

overview of `astec_process()`

- reconstruction d'une image de membrane (`reconstruction.build_membrane_image()`)
- calcul de  $\tilde{S}_{t+1}$ , c'est-à-dire la segmentation  $S_t^*$  déformée à  $t + 1$

$$\tilde{S}_{t+1} = S_t^* \circ \mathcal{T}_{t \leftarrow t+1}$$

- calcul des images de graines  $Seeds_{t+1}^h$  pour  $h \in [h_{min}, h_{max}]$  (`_cell_based_h_minima()`)
- sélection des paramètres, ie du nombre de graines pour chaque cellule "mère" (`_select_seed_parameters()`)

## Nomenclature

- $S_t^*$  segmentation de  $I_t$ , supposée correcte
- $\tilde{S}_{t+1}$  segmentation de  $I_{t+1}$  avec la segmentation projetée de  $I_t$  (les graines sont les cellules érodées de  $S_t^*$  projetées sur  $I_{t+1}$ ).

**Rq:** L'érosion se fait en 26-connexité, avec un nombre d'itérations différent pour les cellules (10) et le fond (25)).

## Segmentation de l'image à $t + 1$

### $h$ -minima

On calcule plusieurs images de  $h$ -minima régionaux  $Seeds_{t+1}^h$ , avec  $h \in [h_{min}, h_{max}]$ . On calcule d'abord une image de minima qui contient des minima de hauteur comprise entre 1 et  $h$ , et on ne sélectionne que les minima de hauteur  $h$  avec un seuillage par hystérésis.

On ne conserve que les minima qui sont entièrement inclus dans une seule cellule de  $\tilde{S}_{t+1}$ . On élimine donc les graines qui chevauchent plusieurs cellules.

**Rq:** De telles graines renseigneraient pourtant sur le contraste entre 2 cellules adjacentes (sous l'hypothèse que les frontières des cellules dans  $\tilde{S}_{t+1}$  soient correctement localisées).

### `get_back_parameters()`

`get_back_parameters()` est la fonction dans `ASTEC.py`, elle est renommée `_select_seed_parameters()` dans `astecnew.py`.

Pour chaque cellule  $c$  ( $c$  est un label de l'image  $S_t^*$ , ou de  $\tilde{S}_{t+1}$ ) et chaque  $h$ , on a donc un nombre de graines  $Count^h(c)$  [1, figure 2.9, page 72]. On peut calculer les nombres  $N_n(c)$ ,  $N_{n-}(c)$ , et  $N_{n+}(c)$  [1, section 2.3.3.5, page 71].

- $N_{n-}(c)$  est la plus petite valeur de  $h \in [N_{min}, N_{max}]$  donnant  $n$  graines pour la cellule  $c$

$$N_{n-}(c) = \min\{h | S(c, h) = n\}$$

- $N_{n+}(c)$  est la plus grande valeur de  $h \in [N_{min}, N_{max}]$  donnant  $n$  graines pour la cellule  $c$

$$N_{n+}(c) = \max\{h | S(c, h) = n\}$$

- $N_n(c)$  est le nombre de valeurs de  $h \in [N_{min}, N_{max}]$  donnant  $n$  graines pour la cellule  $c$

$$N_n(c) = N_{n+}(c) - N_{n-}(c) + 1$$

Notons que ces nombres ne peuvent être définis que s'il existe au moins un  $h$  donnant 2 graines.

$h$  peut être vu comme une mesure de contraste (si la hauteur de la membrane entre 2 cellules adjacentes est plus petite que  $h$ , alors il n'y aura qu'une seule Une première hypothèse est que le premier  $h$  donnant plus de 2 graines est une mesure du "bruit" (considéré comme un contraste) du "fond" de la cellule, ce premier  $h$  est donc  $N_{2-}(c) - 1$ . Il y a une vraie division si le contraste de la membrane entre les deux cellules après division est suffisamment élevé (ce contraste est estimé par  $N_{2+}(c)$ ) et si ce contraste est suffisamment différent du contraste du bruit, donc si la différence  $N_{2+}(c) - (N_{2-}(c) - 1) = N_2(c)$  est suffisamment élevée. D'où le critère

$$s(c) = N_{2+}(c).N_2(c) > \tau \quad (1)$$

Ces fonctions sélectionnent, pour chaque cellule  $c$ , le bon jeu de paramètres  $(h, \sigma)$  [c'est le  $\sigma$  de lissage pour le calcul des  $h$ -minima, mais en fait il est identique pour tous les  $h$ -minima], traduit cela par

1. S'il existe des  $h$  donnant 1 ou 2 graines
  - (a) si le score  $s(c) = N_{2+}(c).N_2(c)$  est plus grand ou égal que  $\tau$  (la thèse dit strictement), alors on garde 2 graines
  - (b) sinon ( $s(c) = N_{2+}(c).N_2(c) < \tau$ ) et il existe des  $h$  donnant 1 graine, alors on garde 1 graine
  - (c) sinon ( $s(c) = N_{2+}(c).N_2(c) < \tau$  et il n'existe pas de  $h$  donnant 1 graine) on garde 2 graines
2. sinon (il n'existe pas de  $h$  donnant 1 ou 2 graines) et il existe des  $h$  donnant 3 graines, alors on garde 3 graines.

**Rq:** Toutefois, dans la fonction `get_seeds_from_optimized_parameters()` (dans `ASTEC.py` ou `_build_seeds_from_s` dans `astecnew.py`) créant l'image des graines numérotées à partir des différentes images de  $h$ -minima, on ne récupère que les deux premières composantes numérotées ... On crée donc une division, avec un choix artificiel/aléatoire des cellules filles.

3. sinon (il n'existe pas de  $h$  donnant 1 ou 2 ou 3 graines), on dit qu'il n'y a pas de graines.

**Rq:** Pourquoi ne pas considérer le cas 3 graines comme le cas 4 graines ?

On récupère le premier  $h$  donnant le nombre choisi de graines. Comme les  $h$  sont parcourus par ordre décroissant, c'est donc le plus grand  $h$  donnant ce nombre de graines qui est retenu.

`get_seeds_from_optimized_parameters()`

La fonction `get_seeds_from_optimized_parameters()` (dans `ASTEC.py` ou `_build_seeds_from_selected_parameters()` dans `astecnew.py`) construit une image de graines à partir des paramètres retenus dans `get_back_parameters()`.

- 1 graine: on récupère la graine dans  $Seeds_{t+1}^h$  pour la cellule  $c$
- 2 graines: on récupère les 2 graines dans  $Seeds_{t+1}^h$  pour la cellule  $c$
- 3 graines: on ne récupère que 2 graines (les deux premières numérotées) dans  $Seeds_{t+1}^h$  pour la cellule  $c$ .

**Rq:** Ce comportement doit être corrigé.

- 0 graine: on regarde si le volume de la cellule  $c$  (dans  $\tilde{S}_{t+1}$ ) est suffisamment grand (supérieur à 100). Si oui, on récupère alors la graine correspondante dans  $S_{t+1 \leftarrow t}^e = S_t^e \circ \mathcal{T}_{t \leftarrow t+1}$  (cellules de  $S_t^*$  érodées (10 itérations en 26-connexité) puis transformées).

**Rq:** Il y a ici une potentielle fin de linéage.

- fond: on récupère toutes les graines de  $Seeds_{t+1}^{h_{min}}$  qui correspondent à la cellule 1 (le fond).

[1]

## References

- [1] Léo Guignard. *Quantitative analysis of animal morphogenesis: from high-throughput laser imaging to 4D virtual embryo in ascidians*. Theses, Université Montpellier, December 2015.