

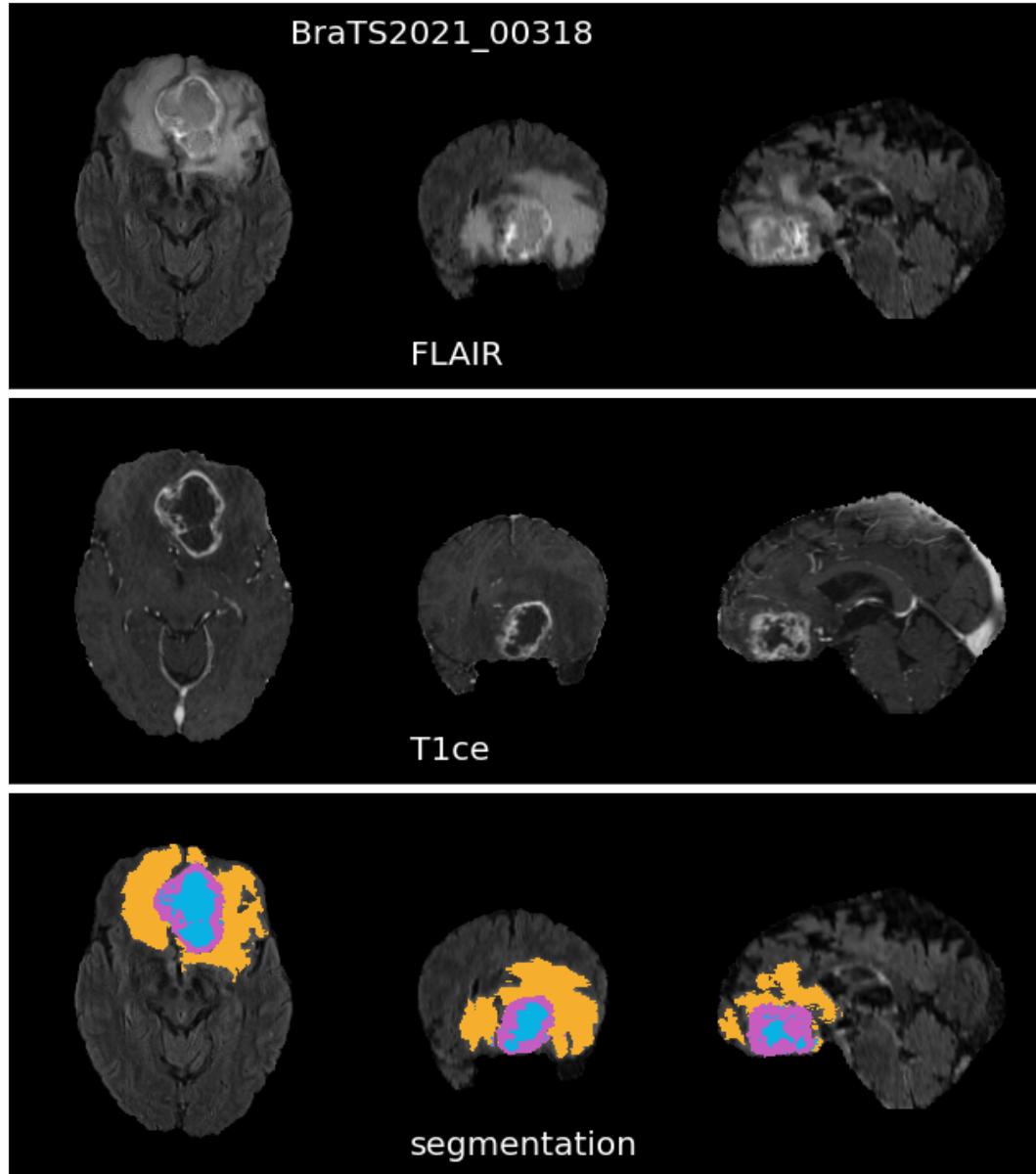
Séminaire de mathématiques de l'université de Nîmes – 08/12/2025

Homologie persistante et application à la segmentation d'images médicales

Anton François – ENS Paris-Saclay

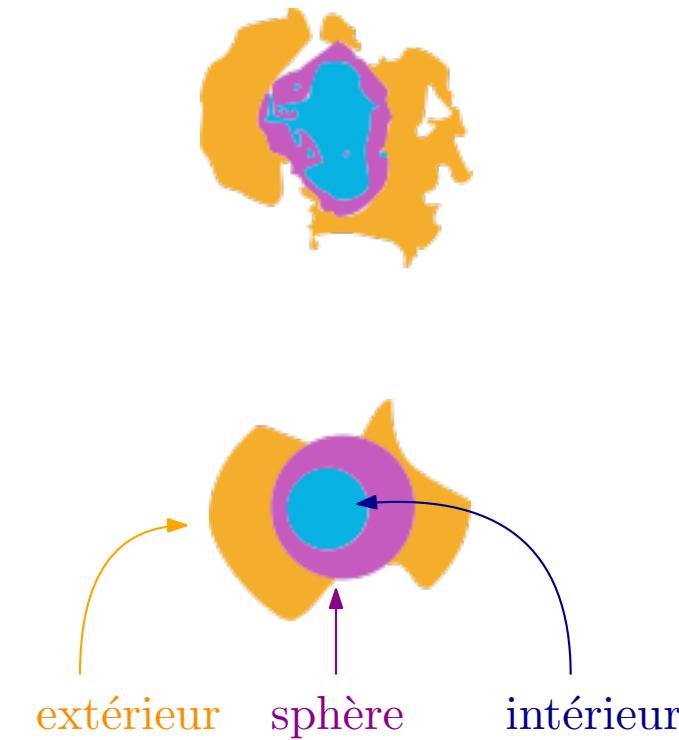
Raphaël Tinarrage – IST Austria

Objectif : segmenter un glioblastome dans des IRM (modalités Flair et T1ce).



Jeu de données : BraTS2021.

Trois classes : Noyau tumoral (NT),
Tumeur rehaussée (TR),
Œdème péritumoral (Œ).



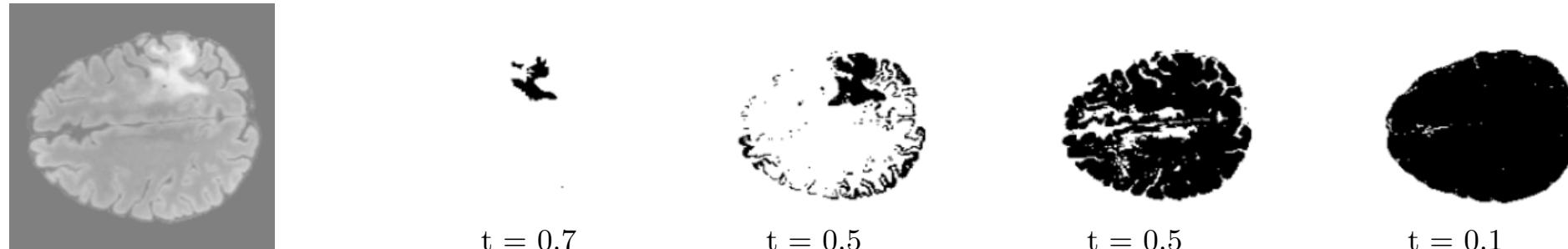
Soit k un corps. Le $n^{\text{ème}}$ **groupe d'homologie** singulière à coefficients dans k est un foncteur

$$H_n: \mathbf{Top} \rightarrow k\text{-}\mathbf{Vect}$$

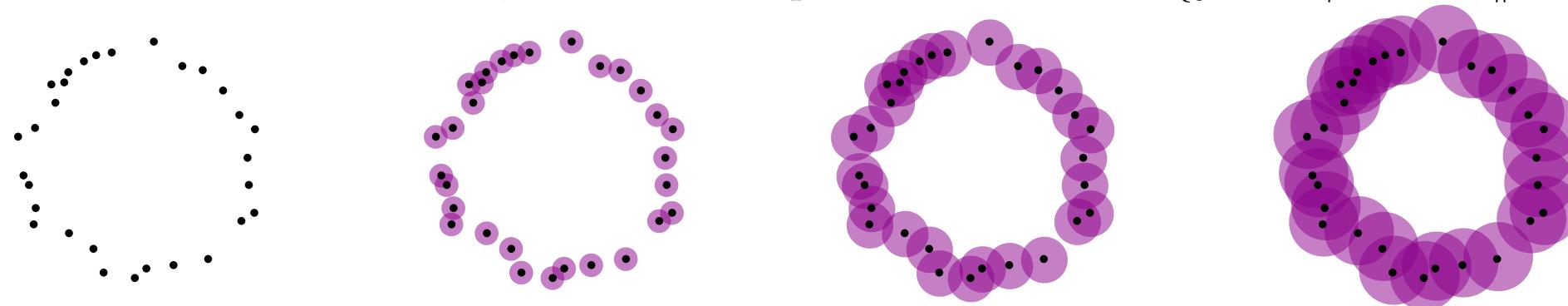
- i.e.,
- à tout espace topologique X est associé un k -espace vectoriel $H_n(X; k)$,
 - à toute fonction continue $f: X \rightarrow Y$ est associée une application linéaire $f_*: H_n(X; k) \rightarrow H_n(Y; k)$.

X	cercle	2-sphère	tore	bouteille de Klein
$H_0(X; \mathbb{Z}/2\mathbb{Z})$	$\mathbb{Z}/2\mathbb{Z}$	$\mathbb{Z}/2\mathbb{Z}$	$\mathbb{Z}/2\mathbb{Z}$	$\mathbb{Z}/2\mathbb{Z}$
$H_1(X; \mathbb{Z}/2\mathbb{Z})$	$\mathbb{Z}/2\mathbb{Z}$	0	$(\mathbb{Z}/2\mathbb{Z})^2$	$(\mathbb{Z}/2\mathbb{Z})^2$
$H_2(X; \mathbb{Z}/2\mathbb{Z})$	0	$\mathbb{Z}/2\mathbb{Z}$	$\mathbb{Z}/2\mathbb{Z}$	$\mathbb{Z}/2\mathbb{Z}$

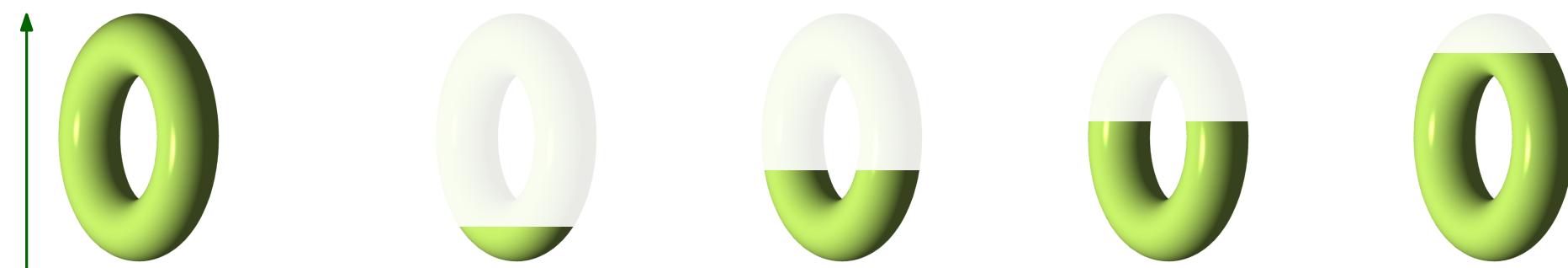
Soit $I: [0, 1]^3 \rightarrow [0, 1]$ une image. Étant donné $t \in [0, 1]$, considère le **t -sur-niveau** $I^t = I^{-1}([t, 1])$.



Soit $X \subset \mathbb{R}^n$ fini. Étant donné $t \geq 0$, considère le **t -épaississement** $X^t = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x \in X, \|x - y\| \leq t\}$.



Soit $f: \mathcal{M} \rightarrow \mathbb{R}$ continue. Étant donné $t \in \mathbb{R}$, considère le **t -sous-niveau** $f^t = f^{-1}((-\infty, t])$.

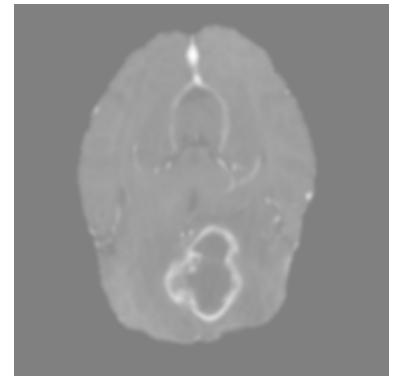


Étant donné une filtration

$$\cdots \rightarrow I^{t_1} \xleftarrow{i_{t_1}^{t_2}} I^{t_2} \xleftarrow{i_{t_2}^{t_3}} I^{t_3} \xleftarrow{i_{t_3}^{t_4}} I^{t_4} \cdots$$

on applique le foncteur d'homologie

$$\cdots \rightarrow H_i(I^{t_1}) \xrightarrow{(i_{t_1}^{t_2})_*} H_i(I^{t_2}) \xrightarrow{(i_{t_2}^{t_3})_*} H_i(I^{t_3}) \xrightarrow{(i_{t_3}^{t_4})_*} H_i(I^{t_4}) \cdots$$



Suivre l'évolution des cycles: Soit $c \in H_i(I^{t_0})$.

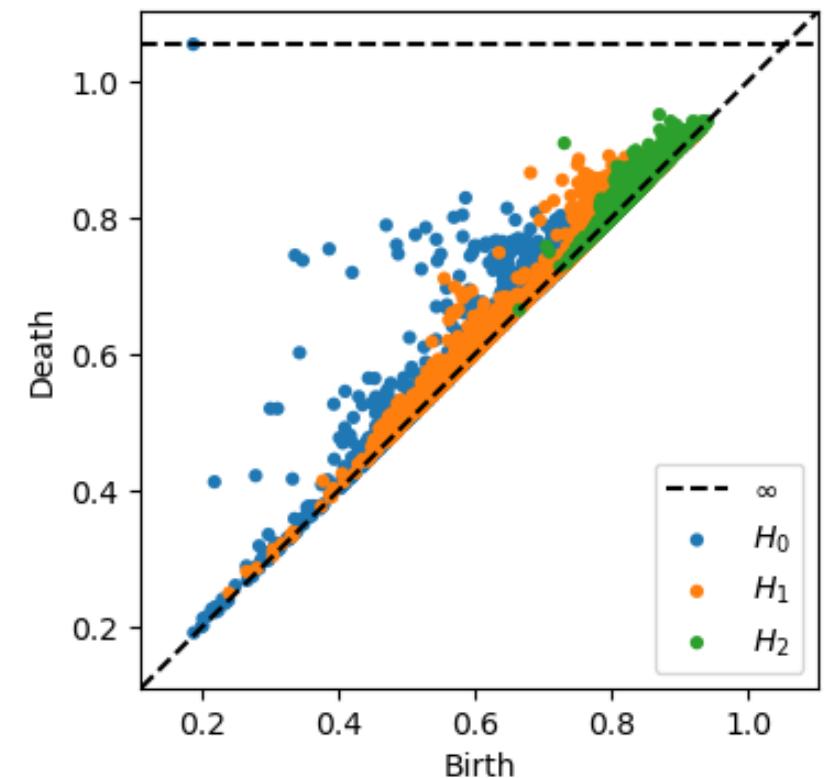
Sa **date d'extinction** est $\sup \{t \geq t_0 \mid (i_{t_0}^t)_*(c) \neq 0\}$,

Sa **date de naissance** est $\inf \{t \leq t_0 \mid (i_t^{t_0})^{-1}(\{c\}) \neq \emptyset\}$,

Sa **persistance** est la différence.

On peut définir un **diagramme de persistance**.

C'est un multi-ensemble de points (b, d) où $b \leq d$.

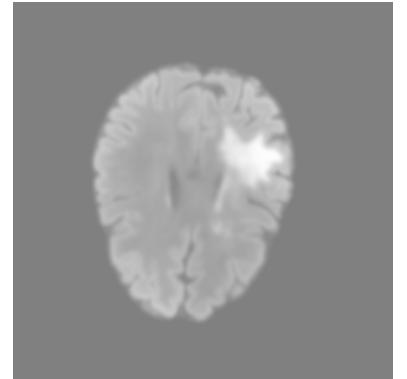


Étant donné une filtration

$$\cdots \rightarrow I^{t_1} \xleftarrow{i_{t_1}^{t_2}} I^{t_2} \xleftarrow{i_{t_2}^{t_3}} I^{t_3} \xleftarrow{i_{t_3}^{t_4}} I^{t_4} \cdots$$

on applique le foncteur d'homologie

$$\cdots \rightarrow H_i(I^{t_1}) \xrightarrow{(i_{t_1}^{t_2})_*} H_i(I^{t_2}) \xrightarrow{(i_{t_2}^{t_3})_*} H_i(I^{t_3}) \xrightarrow{(i_{t_3}^{t_4})_*} H_i(I^{t_4}) \cdots$$



Suivre l'évolution des cycles: Soit $c \in H_i(I^{t_0})$.

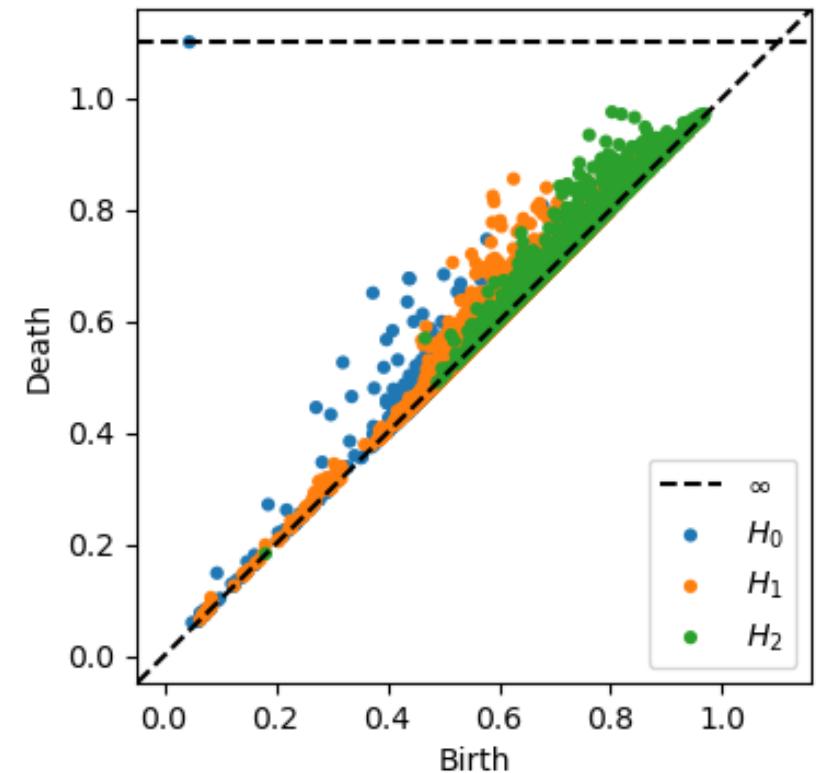
Sa **date d'extinction** est $\sup \{t \geq t_0 \mid (i_{t_0}^t)_*(c) \neq 0\}$,

Sa **date de naissance** est $\inf \{t \leq t_0 \mid (i_t^{t_0})^{-1}(\{c\}) \neq \emptyset\}$,

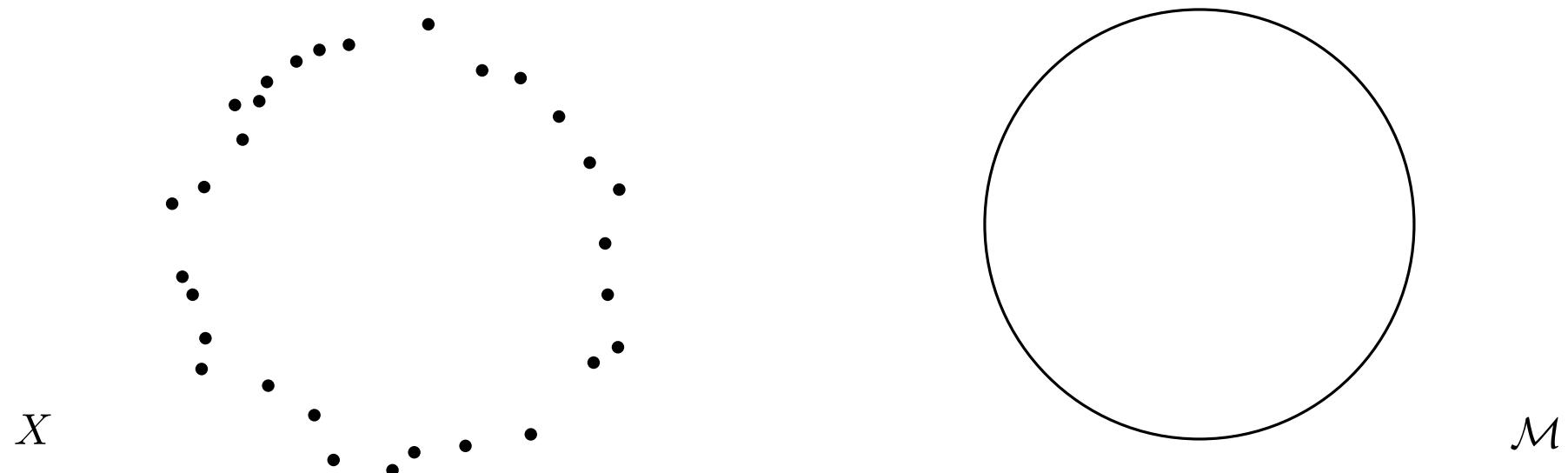
Sa **persistance** est la différence.

On peut définir un **diagramme de persistance**.

C'est un multi-ensemble de points (b, d) où $b \leq d$.



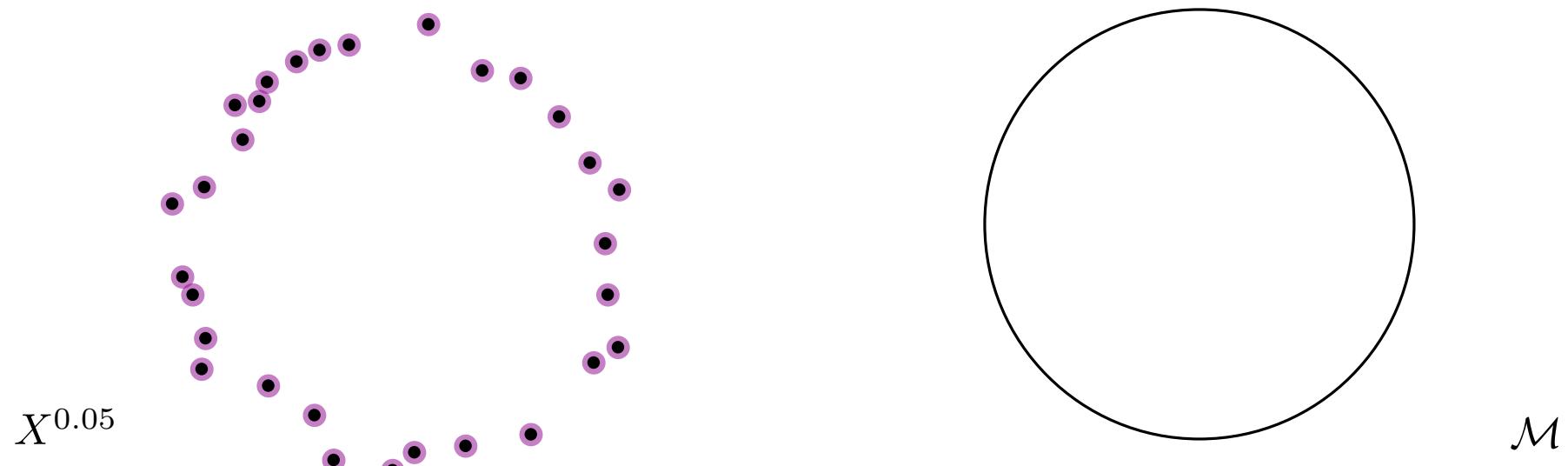
Soit $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ et $X \subset \mathcal{M}$ un échantillon fini.



Étant donné $t \geq 0$, le **t -épaississement** de X est

$$X^t = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x \in X, \|x - y\| \leq t\}.$$

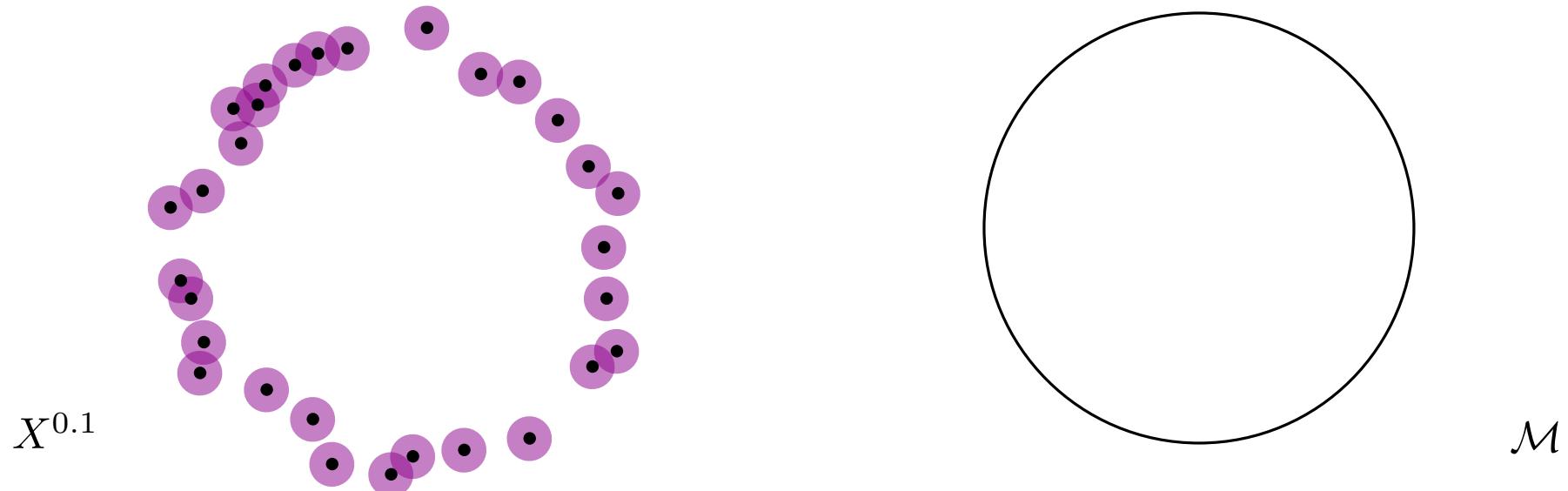
Soit $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ et $X \subset \mathcal{M}$ un échantillon fini.



Étant donné $t \geq 0$, le **t -épaississement** de X est

$$X^t = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x \in X, \|x - y\| \leq t\}.$$

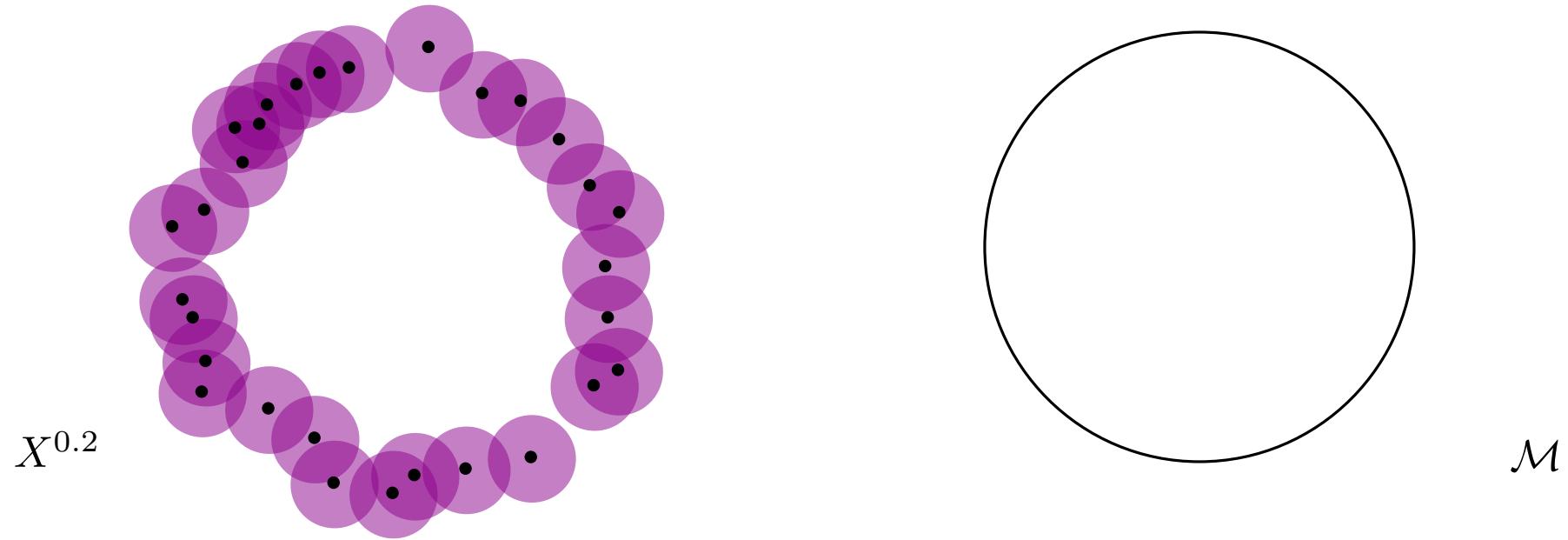
Soit $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ et $X \subset \mathcal{M}$ un échantillon fini.



Étant donné $t \geq 0$, le **t -épaississement** de X est

$$X^t = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x \in X, \|x - y\| \leq t\}.$$

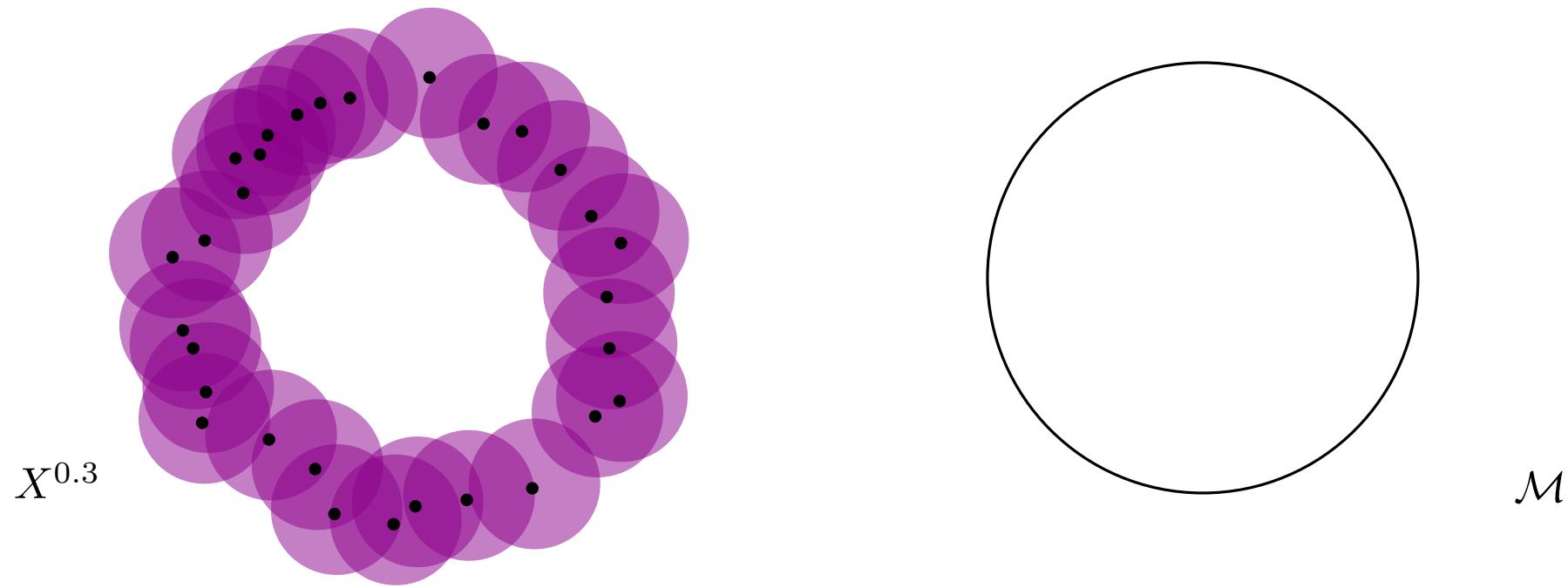
Soit $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ et $X \subset \mathcal{M}$ un échantillon fini.



Étant donné $t \geq 0$, le **t -épaississement** de X est

$$X^t = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x \in X, \|x - y\| \leq t\}.$$

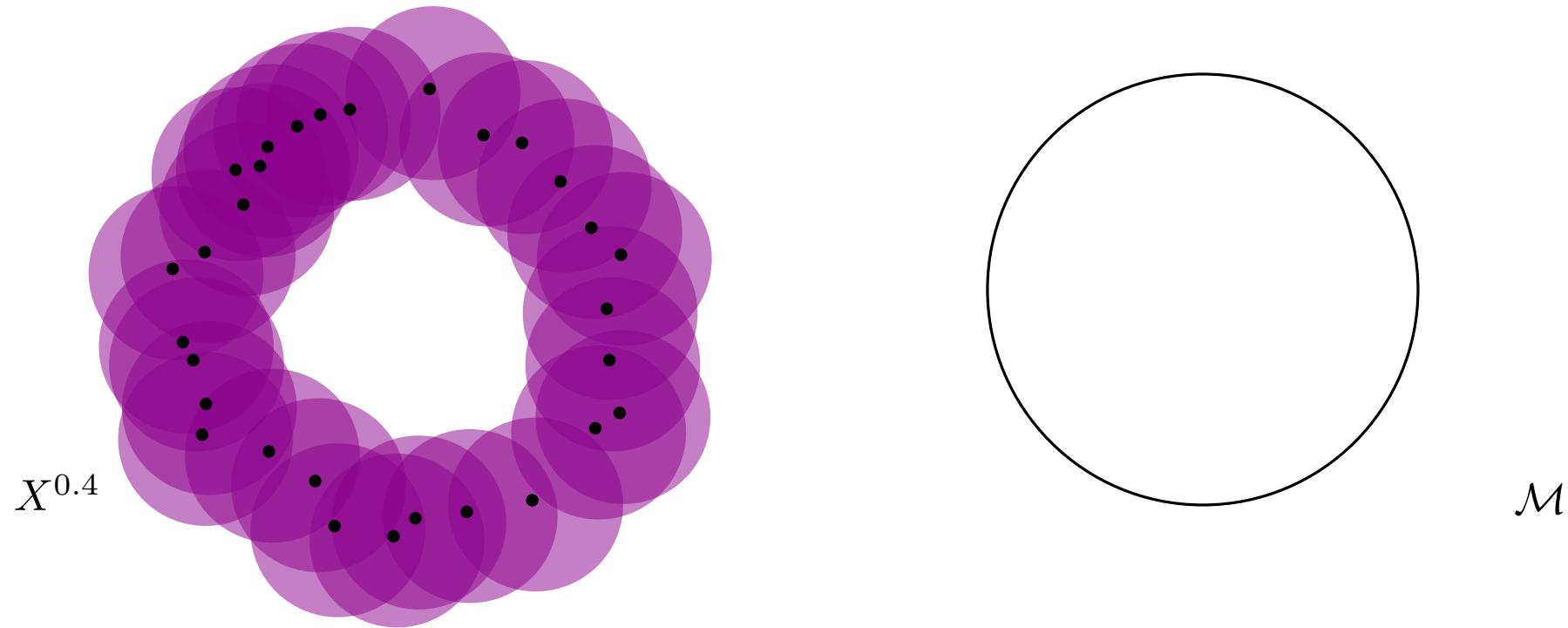
Soit $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ et $X \subset \mathcal{M}$ un échantillon fini.



Étant donné $t \geq 0$, le **t -épaississement** de X est

$$X^t = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x \in X, \|x - y\| \leq t\}.$$

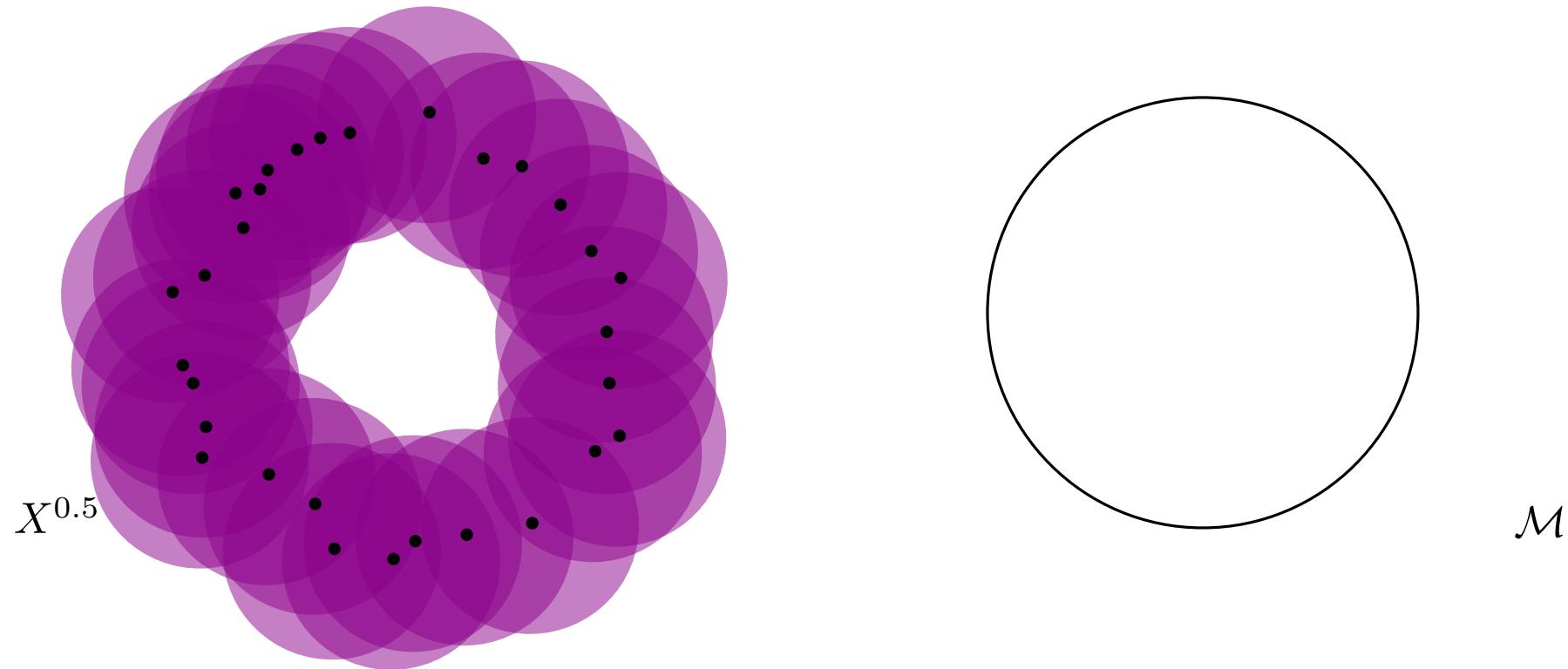
Soit $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ et $X \subset \mathcal{M}$ un échantillon fini.



Étant donné $t \geq 0$, le **t -épaississement** de X est

$$X^t = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x \in X, \|x - y\| \leq t\}.$$

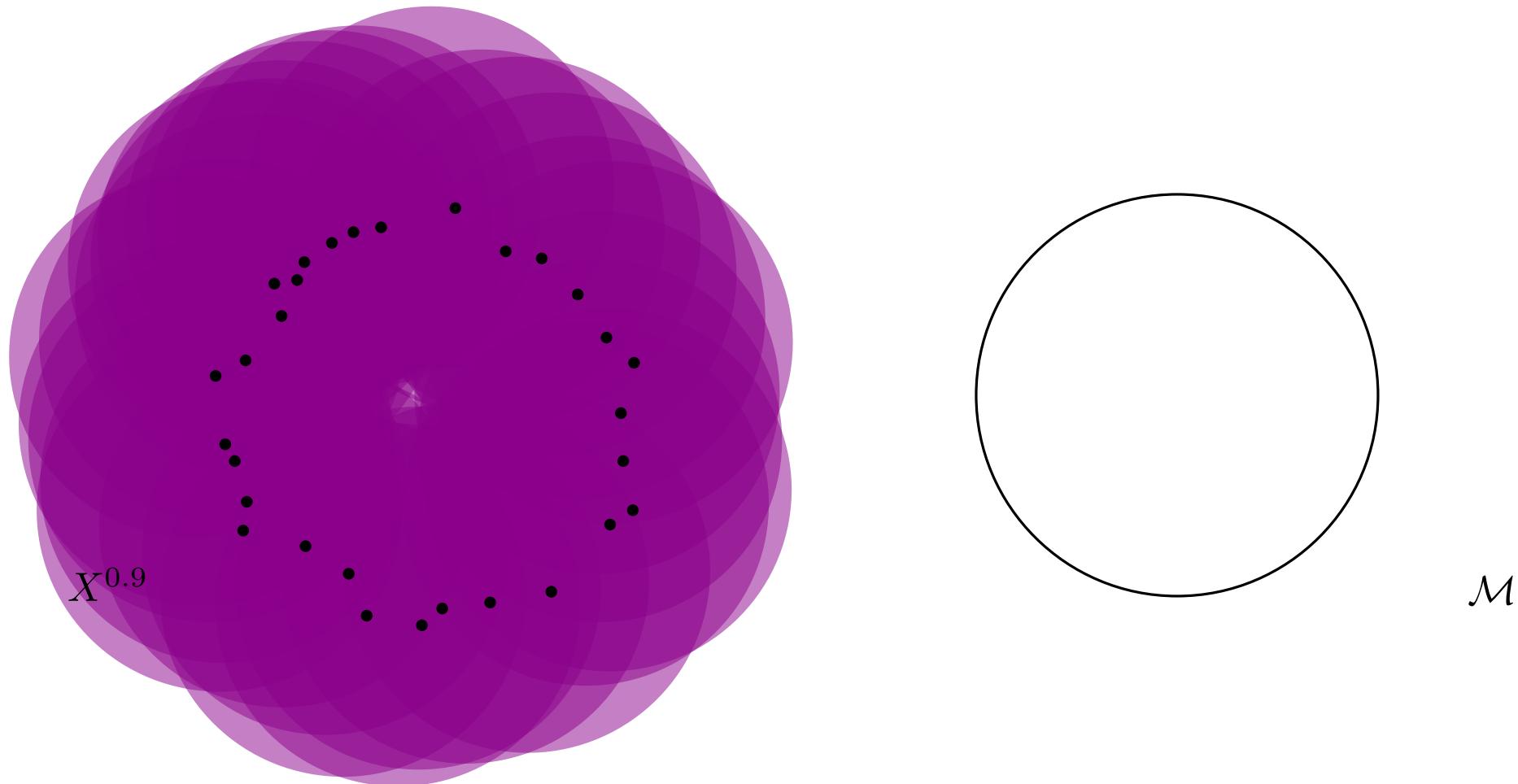
Soit $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ et $X \subset \mathcal{M}$ un échantillon fini.



Étant donné $t \geq 0$, le **t -épaississement** de X est

$$X^t = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x \in X, \|x - y\| \leq t\}.$$

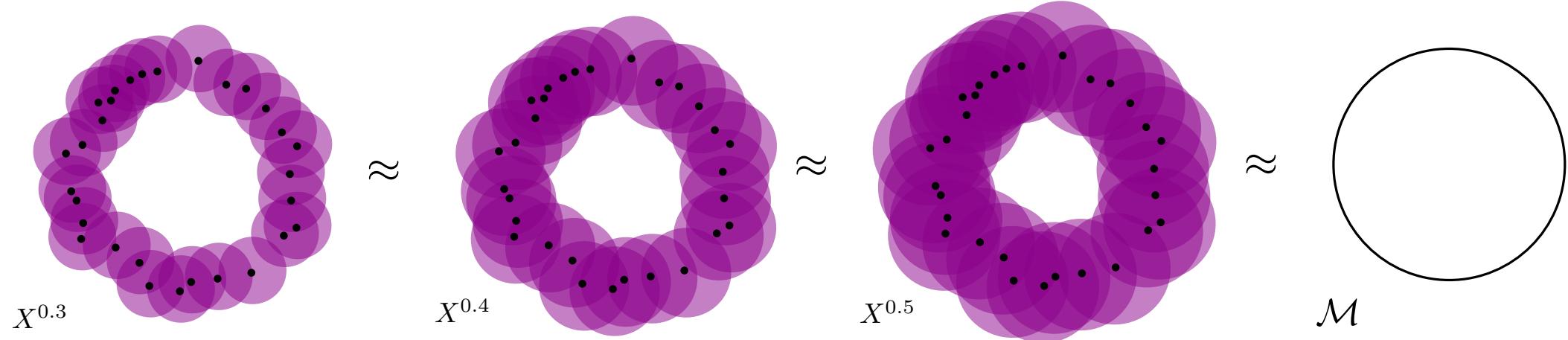
Soit $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ et $X \subset \mathcal{M}$ un échantillon fini.



Étant donné $t \geq 0$, le **t -épaississement** de X est

$$X^t = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x \in X, \|x - y\| \leq t\}.$$

Certains épaississements sont homotopiquement équivalents à \mathcal{M} .



On en déduit l'homologie de \mathcal{M} :

$$H_0(\mathcal{M}) \cong H_0(X^{0.3})$$

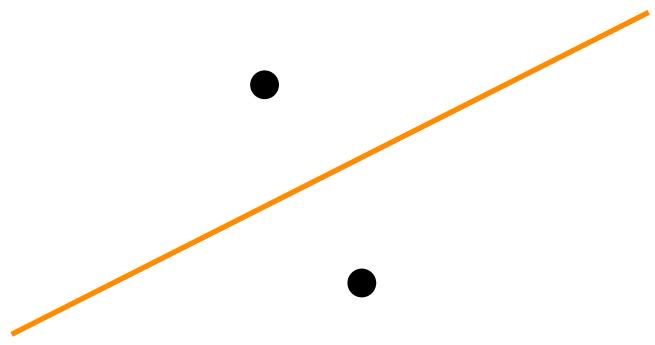
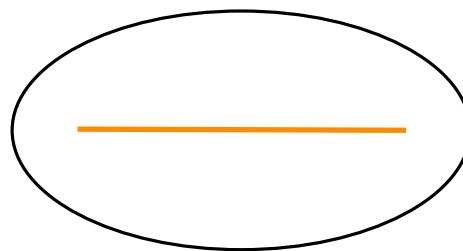
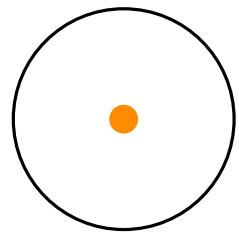
$$H_1(\mathcal{M}) \cong H_1(X^{0.3})$$

$$H_2(\mathcal{M}) \cong H_2(X^{0.3})$$

...

L'**axe médian** de $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ est le sous-ensemble

$$\text{med}(\mathcal{M}) = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x, x' \in \mathcal{M}, x \neq x', \|y - x\| = \|y - x'\| = \text{dist}(y, \mathcal{M})\}.$$

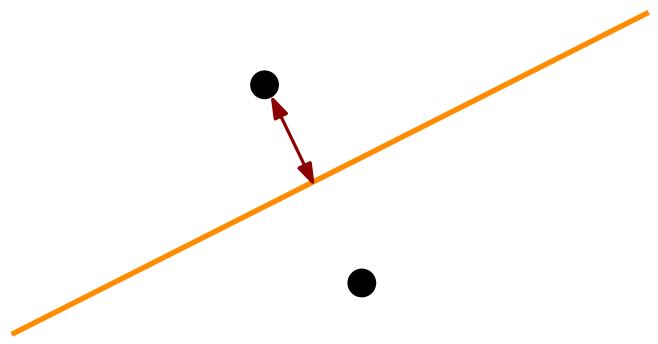
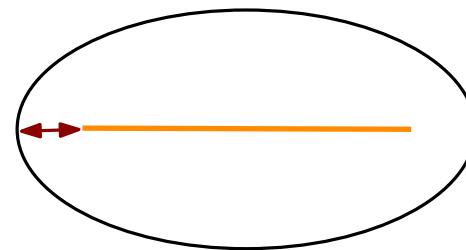
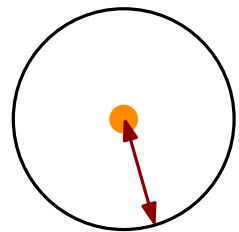


L'**axe médian** de $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ est le sous-ensemble

$$\text{med}(\mathcal{M}) = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x, x' \in \mathcal{M}, x \neq x', \|y - x\| = \|y - x'\| = \text{dist}(y, \mathcal{M})\}.$$

Sa **portée** est

$$\text{port}(\mathcal{M}) = \inf \{\|x - y\| \mid x \in \mathcal{M}, y \in \text{med}(\mathcal{M})\}.$$



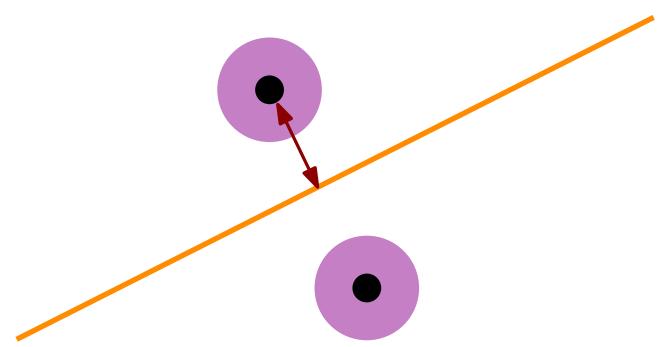
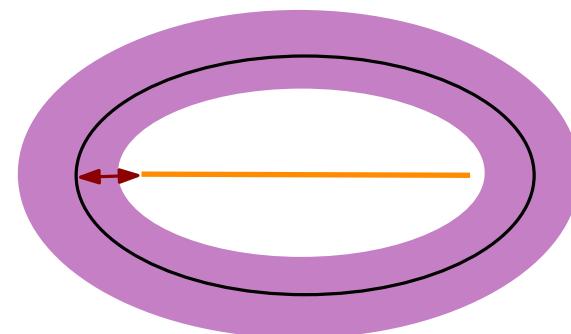
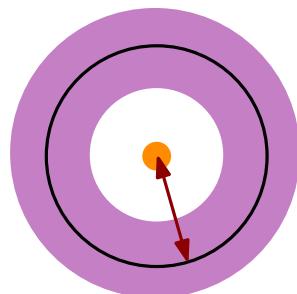
Propriété : Pour tout $t \in [0, \text{port}(\mathcal{M}))$, les sous-ensembles \mathcal{M} et \mathcal{M}^t sont homotopiquement équivalents.

L'**axe médian** de $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ est le sous-ensemble

$$\text{med}(\mathcal{M}) = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x, x' \in \mathcal{M}, x \neq x', \|y - x\| = \|y - x'\| = \text{dist}(y, \mathcal{M})\}.$$

Sa **portée** est

$$\text{port}(\mathcal{M}) = \inf \{\|x - y\| \mid x \in \mathcal{M}, y \in \text{med}(\mathcal{M})\}.$$



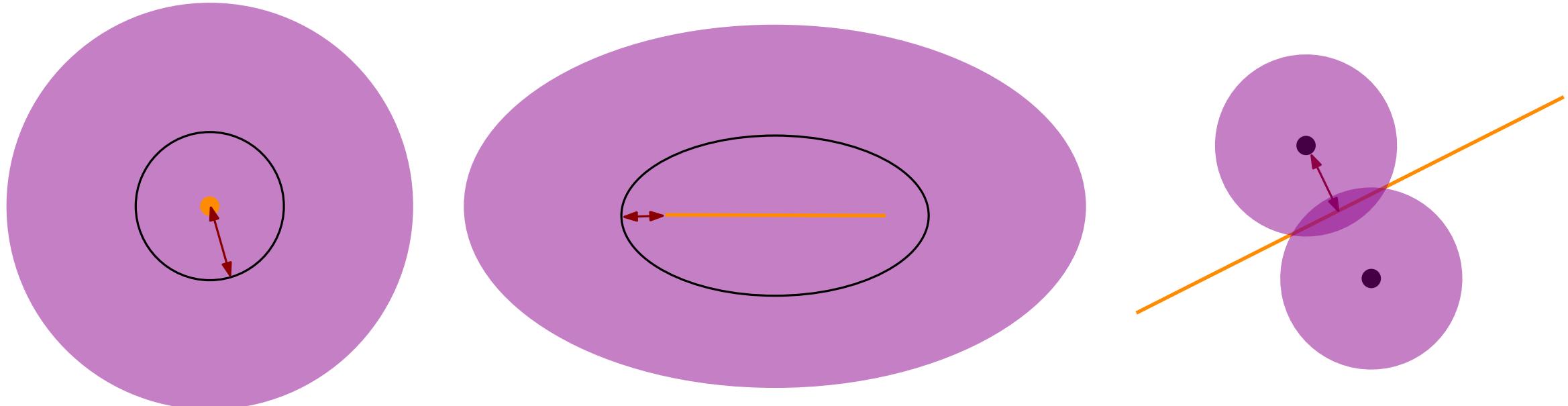
Propriété : Pour tout $t \in [0, \text{port}(\mathcal{M}))$, les sous-ensembles \mathcal{M} et \mathcal{M}^t sont homotopiquement équivalents.

L'**axe médian** de $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ est le sous-ensemble

$$\text{med}(\mathcal{M}) = \{y \in \mathbb{R}^n \mid \exists x, x' \in \mathcal{M}, x \neq x', \|y - x\| = \|y - x'\| = \text{dist}(y, \mathcal{M})\}.$$

Sa **portée** est

$$\text{port}(\mathcal{M}) = \inf \{\|x - y\| \mid x \in \mathcal{M}, y \in \text{med}(\mathcal{M})\}.$$



Propriété : Pour tout $t \in [0, \text{port}(\mathcal{M}))$, les sous-ensembles \mathcal{M} et \mathcal{M}^t sont homotopiquement équivalents.

On note $d_H(X, Y)$ la distance de Hausdorff entre deux compacts.

Théorème (Niyogi, Smale, Weinberger, 2008):

Soit $\mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ une sous-variété avec $\text{port}(\mathcal{M}) > 0$ et $X \subset \mathcal{M}$ fini.

Alors X^t et \mathcal{M} sont homotopiquement équivalents si

$$t \in \left[2d_H(X, \mathcal{M}), \sqrt{\frac{3}{5}} \text{port}(\mathcal{M}) \right).$$

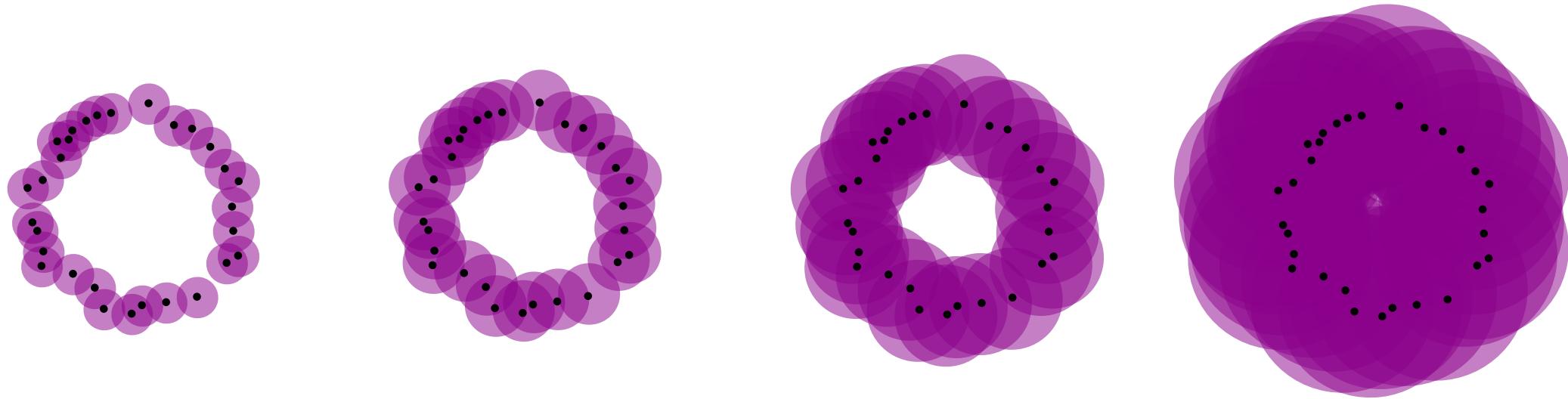
Théorème (Chazal, Cohen-Steiner, Lieutier, 2009):

Soit $X, \mathcal{M} \subset \mathbb{R}^n$ compacts avec $\text{port}_\mu(\mathcal{M}) > 0$.

Supposons que X soit une (κ, μ) -approximation de \mathcal{M} , i.e., $d_H(X, \mathcal{M}) \leq \kappa \cdot \text{port}_\mu(\mathcal{M})$.

Alors X^t et \mathcal{M} sont homotopiquement équivalents si

$$t \in \left[4d_H(X, \mathcal{M}) / \mu^2, \text{port}_\mu(\mathcal{M}) - 3d_H(X, \mathcal{M}) \right).$$



$$\cdots \dashrightarrow X^{t_1} \xleftarrow{i_{t_1}^{t_2}} X^{t_2} \xleftarrow{i_{t_2}^{t_3}} X^{t_3} \xleftarrow{i_{t_3}^{t_4}} X^{t_4} \dashrightarrow \cdots$$

$$\cdots \dashrightarrow H_i(X^{t_1}) \xrightarrow{(i_{t_1}^{t_2})_*} H_i(X^{t_2}) \xrightarrow{(i_{t_2}^{t_3})_*} H_i(X^{t_3}) \xrightarrow{(i_{t_3}^{t_4})_*} H_i(X^{t_4}) \dashrightarrow \cdots$$

Soit k un corps. Un **module de persistance** est un foncteur $(\mathbb{R}, \leq) \rightarrow k\text{-Vect}$. Autrement dit, c'est une paire

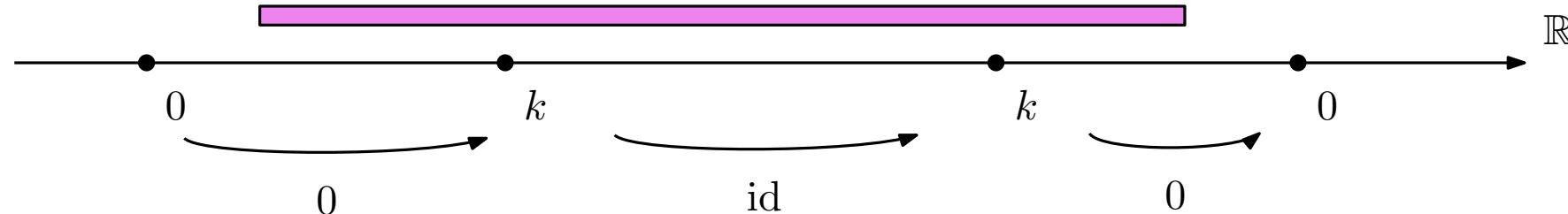
$$\mathbb{V} = ((V^t)_{t \in \mathbb{R}}, (v_s^t : V^s \rightarrow V^t)_{s \leq t \in \mathbb{R}})$$

où V^t sont des k -espaces vectoriels et v_s^t des applications linéaires telles que

- $\forall t \in \mathbb{R}, v_t^t = \text{id}$,
- $\forall r, s, t \in \mathbb{R}$ tels que $r \leq s \leq t$, on a $v_s^t \circ v_r^s = v_r^t$.

Soit $S \subset \mathbb{R}$ un intervalle. Le **module-intervalle** $\mathbb{V}[S]$ associé à S est le module de persistance défini par

$$V^t = \begin{cases} k & \text{if } t \in S, \\ 0 & \text{else,} \end{cases} \quad \text{and} \quad v_s^t = \begin{cases} \text{id} & \text{if } s, t \in S, \\ 0 & \text{else.} \end{cases}$$



Soit k un corps. Un **module de persistance** est un foncteur $(\mathbb{R}, \leq) \rightarrow k\text{-Vect}$. Autrement dit, c'est une paire

$$\mathbb{V} = ((V^t)_{t \in \mathbb{R}}, (v_s^t : V^s \rightarrow V^t)_{s \leq t \in \mathbb{R}})$$

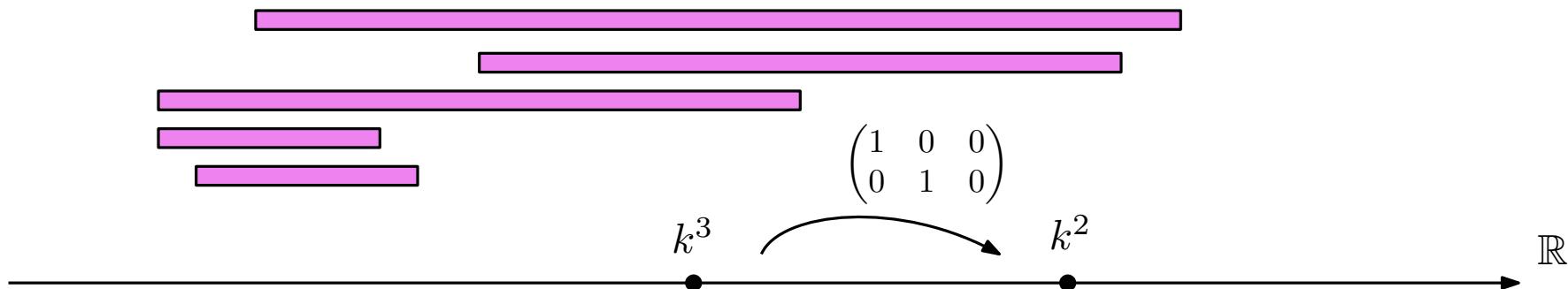
où V^t sont des k -espaces vectoriels et v_s^t des applications linéaires telles que

- $\forall t \in \mathbb{R}, v_t^t = \text{id}$,
- $\forall r, s, t \in \mathbb{R}$ tels que $r \leq s \leq t$, on a $v_s^t \circ v_r^s = v_r^t$.

Soit $S \subset \mathbb{R}$ un intervalle. Le **module-intervalle** $\mathbb{V}[S]$ associé à S est le module de persistance défini par

$$V^t = \begin{cases} k & \text{if } t \in S, \\ 0 & \text{else,} \end{cases} \quad \text{and} \quad v_s^t = \begin{cases} \text{id} & \text{if } s, t \in S, \\ 0 & \text{else.} \end{cases}$$

On peut sommer les modules-intervalle :



Un module \mathbb{V} se **décompose en modules-intervalle** s'il existe un multi-ensemble d'intervalles \mathcal{B} tels que

$$\mathbb{V} \simeq \bigoplus_{S \in \mathcal{B}} \mathbb{V}[S].$$

Théorème (Crawley-Boevey, 2015) :

Un module de persistance de dimension finie ($\forall t \in \mathbb{R}, \dim V^t < +\infty$) se décompose en modules-intervalle.

[Zomorodian, Carlsson, Computing Persistent Homology, 2004]

[Chazal, de Silva, Glisse, Oudot, The Structure and Stability of Persistence Modules, 2012]

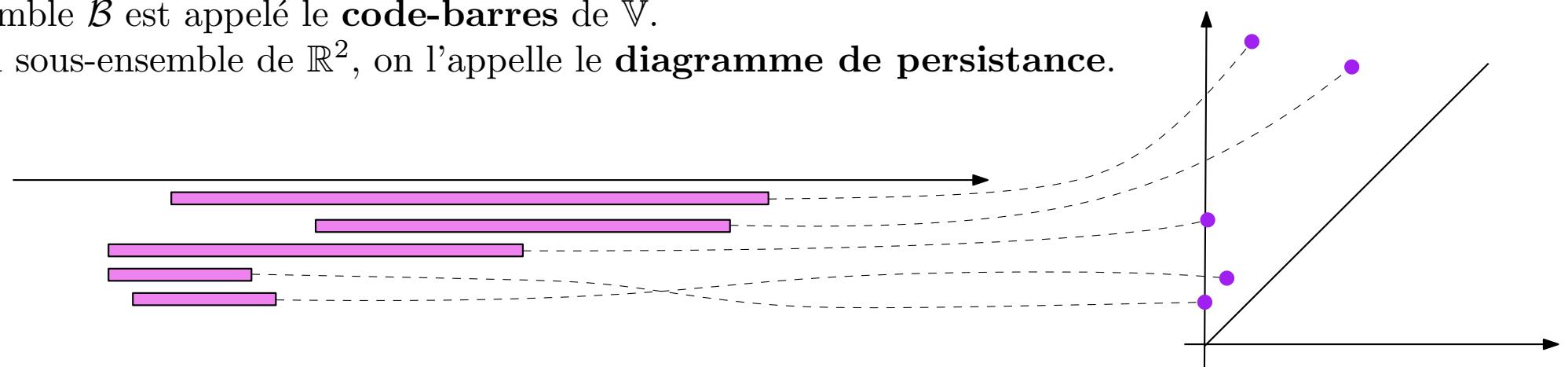
[Crawley-Boevey, Decomposition of pointwise finite-dimensional persistence modules, 2015]

[Botnan, Crawley-Boevey, Decomposition of persistence modules, 2020]

Théorème (Krull-Remak-Schmidt-Azumaya) : Si la décomposition \mathcal{B} existe, alors elle est unique.

Le multi-ensemble \mathcal{B} est appelé le **code-barres** de \mathbb{V} .

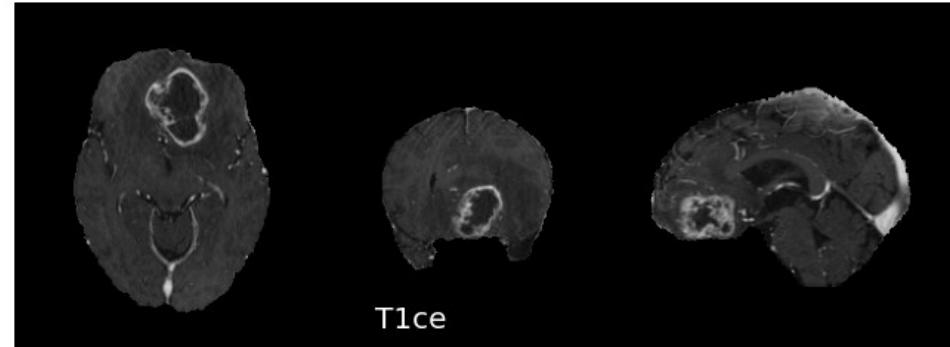
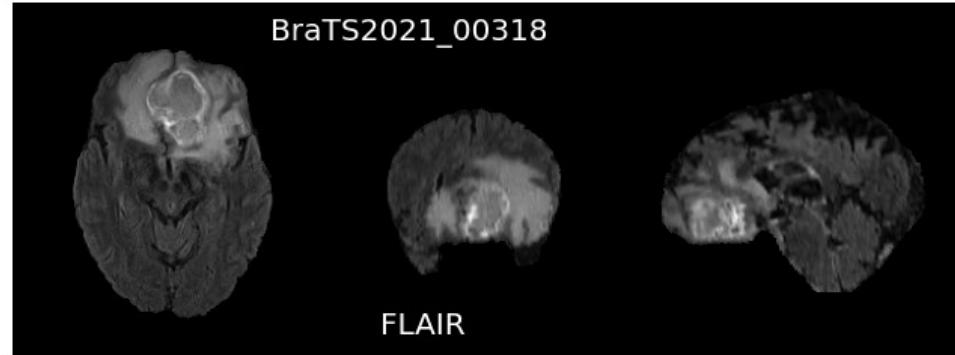
Vu comme un sous-ensemble de \mathbb{R}^2 , on l'appelle le **diagramme de persistance**.



Persistance des sur-niveaux d'IRM

10/17 (1/2)

On considère les sur-niveaux des modalités Flair et T1ce, $I^t = I^{-1}([t, 1))$, où $I: [0, 1]^3 \rightarrow [0, 1]$.



$t = 0.5$



$t = 0.4$



$t = 0.3$



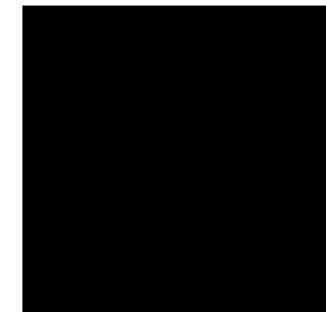
$t = 0.2$



$t = 0.1$



$t = 0$



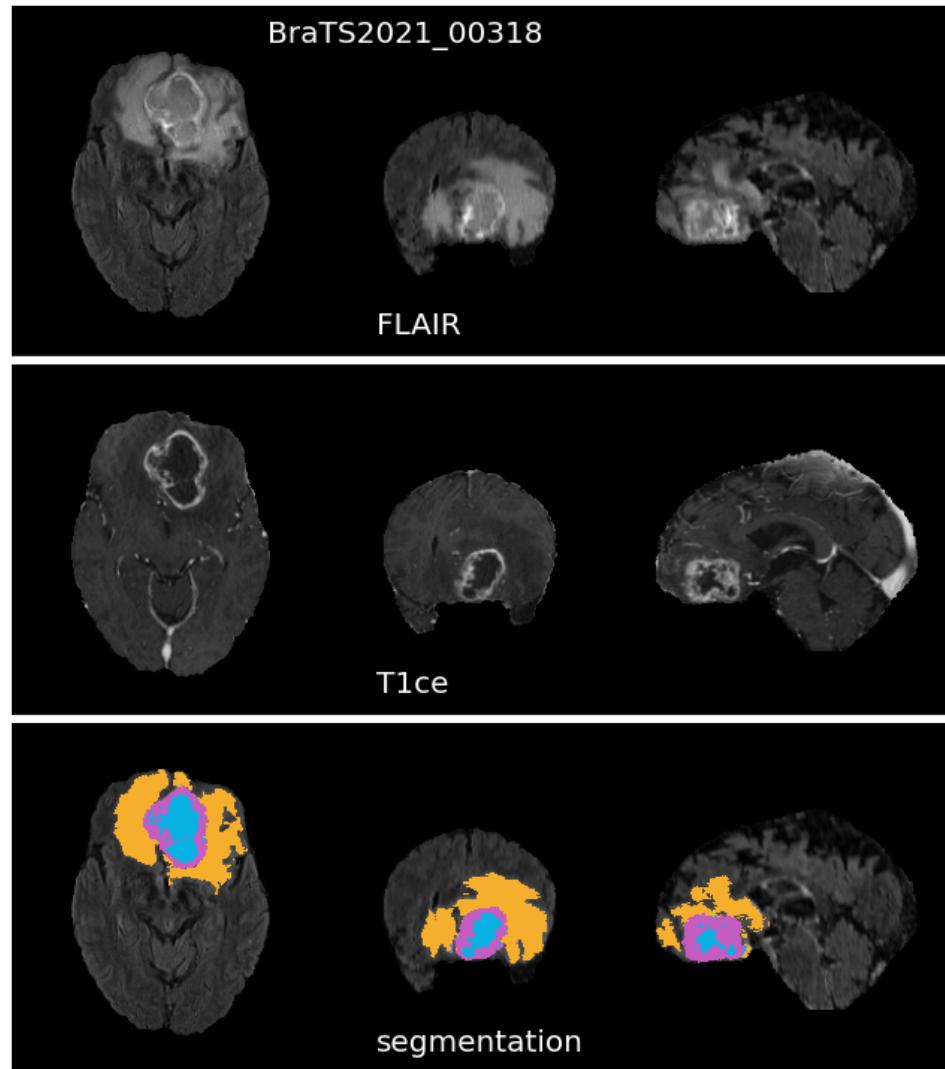
Flair



T1ce

Persistance des sur-niveaux d'IRM

10/17 (2/2)



Persistance de Flair : La tumeur en entier est représentée par un composante connexe persistante.

Persistance de T1ce : La **Tumeur réhaussée** produit un cycle persistant dans H_2 .

Notre stratégie :

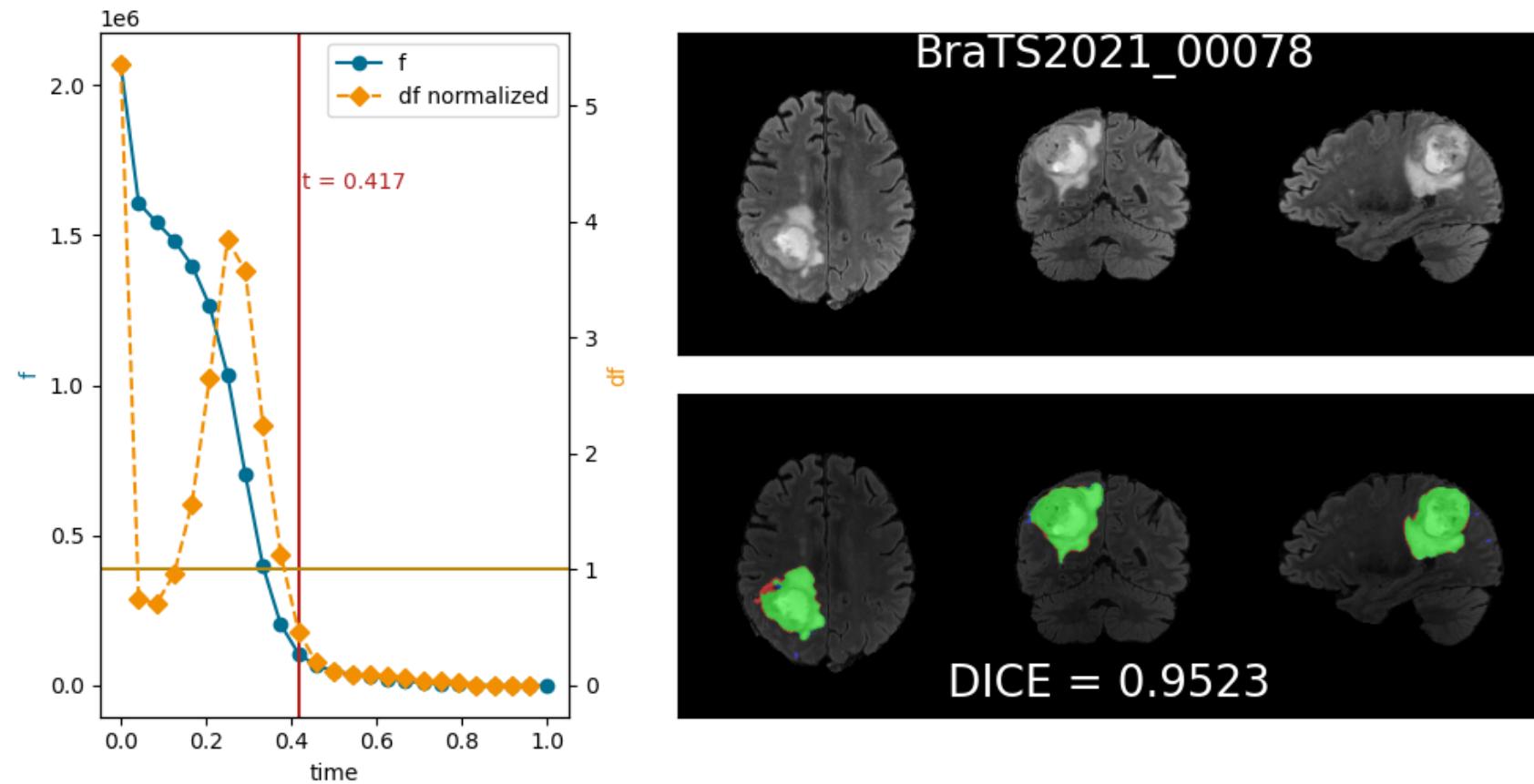
1. Identifier la tumeur en entière (dans Flair),
2. Déetecter la **tumeur réhaussée** (dans T1ce),
3. Déduire les autres composantes (**oedème**, **noyau**).

Notations : Images I_{FLAIR} et $I_{\text{T1ce}} : \Omega \rightarrow [0, 1]$.

Les composantes sont dénotées X_{NT} , X_{TR} et X_{OE} . Leur union, X_{Ent} , est la tumeur entière.

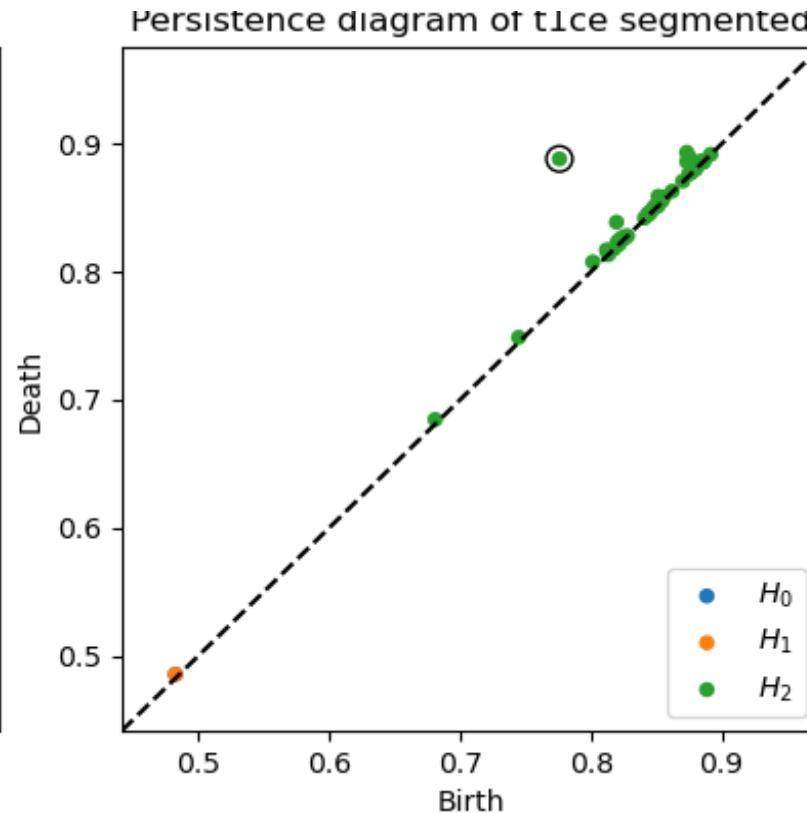
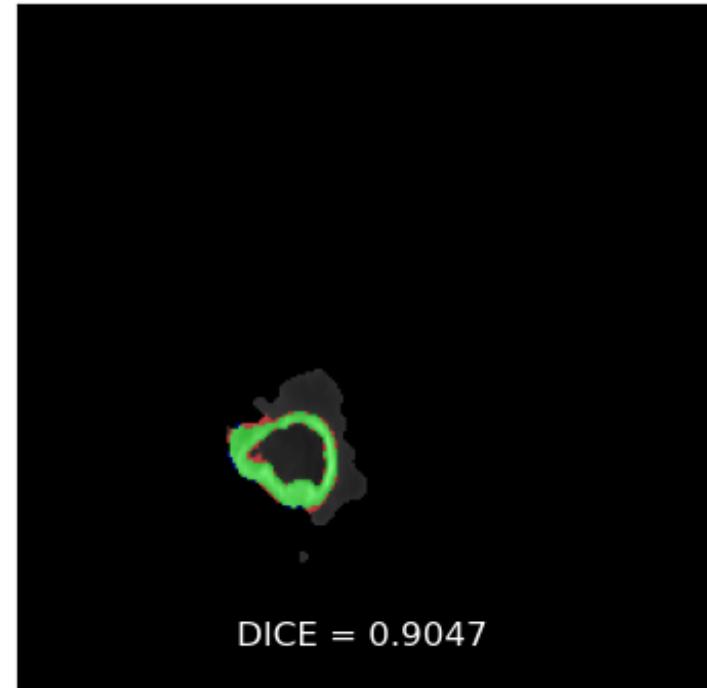
Idée: Sélectionner la plus grosse région hyper-intense dans Flair. On s'attend à ce que ce soit X_{Ent} .

- Soit $t \mapsto \#I_{\text{FLAIR}}^t$ le nombre de voxels d'intensité $\geq t$, et $t \mapsto d\#\#I_{\text{FLAIR}}^t$ sa dérivée (normalisée).
- On identifie la première valeur t (en partant de 1) pour laquelle $d\#\#I_{\text{FLAIR}}^t \geq dt_threshold$ (hyperparamètre).
- Puis on définit X_{Ent} comme la plus grande composante connexe de I_{FLAIR}^t .



Idée: Sélectionner le bord sphérique de la tumeur. On espère que ce soit X_{TR} .

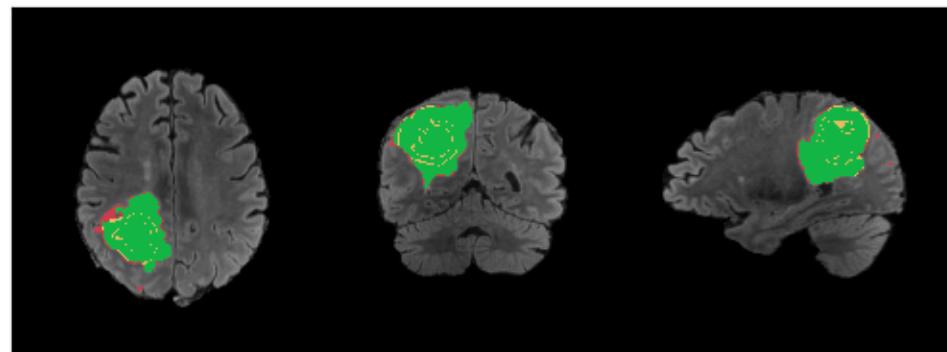
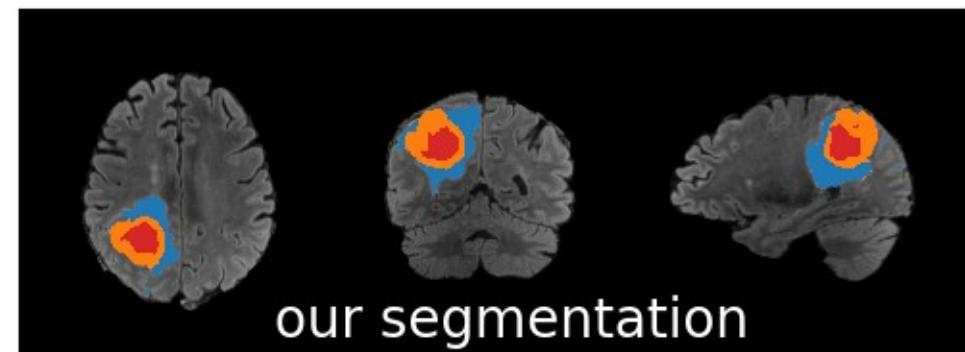
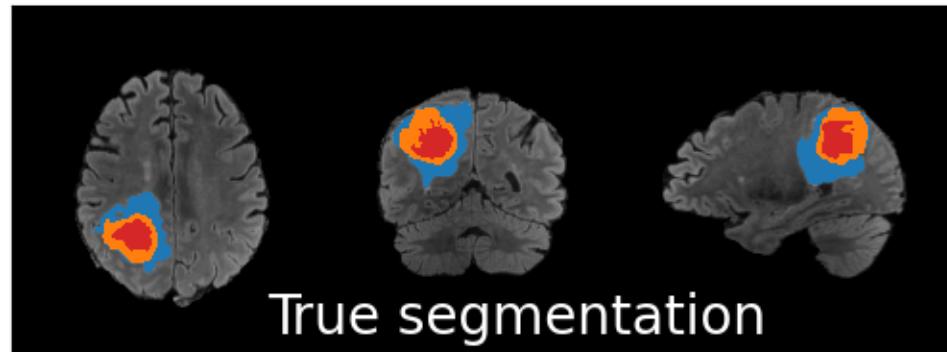
- On calcule l'homologie persistante des sur-niveaux de l'image I_{T1ce} , restreinte à X_{Ent} .
- On sélectionne le cycle de H_2 de plus grande persistance (i.e., le point (t_b, t_d) qui maximize $|t_d - t_b|$).
- Soit $x_b \in \Omega$ le voxel qui lui a donné naissance. On définit X_{TR} comme sa composante connexe dans $I_{\text{T1ce}}^{t_b}$.



Note : Cette composante connexe n'est pas nécessairement un cycle représentant la classe d'homologie.

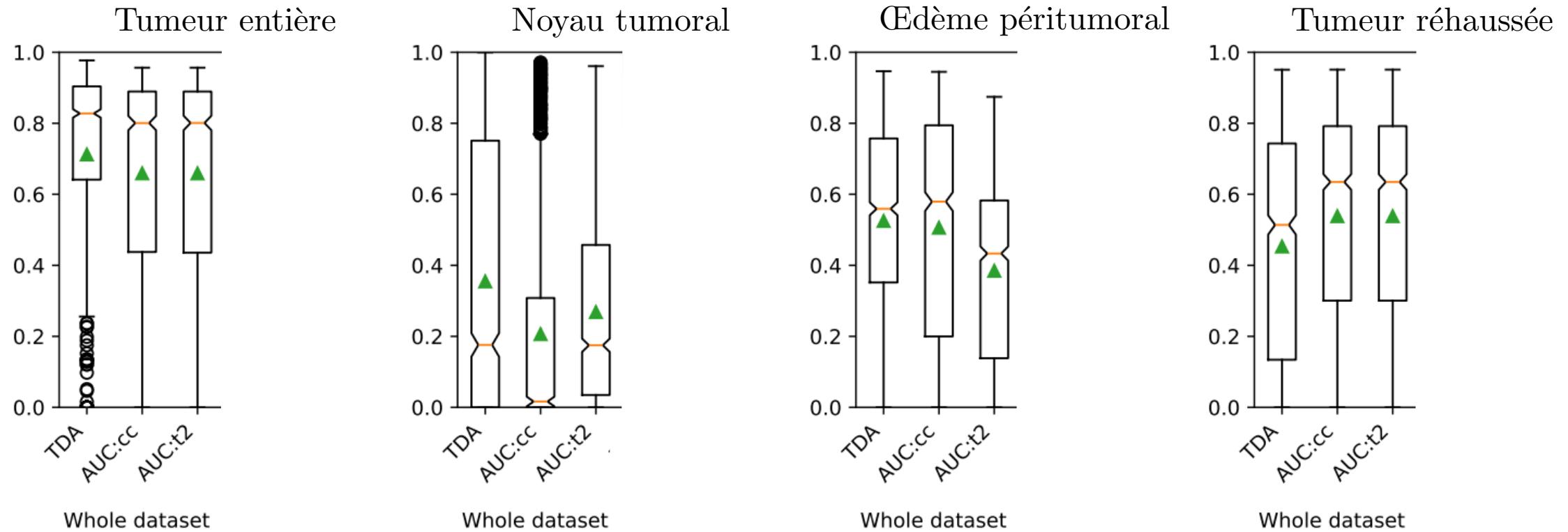
Idée: Sélectionner l'intérieur et l'extérieur de X_{TR} , qui devraient correspondre à X_{NT} et X_{CE} .

- On calcule les composantes connexes de $X_{\text{Ent}} \setminus X_{\text{TR}} \subset \Omega$.
- Les composantes extérieures (pas en contact avec le fond de l'image) sont jointes et appelées X_{CE} .
- Les autres sont ajoutées X_{NT} .



Le **coefficient de Dice** entre deux images binaires $X, Y: \Omega \rightarrow \{0, 1\}$ est

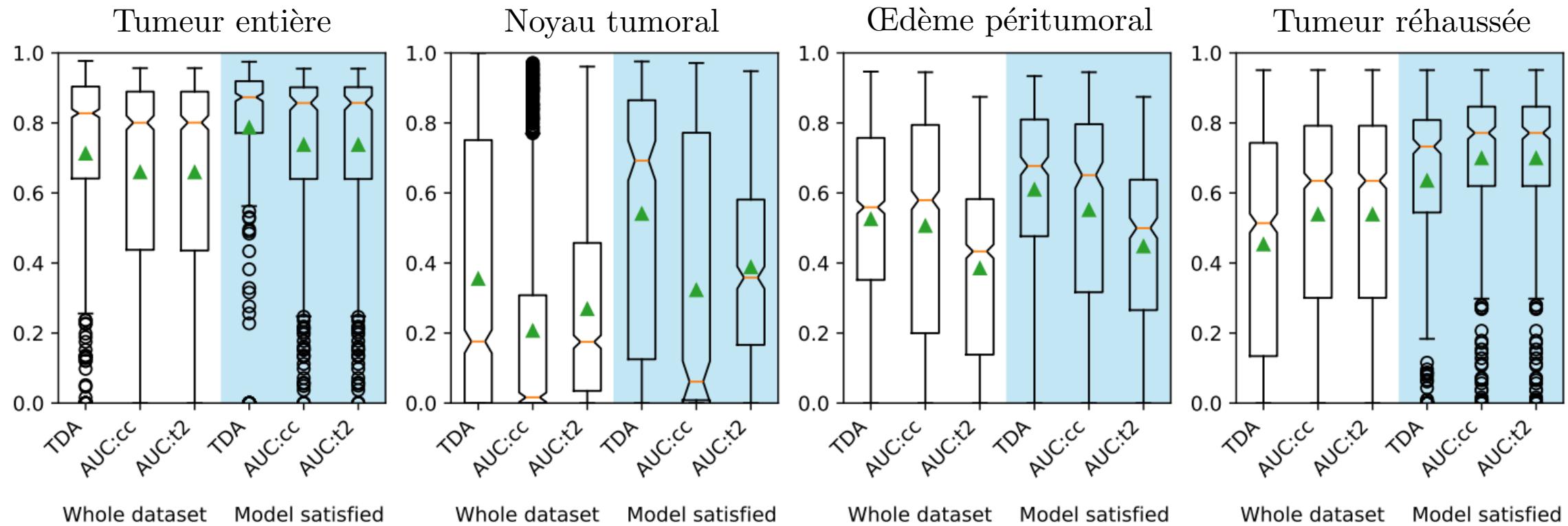
$$\text{Dice}(X, Y) = \frac{2\#(X \cap Y)}{\#X + \#Y}$$



On se compare avec **AUCSeg** (Zhao, Ren, Yu, Yu, Peng, Zhang, 2021) sur la collection BraTS 2021 (1251 IRM).

Le **coefficient de Dice** entre deux images binaires $X, Y: \Omega \rightarrow \{0, 1\}$ est

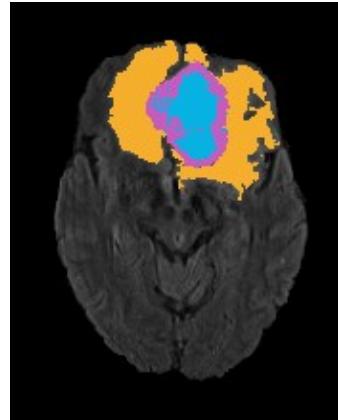
$$\text{Dice}(X, Y) = \frac{2\#(X \cap Y)}{\#X + \#Y}$$



On se compare avec **AUCSeg** (Zhao, Ren, Yu, Yu, Peng, Zhang, 2021) sur la collection BraTS 2021 (1251 IRM).

D'autre part, on restreint les scores aux images qui vérifient notre modèle géométrique (31% des images).

Modèle géométrique : Soit X_{Ent} , X_{NT} , X_{TR} , et $X_{\text{CE}} \subset \Omega$ les composantes.



Noyau tumoral (NT),
Tumeur rehaussée (TR),
Œdème péritumoral (CE).

X_{Ent} est un cluster hyperintense : X_{Ent} est constitué d'une seule composante connexe, ou éventuellement de plusieurs, les autres étant dix fois plus petites.

D'autre part, le voxel le plus intense dans FLAIR appartient à X_{NT} ou X_{TR} .

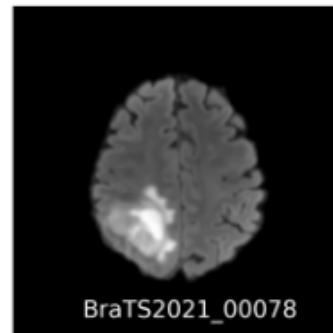
X_{TR} est sphérique : Après 2 dilatations binaires, X_{TR} divise l'espace en deux composantes connexes. De plus, le voxel le plus intense de la tumeur dans T1ce appartient à X_{TR} .

X_{NT} est à l'intérieur et X_{CE} à l'extérieur : L'application d'une dilatation binaire à X_{NT} (resp. X_{CE}) produit de nouveaux voxels dont au moins (resp. au plus) la moitié appartiennent à X_{TR} .

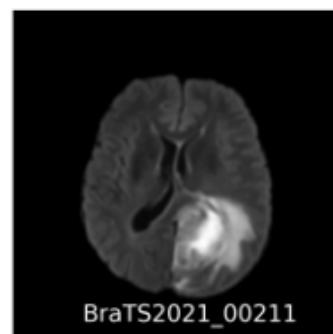
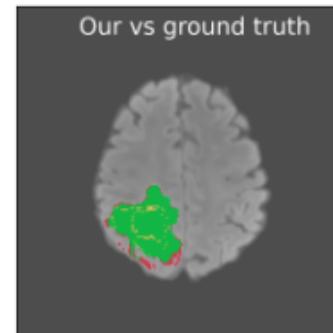
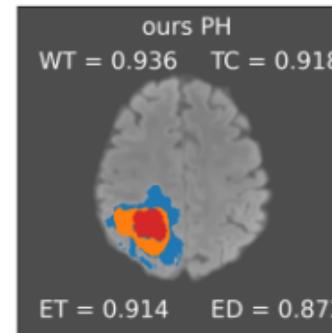
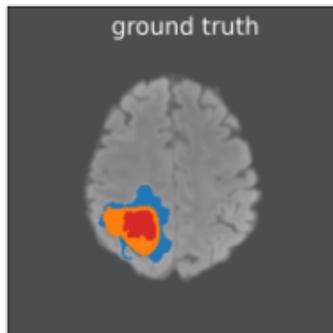
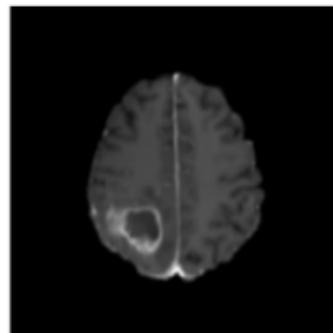
31% des images vérifient le modèle.

Résultats

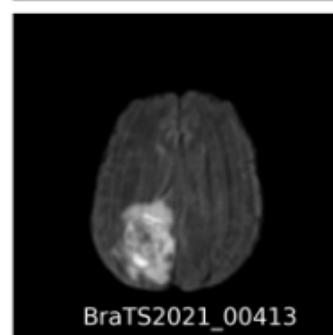
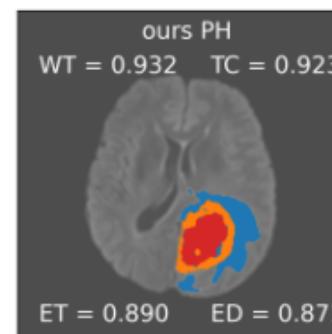
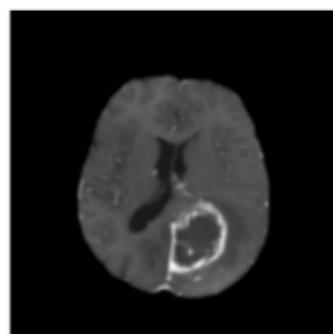
14/17 (4/5)



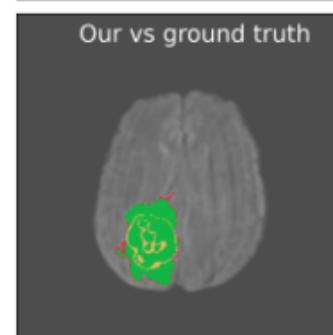
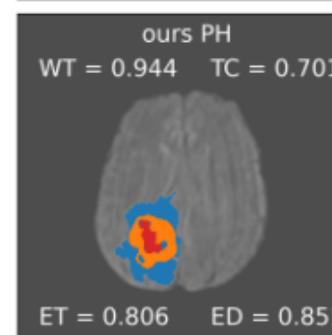
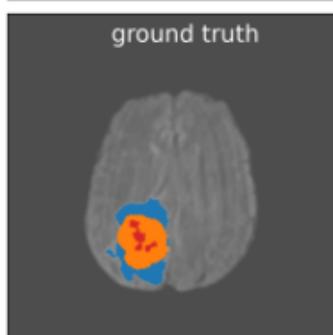
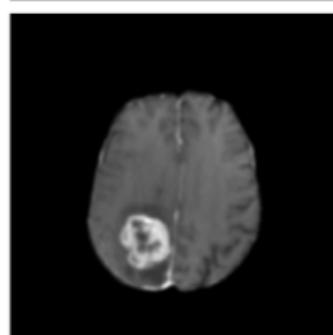
BraTS2021_00078



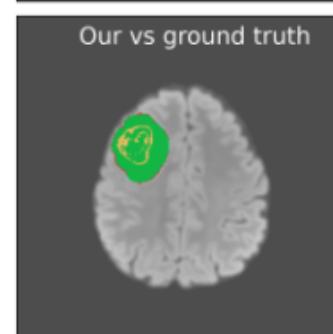
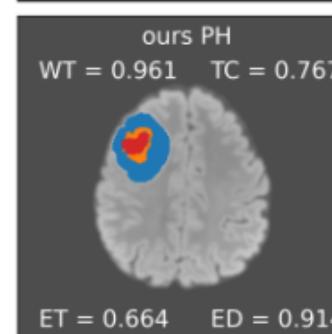
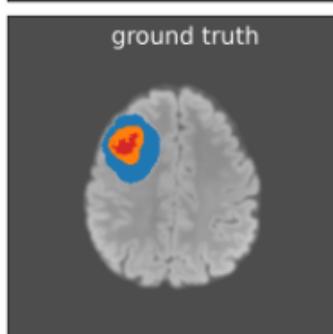
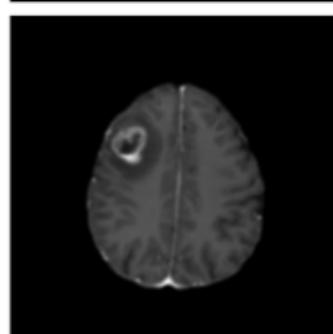
BraTS2021_00211



BraTS2021_00413

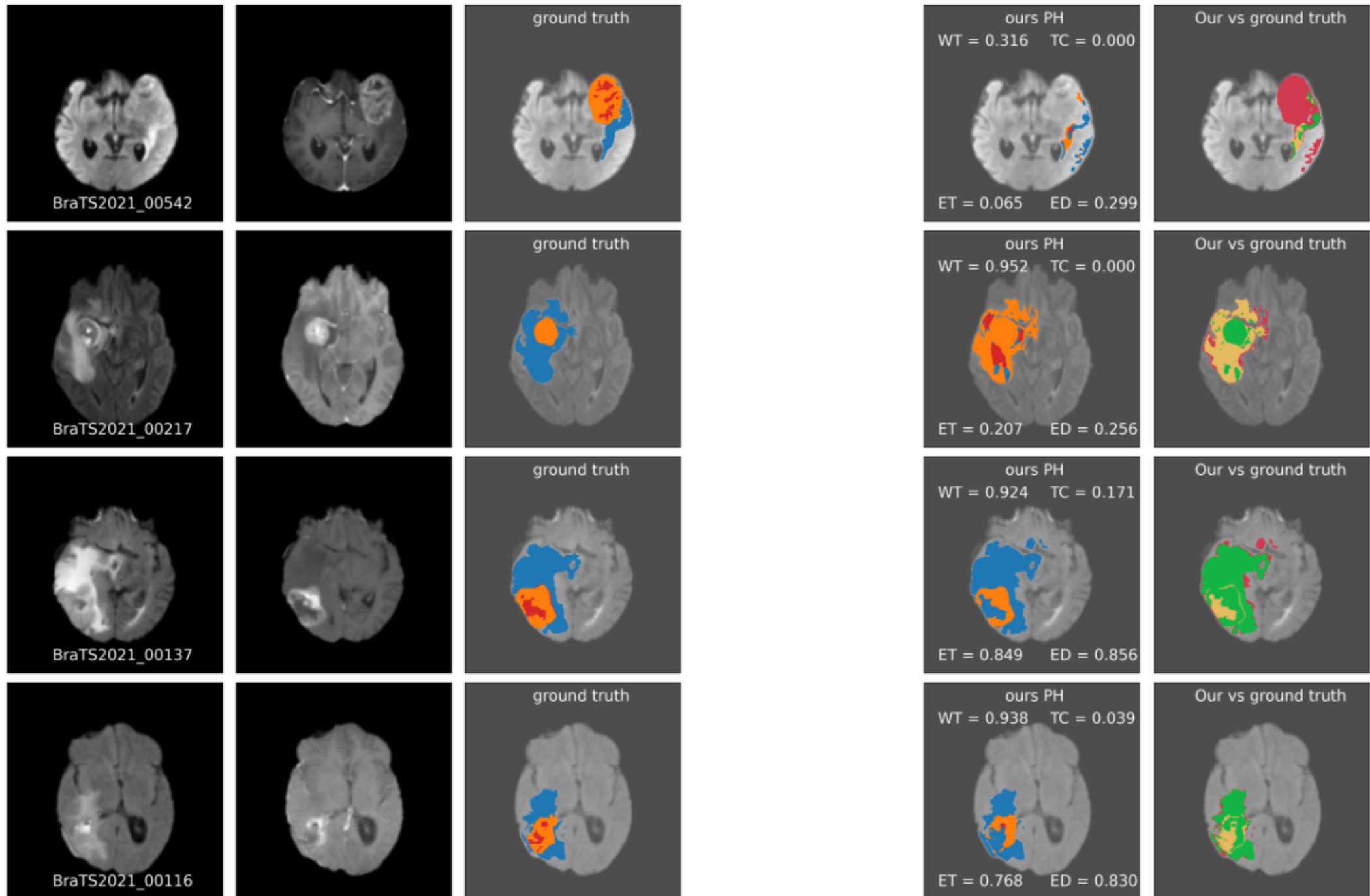


BraTS2021_00639



Résultats

14/17 (5/5)

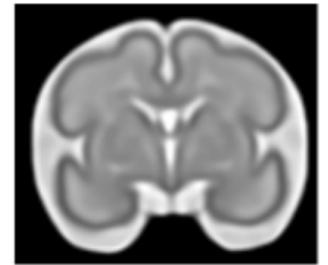


Segmentation du cortex fœtal

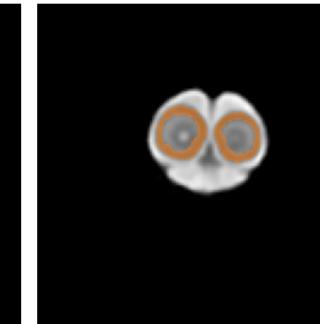
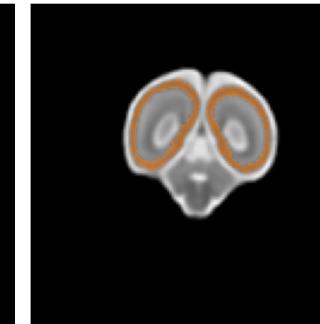
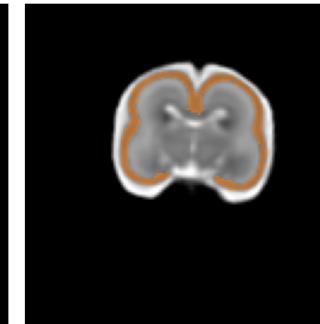
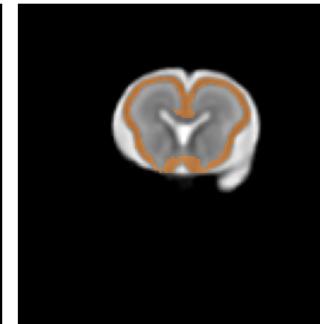
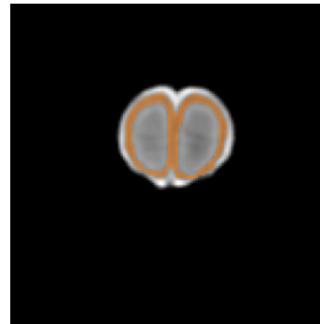
15/17 (1/3)

Objectif : segmentation de la **plaqué corticale** (IRM T2).

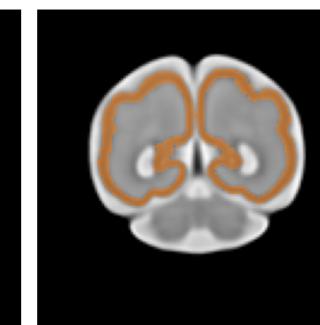
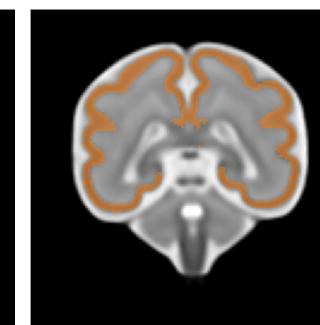
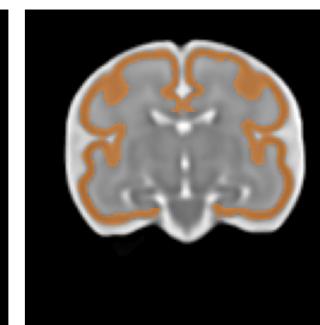
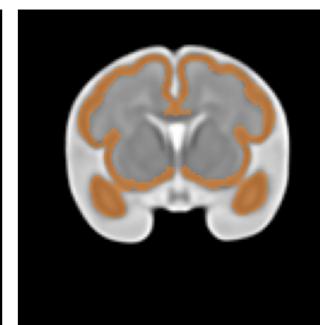
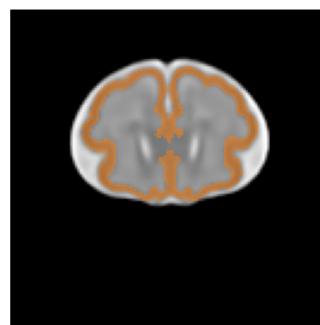
Données : IMAGINE Spatiotemporal Atlas, de la 21ème à 38ème semaine de gestation.



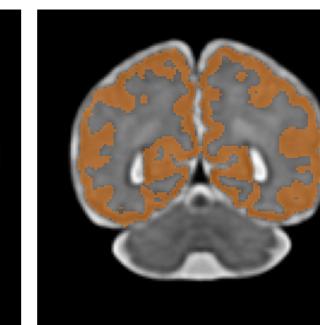
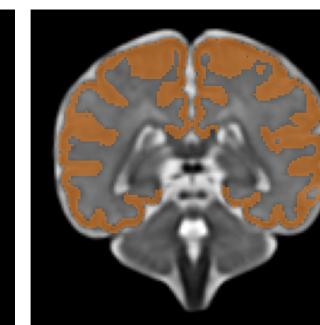
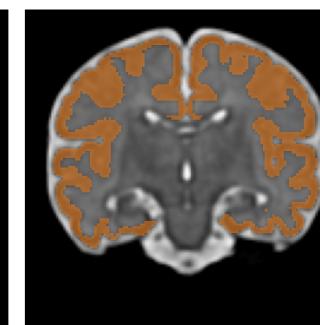
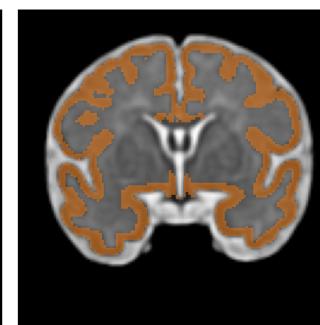
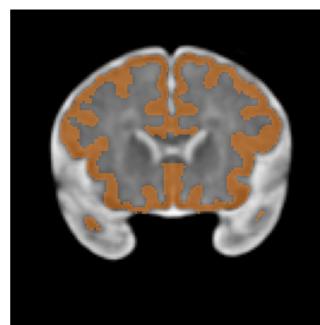
Semaine 21



Semaine 30



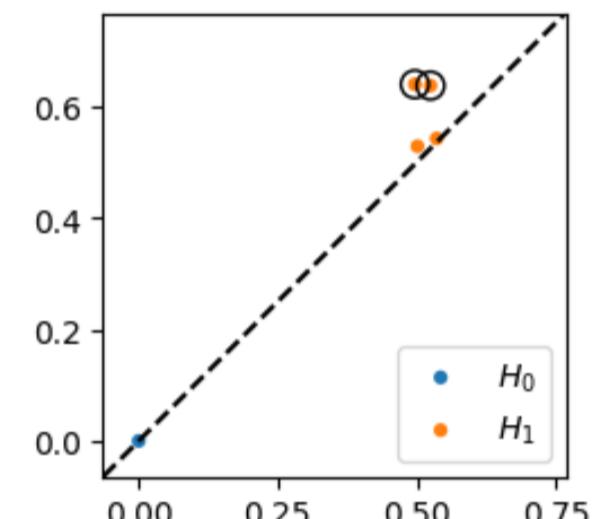
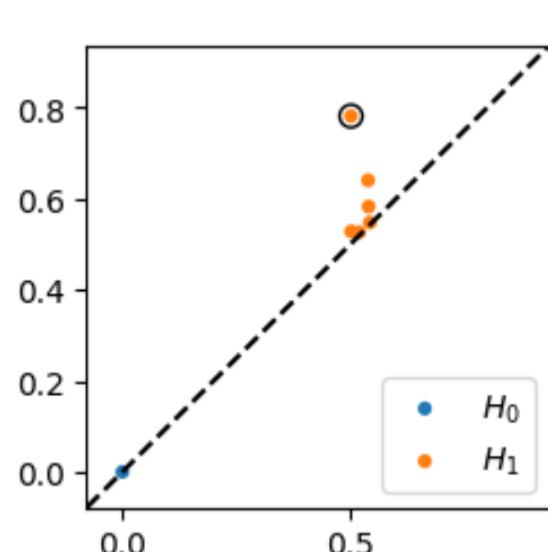
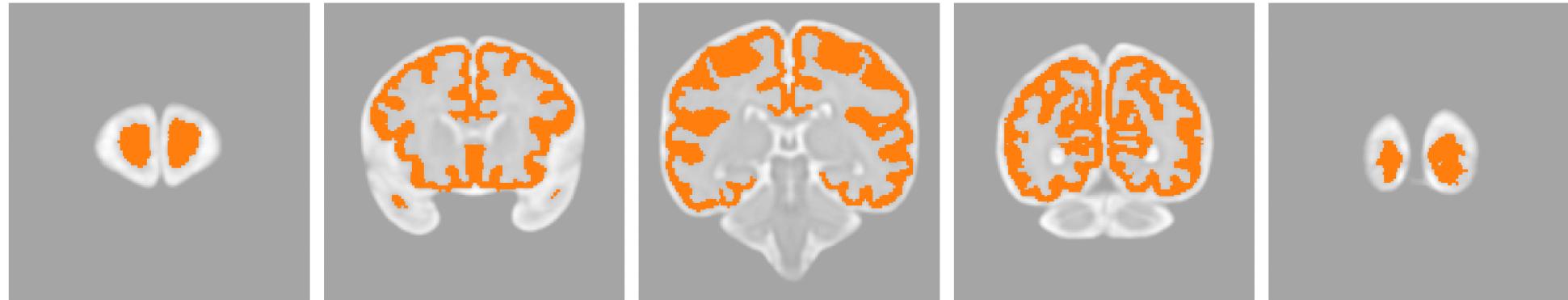
Semaine 38



Dans les coupes coronales, on observe :

- un ou deux objets simplement connexes,
- ou un ou deux cercles.

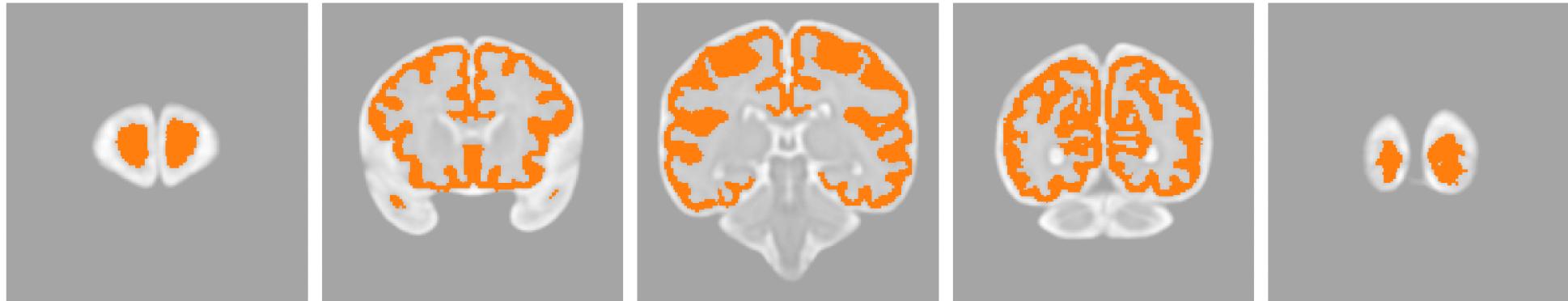
Stratégie : Identifier ces composantes avec le diagramme de persistance en H_1 .



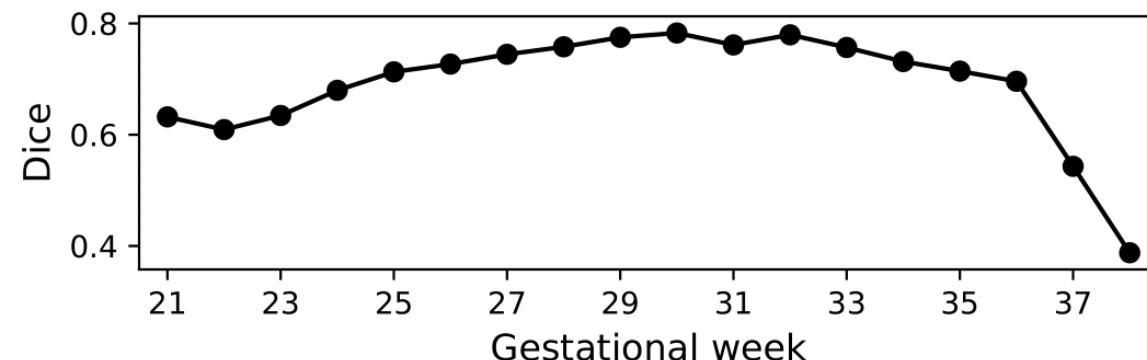
Dans les coupes coronales, on observe :

- un ou deux objets simplement connexes,
- ou un ou deux cercles.

Stratégie : Identifier ces composantes avec le diagramme de persistance en H_1 .



Résultats :

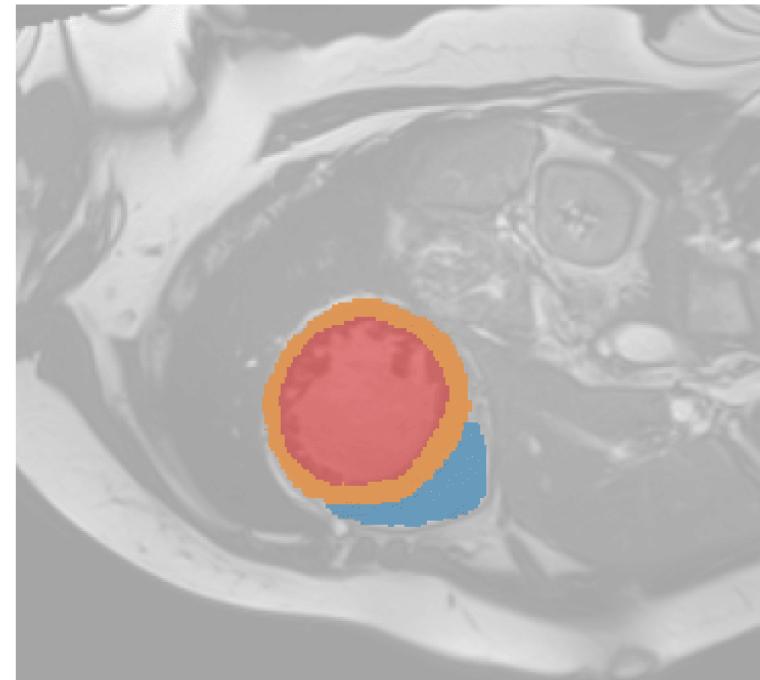
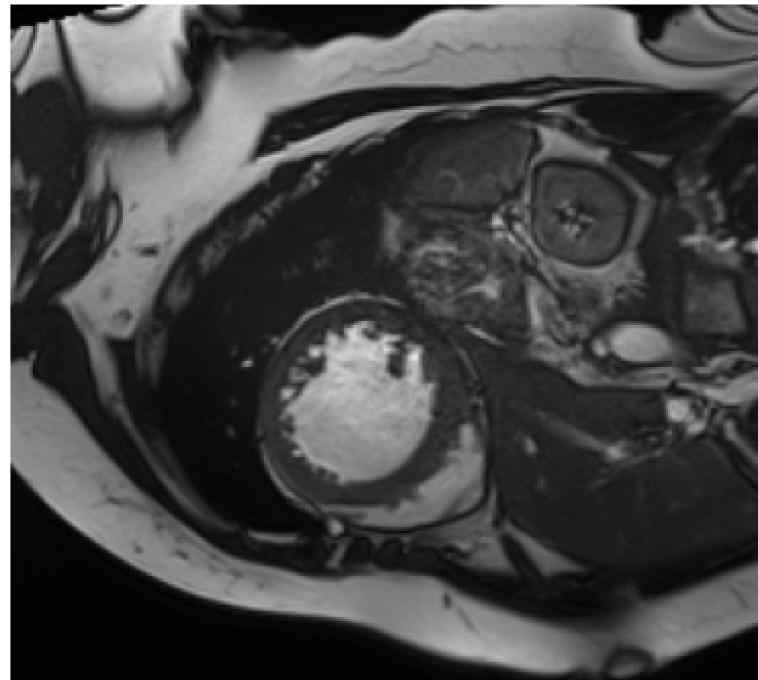


Objectif : segmentation du myocarde et ventricules dans des IRM cardiaques (CMR).

Données : Automated Cardiac Diagnosis Challenge (ACDC).

150 patients, deux scans (en phase téldiastolique et télésystolique).

Classes: myocarde (Myo), ventricule droit (VD), ventricule gauche (VG).



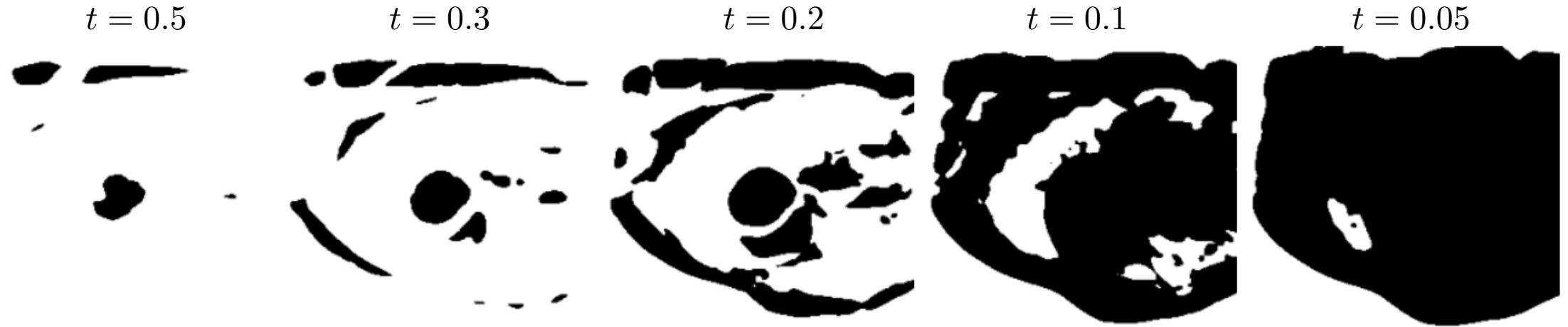
VD et VG : hyperintenses.

Myo: hypointense, en forme de cylindre.

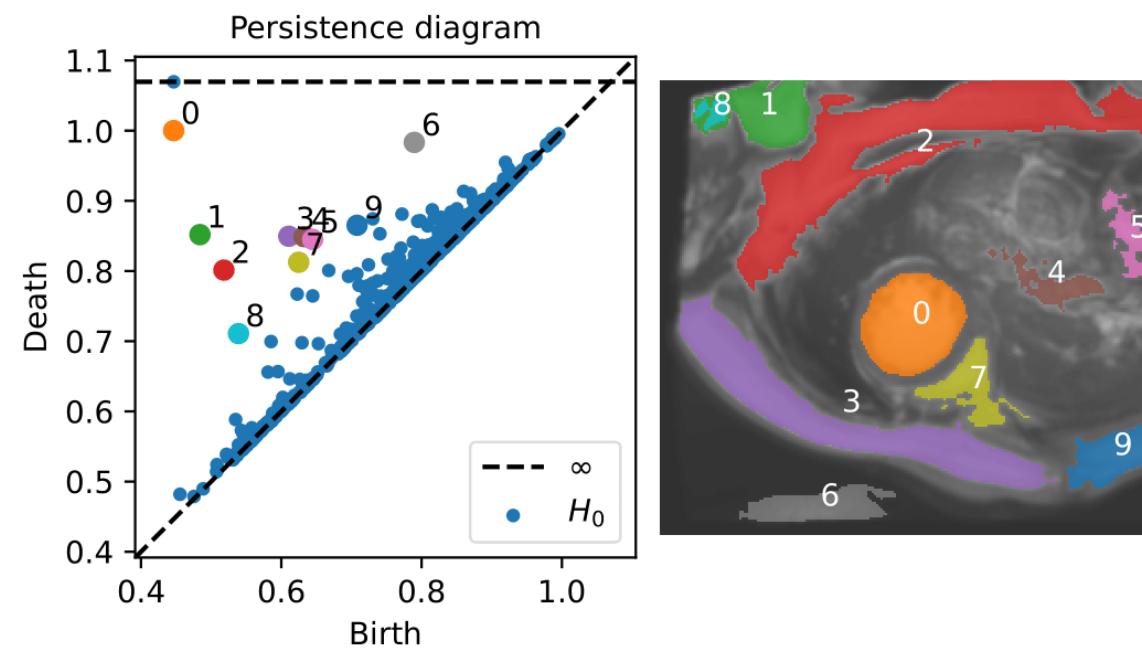
Segmentation cardiaque

16/17 (2/4)

Difficulté : les sur-niveaux présentent de nombreux objets annexes.

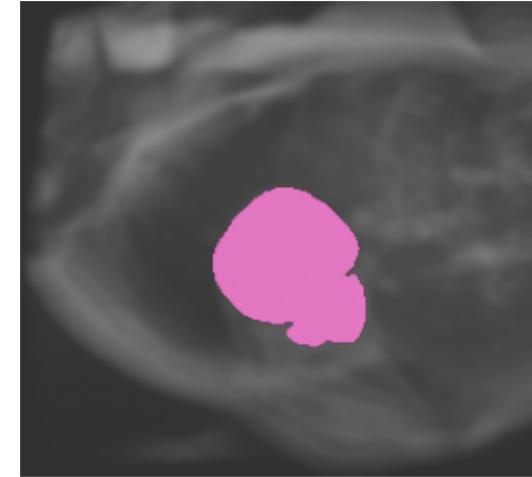
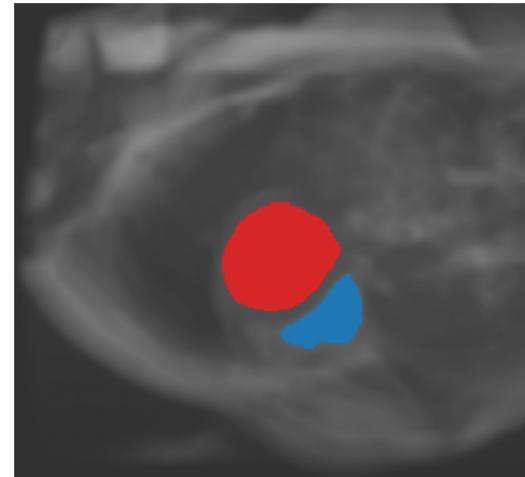


On obtient une première segmentation de l'image par la persistance en H_0 .



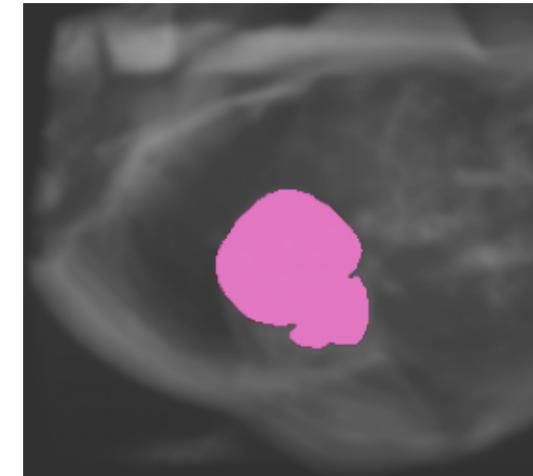
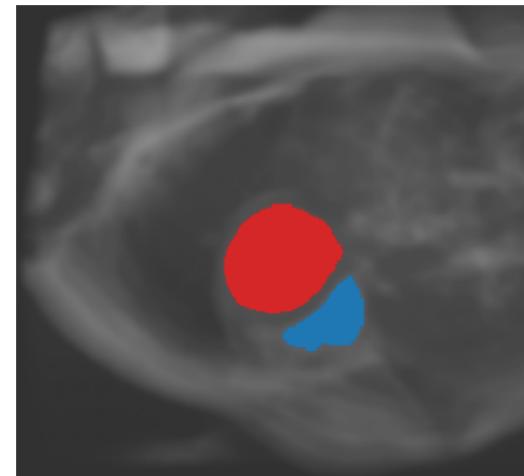
Idée : Segmenter l'image coupe par coupe.

- Identifier **VG** comme composante la plus sphérique.
- Déetecter **VD** comme la composante la plus proche de **VG**.
- Dilater **VG** jusqu'à contact avec **VD**, puis identifier **Myo** comme le cycle de H_1 le plus persistant.



Idée : Segmenter l'image coupe par coupe.

- Identifier **VG** comme composante la plus sphérique.
- Déetecter **VD** comme la composante la plus proche de **VG**.
- Dilater **VG** jusqu'à contact avec **VD**, puis identifier **Myo** comme le cycle de H_1 le plus persistant.



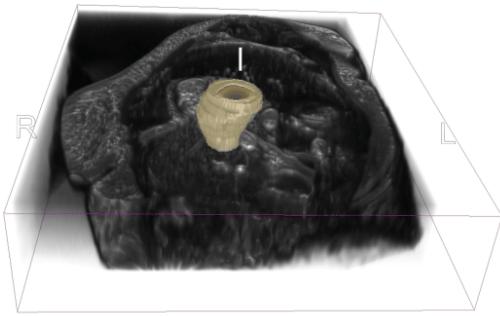
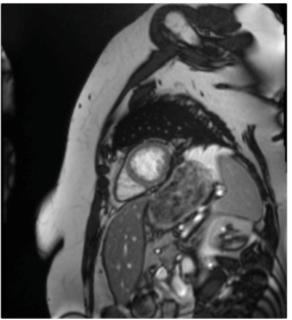
Résultats :

Méthode	Phase	VG	VD	Myo
2D	Dyastolique	0.72	0.50	0.40
2D	Systolique	0.51	0.27	0.32
3D	Dyastolique	0.69	0.43	0.39
3D	Systolique	0.38	0.23	0.27

Conclusion

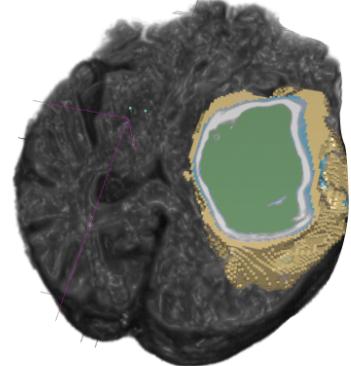
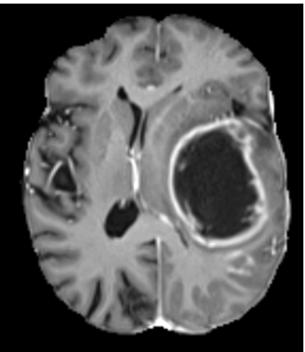
3D MR images

ACDC



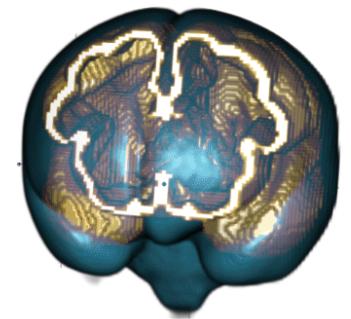
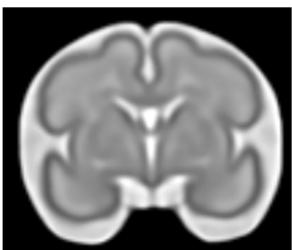
Tubular shape - H_2

BraTS2021



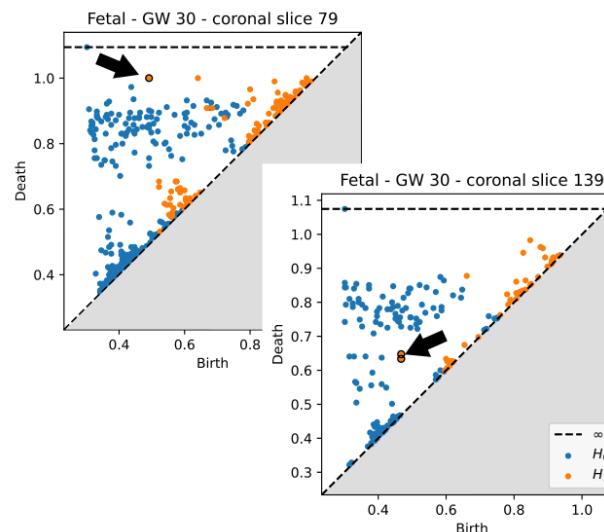
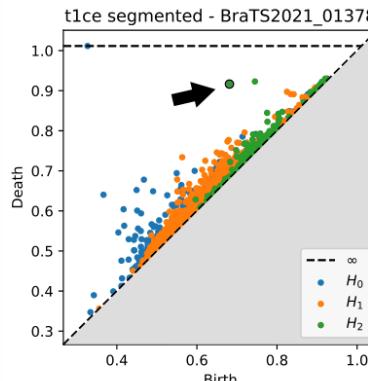
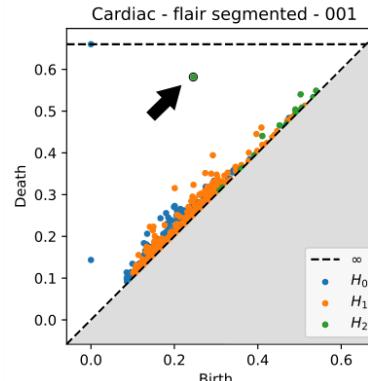
Sphere - H_2

STA



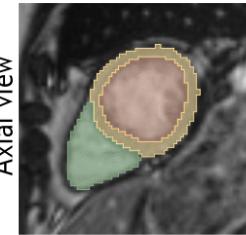
One or two rings - H_1

Topological Data Analysis

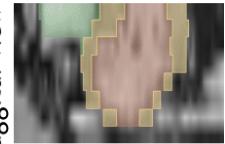


Automatic Segmentation

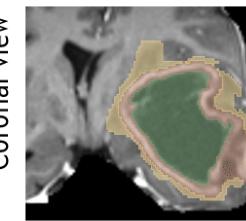
Axial view



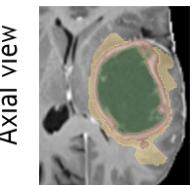
Sagittal view



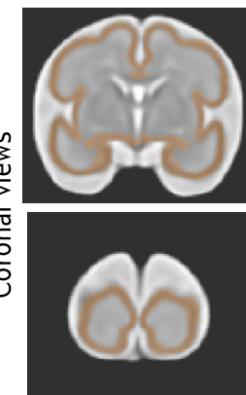
Coronal view



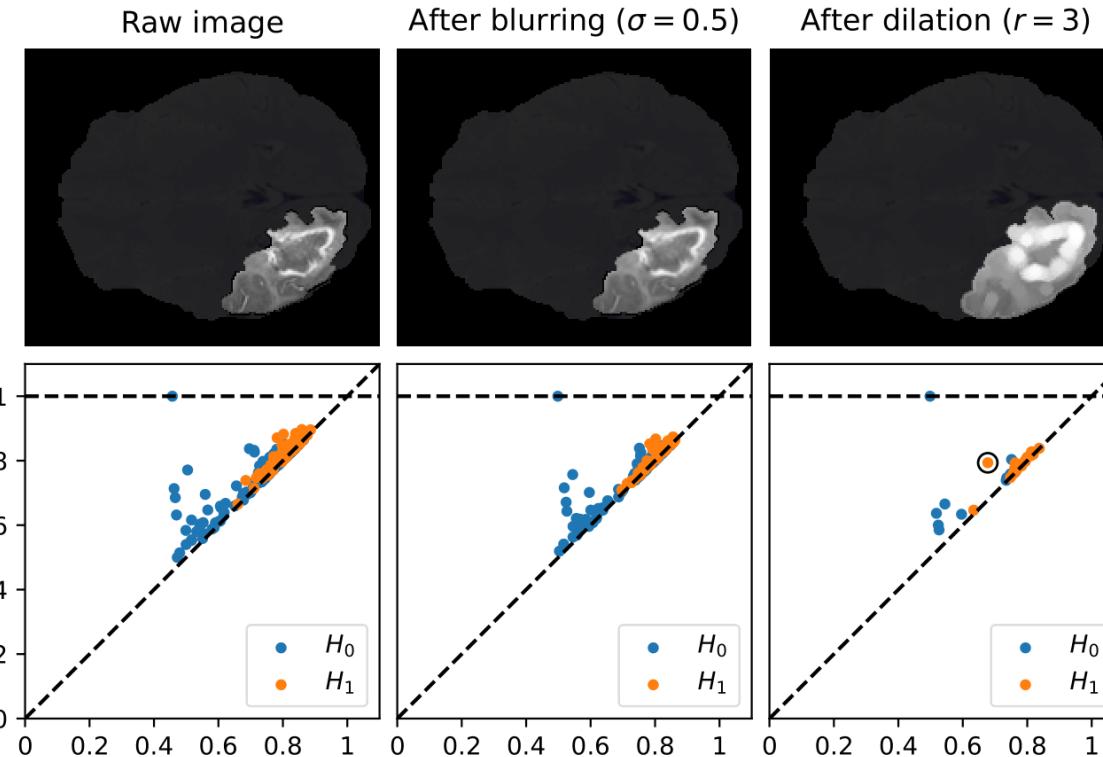
Axial view



Coronal views



Le prétraitement des images peut améliorer la détection des cycles.



Identification de cycles représentatifs : on ne récupère que des composantes connexes, pas les cycles optimaux.

[Dey, Hirani, Krishnamoorthy, Optimal homologous cycles, total unimodularity, and linear programming, 2010]

[Escolar, Hiraoka, Optimal cycles for persistent homology via linear programming, 2016]

[Obayashi, Volume-optimal cycle: Tightest representative cycle of a generator in persistent homology, 2018]

[Li, Thompson, Henselman-Petrusek, Giusti, Ziegelmeier, Minimal cycle representatives in PH using linear programming, 2021]

[Cohen-Steiner, Lieutier, Vuillamy, Lexicographic optimal homologous chains and applications to point cloud triangulations, 2022]