

Caractérisation des zones de mouvement périodiques pour applications biomédicales

Elodie PUYBAREAU^{1,2}, Hugues TALBOT¹, Laurent NAJMAN¹

¹Université Paris-Est ESIEE, LIGM, UMR CNRS 8049,
2 Boulevard Blaise-Pascal, 93162 Noisy-le-Grand, France.

²Laboratoire de Recherche et Développement de l'EPITA (LRDE),
14-16, rue Voltaire, 94276 Le Kremlin-Bicêtre, France

elodie.puybareau@esiee.fr, hugues.talbot@esiee.fr, laurent.najman@esiee.fr

Résumé – De nombreuses applications biomédicales impliquent l'analyse de séquences pour la caractérisation du mouvement. Dans cet article, nous considérons des séquences 2D + t où un mouvement particulier (par exemple un flux sanguin) est associé à une zone spécifique de l'image 2D (par exemple une artère). Mais de nombreux mouvements peuvent co-exister dans les séquences (par exemple, il peut y avoir plusieurs vaisseaux sanguins présents, chacun avec leur flux spécifique). La caractérisation de ce type de mouvement implique d'abord de trouver les zones où le mouvement est présent, puis d'analyser ces mouvements: vitesse, régularité, fréquence, etc. Dans cet article, nous proposons une méthode appropriée pour détecter et caractériser simultanément les zones où le mouvement est présent dans une séquence. Nous pouvons ensuite classer ce mouvement en zones cohérentes en utilisant un apprentissage non supervisé et produire des métriques directement utilisables pour diverses applications. Nous illustrons et validons cette même méthode sur l'analyse du flux sanguin chez l'embryon de poisson.

Abstract – Many bio-medical applications involve the analysis of sequences for motion characterization. In this article, we consider 2D+t sequences where a particular motion (e.g. a blood flow) is associated with a specific area of the 2D image (e.g. an artery) but multiple motions may exist simultaneously in the same sequences (e.g. there may be several blood vessels present, each with their specific flow). The characterization of this type of motion typically involves first finding the areas where motion is present, followed by an analysis of these motions: speed, regularity, frequency, etc. In this article, we propose a methodology called "area-of-motion characterization" suitable for simultaneously detecting and characterizing areas where motion is present in a sequence. We can then classify this motion into consistent areas using unsupervised learning and produce directly usable metrics for various applications. We illustrate and validate this methodology for blood flow analysis in fish embryo.

1 Introduction

L'analyse de séquences, et en particulier celles qui impliquent le mouvement, est commune pour les applications biomédicales [12]. Dans cet article, nous nous intéressons à la caractérisation des zones de mouvement dans les séquences 2D+t. Cela signifie que nous supposons que dans nos séquences, nous pouvons diviser le domaine 2D en zones cohérentes qui peuvent subir divers degrés d'évolution au cours du temps (texture, niveaux de gris etc.). Nous supposons également que ces zones de mouvement restent spatialement fixe au cours de la séquence. Il s'agit d'un problème très différent du suivi des objets, où l'objet pourrait se déplacer à travers la séquence (par exemple un poisson qui nage) selon un motif non répétitif. Pour caractériser les zones de mouvement dans une séquence d'images, il est donc nécessaire de trouver des zones dans la séquence d'intérêt où un mouvement se produit. Puisque ces zones sont supposées spatialement fixes, mais que le mouvement s'y produit à plusieurs reprises, il semble naturel de supposer que ces mouvements soient périodiques ou quasi-périodiques, c'est-à-dire qu'ils se produisent avec une régularité significative, mais non

métronomique. Si l'on prend comme exemple le cas d'une séquence d'un coeur spatialement immobile mais battant d'un poisson transparent, on peut trouver des zones dans la séquence qui correspondent à des changements géométriques (les contours mouvants du coeur) et d'autres où seuls les changements de niveaux de gris sont visibles (comme les ventricules du coeur qui se remplissent et se vident de sang). Cependant, nous pouvons voir que ces changements distincts sont liés et cohérents parce qu'ils sont spatialement liés, synchronisés et périodiques, et appartiennent donc au même objet. Cela suggère d'utiliser des descripteurs d'analyse de mouvement, aussi peu paramétriques que possible, et qui peuvent distinguer les zones de mouvement en fonction de leur réponse combinée. En supposant un mouvement quasi périodique, nous proposons d'utiliser l'analyse multi-échelle de Fourier. Comme la disponibilité de données étiquetées ou annotées n'est pas garantie, nous proposons d'utiliser une approche d'apprentissage non supervisé, de sorte que les zones de mouvement cohérent peuvent être détectées par méthodes de regroupement. Bien que parfois décrites d'une manière différente, le découpage en zones de mouvement a été étudié avant : dans [1], les auteurs proposent une segmenta-

tion et analyse du mouvement simultanées dans un cadre Bayésien. Dans [2], la segmentation de mouvement périodique est étudiée. Dans [7], une étude à plusieurs niveaux est utilisée pour délimiter les zones de mouvement indépendantes. Dans [6], un clustering spectral non supervisé est utilisé pour détecter ces régions sur quelques images. Dans un précédent travail [11, 9], nous avons utilisé l'analyse de la variance du gradient temporel pour proposer une identification des régions de mouvement. Dans [10], nous avons utilisé le flot optique [3] pour séparer les régions de mouvement. Dans ce nouveau travail, nous combinons l'hypothèse forte de la répétition du mouvement avec le clustering non supervisé pour proposer une approche flexible et robuste pour la détection de la zone de mouvement. Nous montrons également comment nos descripteurs peuvent être utilisés pour la caractérisation de mouvement dans les zones détectées, avec des applications à plusieurs problèmes biomédicaux.

L'article est structuré ainsi : dans la section 2, nous proposons une méthode d'analyse des descripteurs. Dans la section 3 nous décrivons la structure de notre apprentissage non supervisé. La section 4 présente nos résultats. Nous concluons section 5.

2 Proposition de descripteurs de mouvement

Un processus statistique qui conserve ses caractéristiques de définition (par exemple amplitude, densité, fréquence, etc.) dans le temps est appelé stationnaire dans le temps. Un procédé qui présente des caractéristiques variables (des paramètres) en fonction de l'emplacement est appelé spatialement variant. Les zones de mouvement sont simultanément stationnaires dans le temps et spatialement variantes. Dans cette section, nous proposons des descripteurs adaptés à ces types de processus.

2.1 Processus quasi stationnaires

Les processus périodiques constituent une grande sous-classe de processus stationnaires dans le temps. Ceux que nous étudions sont supposés être quasi-périodiques (autant que les processus biologiques peuvent l'être), et nous n'attendons que des changements faibles dans les motifs pendant l'analyse, afin qu'ils puissent être assimilés à des processus périodiques presque stationnaires dans le temps. Un outil classique pour étudier ces processus est la transformée de Fourier (TF). Les ondelettes continues, comme les ondelettes de Gabor-Morlet [4, 5], sont conçues pour l'analyse de fréquence des processus non stationnaires, elles ne sont donc pas idéales ici. Les ondelettes discrètes (Haar, Daubechies, etc.) sont encore moins adaptées puisqu'elles sont plus associées à la notion d'échelle qu'à celle de fréquence. Notre approche propose de comparer les spectres de Fourier dans des petites régions voisines.

2.2 Calcul des descripteurs

Soit I une suite 2D + t de taille spatiale $M \times N$ et constituée de F images indexées $\{1 \dots F\}$. On distingue la notion d'un emplacement 2D l de coordonnées (i, j) , qui reste inchangé au long de la séquence, à celle d'un pixel p de coordonnées (i, j, t) , appartenant à l'image t . On note $I(l)$ la séquence 1D de F valeurs, par ex. $I(l) = \{I(i, j, 1), \dots, I(i, j, F)\}$.

Soient l, m des emplacements voisins dans la séquence. Nous considérons une fenêtre carrée \mathcal{R}_l (resp. \mathcal{R}_m) de largeur $(2r + 1)$ pixels centrée sur ces emplacements. Chaque région \mathcal{R}_l contient $(2r + 1)^2$ spectres.

On appelle s_k le spectre de puissance de l'emplacement k appartenant à la fenêtre \mathcal{R}_l . On considère le spectre S_l associé à cette fenêtre, qui est la moyenne de tous les s_k , i.e. :

$$s_k = \mathcal{F}(I(k)) \quad (1)$$

$$S_l = \frac{1}{(2r + 1)^2} \sum_{k(i,j) \in \mathcal{R}_l} \|s_k\|, \quad (2)$$

où \mathcal{F} est la transformée de Fourier, et la norme L1 ou L2. Comme nous considérons les spectres de puissance, seuls la partie $[1, F/2]$ de S_l est importante.

Nous calculons ensuite $F - 1$ descripteurs $\{V_l[1] \dots V_l[F - 1]\}$ depuis $S_l[1, F/2]$. Ils sont obtenus en considérant la décomposition passe-bas des ondelettes de Haar du spectre de la TF, c'est à dire en faisant la moyenne récursivement et en fusionnant le vecteur S_l (voir Fig. 1). Nous avons en particulier ces propriétés :

$$V_l[\frac{F}{2} + g - 1] = S[g] \quad \forall g \in [1, \frac{F}{2}] \quad (3)$$

$$V_l[h] = V[2h] + V[2h + 1] \quad \forall h \in [\frac{F}{2}, 1] \quad (4)$$

Il y a $\sum_{i=0}^{\log_2(F/2)} 2^i = F - 1$ descripteurs. Ces descripteurs correspondent à une représentation multi-échelles de la moyenne de la puissance du spectre de fréquence de la région autour de l'emplacement d'intérêt. En pratique, nous n'avons pas besoin de considérer tous les coefficients d'ondelettes, seulement ceux de la zone passe-bas du spectre, puisque la plupart des hautes fréquences sont du bruit. Pour réduire davantage le bruit, nous pouvons également garder seulement certains des descripteurs moyennés, par exemple les premiers $\{V_t[1], \dots, V_t[\frac{F}{Q}]\}$, avec Q variant selon la résolution temporelle et la longueur de la séquence. Dans toutes les expériences présentées ci-dessous, Q est tel que $\frac{F}{Q} = 32$. $V_t[1]$ est remplacé par le DC $S[1]$.

3 Analyse

3.1 Réduction de dimension

Nous réduisons la dimensionnalité des données via une analyse de composantes principales [14]. Il y a une certaine redondance dans les descripteurs en raison du processus de fusion récursive utilisé pour les calculer. Les descripteurs ont été

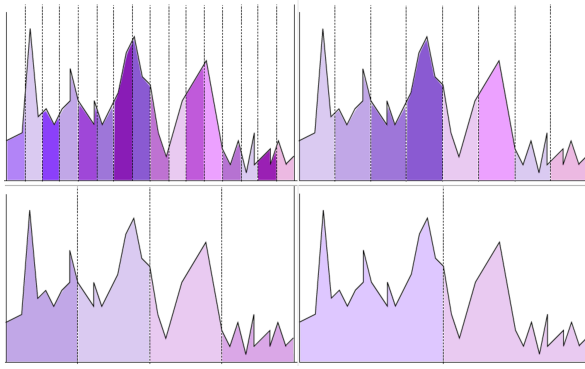


FIGURE 1 – Découpage et fusion multi-échelles de la moyenne du spectre FFT pour calculer les V_i

centrés et réduits. L'ACP a été réalisée avec scikit-learn [8]. Les expériences ont montré qu'une réduction de dimensionnalité de E à 2 ou 3 dimensions était suffisante.

3.2 Clustering

Le regroupement a été effectué en utilisant les k-moyennes [13] implémenté dans scikit-learn. Nous avons généralement choisi 3 à 8 classes en fonction du problème. Comme le montre la figure 2 (c), la combinaison de la réduction de dimension et du regroupement est efficace pour marquer correctement les zones de mouvement.

Nous avons utilisé cette méthodologie sur des séquences de queue d'embryon de poisson pour y détecter les vaisseaux sanguins (voir Fig. 2). Les séquences d'images ont été acquises à 100 images par seconde dans un microscope inversé avec un grossissement de $40\times$.

4 Application et validation

Nous proposons d'estimer la fréquence cardiaque des embryons de poissons en mesurant le changement de vitesse dans l'artère de leur queue au fil du temps. Même s'il semble à première vue que ce mouvement n'est plus stationnaire, nous pouvons le traiter en effectuant notre calcul de descripteur sur un gradient temporel au carré, représentant le carré de la vitesse, c'est-à-dire l'énergie cinétique.

A la place de I dans l'équation(1), on utilise $\nabla_t^2(I) = (I(i, j, t) - I(i, j, t + 1))^2$. La variation temporelle de la vitesse (et donc la variation de l'énergie cinétique) devient alors un processus stationnaire, puisque le modèle du coeur battant, et donc le changement de vitesse, est périodique. Ce phénomène est illustré dans la figure 3.

Pour valider cette observation, nous effectuons l'analyse de Fourier sur le gradient temporel au carré dans des artères (obtenues grâce aux k-moyennes) sur une série de 15 séquences de queue d'embryons de poissons. La vérité du terrain consiste en une évaluation par des experts des rythmes cardiaques des embryons [10]. Les résultats sont montrés sur la figure 4. Les

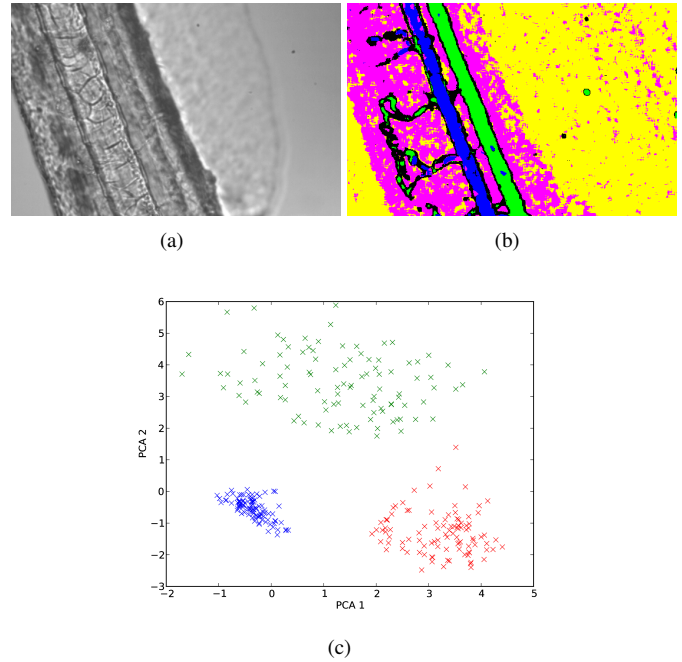


FIGURE 2 – Zones identifiées du mouvement dans la queue d'un embryon de poisson. (a) image originale (c) ACP + k-moyennes ; (b) identification des zones. La région bleue est une artère et la verte une veine. La queue de l'embryon de poisson se déplace également légèrement et est identifiée comme telle (zone rouge). La zone jaune est le fond immobile.

deux analyses donnent des résultats presque identiques sur une large plage de valeurs (de 0,7 à 2,5 Hz).

Le principal avantage de l'approche que nous proposons dans cet article est qu'elle peut être entièrement automatisée avec un degré élevé de robustesse. Une seule mesure (le gradient temporel au carré) peut être utilisée pour le regroupement des zones de mouvement proposé dans la section 3, l'identification de la zone avec le mouvement moyen le plus élevé (correspondant à l'artère) et l'analyse de la vitesse, ce qui donne la fréquence cardiaque dans cet exemple.

5 Conclusion

Dans cet article, nous proposons une méthode pour identifier et analyser le mouvement dans des séquences où celui-ci est spatialement variant mais stationnaire dans le temps : dans une zone donnée, le mouvement apparent reste inchangé mais ses caractéristiques varient selon l'emplacement dans l'image. Nous proposons des descripteurs correspondant à une analyse multi-échelle des coefficients de Fourier temporels. La caractérisation est effectuée par ACP pour réduire la dimensionnalité, suivie par le regroupement par k-moyennes. Nous avons montré que notre méthode fonctionne bien sur les analyses de flux sanguins, et peut être utilisée dans diverses applications, comme les battements de cils respiratoires. Dans l'application des vaisseaux sanguins, nous avons validé notre méthode en comparant

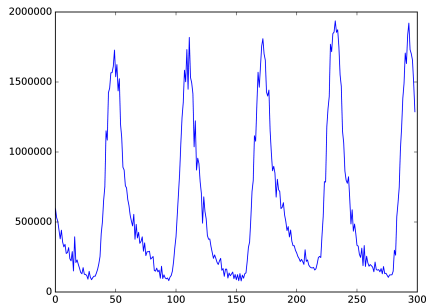


FIGURE 3 – Variation du gradient temporel au cours du temps. Un processus quasi-périodique est évident. Les variations du flux sanguin sont marqués par les variations de quantité de cellules sanguines et donc de luminosité.

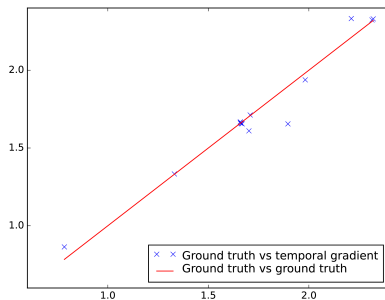


FIGURE 4 – Validation en comparant l'analyse de Fourier du gradient temporel carré à la vérité terrain. La corrélation est excellente dans l'ensemble sur une large gamme de variations. Les valeurs numériques sont en Hz.

notre estimation de la fréquence de variations du débit sanguin par rapport au rythme cardiaque, avec de très bonnes performances. Les avantages de notre méthode sont sa polyvalence, sa simplicité et sa capacité à effectuer l'identification et l'analyse des zones. La capacité de notre méthode à distinguer des motifs de mouvements subtils sera exploitée dans les travaux futurs.

Références

[1] M. M. Chang, A. M. Tekalp, and M. I. Sezan. Simultaneous motion estimation and segmentation. *IEEE transactions on image processing*, 6(9) :1326–1333, 1997.

[2] R. Cutler and L. S. Davis. Robust real-time periodic motion detection, analysis, and applications. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 22(8) :781–796, 2000.

[3] G. Farnebäck. Two-frame motion estimation based on polynomial expansion. In *Scandinavian conference on Image analysis*, pages 363–370. Springer, 2003.

[4] D. Gabor. Theory of communication. part 1 : The analysis of information. *Electrical Engineers-Part III : Radio and Communication Engineering, Journal of the Institution of*, 93(26) :429–441, 1946.

[5] P. Goupillaud, A. Grossmann, and J. Morlet. Cycle-octave and related transforms in seismic signal analysis. *Geoexploration*, 23(1) :85–102, 1984.

[6] F. Lauer and C. Schnörr. Spectral clustering of linear subspaces for motion segmentation. In *2009 IEEE 12th International Conference on Computer Vision*, pages 678–685. IEEE, 2009.

[7] A.-R. Mansouri and J. Konrad. Multiple motion segmentation with level sets. *IEEE Transactions on Image Processing*, 12(2) :201–220, 2003.

[8] F. Pedregosa, G. Varoquaux, A. Gramfort, V. Michel, B. Thirion, O. Grisel, M. Blondel, P. Prettenhofer, R. Weiss, V. Dubourg, et al. Scikit-learn : Machine learning in python. *Journal of Machine Learning Research*, 12(Oct) :2825–2830, 2011.

[9] E. Puybareau, H. Talbot, E. Bequignon, B. Louis, G. Pelle, J.-F. Papon, A. Coste, and L. Najman. Automating the measurement of physiological parameters : a case study in the image analysis of cilia motion. In *2016 IEEE International Conference on Image Processing (ICIP)*, pages 1240–1244. IEEE, 2016.

[10] E. Puybareau, H. Talbot, and M. Leonard. Automated heart rate estimation in fish embryo. In *Image Processing Theory, Tools and Applications (IPTA), International Conference on*, pages 379–384, Orleans, November 2015.

[11] E. Puybareau, H. Talbot, G. Pelle, B. Louis, J.-F. Papon, A. Coste, and L. Najman. A regionalized automated measurement of ciliary beating frequency. In *Biomedical Imaging (ISBI), IEEE 12th International Symposium on*, pages 528–531. IEEE, 2015.

[12] R. A. Robb. *Biomedical imaging, visualization, and analysis*. John Wiley & Sons, Inc., 1999.

[13] H. Steinhaus. Sur la division des corp materiels en parties. *Bull. Acad. Polon. Sci*, 1(804) :801, 1956.

[14] S. Wold, K. Esbensen, and P. Geladi. Principal component analysis. *Chemometrics and intelligent laboratory systems*, 2(1-3) :37–52, 1987.