encore améliorées dans le but d'obtenir une meilleure précision.

Pour la méthode des enveloppes convexes, l'idée qui serait intéressante à faire est de pouvoir adapter l'algorithme actuelle sur 3 plans au lieu d'un seul ce qui permettrait à l'utilisateur de mieux segmenter un lobule.

La méthode du levelSet proposée sur ItkSnap est une bonne méthode pour pouvoir segmenter les lobules graisseux. Celle-ci pourrait être plus performante si les images 3D étaient de meilleures qualité.

La région de croissance ne fonctionne pas actuellement pour les images 3D  $\mu$ IRM étudiées. Cependant celle-ci pourrait être améliorée de différentes façons. La première idée serait de combiner celle-ci avec une méthode de segmentation de frontières dans le but de mieux contrôler l'évolution des différentes régions. Une seconde idée qui pourrait être mis en place serait de lisser les différentes régions à certaines itérations de manière à mieux gérer les débordements.

Actuellement, les techniques de segmentation (semi-)automatique ont été appliquées à chaque fois sur une seule image 3D. Une approche qui pourrait améliorer ces segmentations serait de combiner les informations de deux images 3D d'un même échantillon ayant des modalités différentes.

Une méthode de modélisation de l'architecture lobulaire à partir d'une segmentation a également été développé pour pouvoir vérifier le modèle de [Herlin et al., 2014]. Les résultats ne permettent pas cependant de valider ou non ce modèle car il y a beaucoup de paramètres à prendre en considération. Il y a donc nécessité de faire des tests sur d'autres régions du corps ou sur le corps en totalité.



## 9 Bibliographie

### Articles scientifiques

---

- [Antón Castro et al., 1998] Antón Castro, F., Mioc, D., and Gold, C. M. (1998). Dynamic additively weighted Voronoi diagrams made easy. In *Proceedings of The Tenth Canadian Conference on Computational Geometry*, pages 92–93.
- [Barral et al., 2010] Barral, J. K., Bangerter, N. K., Hu, B. S., and Nishimura, D. G. (2010). In vivo high-resolution magnetic resonance skin imaging at 1.5 T and 3 T. *Magnetic Resonance in Medicine*, 63(3) :790–796.
- [Captier et al., 2011] Captier, G., Subsol, G., Lebrun, R., Meyer, F., Gory, J., and Canovas, F. (2011). Dissection foetale virtuelle par micro tomodensitométrie. *93e Congrès de l'Association des Morphologistes, Rouen (France). Abstract published in Morphologie, 95, p. 102–103.*
- [Chung et al., 2009] Chung, H., Cobzas, D., Birdsell, L., Lieffers, J., and Baracos, V. (2009). Automated segmentation of muscle and adipose tissue on CT images for human body composition analysis. In *SPIE Medical Imaging*, pages 72610K–72610K. International Society for Optics and Photonics.
- [Denis et al., 2008] Denis, A., Loustau, O., Chiavassa-Gandois, H., Vial, J., de Ribes, C. L. C., Railhac, J. J., and Sans, N. (2008). IRM haute résolution de la peau : aspects normaux. *Journal de Radiologie*, 89(7) :873–879.
- [Guldberg et al., 2004] Guldberg, R. E., Lin, A. S., Coleman, R., Robertson, G., and Duvall, C. (2004). Microcomputed tomography imaging of skeletal development and growth. *Birth Defects Research Part C : Embryo Today : Reviews*, 72(3) :250–259.
- [Herlin, 2014] Herlin, C. (2014). *Modélisation et simulation du comportement du complexe peau – tissu sous-cutané en chirurgie plastique d’augmentation tissulaire*. PhD thesis, University of Montpellier II, France.
- [Herlin et al., 2015] Herlin, C., Chica-Rosa, A., Subsol, G., Gilles, B., Macri, F., Beregi, J. P., and Captier, G. (2015). Three-dimensional study of the skin/subcutaneous complex using in vivo whole body 3t MRI : review of the literature and confirmation of a generic pattern of organization. *Surgical and Radiologic Anatomy*.
- [Herlin et al., 2014] Herlin, C., Gilles, B., Subsol, G., and Captier, G. (2014). Generic 3d geometrical and mechanical modeling of the skin/subcutaneous complex by a procedural hybrid method. In *Biomedical Simulation*, pages 173–181. Springer.
- [Judex et al., 2010] Judex, S., Luu, Y., Ozcivici, E., Adler, B., Lublinsky, S., and Rubin, C. (2010). Quantification of adiposity in small rodents using micro-CT. *Methods*, 50(1) :14–19.
- [Khan et al., 2010] Khan, M. H., Victor, F., Rao, B., and Sadick, N. S. (2010). Treatment of cellulite. *Journal of the American Academy of Dermatology*, 62(3) :361–370.
- [Marchadier et al., 2011] Marchadier, A., Vidal, C., Tafani, J.-P., Ordureau, S., Lédée, R., and Léger, C. (2011). Quantitative CT imaging for adipose tissue analysis in mouse model of obesity. In *SPIE Medical Imaging*, pages 79632O–79632O. International Society for Optics and Photonics.
- [Mirrashed et al., 2004] Mirrashed, F., Sharp, J. C., Krause, V., Morgan, J., and Tomanek, B. (2004). Pilot study of dermal and subcutaneous fat structures by MRI in individuals who differ in gender, BMI, and cellulite grading. *Skin Research and Technology*, 10(3) :161–168.
- [Nakajima et al., 2004] Nakajima, H., Imanishi, N., Minabe, T., Kishi, K., and Aiso, S. (2004). Anatomical study of subcutaneous adipofascial tissue : a concept of the protective adipofascial system (PAFS) and lubricant adipofascial system (LAFS). *Scandinavian Journal of Plastic and Reconstructive Surgery and Hand Surgery*, 38(5) :261–266.
- [Querleux, 2014] Querleux, B. (2014). Multimodal Magnetic Resonance Imaging of the Human Skin. In Berardesca, E., Maibach, H. I., and Wilhelm, K.-P., editors, *Non Invasive Diagnostic Techniques in Clinical Dermatology*, pages 169–176. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg.

- [Querleux et al., 2002] Querleux, B., Cornillon, C., Jolivet, O., and Bittoun, J. (2002). Anatomy and physiology of subcutaneous adipose tissue by in vivo magnetic resonance imaging and spectroscopy : relationships with sex and presence of cellulite. *Skin Research and Technology*, 8(2) :118–124.
- [Wan et al., 2002] Wan, S.-Y., Ritman, E. L., and Higgins, W. E. (2002). Multi-generational analysis and visualization of the vascular tree in 3d micro-CT images. *Computers in Biology and Medicine*, 32(2) :55–71.

## Autres

---

- [1] Schéma de la peau, consulté le 10/08/2015. <http://www.savoirs.essonne.fr/sections/ressources/dessins-schemas/photo/schema-de-la-peau/?cHash=94a809101c3e9929204d700423bb6d4f>.
- [2] Notion sur la Peau, consulté le 10/08/2015. <https://fr.wikipedia.org/>.
- [3] Schéma de l'hypoderme, consulté le 10/08/2015. [http://s3.e-monsite.com/2011/01/09/08/resize\\_550\\_550//schema\\_hypoderme1.gif](http://s3.e-monsite.com/2011/01/09/08/resize_550_550//schema_hypoderme1.gif).
- [4] Biologie de la peau, consulté le 10/08/2015. <http://biologiedelapeau.fr/spip.php?article28>.
- [5] Description du tissu adipeux, consulté le 10/08/2015. <http://www.poly-prepas.com/images/files/UE2%20chapitre%205-Le%20tissu%20adipeux.pdf>.
- [6] Le vieillissement physiologique ou sénescence , consulté le 10/08/2015. <http://papidoc.chic-cm.fr/580vieilliphysio.html>.
- [7] vieillissement normal, consulté le 10/08/2015. [http://www.medecine.ups-tlse.fr/dcem3/module05/54\\_poly\\_vieillissement\\_1.pdf](http://www.medecine.ups-tlse.fr/dcem3/module05/54_poly_vieillissement_1.pdf).
- [8] Article sur Adipocyte avec notion sur le vieillissement, consulté le 10/08/2015. <http://www.healthandfood.fr/article/1580/show>.
- [9] Présentation de l'IRM, consulté le 10/08/2015. [http://chimie.sup.pagesperso-orange.fr/IRM.html#\\_Toc72577774](http://chimie.sup.pagesperso-orange.fr/IRM.html#_Toc72577774).
- [10] Présentation de l'IRM et du Scanner, consulté le 10/08/2015. <http://www.espace-sciences.org/archives/science/20269.html>.
- [11] Données sur la  $\mu$ CT et la  $\mu$ IRM des équipes qui ont participé aux acquisitions, p64 et 72, consulté le 10/08/2015. [http://www.biocampus.cnrs.fr/images/stories/Journees\\_BCM/Posters\\_BCM\\_2012.pdf](http://www.biocampus.cnrs.fr/images/stories/Journees_BCM/Posters_BCM_2012.pdf).
- [12] Notions sur la  $\mu$ IRM, consulté le 10/08/2015. [https://en.wikipedia.org/wiki/Preclinical\\_imaging#Micro-MRI](https://en.wikipedia.org/wiki/Preclinical_imaging#Micro-MRI).
- [13] Description de la  $\mu$ CT localisée à la faculté de science de Montpellier, consulté le 10/08/2015. <http://www.mri.cnrs.fr/index.php?m=18&i=80>.
- [14] Definition DICOM, consulté le 11/08/2015. <http://medical.nema.org/medical/dicom/current/output/pdf/part01.pdf>.
- [15] Référence de Lebrun Arnaud, consulté le 11/08/2015. <http://www.isem.univ-montp2.fr/recherche/equipes/paleontologie/personnel/lebrun-renaud/>.
- [16] Definition RAW, consulté le 11/08/2015. [https://fr.wikipedia.org/wiki/RAW\\_%28format\\_d%27image%29](https://fr.wikipedia.org/wiki/RAW_%28format_d%27image%29).
- [17] Liste fonction package ImageJ, consulté le 11/08/2015. <http://rsb.info.nih.gov/ij/developer/api/index-all.html>.
- [18] Exemple plugin ImageJ, consulté le 11/08/2015. <http://rsb.info.nih.gov/ij/plugins/>.
- [19] Cours traitements d'images, consulté le 12/08/2015. <http://www.i3s.unice.fr/~mh/RR/2004/RR-04.05-D.LINGRAND.pdf>.
- [20] Cours traitements d'images2, consulté le 12/08/2015. <http://xmcvs.free.fr/astroart/Chapitre4.pdf>.

- [21] Matrice de convolution, consulté le 12/08/2015. <http://docs.gimp.org/fr/plugin-convmatrix.html>.
- [22] Cours traitements d'images3, consulté le 12/08/2015. [http://www.sites.univ-rennes2.fr/arts-spectacle/cian/image\\_numFlash/pdf/chap5\\_tout52.pdf](http://www.sites.univ-rennes2.fr/arts-spectacle/cian/image_numFlash/pdf/chap5_tout52.pdf).
- [23] Détails fonction Min, consulté le 13/08/2015. <http://imagejdocu.tudor.lu/doku.php?id=gui:process:math>.
- [24] Définition format OBJ, consulté le 18/08/2015. [https://fr.wikipedia.org/wiki/Objet\\_3D\\_%28format\\_de\\_fichier%29](https://fr.wikipedia.org/wiki/Objet_3D_%28format_de_fichier%29).
- [25] Définition Enveloppe Convexe, consulté le 20/08/2015. [https://fr.wikipedia.org/wiki/Ensemble\\_convexe](https://fr.wikipedia.org/wiki/Ensemble_convexe).
- [26] Site officiel de Blender, consulté le 18/08/2015. <https://www.blender.org/>.
- [27] Site officiel de MeshLab, consulté le 18/08/2015. <http://meshlab.sourceforge.net/>.
- [28] Définition d'un diagramme de voronoï, consulté le 20/08/2015. <http://www.dlegland.fr/maths/voronoi.html>.

10 Annexes

10.1 Annexe 1

### Fiche de passage IRM *ex vivo* tissus adipeux humain


**Date de l'IRM :** 24/11/2014

**Titre :** Human-ex vivo-skin

**Numéro du run :** 02

**Code de l'échantillon :** Human-1

**Expérimentateurs :** Corinne Lautier + Christophe Goze-Bac

**Position sur le banc d'essai :** 7.3 cm 

**Transfert du tissu dans la solution de Gado 0.5% (mlnl 48h avant l'IRM)**  
(19.9 ml de PBS 0.1M NaCl + 0.1 ml de Dotarem à 0.5 mmol/ml)

**Date transfert Gadolinium :** 18/11/14 **Heure :** 12h15

**Transfert du tissu dans la solution de Fluoroierce avant run IRM**

**Date transfert Fluorierce :** 24/11/14 **Heure :** 18h00

**Rinçage rapide du tissu dans la solution de PBS IX**  
(3 messages rapides au PBS IX + transfert dans solution d'origine)

**Date message PBS IX :** 25/11/14 **Heure :** 11h00

**Protocole d'antenne utilisée :**  RF43  
 Rapid72  
 Rapid72-2c  
 Rapid72 H1X1  
 Autre: \_\_\_\_\_

**Number of antennas positionnées sur la zone cible:**  1  2  3  
 No surface coil

**Scout :**  Frequency / power  Orientation: axial  
 Apeks Shiming

**Frequency offset :** 988.81 **Frequency offset :** 1091.05

**Center Frequency :** 298.94936 **Center Frequency :** 298.949448

**Power :** 19.4 dB **Power :** 18.4 dB

**Spots :** Manuel Shiming (Filename: GSMCL\_skin)  
 Scout : run

**TR :** 30 **Orientation :** 3 plans  
**TE :** 5 **FOV :** Read = 100 ou 140  
**Flip angle :** 20 **Slices :** 3  
**Averages :** 1 **TKA :** 4  
**Dummyscans :** 0 **Cap :** 2  
**Run = 11.5 sec** **Position = 0**

**Gedd (Gradient Echo 3D)** **Orientation :** Sagittal ou Axial ; autre: \_\_\_\_\_

**TR :** 40 ou 51 **FOV :** Read = 40 ou 60  
**TE :** 16 ou 9 **Phase =** 30  
**Flip angle :** 70 ou 60 **Phase 2 =** 30  
**Averages :** 4 **TKA =** 30  
**Dummyscans :** 0 **Slab Fract =** 1

**Matrix :** 512 x 512 (Axial read 20)  **Préciser :** \_\_\_\_\_  
 1024 x 512 (Sagittal read 40)

**SCAN OPTIONS :**

Inversion Recovery  PE Rewind  
 MTC  Gradient Spoil  
 FatSat  RF Spoiling  
 Spatial Satbands  External Trigger

**Gradient :** 156-100-110 (Fixed SW)

**Temps de run (en min):** 17h 28min 35sec ou 14h 51min 17sec ; autre: \_\_\_\_\_

**Nom du fichier contenant les datas :** s\_20111124\_02

**Observations :**

- Tissus conservés dans un milieu : Serum pby + format 2% (protocole à obtenir)
- Tissus fixes: Chlorure de zinc (protocole à obtenir)
- Corps entre embaume: Service d'anatomie (fac de médecine)
- Echantillon : peau + sous cutanée + Muscle
- Certificat de non pathogénéicité ? (à obtenir pour les futurs échantillons)
- Certificat d'autorisation de prélèvement ? (à obtenir pour les futurs échantillons, ou consentement éclairé)

Annexe 1 – Paramètres d'acquisition  $\mu$ IRM du premier échantillon

10.2 Annexe 2

Fiche de passage IRM *ex vivo* ~~MM~~ *Human*.

Date de l'IRM :   
 Titre :   
 Numéro du run :   
 Code de l'animal :  *Human - 2.*  
 Expérimentateurs :



Position sur le banc d'essai:

Transfert du cerveau dans la solution de Gado 0.5% (mini 48h avant l'IRM)  
 (19.9 ml de PBS 0.1M/NaCl + 0.1 ml de Dotarem à 0.5 mmol/ml)

*non*

Date transfert Gadolinium:  Heure :

Transfert du cerveau dans la solution de Fluorinerte avant run IRM

Date transfert fluorinert :  Heure :

Rincage rapide du cerveau dans la solution de PBS 1X  
 (3 rincages rapides au PBS 1X + transfert PBS+Azide et conservation au frigo)

Date rincage PBS 1X:  Heure :

Protocole d'antenne utilisée :  RF43  
 Rapide72  
 Autre:

Préciser :

Nombre d'antennes positionnées sur la zone ciblée:

1  A ou  B ;  
 2  
 Pas d'antenne

Scout : Frequency / power

Orientation: axial

Avant Shimming

Frequency offset :

Center Frequency :

Power :

Après Shimming

Frequency offset :

Center Frequency :

Power :

*Gauss / Hz*  
 4366

Spuls : Manuel Shimming (Filename: GSMCL shim)

Annexe 2 – Paramètres d'acquisition  $\mu$ IRM du deuxième échantillon (partie 1)

10.3 Annexe 3

Scout : run

TR : 30 60  
 TE : 5  
 Flip angle : 20 95  
 Averages : 1  
 Dummyscans : 0

Orientation: 3 planes  
 FOV: Read = 30 ou 60  
 Phase = 30 ou 60  
 Slices = 3  
 Thk = 2  
 Gap = 2  
 Position = 0

Matrix : 128 x 128  
 Run = 11,5 sec

*1 Scout sans fatSat coché !  
 1 Scout avec fatSat coché !*

*Paramètre par défaut  
 Flip angle 90.  
 Durées 8ms.  
 offset : 1303.*

Ge3d (Gradient Echo 3D)

Orientation: Sagittal ou Axial ; autres: \_\_\_\_\_

TR : 60 ou 51  
 TE : 16 ou 9  
 Flip angle : 70 ou 66  
 Averages : 4  
 Dummyscans : 0

FOV: Read = 40 ou 20  
 Phase = 20  
 Phase 2 = 20  
 Slab Thk = 20  
 Slab Fract = 1

Matrix : 512 x 512 512 (Axial read 20)   
 1024 x 512 512 (Sagittal read 40)   
 Autres  Préciser : \_\_\_\_\_

SCAN OPTIONS :

Inversion Recovery  PE Rewind  
 MTC  Gradient Spoil  
 FatSat  RF Spoiling  
 Spatial Satbands  External Trigger

Gradient: 156-100-HD (Fixed SW)

Temps de run (en min): 17h 28min 35sec ou 14h 51min 17sec ; autres: \_\_\_\_\_

Nom du fichier contenant les datas: S-2014-1124-02

Observations:

① ge3d sans fatSat coché. -> tps 3R42 -> 2015-06-22-01  
 ② ge3d avec fatSat avec coché -> tps 3R42 -> 2015-06-23-01  
 ③ memo sans fatSat coché -> tps 1R46 -> 2015-06-23-01  
 { TR=5000 ; TE=10,1 ; NE=4 ; Av=10 ; Dum=0  
 Read 30 ; Phase=30 ; slices=60 ; Thk=0,5 ; Gap10,0  
 128x128.  
 ④ memo avec fatSat coché -> tps 1R46 -> 2015-06-23-02.

Annexe 3 – Paramètres d’acquisition  $\mu$ IRM du deuxième échantillon (partie 2)

10.4 Annexe 4

Logiciel	Traitements	Segmentation									
		Manuelle	Manipulation ROI	Outils 2D	Outils 3D	Calcul Volume	Rendu volumique				
ImageJ	Oui	1	Non	Oui mais pas directement	Oui	Oui	Oui	Oui	Non	Oui par l'intermédiaire de 3D viewer	Oui par l'intermédiaire de 3D viewer
Itk-Snap	Non	3	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui via un bouton. Affichage rapide des ROIs sélectionnées
Myrian	Oui (Gestion Flou et Réhaussement de contours)	3 (voir 4 si on prend en compte plan oblique)	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui. Afficher ROIs Sélectionnées

Annexe 4 – Bilan sur les logiciels de segmentation manuelle (partie 1)

10.5 Annexe 5

Logiciel	Segmentation		Extensible	Plateforme	Licence	Site officiel
	Enregistrement	Manuelle Exportation Roi				
ImageJ	Oui	Oui Plusieurs formats : STL, OBJ... Exportation un à un (quelques manipulations à faire) ou ensemble de la scène	Oui Ajout/Creation de plugins/Macro existant	Linux, Mac, Windows	Libre	<a href="http://imagej.net/Welcome">http://imagej.net/Welcome</a>
Itk-Snap	Oui	Oui Plusieurs formats : STL, VTK, BYU Exportation un à un ou ensemble de la scène	Non	Linux, Mac, Windows	Libre	<a href="http://www.itksnap.org/pmwiki/pmwiki.php">http://www.itksnap.org/pmwiki/pmwiki.php</a>
Myrian	Oui	Oui Plusieurs formats : OBJ et RAW Exportation un à un	Non	2 types d'installations Bureautique ou Serveur Bureautique : Windows, Linux ? Et Mac ? Serveur : utilisation de Citrix Windows, Linux et Mac	Payant	<a href="http://www.intrasense.fr/index.php/fr/solutions/plateformes-multimodales/myrian-expert">http://www.intrasense.fr/index.php/fr/solutions/plateformes-multimodales/myrian-expert</a> <a href="http://plateformes-multimodales/myrian-expert">/plateformes-multimodales/myrian-expert</a>

Annexe 5 – Bilan sur les logiciels de segmentation manuelle (partie 2)