

UNIVERSITE RENE DESCARTES - PARIS 5
Centre Universitaire des Saint - Pères
UFR DE MATHEMATIQUES ET INFORMATIQUE

*Thèse présentée en vue de l'obtention du grade de Docteur
de l'université RENE DESCARTES - PARIS 5*

Spécialité : Mathématiques et Informatique

Par M. **Auguste Genovesio**

Sujet de la thèse :

**Une méthode de poursuite de taches multiples
Application à l'étude de la dynamique d'objets
biologiques en microscopie 3D+T**

Laboratoires d'accueil : Unité d'Analyse d'Image Quantitative (Institut Pasteur)
Equipe des Systèmes Intelligents de Perception (UP5)

Soutenue le 20 mai 2005 devant le jury composé de :

Mme	Françoise	PRETEUX	Rapporteurs
Mr	Patrick	BOUTHEMY	
Mr	Georges	STAMON	Examineurs
Mr	Jean-Christophe	OLIVO-MARIN	
Mme	Florence	CLOPPET	
Mme	Laure	BLANC-FERAUD	
Mme	Maïté	COPPEY-MOISAN	
Mr	Michael	UNSER	

Remerciements

Je remercie Yael, Aaron, mes parents, ma famille et mes amis.

Je remercie Jean-Christophe Olivo-Marin et Georges Stamon pour leur soutien et leur aide globale dans la concrétisation de ce projet de thèse.

Je remercie Françoise Prêteux et Patrick Bouthemy d'avoir accepté d'être les rapporteurs de ce travail.

Je remercie également les autres membres du jury : Laure Blanc-Feraud, Maïté Coppey-Moisan, Florence Cloppet et Michael Unser.

Je remercie l'Agence Nationale de Recherche sur le SIDA (ANRS) et l'Institut Pasteur pour leur confiance dans ce projet et pour leur financement.

Je remercie l'ensemble des chercheurs de l'unité d'Analyse d'Image Quantitative de l'Institut Pasteur pour leur aide et leurs conseils : Jean-Christophe Olivo-Marin, Christophe Zimmer, Vannary Meas-Yedid, Estelle Glory et Bo Zhang ainsi que tous les stagiaires dont j'ai été le tuteur et qui ont participé à ce travail : Bo Zhang, Lionel Pénard, Ziad Belhassine, Joel Leduigou, Sylvain Cousquer et François Ollivier.

Je remercie également les chercheurs de l'équipe des Systèmes Intelligents de Perception du Centre de Recherche en Informatique de l'Université Paris 5 : Georges Stamon, Nicole Vincent, Florence Cloppet et Nicolas Loménie.

Je remercie l'ensemble des chercheurs avec qui j'ai été amené à coopérer dans le cadre des applications de ce travail : Sylvia Muenther, Gyslain Cabal, Olivier Gadal, Franck Feuerbach et Ulf Nehrbass de l'unité de Biologie Cellulaire du Noyau (IP); Nathalie Arhel et Pierre Charneau du groupe de Virologie Moléculaire et de Vectorologie (IP); Emmanuelle Perret et Spencer Shorte de la Plate-Forme d'Imagerie Dynamique (IP); Rogerio Amino de l'unité de Biologie et Génétique du Paludisme (IP); Emilie Mairey et Guillaume Duménil de l'unité de Pathogénie des Infections Systématiques de la Faculté Necker-Enfants Malades; Valentina Emiliani et Maïté Coppey-Moisan de l'Institut Jacques Monod (CNRS) des universités Paris 6 et 7; Tim Liedl et Wolfgang J. Parak du Centre pour les Nanosciences (CeNS) de l'université Ludwig-Maximilians de Munich.

Résumé

Nous proposons une méthode pour suivre de multiples taches fluorescentes produites par des objets biologiques en microscopie 3D+T. Les difficultés rencontrées sont de plusieurs ordres : les taches sont en densité élevée, elles évoluent sur un fond très bruité, elles n'ont pas de bords clairement définis, elles sont difficilement modélisables, elles peuvent disparaître et réapparaître et, enfin, elles peuvent se croiser, s'agglomérer ou encore se disperser. L'approche bayésienne dans laquelle nous nous plaçons est formée de trois composantes : une méthode de détection, une méthode de prédiction-estimation (aussi appelée filtrage) et une méthode d'association. La méthode de détection est basée sur une transformée en ondelette 3D non décimée. Une étude des différents filtres bayésiens nous a permis de sélectionner le filtre à Interaction de Modèles Multiples (IMM), pour lequel nous proposons des modèles adaptés. L'apport principal de ce travail concerne l'étape d'association. Nous montrons tout d'abord que, pour le suivi de taches multiples, les hypothèses sur le résultat de la détection requises par les algorithmes d'association les plus efficaces ne sont jamais respectées, ce qui conduit dans le cas général à l'échec du suivi. Pour résoudre ce problème, nous proposons une méthode d'association originale qui transforme le résultat de la détection de manière à ce qu'il respecte les hypothèses requises. Cette transformation utilise les estimations futures de l'état des objets que l'on possède grâce aux filtres bayésiens et deux fonctions prédéterminées, dites de séparation et de fusion. Ces fonctions sont développées à partir de la connaissance *a priori* des types d'erreurs produites par la détection. La méthode complète que nous présentons combine un ensemble de modèles de mouvement, une méthode de mise à jour automatique des fenêtres de recherche et la méthode d'association « séparation-fusion ». Une évaluation automatique sur des données simulées montre que : 1) le filtre IMM, doté des modèles proposés, offre une prédiction plus précise que chacun des modèles seuls, 2) la mise à jour automatique des fenêtres de recherche permet de valider la mesure à associer tout en conservant un volume faible ; 3) la méthode d'association développée est nettement plus robuste à la densité des objets que les méthodes existantes. Le point fort de la méthode de suivi présentée est sa capacité à suivre des taches qui fusionnent ou se dispersent temporairement dans un environnement bruité. Le logiciel développé pour ce travail a permis par ailleurs d'appliquer cette méthode à différentes problématiques de la biologie cellulaire.

Table des matières

Remerciements	1
Résumé	2
Notations et abréviations	7
I Introduction et état de l'art	8
1 Introduction	9
1.1 Avant propos	9
1.2 Problématique	10
1.3 Enjeux et difficultés	10
1.4 Cadre de travail	13
1.5 Plan	13
2 Avantages et inconvénients des principales méthodes de suivi	15
2.1 Les méthodes d'autocorrélation	15
2.2 Les contours actifs	17
2.3 Les ensembles de niveau	19
2.4 Les méthodes déterministes	21
2.5 Les méthodes bayésiennes	22
II Un cadre adapté : le suivi bayésien	25
3 Une méthode de détection efficace des taches fluorescentes	26
3.1 La transformée en ondelettes	26
3.2 Le débruitage	28
3.3 L'image de corrélation	29
3.4 La «désoscillation»	29
3.5 La caractérisation	30
4 Etude des filtres bayésiens	35
4.1 Le filtre exacte	35

4.2	Le filtre de Kalman	37
4.3	Le filtre basé sur une grille	43
4.4	Le filtre de Kalman étendu	44
4.5	Le filtre à interaction de modèles multiples	48
4.6	Le filtre approxiché basé sur une grille	54
4.7	Le filtre à particules	61
5	Description des principales méthodes d'association	73
5.1	Le plus proche voisin (ML)	74
5.2	Le suivi multi-hypothèses (MHT)	76
5.3	Le filtre à association probabiliste de données (PDAF)	79
5.4	Le PDAF joint (JPDAF)	81
III	Une solution aux problèmes posés par l'association	84
6	Problèmes fondamentaux liés à l'association	85
6.1	Définition d'une détection fusionnée	85
6.2	Le ML soumis à des détections fusionnées	86
6.3	Le JPDAF soumis à des détections fusionnées	86
6.4	Le MHT soumis à des détections fusionnées	88
6.5	Le JPDAF soumis à un nombre variable d'objets	88
6.6	Définition d'une détection partielle	89
6.7	Le ML soumis à des détections partielles	90
6.8	Le JPDAF soumis à des détections partielles	90
6.9	Le MHT soumis à des détections partielles	91
7	Solution : des mesures <i>virtuelles</i>	93
7.1	Distinction entre détections et mesures	93
7.2	Une condition nécessaire : la cohérence topologique	95
7.3	Le retour d'information : une solution possible?	97
7.4	Des mesures virtuelles : l'association séparation-fusion	98
7.5	Implémentations	100
IV	Le suivi de taches fluorescentes	105
8	Assemblage de la méthode complète	106
8.1	Le filtre et les modèles proposés	106
8.2	Une fenêtre de recherche adaptative	110
8.3	Les fonctions de l'association séparation-fusion	111

V	Résultats : évaluation et applications	117
9	Évaluation	118
9.1	La création de données synthétiques	118
9.2	Évaluation du filtre IMM et de ses modèles	119
9.3	Évaluation des fenêtres de recherche adaptative	120
9.4	Évaluation de l'algorithme d'association séparation-fusion	123
10	Applications à la biologie cellulaire	130
10.1	Le logiciel mis au point	130
10.2	Complexes de pré intégration et de transcription inverse du VIH-1	131
10.3	Dynamique de sporozoïtes de Plasmodium	134
10.4	Analyse structure-fonction de la régulation transcriptionnelle	135
10.5	Adhésion de <i>Neisseria meningitidis</i>	138
10.6	Quantum Dots : sur-expression de la proteine tau	140
11	Conclusion	141
VI	Annexes	143
A	Estimation Bayesienne	144
A.1	Règle de Bayes	144
A.2	Factorisation de probabilité jointe	144
A.3	Filtrage bayésien	145
A.4	MHT	145
B	Echantillonnage préférentiel	147
B.1	Loi des grands nombres	147
B.2	Théorème « central limit »	147
B.3	Echantillonnage préférentiel : exemple intuitif	147
B.4	Echantillonnage préférentiel	148
B.5	Echantillonnage préférentiel séquentiel	149
C	K-moyennes et C-moyennes floues	151
C.1	K-moyennes	151
C.2	C-moyennes floues	152
	Bibliographie	152
	Publications	161
	Table des algorithmes	164
	Table des figures	166

Notations et abréviations

t	indice du temps
\mathbf{x}_t	vecteur d'état au temps t
\mathbf{z}_t	vecteur de mesure au temps t
$\mathbf{z}_{1:t}$	$=\{\mathbf{z}_1, \dots, \mathbf{z}_t\}$, vecteurs de mesures accumulés du temps 1 au temps t
$p(\cdot)$	loi de densité continue
$\mathbb{E}_p(\cdot)$	espérance par rapport à la densité p
$\mathbb{P}(\cdot)$	loi de densité discrète
$\mathcal{N}(\mathbf{x}; \mathbf{m}, \mathbf{P})$	densité gaussienne d'argument \mathbf{x} , de moyenne \mathbf{m} et de matrice de covariance \mathbf{P}
\mathbf{X}_t	concaténation de vecteurs d'états au temps t
\mathbf{Z}_t	concaténation de vecteurs de mesure au temps t
$\mathbf{Z}_{1:t}$	$=\{\mathbf{Z}_1, \dots, \mathbf{Z}_t\}$, vecteurs de mesures concaténées accumulés du temps 1 au temps t
D_t^j	détection j au temps t
\mathbf{z}_t^j	$=\mathbf{z}_t(D_t^j)$ mesure de la détection D_t^j
\mathcal{D}_t	$=\{D_t^1, \dots, D_t^k\}$, ensemble de détections au temps t
Z_t	$=Z(\mathcal{D}_t) = \{\mathbf{z}_t^1, \dots, \mathbf{z}_t^k\}$, mesure de l'ensemble de détection \mathcal{D}_t
\mathcal{Z}_t	$=\underbrace{Z_t \times \dots \times Z_t}_{\text{objets suivis}}$, ensemble des mesures jointes
Θ_t	$\subset \mathcal{Z}_t$, ensemble d'événements réalisables d'association joints
θ_t	un élément de Θ_t dénommé événement réalisable d'association joint
θ_{ij}	une composante de θ_t indiquant que la prédiction i est associée à la mesure j
KF, EKF	filtre de Kalman, filtre de Kalman étendu
GBF	filtre basé sur une grille
IMM	filtre à interaction de modèles multiples
PF	filtre à particules
ML	association de donnée maximisant la vraisemblance
MHT	association de données multi-hypothèses
PDA, JPDA	association de données probabiliste, PDA jointe
SM	association de données séparation-fusion
RW	modèle de transition brownien
FLE	modèle de transition linéaire du premier ordre
SLE	modèle de transition linéaire du deuxième ordre

Première partie

Introduction et état de l'art

Chapitre 1

Introduction

1.1 Avant propos

Ce travail de thèse utilise des outils mathématiques et informatiques et propose une méthode pour répondre à une problématique de vision par ordinateur ; l’objectif étant d’établir la carte des trajectoires d’objets marqués par fluorescence dans des scènes de vidéo microscopie 3D+temps (4D). Ces données obtenues de manière automatique pourront par la suite être analysées pour en extraire des informations spatio-temporelles de nature statistique, telles que la classification par type de mouvement ou la co-localisation, ou encore de nature dynamique telle que la vitesse ou la diffusion. La méthode que nous avons développée a déjà trouvé plusieurs applications au sein de la recherche fondamentale en biologie cellulaire à l’Institut Pasteur.

La vision par ordinateur est une branche commune de la reconnaissance des formes et de l’intelligence artificielle. Le principe général est d’extraire automatiquement à partir d’une image l’information pertinente qu’elle contient. Nous, humain, savons où se trouve la voiture dans une image parce que notre expérience, notre intelligence nous a permis de conceptualiser (c’est à dire de modéliser) la référence “voiture”. En somme, il arrive un moment où la quantité de voitures vues nous permet de généraliser cette reconnaissance à des exemples que nous n’avons jamais vus. Les machines n’ont en général pas cette expérience et quand elles ont appris à partir d’une base d’exemples, jusqu’à présent, la généralisation à de nouvelles instances est souvent loin d’être d’aussi bonne qualité que celle des humains. Sans doute parce que d’autres mécanismes entrent en jeu dans l’apprentissage humain (comme la pondération par les sentiments où l’influence de l’inconscient par exemple). La montée en puissance récente des capacités de calcul a porté naturellement l’intérêt de la communauté à l’analyse de données plus conséquentes, plus complexes. Notamment, la dimension temporelle prend une importance grandissante. La «trajectographie» ou «suivi» (pour *tracking* en anglais) d’objets dans une séquence vidéo conduit à une myriade d’applications. En biologie notamment, ou l’analyse d’images statiques tient déjà une grande place, l’analyse dynamique automatique pourrait rendre un service unique. Avec l’apparition de la vidéomicroscopie, les biologistes sont maintenant confrontés à l’analyse de séquences d’images d’objets biologiques en vie. Nous verrons par la suite que le sujet auquel nous nous intéressons plus spécifiquement comporte une dimension de plus, la troisième dimension spatiale.

1.2 Problématique

La projet biologique qui a initié ce travail nécessitait le développement d'une méthode pour analyser automatiquement et quantitativement des séquences de vidéo microscopie et son application à l'étude de la trajectographie du complexe de pré-intégration (ou PIC pour *pre integration complex*) du VIH (Virus de l'Immunodéficience Humaine). La mise au point d'une telle méthode était nécessaire pour obtenir des informations quantitatives sur les caractéristiques dynamiques du VIH et sur sa distribution spatio-temporelle au cours des différentes étapes de l'infection de cellules cibles.

Ce travail de thèse tente d'apporter une solution au problème du suivi temporel de multiples taches fluorescentes dans des séquences d'images ou de volumes. Le suivi (ou tracking) désigne l'identification de taches à travers une séquence d'images afin de déterminer leurs évolutions. Souvent ces évolutions sont représentées par des séquences de coordonnées spatiales mais pas systématiquement comme nous le verrons par la suite. En effet, il peut s'agir de maintenir un ensemble de paramètres décrivant l'état des objets au cours de leurs évolutions tels que leurs énergies, leurs surfaces, leurs orientations ou bien encore de conserver des descriptions plus précises telles que leurs contours.

1.3 Enjeux et difficultés

Enjeux

De manière générale, la quantification d'information automatique issue d'images est nécessaire pour transformer le rôle des images d'un simple outil visuel subjectif en un véritable outil scientifique. Sans étape automatique de quantification, ces images sont difficilement utilisables dans le cadre d'un travail scientifique rigoureux. Dans le contexte de la biologie notamment, deux raisons expliquent cette nécessité. Premièrement, le caractère significatif d'une seule image est souvent très faible puisqu'elle ne représente qu'un événement à un instant donné. Un grand nombre de situations, donc d'images, doivent être analysées avant de transformer un résultat visuellement intéressant en une preuve. Deuxièmement, la mesure en elle-même est sujette à nombre de problèmes qui s'étendent de l'aspect purement biologique, comme en particulier la variation des échantillons, aux aspects techniques comme la complexité des processus d'acquisition, ce qui nécessite là aussi l'analyse d'un grand nombre d'images. L'unicité des propriétés des images biologiques, dans ce contexte de recherche, rend la conception d'outils d'analyse automatique particulièrement difficile. C'est probablement pourquoi, alors qu'il existe des outils de visualisation plutôt performants, les solutions commerciales d'analyse automatique restent très limitées. Néanmoins, le nombre, la position, la distribution, le déplacement, la vitesse, la co-localisation des objets sont d'une importance majeure et restent un véritable enjeu pour comprendre les informations biologiques contenues dans ces images.

Difficultés

Les difficultés de la mise au point d'une méthode de suivi de taches fluorescentes sont de plusieurs ordres. Elles concernent les propriétés des données, les techniques d'acquisition de ces données et le cadre même dans lequel nous nous plaçons.

Les images d'immunofluorescence sont aujourd'hui utilisées quotidiennement en médecine moléculaire pour détecter la présence d'objets biologiques (protéines, bactéries, organelles) ou pour examiner la distribution d'antigènes dans le système cellulaire. Grâce à l'association de la microscopie par fluorescence avec la vidéo numérique, il est maintenant possible d'acquérir des images de cellule évoluant *in vivo* et *in vitro*. Les objets auxquels nous nous intéressons sont rendus fluorescents artificiellement. C'est le résultat d'un couplage de la protéine que l'on souhaite observer avec une protéine qui possède la propriété de générer de la fluorescence lorsqu'elle est excitée par une émission à une longueur d'onde spécifique. Un microscope « widefield » ou confocal est alors utilisé pour collecter le signal ainsi émis. La Fig. 1.1 présente de petites parties d'un panel d'exemples de résultats obtenus grâce à cette technique. Dans ce contexte biologique, une partie des difficultés de la mise au point d'une méthode automatique de suivi provient de la définition même des objets auxquels nous nous intéressons. Une tache fluorescente est définie comme un objet relativement petit, compact, sur un fond très bruité, n'ayant pas de bords clairement définis, d'intensité diffuse et plus élevée que son voisinage immédiat (s'il ne contient pas d'autres objets...). Enfin elles peuvent être très nombreuses. L'aspect temporel ajoute des difficultés supplémentaires : les taches peuvent se croiser, disparaître (lorsqu'elles quittent le plan focal), apparaître ou encore changer de forme.

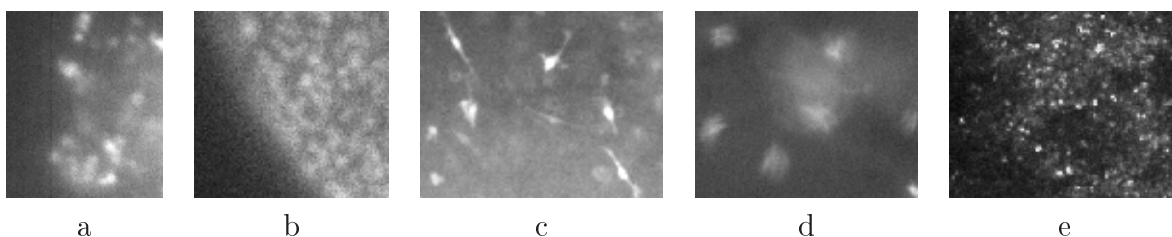


FIG. 1.1: Quelques exemples d'images de microscopie par fluorescence à différentes échelles : a) endosomes b) pores nucléaires c) cellules souches d) parasites e) vésicules.

Une image 2D représente un espace d'observation de type $\Omega = \mathbb{N}^3$ comme un ensemble de vecteurs ω qui ont la forme $\omega = [x, y, i]^T$. De la même façon, une image 3D va représenter un espace d'observation de type $\Omega = \mathbb{N}^4$ comme un ensemble d'éléments ω qui ont la forme $\omega = [x, y, z, i]^T$. L'acquisition de données tridimensionnelles est une succession d'acquisitions bidimensionnelles. En effet, il va s'agir de collecter le signal émis sur des plans 2D correspondant à des altitudes successives. L'acquisition de données bidimensionnelles ou tridimensionnelles dans le temps n'est autre que la répétition du procédé décrit précédemment à intervalles réguliers. Il faut noter ici que de fortes contraintes biologiques accompagnent encore ces techniques. Notamment, il est impossible d'obtenir des séquences à la fois longues et précises en z . La première raison est liée à un phénomène plus connu sous le nom de "bleaching". Le "bleaching" désigne la décroissance de la réactivité du fluorophore. En effet,

après un certain nombre d'excitations, la partie observée perd de la fluorescence jusqu'à devenir invisible. Lorsque l'acquisition est 3D+T, le nombre de passages vaut $z \times t$ et donc il s'agit d'effectuer un bon compromis entre la définition en z et la longueur de la séquence. La deuxième raison est liée au temps d'acquisition. En effet, un certain temps d'acquisition est nécessaire pour obtenir une section bidimensionnelle. Si la scène évolue, il est nécessaire que les prises de vue successives formant la «pile» (ou *stack*) d'images soient prises rapidement afin qu'aucune modification de la scène n'ait eu lieu entre la prise du premier plan et celle du dernier. Lorsque l'expérience concerne des objets biologiques très dynamiques, il peut être impossible d'avoir une bonne définition en z .

Alors que l'objet sous-jacent, marqué par fluorescence, est parfois si petit qu'il peut être considéré comme ponctuel, il n'en va pas de même pour l'observation que l'on en fait. En effet, les photons collectés par le microscope pour chaque objet forment un amas dont le volume est indépendant de l'échantillonnage. De ce fait, il n'y a aucune raison que cet amas corresponde exactement à la valeur d'un pixel. En effet, cette observation s'étale en général sur plusieurs éléments de l'espace d'observation (pixels en 2D ou voxels en 3D). C'est pour cette raison que nous évoquons des «taches» fluorescentes plutôt que des points. Cette distinction est importante puisque, nous le verrons par la suite, si les techniques les plus à même d'aborder ces problèmes se sont révélées être les techniques de suivi de points (particle tracking), elles présentent également des carences importantes qui les rendent inefficaces en l'état. Par «taches» fluorescentes, nous entendons également qu'il est difficile de tenir compte de la forme de l'objet. Nous nous plaçons donc dans un cadre particulier situé à mi-chemin entre le suivi de points et le suivi d'objets complexes dont la forme serait modélisable.

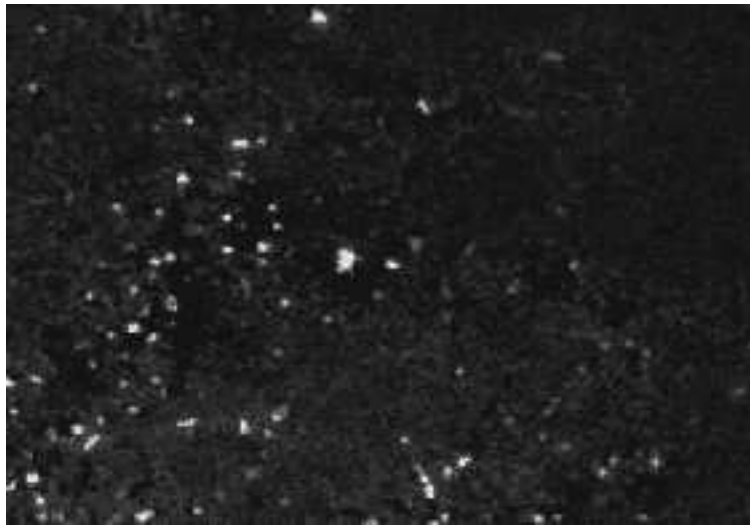


FIG. 1.2: Exemple d'une séquence 2D de taches fluorescentes.

1.4 Cadre de travail

Ce travail a été effectué au sein de deux institutions : l'unité d'Analyse d'Image Quantitative de l'Institut Pasteur dirigée par le Dr. J.-C. Olivo-Marin et l'équipe des Systèmes Intelligents de Perception du Centre de Recherche en Informatique de l'Université Paris V dirigé par le Pr. Georges Stamon. Ces trois années ont été financées par l'Agence Nationale de Recherche sur le SIDA (l'ANRS) et l'Institut Pasteur.

L'unité d'Analyse d'Images Quantitative de l'Institut Pasteur

L'Institut Pasteur (<http://www.pasteur.fr>) est une fondation privée à but non lucratif dont la mission est de contribuer à la prévention et au traitement des maladies, en priorité infectieuses, par la recherche, l'enseignement, et des actions de santé publique. L'Institut Pasteur regroupe actuellement sur son campus parisien 130 unités et laboratoires de recherche en biologie fondamentale et appliquée. L'unité d'Analyse d'Images Quantitative au sein de l'Institut Pasteur a pour objectif la mise au point de méthodes et de programmes de traitement d'images visant à assurer une quantification automatique des images de microscopie biologique. Les thèmes de recherche principaux sont l'analyse de la motilité et du changement de forme d'objets biologiques en mouvement, la quantification de fluorescence et l'analyse d'images couleur.

L'équipe des Systèmes Intelligents de Perception

L'équipe des Systèmes Intelligents de Perception, SIP, (UFR de Mathématiques et Informatique - Université René Descartes) est une équipe d'accueil doctoral, attachée au DEA "Intelligence Artificielle, Reconnaissance des formes et Applications", IARFA, (Paris 6, Paris 5, ENPC, ENSTA, ENST). Elle regroupe des enseignants de l'Université et une dizaine de thésards, essentiellement boursiers du Ministère de l'Éducation Nationale et CIFRE. L'action thématique de cette équipe est la perception visuelle accompagnée d'éléments d'Intelligence Artificielle (filtrage sémantique et l'utilisation du contexte, contrôle intelligent, interprétation,...). L'orientation scientifique de l'équipe SIP est l'analyse et l'interprétation d'images.

1.5 Plan

Dans ce travail, après avoir parcouru les avantages et les inconvénients des principales méthodes de suivi dans leur forme la plus simple (chapitre 2), nous convergions rapidement vers les méthodes de suivi bayésiennes. Celles-ci comportent trois composantes : la détection (chapitre 3), le filtrage bayésien (chapitre 4) et l'association (chapitre 5). Si la détection est appropriée et qu'un filtre bayésien peut être adapté pour répondre à notre problématique, en revanche, la phase d'association présente encore d'importants problèmes (chapitre 6) liés au fait que les hypothèses posées par les différentes méthodes ne sont jamais validées. Après une redéfinition précise des éléments entrant en compte dans l'association, nous identifions que c'est la forme de l'ensemble de détection qui est mis en cause. Nous proposons donc une méthode d'association qui transforme l'ensemble de détection original en un ensemble

cohérent topologiquement : forme qui garantira l'existence d'un ensemble de mesures que nous souhaitons en correspondance avec la situation réelle (chapitre 7). Nous proposons ensuite une méthode complète pour le suivi automatique de taches fluorescentes où nous proposons plusieurs modèles de transitions, une adaptation automatique des fenêtres de recherche et une nouvelle méthode d'association dite de séparation-fusion (chapitre 8). Après une série d'évaluations (chapitre 9), nous appliquons la méthode proposée à diverses problématiques de recherche fondamentale en biologie cellulaire (chapitre 10).

Chapitre 2

Avantages et inconvénients des principales méthodes de suivi

Dans ce chapitre, nous décrivons les principales méthodes de suivi et les mettons en perspective par rapport à notre problématique en examinant les avantages et les inconvénients de chacune d'elles. C'est le suivi bayésien qui s'est révélé le mieux adapté à notre problématique. C'est pourquoi nous l'étudierons plus en détail par la suite (partie II, chapitres 3-5).

2.1 Les méthodes d'autocorrélation

Définition

La méthode la plus utilisée pour suivre un objet dans une séquence d'images est la méthode de suivi par autocorrélation [November and Simon, 1988; Aschwanden and Guggenbuhl, 1992; Crowley *et al.*, 1995; Seelen and Bajcsy, 1996] et ses dérivées [Lewis, 1995; Badenas *et al.*, 2001; Ohyama *et al.*, 2002; Choi and Kim, 2002; Dell'Acqua and Gamba, 2002]. Il semble que la première application de suivi par autocorrélation ait été présentée par L. J. November à propos d'une étude concernant la surface du soleil [November and Simon, 1988]. On peut cependant remonter jusqu'aux années 70 avec la mesure de champs de vent dans des séquences d'images météorologiques.

L'idée est de trouver sur chaque image I_t , la région \mathcal{P} qui "ressemble la plus" à la région de référence T que l'on cherche qui correspond à l'objet que l'on suit. Dans la plupart des applications, cette région de référence est régulièrement mise à jour afin de prendre en compte la déformation de l'objet ou le changement d'angle de vue. Il s'agit donc de trouver la région de l'image T qui minimise la somme des carrés des écarts [Duda and Hart, 1973; Duda *et al.*, 2000] :

$$E(i, j) = \sum_{x, y \in \mathcal{P}} (T(x, y) - I(x - i, y - j))^2 \quad (2.1)$$

ce qui revient à maximiser la fonction de *cross correlation* :

$$R(i, j) = \sum_{x, y \in \mathcal{P}} T(x, y) \cdot I(x - i, y - j) \quad (2.2)$$

On peut enfin rendre ce critère plus robuste aux variations locales d'énergie en considérant sa version normalisée

$$N(i, j) = \frac{\sum_{x,y \in \mathcal{P}} T(x, y) \cdot I(x - i, y - j)}{\sqrt{\sum_{x,y \in \mathcal{P}} T(x, y)^2 \cdot \sum_{x,y \in \mathcal{P}} I(x - i, y - j)^2}} \quad (2.3)$$

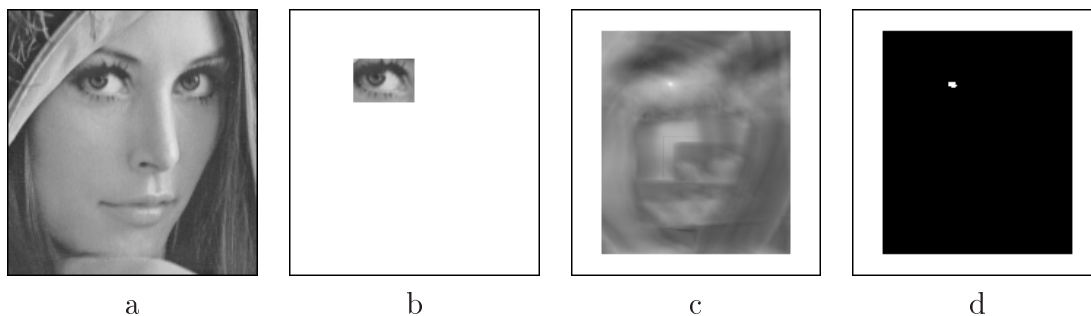


FIG. 2.1: a) Image originale b) noyau choisi c) autocorrélation d) autocorrélation seuillée. On retrouve bien l'emplacement du noyau recherché

Utilisation comme outil de suivi

Une imagette de référence est sélectionnée sur la première image de la séquence. Le maximum de la fonction de corrélation est recherché sur le reste des images. Une étape de mise à jour de l'imagette de base est opérée régulièrement pour permettre une légère déformation de l'objet. Elle consiste à remplacer l'imagette par la partie de l'image courante qui maximise la corrélation.

Avantages

La technique de suivi par corrélation présente principalement deux avantages.

1. Elle offre une relative simplicité de mise en oeuvre.
2. Elle est efficace sur des objets qui ne changent pas de forme et dont on dispose toujours du même point de vue (surveillance de chaîne productique).

Inconvénients

Cependant, la version de base présente aussi certaines carences.

1. La définition du noyau (imagette de base) est ad hoc.
2. Le changement de topologie (entrée, sortie, séparation et regroupement d'objets) n'est pas géré.
3. Le croisement d'objets et autres occlusions ne sont pas gérés.

4. Elle est sensible à la déformation de l'objet (même avec réactualisation de l'imagette). Cependant [Seelen and Bajcsy, 1996] présente une version permettant une transformation géométrique de l'objet.
5. Elle est très sensible au bruit.

L'ensemble de ces inconvénients rend ces méthodes très inefficaces pour le suivi de multiples taches fluorescentes.

2.2 Les contours actifs

Définition

Les contours actifs [Kass *et al.*, 1988; Blake and Isard, 2000; Konrad and Ristivojević, 2002] ou *snakes* ont été introduits par Kass & al [Kass *et al.*, 1988]. C'est d'abord une méthode de segmentation de contours sur une image qui, itérativement, peut être utilisée pour traiter une séquence d'images. Le principe est la minimisation d'une fonctionnelle d'énergie qui dépend de la position du *snake* et d'attributs de l'image. Depuis leur création de nombreuses variantes sont apparues [Daoudi *et al.*, 1998; Peterfreund, 1999; Jang and Choi, 2000; Zimmer *et al.*, 2002b; 2002a; Koschan *et al.*, 2003].

Le *snake* est une fonction paramétrique définie par $v(s) = v(x(s), y(s))$ où $x(s)$ et $y(s)$ sont les coordonnées des points le long du contour et $s \in [0, 1]$. La fonctionnelle d'énergie à minimiser est alors de la forme :

$$E = \int_0^1 E_{snake}(v(s)) ds \quad (2.4)$$

$E_{snake}(v(s))$ est généralement composée de trois termes d'énergie

$$E_{snake}(v(s)) = E_{interne}(v(s)) + E_{image}(v(s)) + E_{contrainte}(v(s)) \quad (2.5)$$

où l'énergie *interne* est définie comme

$$E_{interne} = \alpha(s) \left| \frac{dv}{ds} \right|^2 + \beta(s) \left| \frac{d^2v}{d^2s} \right|^2 \quad (2.6)$$

où α est le paramètre d'élasticité et β est le paramètre de rigidité. L'énergie dite *externe* ou *de l'image* est définie par le gradient (de Sobel par exemple) :

$$E_{image} = -\nabla F \quad (2.7)$$

Enfin, le dernier terme, désigne une *contrainte* telle que des rectifications manuelles sur le *snake* par exemple. Cette énergie peut être minimisée grâce à un schéma itératif obtenu depuis les équations d'Euler Lagrange.

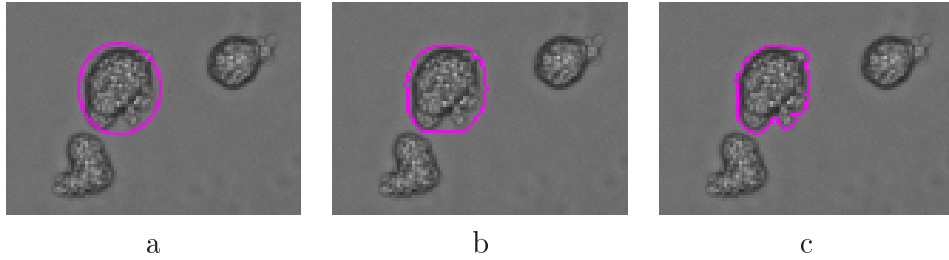


FIG. 2.2: Exemple de détection par contour actif : a) initialisation du *snake*, b) évolution, c) stabilisation du *snake* sur le contour de l'objet.

Utilisation comme outil de suivi

L'utilisation de *snake*, qui est d'abord une technique de segmentation, comme outil de suivi se fait naturellement de la manière suivante. L'initialisation du *snake* se fait manuellement sur la première image d'une séquence. Il suffit de définir une zone proche du contour. Après la stabilisation du *snake* sur celui-ci, il est possible d'utiliser cette segmentation comme initialisation du *snake* sur l'image suivante afin que le *snake* s'adapte à la nouvelle forme et à la nouvelle position de l'objet. Ainsi de suite jusqu'à la fin de la séquence.

Les contours actifs permettent d'incorporer à la détection des informations *a priori* comme la rigidité des contours par exemple. La pondération des différentes composantes d'énergie permet en outre clairement d'adapter les *snakes* à l'application.

La discrétisation du *snake* n'est pas sans poser de problèmes. En pratique, il est représenté à chaque itération par un ensemble de points $\{(x(k), y(k)), k \in K\}$. La disposition de ces points varie au cours des itérations et donc une reparamétrisation est régulièrement nécessaire afin d'appliquer l'algorithme toujours dans les mêmes conditions.

Avantages

Les contours actifs représentent une technique de suivi assez puissante dont voici les avantages.

1. Elle permet de disposer d'une description du contour de l'objet à chaque instant.
2. Elle offre la possibilité de suivre des objets qui se déforment légèrement dans le temps.

Inconvénients

Cependant, cette méthode n'est pas adaptée à tout type d'application et présente quelques inconvénients.

1. Elle ne supporte pas un écart trop élevé de position entre deux images.
2. Elle ne peut fonctionner que pour des objets dont les bords sont correctement définis (dans le cas de l'utilisation du gradient).
3. Elle ne gère pas le changement de topologie (entrée, sortie, séparation et regroupement d'objets). Ce point est cependant remis en question dans [McInemey and Terzopoulos, 1999].

4. Elle ne gère pas le croisement d'objets et les occlusions.
5. Elle ne supporte pas un changement brutal de forme.
6. Elle est relativement sensible au bruit.

Ces inconvénients prohibent son utilisation pour notre problématique.

2.3 Les ensembles de niveau

Définition

Les ensembles de niveau ou *level sets* déjà formalisés dans [Osher and Sethian, 1988] semblent avoir été utilisés en analyse d'image pour la première fois avec [Malladi *et al.*, 1995], suivi ensuite par différentes adaptations [Sethian, 1999; Chan and Vese, 2001]. Cette méthode permet de faire évoluer un ensemble de niveaux appelé *level sets*, notée ϕ , de manière à ce que le niveau zéro de cet ensemble converge vers les contours de l'objet que l'on cherche à segmenter. Cette évolution est fonction de contraintes définies dans ce sens. La différence fondamentale avec les *snakes* réside dans la représentation des contours. Dans l'approche des *snakes*, les contours sont explicitement représentés par une fonction paramétrique ce qui implique un *snake* pour chaque objet. Dans l'approche des *level sets*, la représentation est implicite, l'ensemble des objets détectés sera le niveau zéro de l'ensemble de niveaux, il peut donc y avoir plusieurs objets distincts détectés par le même *level set*.

Pour qu'un point $(x(t), y(t))$ reste sur une même courbe de niveau définie par :

$$\{(x, y) / \phi(x, y, t_0) = k\} \quad (2.8)$$

il est nécessaire que $\forall t$

$$\frac{d}{dt}\phi(x(t), y(t), t) = 0 \quad (2.9)$$

$$\frac{\partial\phi}{\partial t} + \frac{\partial\phi}{\partial x}\frac{\partial x}{\partial t} + \frac{\partial\phi}{\partial y}\frac{\partial y}{\partial t} = 0 \quad (2.10)$$

$$\frac{\partial\phi}{\partial t} + \left\langle \vec{\nabla}\phi, \begin{pmatrix} \frac{\partial x}{\partial t} \\ \frac{\partial y}{\partial t} \end{pmatrix} \right\rangle = 0 \quad (2.11)$$

que l'on notera

$$\phi_t + \left\langle \vec{\nabla}\phi, \begin{pmatrix} x_t \\ y_t \end{pmatrix} \right\rangle = 0 \quad (2.12)$$

Par ailleurs, $\vec{\nabla}\phi$ est colinéaire à la normale \vec{N} à la courbe, on peut donc écrire

$$\vec{N} = \frac{\vec{\nabla}\phi}{|\vec{\nabla}\phi|} \quad (2.13)$$

On peut donc réécrire (2.12)

$$\phi_t + |\vec{\nabla}\phi| \left\langle \vec{N}, \begin{pmatrix} x_t \\ y_t \end{pmatrix} \right\rangle = 0 \quad (2.14)$$

On voit ici que la vitesse $\begin{pmatrix} x_t \\ y_t \end{pmatrix}$ est la seule composante intervenant dans l'équation d'évolution. On suppose celle-ci normale à la courbe. De plus on souhaite qu'elle intègre les contraintes que l'on souhaite imposer à cette évolution de manière à converger vers les objets que l'on cherche. On peut donc poser :

$$\begin{pmatrix} x_t \\ y_t \end{pmatrix} = F\vec{N} \quad (2.15)$$

avec F évoluant selon nos contraintes. (2.14) se réécrit alors

$$\phi_t + F|\vec{\nabla}\phi| = 0 \quad (2.16)$$

(2.16) est l'équation fondamentale de propagation de la fonction de levelsets. Sur un niveau k , elle correspond au déplacement

$$\frac{d}{dt} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} = F\vec{N} \quad (2.17)$$

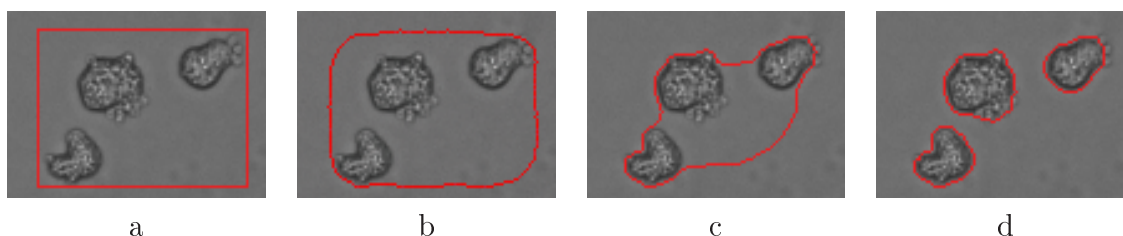


FIG. 2.3: Exemple de détection par ensemble de niveaux : a) initialisation de la fonction de *levelset* b) et c) évolution d) stabilisation autour des objets.

Utilisation comme outil de suivi

De manière similaire aux contours actifs, les ensembles de niveaux utilisent le résultat de la segmentation de l'image précédente pour initialiser la segmentation de l'image en cours. Cependant, un seul *levelset* est utilisé pour tous les objets de la scène. Une variante peut donc consister à utiliser une fonction de *levelset* par objet, on peut alors formaliser des contraintes de non recouvrement ou de forme de manière plus aisée mais on perd l'avantage de la gestion automatique du changement de topologie.

Avantages

Les ensembles de niveau représentent une bonne technique de suivi dont voici les avantages :

1. Elle offre un moyen de suivre des objets qui se déforment légèrement dans le temps.
2. Si on utilise un seul *levelset* pour tous les objets, elle permet de s'affranchir du problème de changement de topologie inhérent aux contours actifs. En effet, elle peut initialiser automatiquement des objets qui entrent dans le champ en cours de séquence.
3. Elle peut être étendue en 3D beaucoup plus naturellement que les contours actifs.

Inconvénients

Cependant, cette méthode présente les inconvénients suivants :

1. Elle ne supporte pas un écart trop élevé de position.
2. Si on utilise un seul *levelset* pour tous les objets, elle gère mal le croisement d'objets et les occlusions.
3. Elle ne supporte pas un changement brutal de forme.
4. Elle est relativement sensible au bruit.
5. Etendue en 3D, elle nécessite un temps de calcul élevé.

Ces inconvénients ne nous permettent pas d'utiliser les *level sets* pour les adapter à notre problématique.

2.4 Les méthodes déterministes

Définition

Alors que les méthodes précédentes proposent une résolution implicite du problème du suivi puisqu'il est intégré à la segmentation des objets, les méthodes déterministes proposent de séparer la segmentation du problème de suivi. En effet, une méthode de détection permet d'obtenir un ensemble de points qui sont identifiés dans le temps grâce à une méthode de correspondance de points. On pourra se référer à [Sethi and Jain, 1987; Salari and Sethi, 1990; Rangarajan and Shah, 1991; Hwang, 1999; Chetverikov and Verestói, 1999; Veenman *et al.*, 2000; 2001; 2003; Vallotton *et al.*, 2003] pour différents types d'approche et à [Chetverikov and Verest'oy, 1998] (qui n'a semble-t-il pas été publié) pour une comparaison de certaines de ces méthodes entre elles. Ces méthodes se rapprochent de notre problématique puisqu'elles proposent d'opérer le suivi de multiples points simultanément.

Si \mathbf{x}_t est la position (x, y) d'un objet à l'image t on opère une correspondance de points sur trois images successives en minimisant la fonction de coût proposée par Sethi [Sethi and Jain, 1987] :

$$c = \gamma_1 \left[1 - \frac{(\mathbf{x}_t - \mathbf{x}_{t-1}) \cdot (\mathbf{x}_{t+1} - \mathbf{x}_t)}{\|\mathbf{x}_t - \mathbf{x}_{t-1}\| \times \|\mathbf{x}_{t+1} - \mathbf{x}_t\|} \right] + \gamma_2 \left[1 - 2 \frac{\sqrt{\|\mathbf{x}_t - \mathbf{x}_{t-1}\| \times \|\mathbf{x}_{t+1} - \mathbf{x}_t\|}}{\|\mathbf{x}_t - \mathbf{x}_{t-1}\| + \|\mathbf{x}_{t+1} - \mathbf{x}_t\|} \right] \quad (2.18)$$

Cette fonction de coût fait l'hypothèse de régularité de la trajectoire de l'objet puisque le premier terme favorise les séquences de points ne changeant pas de direction alors que le deuxième favorise les séquences de points dont la vitesse est constante. Chacun des auteurs précédemment cités adapte cette fonction de coût aux conditions de leur application.

Utilisation comme outil de suivi

Une méthode de détection est utilisée pour localiser les points représentant les objets à suivre sur toutes les images de la séquence. L'ensemble des trajectoires qui minimise c pour tout t peut être obtenu grâce à plusieurs techniques, la plus utilisée étant la programmation dynamique.

Avantages

Ces méthodes présentent des avantages qui ont déjà permis leur implémentation au sein de logiciels commerciaux.

1. Elle est efficace sur des flots de points bien détectés.
2. Elle offre une relative simplicité de mise en oeuvre

Inconvénients

Ces méthodes présentent aussi deux inconvénients pour notre application :

1. Elle repose sur une hypothèse de régularité mal adaptée à de multiples objets dont le mouvement varie entre eux et dans le temps
2. Elle ne prend pas en compte les fusions ou séparations d'objets en cas de sur ou sous détection.
3. Elle est sensible aux fausses détections

Ces inconvénients ne nous permettent pas d'utiliser une méthode déterministe pour l'adapter à notre problématique.

2.5 Les méthodes bayésiennes

Définition

La modélisation du problème du suivi peut être représenté par une approche «espace d'état» [Bar-Shalom and Fortmann, 1988; Arulampalam *et al.*, 2002]. Un vecteur d'état représente un objet sous la forme d'un ensemble de caractéristiques. Lorsque l'objet évolue, ce vecteur d'état est modifié. A partir d'un ensemble de mesures obtenues grâce à une étape de détection et d'un ensemble de connaissance a priori, une méthode d'association est combinée à une méthode de prédiction-estimation pour obtenir une séquence de densités de l'état de chaque objet conditionnelles aux mesures. Ces densités permettent ensuite d'obtenir une estimation de la trajectoire de chaque objet.

Utilisation comme outil de suivi

Le suivi bayésien est formé de trois composantes et s'effectue en quatre étapes à chaque image de la séquence. Les trois composantes sont :

1. Une méthode de détection, adaptée aux objets que l'on cherche à suivre, permet de former des mesures pour chacun de ces objets sur chaque image de la séquence.
2. Un filtre bayésien, accompagné d'*a priori* de dynamique et d'observation qui ont la forme de densités, permet de prédire et d'estimer la densité d'un état conditionnellement aux mesures successives.
3. Une méthode d'association permet de ré-attribuer chaque mesure à la source qui l'a produite.

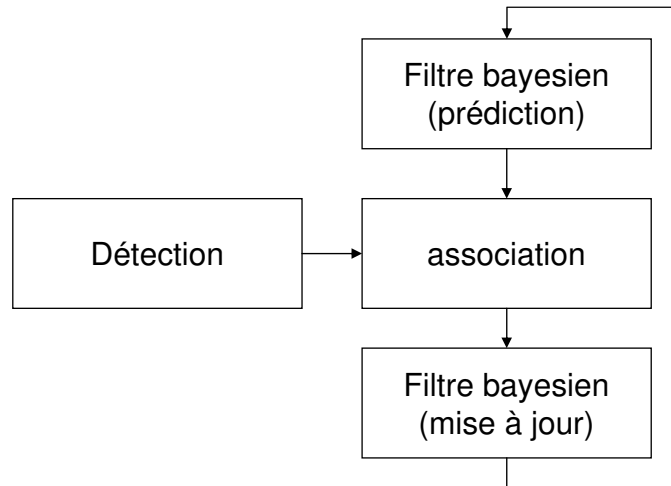


FIG. 2.4: Schema general du suivi bayésien

Chacune de ces trois composantes fait l'objet d'un chapitre de la partie II.

Le suivi s'effectue en quatre étapes :

1. L'étape de prédiction du filtre bayésien produit une densité pour chaque état conditionnellement aux mesures passées
2. L'étape de détection fournit un ensemble de mesures
3. L'étape d'association permet de déterminer si une mesure provient d'un objet et si oui duquel afin qu'elle contribue à la mise à jour de la densité qui concerne l'objet qui l'a générée
4. L'étape de mise à jour combine chaque filtre avec la mesure (ou les mesures, selon les méthodes) qui lui a (ont) été attribuée(s) afin de produire la densité de l'état conditionnelle aux mesures passées et présente(s).

Avantages

Cette méthode est la plus adaptée à notre problématique pour les raisons suivantes :

1. Elle offre la possibilité de générer une prédiction d'une représentation générale de chaque objet
2. Elle permet de corriger cette prédiction au fur et à mesure de l'obtention des mesures.
3. Si les objets se modifient fortement dans le temps, elle permet de ne pas chercher à suivre chacun de leurs points précisément mais une description générale représentée par un vecteur d'état
4. Un vecteur d'état peut être composé de la position spatiale, du volume et de l'intensité moyenne d'une tache.

Inconvénients

Nous verrons par la suite que ce schéma présente tout de même des inconvénients pour son adaptation à notre problématique :

1. La détection, qui ne peut pas être une étape considérée comme parfaite dans le cas du suivi de taches fluorescentes, viole systématiquement certaines hypothèses posées par les méthodes d'association courantes. Nous verrons dans la suite que ceci entraîne beaucoup d'erreurs.
2. L'utilisation de filtres bayesiens nécessite un certain nombre de connaissances *a priori* telles que les densités de probabilités de transition et d'observation.

Dans la suite nous étudions les trois étapes du suivi bayésien de manière à former une méthode complète, adaptée au suivi de multiples taches fluorescentes (partie II). L'algorithme de détection utilisé est exposé (chapitre 3), les différents filtres bayesiens sont étudiés (chapitre 4) et les principales méthodes d'associations sont décrites (chapitre 5). Nous montrons alors (partie III) que ces méthodes d'association ne sont fondamentalement pas adaptées au suivi de taches fluorescentes (chapitre 6) et nous proposons une méthode pour remédier à ce problème (chapitre 7).

Deuxième partie

Un cadre adapté : le suivi bayésien

Chapitre 3

Une méthode de détection efficace des taches fluorescentes

Comme on l'a vu dans le chapitre 2, le suivi bayésien est constitué de trois composantes. La détection est la première de ces composantes. Ce chapitre présente l'étape de détection [Olivo-Marin, 2002] utilisée pour notre application qui repose sur une approche multi échelle utilisant une transformée en ondelettes discrète invariante par translation (SI-DWT pour *Shift Invariant Discrete Wavelet Transform*). Cette approche permet de séparer et de caractériser des objets de différentes tailles correspondant aux échelles sélectionnées.

Les objets que l'on cherche à détecter sont mal définis, peuvent se croiser, disparaître ou encore se disperser. Cette étape de détection, aussi performante soit-elle, ne pourra donc jamais être considérée comme parfaite. Par ailleurs, le travail de L. Penard [Penard, 2003], dédié à l'amélioration de cette étape, a montré qu'il serait difficile d'obtenir un résultat significativement meilleur. Contrairement aux deux chapitres suivants, le choix de la méthode concernant cette étape n'est donc pas débattu. Le travail de thèse présenté est principalement consacré à la mise en oeuvre d'un algorithme de suivi bayésien dont la détection ne peut, par hypothèse, jamais être considérée comme exacte.

Cette méthode en 5 étapes (transformée en ondelettes, débruitage et produit des échelles, désoscillation et caractérisation) peut être consultée de manière plus précise dans [Cuartero *et al.*, 2001; Olivo-Marin, 2002; Zhang, 2003; Penard, 2003]. Elle connaît déjà des applications telles que le dénombrement d'objets sur une image statique dans [Murphy *et al.*, 2001]. Son implémentation en 3D a fait l'objet du stage de B. Zhang [Zhang, 2003] au sein de l'unité d'analyse d'image quantitative.

3.1 La transformée en ondelettes

Bien que la transformée en ondelettes [Chui, 1992] discrète (DWT) de Mallat [Mallat, 1989; Mallat and Zhong, 1992; Mallat, 1998] ait permis de nombreuses applications, elle est accompagnée de quelques inconvénients lorsqu'elle est utilisée pour la reconnaissance des formes :

- *elle n'est pas invariante par translation* Une petite translation du signal produit de grands changements dans la valeur des coefficients d'ondelettes. Ceci est dû à l'aliasing

créé lors de la décimation après chaque décomposition.

- *sa représentation est non isotrope* La sélection de directions particulières n'a pas toujours la même qualité et des effets diagonaux se produisent lorsque des filtres séparables réels sont appliqués.
- *elle présente une décorrélation inter-échelles* Les coefficients d'ondelettes inter échelles sont décorrés du fait de l'orthogonalité des espaces multi-résolutions.

Pour éviter ces problèmes, la transformée choisie est la version proposée dans [Starck *et al.*, 2000]. L'algorithme «à trous» est utilisé pour créer une représentation invariante par translation. C'est à dire que ni les coefficients d'approximation ni les coefficients de détail ne sont décimés. Les coefficients de l'approximation au niveau i valent donc :

$$A_i(k) = \frac{1}{2^i} \langle f(x), \phi\left(\frac{x-k}{2^i}\right) \rangle \quad (3.1)$$

et les coefficients de détail au niveau i valent :

$$W_i(k) = \frac{1}{2^i} \langle f(x), \psi\left(\frac{x-k}{2^i}\right) \rangle \quad (3.2)$$

où ϕ est la fonction d'échelle et ψ la fonction d'ondelette.

Ensuite, la fonction d'échelle est générée par une B-spline et les fonctions d'échelle et d'ondelette sont symétriques. Une fonction d'échelle à N degrés $\phi_N(x)$ est la convolution de $N + 1$ fonctions «boîte» et est $N - 1$ fois continûment dérivable.

$$\phi_N(x) = \frac{1}{N!} \sum_k (-1)^k C_{N+1}^k (x - k + N/2)_+^N \quad (3.3)$$

où $(x - k + N/2)_+ = \sup(x - k + N/2, 0)$. L'ondelette correspondante est définie par

$$\frac{1}{2}\psi\left(\frac{x}{2}\right) = \phi(x) - \frac{1}{2}\phi\left(\frac{x}{2}\right) \quad (3.4)$$

L'équation (3.4) implique la formule de décomposition suivante :

$$W_i(x) = A_i(x) - A_{i-1}(x) \quad 0 < i \leq J \quad (3.5)$$

où A_0 est le signal original. Le résultat est la formule de reconstruction suivante :

$$A_0(x) = A_J(x) + \sum_{i=1}^J W_i(x) \quad (3.6)$$

La séquence $W_1, W_2, \dots, W_J, A_J$ est appelée «représentation en ondelettes à trous». Notons que dans le cas d'une DWT, l'espace multi résolution correspondant n'est pas orthogonal, ainsi, les coefficients d'ondelettes sont corrélés.

Enfin, une transformation multidimensionnelle séparable peut être obtenue. Dans le cas d'une seule dimension, le filtre passe-bas h , qui est symétrique, est dérivé de

$$\frac{1}{2}\phi\left(\frac{x}{2}\right) = \sum_l h(l)\phi(x-l) \quad (3.7)$$

Il est possible d'implémenter un filtre passe-bas multidimensionnel séparable en convoluant l'image originale avec ce même h dans chacune des directions x, y et z . Lors de la convolution, l'image est étendue de manière symétrique pour annuler les effets de la discontinuité de ses bords. Une seule image de détail est générée à chaque décomposition en soustrayant deux approximations adjacentes exactement comme pour le cas 1D (3.5). Le même procédé est réitéré autant de fois que pour atteindre l'échelle désirée et $2^{i-1} - 1$ zéros sont insérés à l'échelle i .

Le choix de l'ondelette B-Spline est justifié par :

- *sa symétrie*. Il n'y a pas de décalage entre le centre du spot et celui des coefficients d'ondelettes. Comme cette SI-DWT ne crée qu'une image de détail à chaque échelle, les détails ne sont pas projetés dans différentes directions comme avec la DWT. Le résultat est donc une ondelette et une représentation isotrope si l'ondelette utilisée est la même sur tous les axes. C'est à dire qu'il n'y a plus de direction privilégiée pour la détection.
- *le fait que ses seconds lobes sont ses seules parties négatives*. Lors du procédé de détections, les seconds lobes répondent à des objets négatifs et créent parfois de fausses détections. Comme seuls les seconds lobes forment les parties négatives de la fonction d'ondelette, il est facile de supprimer l'effet de ces lobes en ne considérant que les coefficients positifs. C'est un avantage sur les autres ondelettes dont la partie négative n'est pas constituée uniquement des seconds lobes. Ce traitement fait l'objet de la partie 3.4

3.2 Le débruitage

Une étape de débruitage suit la décomposition en ondelettes. En effet, l'image à traiter est considérée contaminée par un bruit additif gaussien n :

$$Y = X + n \quad (3.8)$$

où Y est l'observation. La transformée en ondelettes donne :

$$\mathbf{W}Y = \mathbf{W}X + \mathbf{W}n \quad (3.9)$$

où \mathbf{W} est la matrice de transformation de l'ondelette. En supposant que le bruit est stationnaire à chaque échelle, trois méthodes d'estimation des coefficients $\mathbf{W}Y_i$ à l'échelle i sont comparées :

1. *Donoho's $k\sigma$ hard threshold* :

$$t_{hard}(\mathbf{W}Y_i) = \begin{cases} \mathbf{W}Y_i & |\mathbf{W}Y_i| \geq k\sigma_i \\ 0 & |\mathbf{W}Y_i| < k\sigma_i \end{cases} \quad (3.10)$$

2. *Donoho's $k\sigma$ soft threshold* :

$$t_{soft}(\mathbf{W}Y_i) = \begin{cases} \text{sgn}(\mathbf{W}Y_i)(|\mathbf{W}Y_i| - k\sigma_i) & |\mathbf{W}Y_i| \geq k\sigma_i \\ 0 & |\mathbf{W}Y_i| < k\sigma_i \end{cases} \quad (3.11)$$

$$\text{sgn}(x) = \begin{cases} 1 & x \geq 0 \\ -1 & x < 0 \end{cases} \quad (3.12)$$

3. *Jeffreys' noninformative threshold* [Figueiredo and Nowak, 2001] :

$$t_{noninformative}(\mathbf{W}Y_i) = \frac{(\mathbf{W}Y_i^2 - 3\sigma^2)_+}{\mathbf{W}Y_i} \quad (3.13)$$

où σ_i est l'écart type du bruit à l'échelle i dans le domaine d'ondelette et le choix usuel de $k = 3$ dans le cas Donoho. Plutôt que de seuiller brutalement les coefficients comme le font les méthodes 1 et 2, la méthode 3 offre une fonction de seuillage donnant une estimation adaptée à la valeur des coefficients. Cette méthode est mieux appropriée à la détection d'objets dont l'intensité peut varier au cours du temps et devenir assez faible.

Par ailleurs, une estimation robuste [Mallat, 1998] de la variance σ_i^2 du bruit est obtenue en calculant le médian de la valeur absolue des coefficients d'ondelette à l'échelle i .

$$\tilde{\sigma}_i = \frac{\text{Median}(|\mathbf{W}Y_i|)}{0.6745} \quad (3.14)$$

3.3 L'image de corrélation

A présent, l'image est représentée par SI-DWT. Les images de détail débruitées contiennent les objets dont la taille est adaptée à la résolution du filtre à chaque échelle. Comme le support du filtre s'élargit avec l'échelle, il a tendance à moins répondre aux objets trop petits et à amplifier les objets correspondant à l'échelle considérée. En effet, plus la résolution est faible, plus les coefficients des images de détail correspondent à des objets de grande taille.

Par ailleurs, cette transformée en ondelettes crée des coefficients corrélés, autrement dit, des informations concernant un objet donné sont contenues dans plusieurs images de détail contiguës. [Sadler and Swami, 1999] montrent que l'on peut utiliser le produit multi échelle pour détecter les discontinuités. Le produit a en effet le double avantage de réduire considérablement le bruit tout en conservant les contours qui eux se propagent au travers des échelles. Nous utilisons ici le même principe. Cependant, comme les coefficients correspondant aux spots ne se propagent pas sur toutes les échelles, seules quelques échelles contiguës, correspondant à la taille des objets recherchés, sont sélectionnées.

Les coefficients négatifs de chaque image de détail sont ensuite mis à zéro (étape de «désoscillation» décrite en (3.4)). L'image de corrélation $P_s(x, y, z)$ est ensuite simplement la multiplication directe de s images de détail débruitées aux échelles adjacentes sélectionnées.

$$P_s(x, y, z) = \prod_{i=1}^s \mathbf{W}Y_i^+(x, y, z) \quad (3.15)$$

3.4 La «désoscillation»

Comme indiqué précédemment, la réponse du second lobe sur chaque image de détail a des effets indésirables sur l'image de corrélation. Toute fonction d'ondelette contient de tels seconds lobes négatifs puisque, par définition, la moyenne d'une telle fonction est nulle. Pour l'application décrite ici, ce lobe va entraîner la production de plusieurs réponses du signal

pour le même objet. Ces multiples réponses sont indésirables car susceptibles de créer de fausses détections si elles se retrouvent à toutes les échelles sélectionnées.

L'avantage des ondelettes B-Spline est qu'elles ne présentent une partie négative que pour ces seconds lobes justement. Les coefficients négatifs des images de détail sont donc tous produits par ces seconds lobes. La «désoscillation» proposé dans [Zhang, 2003] consiste donc simplement, pour une détection utilisant une telle ondelette, à supprimer ces coefficients des images de détail.

Pour les autres types d'ondelettes, les lobes secondaires ne sont pas les seules responsables des coefficients négatifs, la suppression de l'effet des ces lobes secondaires n'est donc pas triviale.

3.5 La caractérisation

Une étape de seuillage automatique puis une étape de détection des composantes connexes est appliquée à l'image de corrélation. Un vecteur appelé mesure est alors extrait de chacune des composantes connexes.

Trois méthodes automatiques sont proposées pour trouver le seuillage à partir de l'histogramme h de l'image de corrélation.

Le seuillage itératif

Le seuillage itératif est l'équivalent de l'algorithme des k -moyennes avec $k = 2$. L'histogramme est séparé en deux classes minimisant la dispersion intra-classe (ou maximisant la dispersion inter-classes). L'implémentation est itérative à partir d'une estimation du seuil initial T_0 . La $k^{\text{ième}}$ estimation du seuil T_k est déterminée par

$$T_k = \frac{1}{2} \left(\frac{\sum_{i=0}^{T_{k-1}} ih[i]}{\sum_{i=0}^{T_{k-1}} h[i]} + \frac{\sum_{i=T_{k-1}+1}^N ih[i]}{\sum_{i=T_{k-1}+1}^N h[i]} \right) \quad (3.16)$$

où N est le niveau de gris le plus élevé. L'algorithme s'arrête lorsque $T_{k-1} = T_k$. Fig. 3.1 montre l'effet de ce seuil. On peut constater en pratique que ce seuil est parfois un peu élevé entraînant la détection d'un nombre insuffisant de spots. La difficulté vient de la forme de la distribution dite «à queue lourde» dans laquelle il n'est pas évident de discerner deux classes.

Le seuillage max-entropie

Cette méthode essaie de maximiser simultanément les entropies de chacune des deux classes. La formulation de l'entropie est celle de Shannon.

$$- \sum p(x) \log p(x) \quad (3.17)$$

T est déterminé par

$$\sup_T \left(- \sum_{i=0}^T p_1(i) \log p_1(i) - \sum_{i=T+1}^N p_2(i) \log p_2(i) \right) \quad (3.18)$$

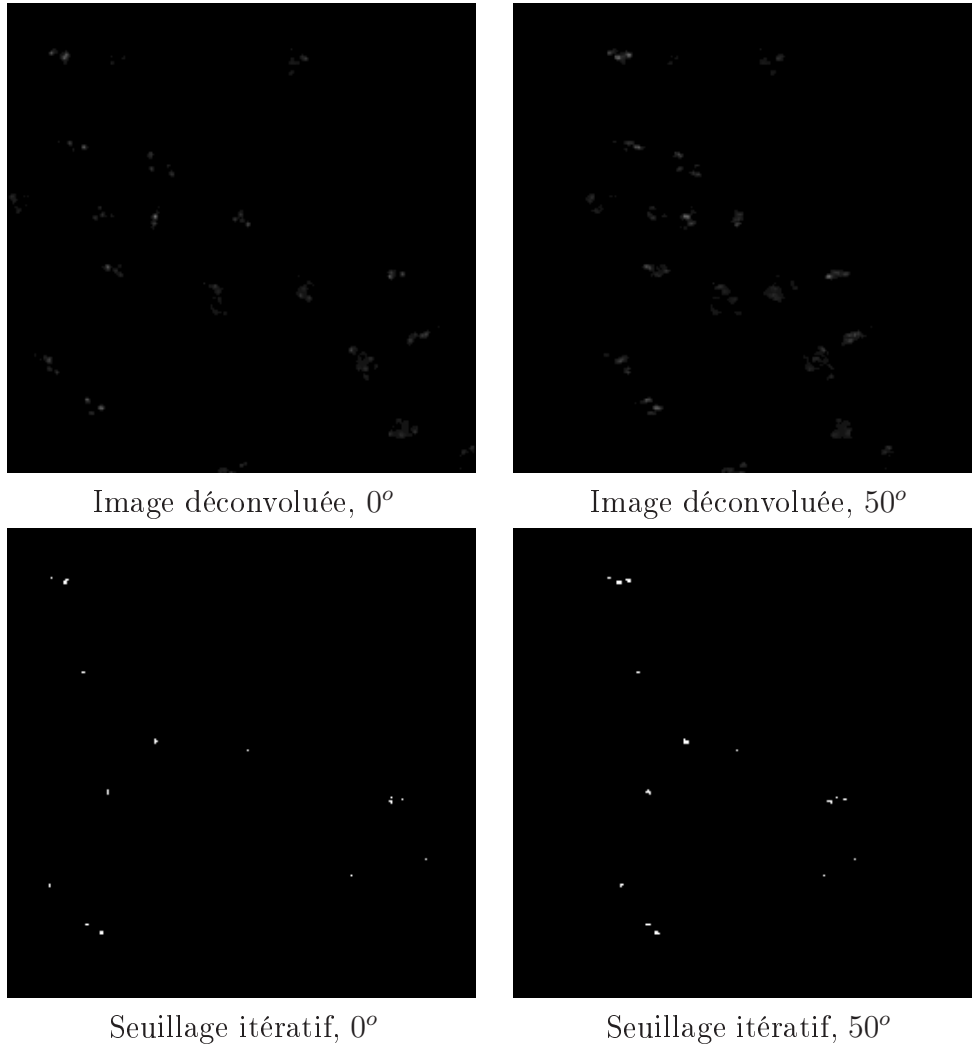


FIG. 3.1: Seuillage Itératif. Ondelette : x, y - Bior4.4, z - B1-Spline. Projections 3D sur Y . vues de 0° et 50°

où $p_k(x)$ est la probabilité de la valeur x dans la classe k . Ce seuil détecte plus de spots que le seuillage itératif. Voir le résultat Fig. 3.2.

Le seuillage « min-fuzziness »

Le seuil T minimise une mesure du flou entre les deux classes. On définit une fonction de membre $u_T(x)$ qui représente la probabilité qu'une valeur appartienne à une des deux classes.

$$u_T(x) = \begin{cases} \frac{1}{1+|x-\mu_0(T)|} & x \leq T \\ \frac{1}{1+|x-\mu_1(T)|} & x > T \end{cases} \quad (3.19)$$

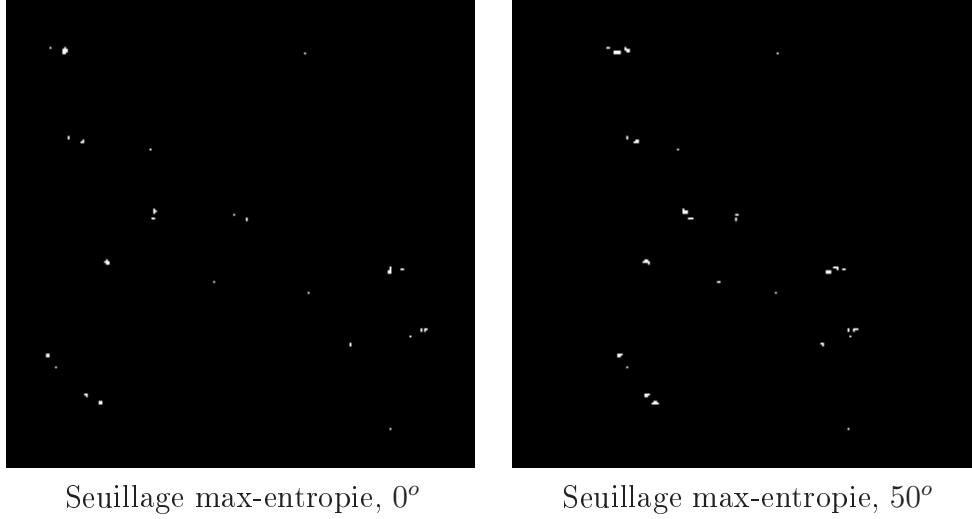


FIG. 3.2: Seuillage par maximisation de l'entropie. Ondelette : x, y - Bior4.4, z - B1-Spline. Projections 3D sur Y . vues de 0° et 50°

où les deux centres de classes sont

$$\mu_0(T) = \frac{\sum_{i=0}^T ih[i]}{\sum_{i=0}^T h[i]} \quad (3.20)$$

$$\mu_1(T) = \frac{\sum_{i=T+1}^N ih[i]}{\sum_{i=T+1}^N h[i]} \quad (3.21)$$

On a

$$\frac{1}{2} \leq u_T(x) \leq 1 \quad (3.22)$$

Plus la différence entre le niveau de gris x et la moyenne de sa classe est petite, plus $u(x)$ est grand.

Une façon de définir la mesure du flou est l'entropie d'ensembles flous. A partir de la fonction de Shannon

$$H_f(x) = -x \log x - (1 - x) \log(1 - x) \quad (3.23)$$

l'entropie de l'image est définie par

$$\mathbf{E}(T) = \sum_{i=0}^N H_f(u_T(i)) \frac{h[i]}{n} \quad (3.24)$$

où n est le nombre de voxels de l'image et où le T optimal doit minimiser $\mathbf{E}(T)$. Le résultat fig. 3.3 montre que ce seuil est parfois trop bas et peut entraîner une sur-segmentation.

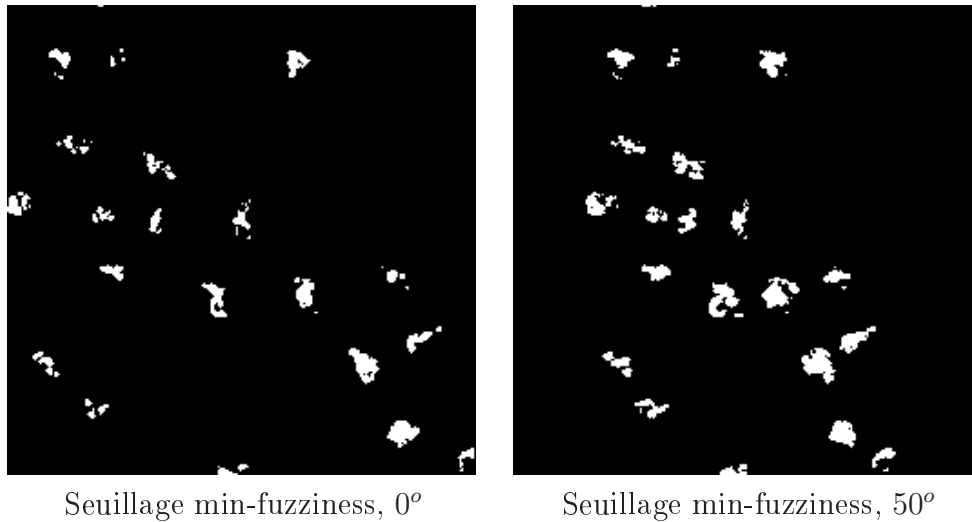


FIG. 3.3: Le seuillage par minimisation du flou. Ondelette : x, y - Bior4.4, z - B1-Spline. Projections 3D sur Y. vues de 0° et 50°

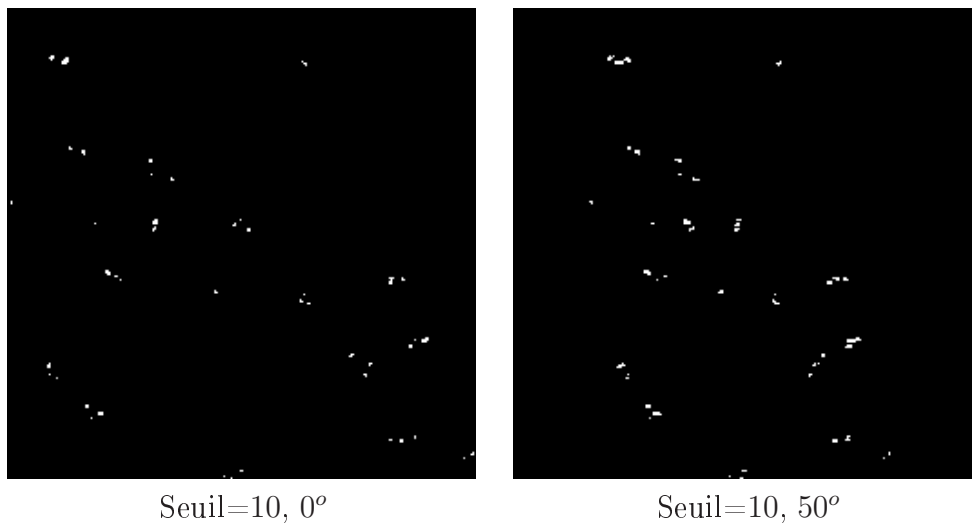


FIG. 3.4: Seuillage Manuel. Ondelette : x, y - Bior4.4, z - B1-Spline. Projections 3D sur Y. vues de 0° et 50°

Résultats

Les résultats montrent que le seuillage par maximisation de l'entropie forme un bon compromis entre les méthodes de seuillage automatique brièvement proposées. Mais le résultat n'est pas encore optimal. Même si un seuillage manuel est plus ad-hoc, le résultat fig. 3.4 montre qu'il peut être meilleur dans certain cas. Il est également possible de déterminer un seuil en utilisant l'information des bornes de la trame d'ondelettes sans normaliser l'image, mais les résultats sont généralement plus mauvais. La détermination d'un seuil automatique

est un problème plus global qui fait toujours l'objet de recherches et qui ne sera pas abordé plus en profondeur dans ce document.

Chapitre 4

Etude des filtres bayesiens

Ce chapitre propose une étude de la deuxième composante du suivi bayésien : le filtrage. Comme on l'a vu, la modélisation du problème de suivi peut être représentée par une approche «espace d'état» [Bar-Shalom and Fortmann, 1988; Arulampalam *et al.*, 2002; Cassidy and Penny, 2002; Farina, 2002; Tao *et al.*, 2002]. On cherche à obtenir l'évolution de l'état d'un objet sous la forme d'une densité de probabilité d'un vecteur appelé vecteur d'état. Les densités successives sont obtenues depuis les mesures du détecteur et deux densités supposées connues représentant l'évolution et la mesure de l'état.

L'utilisation d'un filtre bayésien est de première importance pour deux raisons. La première est qu'il permet de créer une ou des prédictions de la densité de l'état à l'étape $t + 1$ alors qu'on ne dispose seulement que des mesures de 1 à t . La précision de cette prédiction est de première importance dans le cadre du suivi multi-objets pour minimiser les erreurs d'association. La deuxième raison est que la procédure de détection produit des mesures qui, même dans le cas d'une topologie correcte, est par nature imprécise. Un filtre bayésien permet d'obtenir une estimation plus juste de l'état de chaque objet en faisant intervenir des connaissances *a priori* et une correction qui prend en compte les erreurs de prédiction.

La résolution du problème du filtrage bayésien a une solution exacte qui peut, à la condition d'hypothèses fortes, être obtenue analytiquement ou, lorsque l'on choisit de relâcher certaines conditions, être seulement approchée. Dans la suite, nous parcourons les différents filtres bayésiens et proposons quelques exemples pour illustrer leur capacité à estimer l'évolution d'un vecteur d'état. Nous verrons en particulier que l'un d'eux, l'IMM est bien adapté à notre problématique puisqu'il permet de prendre en compte une transition qui change brusquement de modèle au cours du temps.

4.1 Le filtre exacte

L'évolution d'un objet est représentée par une séquence d'états cachés $\{\mathbf{x}_t, t \in \mathbb{N}\}$ dont le caractère markovien est modélisé dans sa forme la plus générale par :

$$\mathbf{x}_t | \mathbf{x}_{t-1} \sim p(\mathbf{x}_t | \mathbf{x}_{t-1}) \quad (4.1)$$

Ce processus génère à son tour une séquence de mesures $\{\mathbf{z}_t, t \in \mathbb{N}\}$:

$$\mathbf{z}_t | \mathbf{x}_t \sim p(\mathbf{z}_t | \mathbf{x}_t) \quad (4.2)$$

Dans la suite de ce document, (4.1) correspond à l'*a priori temporel* appelée «transition» (de l'état $t - 1$ à l'état t) et (4.2) correspond à la *vraisemblance* appelée «observation». On suppose $p(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1})$ et $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)$ connues. Dans le cas de bruits additifs, le système prend la forme :

$$\begin{cases} \mathbf{x}_t = f_t(\mathbf{x}_{t-1}) + \nu_t \\ \mathbf{z}_t = h_t(\mathbf{x}_t) + \mu_t \end{cases} \quad (4.3)$$

où $\{\nu_t, t \in \mathbb{N}\}$ et $\{\mu_t, t \in \mathbb{N}\}$ sont des séquences de vecteurs aléatoires et il n'y a pas d'hypothèse *a priori* sur f_t et h_t . Lorsque f_t et h_t sont linéaires, il peut s'écrire

$$\begin{cases} \mathbf{x}_t = \mathbf{F}_t \mathbf{x}_{t-1} + \nu_t \\ \mathbf{z}_t = \mathbf{H}_t \mathbf{x}_t + \mu_t \end{cases} \quad (4.4)$$

Enfin, lorsque on suppose en plus que ν_t et μ_t sont gaussiens avec $\nu_t \sim \mathcal{N}(\mathbf{v}_t; 0, \mathbf{Q}_t)$ et $\mu_t \sim \mathcal{N}(\mathbf{v}_t; 0, \mathbf{R}_t)$, le système peut s'écrire aussi :

$$\begin{cases} \mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1} \sim \mathcal{N}(\mathbf{x}_t; \mathbf{F}_t \mathbf{x}_{t-1}, \mathbf{Q}_t) \\ \mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t \sim \mathcal{N}(\mathbf{z}_t; \mathbf{H}_t \mathbf{x}_t, \mathbf{R}_t) \end{cases} \quad (4.5)$$

On définit $Z_t = \{\mathbf{z}_t^1, \dots, \mathbf{z}_t^i\}$ l'ensemble des mesures relevées à l'étape t et $Z_{1:t} = \{Z_1, \dots, Z_t\}$ l'ensemble de toutes les mesures relevées depuis l'étape 1. On suppose pour l'instant qu'il n'y a pas de problème d'association et que l'on obtient une mesure par étape *i.e.* $\forall t, Z_t = \{\mathbf{z}_t\}$ et donc aussi $Z_{1:t} = \{\mathbf{z}_1, \dots, \mathbf{z}_t\}$.

Revenons à notre système le plus général décrit par (4.1) et (4.2). Le cadre bayésien correspond bien à cette problématique puisque l'on cherche alors à construire de manière récursive (*i.e.* au fur et à mesure de l'obtention des \mathbf{z}_t) la densité $p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t})$. Cette construction se fait en deux étapes : une étape de prédiction où l'on obtient la densité $p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1})$ à partir de $p(\mathbf{x}_{t-1}|Z_{1:t-1})$ et une étape de mise à jour où $p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1})$ est corrigé pour obtenir la densité *a posteriori* $p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t})$. Comme (4.1) décrit un processus de Markov d'ordre un, l'équation de Chapman Kôlmogorov :

$$p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1}) = \int p(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1})p(\mathbf{x}_{t-1}|Z_{t-1})d\mathbf{x}_{t-1} \quad (4.6)$$

nous permet d'obtenir la prédiction $p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1})$ sans avoir eu connaissance de \mathbf{z}_t . Quand une mesure supplémentaire \mathbf{z}_t est disponible, $p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1})$ est corrigée en appliquant la règle de Bayes (ce calcul est obtenu en (A.3) dans l'annexe p. 145) :

$$p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t}) = \frac{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1})}{p(\mathbf{z}_t|Z_{1:t-1})} \quad (4.7)$$

où

$$p(\mathbf{z}_t|Z_{1:t-1}) = \int p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1})d\mathbf{x}_t \quad (4.8)$$

Cette propagation récursive de la densité de probabilité $p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t})$ est un résultat théorique. En effet, en pratique il n'est possible d'obtenir ce résultat analytiquement que dans

certain cas restreints où des hypothèses fortes sont posées sur les paramètres du modèle. C'est le cas du filtre de Kalman (KF pour Kalman Filter) et du filtre basé sur une grille (GBF pour Grid Based Filter). Dans la plupart des cas, lorsque de telles hypothèses ne peuvent être considérées, cette densité ne peut être qu'approchée. Entre alors en jeu des méthodes dites sous optimales telles que le filtre de Kalman étendu (EKF pour Extended Kalman Filter), le filtre à particules (PF pour Particle Filter) et l'estimateur à interaction de multiples modèles (IMM pour Interacting Multiple Model estimator).

4.2 Le filtre de Kalman

Description

Sous certaines conditions, le filtre de Kalman [Kalman, 1960; Schutter *et al.*, 1999] nous permet d'obtenir une estimation optimale de $p(\mathbf{x}_t|Z_t)$. Cette méthode est utilisée dans de nombreux domaines : en balistique [Bar-Shalom and Fortmann, 1988; Bar-Shalom and Blair, 2000], en vidéo microscopie [Briquet-Laugier *et al.*, 1998; Genovesio and Olivo-Marin, 2003; Genovesio *et al.*, 2003a], pour le suivi d'humains [Jang *et al.*, 2002], de voitures [Gil and Milanese, 1996]. Certaines méthodes considèrent les points de contour des objets [Chen *et al.*, 2002] quand d'autres utilisent les couleurs [Nguyen and Smeulders, 2002]. Le filtre de Kalman est également utilisé conjointement avec d'autres techniques telles que l'autocorrélation [Ngoc *et al.*, 1997], les contours actifs [Jang and Choi, 2000; Peterfreund, 1999] ou les ensembles de niveau [Jang and Choi, 2000]. [Hung, 1999] présente également une méthode d'estimation de profondeur dans une séquence d'images. Voir aussi [Mehra, 1970; Lee and Tahk, 1998] pour les problèmes liés à l'estimation de ses paramètres.

Posons, dans le cadre que nous venons de décrire, les hypothèses suivantes :

1. $p(\mathbf{x}_{t-1}|Z_{t-1})$ gaussienne
2. $p(\nu_t)$ et $p(\mu_t)$ sont gaussiennes de moyenne nulle et de matrice d'autocovariance connue.
3. f_t et h_t linéaires et connues.

alors $p(\mathbf{x}_t|Z_t)$ est également gaussienne et R. E. Kalman montre dans [Kalman, 1960] que l'on peut obtenir récursivement ses paramètres.

D'après les hypothèses 2 et 3, le système formé des deux équations (4.1) et (4.2) peut être réécrit

$$\begin{cases} \mathbf{x}_t &= \mathbf{F}_t \mathbf{x}_{t-1} + \nu_t \\ \mathbf{z}_t &= \mathbf{H}_t \mathbf{x}_t + \mu_t \end{cases} \quad (4.9)$$

avec

$$p(\nu_t) = \mathcal{N}(\nu_t; 0, \mathbf{Q}_t) \quad (4.10)$$

$$p(\mu_t) = \mathcal{N}(\mu_t; 0, \mathbf{R}_t) \quad (4.11)$$

$$\mathbb{E}[\nu(i)\mu^T(j)] = 0 \quad \forall i, j \quad (4.12)$$

$$\mathbb{E}[\nu(i)\nu^T(j)] = 0 \quad \forall i \neq j \quad (4.13)$$

$$\mathbb{E}[\mu(i)\mu^T(j)] = 0 \quad \forall i \neq j \quad (4.14)$$

D'après l'hypothèse 1 on a :

$$p(\mathbf{x}_{t-1}|Z_{1:t-1}) = \mathcal{N}(\mathbf{x}_{t-1}; \mathbf{x}_{t-1|t-1}, \mathbf{P}_{t-1|t-1}) \quad (4.15)$$

et les équations (4.6) et (4.7) nous donnent

$$p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1}) = \mathcal{N}(\mathbf{x}_t; \mathbf{x}_{t|t-1}, \mathbf{P}_{t|t-1}) \quad (4.16)$$

$$p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t}) = \mathcal{N}(\mathbf{x}_t; \mathbf{x}_{t|t}, \mathbf{P}_{t|t}) \quad (4.17)$$

avec

$$\mathbf{x}_{t|t-1} = \mathbf{F}_t \mathbf{x}_{t-1|t-1} \quad (4.18)$$

$$\mathbf{P}_{t|t-1} = \mathbf{F}_t \mathbf{P}_{t-1|t-1} \mathbf{F}_t^T + \mathbf{Q}_t \quad (4.19)$$

$$\mathbf{x}_{t|t} = \mathbf{x}_{t|t-1} + \mathbf{K}_t (\mathbf{z}_t - \mathbf{H}_t \mathbf{x}_{t|t-1}) \quad (4.20)$$

$$\mathbf{P}_{t|t} = \mathbf{P}_{t|t-1} - \mathbf{K}_t \mathbf{H}_t \mathbf{P}_{t|t-1} \quad (4.21)$$

où $\mathcal{N}(\mathbf{x}; \mathbf{m}, \mathbf{P})$ est une densité gaussienne d'argument \mathbf{x} , de moyenne \mathbf{m} et de matrice de covariance \mathbf{P} et

$$\mathbf{S}_t = \mathbf{H}_t \mathbf{P}_{t|t-1} \mathbf{H}_t^T + \mathbf{R}_t \quad (4.22)$$

$$\mathbf{K}_t = \mathbf{P}_{t|t-1} \mathbf{H}_t^T \mathbf{S}_t^{-1} \quad (4.23)$$

Algorithme 1 Filtre de Kalman

ENTREES : $\mathbf{F}_t, \mathbf{H}_t, \mathbf{Q}_t, \mathbf{R}_t, \mathbf{z}_t, \mathbf{x}_{t-1|t-1}$ et $\mathbf{P}_{t-1|t-1}$

SORTIES : $\mathbf{x}_{t|t}$ et $\mathbf{P}_{t|t}$

/* Prediction : */

$$\mathbf{x}_{t|t-1} = \mathbf{F}_t \mathbf{x}_{t-1|t-1}$$

$$\mathbf{P}_{t|t-1} = \mathbf{F}_t \mathbf{P}_{t-1|t-1} \mathbf{F}_t^T + \mathbf{Q}_t$$

/* Mise à jour : */

$$\mathbf{z}_t = \text{mesure}()$$

$$\mathbf{S}_t = \mathbf{H}_t \mathbf{P}_{t|t-1} \mathbf{H}_t^T + \mathbf{R}_t$$

$$\mathbf{K}_t = \mathbf{P}_{t|t-1} \mathbf{H}_t^T \mathbf{S}_t^{-1}$$

$$\mathbf{x}_{t|t} = \mathbf{x}_{t|t-1} + \mathbf{K}_t (\mathbf{z}_t - \mathbf{H}_t \mathbf{x}_{t|t-1})$$

$$\mathbf{P}_{t|t} = \mathbf{P}_{t|t-1} - \mathbf{K}_t \mathbf{H}_t \mathbf{P}_{t|t-1}$$

Exemple

Un processus markovien \mathbf{x}_t est généré selon le système décrit par (4.9). Le vecteur d'état \mathbf{x}_t est composé de la manière suivante :

$$\mathbf{x}_t = \begin{bmatrix} x_t \\ \dot{x}_t \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \text{position} \\ \text{vitesse} \end{bmatrix} \quad (4.24)$$

Les paramètres du système sont les suivants :

$$\mathbf{F} = \begin{bmatrix} 1 & 1 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \mathbf{H} = [1 \quad 0] \mathbf{Q} = \begin{bmatrix} 0.0002 & 0 \\ 0 & 0.0004 \end{bmatrix} \mathbf{R} = [20] \quad (4.25)$$

Le processus est initialisé par :

$$\mathbf{x}_{0|0} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0.5 \end{bmatrix} \text{ et } \mathbf{P}_{0|0} = \begin{bmatrix} 0.1 & 0 \\ 0 & 0.1 \end{bmatrix} \quad (4.26)$$

donc, on le voit, un mouvement relativement stable dont la mesure est fortement perturbée. Un filtre de Kalman doté des paramètres utilisés pour la génération des données est appliqué au signal mesuré z . La figure 4.1 montre que l'estimation obtenue est proche des valeurs réelles. Remarquons que l'erreur estimée par le filtre converge. Ceci est dû au fait que \mathbf{F} , \mathbf{H} , \mathbf{Q} et \mathbf{R} ne varient pas au cours du temps. La figure 4.3 montre le filtrage du même signal avec un filtre de Kalman dont la matrice de transition ne correspond pas à celle qui a été utilisée pour générer le signal. En effet, elle est remplacée par la matrice suivante qui ne correspond pas du tout au signal émis :

$$\mathbf{F} = \begin{bmatrix} 1 & -15 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (4.27)$$

Il est intéressant de constater que l'estimation ne fait très rapidement plus confiance au modèle et s'appuie plus fortement sur les données (i.e. x est. suit z). De manière générale, l'erreur quadratique moyenne montre que le filtre est beaucoup moins performant que dans les conditions optimales du premier essai. Ceci tend à montrer que l'élaboration des paramètres du modèle tient un rôle important pour évaluer correctement une séquence d'états.

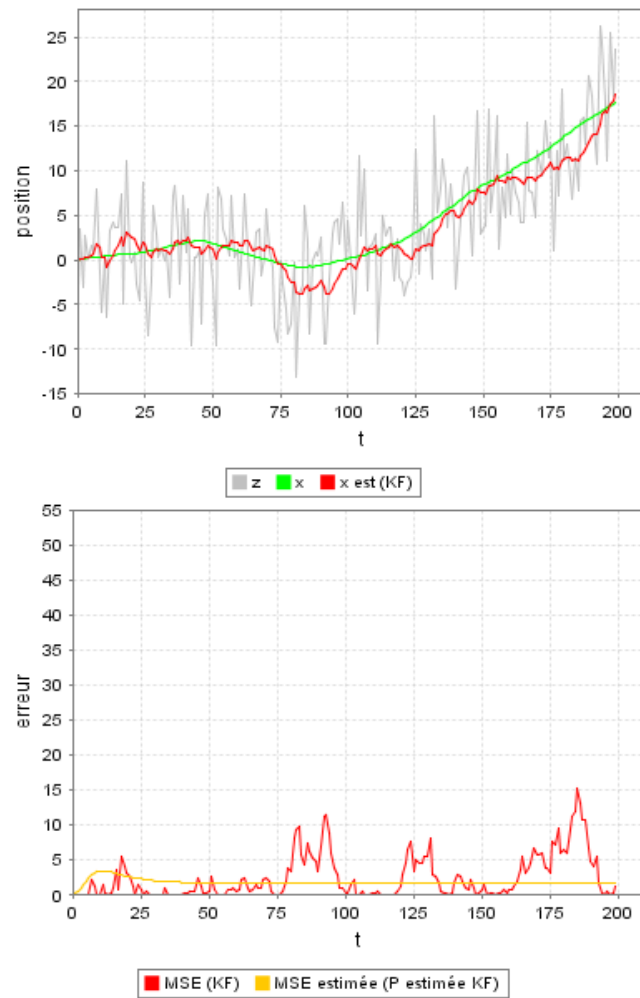


FIG. 4.1: Estimation d'un signal x par filtrage de Kalman depuis des mesures z . L'estimation du signal est correcte et l'estimation de l'erreur est également correcte en moyenne.

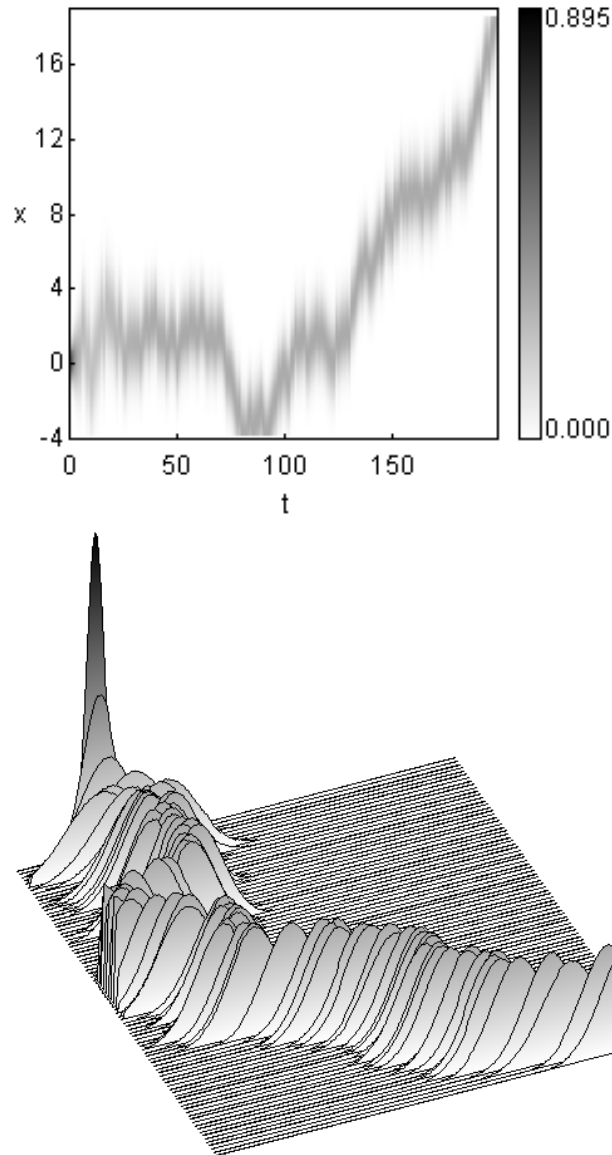


FIG. 4.2: Propagation reconstituée de $p(\mathbf{z}_t | \mathbf{x}_t)$ pour l'exemple Fig. 4.1 à partir des paramètres du filtre de Kalman.

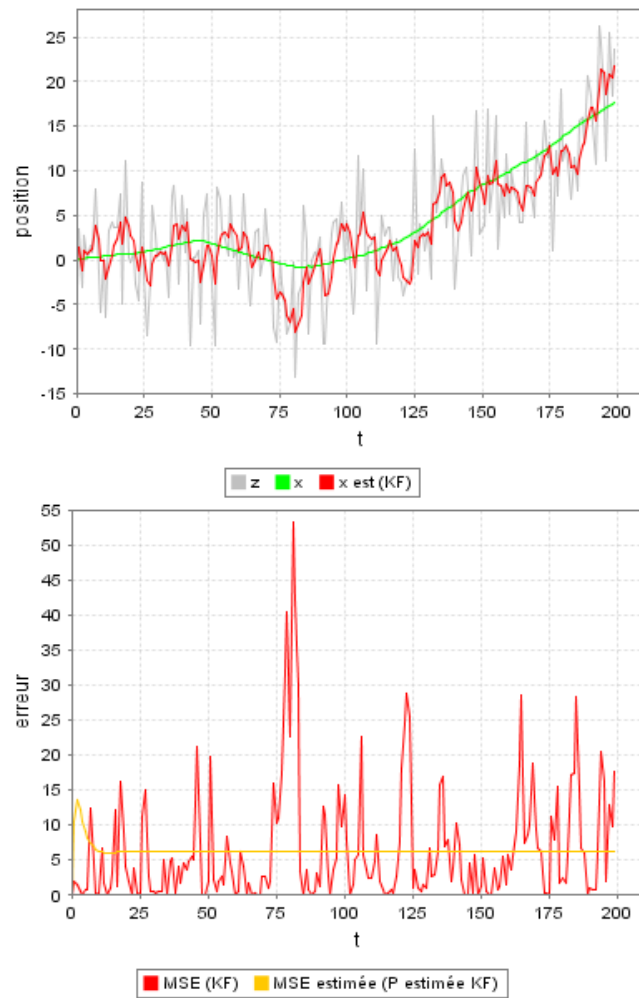


FIG. 4.3: Estimation d'un signal x par filtrage de Kalman depuis des mesures z . La matrice de transition du filtre diffère de la matrice de transition utilisée pour générer le signal. L'erreur montre que l'estimation est moins bonne que pour l'exemple Fig. 4.1.

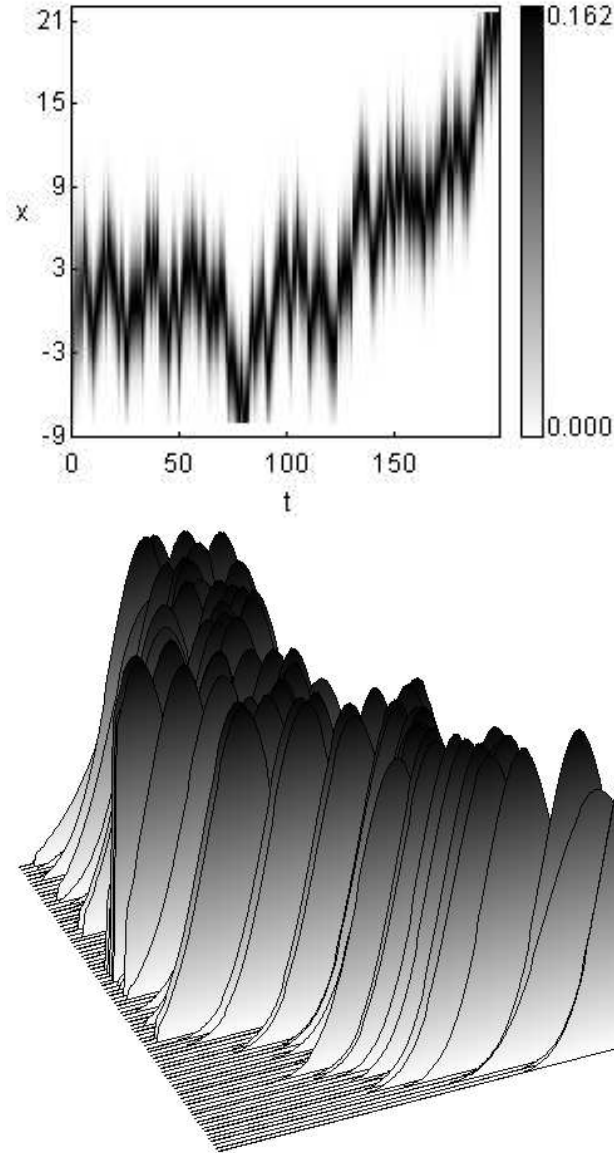


FIG. 4.4: Propagation reconstituée de $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)$ pour l'exemple Fig. 4.3 à partir des paramètres du filtre de Kalman.

4.3 Le filtre basé sur une grille

Description

Si l'espace d'état est constitué d'un nombre fini d'états discrets $\mathbf{x}_t^i, i = 1, \dots, N$, alors un filtre optimal peut être obtenu de la façon suivante. On note pour chaque état \mathbf{x}_{t-1}^i :

$$Pr(\mathbf{x}_{t-1} = \mathbf{x}_{t-1}^i | Z_{1:t-1}) = w_{t-1|t-1}^i \quad (4.28)$$

la densité de probabilité à $t - 1$ peut s'écrire

$$p(\mathbf{x}_{t-1}|Z_{1:t-1}) = \sum_{i=1}^N w_{t-1|t-1}^i \delta(\mathbf{x}_{t-1} - \mathbf{x}_{t-1}^i) \quad (4.29)$$

où $\delta(\cdot)$ est la mesure de Dirac. On obtient alors avec (4.6)

$$p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1}) = \sum_{i=1}^N w_{t|t-1}^i \delta(\mathbf{x}_t - \mathbf{x}_t^i) \quad (4.30)$$

et avec (4.7)

$$p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t}) = \sum_{i=1}^N w_{t|t}^i \delta(\mathbf{x}_t - \mathbf{x}_t^i) \quad (4.31)$$

avec

$$w_{t|t-1}^i \triangleq \sum_{j=1}^N w_{t-1|t-1}^j p(\mathbf{x}_t^i | \mathbf{x}_{t-1}^j) \quad (4.32)$$

et

$$w_{t|t}^i \triangleq \frac{w_{t|t-1}^i p(\mathbf{z}_t | \mathbf{x}_t^i)}{\sum_{j=1}^N w_{t|t-1}^j p(\mathbf{z}_t | \mathbf{x}_t^j)} \quad (4.33)$$

Exemple

Dans le cadre de ce travail, la densité de probabilité *a posteriori* que l'on cherche à obtenir n'est pas discrète mais continue. Le filtre basé sur une grille présenté ici n'est décrit que pour l'approximation qui en est faite, plus loin (voir section 4.6), lors de son application à l'évaluation d'une densité continue. Un exemple est alors développé dans ce cadre.

4.4 Le filtre de Kalman étendu

Description

Si, dans le cadre du filtre de Kalman, on relâche l'hypothèse de linéarité de f_t et h_t , le système peut être réécrit

$$\mathbf{x}_t = f_t(\mathbf{x}_{t-1}) + \nu_{t-1} \quad (4.34)$$

$$\mathbf{z}_t = h_t(\mathbf{x}_t) + \mu_t \quad (4.35)$$

et la gaussiannité de $p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t})$ n'est *a priori* pas propagée. L'idée du filtre de Kalman étendu [Schutter *et al.*, 1999; Reece, 2001; Arulampalam *et al.*, 2002] ou *Extended Kalman Filter*

Algorithme 2 Filtre basé sur une grille

ENTREES : $\{\mathbf{x}_{t-1}^i, w_{t-1|t-1}^i\}, i = 1, \dots, N, p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t), p(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1})$ et \mathbf{z}_t

SORTIES : $\{\mathbf{x}_t^i, w_{t|t}^i\}, i = 1, \dots, N$

```
/* Prediction : */
POUR i=1→N FAIRE
  POUR j=1→N FAIRE
     $w_{t|t-1}^i += w_{t-1|t-1}^j p(\mathbf{x}_t^i|\mathbf{x}_{t-1}^j)$ 
  FIN POUR
FIN POUR

/* Mise à jour : */
 $\mathbf{z}_t = \text{mesure}()$ 
POUR i=1→N FAIRE
   $w_{t|t}^i += w_{t|t-1}^i p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t^i)$ 
FIN POUR
POUR i=1→N FAIRE
   $w_{t|t}^i = \frac{w_{t|t-1}^i p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t^i)}{w_{t|t}^i}$ 
FIN POUR
```

(EKF) est de linéariser localement f_t et h_t puis d'appliquer le filtre de Kalman. En effet si l'on considère les dérivées du premier ordre de f_t et h_t :

$$\hat{\mathbf{F}}_t = \left. \frac{df_t(\mathbf{x})}{d\mathbf{x}} \right|_{\mathbf{x}=\mathbf{x}_{t-1|t-1}} \quad (4.36)$$

et

$$\hat{\mathbf{H}}_t = \left. \frac{dh_t(\mathbf{x})}{d\mathbf{x}} \right|_{\mathbf{x}=\mathbf{x}_{t|t-1}} \quad (4.37)$$

alors $p(\mathbf{x}_t|Z_t)$ peut être approximé par une gaussienne et à partir de

$$p(\mathbf{x}_{t-1}|Z_{1:t-1}) \approx \mathcal{N}(\mathbf{x}_{t-1}; \mathbf{x}_{t-1|t-1}, \mathbf{P}_{t-1|t-1}) \quad (4.38)$$

les équations (4.6) et (4.7) nous donnent

$$p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1}) \approx \mathcal{N}(\mathbf{x}_t; \mathbf{x}_{t|t-1}, \mathbf{P}_{t|t-1}) \quad (4.39)$$

$$p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t}) \approx \mathcal{N}(\mathbf{x}_t; \mathbf{x}_{t|t}, \mathbf{P}_{t|t}) \quad (4.40)$$

avec

$$\mathbf{x}_{t|t-1} = f_t(\mathbf{x}_{t-1|t-1}) \quad (4.41)$$

$$\mathbf{P}_{t|t-1} = \hat{\mathbf{F}}_t \mathbf{P}_{t-1|t-1} \hat{\mathbf{F}}_t^T + \mathbf{Q}_t \quad (4.42)$$

$$\mathbf{x}_{t|t} = \mathbf{x}_{t|t-1} + \mathbf{K}_t(\mathbf{z}_t - h_t(\mathbf{x}_{t|t-1})) \quad (4.43)$$

$$\mathbf{P}_{t|t} = \mathbf{P}_{t|t-1} - \mathbf{K}_t \hat{\mathbf{H}}_t \mathbf{P}_{t|t-1} \quad (4.44)$$

où

$$\mathbf{S}_t = \hat{\mathbf{H}}_t \mathbf{P}_{t|t-1} \hat{\mathbf{H}}_t^T + \mathbf{R}_t \quad (4.45)$$

$$\mathbf{K}_t = \mathbf{P}_{t|t-1} \hat{\mathbf{H}}_t^T \mathbf{S}_t^{-1} \quad (4.46)$$

Algorithme 3 Filtre de Kalman étendu

ENTREES : \mathbf{f}_t dérivable, \mathbf{h}_t dérivable, \mathbf{Q}_t , \mathbf{R}_t , \mathbf{z}_t , $\mathbf{x}_{t-1|t-1}$ et $\mathbf{P}_{t-1|t-1}$

SORTIES : $\mathbf{x}_{t|t}$ et $\mathbf{P}_{t|t}$

/* Prediction : */

$$\hat{\mathbf{F}}_t = \left. \frac{df_t(\mathbf{x})}{d\mathbf{x}} \right|_{\mathbf{x}=\mathbf{x}_{t-1|t-1}}$$

$$\hat{\mathbf{H}}_t = \left. \frac{dh_t(\mathbf{x})}{d\mathbf{x}} \right|_{\mathbf{x}=\mathbf{x}_{t-1|t-1}}$$

$$\mathbf{x}_{t|t-1} = f_t(\mathbf{x}_{t-1|t-1})$$

$$\mathbf{P}_{t|t-1} = \hat{\mathbf{F}}_t \mathbf{P}_{t-1|t-1} \hat{\mathbf{F}}_t^T + \mathbf{Q}_t$$

/* Mise à jour : */

$\mathbf{z}_t = \text{mesure}()$

$$\mathbf{S}_t = \hat{\mathbf{H}}_t \mathbf{P}_{t|t-1} \hat{\mathbf{H}}_t^T + \mathbf{R}_t$$

$$\mathbf{K}_t = \mathbf{P}_{t|t-1} \hat{\mathbf{H}}_t^T \mathbf{S}_t^{-1}$$

$$\mathbf{x}_{t|t} = \mathbf{x}_{t|t-1} + \mathbf{K}_t (\mathbf{z}_t - h_t(\mathbf{x}_{t|t-1}))$$

$$\mathbf{P}_{t|t} = \mathbf{P}_{t|t-1} - \mathbf{K}_t \hat{\mathbf{H}}_t \mathbf{P}_{t|t-1}$$

Exemple

Un processus markovien \mathbf{x}_t est généré selon le système décrit par :

$$\mathbf{x}_t = f(\mathbf{x}_{t-1}) + \nu_{t-1} \quad (4.47)$$

$$\mathbf{z}_t = \mathbf{H}\mathbf{x}_t + \mu_t \quad (4.48)$$

où le vecteur d'état \mathbf{x}_t est toujours composé de :

$$\mathbf{x}_t = \begin{bmatrix} x_t \\ \dot{x}_t \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \text{position} \\ \text{vitesse} \end{bmatrix} \quad (4.49)$$

et les paramètres du système sont les suivants :

$$f(\mathbf{x}_{t-1}) = \begin{bmatrix} x_{t-1} + \dot{x}_{t-1} \\ \frac{\dot{x}_{t-1}}{1+x_{t-1}^2} \end{bmatrix} \quad (4.50)$$

$$\mathbf{H} = \begin{bmatrix} 1 & 0 \end{bmatrix} \quad \mathbf{Q} = \begin{bmatrix} 0.0002 & 0 \\ 0 & 0.0004 \end{bmatrix} \quad \mathbf{R} = \begin{bmatrix} 20 \end{bmatrix} \quad (4.51)$$

initialisé par

$$\mathbf{x}_{0|0} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0.5 \end{bmatrix} \text{ et } \mathbf{P}_{0|0} = \begin{bmatrix} 0.1 & 0 \\ 0 & 0.1 \end{bmatrix} \quad (4.52)$$

dans ce cas également la mesure de l'évolution non linéaire est fortement perturbée. Un filtre de Kalman étendu doté des paramètres utilisés pour la génération des données est appliqué au signal mesuré z . La jacobienne de f vaut :

$$J_f(\mathbf{x}) = \begin{bmatrix} 1 & 1 \\ 0 & \frac{1-\dot{x}}{(1+\dot{x}^2)^2} \end{bmatrix} \quad (4.53)$$

La figure 4.5 montre que l'estimation obtenue est proche des valeurs réelles.

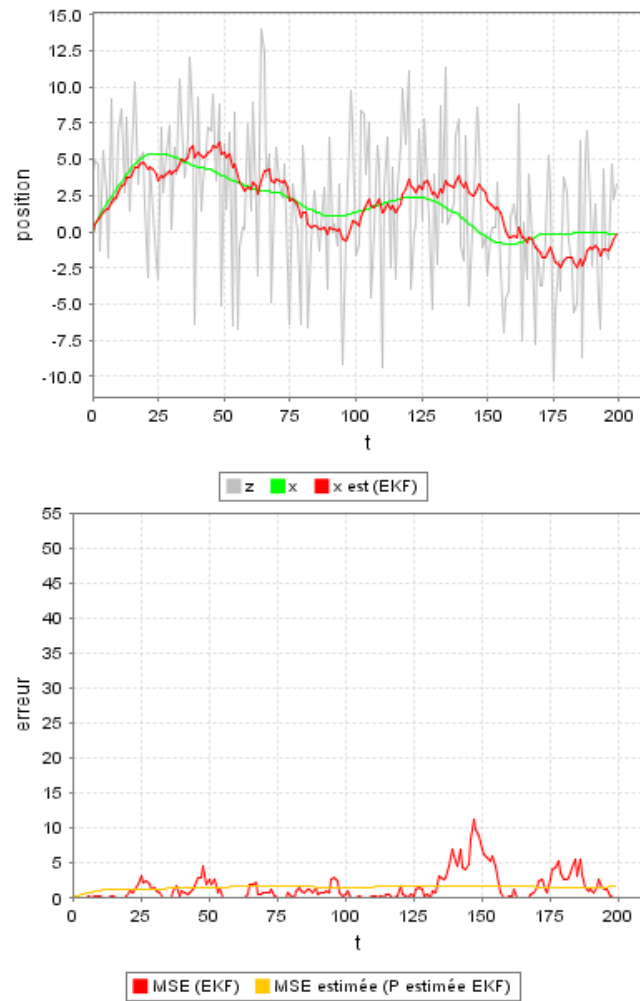


FIG. 4.5: Estimation d'un signal x non linéaire par filtrage de Kalman étendu depuis des mesures z . Le signal, pourtant très bruité, est correctement estimé.

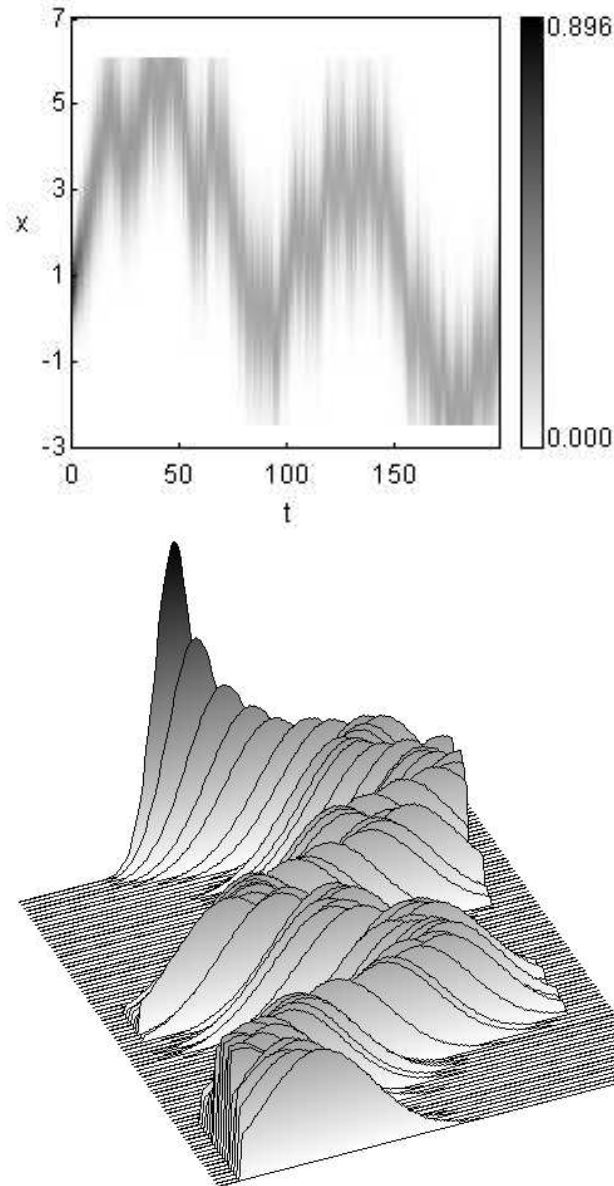


FIG. 4.6: Propagation reconstituée de $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)$ pour l'exemple Fig. 4.5 à partir des paramètres de l'EKF. Comme l'estimation est de bonne qualité, on peut supposer que la propagation ainsi proposée par l'EKF est réaliste, notamment son caractère uni modal.

4.5 Le filtre à interaction de modèles multiples

Description

Le filtre IMM (pour *Interacting Multiple Models*) est un algorithme d'estimation d'un vecteur dont l'évolution est régie par un système de permutations de modèles représenté par des coefficients de Markov. L'IMM, développé originairement par Blom [Blom, 1984] est

rendu populaire grâce à [Blom and Bar-Shalom, 1988]. Il est modifié avec [Johnston and Krishnamurthy, 2001] et [Jilkov and Li, 2004]. Pour de récentes utilisations de l'IMM et dérivés se référer à [Bar-Shalom and Blair, 2000; Marques and Lemos, 2001; Tissainayagam and Suter, 2001a; 2001b; Simeonova and Semerdjiev, 2002; Nascimento and Marques, 2002].

Le système prend à présent la forme suivante :

$$\mathbf{x}_t = \mathbf{F}_t^j \mathbf{x}_{t-1} + \mathbf{v}_t^j \quad (4.54)$$

$$\mathbf{z}_t = \mathbf{H}_t^j \mathbf{x}_t + \mathbf{w}_t^j \quad (4.55)$$

\mathbf{F}_t^j est la matrice de transition de l'état du système pendant l'événement noté :

$$M_t^j = \{ \text{le modèle } j \text{ est actif au temps } t \} \quad (4.56)$$

\mathbf{H}_t^j est la matrice d'observation pour M_t^j . Les vecteurs \mathbf{v}_t^j et \mathbf{w}_t^j représentent les bruits du système et de l'observation. Ils sont supposés gaussiens, blancs, mutuellement indépendants, de moyenne nulle et de matrice de covariance \mathbf{Q}_t^j et \mathbf{R}_t^j respectivement. $i, j \in \{1, \dots, r\}$ sont les indices des r modèles.

Les permutations entre modèles sont régies par une chaîne de Markov à état fini suivant les probabilités

$$p_{ij} = Pr\{M_t^j | M_{t-1}^i\} \quad (4.57)$$

de passer de M_{t-1}^i à M_t^j . Les r^2 probabilités p_{ij} sont supposés connus. Si on ne possède pas de connaissance *a priori* sur celles-ci, elles peuvent être fixées au départ à la même valeur $\frac{1}{r}$. L'approche optimale pour filtrer l'état du système serait de considérer toutes les séquences d'événements possibles, cependant ceci impliquerait une augmentation exponentielle du nombre de filtres. Pour des raisons de faisabilité, l'estimateur IMM [Blom and Bar-Shalom, 1988; Bar-Shalom and Blair, 2000] utilise une approximation qui considère les deux plus récentes périodes uniquement.

L'estimateur IMM est un processus récursif qui se décompose en plusieurs étapes à chaque itération, l'objectif étant d'obtenir une estimation de l'état

$$\mathbf{x}_{t|t} = \mathbb{E}(\mathbf{x}_t | Z_{1:t}) \quad (4.58)$$

et de la covariance

$$\mathbf{P}_{t|t} = \mathbb{E}(\tilde{\mathbf{x}}_t \tilde{\mathbf{x}}_t^T | Z_{1:t}) \quad (4.59)$$

où $\tilde{\mathbf{x}}_t = \mathbf{x}_t - \mathbf{x}_{t|t}$. Les étapes constituant une itération sont décrites ci-dessous.

Tout d'abord, pour chaque entrée de filtre, les estimations de l'état et de la covariance sont calculées avec

$$\mathbf{x}_{t-1|t-1}^{0j} = \sum_{i=1}^r \mu_{t-1|t-1}^{i|j} \mathbf{x}_{t-1|t-1}^i \quad (4.60)$$

$$\mathbf{P}_{t-1|t-1}^{0j} = \sum_{i=1}^r \mu_{t-1|t-1}^{i|j} \left\{ \mathbf{P}_{t-1|t-1}^i + \left[\mathbf{x}_{t-1|t-1}^i - \mathbf{x}_{t-1|t-1}^{0j} \right] \left[\mathbf{x}_{t-1|t-1}^i - \mathbf{x}_{t-1|t-1}^{0j} \right]^T \right\} \quad (4.61)$$

Algorithme 4 Filtre à interaction de modèles multiples

ENTREES : r filtres de Kalman ($\mathbf{F}_t^j, \mathbf{H}_t^j, \mathbf{Q}_t^j, \mathbf{R}_t^j, \mathbf{x}_{t-1|t-1}^j, \mathbf{P}_{t-1|t-1}^j$), p_{ij} , $\mu_{t-1|t-1}^i$ et \mathbf{z}_t

SORTIES : $\mathbf{x}_{t|t}$ et $\mathbf{P}_{t|t}$

/* 1 - Interaction : */

POUR $j=1 \rightarrow r$ FAIRE

POUR $i=1 \rightarrow r$ FAIRE

$$\mu_{t|t-1}^j += p_{ij} \mu_{t-1|t-1}^i$$

FIN POUR

FIN POUR

POUR $j=1 \rightarrow r$ FAIRE

POUR $i=1 \rightarrow r$ FAIRE

$$\mu_{t-1|t-1}^{i|j} = \frac{p_{ij} \mu_{t-1|t-1}^i}{\mu_{t-1|t-1}^j}$$

FIN POUR

FIN POUR

POUR $j=1 \rightarrow r$ FAIRE

POUR $i=1 \rightarrow r$ FAIRE

$$\mathbf{x}_{t-1|t-1}^{0j} += \mu_{t-1|t-1}^{i|j} \mathbf{x}_{t-1|t-1}^i$$

$$\mathbf{P}_{t-1|t-1}^{0j} += \mu_{t-1|t-1}^{i|j} \left\{ \mathbf{P}_{t-1|t-1}^i + \left[\mathbf{x}_{t-1|t-1}^i \mathbf{x}_{t-1|t-1}^{0j} \right] \left[\mathbf{x}_{t-1|t-1}^i - \mathbf{x}_{t-1|t-1}^{0j} \right]^T \right\}$$

FIN POUR

FIN POUR

/* 2 - Prédiction de chaque filtre (parallélisable) : */

POUR $j=1 \rightarrow r$ FAIRE

$\mathbf{x}_{t|t-1}^j, \mathbf{P}_{t|t-1}^j \leftarrow$ prédiction Kalman modèle j

FIN POUR

/* 3 - Mise à jour de chaque filtre (parallélisable) : */

$\mathbf{z}_t =$ mesure()

POUR $j=1 \rightarrow r$ FAIRE

$\mathbf{S}_t^j, \mathbf{K}_t^j, \mathbf{x}_{t|t}^j, \mathbf{P}_{t|t}^j \leftarrow$ mise à jour Kalman modèle j

FIN POUR

/* 4 - Mise à jour des probabilités de changement de modèle : */

POUR $j=1 \rightarrow r$ FAIRE

$$\Lambda_t^j = \frac{1}{\sqrt{\det[2\pi\mathbf{S}_t^j]}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} [\tilde{\mathbf{z}}_t^j]^T [\mathbf{S}_t^j]^{-1} \tilde{\mathbf{z}}_t^j \right\}$$

$$\mu_{t|t}^j = \frac{\mu_{t|t-1}^j \Lambda_t^j}{\sum_{i=1}^r \mu_{t|t-1}^i \Lambda_t^i}$$

FIN POUR

/* 5 - Estimation : */

POUR $j=1 \rightarrow r$ FAIRE

$$\mathbf{x}_{t|t} += \mu_{t|t}^j \mathbf{x}_{t|t}^j$$

$$\mathbf{P}_{t|t} += \mu_{t|t}^j \left\{ \mathbf{P}_{t|t}^j + \left[\mathbf{x}_{t|t}^j - \mathbf{x}_{t|t} \right] \left[\mathbf{x}_{t|t}^j - \mathbf{x}_{t|t} \right]^T \right\}$$

FIN POUR

où la probabilité conditionnelle de chaque modèle est donnée par

$$\begin{aligned}\mu_{t-1|t-1}^{ij} &= Pr\{M_t^j|M_{t-1}^i, Z_{t-1}\} \\ &= \frac{p_{ij}\mu_{t-1|t-1}^i}{\mu_{t|t-1}^j}\end{aligned}\quad (4.62)$$

et la prédiction de la probabilité de chaque modèle est donnée par

$$\mu_{t|t-1}^j = Pr\{M^i(t)|Z_{t-1}\} \quad (4.63)$$

$$= \sum_{i=1}^r p_{ij}\mu_{t-1|t-1}^i \quad (4.64)$$

Ensuite, pour chaque filtre, la mise à jour des estimations de l'état $\mathbf{x}_{t|t}^j$ et de la covariance $\mathbf{P}_{t|t}^j$ est donnée par les équations du filtre de Kalman qui produisent une estimation optimale et peuvent être calculées parallèlement pour chaque modèle puisqu'ils sont totalement indépendants. On a donc :

$$\mathbf{x}_{t|t-1}^j = \mathbf{F}_t^j \mathbf{x}_{t-1|t-1}^{0j} \quad (4.65)$$

$$\mathbf{P}_{t|t-1}^j = \mathbf{F}_t^j \mathbf{P}_{t-1|t-1}^{0j} [\mathbf{F}_t^j]^T + \mathbf{Q}_t^j \quad (4.66)$$

$$\mathbf{x}_{t|t}^j = \mathbf{x}_{t|t-1}^j + \mathbf{K}_t^j (\mathbf{z}_t - \mathbf{H}_t^j \mathbf{x}_{t|t-1}^j) \quad (4.67)$$

$$\mathbf{P}_{t|t}^j = \mathbf{P}_{t|t-1}^j - \mathbf{K}_t^j \mathbf{H}_t^j \mathbf{P}_{t|t-1}^j \quad (4.68)$$

où

$$\mathbf{S}_t^j = \mathbf{H}_t^j \mathbf{P}_{t|t-1}^j [\mathbf{H}_t^j]^T + \mathbf{R}_t^j \quad (4.69)$$

$$\mathbf{K}_t^j = \mathbf{P}_{t|t-1}^j [\mathbf{H}_t^j]^T [\mathbf{S}_t^j]^{-1} \quad (4.70)$$

Enfin, comme $\{\mathbf{z}_t|M_t^j, Z_{t-1}\}$ est supposé gaussien de dimension $\dim(\mathbf{z}_t)$, la vraisemblance de chaque filtre correspondant à M_t^j est donnée par :

$$\Lambda_t^j = \frac{1}{\sqrt{\det [2\pi \mathbf{S}_t^j]}} \exp \left\{ \frac{-1}{2} [\tilde{\mathbf{z}}_t^j]^T [\mathbf{S}_t^j]^{-1} \tilde{\mathbf{z}}_t^j \right\} \quad (4.71)$$

La probabilité de M_t^j est alors

$$\mu_{t|t}^j = Pr\{M_t^j|Z_t\} \quad (4.72)$$

$$= \frac{\mu_{t|t-1}^j \Lambda_t^j}{\sum_{i=1}^r \mu_{t|t-1}^i \Lambda_t^i} \quad (4.73)$$

et les estimations combinées de l'état et de la covariance sont :

$$\mathbf{x}_{t|t} = \sum_{j=1}^r \mu_{t|t}^j \mathbf{x}_{t|t}^j \quad (4.74)$$

$$(4.75)$$

et

$$\mathbf{P}_{t|t} = \sum_{j=1}^r \mu_{t|t}^j \left\{ \mathbf{P}_{t|t}^j + \left[\mathbf{x}_{t|t}^j - \mathbf{x}_{t|t} \right] \left[\mathbf{x}_{t|t}^j - \mathbf{x}_{t|t} \right]^T \right\}. \quad (4.76)$$

Exemple

Un processus markovien \mathbf{x}_t est généré en passant alternativement de l'un à l'autre des systèmes décrits par (4.9) avec les paramètres suivants :

Pour le système 1 :

$$\mathbf{F}^1 = \begin{bmatrix} 1 & 1 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \mathbf{H}^1 = [1 \quad 0] \mathbf{Q}^1 = \begin{bmatrix} 0.0002 & 0 \\ 0 & 0.0004 \end{bmatrix} \mathbf{R}^1 = [5] \quad (4.77)$$

Pour le système 2 :

$$\mathbf{F}^2 = \begin{bmatrix} 1 & -1 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \mathbf{H}^2 = [1 \quad 0] \mathbf{Q}^2 = \begin{bmatrix} 0.0002 & 0 \\ 0 & 0.0004 \end{bmatrix} \mathbf{R}^2 = [5] \quad (4.78)$$

La séquence est initialisée par :

$$\mathbf{x}_{0|0} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0.5 \end{bmatrix} \text{ et } \mathbf{P}_{0|0} = \begin{bmatrix} 0.1 & 0 \\ 0 & 0.1 \end{bmatrix} \quad (4.79)$$

Ici aussi (*cf* le Filtre de Kalman) le vecteur d'état est décrit par

$$\mathbf{x}_t = \begin{bmatrix} x_t \\ \dot{x}_t \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \text{position} \\ \text{vitesse} \end{bmatrix} \quad (4.80)$$

Ces deux systèmes forment un signal relativement stable dont la mesure est raisonnablement perturbée. En effet, la mesure n'est perturbée que par un bruit gaussien additif de variance 5, c'est à dire moins élevé que lors du test concernant le filtre de Kalman. Ceci afin de rendre compte de la capacité de saut de l'IMM de l'un de ses modèles à l'autre. Les 200 itérations comportent donc un premier tiers de signal réalisé avec le modèle 1, un deuxième tiers avec le modèle 2 puis, à nouveau, un dernier tiers avec le modèle 1. Les résultats sont visibles sur la figure 4.7. On observe que le filtre de Kalman est plus efficace sur le premier tiers qui correspond au modèle qu'il utilise. En revanche, il s'adapte très mal aux changements brusques de dynamique, modélisés par le passage au modèle 2. On voit que l'estimation du filtre de Kalman met un certain temps à rejoindre la véritable valeur à chaque changement de modèle. Parallèlement, l'IMM estime correctement le signal lors de ces changements brusques. On constate également cet effet sur les courbes d'erreur. Enfin, observons que la densité obtenue par l'IMM (Fig. 4.8) est une densité r -modale avec r le nombre de modèles.

La capacité de l'IMM à s'adapter rapidement aux changements de transition va nous permettre de modéliser les attitudes successives des objets biologiques au cours du temps. L'IMM se révèle le filtre le mieux adapté à notre problématique.

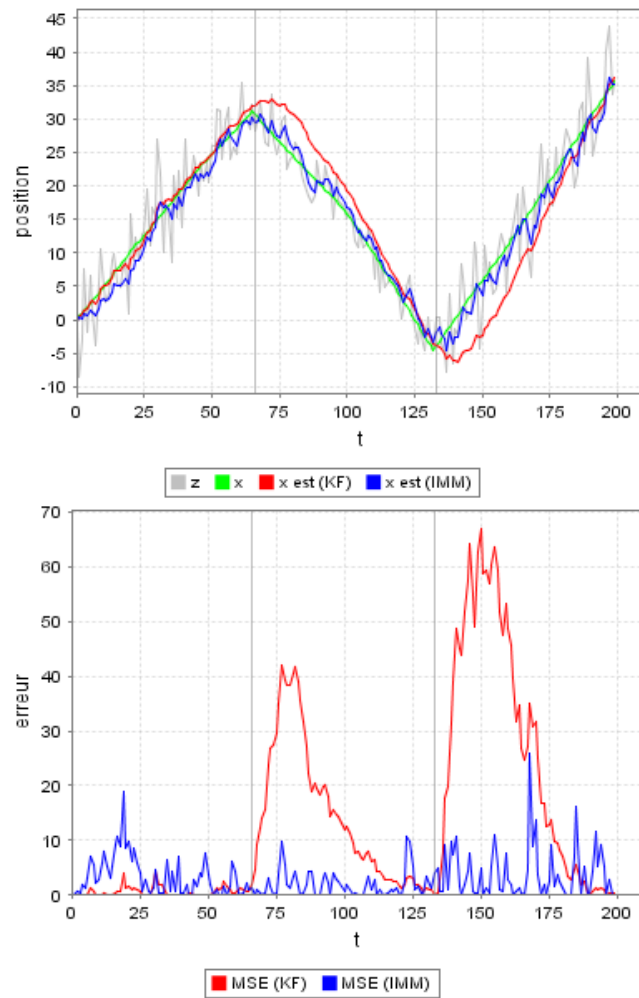


FIG. 4.7: Estimation d'un signal x passant d'un système à l'autre par filtrage de Kalman et filtrage IMM depuis des mesures z . On voit sur ces figures que le filtre de Kalman figé sur un des deux modèles ne s'adapte pas rapidement au changement brutal de transition. L'IMM passe d'un modèle à l'autre très rapidement sans problème.

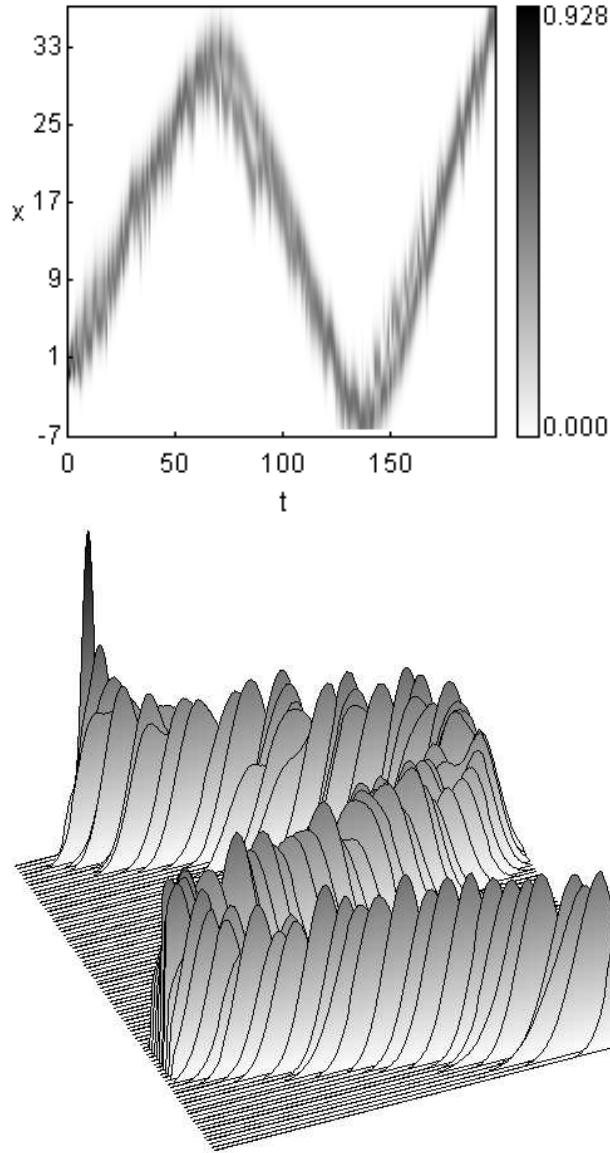


FIG. 4.8: Propagation reconstituée de $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)$ pour l'exemple Fig. 4.7 à partir des paramètres de l'IMM. On note ici la bi-modalité aux moments critiques des changements de transition.

4.6 Le filtre approché basé sur une grille

Description

Si l'espace d'état est continu mais peut être décomposé en N_s cellules $\{\mathbf{x}_t^i, i = 1, \dots, N_s\}$ alors on peut approximer $p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t})$ par :

$$p(\mathbf{x}_t | Z_{1:t}) \approx \sum_{i=1}^N w_t^i \delta(\mathbf{x}_t - \mathbf{x}_t^i) \quad (4.81)$$

et donc appliquer le filtre basé sur une grille décrit en 4.3.

Exemple

Si on sait que le signal que l'on cherche à estimer est borné, on peut établir une grille sur le domaine considéré et supposer que \mathbf{x}_t ne prend pour valeur que les états discrets ainsi définis.

Un processus markovien $\mathbf{x}_t = [x_t]$ est généré selon le système suivant :

$$\mathbf{x}_t = f_t(\mathbf{x}_{t-1}) + \nu_t \quad (4.82)$$

$$\mathbf{z}_t = h_t(\mathbf{x}_t) + \mu_t \quad (4.83)$$

avec pour transition

$$f_t(\mathbf{x}_{t-1}) = \frac{\mathbf{x}_{t-1}}{2} + \frac{25\mathbf{x}_{t-1}}{1 + \mathbf{x}_{t-1}^2} + 8 \cos 1.2t \quad (4.84)$$

hautement non linéaire (utilisée pour décrire des phénomènes physiques et dans des simulations précédentes [Carlin *et al.*, 1992; Gordon *et al.*, 1993; Kitagawa, 1996; Arulampalam *et al.*, 2002]) et pour observation :

$$h_t(\mathbf{x}_t) = \frac{\mathbf{x}_t^2}{20} \quad (4.85)$$

Les bruits sont fixés à $\mathbf{Q} = [10]$ et $\mathbf{R} = [1]$ et la mesure vaut simplement $\mathbf{z}_t = [z_t]$. Les figures 4.9 et 4.10 montrent qu'un filtre de Kalman étendu n'est pas adapté à ce type de transition. En revanche, avec une grille de 20 cellules de -30 à 30 on obtient le résultat donné par les figures 4.11 et 4.12. Si l'on passe à une définition de grille de 200 cellules, on obtient le résultat donné par les figures 4.13 et 4.14. Notons que si ce résultat est sans doute le meilleur que l'on obtiendra parmi les filtres bayésiens décrits dans ce chapitre pour ce type de transition, il a deux inconvénients majeurs : le calcul est très lourd donc prohibitif pour l'utilisation que l'on veut en faire (surtout en dimension plus élevée) et le domaine doit être borné (ici le signal oscille autour de 0 toujours contenu entre -30 et +30).

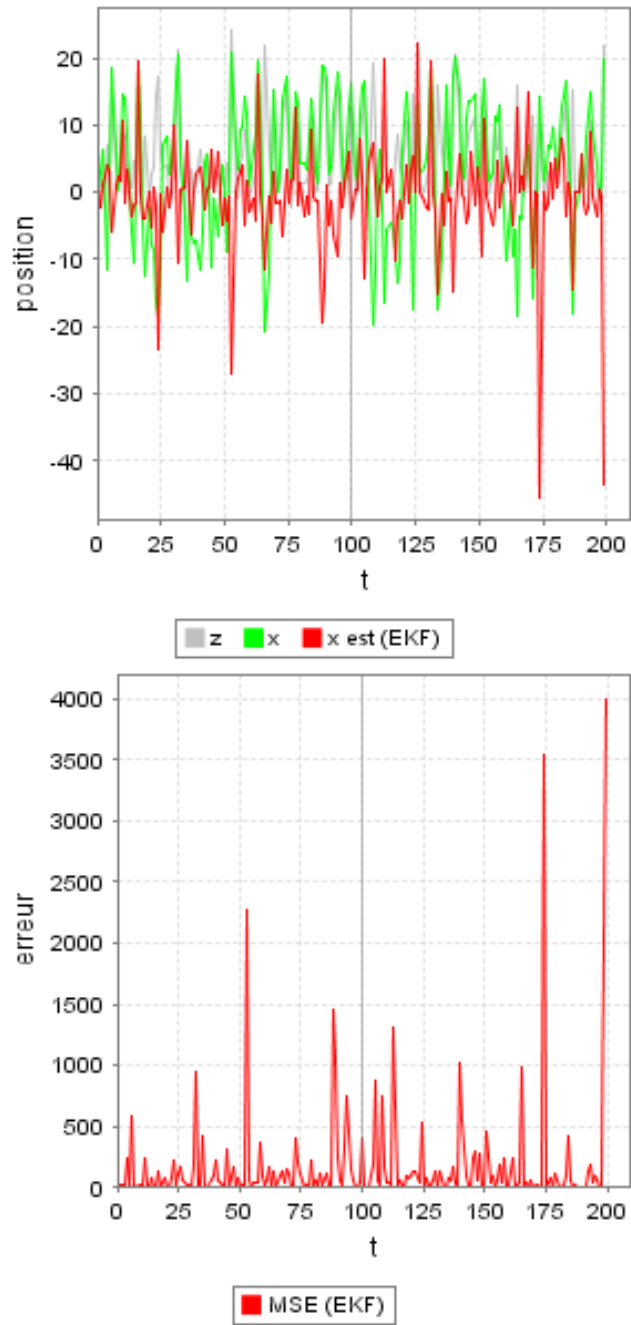


FIG. 4.9: Estimation d'un signal x non linéaire non gaussien par filtrage de Kalman étendu à partir de mesure z . L'estimation par un filtre de Kalman étendu se révèle très inefficace comme le montre l'évolution du MSE.

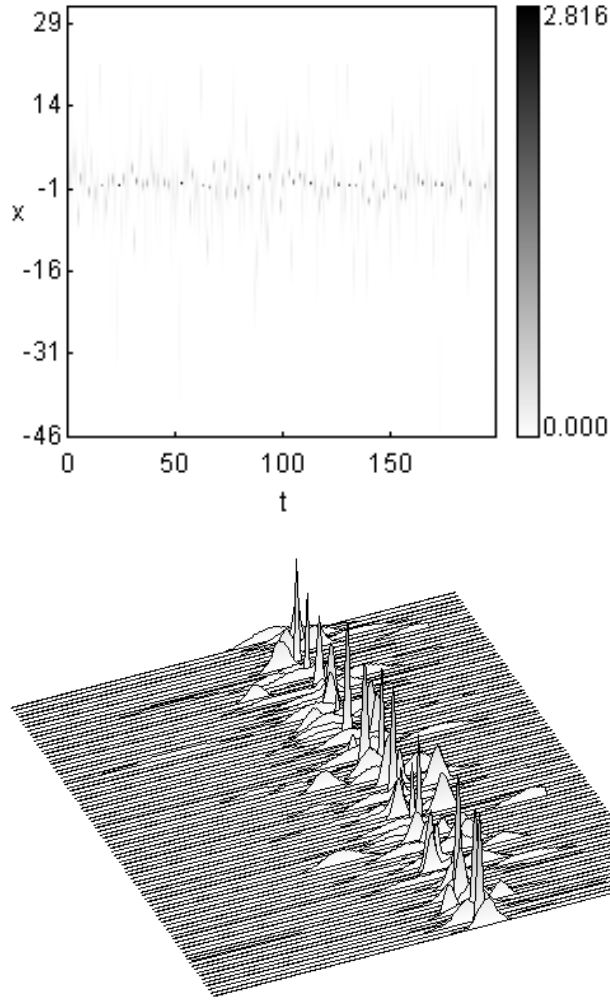


FIG. 4.10: Propagation de $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)$ pour l'exemple Fig. 4.9. La multi modalité de la densité *a posteriori* rend inefficace son estimation par un filtre de Kalman étendu qui tente de l'approximer par une gaussienne

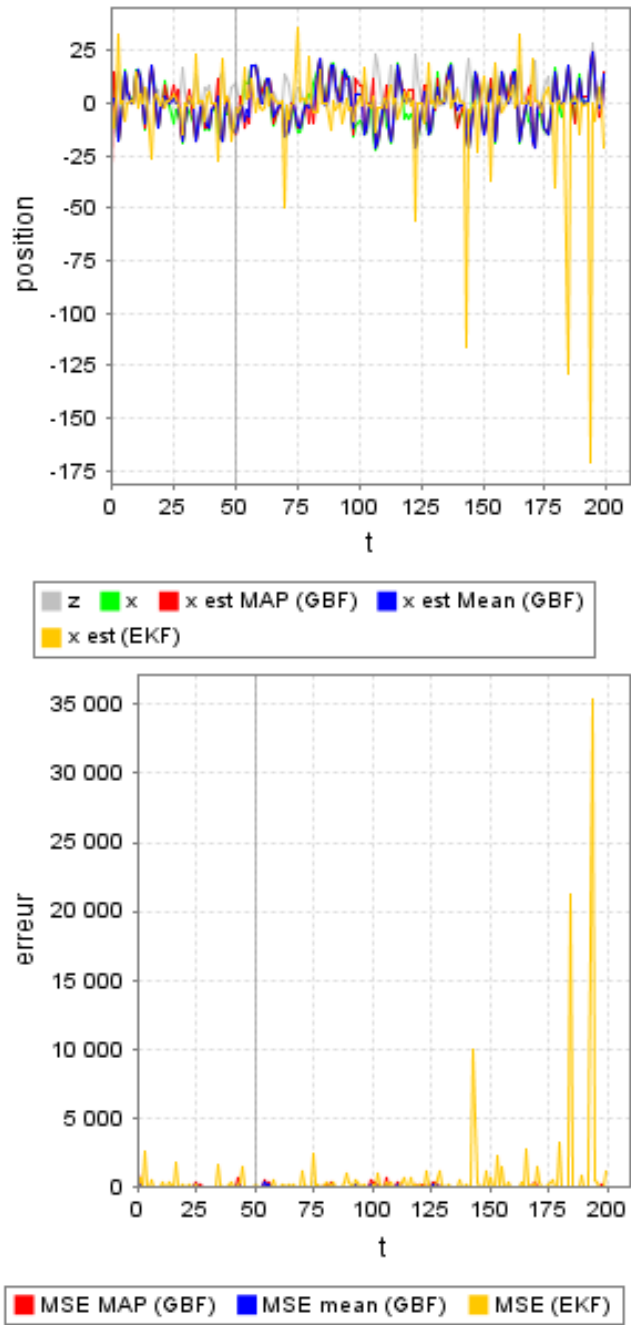


FIG. 4.11: Estimation d'un signal x non linéaire par filtrage approximé basé sur une grille de 20 cellules depuis des mesures z . L'erreur montre que le filtre approximé basé sur une grille est plus efficace que le filtre de Kalman étendu qui n'est pas adapté à ce type de transition.

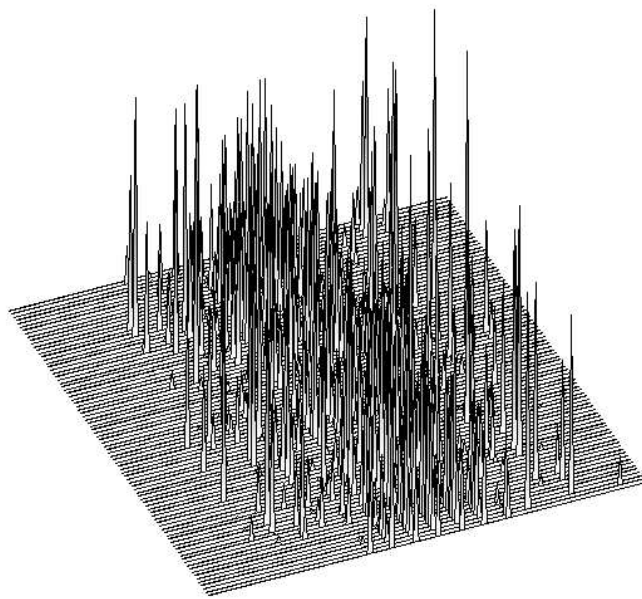
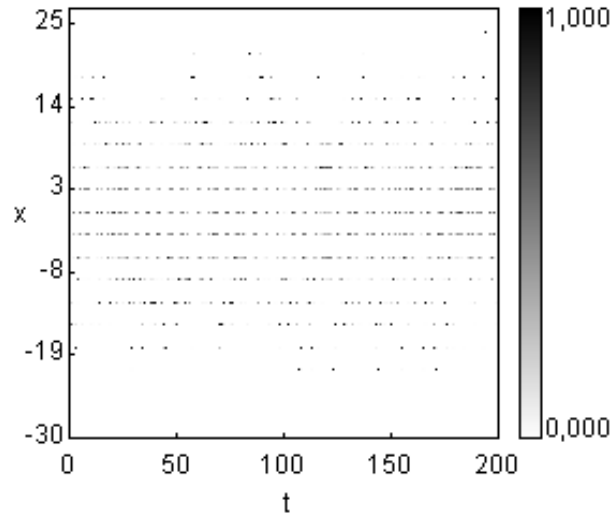


FIG. 4.12: Propagation de $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)$ pour l'exemple Fig. 4.11. La faible définition ne permet pas d'obtenir une densité très précise.

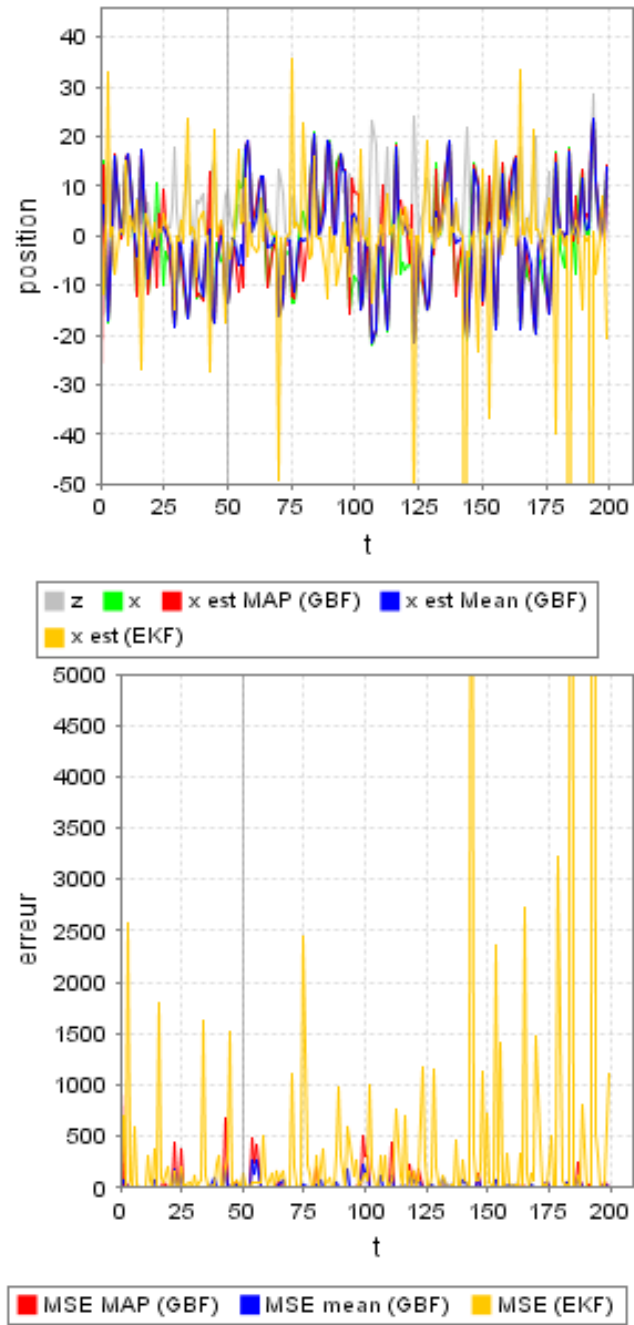


FIG. 4.13: Estimation d'un signal x non linéaire par filtrage approximé basé sur une grille de 200 cellules depuis des mesures z .

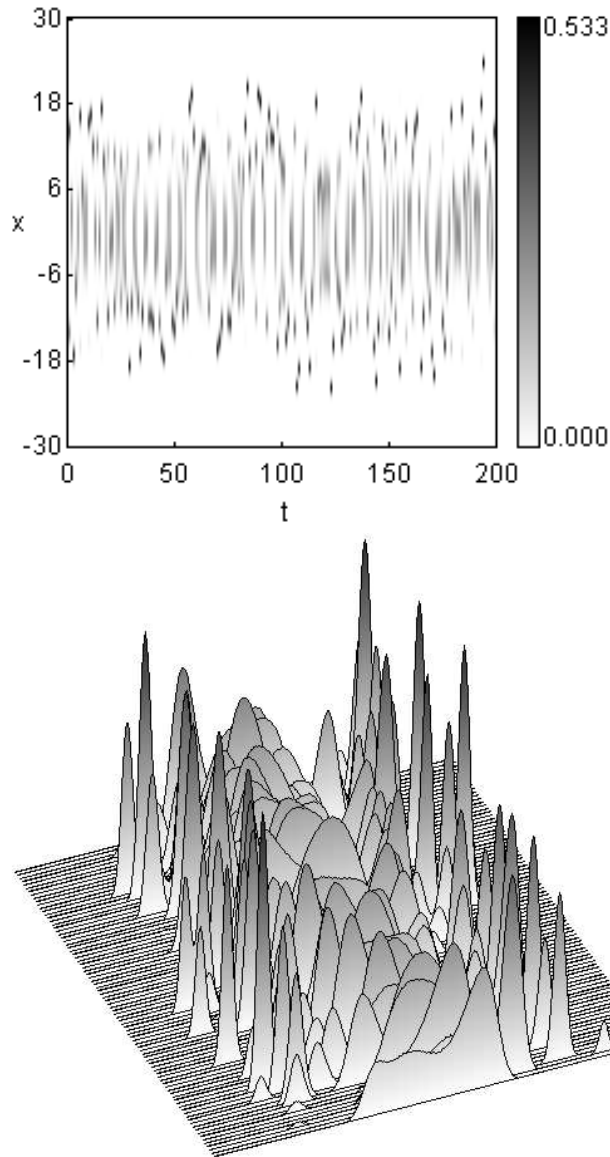


FIG. 4.14: Propagation de $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)$ pour l'exemple Fig. 4.13. On voit ici que la densité a posteriori se dessine très clairement. Elle est non gaussienne et multimodale. De plus la forte non linéarité de la transition produit une densité alternativement uni modale et multimodale.

4.7 Le filtre à particules

Description

Le filtre particulaire, appelé aussi algorithme de condensation ou encore filtre bootstrap, produit une solution sous optimale par tirage stochastique. Il est apparu en 1996 dans [Isard and Blake, 1996] puis dans [Isard and Blake, 1998]. Pour une introduction rapide on pourra

se référer au très didactique [Arulampalam *et al.*, 2002]. Pour un développement plus approfondi voir [Doucet, 1998]. Pour des applications multi objets voir [Tao and Kumar, 2000; Hue *et al.*, 2002], voir également [Orton and Fitzgerald, 2002; Li *et al.*, 2003; Bruno, 2004; Jacquet and Szpankowski, 2002]. [Larocque *et al.*, 2002] s'intéressent au problème du nombre inconnu d'objets, [Wang, 2002] à l'incertitude dans les paramètres de modélisation, [Arnaud and Mémin, 2004] propose une fonction de proposition sous la forme d'une combinaison de gaussiennes. Enfin, [Kotecha and Djurić, 2003b] proposent un filtre à particules gaussien permettant d'estimer l'évolution non linéaire d'une densité gaussienne. Dans un second article du même numéro [Kotecha and Djurić, 2003a], ils étendent ce filtre à une somme de gaussiennes.

L'idée générale est d'approximer la densité recherchée par un ensemble de particules $\mathbf{x}_t^i, i = 1, \dots, N$ et leurs poids associés w_t^i . Ces poids sont obtenus à chaque temps t selon le principe « d'échantillonnage pondéré » ou « échantillonnage préférentiel » (IS pour *Importance Sampling* voir B.4). L'algorithme de base des filtres à particules repose donc sur cette séquence d'échantillonnage préférentiel (SIS pour *Sequential Importance Sampling*). L'obtention récursive des poids par SIS est détaillée dans l'annexe B.5 page 149. Si l'on dispose à l'étape t d'un nuage de points $\{\mathbf{x}_t^i, w_t^i\}_{i=0}^N$, la densité de probabilité *a posteriori* peut être approximée par

$$p(\mathbf{x}_t | Z_{1:t}) \approx \sum_{i=1}^N w_t^i \delta(\mathbf{x}_t - \mathbf{x}_t^i) \quad (4.86)$$

où le poids normalisé de la i ème particule w_t^i peut être obtenu récursivement avec (B.5 page 149) :

$$w_t^i \propto w_{t-1}^i \frac{p(\mathbf{z}_t | \mathbf{x}_t^i) p(\mathbf{x}_t^i | \mathbf{x}_{t-1}^i)}{q(\mathbf{x}_t^i | \mathbf{x}_{t-1}^i, \mathbf{z}_t)} \quad (4.87)$$

$q(\cdot)$ est la fonction de proposition selon laquelle on peut générer des échantillons x^i . Ce nuage de points $\{\mathbf{x}_t^i, w_t^i\}_{i=0}^N$ peut donc nous servir à calculer n'importe quel estimateur puisque :

$$\widehat{\mathbb{E}}_p[f(\mathbf{x}_t)] = \sum_{i=1}^N w_t^i f(\mathbf{x}_t^i) \quad (4.88)$$

L'algorithme SIS (Alg. 5) n'est pas utilisé en pratique car il entraîne une dégénérescence des particules qui n'ont aucune raison de se concentrer sur les régions de densité élevées. Une quantité élevée de particules peut remédier temporairement à ce problème mais à moyen terme une étape de rééchantillonnage est nécessaire. L'algorithme SIR (Sequential Importance Re-sampling : Alg. 7) propose un tel rééchantillonnage. Lorsqu'une partie significative des particules est jugée inefficace (*i.e.* a un très faible poids), une étape de rééchantillonnage est effectuée. Ce rééchantillonnage supprime chaque particule inefficace et la remplace par le dédoublement d'une particule efficace.

A chaque itération, après le calcul des poids normalisés, une estimation du nombre de particules efficaces est obtenue avec :

$$n_{\text{eff}} \approx = \frac{1}{\sum_{i=1}^N (w_t^i)^2} \quad (4.89)$$

Algorithme 5 Filtre à particules SIS

ENTREES : $\{\mathbf{x}_{t-1}^i, w_{t-1}^i\}_{i=1}^N, p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t), p(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1}), x^i \sim q(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1}^i, \mathbf{z}_t)$ et \mathbf{z}_t

SORTIES : $\{\mathbf{x}_t^i, w_t^i\}_{i=1}^N$

/* 1 - Initialisation : */

$\mathbf{z}_0 = \text{mesure}()$

POUR $i=1 \rightarrow N$ FAIRE

$x_0^i \sim q(\mathbf{x}_0|\mathbf{z}_0)$

$w_0^i = \frac{1}{N}$

FIN POUR

/* 2 - Générer les particules, calculer les poids non normalisés et le poids total (parallélisable) : */

$\mathbf{z}_t = \text{mesure}()$

POUR $i=1 \rightarrow N$ FAIRE

$x_t^i \sim q(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1}^i, \mathbf{z}_t)$

$w_t^i = w_{t-1}^i \frac{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t^i)p(\mathbf{x}_t^i|\mathbf{x}_{t-1}^i)}{q(\mathbf{x}_t^i|\mathbf{x}_{t-1}^i, \mathbf{z}_t)}$

$w_t += w_t^i$

FIN POUR

/* 3 - Calculer les poids normalisés : */

POUR $i=1 \rightarrow N$ FAIRE

$w_t^i = \frac{w_t^i}{w_t}$

FIN POUR

/* Retourner au point 2 */

On peut alors décider d'effectuer une étape de rééchantillonnage lorsque n_{eff} est significativement inférieur au nombre total de particules. Par exemple lorsque $n_{\text{eff}} < \frac{N}{4}$. L'étape de rééchantillonnage est décrite dans (Alg. 6)

Algorithme 6 Ré-échantillonnage

ENTREES : $\{\mathbf{x}_t^i, w_t^i\}_{i=1}^N$

SORTIES : $\{\mathbf{x}'_t, w'_t\}_{i=1}^N$

```

/* Pour l'ensemble des particules a rééchantillonner, on fait un tirage
avec remise où la probabilité de tirer une particule est liée à son poids.
*/
POUR i=1→N FAIRE

    /* Echantillonner u selon la loi uniforme sur [0,1] : */
    u ~ U(0,1)

    /* Trouver le plus petit j tel que le poids cumulé soit inférieur à u :
    */
    w = 0
    j = 1
    TANT QUE w < u FAIRE
        w += w_t^j
        j += 1
    FIN TANT QUE

    /* Créer une nouvelle particule : */
    x_t^i = x_t^j
    w_t^i = 1/N
FIN POUR

```

Exemple

L'exemple du filtre de Kalman étendu est repris ici :

$$\mathbf{x}_t = \begin{bmatrix} x_t \\ \dot{x}_t \end{bmatrix}, f(\mathbf{x}_{t-1}) = \begin{bmatrix} x_{t-1} + \dot{x}_{t-1} \\ \frac{\dot{x}_{t-1}}{1+\dot{x}_{t-1}^2} \end{bmatrix}, \mathbf{z}_t = [z_t] \text{ et } \mathbf{H} = \begin{bmatrix} 1 & 0 \end{bmatrix} \quad (4.90)$$

On constate sur la figure 4.15 que le résultat de l'estimateur *moyenne* du filtre à particules est comparable à l'estimateur du filtre de Kalman étendu. Le filtre à particules n'est donc pas plus efficace sur une densité gaussienne qu'un filtre de Kalman étendu si la transition n'est pas fortement non linéaire.

L'exemple non linéaire non gaussien du filtre approximé basé sur une grille est également

Algorithme 7 Filtre à particules avec rééchantillonnage SIR

ENTREES : $\{\mathbf{x}_{t-1}^i, w_{t-1}^i\}_{i=1}^N$, $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)$, $p(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1})$, $x^i \sim q(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1}^i, \mathbf{z}_t)$ et \mathbf{z}_t **SORTIES :** $\{\mathbf{x}_t^i, w_t^i\}_{i=1}^N$

/* 1 - Initialisation : */

 $\mathbf{z}_0 = \text{mesure}()$ POUR $i=1 \rightarrow N$ FAIRE $x_0^i \sim q(\mathbf{x}_0|\mathbf{z}_0)$ $w_0^i = \frac{1}{N}$

FIN POUR

/* 2 - Générer les particules, calculer les poids non normalisés et le poids total (parallélisable) : */

 $\mathbf{z}_t = \text{mesure}()$ POUR $i=1 \rightarrow N$ FAIRE $x_t^i \sim q(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1}^i, \mathbf{z}_t)$ $w_t^i = w_{t-1}^i \frac{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t^i)p(\mathbf{x}_t^i|\mathbf{x}_{t-1}^i)}{q(\mathbf{x}_t^i|\mathbf{x}_{t-1}^i, \mathbf{z}_t)}$ $w_t += w_t^i$

FIN POUR

/* 3 - Calculer les poids normalisés : */

POUR $i=1 \rightarrow N$ FAIRE $w_t^i = \frac{w_t^i}{w_t}$

FIN POUR

/* 4 - Rééchantillonner si nécessaire : */

POUR $i=1 \rightarrow N$ FAIRE $w_{2t} += (w_t^i)^2$

FIN POUR

 $n_{\text{eff}} = \frac{1}{w_{2t}}$ SI $n_{\text{eff}} < \frac{N}{4}$ ALORS $\{\mathbf{x}_t^i, w_t^i\}_{i=1}^N = \text{Rééchantillonnage}(\{\mathbf{x}_t^i, w_t^i\}_{i=1}^N)$

FIN SI

/* Retourner au point 2 */

repris ici :

$$f_t(\mathbf{x}_{t-1}) = \frac{\mathbf{x}_{t-1}}{2} + \frac{25\mathbf{x}_{t-1}}{1 + \mathbf{x}_{t-1}^2} + 8 \cos 1.2t \quad (4.91)$$

$$h_t(\mathbf{x}_t) = \frac{\mathbf{x}_t^2}{20} \quad (4.92)$$

Le filtre à particules avec rééchantillonnage est à nouveau comparé au filtre de Kalman étendu. La figure 4.17 donne le résultat des estimateurs *maximum a posteriori* et *moyenne* avec 30 particules. Dans les deux cas, le filtre particulaire donne une meilleure estimation. Les figures 4.19 et 4.20 montrent le résultat du même filtre avec 4000 particules, la densité est affinée.

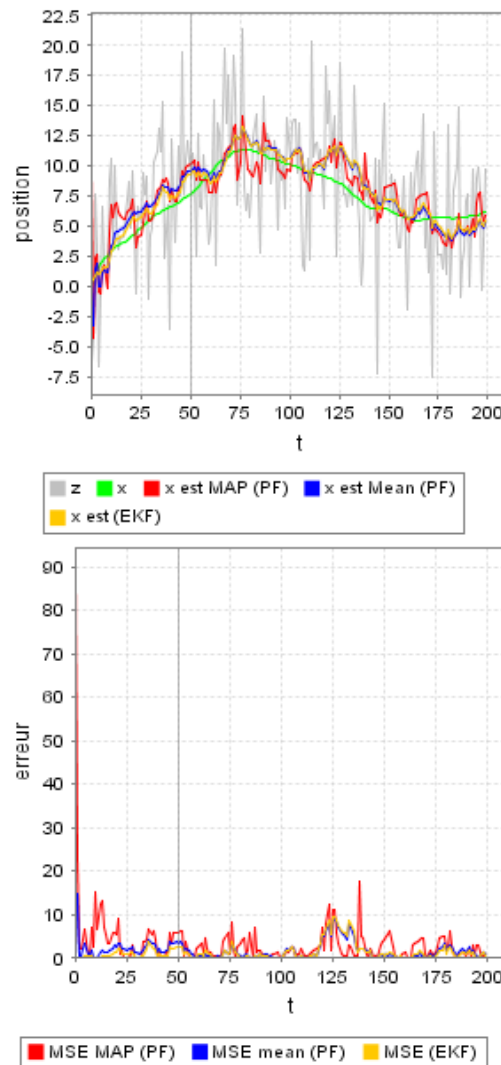


FIG. 4.15: Estimation d'un signal x par filtrage particulaire à partir de mesure z . L'estimateur Mean se révèle meilleur que l'estimateur MAP pour cet exemple. Par ailleurs, le Filtre de Kalman étendu obtient également un bon résultat

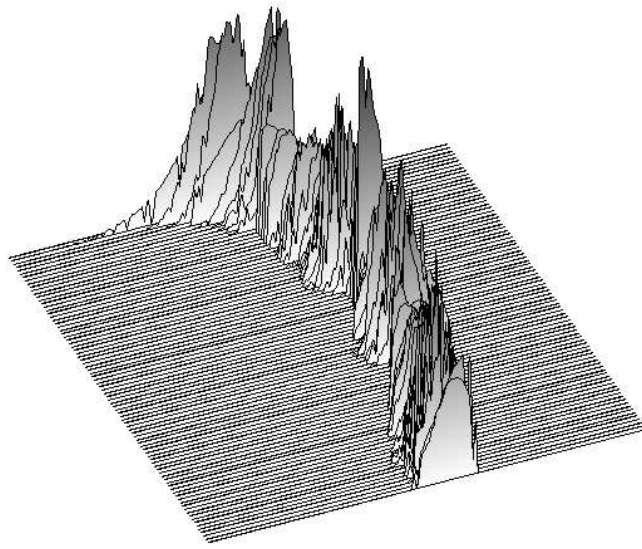
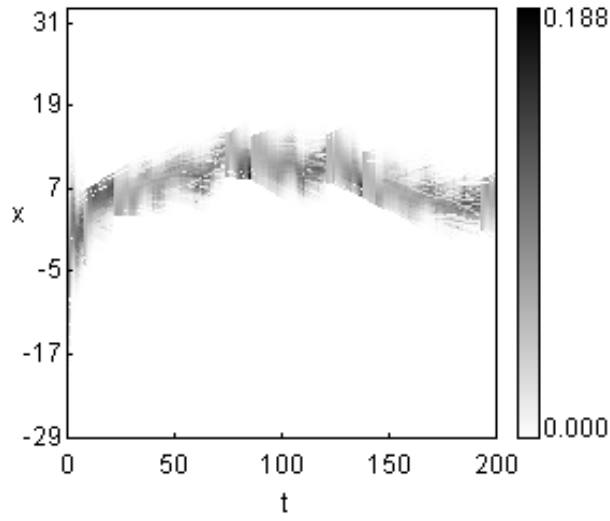


FIG. 4.16: Propagation de $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)$ pour l'exemple Fig. 4.15.

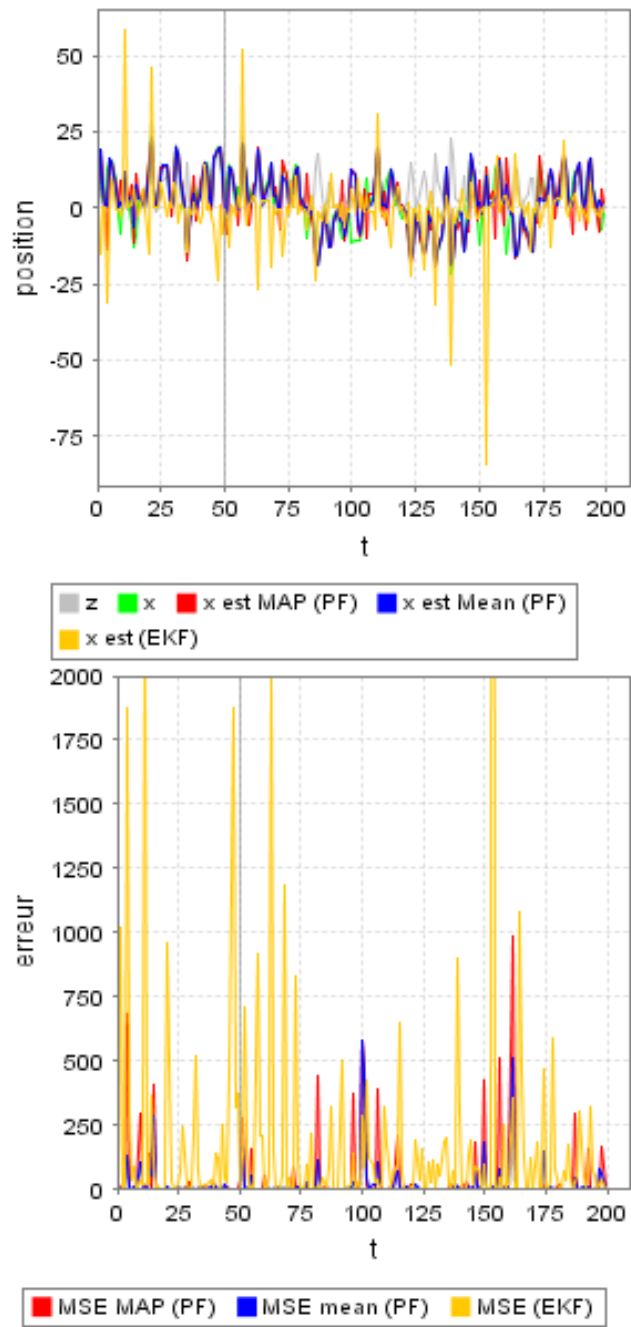


FIG. 4.17: Estimation d'un signal x par filtrage particulaire SIR avec 50 particules à partir de mesure z .

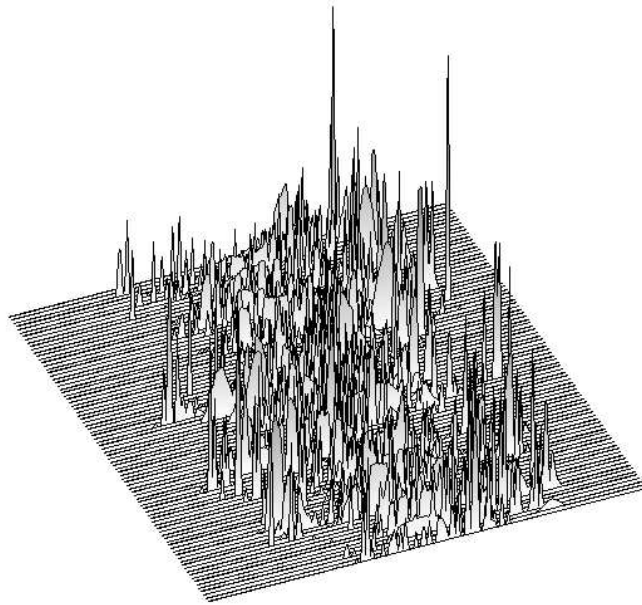
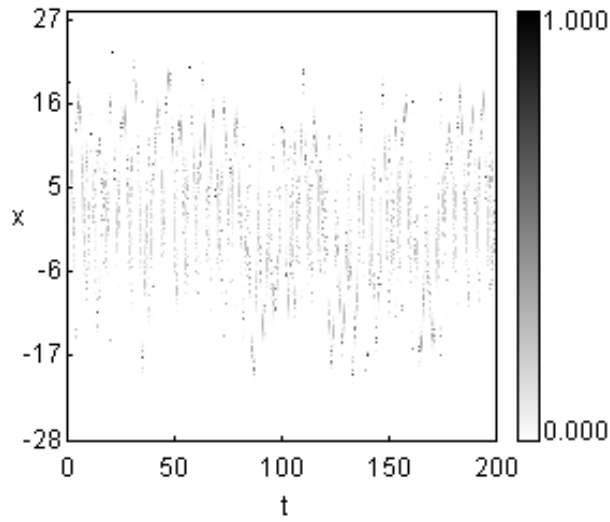


FIG. 4.18: Propagation de $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)$ pour l'exemple Fig. 4.17. On observe que la densité $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)$ est mal modélisable par une densité gaussienne puisqu'elle n'est pas unimodale. Ceci explique l'échec du filtre de Kalman étendu.

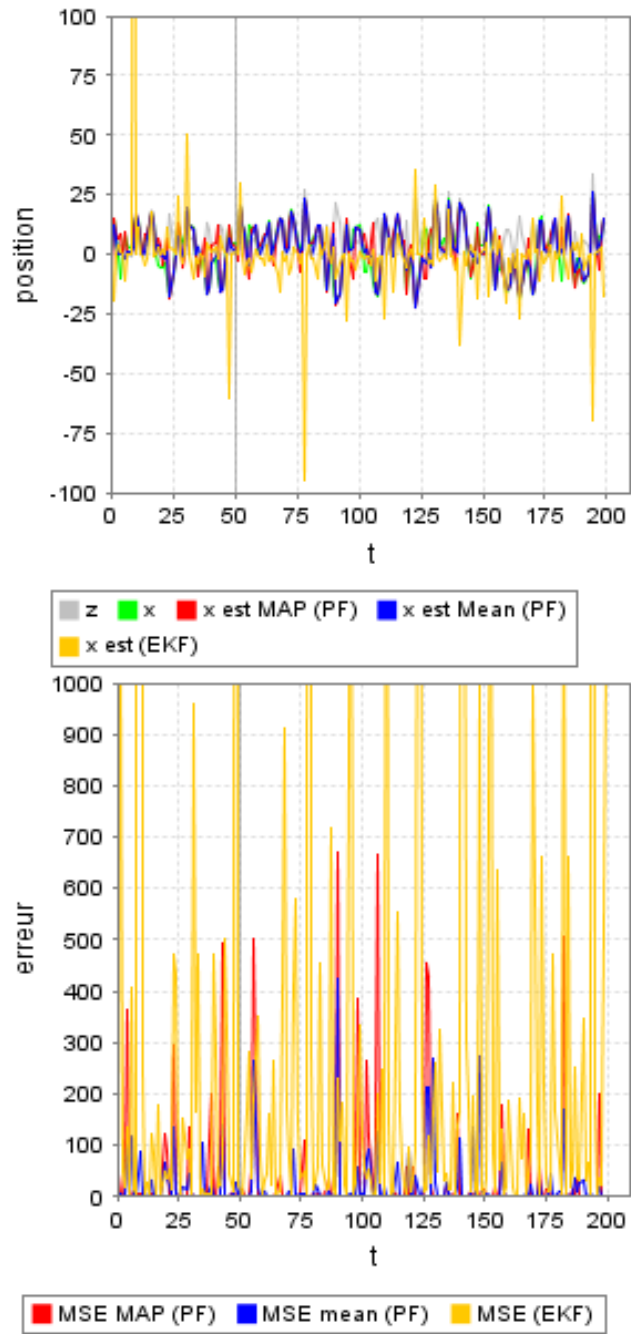


FIG. 4.19: Estimation d'un signal x par filtrage particulaire SIR avec 4000 particules à partir de mesure z .

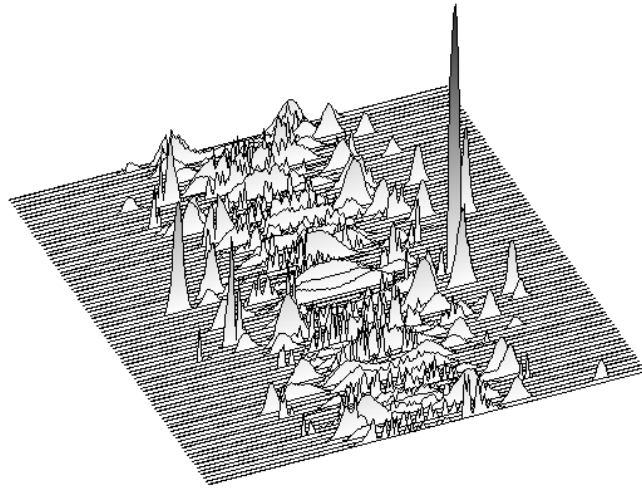
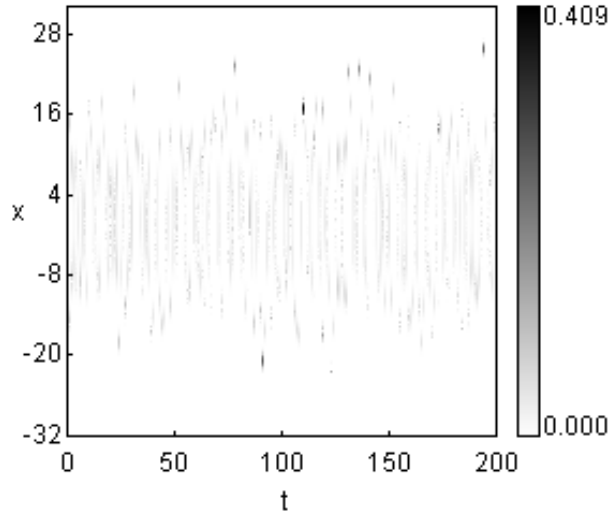


FIG. 4.20: Propagation de $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)$ pour l'exemple Fig. 4.19. Le même filtre particulaire SIR est cette fois-ci utilisée avec 4000 particules de manière à affiner la densité.

Contrairement aux projectiles étudiés en balistique, la plupart des objets biologiques sont susceptibles de changer de type de transition très fréquemment. Par ailleurs, pour un très court laps de temps (*i.e.* entre deux changements), nous proposons une modélisation efficace de cette transition par une application linéaire sur les dernières positions accompagnée d'une incertitude gaussienne. Un IMM est alors bien adapté à ce problème. Par ailleurs, contrairement aux filtres basés sur une grille ou à particules, il est d'une complexité algorithmique raisonnable puisqu'il équivaut, à peu de chose prêt, à autant de filtres de Kalman qu'il y a de modèles. Ce point est important puisque nous manipulerons parfois plusieurs centaines d'objets.

Par la suite, (chapitre 8) nous proposons plusieurs modèles de transitions qui seront utilisés conjointement par un IMM pour prédire et estimer l'état de chacun de nos objets. Tout d'abord, nous allons étudier la troisième composante du suivi bayésien qui est de notre point de vue la composante la moins bien adaptée au suivi de taches fluorescentes.

Chapitre 5

Description des principales méthodes d'association

Lorsque la mesure détectée à chaque image n'est pas unique, à cause de la présence de fausses détections et/ou de mesures d'autres objets, la détection et le filtrage doivent être accompagnés d'une composante prenant en compte le problème dit d'association. Ce problème d'association devient crucial lorsqu'il s'agit de suivre de multiples objets simultanément. Dans le cas du suivi d'un objet dans des conditions difficiles telles que plusieurs mesures sont disponibles à chaque itération du filtre, la méthode des plus proches voisins (NN pour *Nearest Neighbors* ou ML pour *Maximum of Likelihood*), le filtre à association de données probabiliste (PDAF pour *Probabilistic Data Association Filter*) ou encore le suivi multi hypothèses (MHT pour *Multi Hypothesis Tracking*) peuvent être utilisés. Lorsque plusieurs objets sont suivis, la méthode globale des plus proches voisins (GNN pour *Global Nearest Neighbors*) ou le PDAF joint (JPDAF pour *Joint Probabilistic Data Association Filter*) ou encore également le MHT peuvent être utilisées. Toutes ces méthodes sont présentées dans ce chapitre.

Toutes les méthodes de suivi utilisant un filtre bayésien permettent d'obtenir une mesure prédite et une fenêtre de recherche grâce à la propagation de $p(\mathbf{x}_t|\mathbf{Z}_t)$. En effet, l'état précédemment estimé est extrapolé avec (4.6) et la mesure prédite est obtenue à partir de cette extrapolation et du modèle d'observation. La mesure prédite est une estimation à l'étape $t - 1$ de ce que sera la mesure \mathbf{z}_t à l'étape t . Elle est toujours notée $\mathbf{z}_{t|t-1}$ et dépend du filtre utilisé. Puisque chaque modèle comprend une composante aléatoire, la mesure prédite ne correspond pas à la mesure réelle mais il est possible d'obtenir à partir du filtre bayésien une région autour de la mesure prédite dans laquelle on va trouver la mesure réelle avec une certaine probabilité.

Dans le cas du filtre de Kalman par exemple, l'état prédit et sa covariance sont des estimations obtenues de la façon suivante :

$$\mathbf{x}_{t|t-1} = \mathbb{E}(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1}) \quad (5.1)$$

$$= \mathbf{F}_t \mathbf{x}_{t-1|t-1} \quad (5.2)$$

$$\mathbf{P}_{t|t-1} = \mathbb{E}(\tilde{\mathbf{x}}_{t|t-1} \tilde{\mathbf{x}}_{t|t-1}^T | Z_{1:t-1}) \quad (5.3)$$

$$= \mathbf{F}_t \mathbf{P}_{t-1|t-1} \mathbf{F}_t^T + \mathbf{Q}_t \quad (5.4)$$

avec $\tilde{\mathbf{x}}_{t|t-1} = \mathbf{x}_t - \mathbf{x}_{t|t-1}$. Ensuite, la mesure prédite est obtenue à partir de l'état prédit et, en parallèle, la covariance de l'erreur sur la mesure prédite est obtenue à partir de la covariance de l'état prédit :

$$\mathbf{z}_{t|t-1} = \mathbb{E}(\mathbf{z}_t | Z_{1:t-1}) \quad (5.5)$$

$$= \mathbf{H}_t \mathbf{x}_{t|t-1} \quad (5.6)$$

$$\mathbf{S}_t = \mathbb{E}(\tilde{\mathbf{z}}_{t|t-1} \tilde{\mathbf{z}}_{t|t-1}^T | Z_{1:t-1}) \quad (5.7)$$

$$= \mathbf{H}_t \mathbf{P}_{t|t-1} \mathbf{H}_t^T + \mathbf{R}_t \quad (5.8)$$

avec $\tilde{\mathbf{z}}_{t|t-1} = \mathbf{z}_t - \mathbf{z}_{t|t-1}$. La densité de $\{\mathbf{z}_t | Z_{1:t-1}\}$ à l'étape $t - 1$ est donc

$$\Lambda_t = \frac{1}{\sqrt{\det [2\pi \mathbf{S}_t]}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \tilde{\mathbf{z}}_{t|t-1}^T \mathbf{S}_t^{-1} \tilde{\mathbf{z}}_{t|t-1} \right\} \quad (5.9)$$

On cherche à déterminer un volume autour de la mesure prédite tel que la mesure de l'objet se trouve dans ce volume avec une probabilité $P_G > 0,95$ par exemple. Une mesure \mathbf{z}_t^i sera donc dans le volume si

$$d^2(\mathbf{z}_{t|t-1}, \mathbf{z}_t^j) < g^2 \quad (5.10)$$

avec g choisi depuis une table du $\chi_{dim(z)}^2$ et

$$d^2(\mathbf{z}_{t|t-1}, \mathbf{z}_t^j) = [\mathbf{z}_t^j - \mathbf{z}_{t|t-1}]^T \mathbf{S}_t^{-1} [\mathbf{z}_t^j - \mathbf{z}_{t|t-1}] \quad (5.11)$$

L'étape d'association va donc consister à utiliser la ou les mesures candidates pour mettre à jour le filtre de chaque objet poursuivi. Cette étape n'est pas sans difficulté puisqu'il s'agit d'affecter à chaque prédiction la mesure qui lui correspond au mieux, et ce pour toutes les prédictions simultanément. La littérature offre plusieurs méthodes dont les principales sont rappelées ici.

Par la suite, θ_{ij} désigne l'association de la mesure j avec la prédiction i et θ désigne un événement réalisable d'associations jointes $\theta = \{\theta_{i_0 j_0}, \dots, \theta_{i_N j_N}\}$.

5.1 Le plus proche voisin (ML)

Lorsque le suivi est effectué sur un seul objet en présence de bruit, la méthode du plus proche voisin sélectionne le candidat qui minimise la distance entre prédiction et mesures. La distance euclidienne ne reflétant pas correctement la similitude d'une mesure à une mesure prédite on lui préférera une distance liée à la vraisemblance du filtre de chaque prédiction. En outre, on pourra par exemple directement maximiser la vraisemblance (5.9) (ML pour *maximum of likelihood*). Dans le cas d'une densité gaussienne, ceci revient à minimiser la distance de Mahalanobis (5.10) (aussi appelée distance normalisée) entre prédiction et mesure.

Lorsque le suivi est effectué sur plusieurs objets, deux approches existent. La première est une approche optimale qui consiste à résoudre le problème suivant

$$\min \sum_{i=0}^n \sum_{j=0}^m c_{ij} \mathbb{1}_{\{\theta_{ij}\}} \quad (5.12)$$

$$\forall j \neq 0 \sum_i \mathbb{1}_{\{\theta_{ij}\}} = 1 \quad (5.13)$$

$$\forall i \neq 0 \sum_j \mathbb{1}_{\{\theta_{ij}\}} = 1 \quad (5.14)$$

$$\text{où } c_{ij} = \begin{cases} -\log\left(\frac{P_D \Lambda_t(\theta_{ij})}{\Lambda_t(\theta_{0j})}\right) & \text{si } -\log(\cdot) < 0 \\ 0 & \text{si } i = 0 \text{ ou } j = 0 \\ \infty & \text{sinon} \end{cases} \quad (5.15)$$

où $\Lambda_t(\theta_{ij})$ est la vraisemblance de l'événement $\theta_{ij} = \{\text{la trajectoire } i \text{ est associée à la mesure } j\}$, la trajectoire 0 a la particularité d'être associée à toutes les mesures non associées et la mesure 0 a la particularité d'être associée à toutes les trajectoires sans mesure dans leur fenêtre de recherche. Enfin P_D est la probabilité de détection d'un objet.

Algorithme 8 Association sous optimale des plus proches voisins

ENTREES : $Z_t = \{\mathbf{z}_t^1, \dots, \mathbf{z}_t^M\}$ et $Z_{t|t-1} = \{\mathbf{z}_{t|t-1}^1, \dots, \mathbf{z}_{t|t-1}^N\}$

SORTIES : θ sous optimale

`/* Calcul des vraisemblances : */`

`POUR i=1 à N FAIRE`

`POUR j=1 à M FAIRE`

`Calculer c_{ij} avec (5.15)`

`FIN POUR`

`FIN POUR`

`/* Initialisation : */`

`$I = \{1, \dots, N\}$`

`$J = \{1, \dots, M\}$`

`/* Associations : */`

`TANT QUE $I \neq \{\emptyset\}$ AND $J \neq \{\emptyset\}$ FAIRE`

`$\theta_{ij} = \{(i, j), \min_{i,j} c_{ij}\}$`

`$I = I \setminus \{i\}$`

`$J = J \setminus \{j\}$`

`FIN TANT QUE`

L'algorithme de Jonker et Volgenant par exemple [Jonker and Volgenant, 1987] ou l'algorithme hongrois [Kuhn, 1995] permettent d'obtenir la solution de ce problème. Cette approche optimale est très sensible au bruit. En effet, si un objet est sur- ou sous-déecté,

l'ensemble des associations peuvent se voir décalées pour satisfaire le critère global. La figure 5.1 illustre ce cas.

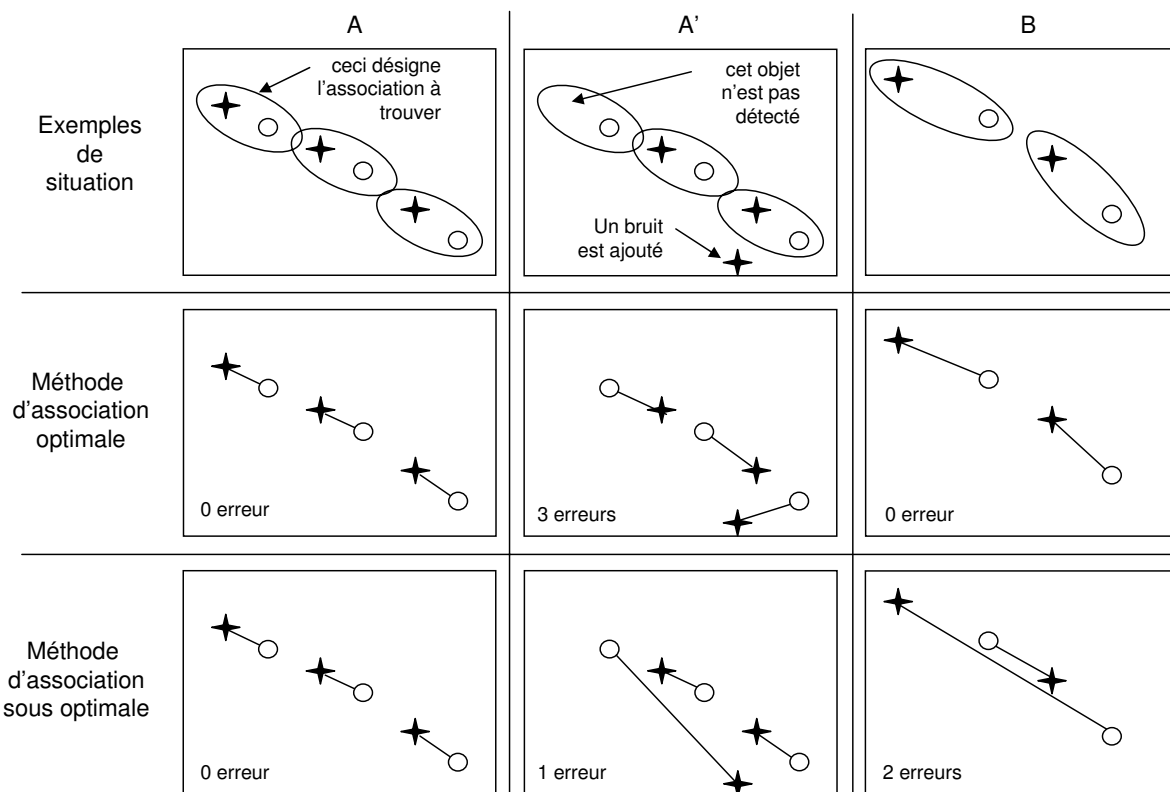


FIG. 5.1: Les plus proches voisins : comparaison entre résolution optimale et sous-optimale

Une manière de contourner ce problème est d'utiliser une approche sous optimale (Alg. 8). Celle-ci fonctionne de la manière suivante : après détermination de l'ensemble des fenêtres de recherche, les c_{ij} sont calculés pour les mesures validées. Ensuite, la plus petite valeur c_{ij} est déterminée et la trajectoire i_0 est associée à la mesure j_0 . Puis, ces deux éléments sont éliminés pour la suite. Le procédé est réitéré jusqu'à ce qu'il n'y ait plus d'association possible.

5.2 Le suivi multi-hypothèses (MHT)

L'algorithme MHT (Multi Hypothesis Tracking) [Reid, 1979; Cox and Hingorani, 1996; Buckley *et al.*, 2000; Tissainayagam and Suter, 2001a] repose sur un modèle théorique élégant puisqu'il propose de maximiser la probabilité de chaque enchaînement d'associations depuis le temps 1 jusqu'au temps t . Cet algorithme suppose qu'une mesure est soit un objet détecté, soit une fausse alarme, soit un nouvel objet. Au temps t , un événement réalisable d'associations jointes (feasible joint association event) qui lie l'ensemble \mathbf{Z}_t à l'ensemble $\mathbf{Z}_{t|t-1}$ des

prédictions est noté θ_t^l . Chaque événement réalisable d'associations jointes contient donc un ensemble de mesures composé de la manière suivante :

- τ mesures proviennent d'objets suivis détectés
- ν mesures proviennent de nouveaux objets détectés
- ϕ mesures sont de fausses alarmes

Trois indicateurs sont ainsi définis :

$$\tau_j = \tau_j[\theta_t^k] = \begin{cases} 1 & \text{si } \mathbf{z}_t^j \text{ provient d'un objet suivi détecté} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (5.16)$$

$$\nu_j = \nu_j[\theta_t^k] = \begin{cases} 1 & \text{si } \mathbf{z}_t^j \text{ est un nouvel objet détecté} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (5.17)$$

$$\delta_i = \delta_i[\theta_t^k] = \begin{cases} 1 & \text{si l'objet } i \text{ est détecté au temps } t \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (5.18)$$

avec $\tau = \sum_{j=1}^m \tau_j$, $\nu = \sum_{j=1}^m \nu_j$ et $\phi = m - \tau - \nu$ (où m est le nombre total de mesures). Une hypothèse d'événements réalisables d'associations jointes cumulées l du temps 1 au temps t est notée $\Theta_{1:t}^l$. C'est la concaténation d'une hypothèse d'événements réalisables d'associations jointes cumulées s du temps 1 au temps $t-1$ et d'un événement réalisable d'associations jointes k au temps t

$$\Theta_{1:t}^l = \{\Theta_{1:t-1}^s, \theta_t^k\} \quad (5.19)$$

La probabilité d'une telle hypothèse peut être calculée en appliquant la règle de Bayes :

$$P\{\Theta_{1:t}^l | \mathbf{Z}_{1:t}\} = P\{\theta_t^k, \Theta_{1:t-1}^s | \mathbf{Z}_t, \mathbf{Z}_{1:t-1}\} \quad (5.20)$$

$$= \frac{1}{c} p[\mathbf{Z}_t | \theta_t^k, \Theta_{1:t-1}^s, \mathbf{Z}_{1:t-1}] \quad (5.21)$$

$$P\{\theta_t^k | \Theta_{1:t-1}^s, \mathbf{Z}_{1:t-1}\} \quad (5.22)$$

$$P\{\Theta_{1:t-1}^s | \mathbf{Z}_{1:t-1}\} \quad (5.23)$$

où (5.23) est obtenue à l'itération précédente, (5.21) vaut :

$$p\{\mathbf{Z}_t | \theta_t^k, \Theta_{1:t-1}^s, \mathbf{Z}_{1:t-1}\} = \prod_j [\Lambda_i^j]^{\tau_j} V^{-(1-\tau_j)} \quad (5.24)$$

$$= V^{-\phi-\nu} \prod_i [\Lambda_i^j]^{\tau_j} \quad (5.25)$$

et (5.22) vaut (voir l'annexe A.4) :

$$P\{\theta_t^k | \Theta_{1:t-1}^s, \mathbf{Z}_{1:t-1}\} = \frac{\phi! \nu!}{m} \mu_F(\phi) \mu_N(\nu) \prod_i (P_D^i)^{\delta_i} (1 - P_D^i)^{1-\delta_i} \quad (5.26)$$

On a donc :

$$P\{\Theta_{1:t}^l | \mathbf{Z}_{1:t}\} = \frac{1}{c} \frac{\phi! \nu!}{m} \mu_F(\phi) \mu_N(\nu) V^{-\phi-\nu} \prod_j [\Lambda_i^j]^{\tau_j} \prod_i (P_D^i)^{\delta_i} (1 - P_D^i)^{1-\delta_i} P\{\Theta_{1:t-1}^s | \mathbf{Z}_{1:t-1}\}$$

Algorithme 9 Association multi hypothèses : une implémentation

ENTREES : $Z_{1:t}$ **SORTIES :** $\Theta_{1:t}$ sous optimale

```
/* 1 - Initialisation à t=0 : générer les premières hypothèses, i.e.
toutes les possibilités telles que :
- une mesure est du bruit
- une mesure est un objet */

/* 2 - Fixer la probabilité d'une hypothèse à  $\lambda_F^\phi$  avec  $\phi$  le nombre de
bruits dans cette hypothèse */

/* 3 - Normaliser ces probabilités */

POUR t=1→T FAIRE
  /* 4 - Ajouter un niveau à l'arbre des hypothèses, i.e. générer toutes
  les hypothèses d'événements réalisables d'associations jointes  $\theta^l$  telles
  que :
  - une mesure est associée à une trajectoire si elle est validée par
  cette trajectoire
  - une trajectoire est associée à une mesure au plus
  - une mesure qui n'est pas associée à une trajectoire existante est soit
  du bruit soit une nouvelle trajectoire */

  /* 5 - Calculer la probabilité de chaque hypothèse d'événements
  réalisables d'associations jointes cumulées  $\Theta_{1:t}^l$  avec (5.20) */

  /* 6 - Normaliser ces probabilités */

  /* 7 - Elagage 1 (N-scan-back) :
  - remonter l'arbre des hypothèses de  $d$  niveaux
  - calculer la somme des probabilités des sous-arbres de chaque noeud de
  ce niveau
  - garder seulement le sous-arbre du noeud qui totalise la plus grande
  probabilité */

  /* 8 - Elagage 2 : ne conserver que les k hypothèses de plus grande
  probabilité */
FIN POUR

/* 9 - Association : remonter l'arbre depuis l'hypothèse  $\Theta_{1:t}$  de plus forte
probabilité pour reconstituer la séquence d'associations */
```

Puisque cet algorithme revient à créer un arbre d'hypothèses qui croît exponentiellement avec le temps, sa complexité le rend inapplicable en l'état. Il peut pourtant être utilisé de manière sous-optimale en appliquant une stratégie qui supprime de grands ensembles d'hypothèses au cours du temps. [Cox and Hingorani, 1996] proposent une implantation du MHT utilisant l'algorithme de Murty [Murty, 1968] pour trouver les k -meilleures solutions au problème d'association ainsi posé. Dans cet article sont également proposées quelques méthodes pour réduire considérablement la charge de calcul. Cependant, cet algorithme ne reste applicable que pour le suivi de quelques objets en présence de quelques fausses détections.

Notons qu'il existe une version probabiliste du MHT : le PMHT. Egalement élégant théoriquement pour un objet, les associations sont supposées indépendantes pour le cas de plusieurs objets, ce qui est discutable. En pratique, d'après l'article de [Willet *et al.*, 2002], il se révèle au mieux équivalent au PDAF décrit dans la section suivante. Le PDAF est par ailleurs d'une complexité numérique bien moins élevée que le PMHT. [Gelgon *et al.*, 2005] proposent une utilisation du PMHT pour du suivi d'objets dans des séquences vidéos.

5.3 Le filtre à association probabiliste de données (PDAF)

Le filtre à association probabiliste de données (PDAF pour Probabilistic Data Association Filter)[Bar-Shalom and Fortmann, 1988; Veenman *et al.*, 2000; Rasmussen and Hager, 2001; Willet *et al.*, 2001] produit la probabilité que chaque mesure contenue dans la fenêtre de recherche est la bonne mesure ou à l'opposé, qu'aucune d'elle ne correspond à l'objet suivi. Les différentes mesures ainsi relevées sont prises en compte avec leurs probabilités respectives pour mettre à jour le filtre. Le filtre est donc mis à jour, non pas avec une mesure avec laquelle il aurait été associé mais avec toutes les mesures contenues dans sa fenêtre de validation pondérées par leur probabilité respective. Les hypothèses posées sont les suivantes : un seul objet est présent dans la scène, une des mesures est la mesure de cet objet et toutes les autres sont de fausses détections ou des bruits. La discrimination entre les mesures provenant de l'objet et les mesures provenant d'erreurs ou de bruits est fondée sur une différence de distribution.

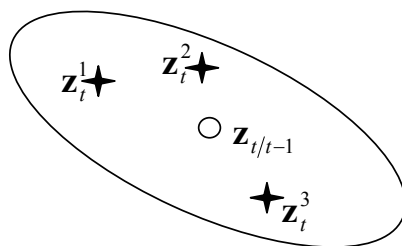


FIG. 5.2: Fenêtre de recherche autour de la mesure prédite.

Si m mesures sont contenues dans la fenêtre de recherche, la probabilité que z_t^i provienne

de l'objet vaut :

$$\beta_i = \frac{e_i}{b + \sum_{l=1}^m e_l} \quad (i = 1, \dots, m) \quad (5.27)$$

et la probabilité qu'aucune des mesures ne corresponde à l'objet suivi vaut :

$$\beta_0 = \frac{b}{b + \sum_{l=1}^m e_l} \quad (5.28)$$

Algorithme 10 Association de données probabiliste

ENTREES : $\forall t, \mathbf{F}_t, \mathbf{H}_t, \mathbf{Q}_t, \mathbf{R}_t, Z_t, \mathbf{x}_{0|0}$ et $\mathbf{P}_{0|0}$

SORTIES : $\forall t > 1, \mathbf{x}_{t|t}$ et $\mathbf{P}_{t|t}$

```

POUR t=1→T FAIRE
  /* 1 - Prédiction : */
   $\mathbf{x}_{t|t-1} = \mathbf{F}_t \mathbf{x}_{t-1|t-1}$ 
   $\mathbf{P}_{t|t-1} = \mathbf{F}_t \mathbf{P}_{t-1|t-1} \mathbf{F}_t^T + \mathbf{Q}_t$ 

  /* 2 - Mise à jour : */
   $Z_t = \text{mesures}()$ 
   $\mathbf{S}_t = \mathbf{H}_t \mathbf{P}_{t|t-1} \mathbf{H}_t^T + \mathbf{R}_t$ 
   $\mathbf{K}_t = \mathbf{P}_{t|t-1} \mathbf{H}_t^T \mathbf{S}_t^{-1}$ 
  Calculer les  $\beta_i$  avec (5.27)
   $\mathbf{x}_{t|t} = \mathbf{x}_{t|t-1} + \mathbf{K}_t \sum_{i=1}^m \beta_i [z_t^i - \mathbf{H}_t \mathbf{x}_{t|t-1}]$ 
   $\mathbf{P}_{t|t} = \beta_0 \mathbf{P}_{t|t-1} + [1 - \beta_0] \mathbf{P}_t^c + \tilde{\mathbf{P}}_t$ 
FIN POUR

```

avec

$$e_i = \exp\left\{-\frac{1}{2}d^2(\mathbf{z}_t^i)\right\} \quad (5.29)$$

$$b = \frac{m}{V} \sqrt{\det[2\pi\mathbf{S}_t]} \frac{1 - P_D P_G}{P_D} \quad (5.30)$$

où V est le volume de la fenêtre de recherche, P_D est la probabilité de détection et P_G est la probabilité que la mesure de l'objet soit effectivement contenue dans la région de validation. L'état du filtre est alors mis à jour de la façon suivante :

$$\mathbf{x}_{t|t} = \mathbf{x}_{t|t-1} + \mathbf{K}_t \nu_t \quad (5.31)$$

avec ν_t le résidu combiné :

$$\nu_t = \sum_{i=1}^m \beta_i \nu_t^i \quad (5.32)$$

où

$$\nu_t^i = z_t^i - \mathbf{H}_t \mathbf{x}_{t|t-1} \quad (5.33)$$

et la covariance est mise à jour de la façon suivante :

$$\mathbf{P}_{t|t} = \beta_0 \mathbf{P}_{t|t-1} + [1 - \beta_0] \mathbf{P}_t^c + \tilde{\mathbf{P}}_t \quad (5.34)$$

où

$$\mathbf{P}_t^c = \mathbf{P}_{t|t-1} - \mathbf{K}_t \mathbf{S}_t \mathbf{K}_t^T \quad (5.35)$$

et

$$\tilde{\mathbf{P}}_t = \mathbf{K}_t \left[\sum_{i=1}^m \beta_0 \nu_t^i [\nu_t^i]^T - \nu_t \nu_t^T \right] \quad (5.36)$$

5.4 Le PDAF joint (JPDAF)

Le JPDAF (pour *Joint Probabilistic Data Association Filter*) est la version jointe du PDAF. Cette méthode d'association considère qu'une mesure est exclusivement au choix :

- un objet détecté avec une distribution gaussienne
- une fausse alarme avec une distribution uniforme ou de Poisson

De plus, le nombre d'objets est fixé et connu (aucun objet ne quitte ou ne pénètre dans la scène). Un événement joint d'associations θ (pour *joint association event*) est un ensemble d'événements d'associations θ_{ij} entre une prédiction i et une mesure j . Un événement réalisable d'associations jointes (pour *feasible joint association event*) est un ensemble de θ_{ij} tel que chaque prédiction i est associée à une seule mesure j qu'elle ne partage pas et chaque mesure j est associée à une seule prédiction i qu'elle ne partage pas. La probabilité de chaque θ est obtenue avec :

$$P\{\theta | \mathbf{Z}_{1:t}\} = \frac{1}{c} \frac{\phi!}{V^\phi} \prod_j (\Lambda_{ijj})^{\tau_j} \prod_i \{(P_D^i)^{\delta_i} (1 - P_D^i)^{1-\delta_i}\} \quad (5.37)$$

avec

$$\tau_j = \tau_j[\theta_t^j] = \begin{cases} 1 & \text{si } \mathbf{z}_t^j \text{ provient d'un objet détecté} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (5.38)$$

$$\delta_i = \delta_i[\theta_t^i] = \begin{cases} 1 & \text{si l'objet } i \text{ est détecté au temps } t \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (5.39)$$

P_D^i est la probabilité de détection de l'objet i (supposée connue), ϕ est le nombre de mesures provenant de fausses alarmes, V est l'hyper-volume de la fenêtre de recherche et Λ_{ijj} est la vraisemblance gaussienne de la mesure j pour la trajectoire i_j . La version paramétrée du JPDAF considère que le nombre de fausses détections est modélisé par une loi de Poisson de paramètre λ (supposé connu) et est obtenu en remplaçant $\frac{\phi!}{V^\phi}$ par λ^ϕ dans l'équation (5.37).

Les probabilités marginales de chaque événement d'associations sont obtenues à partir de la loi jointe de la façon suivante :

$$\beta_{ij} = P\{\theta_{ij} | \mathbf{Z}_{1:t}\} = \sum_{\theta: \theta_{ij} \in \theta} P\{\theta | \mathbf{Z}_{1:t}\} \quad (5.40)$$

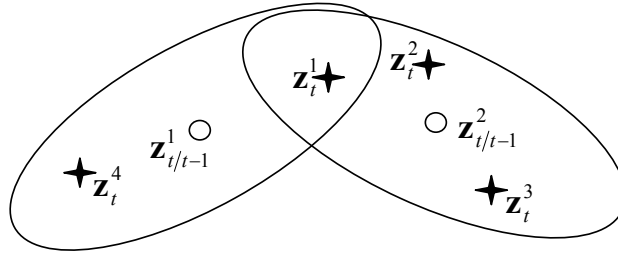


FIG. 5.3: JPDAF : Volumes de la fenêtre de recherche autour des mesures prédites.

Ces probabilités marginales sont utilisées comme pondération de chaque mesure correspondante pour la mise à jour de chaque PDAF dans (5.31) et (5.34).

L'utilisation de plusieurs PDAF indépendants pour suivre plusieurs objets conduit souvent au blocage de plusieurs filtres sur un même objet. En effet, si plusieurs filtres sont mis à jour avec les mêmes mesures pendant plusieurs itérations successives, il ne sera plus possible de les différencier à nouveau. Le JPDAF permet de contourner ce problème en ne permettant pas de configuration où plusieurs objets peuvent faire la même hypothèse sur une même mesure simultanément. Les associations sont donc dépendantes entre elles. C'est le sens des *événements réalisables d'associations jointes*.

Toutes ces méthodes d'association trouvent leurs sources notamment autour de problèmes de trafic aérien [Bar-Shalom and Fortmann, 1988]. Appliquées au cas de taches fluorescentes, elles posent de nombreux problèmes car les hypothèses qu'elles posent ne prévoient pas les différents cas de figures que produits en permanence la détection. C'est ce que nous montrons dans le chapitre suivant.

Algorithme 11 Association probabiliste de données jointe

ENTREES : $\forall t, \forall i, \mathbf{F}_t^i, \mathbf{H}_t^i, \mathbf{Q}_t^i, \mathbf{R}_t^i, Z_t^i, \mathbf{x}_{0|0}^i$ et $\mathbf{P}_{0|0}^i$

SORTIES : $\forall t > 1, \forall i, \mathbf{x}_{t|t}^i$ et $\mathbf{P}_{t|t}^i$

POUR $t=1 \rightarrow T$ FAIRE

 POUR $i=0 \rightarrow N$ FAIRE

 /* 1 - Prédiction : */

$$\mathbf{x}_{t|t-1}^i = \mathbf{F}_t^i \mathbf{x}_{t-1|t-1}^i$$

$$\mathbf{P}_{t|t-1}^i = \mathbf{F}_t^i \mathbf{P}_{t-1|t-1}^i [\mathbf{F}_t^i]^T + \mathbf{Q}_t^i$$

 FIN POUR

$Z_t = \text{mesures}()$

/* 2 - Chercher tous les événements réalisables d'associations jointes avec :

- une mesure peut provenir d'un objet
- une mesure peut être un bruit
- un objet ne peut générer qu'une mesure */

/* 3 - Calculer les probabilités jointes $P\{\theta | \mathbf{Z}_{1:t}\}$ avec (5.37) et en tirer la probabilité marginale β_{ij} de chaque association avec (5.40). */

/* 4 - Mise à jour : */

POUR $i=0 \rightarrow N$ FAIRE

$$\mathbf{S}_t^i = \mathbf{H}_t^i \mathbf{P}_{t|t-1}^i [\mathbf{H}_t^i]^T + \mathbf{R}_t^i$$

$$\mathbf{K}_t^i = \mathbf{P}_{t|t-1}^i \mathbf{H}_t^{iT} [\mathbf{S}_t^i]^{-1}$$

$$\mathbf{x}_{t|t}^i = \mathbf{x}_{t|t-1}^i + \mathbf{K}_t^i \sum_{j=1}^m \beta_{ij} [z_t^j - \mathbf{H}_t^i \mathbf{x}_{t|t-1}^i]$$

$$\mathbf{P}_{t|t}^i = \beta_{i0} \mathbf{P}_{t|t-1}^i + [1 - \beta_{i0}] [\mathbf{P}_{t|t}^i]^c + \tilde{\mathbf{P}}_t^i$$

FIN POUR

FIN POUR

Troisième partie

Une solution aux problèmes posés par l'association

Chapitre 6

Problèmes fondamentaux liés à l'association

Nous avons vu qu'un filtre bayésien pouvait être utilisé conjointement à une méthode d'association afin d'estimer la séquence d'états cachés que forme la trajectoire d'un objet. Cependant, les méthodes d'association souffrent de notre point de vue de carences importantes lorsqu'elles sont appliquées à des mesures issues de détections susceptibles de contenir des erreurs. En effet, comme nous le soulignons dans ce chapitre, dans ce cas, cette étape repose la plupart du temps sur des hypothèses qui ne sont pas validées.

Dans ce chapitre, nous étudions les problèmes fondamentaux liés à l'association. Nous nous plaçons donc dans un cadre générique où au temps t , un ensemble de mesures $Z_t = \{\mathbf{z}_t^1, \dots, \mathbf{z}_t^M\}$ (dont chaque élément correspond à une détection D_t^j) est fourni par une phase de détection et un ensemble de prédictions de mesures est fourni par un filtre bayésien $Z_{t|t-1} = \{\mathbf{z}_{t|t-1}^1, \dots, \mathbf{z}_{t|t-1}^N\}$. L'ensemble des mesures est susceptible de contenir ce que nous appellerons des mesures de détections fusionnées ou partielles ou encore faite d'un mélange des deux. Chacune des sections suivantes met en avant les conséquences du non respect de certaines des hypothèses pré-requises, dues à la présence de ces erreurs, lors de l'utilisation de chaque méthode d'association.

6.1 Définition d'une détection fusionnée

Nous définissons une détection «fusionnée» comme un cas particulier de résultats erronés de la phase de détection : lorsque plusieurs objets génèrent une seule détection, celle-ci est appelée détection fusionnée. La figure 6.1 illustre ce cas.

Ce résultat particulier de la phase de détection est à prendre en compte car on le rencontre très fréquemment dans des applications réelles. Il présente un double inconvénient : il change la topologie de l'ensemble des mesures et il présente simultanément des mesures qui ne correspondent à aucun objet poursuivi seul.

Dans la suite, l'étape de détection produit un ensemble contenant des mesures correspondant à un objet, des mesures fusionnées et des mesures ne correspondant à aucun objet, c'est à dire des bruits. Pour l'instant nous ne considérons pas l'hypothèse qu'un objet puisse produire plusieurs mesures. Ce cas, dont l'étude est également essentielle, est traité en 6.6.

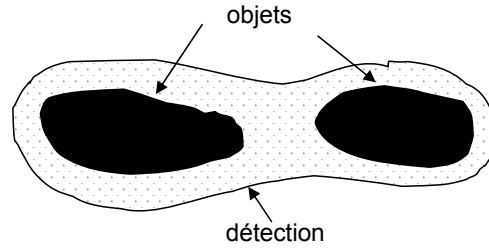


FIG. 6.1: Détection fusionnée de deux objets.

6.2 Le ML soumis à des détections fusionnées

Dans ces conditions de détection, l'algorithme d'association optimale ML produit la plupart du temps un résultat de très mauvaise qualité puisque le critère global sera alors satisfait en remplaçant les mesures manquantes par des bruits issus de détections proches des cibles recherchées. La situation A' de la figure 5.1 page 76 illustre ce problème si l'on considère qu'une des mesure correspond à une détection fusionnée.

L'algorithme d'association sous-optimale donne de meilleurs résultats illustrés par la même situation A'. En effet, cette version de ML va produire moins d'erreurs en associant la détection fusionnée à la prédiction la plus proche et en ne cherchant pas absolument à associer la prédiction qui n'est pas servie à une autre détection. Cependant, l'association ainsi créée est mauvaise puisque le filtre qui a reçu la détection va être mis à jour avec une détection qui ne correspond pas à l'objet suivi. Par ailleurs, la trajectoire qui n'est pas servie sera soit associée à une fausse détection, soit prolongée par une autre prédiction du filtre, ce qui ne correspond pas non plus à la réalité mais qui est un moindre mal en attendant de pouvoir à nouveau retrouver une détection correcte des taches.

6.3 Le JPDAF soumis à des détections fusionnées

Avant tout, une des hypothèses de départ sur laquelle s'appuie le JPDAF spécifie qu'une mesure ne doit être générée que par un seul objet. Par conséquent, une mesure se trouvant à l'intérieur d'une fenêtre de recherche peut être au choix :

- la mesure issue d'une détection correspondant à un bruit (une fausse mesure)
- la mesure issue de la détection d'un objet poursuivi

La présence d'une détection fusionnée n'est donc pas envisagée. Pourtant la présence de ce type de détection est tout à fait réaliste pour ne pas dire très probable dans la plupart des applications de suivi multi-objets.

Plaçons nous donc dans le cas simple de la Fig. 6.2 où deux objets poursuivis ne produisent à l'instant t qu'une détection fusionnée et observons la réaction du JPDAF. Les événements réalisables d'associations jointes sont au nombre de trois et sont listés dans le tableau de la Fig. 6.3. Les trois événements réalisables d'associations jointes sont tous faux puisque :

1. les objets sont détectés donc nous ne sommes pas dans le cas $\theta = 1$

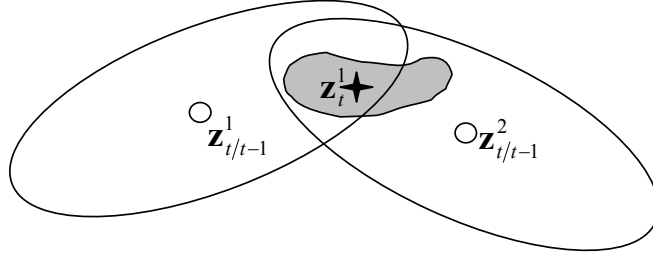


FIG. 6.2: Deux trajectoires en présence d'une détection fusionnée de deux objets.

θ	$\mathbf{z}_{t t-1}^1$	$\mathbf{z}_{t t-1}^2$
1	\emptyset	\emptyset
2	\mathbf{z}_t^1	\emptyset
3	\emptyset	\mathbf{z}_t^1

FIG. 6.3: Evénements réalisables d'associations jointes pour la figure 6.2.

2. la mesure détectée ne correspond pas à un des deux objets uniquement donc nous ne sommes pas non plus dans les cas $\theta = 2$ ou $\theta = 3$.

Par ailleurs, la détection fusionnée ne correspond à aucune des deux prédictions de manière précise donc les vraisemblances Λ_{ij} de l'équation 5.37 page 81 reprise ici :

$$P\{\theta|\mathbf{Z}_{1:t}\} = \frac{1}{c} \frac{\phi!}{V_\phi} \prod_j (\Lambda_{ij})^{\tau_j} \prod_i \{(P_D^i)^{\delta_i} (1 - P_D^i)^{1-\delta_i}\} \quad (6.1)$$

vont être faibles entraînant des probabilités jointes faibles. Ceci en toute cohérence avec le fait qu'aucune des associations possibles n'est réaliste. La faiblesse des probabilités jointes va entraîner de faibles probabilités marginales β_i obtenues avec l'équation 5.40 page 81 et reprise ici :

$$\beta_{ij} = \sum_{\theta: \theta_{ij} \in \theta} P\{\theta|\mathbf{Z}_{1:t}\} \quad (6.2)$$

Enfin, lors de la mise à jour des filtres i , les résidus combinés :

$$\nu_t^i = \sum_{j=1}^m \beta_{ij} [z_t^j - \mathbf{H}_t^i \mathbf{x}_{t|t-1}^i] \quad (6.3)$$

seront également faibles entraînant une baisse de «confiance» vis à vis la configuration détectée au bénéfice des prédictions produites précédemment. Ceci est formalisé par l'équation : 5.31 page 80 reprise ici :

$$\mathbf{x}_{t|t}^i = \mathbf{x}_{t|t-1}^i + \mathbf{K}_t^i \nu_t^i \quad (6.4)$$

Ce premier effet a donc tendance à détacher le filtre des données.

Un second effet concerne le calcul de la covariance 5.34 page 81 repris ici (l'indice de trajectoire i est supprimé pour alléger les notations) :

$$\mathbf{P}_{t|t} = \beta_0 \mathbf{P}_{t|t-1} + [1 - \beta_0] \mathbf{P}_t^c + \tilde{\mathbf{P}}_t \quad (6.5)$$

En effet comme $\beta_0 = 1 - \sum_j \beta_j$ est élevé, la covariance augmente donc également sa confiance en la valeur prédite $\mathbf{P}_{t|t-1}$. En temps normal, la covariance *a priori* $\mathbf{P}_{t|t-1}$ est nettement plus élevée que sa correction, la covariance *a posteriori* $\mathbf{P}_{t|t}$. Pour l'exemple ci-dessus, le β_0 élevé entraîne une augmentation très sensible de $\mathbf{P}_{t|t}$. Ceci entraîne à son tour une augmentation de \mathbf{S}_t , la covariance de l'erreur de mesure comme l'indique l'équation de sa mise à jour :

$$\mathbf{S}_t = \mathbf{H}_t [\mathbf{F}_t \mathbf{P}_{t-1|t-1} \mathbf{F}_t^T + \mathbf{Q}_t] \mathbf{H}_t^T + \mathbf{R}_t \quad (6.6)$$

$$(6.7)$$

Ceci signifie que les fenêtres de recherche des deux trajectoires ont tendance à exploser. En pratique, la mesure fusionnée va souvent se trouver plus proche d'une des deux prédictions donc entraîner l'explosion de la fenêtre de validation de l'autre uniquement. En résumé, au moins une des deux trajectoires ne va plus suivre les données mesurées et agrandir sa fenêtre de recherche pour augmenter ses chances de trouver une mesure qu'il croit ne pas avoir trouvée. Dans la plupart des cas, ceci suffit à engager un des filtres dans une voie erronée. En pratique, souvent une seule trajectoire sortira du lot si la confusion a été de très courte durée. Elle contiendra éventuellement quelques états mal estimés. Parfois, les deux objets peuvent être perdus.

6.4 Le MHT soumis à des détections fusionnées

L'implémentation effectuée a montré que le résultat était variable. Si le nombre d'images sur lesquelles se distinguent les deux objets précédant l'événement de fusion est plus grand que la profondeur de l'arbre d (élagage *N-scan-back*, voir Alg. 9) alors les deux trajectoires sont définitivement créées et ne disparaîtront plus. Ceci souligne au passage une des faiblesses du MHT qui ne prévoit pas de mécanisme de terminaison de trajectoire. Ce résultat ne garantit pas non plus la bonne continuité des trajectoires. En effet, un des objets va remplacer les mesures manquantes par des prédictions successives. Si le modèle ne représente pas bien l'évolution, la trajectoire obtenue s'écartera de la réalité avec un risque grandissant de perte d'objet. Le résultat dépend également du nombre d'images successives sur lesquelles les détections sont fusionnées. En effet s'il est trop grand, la fausse hypothèse d'une seule trajectoire est consolidée. Le MHT, au même titre que l'association ML ou JPDAF est donc sensible aux détections fusionnées.

6.5 Le JPDAF soumis à un nombre variable d'objets

Une des hypothèses du JPDAF est que le nombre d'objets suivis reste constant pendant la séquence. C'est à dire qu'aucun objet n'entre dans la scène ou n'en sort. Cette hypothèse, très peu réaliste pour nos applications, est mis à mal ici afin de comprendre ce qu'entraîne

son non respect. On considère donc l'exemple de la Fig. 6.2 où deux trajectoires se disputent une mesure qui est la mesure d'un des deux objets. La liste des événements réalisables

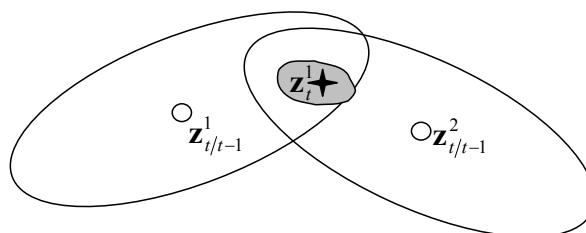


FIG. 6.4: Deux trajectoires en présence d'une seule mesure, l'autre objet est sorti de la scène (par exemple en quittant le plan focal).

d'associations jointes est la même que pour l'exemple de détection fusionnée. On obtient donc aussi le tableau 6.3, à la différence près qu'*a priori* la mesure détectée se trouvera correspondre mieux à l'une des deux prédictions. Ceci va donc entraîner une forte inclinaison pour l'événement de non détection ce qui est conforme à la situation réelle. En revanche, l'explosion de la fenêtre de recherche du filtre suivant l'objet non détecté va s'amplifier avec les non-détections successives entraînant la perturbation éventuelle d'autres trajectoires. Il semble pourtant que quelques heuristiques pourraient permettre de détecter une telle situation. Par exemple la surveillance du volume de la fenêtre de validation. Le problème reste évidemment que la probabilité de fausse association croît avec le volume avant que celui ci n'ait atteint le seuil critique.

6.6 Définition d'une détection partielle

Nous définissons une *détection partielle* comme un cas particulier de résultats éronnés de la phase de détection : lorsqu'un objet génère plusieurs détections, ces détections sont qualifiées de partielles. La figure 6.5 illustre ce cas.

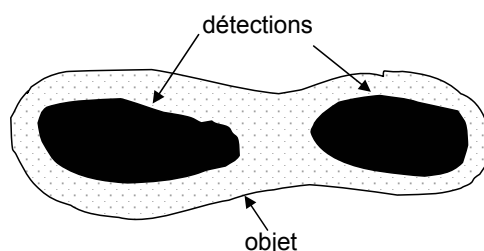


FIG. 6.5: Détections partielles d'un objet.

De même que pour les détections fusionnées, ce résultat particulier de la phase de détection est à prendre en compte car on le rencontre fréquemment dans des applications réelles.

Il présente également deux inconvénients : il change la topologie de l'ensemble des mesures et il présente des mesures qui ne correspondent, seules, à aucun des objets poursuivis.

6.7 Le ML soumis à des détections partielles

Pour la version optimale de ML, dans le meilleur des cas, la mesure d'une des détections partielles est associée à la mesure prédite et les mesures du reste des détections partielles sont éloignées d'autres mesures prédites. Alors, la mise à jour de l'objet n'est pas correcte et implique une prédiction de mauvaise qualité à l'étape suivante. Cependant, si la détection choisie pour mettre à jour le filtre ne déforme pas trop l'évolution de la trajectoire, la perte peut être évitée. En général, le résultat est de mauvaise qualité puisque les objets ne sont pas correctement mesurés et des mesures partielles sont interprétées comme des bruits supplémentaires.

6.8 Le JPDAF soumis à des détections partielles

Plaçons nous donc dans le cas simple de la Fig. 6.6 où un objet suivi reçoit à l'instant t deux mesures provenant de détections partielles du même objet et observons la réaction du JPDAF. Cette situation ne correspond pas aux hypothèses que pose le JPDAF. En

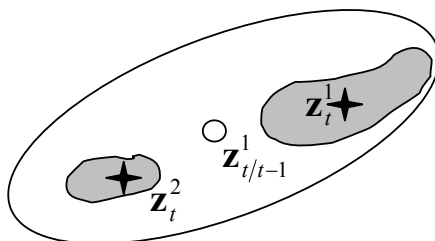


FIG. 6.6: Une prédiction en présence de deux détections partielles provenant du même objet.

particulier, chaque mesure située dans la fenêtre de recherche :

- n'est pas une fausse mesure provenant d'une détection causée par du bruit ;
- n'est pas la mesure d'une détection correspondant à l'objet poursuivi.

Par conséquent, le β_0 obtenu est généralement faible. Ensuite, selon l'aspect des détections partielles obtenues, les β_j varient suivant deux cas :

1. Si les mesures provenant de détections partielles ont une valeur proche de la prédiction, alors $\beta_1 \approx \beta_2 \approx 0,5$ et le JPDA va être mis à jour avec une valeur comprise entre les deux mesures provenant de détections partielles.
2. Si la mesure d'une des détections partielles est plus proche de la prédiction que l'autre, alors $\beta_1 \gg \beta_2$ et le JPDA va être mis à jour principalement avec la mesure qui lui correspond le mieux.

De ce point de vue, dans les deux cas, le JPDAF obtient un bon résultat même si ce n'est pas pour de « bonnes » raisons. Effectivement, par exemple dans le cas 1 ci-dessus, le JPDAF est mis à jour avec une valeur comprise entre les mesures partielles car c'est la moyenne pondérée par les probabilités de chacune des mesures d'être la bonne mesure. Or, aucune des deux mesures prises individuellement n'est correcte. Cependant, c'est tout de même une bonne position puisqu'une mesure correcte de l'objet se situe entre les mesures de détections partielles. Nous allons voir à présent après l'analyse de la covariance que, pourtant, un sérieux problème subsiste.

Parallèlement, la covariance du filtre augmente car $\tilde{\mathbf{P}}_t$ de l'équation (5.36) page 81 augmente, ceci particulièrement dans le cas 1 précité. En effet, $\tilde{\mathbf{P}}_t$ augmente la covariance en cas d'incertitude. Le cas 1 présente une incertitude puisqu'on ne sait pas quelle mesure correspond à l'objet suivi. La fenêtre de recherche a donc tendance à s'agrandir.

En conclusion, il apparaît en pratique que le JPDAF n'est pas trop sensible aux mesures partielles si celles-ci se trouvent toutes dans la fenêtre de recherche et si une autre hypothèse du JPDAF est bien respectée : le nombre d'objets est constant. En effet, il est apparu vite deux types de problèmes concernant les détections partielles :

1. si la mesure d'une des détections partielles se trouve à l'extérieur de la fenêtre de recherche, le filtre va être mis à jour avec une somme pondérée de mesures qui ne tient pas compte de l'ensemble des détections partielles. C'est à dire qu'en plus de l'inadéquation de la mise à jour avec des détections partielles, toutes les détections partielles provenant de l'objet ne seront pas prises en compte.
2. nous nous plaçons dans le cas où des initialisations automatiques sont effectuées pour des objets trouvés en cours de séquence à l'extérieur des fenêtres de recherche. Au problème 1 vient alors s'ajouter le fait que les détections partielles peuvent servir d'initialisation pour de nouvelles trajectoires. Ceci entraîne une confusion d'autant plus grande que le JPDAF n'éliminera plus cette trajectoire. Se reporter à la partie 6.5 pour plus de détail concernant le problème d'un nombre variable d'objets.

6.9 Le MHT soumis à des détections partielles

Le MHT ne crée pas systématiquement de nouvelle trajectoire lorsqu'un objet est détecté à l'extérieur de toute coalition d'objets. Pour qu'une mesure donne naissance à une trajectoire, il faut que l'hypothèse qu'elle représente soit renforcée.

- Si $d = 0$ (*N-scan-back*), nous sommes dans le cas du ML donc
 - si $\lambda_N > \lambda_F$, il y a création d'une nouvelle trajectoire avec l'apparition de ce qui est considéré comme la mesure d'un nouvel objet.
 - si $\lambda_N < \lambda_F$, aucune création de trajectoire.
- Si $d > 0$ la situation dépend des paramètres et des images consécutives où l'objet produit des détections partielles.

De ce point de vue, le JPDA s'en sort mieux puisqu'il prend une pondération des mesures. En revanche on peut noter sur de rares exemples que le MHT peut résoudre une situation où l'objet produit à l'initialisation des mesures partielles et ne produit pas pour autant deux trajectoires.

Les méthodes d'association présentées ne prévoient donc pas la présence de détections fusionnées ou de détections partielles. Des cas simples nous ont permis de l'illustrer. Lorsque des situations plus complexes doivent être traitées, la confusion est encore plus grande. En effet, plusieurs objets peuvent produire une seule détection et inversement plusieurs détections peuvent provenir d'un seul objet, mais toutes les situations intermédiaires sont également possibles. D'une manière générale, des détections partielles de plusieurs objets peuvent fusionner. Dans le chapitre suivant nous essayons d'éclaircir ce problème et proposons une solution.

Chapitre 7

Solution : des mesures *virtuelles*

Comme le montre le chapitre 6, la présence de détections fusionnées ou de détections partielles n'est pas envisagée par les méthodes d'association existantes. Par conséquent celles-ci provoquent logiquement des erreurs. La présence de telles détections est pourtant systématique dans le cadre de la plupart des applications de suivi multi-objets et spécifiquement lorsqu'il s'agit du suivi de taches fluorescentes. Ceci nous a conduit à suggérer une méthode d'association qui propose leur prise en compte.

Dans un premier temps, les notions de détection et de mesure sont définies et clairement distinguées afin d'identifier la forme que devrait avoir le résultat de la détection afin que soit possible une association qui corresponde à la situation réelle. Ensuite, un schéma quelque peu abstrait est proposé afin d'obtenir un résultat de détection qui ait cette forme. Enfin, deux implantations sont proposées pour approcher ce schéma.

7.1 Distinction entre détections et mesures

Objet

On rappelle que l'espace d'observation est noté Ω . Un objet est défini comme un sous-ensemble connexe de cet espace et se note O . A un instant donné, n objets sont présents sur Ω et forment :

$$\mathcal{O} = \{O^1, \dots, O^n\} \quad (7.1)$$

On n'a jamais la connaissance exacte de ces objets mais une vue de ceux-ci nous est fournie sous la forme de détections.

Détections

Une détection D est une partie de Ω produite par le détecteur comme la perception d'un objet O - aussi appelé *blob* en anglais. On a donc :

$$D = \{\omega \in \Omega, \omega \sim O\} \quad (7.2)$$

où ici, \sim doit être lu «*est supposé produit par*». Ceci symbolise l'incertitude de l'opération de détection. En effet, selon la qualité de la détection, tout ω de D n'est pas obligatoirement produit par O et parallèlement, D ne contient pas obligatoirement tous les ω produits par O . En revanche, on fait l'hypothèse qu'un ω ne peut pas être produit par plusieurs objets (cette approximation raisonnable dans notre cas peut être discutée pour des applications dont le but serait de suivre des objets subvoxelliques par exemple). Cette partie D est souvent connexe mais, pour nos besoins, nous en élargissons sa définition à une partie quelconque. Par conséquent l'ensemble des parties de Ω noté $\mathcal{P}(\Omega)$ est l'ensemble des détections possibles sur Ω (Remarquons que $\mathcal{P}(\Omega)$ contient Ω , \emptyset et une suite dénombrable d'éléments de Ω c'est donc une σ -algèbre, $(\Omega, \mathcal{P}(\Omega))$ forme donc un espace mesurable). Ajoutons qu'à un instant

Exemple : La détection D d'un objet volumique fluorescent est un ensemble de vecteurs ω (voxels) qui ont chacun la forme :

$$\omega = [x, y, z, i]^T \in \Omega \subset \mathbb{N}^4 \quad (7.3)$$

où x, y et z sont des coordonnées spatiales et i l'intensité relevée en ce point.

donné, le détecteur fournit un ensemble de détections noté \mathcal{D} :

$$\mathcal{D} = \{D^1, \dots, D^m\} \quad (7.4)$$

qui a les propriétés suivantes :

- $\forall D \in \mathcal{D}, D \neq \emptyset$ (les détections de \mathcal{D} sont non vides)
- $\forall D^k, D^l \in \mathcal{D}, D^k \cap D^l = \emptyset$ (les détections de \mathcal{D} n'ont pas d' ω en commun)

et on note Δ l'ensemble des \mathcal{D} possibles. Nous allons à présent associer une mesure à chacune de ces détections.

Mesures

Nous définissons une mesure \mathbf{z} comme une application de $\mathcal{P}(\Omega)$ dans \mathbb{R}^n . Cependant, par abus de langage $\mathbf{z}(D^j)$ pour une $D^j \in \mathcal{P}(\Omega)$ s'appellera la mesure de la détection D^j et se notera encore \mathbf{z}^j . Remarquons que cette notion de mesure est beaucoup moins restrictive que la notion de mesure mathématique puisqu'elle n'impose pas la σ -additivité et n'est pas restreinte à \mathbb{R} . En revanche, une des composantes de \mathbf{z}^j peut tout à fait être une mesure au sens strict puisque $(\Omega, \mathcal{P}(\Omega))$ est mesurable. C'est le cas par exemple de la composante volume qui est obtenue avec la mesure de comptage. On note, $Z(\mathcal{D})$, ou encore Z , l'ensemble de mesures associé à l'ensemble de détections \mathcal{D} accompagné d'une mesure \mathbf{z}^0 correspondant aux objets non détectés :

$$Z = Z(\mathcal{D}) = \{\mathbf{z}^0, \mathbf{z}^1, \dots, \mathbf{z}^m\} = \{\mathbf{z}(\emptyset), \mathbf{z}(D^1), \dots, \mathbf{z}(D^m)\} \quad (7.6)$$

Nous allons maintenant voir comment ces mesures vont être associées de manière jointe à un ensemble d'objets.

Exemple : La détection d'un objet volumique proposé ci dessus peut être représentée par la mesure :

$$\mathbf{z}^j = \mathbf{z}(D^j) = [x, y, z, v, i]^T \in \mathbb{R}^5 \quad (7.5)$$

où x, y , et z désignent les coordonnées spatiales du centre de gravité de la détection, v désigne son volume en voxels et i désigne l'intensité moyenne sur l'ensemble des éléments de D .

Événements réalisables d'associations jointes

Lors de la phase d'association, on cherche à lier chaque objet de \mathcal{O} avec un élément de \mathcal{D} ou plus exactement avec sa mesure. Un *événement réalisable d'associations jointes* est au sens de Bar-Shalom [Bar-Shalom and Fortmann, 1988] un vecteur d'associations binaires où chaque objet est associé à une mesure et inversement chaque mesure est associée à un seul objet. Une exception est cependant autorisée pour les objets n'ayant pas été détectés. Ceux-ci sont tous associée à la mesure \mathbf{z}^0 .

L'ensemble des *événements réalisables d'association joint* est donc défini par :

$$\Theta = \{[\theta_1 = \mathbf{z}^{j_1}, \dots, \theta_n = \mathbf{z}^{j_n}]^T \in \underbrace{Z \times \dots \times Z}_{|\mathcal{O}|}, \forall i \neq j, \theta_i, \theta_j \neq \mathbf{z}^0 \Rightarrow \theta_i \neq \theta_j\} \quad (7.7)$$

(éléments de $Z \times \dots \times Z$ tels que chaque mesure, à l'exception de la mesure \mathbf{z}^0 , est associée à un objet et un seul). L'indice au sein du vecteur $\theta \in \Theta$ correspond pour chaque mesure à l'objet associé (*i.e.* la mesure θ_i positionnée à l'indice i est associée à l'objet O^i).

7.2 Une condition nécessaire : la cohérence topologique

Il est important de bien comprendre à ce stade que Θ est un ensemble d'hypothèses d'événements réalisables d'associations jointes et que l'on cherche à sélectionner le seul élément de Θ qui correspond à la réalité que l'on note θ^* .

Supposons qu'en parallèle de la détection \mathcal{D} , on ait connaissance des objets (ce qui est totalement invraisemblable nous l'admettons !). C'est à dire que l'on connaît \mathcal{O} . On construirait notre θ^* de la façon suivante :

1. si une détection ne correspond à aucun objet sa mesure n'est pas dans θ^* ,
2. si un objet ne correspond à aucune détection, \mathbf{z}^0 est placé à son indice dans θ^*
3. si un objet est détecté par une détection, il n'est pas détecté par une autre détection, et ne partage pas celle-ci avec un autre objet, la mesure de θ^* qui lui est attribuée est alors la mesure de cette détection

que l'on peut écrire plus formellement :

1. $\forall O, O \cap \mathcal{D} = \emptyset \Leftrightarrow \mathbf{z}(D) \notin \theta^*$
2. $\forall D, D \cap \mathcal{O}^i = \emptyset \Leftrightarrow \exists \theta_i \in \theta^*, \theta_i = \mathbf{z}^0$

3. $D \cap O^i \neq \emptyset$ et $\forall O' \neq O^i, O' \cap D = \emptyset$ et $\forall D' \neq D, D' \cap O^i = \emptyset \Leftrightarrow \exists \theta_i \in \theta^*, \theta_i = \mathbf{z}(D)$

Il faut donc que \mathcal{D} ait une certaine forme pour qu'un tel θ^* existe. Tentons de décrire la forme de \mathcal{D} la plus large possible et qui garantisse l'existence d'un θ^* , c'est à dire qui respecte les trois points vus ci-dessus.

Forme idéale :

Idéalement, on voudrait que le détecteur produise un ensemble de détections \mathcal{D} qui ait les propriétés suivantes :

$$\forall D \in \mathcal{D}, \exists ! O \in \mathcal{O}, D \cap O \neq \emptyset \quad (7.8)$$

$$\forall O \in \mathcal{O}, \exists ! D \in \mathcal{D}, O \cap D \neq \emptyset \quad (7.9)$$

(à chaque détection correspond un objet et un seul et à chaque objet correspond une détection et une seule). Il ne resterait alors plus qu'un problème d'association - mais bien posé cette fois - qui consisterait à faire correspondre chaque objet O avec sa détection D . Si \mathcal{D} a cette forme, les mesures de θ^* sont toutes dans le cas n°3 et donc θ^* existe.

Forme cohérente topologiquement :

La forme précédente est trop restrictive puisqu'elle ne permet aucune fausse détection ou non détection. Si on ajoute à cette situation idéale les cas où un objet peut ne pas être détecté et où une détection peut ne pas correspondre à un objet, on se retrouve dans la situation, plus réaliste, supposée par l'ensemble des algorithmes d'association présentés jusqu'ici. \mathcal{D} ne respecte alors plus que la propriété suivante :

$$\exists O \in \mathcal{O}, \exists D \in \mathcal{D}, D \cap O \neq \emptyset \Rightarrow \forall O' \neq O, O' \cap D = \emptyset \text{ et } \forall D' \neq D, D' \cap O = \emptyset \quad (7.10)$$

(si un objet est détecté, il n'est détecté que par une seule détection et cette détection n'est la détection que de cet objet. Ce qui n'interdit pas des objets ne correspondant à aucune détection ou des détections ne correspondant à aucun objet). On dira dans cette situation, que \mathcal{D} reste *cohérent topologiquement* avec \mathcal{O} . Les mesures de θ^* entrent exactement dans les trois cas donc si \mathcal{D} a cette forme, θ^* existe.

Forme réelle :

En réalité, l'ensemble de détections fourni par le détecteur est plus complet que cela. Avec nos nouvelles définitions, la présence d'une détection fusionnée implique :

$$\exists O^{i_1}, \dots, O^{i_q} \in \mathcal{O}, \exists D \in \mathcal{D}, O^{i_1} \cap D \neq \emptyset, \dots, O^{i_p} \cap D \neq \emptyset \quad (7.11)$$

la présence de détections partielles implique :

$$\exists D^{j_1}, \dots, D^{j_p} \in \mathcal{D}, \exists O \in \mathcal{O}, D^{j_1} \cap O \neq \emptyset, \dots, D^{j_p} \cap O \neq \emptyset \quad (7.12)$$

et la présence de détections partielles fusionnées implique :

$$\exists D^{j_1}, \dots, D^{j_p} \in \mathcal{D}, \exists O^{i_1}, \dots, O^{i_q} \in \mathcal{O}, D^{j_1} \cap O^{i_1} \neq \emptyset, \dots, D^{j_p} \cap O^{i_q} \neq \emptyset \quad (7.13)$$

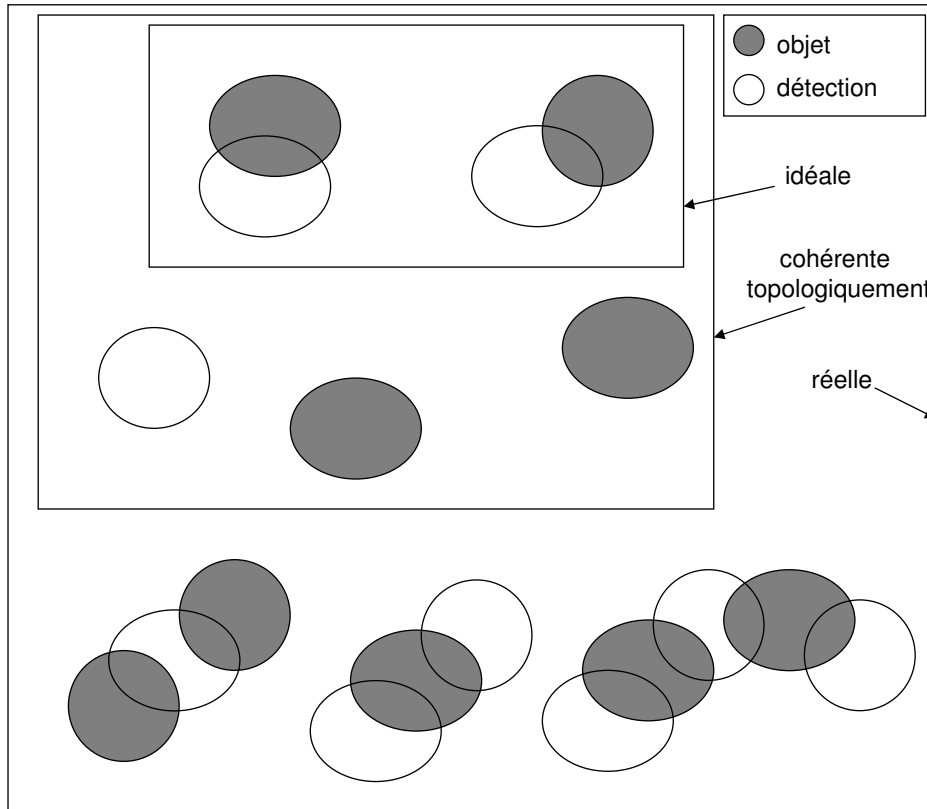


FIG. 7.1: Formes de détection : situation idéale, cohérente topologiquement et réelle

chacune offrant des détections ou/et des objets n'entrant dans aucun des cas 1, 2 et 3. L'ensemble de détection \mathcal{D} réel est en effet de manière générale incohérent topologiquement avec \mathcal{O} (figure 7.1). Si \mathcal{D} a cette forme, θ^* n'existe pas dans Θ .

Pour qu'un θ^* existe il faut donc au moins que \mathcal{D} soit cohérent topologiquement, c'est à dire qu'il ne contienne pas de détections fusionnées, partielles ou plus généralement de combinaisons des deux. Dans la suite, nous proposons une méthode pour transformer \mathcal{D} fourni par le détecteur en un \mathcal{D}' cohérent topologiquement de manière à assurer l'existence de θ^* .

7.3 Le retour d'information : une solution possible ?

Nous ouvrons ici une parenthèse pour citer une idée à laquelle on pourrait naturellement penser afin de contourner ce problème : le retour d'information de la méthode de suivi vers la méthode de détection afin de l'influencer dans sa tâche. En clair, il s'agit de favoriser la détection dans les zones de forte probabilité de présence d'un objet et, inversement, de la défavoriser dans des zones de faible probabilité, ceci afin de minimiser les erreurs de détection. Une méthode proche est proposée dans [Willet *et al.*, 2001] de manière assez simple dans un contexte différent puisqu'il concerne le suivi d'un objet unique, l'objectif étant de minimiser

l'impact du bruit sur le résultat. Dans le cas de plusieurs objets, la méthode adaptée que nous avons testée, grâce au travail de L. Penard [Penard, 2003], a donné de très mauvais résultats. En effet, ceci a conduit à un taux d'erreur nettement plus élevé. Deux raisons peuvent expliquer ceci :

- la détection n'étant plus similaire d'une image à la suivante, l'aspect de l'objet suivi est artificiellement déformé, problème qui peut nettement perturber l'étape d'association.
- si le modèle du filtre n'est pas de bonne qualité, la zone de détection la plus favorisée ne va pas contenir de mesure de l'objet, en revanche, l'objet risque de ne pas produire de mesure puisque situé dans une zone défavorisée.

C'est sans doute pour ces raisons que cette voie est peu explorée dans la littérature. Nous proposons de reformuler le problème d'association en réexaminant la topologie du résultat de la détection \mathcal{D} sans pour autant influencer cette détection.

7.4 Des mesures virtuelles : l'association séparation-fusion

Dans cette partie, nous tentons de modifier l'ensemble de détection \mathcal{D} proposé par le détecteur en un \mathcal{D}' cohérent topologiquement avec \mathcal{O} de manière à garantir l'existence d'un événement réalisable d'associations jointes correspondant à la situation réelle \mathcal{O} . L'idée générale est que l'on peut toujours redistribuer les ω de \mathcal{D} pour former un tel \mathcal{D}' . Nous appelons par la suite les mesures issues des détections de \mathcal{D}' des *mesures virtuelles* car elles sont artificiellement générées. Le détecteur n'a donc plus qu'une fonction de sélection des éléments de l'espace d'observation susceptibles d'être produits par un des objets. En revanche, il ne fournit plus la topologie de ces objets ou du moins les détections qu'il produit peuvent être remises en question par les connaissances *a priori* que l'on possède sur ces objets. Pour construire un peu plus précisément cette redistribution, nous nous proposons de décrire la transformation à appliquer chaque fois qu'une situation nécessite de redistribuer les ω de \mathcal{D} . Les trois situations sont les suivantes :

1. Soit \mathcal{D} un ensemble de détections qui contient une détection fusionnée de n objets. On a :

$$\exists O^1, \dots, O^n \in \mathcal{O}, \exists D \in \mathcal{D}, O^1 \cap D \neq \emptyset, \dots, O^n \cap D \quad (7.14)$$

Tout sous-ensemble de $\mathcal{P}(\Omega)$ est dans $\mathcal{P}(\Omega)$, On peut donc définir une application de séparation paramétrée par les objets O^1, \dots, O^n :

$$S_{O^1, \dots, O^n} : \mathcal{P}(\Omega) \rightarrow \mathcal{P}(\Omega)^n \quad (7.15)$$

$$D \mapsto (D^1, \dots, D^n) \quad (7.16)$$

qui effectue l'opération suivante sur les ω de D :

$$D^1 = \{\omega \in D, \omega \sim O^1\} \quad (7.17)$$

$$\dots = \dots \quad (7.18)$$

$$D^n = \{\omega \in D, \omega \sim O^n\} \quad (7.19)$$

Si on construit un ensemble de détections \mathcal{D}' de la façon suivante

$$\mathcal{D}' = \{\mathcal{D} \setminus D, S_{O^1, \dots, O^n}(D)\} \quad (7.20)$$

\mathcal{D}' respecte 7.10, il est donc topologiquement cohérent. Par conséquent, il existera dans $Z(\mathcal{D}')$ une mesure pour chaque objet, en particulier pour O^1, \dots, O^n (les mesures $\mathbf{z}(D^1), \dots, \mathbf{z}(D^n)$ sont appelées mesures virtuelles). On peut donc trouver un événement réalisable d'associations jointes θ correspondant à \mathcal{O} dans Θ' construit avec $Z(\mathcal{D}')$.

2. Soit \mathcal{D} un ensemble de détections qui contient n détections partielles d'un objet. On a :

$$\exists D^1, \dots, D^n \in \mathcal{D}, \exists O \in \mathcal{O}, D^1 \cap O \neq \emptyset, \dots, D^n \cap O \neq \emptyset \quad (7.21)$$

Toute union d'éléments de $\mathcal{P}(\Omega)$ est dans $\mathcal{P}(\Omega)$. On peut donc définir une application de fusion paramétrée par l'objet O :

$$M_O : \mathcal{P}(\Omega)^n \rightarrow \mathcal{P}(\Omega) \quad (7.22)$$

$$(D^1, \dots, D^n) \mapsto D \quad (7.23)$$

qui effectue l'opération suivante sur les ω de D^1, \dots, D^n :

$$D = \{\omega \in D^1 \cup \dots \cup D^n, \omega \sim O\} \quad (7.24)$$

Si on construit un ensemble de détection \mathcal{D}' de la façon suivante

$$\mathcal{D}' = \{\mathcal{D} \setminus (D^1, \dots, D^n), M_O(D^1, \dots, D^n)\} \quad (7.25)$$

\mathcal{D}' respecte 7.10, il est donc topologiquement cohérent. Par conséquent, il existera dans $Z(\mathcal{D}')$ une mesure pour chaque objet en particulier pour O (la mesure $\mathbf{z}(D)$ est appelée mesure virtuelle également). On peut donc trouver un événement réalisable d'associations jointes θ correspondant à \mathcal{O} dans Θ' construit avec $Z(\mathcal{D}')$.

3. Soit \mathcal{D} un ensemble de détections qui contient des détections partielles de n objets O^1, \dots, O^n qui ont fusionné en m détections. On a :

$$\exists O^1, \dots, O^n \in \mathcal{O}, \exists D^1, \dots, D^m \in \mathcal{D}, \exists O \in \mathcal{O}, \exists D \in \mathcal{D}, O^1 \cap D^1 \neq \emptyset, \dots, O^n \cap D^m \quad (7.26)$$

On applique S :

$$(D^{11}, \dots, D^{1n}) = S_{O^1, \dots, O^n}(D^1) \quad (7.27)$$

$$\dots = \dots \quad (7.28)$$

$$(D^{m1}, \dots, D^{mn}) = S_{O^1, \dots, O^n}(D^m) \quad (7.29)$$

puis M :

$$D'^1 = M_{O^1}(D^{11}, \dots, D^{m1}) \quad (7.30)$$

$$\dots = \dots \quad (7.31)$$

$$D'^n = M_{O^n}(D^{1n}, \dots, D^{mn}) \quad (7.32)$$

Si on construit un ensemble de détection \mathcal{D}' de la façon suivante

$$\mathcal{D}' = \{\mathcal{D} \setminus (D^1, \dots, D^m), (D^1, \dots, D^m)\} \quad (7.33)$$

\mathcal{D}' respecte 7.10, il est donc topologiquement cohérent. Par conséquent, il existera dans $Z(\mathcal{D}')$ une mesure pour chaque objet en particulier pour O^1, \dots, O^n (les mesures $\mathbf{z}(D^1), \dots, \mathbf{z}(D^m)$ sont appelées mesures virtuelles également). On peut donc trouver un événement réalisable d'association joint θ correspondant à \mathcal{O} dans Θ' construit avec $Z(\mathcal{D}')$.

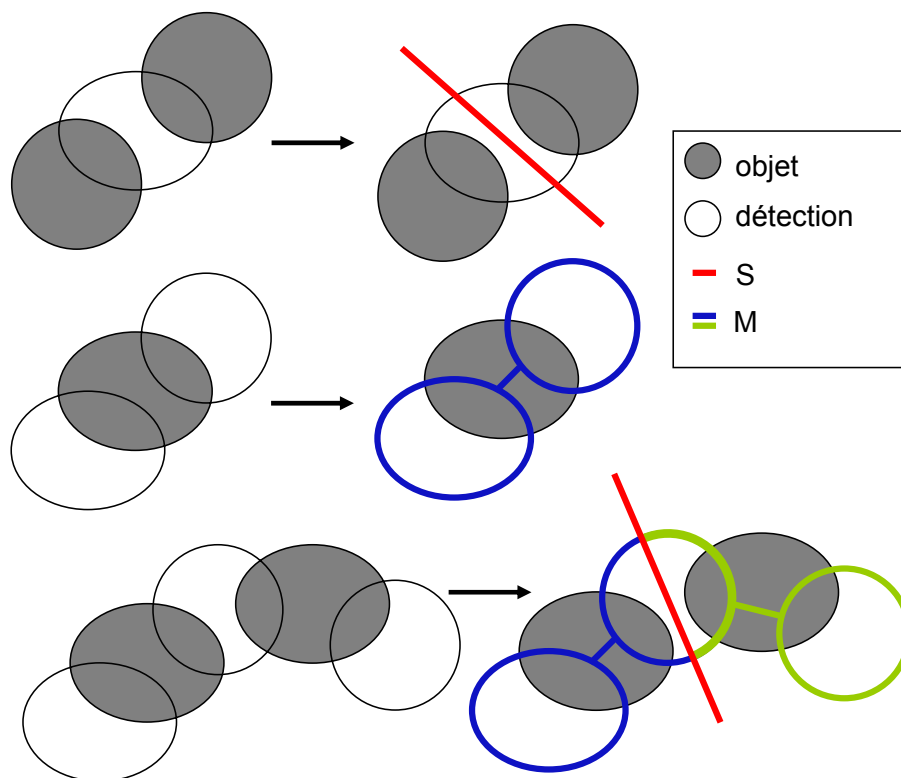


FIG. 7.2: Fonction de séparation et fonction de fusion : on retrouve une forme cohérente topologiquement en utilisant alternativement ou successivement la fonction de séparation et la fonction de fusion

En théorie, (si on connaît \mathcal{O} !!) on peut donc remodeler avec S et M l'ensemble de détection \mathcal{D} fourni par le détecteur afin de construire un événement réalisable d'associations jointes correspondant à \mathcal{O} .

7.5 Implémentations

La section précédente est relativement abstraite au regard d'une implémentation puisque S et M sont paramétrées par les objets O dont on ne dispose pas. En revanche, le filtre bayésien nous offre une information sur ces objets sous la forme de densités de mesures prédites.

L'idée est donc de proposer des algorithmes approchant le résultat obtenu précédemment. En effet, les filtres bayesiens vont nous aider d'une part à repérer les détections fusionnées ou partielles ou les composantes des deux, et d'autre part, deux applications prédéfinies s et m paramétrées par les mesures prédites vont nous permettre de remodeler l'ensemble de détection afin de le rendre cohérent topologiquement. L'algorithme commence à se dessiner, on va donc :

- sélectionner les détections susceptibles d'être partielles ou fusionnées grâce aux filtres bayesiens (on propose deux implantations différentes dans la partie suivante)
- appliquer s et/ou m selon le cas.
- sélectionner l'événement réalisable d'associations jointes qui maximise la probabilité jointe d'association.

A partir de cet objectif, les fonctions de séparation et de fusion auront la forme suivante :

- on cherche à obtenir q détections à partir d'une détection et de q mesures prédites. La fonction de séparation $s_q(\cdot)$ sera donc définie par :

$$s_q : \mathcal{P}(\Omega) \times \mathbb{R}^{d \times q} \rightarrow \mathcal{P}(\Omega)^q \quad (7.34)$$

$$(D_t, \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^{i_1}, \dots, \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^{i_q}) \mapsto (D_t^1, \dots, D_t^q) \quad (7.35)$$

- on cherche à obtenir une détection depuis q détections et une mesure prédite. La fonction de fusion noté $m_q(\cdot)$ sera donc définie par :

$$m_q : \mathcal{P}(\Omega)^q \times \mathbb{R}^d \rightarrow \mathcal{P}(\Omega) \quad (7.36)$$

$$(D_t^1, \dots, D_t^q, \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^{i_1}) \mapsto D_t \quad (7.37)$$

où $s_1(D, \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^{i_1}) = D$, $m_1(D, \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^{i_1}) = D$ et $(m_q \circ s_q)(D, \cdot) = D$.

Nous proposons deux implantations utilisant ces fonctions. La première est une implantation dite « naïve » puisqu'elle explore toutes les possibilités que peut être amenée à créer cette succession de séparations et de fusions avant la sélection d'une d'entre elles par les filtres bayesiens. La seconde dite « globale » présente deux avantages sur la première : elle est de complexité moins élevée et offre une meilleure sélection des détections susceptibles d'être fusionnées.

Implantation «naïve»

Cette implantation consiste à construire toutes les possibilités localement pour chaque conflit.

L'ensemble des détections dont la mesure se trouve dans la fenêtre de recherche de la trajectoire i est notée E_i . En fonction du filtre bayésien choisi, cette fenêtre est souvent liée à la covariance de l'innovation. Une détection est dite *en conflit* si sa mesure appartient à deux fenêtres de validation ou plus (on discutera de cette approximation dans la deuxième implantation). On applique la fonction de séparation à chaque détection D^j en la paramétrant par les mesures prédites $Z_{t|t-1}^j = \{\mathbf{z}_{t|t-1}^{i_1}, \dots, \mathbf{z}_{t|t-1}^{i_q}\}$ concernées par ce conflit. On obtient alors pour chaque détection en conflit des détections correspondant à chaque mesure prédite :

$$(D^{j_{i_1}}, \dots, D^{j_{i_q}}) = s_q(D^j, \mathbf{z}_{t|t-1}^{i_1}, \dots, \mathbf{z}_{t|t-1}^{i_q}) \quad (7.38)$$

Par ailleurs, on note N_i l'ensemble des détections contenues dans la fenêtre de recherche de la trajectoire i qui ne sont pas en conflit. E'_i est défini comme l'union des détections non conflictuelles et des détections obtenues par (7.38) pour la trajectoire i :

$$E'_i = N_i \cup \bigcup_j \{D^{ji}\} \quad (7.39)$$

Enfin l'ensemble des mesures virtuelles est obtenu en appliquant la fonction de fusion à toutes les combinaisons possibles pour chaque trajectoire i (ensemble des parties de E'_i notée $\mathcal{P}(E'_i)$)

$$Z'_i = \{\mathbf{z}(m_q(\mathbf{e}_j, \mathbf{z}_{i|t-1}^i)), \mathbf{e}_j \in \mathcal{P}(E'_i)\} \quad (7.40)$$

On forme à partir de $Z' = \bigcup_i Z'_i$ le nouvel ensemble Θ' dans lequel on est sûr de trouver un événement réalisable d'associations jointes correspondant aux objets pour le filtre bayésien dont la qualité dépend évidemment du choix de s_q et m_q . On veut qu'elle maximise la probabilité d'association jointe du filtre bayésien donc :

$$\theta^* = \arg \max_{\theta \in \Theta'} P(\theta | \mathbf{Z}_{1:t}) \quad (7.41)$$

Dans le cas d'un filtre linéaire gaussien par exemple on a :

$$\theta^* = \max_{\theta \in \Theta'} \frac{\gamma(\theta)}{c} \quad \text{où } c = \sum_{\theta} \gamma(\theta) \quad (7.42)$$

et

$$\gamma(\theta) = \frac{\phi!}{V^\phi} \prod_j (\Lambda_{i_j j})^{\tau_j} \prod_i \{(P_D^i)^{\delta_i} (1 - P_D^i)^{1-\delta_i}\} \quad (7.43)$$

où ϕ , τ_j et P_D^i , δ_i et V sont définis de la même façon que dans la partie 5.37. On met ensuite à jour le filtre bayésien avec θ^* .

Il est important de constater que l'ensemble $Z' \times \dots \times Z'$ qui contient Θ' est rapidement immense puisque c'est un arrangement de n (n étant le nombre d'objets suivis) parmi un ensemble qui est plus grand que $\mathcal{P}(n)$ du fait de l'opération de séparation. Θ' est plus petit puisque c'est la combinaison de n parmi un ensemble qui est plus grand que $\mathcal{P}(n)$. Deux solutions sont proposées ici pour rendre possible la construction de Θ' depuis $Z' \times \dots \times Z'$:

- à chaque temps, il est possible de séparer le problème en autant de sous-problèmes indépendants qu'il y a de groupes de trajectoires en conflit indépendants. Un groupe de trajectoire en conflit est un ensemble de trajectoires reliées par des détections en conflit. Deux groupes de trajectoires en conflit sont indépendants s'il n'y a aucune détection en conflit les reliant.
- l'ensemble des arrangements possibles de $Z' \times \dots \times Z'$ est un arbre que l'on n'est pas systématiquement obligé de parcourir pour en extraire les branches formant Θ' . On peut effectivement élaguer de grandes parties de cet arbre dès que le nouvel événement considéré rend l'événement réalisable d'associations jointes en construction non associable. Malheureusement, le sens de parcours optimal ne peut pas être déterminé avant le parcours lui même.

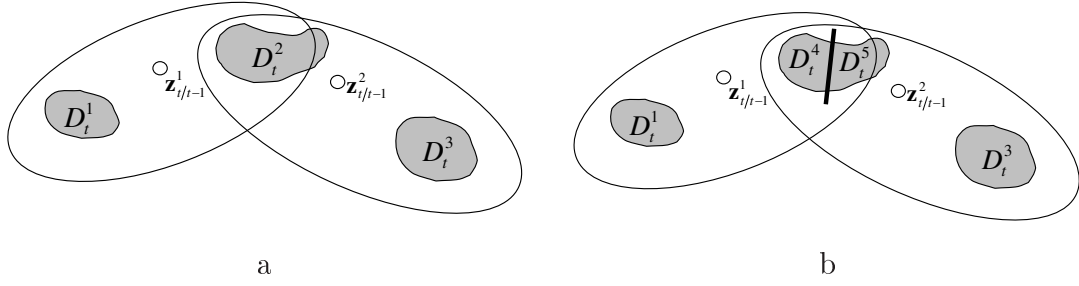


FIG. 7.3: a) Deux objets sont face à trois détections D_t^1, D_t^2, D_t^3 , b) la fonction de séparation est appliquée à la détection en conflit D_t^2 .

Outre le fait que l'implémentation de cet algorithme est difficile, ces optimisations ne permettent pas de considérer un grand nombre d'objets. Ou plus exactement, elles ne permettent pas de considérer une grande densité d'objets puisque la complexité explose avec l'augmentation du nombre de conflits. C'est un peu dommage pour un algorithme qui est censé être valorisé par ce genre de situation.

Exemple : sur la figure 7.3-a, deux objets sont face à trois détections. Après l'application de la fonction de séparation à la détection en conflit (i.e. dont la mesure est située dans les deux fenêtres de recherche), on obtient $(D_t^4, D_t^5) = s(D_t^2, \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^1, \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^2)$ figure 7.3-b, les événements réalisables d'associations jointes sont ensuite :

$\mathbf{z}_{t t-1}^1$	$\mathbf{z}_{t t-1}^2$	Commentaire
\mathbf{z}_0	\mathbf{z}_0	aucun objet n'est détecté
\mathbf{z}_0	$\mathbf{z}(D_t^4)$	seul l'objet 2 est détecté par D_t^4
\mathbf{z}_0	$\mathbf{z}(D_t^5)$...
\mathbf{z}_0	$\mathbf{z}(D_t^3)$	
\mathbf{z}_0	$\mathbf{z}(m_2(D_t^4, D_t^5))$	l'objet 2 est détecté par $m_2(D_t^4, D_t^5)$
\mathbf{z}_0	$\mathbf{z}(m_2(D_t^5, D_t^3))$	
\mathbf{z}_0	$\mathbf{z}(m_2(D_t^4, D_t^3))$	
\mathbf{z}_0	$\mathbf{z}(m_3(D_t^4, D_t^5, D_t^3))$	
$\mathbf{z}(D_t^1)$	$\mathbf{z}(D_t^4)$	
$\mathbf{z}(D_t^1)$	$\mathbf{z}(D_t^5)$	
$\mathbf{z}(D_t^1)$	$\mathbf{z}(D_t^3)$	
...
$\mathbf{z}(m_2(D_t^1, D_t^4))$	$\mathbf{z}(m_2(D_t^5, D_t^3))$	
...
$\mathbf{z}(m_3(D_t^1, D_t^4, D_t^5))$	\mathbf{z}_0	

Implantation «globale»

Pour remédier au problème de complexité décrit ci-dessus et parce qu'une mesure validée par plusieurs trajectoires n'est pas une approximation correcte de la mesure d'une détection fusionnée, l'idée est de considérer d'office que toutes les détections sont potentiellement en conflit et donc on applique une seule fois la fonction de séparation à une détection D formée des éléments de toutes les détections (qui reste dans $\mathcal{P}(\Omega)$) :

$$D = \{\omega, \exists D^j \in \mathcal{D}, \omega \in D^j\} \quad (7.44)$$

on obtient donc

$$F = \{s(D, Z_{t|t-1})\} \quad (7.45)$$

où chaque élément de F est une détection liée à une trajectoire mais qui, typiquement, est fractionnée en plusieurs composantes connexes, chacune appartenant à une des détections originales D^j . On décompose donc F en des sous-ensembles de détections E'_i qui regroupent les détections étiquetées par la trajectoire i . Ensuite la recherche des détections partielles se fait indépendamment pour chaque trajectoire i en appliquant la fonction de fusion à toutes les parties possibles de E'_i :

$$Z'_i = \{\mathbf{z}(m(\mathbf{e}_j, \mathbf{z}_{t|t-1}^i)), \mathbf{e}_j \in \mathcal{P}(E'_i)\} \quad (7.46)$$

A la différence de l'algorithme précédent, on sait ici que :

$$\bigcap_i Z'_i = \emptyset \quad (7.47)$$

Chaque trajectoire i va donc sélectionner indépendamment des autres, la mesure de la détection de Z'_i qui maximise sa probabilité d'association :

$$\mathbf{z}_i^* = \max_{\mathbf{z}(D^j), D^j \in Z'_i} P_i(\theta_{ij} | \mathbf{z}_{1:t}) \quad (7.48)$$

L'événement réalisable d'associations jointes qui maximise la probabilité jointe du filtre bayésien vaut ensuite simplement :

$$\theta^* = [\mathbf{z}_1^*, \dots, \mathbf{z}_n^*]^T \quad (7.49)$$

Cette deuxième implantation va être utilisée pour construire la méthode complète décrite au chapitre suivant.

Quatrième partie

Le suivi de taches fluorescentes

Chapitre 8

Assemblage de la méthode complète

La méthode complète que nous avons mise au point *in fine* pour répondre à notre problématique de suivi de taches fluorescentes est composée de la méthode de détection décrite au chapitre 3, d'un filtre à interaction de modèles multiples (IMM) munis de modèles adaptés, d'une méthode de mise à jour automatique de la covariance et de notre nouvelle méthode d'association séparation-fusion.

Dans la section 8.1 de ce chapitre nous proposons plusieurs modèles de transition que nous utiliserons avec les filtres IMM. Dans la section 8.2 nous proposons une méthode mise au point pour faire évoluer les fenêtres de recherche *via* la mise à jour de la covariance du bruit de transition. Enfin, dans la section 8.3 nous proposons des fonctions de séparation et de fusion, adaptées à la problématique des taches fluorescentes afin d'utiliser l'algorithme que nous avons exposé au chapitre précédent. L'algorithme 14 décrit l'ensemble de la méthode.

8.1 Le filtre et les modèles proposés

Modèle d'état et modèles de transition proposés

Comme on l'a vu, les objets biologiques ont des caractéristiques singulières. Notamment, ils ont la particularité de changer de type de mouvement très fréquemment. Les différentes dynamiques qui composent cette chaîne de type de mouvements peuvent, chacune, être modélisées par une application linéaire si on construit un vecteur d'état qui concatène les trois dernières positions spatiales. Il est alors possible de créer des modèles de dynamique à vitesse constante ou à accélération constante. Le filtre à Interaction de Modèle Multiples est donc bien adapté à notre problématique. Nous proposons dans cette section différents modèles de transition qui considèrent qu'un objet au temps t est caractérisé par un état qui

a la forme :

$$\mathbf{x}_t = \begin{bmatrix} x_t \\ y_t \\ z_t \\ v_t \\ i_t \\ x_{t-1} \\ y_{t-1} \\ z_{t-1} \\ x_{t-2} \\ y_{t-2} \\ z_{t-2} \end{bmatrix} \quad (8.1)$$

avec x_t, y_t, z_t la position spatiale 3D du centre de gravité de l'objet, v_t son volume, i_t son intensité moyenne, $x_{t-1}, y_{t-1}, z_{t-1}$ sa position au temps $t - 1$ et $x_{t-2}, y_{t-2}, z_{t-2}$ sa position au temps $t - 2$.

Nous faisons l'hypothèse que l'évolution des objets peut passer de l'un à l'autre des trois modèles suivants :

1. Le modèle "Random Walk" (RW) :

$$\mathbf{F}^1 = \left[\begin{array}{ccccc|cccccc} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \end{array} \right] \quad (8.2)$$

qui fait l'hypothèse que le prochain état est défini par le précédent et un bruit additif gaussien.

2. Le modèle "First order Linear Extrapolation" (FLE) :

$$\mathbf{F}^2 = \left[\begin{array}{cccccc|ccc} 2 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 2 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 2 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \end{array} \right] \quad (8.3)$$

qui suppose que l'état suivant est déterminé par le fait que la vitesse est supposée constante et que l'intensité et le volume sont conservés avec un bruit additif gaussien. Si on considère que \mathbf{p}_t représente simplement la position 3D x, y, z et $\dot{\mathbf{p}}_t$ la vitesse approximée au point \mathbf{p}_t , on impose donc une vitesse constante et les coefficients de la matrice sont simplement obtenus de la manière suivante :

$$\dot{\mathbf{p}}_{t+1} = \dot{\mathbf{p}}_t \quad (8.4)$$

$$\mathbf{p}_{t+1} - \mathbf{p}_t = \dot{\mathbf{p}}_t - \dot{\mathbf{p}}_{t-1} \quad (8.5)$$

$$\mathbf{p}_{t+1} = 2\mathbf{p}_t - \mathbf{p}_{t-1} \quad (8.6)$$

3. Le modèle "Second order Linear Extrapolation" (SLE) :

$$\mathbf{F}^3 = \begin{bmatrix} 3 & 0 & 0 & 0 & 0 & -3 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 3 & 0 & 0 & 0 & 0 & -3 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 3 & 0 & 0 & 0 & 0 & -3 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (8.7)$$

qui suppose que l'état suivant est déterminé par le fait que l'accélération est supposée constante et que l'intensité et le volume sont conservés avec un bruit additif gaussien. On a donc :

$$\ddot{\mathbf{p}}_{t+1} = \ddot{\mathbf{p}}_t \quad (8.8)$$

$$\dot{\mathbf{p}}_{t+1} - \dot{\mathbf{p}}_t = \dot{\mathbf{p}}_t - \dot{\mathbf{p}}_{t-1} \quad (8.9)$$

$$(\mathbf{p}_{t+1} - \mathbf{p}_t) - (\mathbf{p}_t - \mathbf{p}_{t-1}) = (\mathbf{p}_t - \mathbf{p}_{t-1}) - (\mathbf{p}_{t-1} - \mathbf{p}_{t-2}) \quad (8.10)$$

$$\mathbf{p}_{t+1} = 3\mathbf{p}_t - 3\mathbf{p}_{t-1} + \mathbf{p}_{t-2} \quad (8.11)$$

Il est à noter que dans les expressions ci-dessus, le modèle SLE considère les trois états précédents, que le modèle FLE considère seulement les deux états précédents et que le modèle RW ne considère que le tout dernier état. Les éléments en bas à droite de la séparation indiquée sur les matrices (8.2) et (8.3) sont donc inutiles et présents uniquement pour des raisons de compatibilité de dimensions entre les trois modèles.

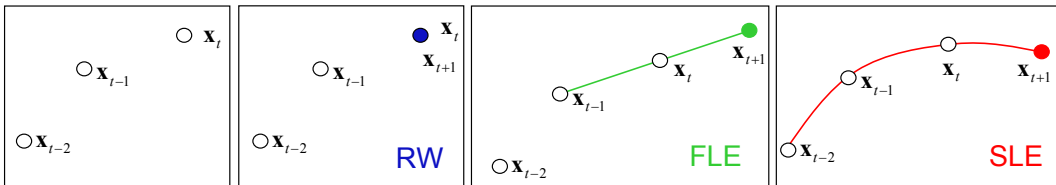


FIG. 8.1: Modèles de dynamique

Le choix des modèles est d'abord justifié sur la base qualitative des observations menées sur nombre d'objets biologiques qui notamment alternent entre des phases de mouvements dirigés et des phases de mouvements aléatoires [Blocker *et al.*, 1998; Seisenberger *et al.*, 2001; Babcock *et al.*, 2004; Shav-Tal *et al.*, 2004]. Ensuite, sur une étude plus quantitative [Genovesio and Olivo-Marin, 2003] dans laquelle nous avons montré que chacun de ces modèles était bien adapté pour décrire des parties de séquences dans lesquelles les objets gardent le même comportement.

Précisons pour finir que le modèle SLE peut être discutable dans notre cadre puisque les objets biologiques que nous observons sont soumis à des forces de viscosité et donc n'ont pas globalement d'inertie, cependant il participe bien à l'amélioration de la prédiction. Dans certains types d'applications, nous avons aussi proposé un modèle dit de *retour en arrière*, le modèle "Back Linear Extrapolation" (BLE) :

$$\mathbf{F}^4 = \left[\begin{array}{cccccccc|ccc} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{array} \right] \quad (8.12)$$

Modèles de mesure et d'observation proposés

Le modèle de mesure proposé est :

$$\mathbf{z}(t) = \begin{bmatrix} x_t \\ y_t \\ z_t \\ a_t \\ i_t \end{bmatrix} \quad (8.13)$$

avec x_t, y_t, z_t la position spatiale 3D du centre de gravité de la détection, v_t son volume et i_t son intensité moyenne. Le modèle d'observation est commun aux trois modèles de dynamique :

$$\mathbf{H} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (8.14)$$

8.2 Une fenêtre de recherche adaptative

Après l'étape de prédiction opérée par chacun des filtres composant l'IMM avec les équations (4.65) et (4.66), les mesures prédites par chaque modèle sont obtenues avec l'équation

$$\mathbf{z}_{t|t-1}^j = \mathbf{H}_t^j \mathbf{x}_{t|t-1} \quad (8.15)$$

Pour chaque filtre, une fenêtre de recherche autour de ces prédictions est déterminée par

$$G_t^j = \{ \mathbf{z}_t, [\mathbf{z}_t - \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^j]^T [\mathbf{S}_t]^{-1} [\mathbf{z}_t - \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^j] \leq g^2 \}$$

où \mathbf{S}_t est la covariance de l'innovation et g est déterminée depuis une table du $\chi_{dim(z)}^2$ et correspond à une probabilité > 0.95 (c'est à dire qu'on veut avoir un volume où on va trouver la mesure de l'objet suivi si il est détecté, avec une probabilité de 0.95). Ce volume est un ellipsoïde de dimension 5 pour le modèle de mesure que l'on a choisi.

Cependant, cette probabilité correspond à la probabilité du modèle posé et ne dépend pas des données. Dans cette partie, nous cherchons à restreindre la taille de cette fenêtre de recherche en fonction des données. Ceci est fait en ré-estimant à chaque itération la covariance réelle du bruit de transition, c'est à dire la matrice \mathbf{Q}_t . Soulignons ici le travail de Z. Belhassine [Belhassine, 2003] stagiaire suivi à l'Unité d'analyse d'image quantitative dans le cadre de ce travail et qui a notamment proposé la méthode 4 décrite ci-après. Une étude de la mise à jour de la covariance dans le cadre de ce travail est proposée dans [Genovesio *et al.*, 2004a].

Soit un vecteur aléatoire ν_t de matrice de covariance \mathbf{Q}_t . A chaque temps t , lorsqu'une nouvelle réalisation de ν_t est disponible, une estimation de \mathbf{Q}_t peut être obtenue de différentes façons :

1. Si on suppose que le modèle est très réaliste et que la covariance est constante, une estimation de \mathbf{Q}_t sera simplement fixée :

$$\hat{\mathbf{Q}}_t = \mathbf{Q}_0 \quad (8.16)$$

Ne pas mettre à jour la covariance du bruit de transition nécessite alors de bien choisir cette valeur initiale. Si cette covariance est trop petite par rapport aux erreurs possibles elle va induire une petite fenêtre de recherche et donc permettre à l'objet d'en sortir plus facilement. A l'opposée, si cette fenêtre est trop grande, elle va inclure des fausses détections et d'autres objets qui rendront l'étape d'association plus difficile et donc moins sûre.

2. Si la covariance du bruit de transition évolue avec le temps on peut essayer de la mettre à jour en recalculant la variance observée à chaque t :

$$\hat{\mathbf{Q}}_t = \frac{1}{t} \sum_{i=0}^t \tilde{\nu}_i \tilde{\nu}_i^T \quad (8.17)$$

où $\tilde{\nu} = \nu - \bar{\nu}$ et $\bar{\nu} = \frac{1}{t} \sum_{i=0}^t \nu_i$

3. Sa version récursive est dans ce cas plus adaptée :

$$\hat{\mathbf{Q}}_t = \frac{t-1}{t} \hat{\mathbf{Q}}_{t-1} + \frac{1}{t} \tilde{\nu}_t \tilde{\nu}_t^T \quad (8.18)$$

Il est clair ici que $\hat{\mathbf{Q}}_t$ converge et que les nouvelles valeurs prennent de moins en moins de poids au fur et à mesure que le nombre de valeurs augmente. Ceci a l'effet non désiré de rigidifier la fenêtre de recherche. Rapidement, elle ne s'adapte plus aux données nouvelles, entraînant un risque de perte de l'objet si celui-ci réalise un brusque écart de comportement.

4. Pour prévenir ce type de problème, le poids du passé $\frac{t-1}{t}$ peut être remplacé par une constante α que l'on nomme *facteur de mémoire*, $0 < \alpha < 1$. A chaque étape t la covariance estimée sera alors obtenue avec :

$$\hat{\mathbf{Q}}_t = \alpha \hat{\mathbf{Q}}_{t-1} + (1 - \alpha) \tilde{\nu}_t \tilde{\nu}_t^T \quad (8.19)$$

Cette méthode a l'avantage de rester adaptative aux données. Toutefois, ceci renforce le poids des dernières valeurs, ce qui a pour conséquence une diminution de la fenêtre lorsque plusieurs valeurs ont été bien estimées consécutivement, c'est-à-dire lorsque l'erreur $\tilde{\nu}_t$ est petite. On a alors ici aussi un risque de perte de l'objet, cette fois-ci parce que l'adaptation ne tient compte que d'un ensemble peu représentatif de valeurs.

5. Pour limiter cette réduction de la fenêtre de recherche, nous avons proposé une méthode qui permet de fixer une valeur minimale. Son expression est la suivante :

$$\hat{\mathbf{Q}}_t = \alpha \hat{\mathbf{Q}}_{t-1} + \beta \tilde{\nu}_t \tilde{\nu}_t^T + \gamma \mathbf{Q}_0, \quad (8.20)$$

avec $\alpha + \beta + \gamma = 1$, où α est le *facteur mémoire*, γ détermine le poids du volume minimal et \mathbf{Q}_0 détermine la forme de ce volume minimal.

dans notre contexte, la valeur $\tilde{\nu}_t$ est obtenue pour chaque filtre interne à l'IMM en calculant l'erreur de prédiction de l'état qui est commise entre l'état estimé $\hat{\mathbf{x}}_{t|t}$ et l'état prédit $\hat{\mathbf{x}}_{t|t-1}$:

$$\tilde{\nu}_t = \hat{\mathbf{x}}_{t|t} - \hat{\mathbf{x}}_{t|t-1} \quad (8.21)$$

On obtient alors, comme on le verra dans l'étape de validation une adaptation de la fenêtre de recherche à l'évolution des mesures de l'objet qui est souple et qui garantit pourtant de ne pas perdre la mesure. Par ailleurs ceci présente l'avantage que chaque filtre adapte son bruit à l'objet qu'il suit.

8.3 Les fonctions de l'association séparation-fusion

Dans le cadre du suivi de taches fluorescentes, nous utilisons l'algorithme de séparation-fusion proposé plus haut avec les fonctions de séparation et de fusion que nous décrivons dans cette partie.

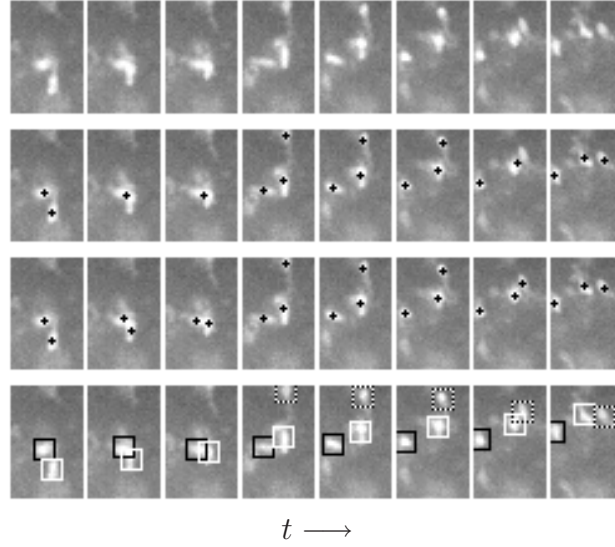


FIG. 8.2: Première ligne : séquence originale, deuxième ligne : mesures, troisième ligne : mesures virtuelles sélectionnées par les filtres bayesiens, quatrième ligne : suivi.

Séparation

Méthode 1

Pour la séparation nous proposons de détourner l'emploi des k -moyennes de leur utilisation classique pour la classification non supervisée. L'algorithme des k -moyennes est décrit dans l'annexe C.1 page 151. Dans son utilisation première, le choix de l'initialisation des centres de classes est plutôt considéré comme un problème puisque la convergence en dépend assez fortement. Ici, ce choix arbitraire devient un avantage puisqu'on propose d'obtenir ces initialisations depuis les mesures prédites du filtre bayésien afin d'influencer volontairement la convergence des k -moyennes vers un ensemble proche. On a donc bien une séparation qui est paramétrée par l'information a priori que l'on possède sur les objets. On extrait donc les positions 3D des mesures prédites et on applique l'algorithme des k -moyennes sur l'ensemble des éléments de l'espace d'observation contenu dans la détection passée en paramètre. Les points qui ont la même étiquette à la sortie des k -moyennes forment alors des détections. L'algorithme des k -moyennes est donc utilisé comme fonction de séparation de la manière suivante :

$$s_q : \mathcal{P}(\Omega) \times \mathbb{R}^{d \times q} \rightarrow \mathcal{P}(\Omega)^q \quad (8.22)$$

$$\underbrace{\left(D_t, \underbrace{\hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^1, \dots, \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^q}_{\text{q centres}} \right)}_{\text{points}} \xrightarrow{\text{k-means}} \underbrace{(D_t^1, \dots, D_t^q)}_{\text{q classes}} \quad (8.23)$$

Méthode 2

Un problème inhérent aux k -moyennes est la forme des classes qu'il détermine. En effet, dans le cas d'une distance euclidienne classique, les classes prennent la forme de sphères.

Comme le filtre bayésien ne nous donne pas seulement une prédiction des mesures mais plus globalement des densités de mesure prédites, il est intéressant de lier la distance utilisée par les k -moyennes à ces densités. On veut qu'un point soit affecté à une classe lorsqu'il a une vraisemblance élevée, on peut donc par exemple considérer la distance entre un point et une classe i comme :

$$d(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^i) = \frac{1}{p(\mathbf{z}_t^i = \mathbf{x} | \mathbf{z}_{1:t-1}^i)^2} \quad (8.24)$$

Ainsi, la *forme* des classes est influencée par les filtres bayésiens.

Méthode 3

Un autre problème posé par les k -moyennes est que les tailles des classes sont semblables. Une amélioration supplémentaire importante de la première version a donc été d'influencer la taille des classes. Grâce encore au filtre bayésien nous possédons une prédiction du volume de notre objet. On peut donc calculer, pour l'ensemble de la scène la proportion des éléments de l'espace d'observation détecté que recherche chaque trajectoire. Nous proposons donc une modification de l'algorithme des k -moyennes qui prend en compte une contrainte de taille des classes. Cette nouvelle version est présentée en (Alg. 12). Ainsi, la *taille* des classes est influencée par le filtre bayésien.

Méthode 4

Il est également possible de poser une contrainte de conservation de la photométrie de chaque objet. La photométrie d'un objet est la somme des valeurs des voxels occupés par sa détection : $\int_D I(x, y, z) dx dy dz$. On obtient alors l'algorithme 13.

Méthode 5

Il sera intéressant de contraindre la version floue des k -moyennes (annexe C.2) afin d'assouplir l'affectation d'éléments trop éloignés.

Fusion

La fonction de fusion proposée qui respecte le prototype :

$$m_q : \mathcal{P}(\Omega)^q \times \mathbb{R}^d \rightarrow \mathcal{P}(\Omega) \quad (8.25)$$

$$(D_t^1, \dots, D_t^q, \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^{i_1}) \mapsto D_t \quad (8.26)$$

est plus simple. On récupère l'ensemble des éléments de l'espace d'observation contenus dans les détections D_t^1, \dots, D_t^q qui ont le label de la trajectoire i_1 pour créer une seule détection dont la mesure est constituée de la même façon que pour une détection classique. En effet, cette mesure est composée de la position spatiale $3D(x, y, z)$ du centre de gravité des ω , du volume qui est le nombre d' ω et de la moyenne des intensités des ω .

Algorithme 12 K-moyennes contraintes par le volume

ENTREES : n points, k centres de classe \mathbf{c}_j , k tailles de classe s_j (avec $\sum_j s_j = n$)

SORTIES : n points étiquetés par une des k classes, k centres de classes mis à jour

/* 1 - Marquer tous les points comme non affectés */

/* 2 - Assigner chaque point \mathbf{x}_i à une classe de la façon suivante : */

TANT QUE \mathbf{x}_i n'est pas affecté FAIRE

/* rechercher la classe j dont le centre est le plus proche de \mathbf{x}_i parmi les classes qui ne sont pas marquées comme ne pouvant pas être affectées à \mathbf{x}_i */

SI nombre d'éléments déjà affectés à la classe $j < s_j$ ALORS

 affecter \mathbf{x}_i à la classe j (noté $\mathbf{x}_i^{(j)}$)

SINON

 SI un élément \mathbf{x}_k de la classe j est tel que $d(\mathbf{x}_k, \mathbf{c}_j) > d(\mathbf{x}_i, \mathbf{c}_j)$ ALORS

 marquer \mathbf{x}_k comme non affecté

 affecter \mathbf{x}_i à la classe j

 SINON

\mathbf{x}_i est marqué comme ne pouvant pas être affecté à la classe j

 FIN SI

FIN SI

FIN TANT QUE

/* 3 - Mettre à jour le vecteur de centres de classes \mathbf{C}^t avec */

$$\mathbf{c}_j = \frac{1}{n_j} \sum_{i=1}^{n_j} \mathbf{x}_i^{(j)}$$

/* 4 - Boucler */

SI un \mathbf{x}_i ou plus a changé de classe ALORS

 retourner à l'étape 1

SINON

 s'arrêter

FIN SI

Algorithme 13 K-moyennes contraintes par la photométrie

ENTREES : n points, k centres de classe \mathbf{c}_j , k photométries p_j (avec $\sum_j p_j = n$)

SORTIES : n points étiquetés par une des k classes, k centres de classes mis à jour

/* 1 - Marquer tous les points comme non affectés */

/* 2 - Assigner chaque point \mathbf{x}_i à une classe de la façon suivante : */

TANT QUE \mathbf{x}_i n'est pas affecté FAIRE

/* rechercher la classe j dont le centre est le plus proche de \mathbf{x}_i parmi les classes qui ne sont pas marquées comme ne pouvant pas être affectées à \mathbf{x}_i */

SI la photométrie des éléments déjà affectés à la classe $j < p_j$ ALORS

 affecter \mathbf{x}_i à la classe j (noté $\mathbf{x}_i^{(j)}$)

SINON

 SI un élément \mathbf{x}_k de la classe j est tel que $d(\mathbf{x}_k, \mathbf{c}_j) > d(\mathbf{x}_i, \mathbf{c}_j)$ et que la photométrie obtenue est $< p_j$ ALORS

 marquer \mathbf{x}_k comme non affecté

 affecter \mathbf{x}_i à la classe j

 SINON

\mathbf{x}_i est marqué comme ne pouvant pas être affecté à la classe j

 FIN SI

FIN SI

FIN TANT QUE

/* 3 - Mettre à jour le vecteur de centres de classes \mathbf{C}^t avec */

$$\mathbf{c}_j = \frac{1}{n_j} \sum_{i=1}^{n_j} \mathbf{x}_i^{(j)}$$

/* 4 - Boucler */

SI un \mathbf{x}_i ou plus a changé de classe ALORS

 retourner à l'étape 1

SINON

 s'arrêter

FIN SI

Algorithme 14 Association multi-objets séparation-fusion : implantation globale

ENTREES : n filtres bayesiens, m détections

SORTIES : n filtres bayesiens mis à jour

/* 1 - PREDICTION : Construire la densité prédite de la mesure de chaque objet $p(\mathbf{z}_t|\mathbf{z}_{1:t-1})$ avec les filtres bayesiens. Obtenir des estimations de mesures prédites à partir de ces densités, typiquement la moyenne ou le maximum de vraisemblance. */

/* 2 - SEPARATION : Appliquer l'algorithme des k -moyennes contraintes à l'ensemble des éléments de l'espace d'observation sélectionné par le détecteur. Les positions prédites sont utilisées comme initialisation des centres de classe, les volumes prédits sont utilisés comme taille respective de chaque classe et l'inverse des densités de mesure prédites au carré sont utilisées comme distance. Chaque ensemble de points obtenu est lié à la prédiction qui a initialisé sa classe. */

/* 3 - FUSION : Les composantes connexes intra-classes sont déterminées par les détections originales. Toutes les combinaisons possibles de composantes d'une même classe sont fusionnées en des mesures virtuelles et représentent chacune une hypothèse de l'objet dont la prédiction a initialisé cette classe pour les k -moyennes. */

/* 4 - MISE A JOUR : La probabilité d'association de chaque hypothèse est calculée et la plus élevée est sélectionnée pour mettre à jour le filtre bayesien de chaque trajectoire. Alternativement, une pondération de type PDAF de l'ensemble des hypothèses peut être utilisée pour cette mise à jour. */

Cinquième partie

Résultats : évaluation et applications

Chapitre 9

Évaluation

Pour que notre méthode de suivi soit appliquée à l'étude de phénomènes biologiques, il est essentiel de disposer d'une évaluation des ses performances. Il faut en effet connaître les limites de cette méthode afin de l'appliquer dans de bonnes conditions. Par exemple, il est nécessaire de connaître la densité d'objets au delà de laquelle le suivi n'est plus assez performant. En effet, certaines applications s'intéressant à l'ensemble des objets ont besoin de reposer sur la garantie qu'une proportion importante de ceux-ci seront suivis sans erreur notable. D'autres applications nécessiteront le suivi précis d'un objet donc une bonne évaluation de la qualité du filtrage par l'IMM. Dans ce chapitre nous proposons la création de données synthétiques et nous évaluons chaque composante de la méthode proposée.

9.1 La création de données synthétiques

Obtenir une évaluation objective sur des données réelles s'est révélé une tâche difficile voire impossible. En effet, la trajectoire réelle d'un objet visualisé par un microscope n'est jamais connue puisqu'on tente de l'estimer. Quant au suivi effectué par des opérateurs humains, il présente plusieurs inconvénients :

- pour un suivi 2D, il est assez fastidieux et surtout d'une précision toute relative puisque chaque opérateur va déterminer un suivi différent comme l'a montré C. Zimmer dans [Zimmer *et al.*, 2002a] pour des objets plus gros.
- pour un suivi 3D, il est souvent trop fastidieux voire impossible du fait de la difficulté qu'ajoute la 3ème dimension spatiale pour le repérage de points. De plus - de manière étrange - très peu de personnes sont prêtes à passer des journées entières à suivre manuellement des petits points ...

Nous avons donc créé un générateur de séquences qui permet de créer des objets fluorescents qui se déforment et bougent selon une alternance entre plusieurs modèles de mouvement, le changement de modèle s'effectue selon un procédé aléatoire également.

Les objets synthétiques sont des gaussiennes 3D d'écart-type différents dont le résultat se traduit par des taches dont le diamètre varie entre 2 et 50 voxels. Ces taches se déforment grâce à la modification aléatoire des matrices de covariance de ces gaussiennes. Le mouvement est induit par un vecteur-vitesse qui est modifié aléatoirement à une date gouvernée également par une variable aléatoire. L'arrière-plan est constitué de gaussiennes de très forte

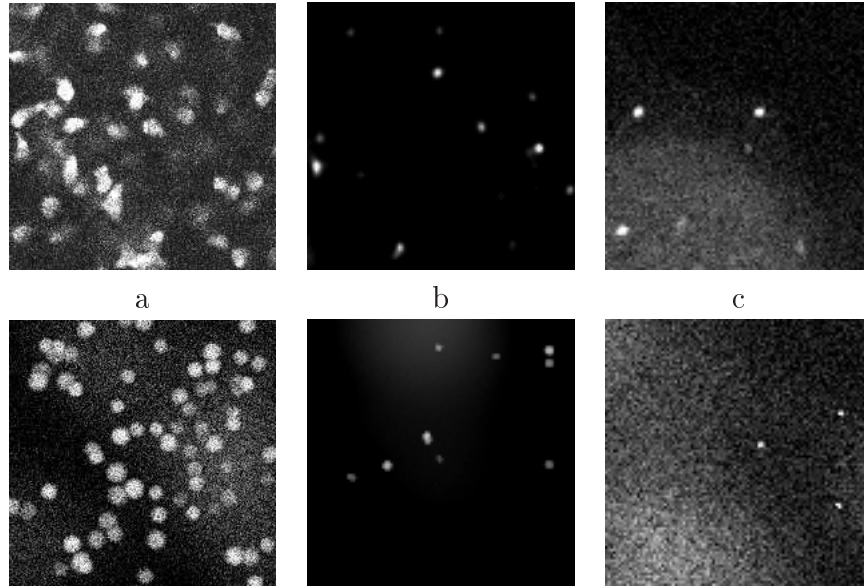


FIG. 9.1: La première ligne présente quelques exemples d’image de microscopie par fluorescence, la deuxième montre des données générées grâce au générateur de séquences mis au point. Le générateur est paramétrable de manière à imiter des types de séquence variés en terme de taille des objets, de bruit et de dynamique. a) endosomes b) vésicules marquées par quantum dots c) particules virales marquées par GFP. Le résultat obtenu est visuellement proche des données réelles.

variance additionnées d’un bruit blanc. Enfin, des sauts brusques de l’intensité globale simulent des artefacts liés aux microscopes confocaux. Tous les paramètres sont adaptables de sorte qu’il est possible de simuler plusieurs types d’objet comme le montrent les illustrations de la figure 9.1.

Générer des séquences synthétiques présente plusieurs intérêts pour notre validation :

- on connaît exactement les positions successives réelles de chaque objet puisque le générateur commence par créer les états successifs de chaque trajectoire avant de générer les gaussiennes en fonction de ces états. On cherche donc à obtenir un suivi multi-objets qui est le plus proche possible des trajectoires générées.
- l’évaluation peut être entièrement automatisée. En effet, si l’on fixe un procédé d’évaluation qui compare automatiquement les trajectoires générées et les trajectoires obtenues, on est capable d’étudier les capacités de notre algorithme au regard d’une application donnée.

Par la suite, on utilise ces données générées pour étudier la robustesse de l’algorithme proposé.

9.2 Évaluation du filtre IMM et de ses modèles

Pour illustrer l’intérêt de l’emploi d’un filtre IMM pour suivre des taches fluorescentes, la figure 9.2 montre l’erreur moyenne de prédiction sur 50 trajectoires générées aléatoirement. On voit que l’IMM s’adapte mieux que n’importe lequel des filtres pris indépendamment. La

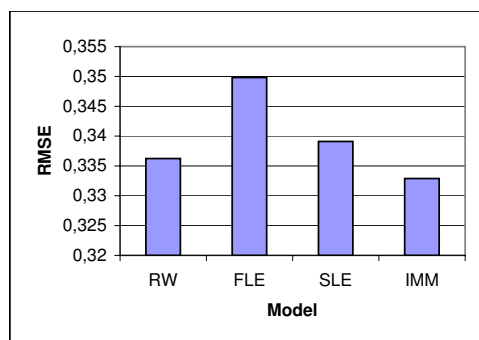


FIG. 9.2: Erreur de prédiction moyenne de l'IMM sur 50 trajectoires générées aléatoirement. RW : Random Walk, FLE : First order Linear Extrapolation, SLE : Second order Linear Extrapolation.

figure 9.3 montre l'impact du modèle de prédiction sur un suivi 3D avec une association de type maximum de vraisemblance.

Obj.	Modèles seuls			IMM
	RW	FLE	SLE	
10	80 / 0	86.7 / 0	86.7 / 0	90 / 3,7
20	78.3 / 2,1	75 / 2,2	76,7 / 2,2	80 / 2,1
30	73,3 / 7,6	71,1 / 3,1	71,1 / 1,6	80 / 6,9
40	61.7 / 1,4	64.2 / 1,3	63.3 / 2,6	66.6 / 2,5

FIG. 9.3: Comparaison de la qualité du suivi avec différents modèles utilisés indépendamment puis avec l'ensemble des modèles utilisés conjointement dans un filtre IMM. RW : Random Walk, FLE : First order Linear Extrapolation, SLE : Second order Linear Extrapolation. Les résultats sont donnés en terme de vrais positifs/faux positifs (L'erreur quadratique moyenne est calculée entre chaque trajectoire générée et chaque trajectoire obtenue et un seuil d'acceptation est fixé pour désigner une trajectoire correcte. Un vrai positif est une trajectoire obtenue qui correspond à une trajectoire générée, un faux positif est une trajectoire obtenue qui ne correspond à aucune trajectoire générée). Les données sont des séquences générées de 30 volumes de 100x100x10 voxels/image. L'association est de type Maximum de vraisemblance. On voit que globalement l'IMM obtient de meilleurs résultats même si il est susceptible d'entraîner quelques faux positifs.

9.3 Évaluation des fenêtres de recherche adaptative

Les méthodes 1, 3, 4 et 5 d'adaptation automatique de la fenêtre de recherche proposées dans la partie 8.2 (la méthode 2 est équivalente à la méthode 3) sont comparées ici sur un objet isolé d'une séquence réelle montrée figure 9.4.

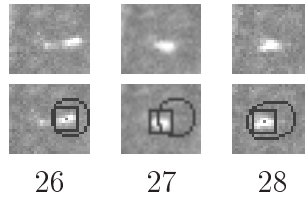


FIG. 9.4: Illustration de l'adaptation automatique de la fenêtre de recherche. Première ligne : images 26, 27 et 28 recadrées d'une séquence. Deuxième ligne : la tache suivie change brutalement de sens à l'image 27 et reste dans la fenêtre de recherche grâce à la méthode 5 proposée

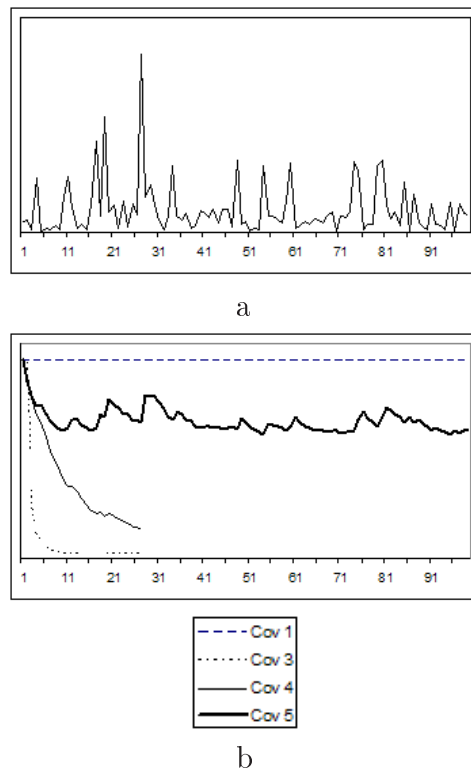


FIG. 9.5: I

illustration de différentes méthodes d'adaptation : a) erreur de la mesure prédite pour la méthode 5 b) volume de la fenêtre de recherche. Quand l'objet change subitement de direction à l'image 27, l'erreur est élevée et seules les méthodes 1 et 5 sont capables de conserver la mesure suivante dans la fenêtre de recherche. La méthode 5 présente de plus l'avantage de conserver cette fenêtre de recherche plus petite.

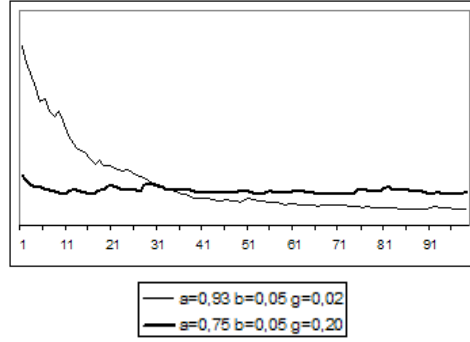


FIG. 9.6: Effet du changement des paramètres de la méthode 5 sur l'évolution du volume de recherche.

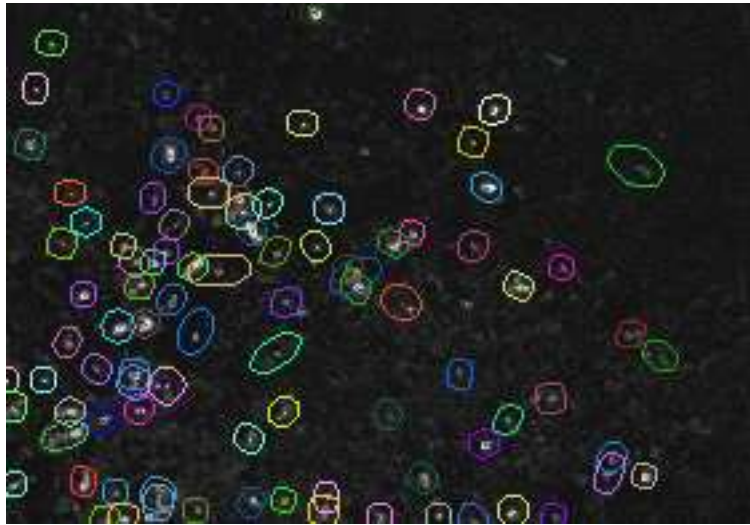


FIG. 9.7: Visualisation des fenêtres de validation adaptatives sur des données 2D+t réelles. L'adaptation des fenêtres de validation permet d'augmenter et de déformer automatiquement la fenêtre de recherche lorsque l'erreur de prédiction du filtre augmente.

Nous choisissons ici de présenter cet exemple qui illustre bien l'avantage de la méthode 5 que nous proposons. En effet, l'objet observé change brutalement de sens à l'image 27 provoquant l'élargissement de la fenêtre de recherche. A chaque étape du suivi avec un filtre de Kalman seul, les mesures suivantes sont relevées :

- la distance de Mahalanobis entre la mesure prédite et la mesure réelle associée :

$$d_t = [\mathbf{z}_t - \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^i]^T [\mathbf{S}_t]^{-1} [\mathbf{z}_t - \hat{\mathbf{z}}_{t|t-1}^i] \quad (9.1)$$

- le volume de la fenêtre de recherche, i.e., à une constante près, le produit des valeurs propres de la covariance résiduelle \mathbf{S}_t . Dans le cas 2D présenté, la fenêtre de validation est un hyper-ellipsoïde de dimension 4 puisque chaque mesure est construite avec la position x, y , l'aire a et l'intensité moyenne i de chaque détection.

La figure 9.5 montre l'évolution de ces mesures pour la tache fluorescente de la figure 9.4 calculée avec les méthodes 1, 3, 4 et 5. On peut voir que seules les méthodes 1 et 5 réussissent à conserver l'objet dans leur fenêtre de validation alors que les méthodes 3 et 4 perdent l'objet, soit parce que la forme s'est mal adaptée (méthode 3) soit parce que leur volume s'effondre (méthode 4). Le changement brutal de direction à l'image 27 est effet responsable de cette perte comme le montre le graphe d'erreur figure 9.4 à l'image 27. La méthode 5 permet donc de garder une taille raisonnable de manière à ne pas perdre l'objet mais elle produit également une fenêtre de recherche beaucoup plus petite que celle qui est fournie par la méthode 1. C'est ce qui nous intéressera particulièrement pour le suivi de multiples objets ou en présence de bruit pour faciliter l'étape d'association.

La figure 9.6 montre l'effet de la modification des paramètres de la méthode 5. Dans cet exemple, la courbe en gras est une version plus lisse de la version montrée en figure 9.5 où β a une plus petite valeur. C'est à dire que l'erreur actuelle est moins prise en compte par rapport aux connaissances passées. La courbe fine est une configuration où le *facteur memoire* α est élevé et la fenêtre minimum est réduite, la fenêtre de recherche met plus de temps à adapter son volume à une valeur plus petite.

9.4 Évaluation de l'algorithme d'association séparation-fusion

Cinq séquences avec 10, 20, 30, 40 et 50 objets ont été générées (soit 25 séquences en tout) pour effectuer une comparaison de la robustesse de notre algorithme par rapport aux autres méthodes. L'implémentation du MHT que nous avons effectuée par l'intermédiaire du stage de F. Ollivier [Ollivier, 2004] ne permettait pas de suivre plus que quelques objets (<5) avec un résultat assez comparable à l'algorithme ML. Nous avons donc restreint la comparaison à ce qu'il était possible de faire : une comparaison ML, JPDA et séparation-fusion (SM pour Split & Merge). Les figures 9.8, 9.9, 9.10 et 9.11 montrent les résultats obtenus. Pour toutes les densités d'objet, le SM offre un suivi de meilleure qualité. A partir d'une densité de 20 objets, il permet de suivre presque une fois et demie à deux fois plus d'objets que les deux autres méthodes.

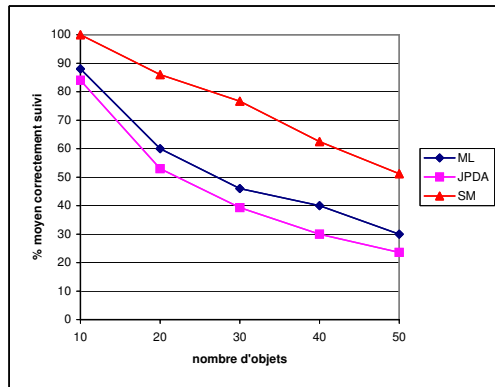


FIG. 9.8: Robustesse de l'algorithme SM : pourcentage moyen (sur 5 séquences) d'objets correctement suivis pour différentes densités d'objets. Comme évoqué précédemment, l'erreur quadratique moyenne est calculée entre chaque trajectoire générée et chaque trajectoire obtenue et un seuil d'acceptation est fixé pour désigner une trajectoire correcte. En pratique ce seuil est simple à déterminer puisque dès lors que la trajectoire obtenue dévie un peu de la trajectoire générée l'erreur quadratique moyenne devient très élevée.

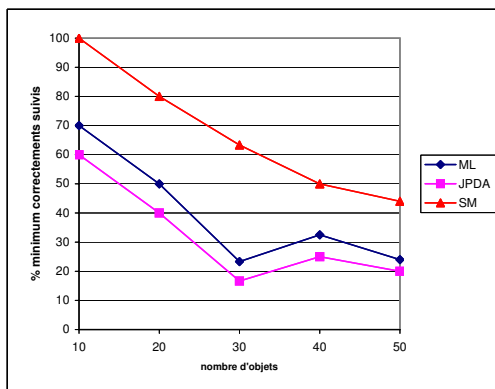


FIG. 9.9: Robustesse de l'algorithme SM : pourcentage minimum moyen (sur 5 séquences) d'objets correctement suivis pour différentes densités d'objets

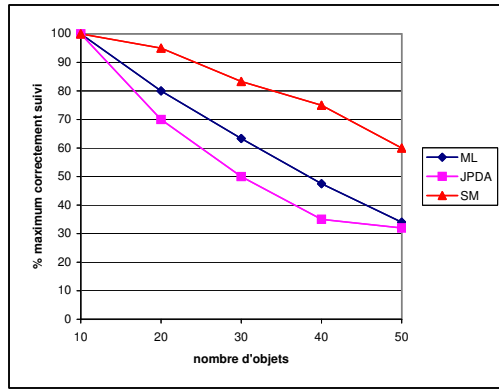


FIG. 9.10: Robustesse de l'algorithme SM : pourcentage maximum moyen (sur 5 séquences) d'objets correctement suivis pour différentes densités d'objets

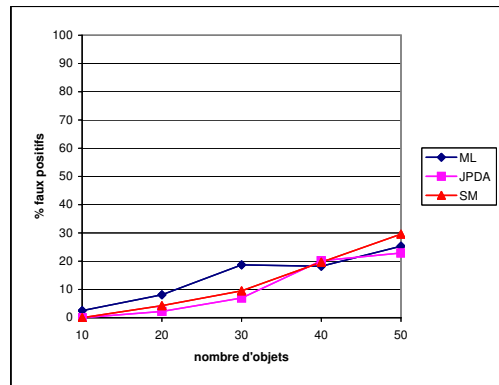


FIG. 9.11: Robustesse de l'algorithme SM : pourcentage moyen (sur 5 séquences) de faux positifs pour différentes densités d'objets

Enfin, il est intéressant de constater que l'initialisation des trajectoires tient un rôle important. En effet, si on considère le pourcentage d'objets correctement suivis par rapport aux objets effectivement détectés à la première image (y compris par des détections fusionnées ou partielles), on obtient des résultats encore meilleurs illustrés par la figure 9.12. Ceci pour illustrer le fait que si l'initialisation est effectuée manuellement, la méthode présentée permet un suivi multi-objets encore plus fiable.

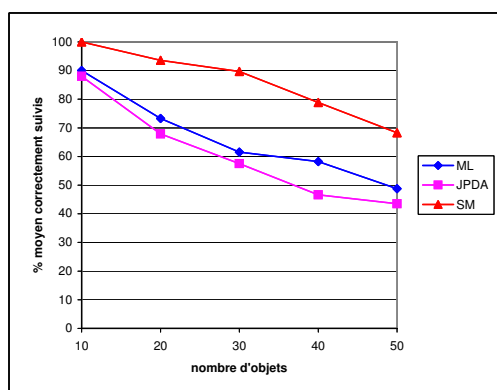


FIG. 9.12: Robustesse de l'algorithme SM : pourcentage moyen (sur 5 séquences) d'objets détectés à la première image et correctement suivis pour différentes densités d'objets

En conclusion, il apparaît que le filtre IMM doté des modèles que nous avons proposés est plus performant que chacun des modèles utilisés séparément. Nous illustrons le fait que notre méthode de mise à jour automatique de la covariance du bruit de transition des filtres permet de conserver une fenêtre de recherche de petit volume mais capable de s'adapter aux changements brusques. La méthode d'association séparation-fusion que nous avons mise au point est plus performante que les méthodes d'association ML et JPDA pour suivre des tâches.

Les figures suivantes montrent une séquence d'objets suivis par les trois méthodes ML, JPDA et SM. Elles offrent un moyen visuel de comprendre dans quelles situations se distingue notre méthode.

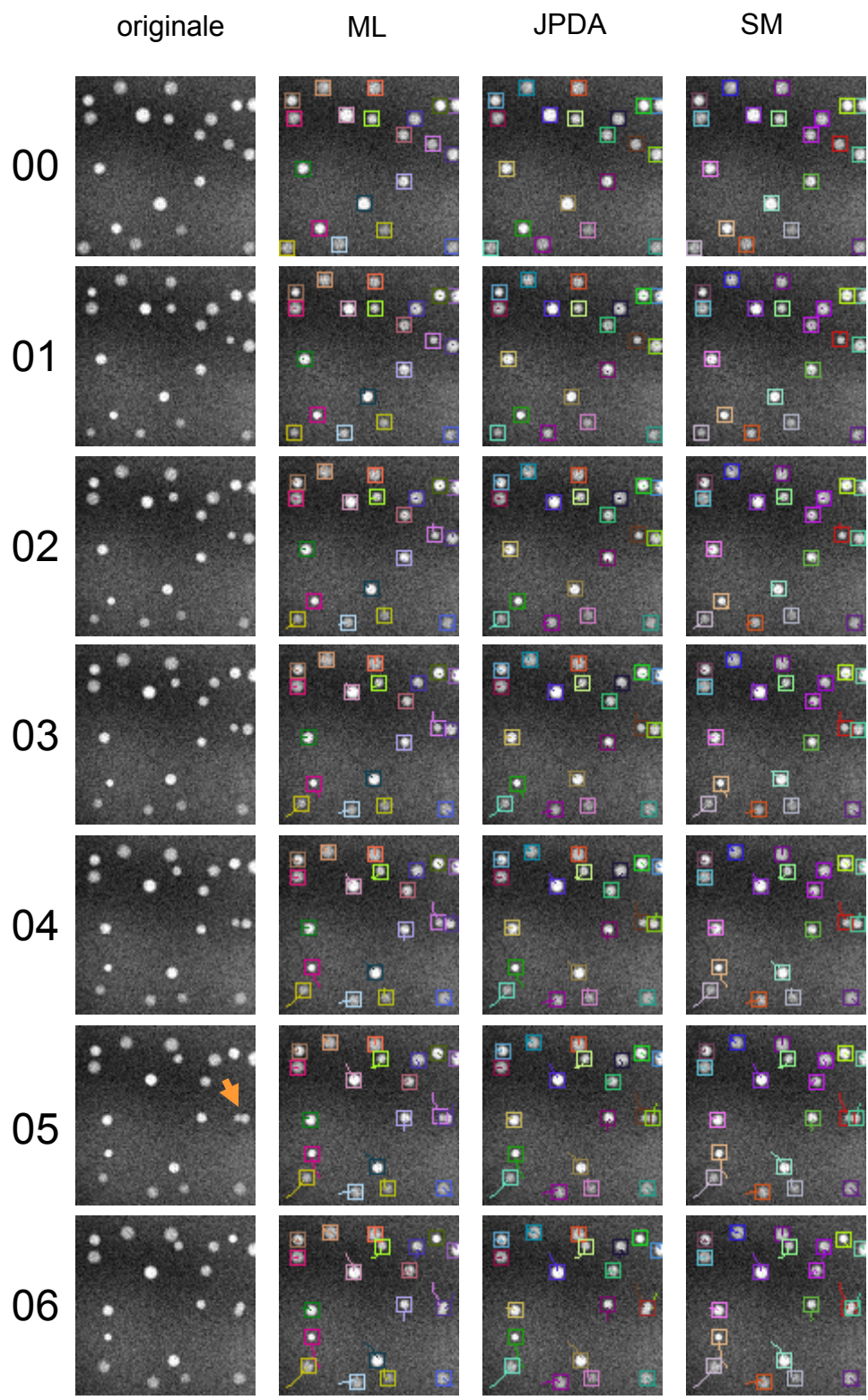


FIG. 9.13: Comparaison visuelle pour une séquence générée : à l'image 5 une première situation de fusion apparaît et n'est correctement gérée que par l'algorithme SM.

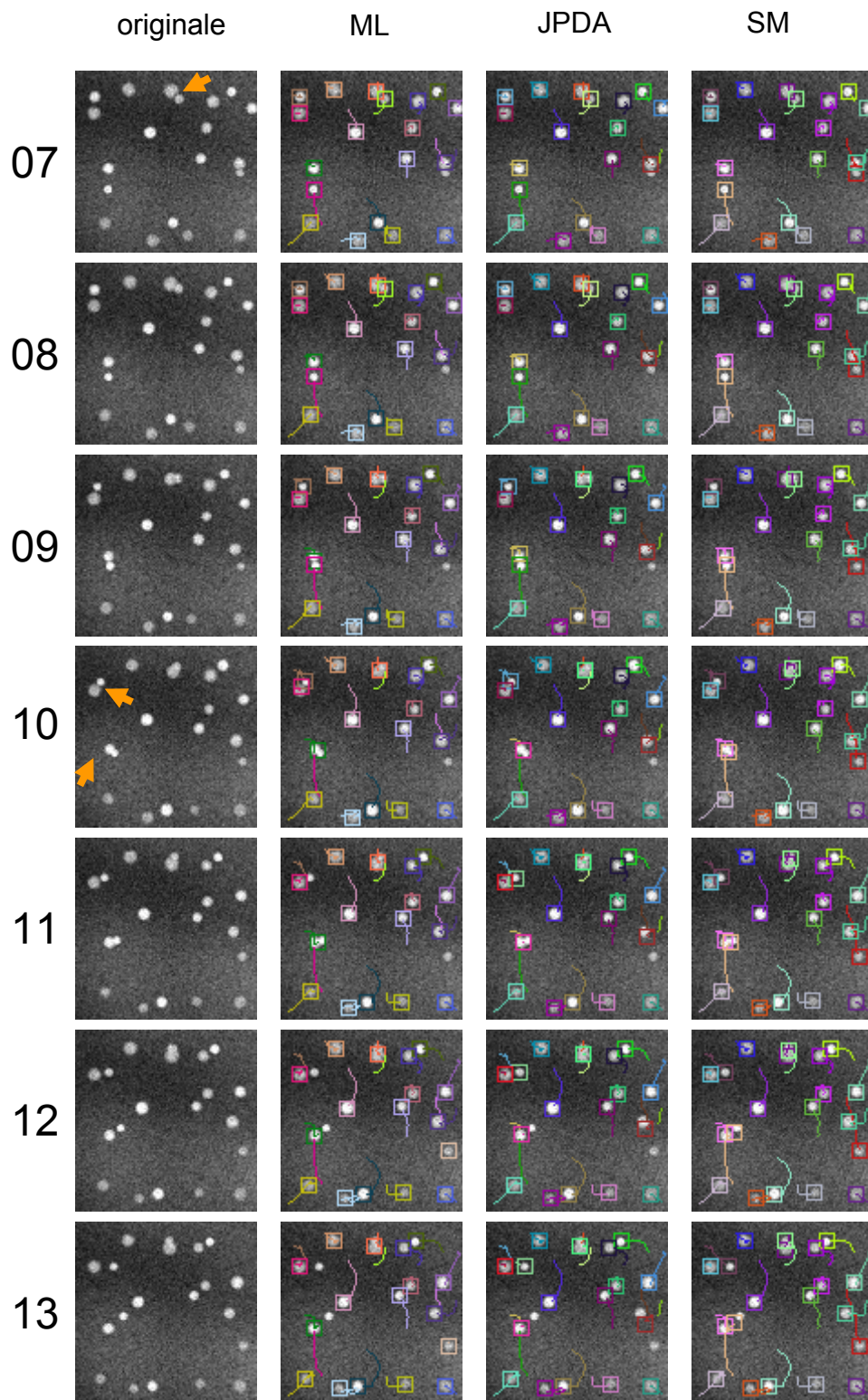


FIG. 9.14: Aux images 7 et 10 trois autres situations de fusion apparaissent, toutes correctement gérées par SM. La fusion commencée en 7 ne s'achève qu'en 15.

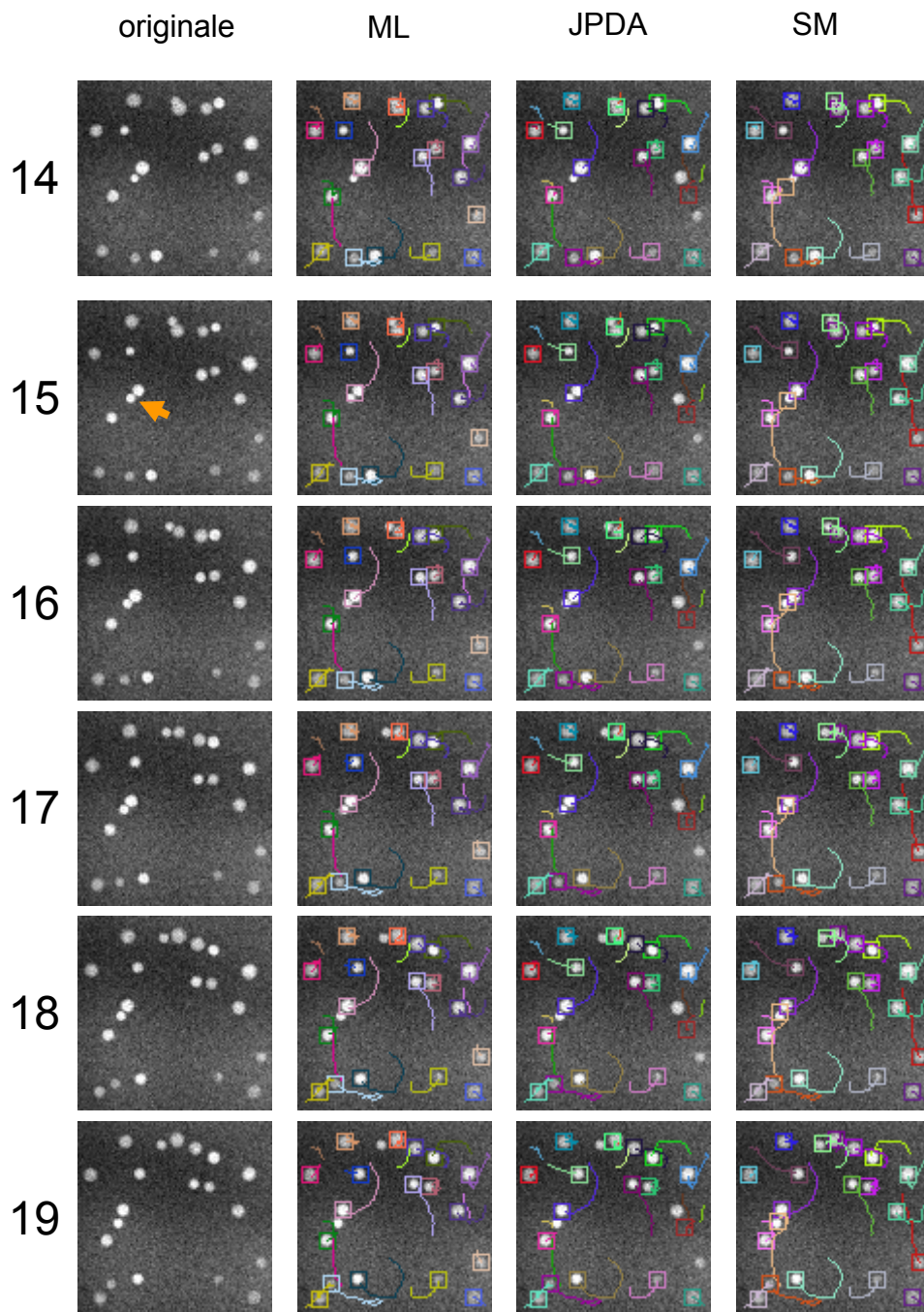


FIG. 9.15: A l'image 15 à nouveau une situation de fusion apparaît, également correctement gérée par SM uniquement

Chapitre 10

Applications à la biologie cellulaire

La méthode de suivi 3D+t (4D) mise au point et décrite dans ce document a déjà été appliquée à quelques problèmes de microbiologie et de biologie cellulaire. Elle a permis de découvrir et de quantifier avec précision certains phénomènes. Un logiciel complet a été développé dans la double optique de permettre une évolution des algorithmes et une utilisation ergonomique par des biologistes.

Notons que parallèlement à ce travail de thèse, des plates-formes de microscopie et certains éditeurs spécialisés ont proposé des logiciels permettant d'effectuer du suivi automatique d'objets. Les principaux sont notamment Imaris, DiaTrack et TIKAL. Ces logiciels utilisent des méthodes déterministes qui ne se sont pas révélées capables de gérer les fusions ou les dispersions d'objets. Ils peuvent être utilisés pour un flot de particules peu bruité mais ne permettent pas d'extraire des données satisfaisantes à partir d'objets évoluant dans toutes les directions. Le domaine est en pleine évolution et il est très probable que l'offre de ce type d'applications augmente sensiblement dans un futur proche.

Ce chapitre présente le logiciel qui a été créé puis développé tout au long de ce travail de thèse et plusieurs applications de notre méthode à la quantification de phénomènes biologiques. Ces travaux font tous l'objet de communications ou de publications (dont certaines sont en cours de soumission au moment où est rédigé ce document).

10.1 Le logiciel mis au point

Le logiciel qui a été créé pour ce travail de thèse est dédié à l'analyse d'images et de séquences d'images 2D et 3D.

- Il offre une suite d'outils permettant d'éditer des données 2D, 2D+T, 3D et 3D+T (12 types d'image 3D : niveaux de gris 8,16 bits, couleur, multi-bandes...) notamment un système de sauvegarde de fichiers compatibles avec les outils de microscopie (LSM 4D) mais aussi avec des formats plus conventionnels tels qu'AVI, TIFF, BMP, JPEG, etc...
- Il supporte l'ajout de plugins et permet donc à tous les membres de l'unité et stagiaires de participer à son enrichissement. Des plugins pour d'autres applications ont déjà été développés : levelsets 2D et 3D, corrélation, snakes, ...
- Il est complètement développé en Java le rendant multi plate-formes et fonctionne effectivement sur Solaris, Linux, Windows, Irix et MacOS.

- Il est multi-threadé de manière à bénéficier de la puissance des architectures parallèles.
- Le suivi peut être effectué sur des données 2D+T et 3D+T et peut être visualisé selon plusieurs modes. Un mode de visualisation orthogonal permet d'accéder aux images 3D+T comme une superposition de films 2D+T. Un mode de visualisation 3D+T permet de voir évoluer une projection 3D dont on peut changer le point de vue en temps réel grâce notamment au travail effectué par deux stagiaires de l'unité d'Analyse d'Image Quantitative : J. Leduigou [Leduigou, 2002] et S. Cousquer [Cousquer, 2004].
- Les résultats du suivi, sous forme de données quantitatives, sont directement accessibles sur l'interface sous forme de graphiques et peuvent être sauvegardés pour être manipulés dans un tableur conventionnel de type MS-Excel.

La mise au point de ce logiciel constitue un apport important du point de vue des biologistes de l'Institut Pasteur qui l'exploitent à présent quotidiennement mais aussi au sein de l'unité où il permet de centraliser l'ensemble des implémentations. Les sections suivantes présentent plusieurs travaux de recherche effectués à l'Institut Pasteur grâce à la méthode et au logiciel apportés par ce travail de thèse.

10.2 Complexes de pré intégration et de transcription inverse du VIH-1

Ce travail [Genovesio *et al.*, 2005b] a été effectué en collaboration avec N. Arhel et Pierre Charneau du groupe de virologie moléculaire et de vectorologie de l'Institut Pasteur ainsi que E. Perret et S. Shorte de la plate-forme d'imagerie dynamique de l'Institut Pasteur. Cette application est la plus importante puisqu'elle a motivé ce travail de thèse et notamment son financement par l'Agence Nationale de Recherche sur le Sida (ANRS) et l'Institut Pasteur.

Nous avons marqué l'intégrase du VIH-1 avec un tag tetracysteine qui, tout en préservant le caractère infectieux du virus, permet aux complexes intra-cytoplasmiques mais aussi intra-nucléaires du VIH-1 d'être détectés dans des images 3D. Grâce à la méthode de suivi 3D+temps (4D) proposée, nous avons constaté que les complexes VIH-1 se déplacent rapidement dans le cytoplasme de cellules infectées (Fig. 10.1 C et D), par un mouvement dirigé, et dépendant des microtubules (Fig. 10.1 A) vers le noyau. Lorsqu'il s'approche du noyau, un comportement plus lent et de plus courte distance (Fig. 10.1 E), apparemment lié au réseau d'actine (Fig. 10.1 B), est observé avant l'amarrage à la membrane nucléaire (Fig. 10.2 A). Les complexes amarrés conservent alors un mouvement vibratoire dans un volume confiné (Fig. 10.2 A). Nous avons pu observer les transitions entre ces différents mouvements sur des mêmes complexes (Fig. 10.1 F) Aucun mouvement dépendant du cytosquelette n'a été observé pour les complexes de pré-intégration ayant franchi la membrane nucléaire (Fig. 10.2 B), mais un lent mouvement de type diffusion. Ce travail a permis de mettre au jour des aspects du cycle de réplication du VIH-1 qui n'ont jamais été caractérisés, notamment le passage des complexes VIH-1 sur le réseau d'actine avant amarrage, et l'observation de complexes dans le compartiment nucléaire dont un événement probable d'intégration (Fig. 10.2 C). La figure (Fig. 10.3) résume l'ensemble des phases caractérisées. Toutes les images des figures présentées sont produites par le logiciel développé dans le cadre de ce travail de thèse.

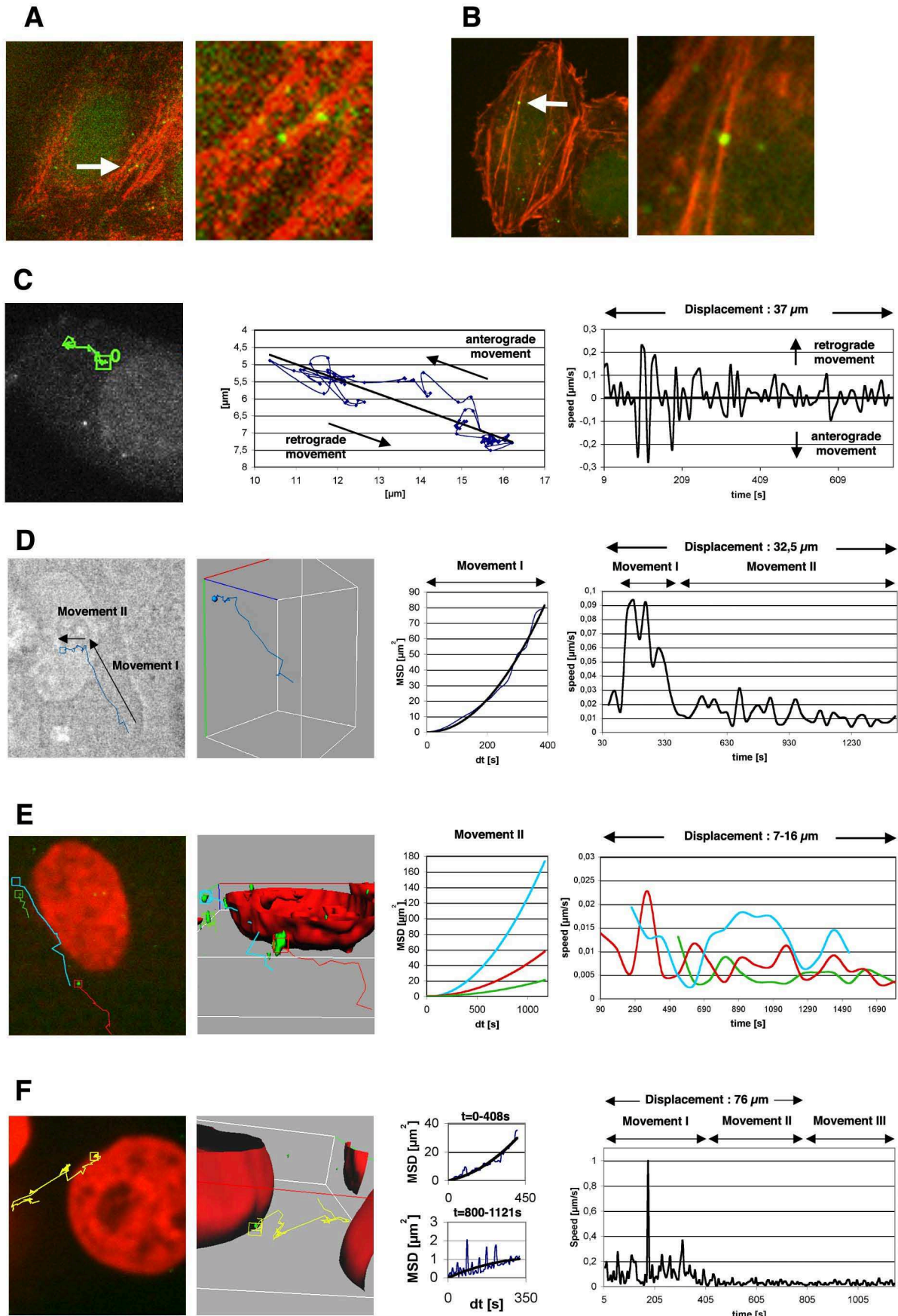


FIG. 10.1: Phases I et II

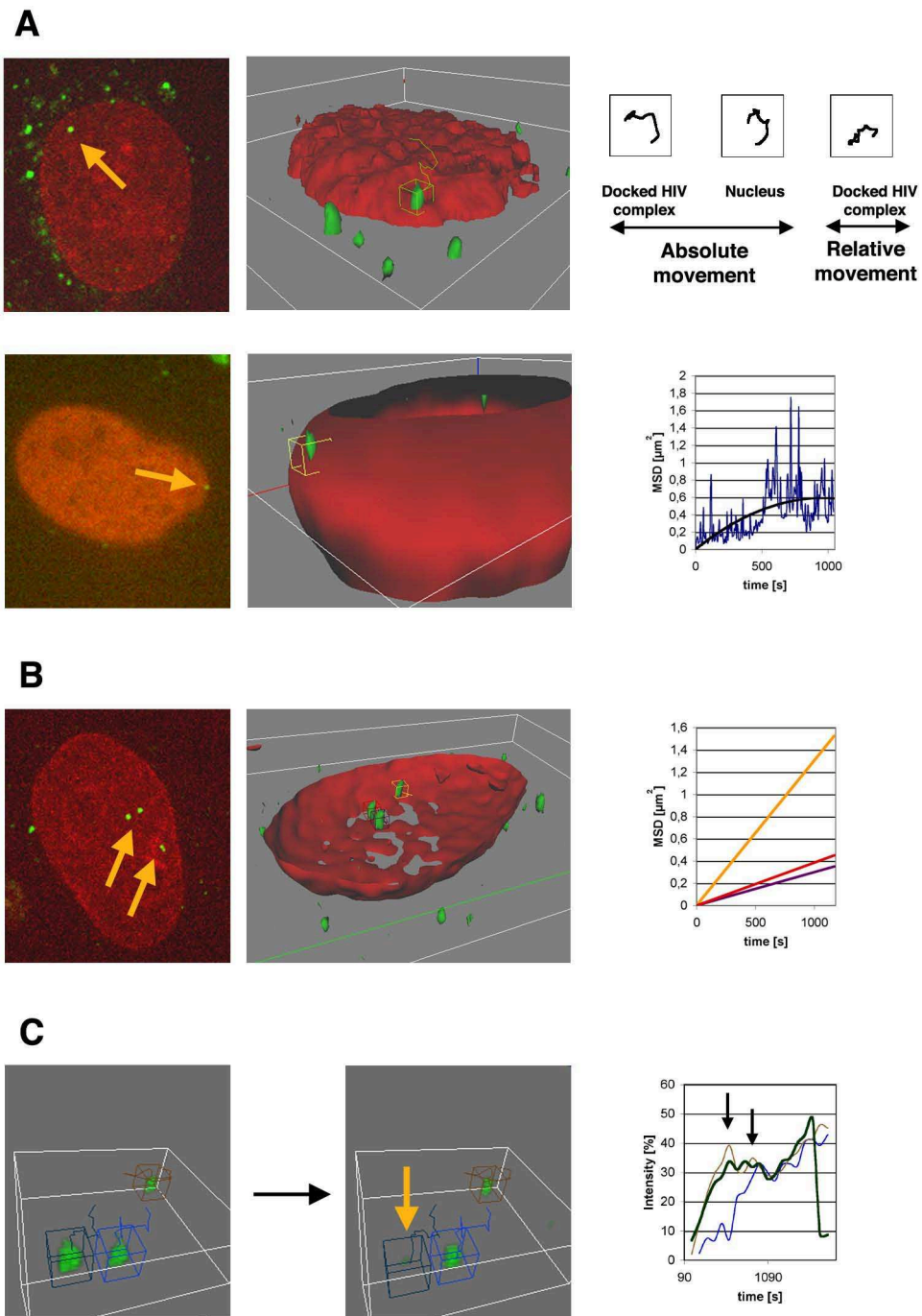


FIG. 10.2: Phases III et IV

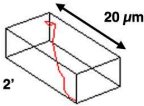
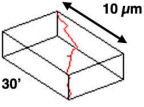
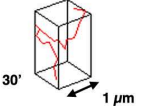
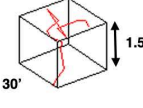
	Type	Velocity	3D tracks	Movement characteristics
Mouvement I	Microtubule-directed	peaks at 0.1 to 1 $\mu\text{m/s}$		Directed
Mouvement II	Actin-directed	under 0.03 $\mu\text{m/s}$		Directed
Mouvement III	Docking at the nuclear membrane	under 0.03 $\mu\text{m/s}$ ¹⁸		Confined
Mouvement IV	Intranuclear movement	under 0.005 $\mu\text{m/s}$ ¹⁸		Diffusive

FIG. 10.3: Résumé des différentes phases de mouvement du VIH-1

10.3 Dynamique de sporozoïtes de Plasmodium

Ce travail [Amino *et al.*, 2004] a été effectué en collaboration avec R. Amino de l'unité de biologie et génétique du Paludisme de l'Institut Pasteur.

Il a été montré il y a près d'un siècle que les sporozoïtes de Plasmodium transmettaient la Malaria. Récemment, des études ont montré que le parasite n'était pas directement déposé dans le sang mais dans la peau. Aucune étude n'a encore montré comment ces sporozoïtes passent de la peau au foie où ils se différencient en différentes formes d'infection des globules rouges. R. Amino [Amino *et al.*, 2004] a transmis des sporozoïtes marqués par GFP dans le derme d'une souris vivante par la voie naturelle d'une piqûre de moustique Anophèles. Une fois dans la peau, les sporozoïtes se révèlent très motiles opérant des mouvements plutôt complexes. Les caractéristiques de leur dynamique ont pu être extraites grâce au logiciel proposé. Nous avons montré notamment que ces mouvements sont liés à la structure des vaisseaux sanguins avoisinant qu'ils auscultent et finissent par pénétrer lorsqu'ils en ont découvert les faiblesses. Les sporozoïtes entrent également dans les vaisseaux de lymphé et s'accumulent aux intersections. Cette étude a également montré que, étonnamment, ils ne sont pas transportés par le système lymphatique. La figure 10.4 montre les trajectoires obtenues sur une scène de ce type.

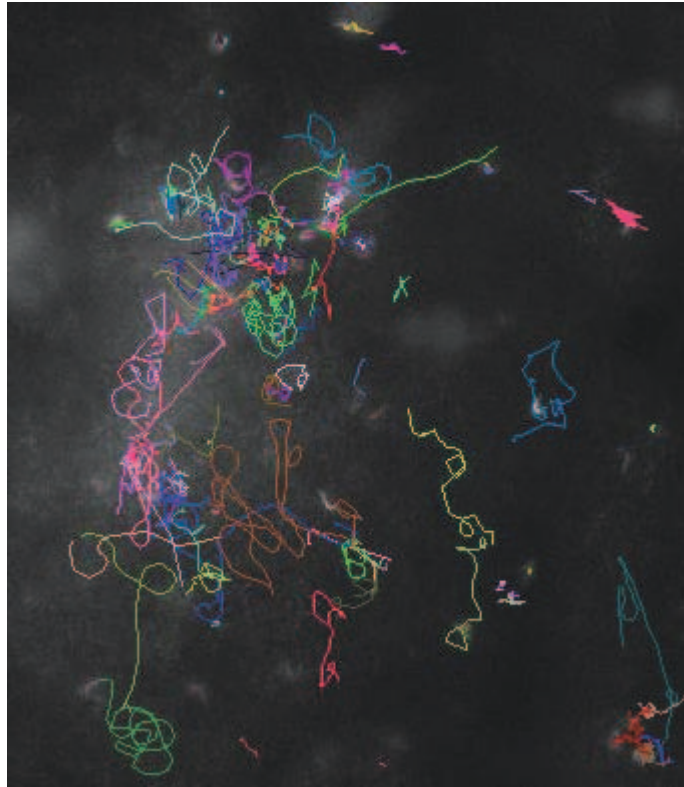


FIG. 10.4: Suivi de sporozoïtes de Plasmodium : trajectoires obtenues

10.4 Analyse structure-fonction de la régulation transcriptionnelle

Ce travail [Cabal *et al.*,] a été effectué en collaboration avec G. Cabal, F. Feuerbach, O. Gadal et U. Nehrbass de l'unité de biologie cellulaire du noyau de l'Institut Pasteur.

L'architecture nucléaire influence la répression transcriptionnelle [Laroche *et al.*, 1998; Galy *et al.*, 2000; Hediger *et al.*, 2002; Feuerbach *et al.*, 2002]. C'est pourquoi il était intéressant de se demander si le positionnement spatial d'un gène dans le noyau pouvait aussi jouer un rôle dans l'activation de ce gène. A partir de données suggérant que l'intégrité du domaine péri-nucléaire chez *Saccharomyces cerevisiae*, est nécessaire à l'activation des gènes de réponse au Cadmium, nous nous sommes concentrés sur l'étude d'un complexe de régulation transcriptionnelle impliqué dans la réponse aux stress : le complexe SAGA. Notre méthode permettant de suivre un gène, actif ou non, en 3D et au cours du temps a permis de suivre la relocalisation vers la périphérie du noyau de gènes lors de leur activation. Nous avons également montré que ce phénomène est dépendant de l'interaction du complexe SAGA avec la machinerie d'export des ARNm au niveau des extensions nucléoplasmiques du pore nucléaire. Ces résultats constituent la première preuve de l'existence du phénomène de « gene-gatting » dont l'hypothèse avait été formulée pour la première fois il y a 20 ans [Blobel, 1985]. Les figures 10.5 et 10.6 montrent la méthode mise en place pour estimer le

rayon du noyau de levure dont on sait qu'il est sphérique à partir d'une image 3D fortement déformée en z . La figure 10.7 montre le résultat du suivi du locus et des estimations successives du noyau. Ceci permet un suivi de la localisation du locus dans le temps, relativement au noyau qui lui aussi se déplace.

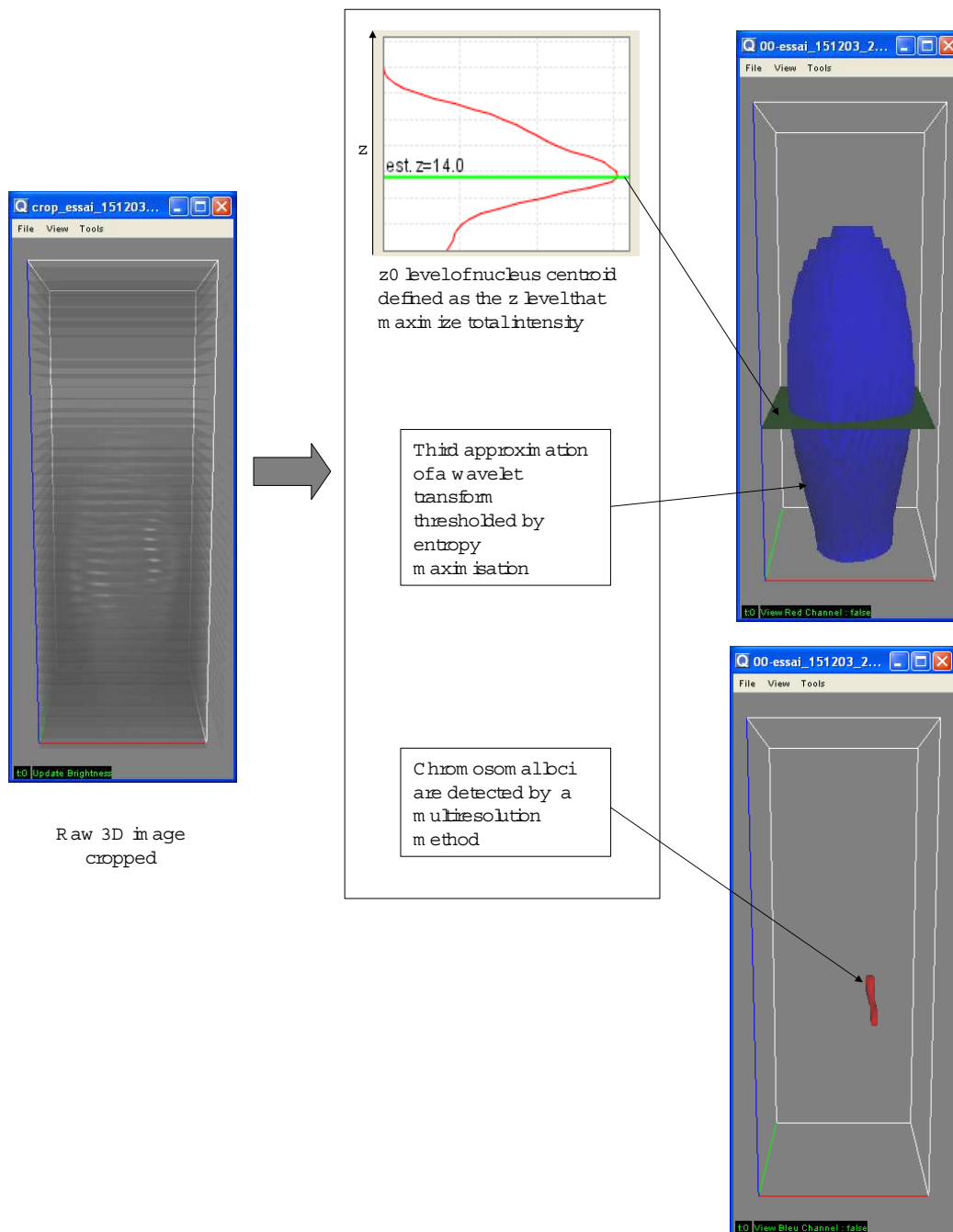


FIG. 10.5: Détection du plan d'intensité, du noyau 3D déformé et du locus depuis une image 3D déformée en z

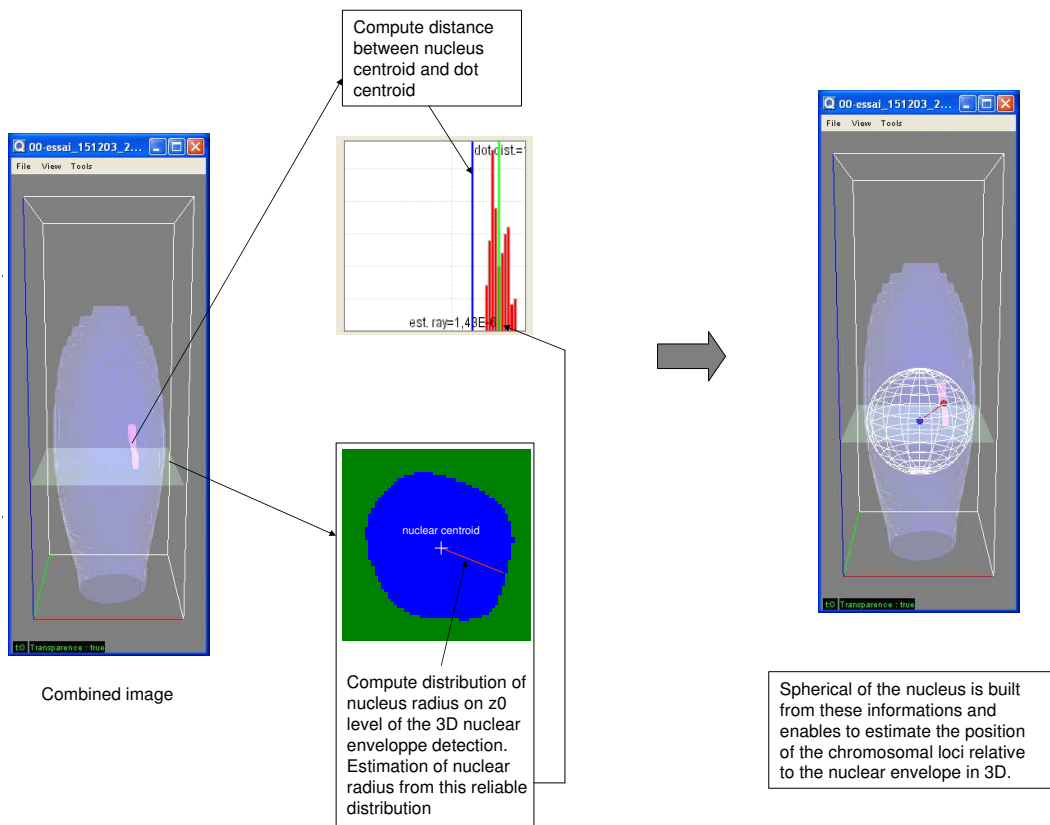


FIG. 10.6: Estimation du rayon du noyau

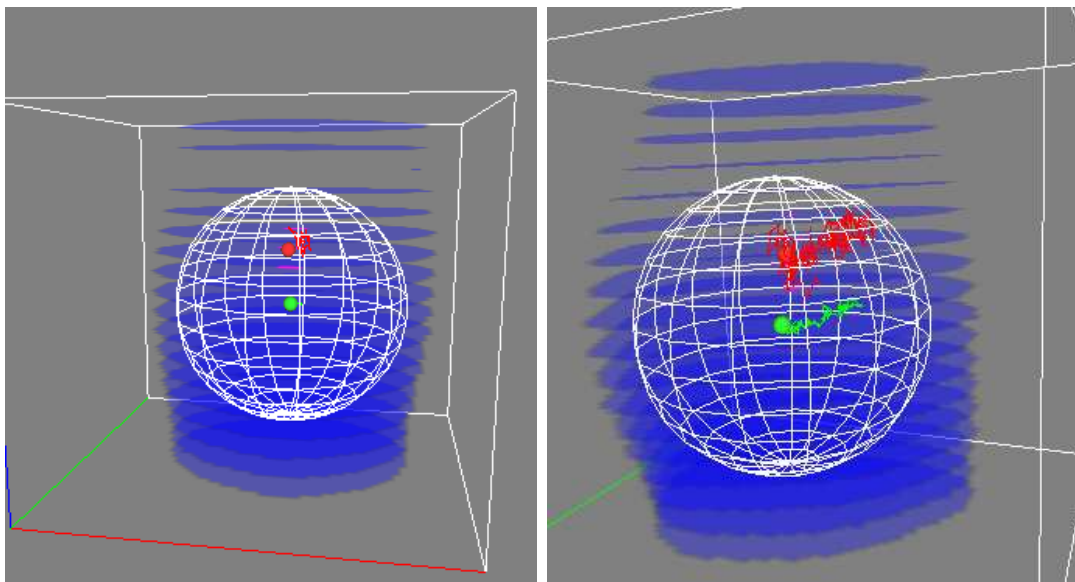


FIG. 10.7: suivi du locus et des estimations successives du noyau dans le temps

10.5 Adhésion de *Neisseria meningitidis*

Ce travail [Mairey *et al.*, 2004] a été effectué en collaboration avec E. Mairey et G. Duménil de l'Unité de pathogénie des infections systématiques de la Faculté Necker-Enfants malades.

Neisseria meningitidis est un agent pathogène strictement humain responsable de septicémies et de méningites. Cette bactérie colonise de manière asymptomatique le nasopharynx d'un pourcentage important de la population. Le processus pathogénique est initié par le franchissement de cet épithélium par la bactérie lui permettant ainsi d'accéder à la circulation sanguine. Le méningocoque est capable de survivre et de proliférer dans le sang. Il peut ensuite coloniser et franchir la barrière hémato-encéphalique. Les propriétés adhésives du méningocoque sont cruciales pour ces deux étapes de franchissement de barrières cellulaires puisqu'elles sont initiées par l'adhésion des bactéries aux cellules. Les capacités d'adhésion du méningocoque ont généralement été étudiées en conditions statiques alors qu'il adhère en condition de flux sanguin c'est à dire en présence de forces hydrodynamiques. L'importance des forces hydrodynamiques dans les phénomènes adhésifs a été soulignée en particulier lors des études de l'interaction des leucocytes avec les cellules endothéliales. Le rôle de ces forces au cours de l'adhésion du méningocoque aux cellules endothéliales est encore méconnu.

L'objectif de cette application a été de réévaluer les facteurs d'adhésion du méningocoque en condition de flux. Pour cela une approche expérimentale a été mise au point utilisant une chambre à flux laminaire. Nous avons tout d'abord caractérisé l'adhésion pili dépendante en flux et mis en évidence le caractère irréversible de cette adhésion. Un autre type d'adhésion, pili indépendant, a également été découvert. Cette seconde adhésion, efficace à de faibles flux, résiste peu à de hautes contraintes de cisaillement. Elle présente cependant une caractéristique intéressante : un roulement des bactéries sur les cellules avant leur détachement qui pourrait faciliter la colonisation de nouveaux sites d'infection.

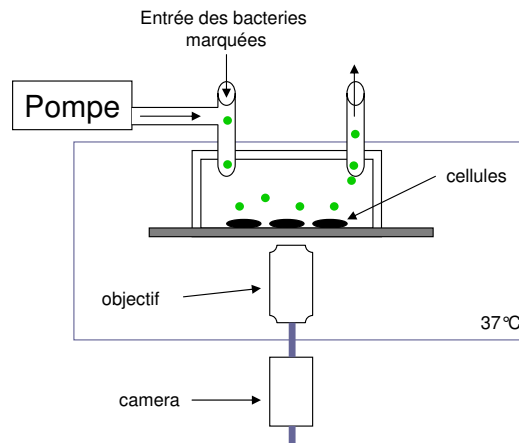


FIG. 10.8: Système mis en place pour l'observation d'un flux de bactéries marquées par fluorescence au-dessus d'une couche de cellules

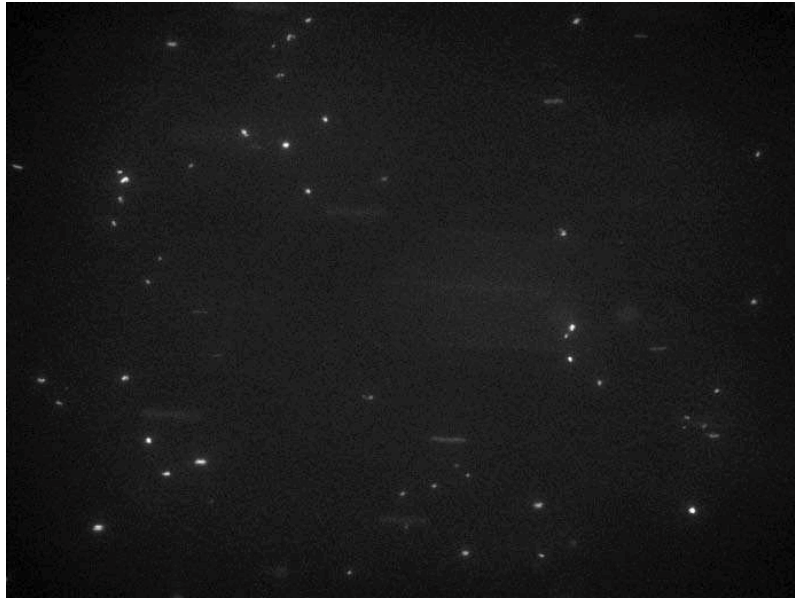


FIG. 10.9: Image d'un flux de bactéries. Les bactéries marquées par fluorescence balayent l'écran de gauche à droite. Certaines d'entre elles, dans les couches basses du flux, arrivent à se fixer aux cellules invisibles ici.

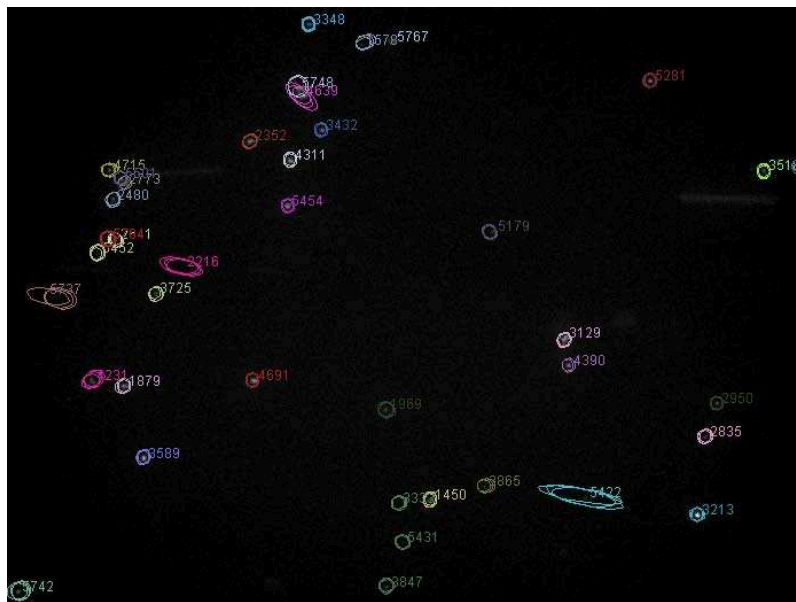


FIG. 10.10: Suivi automatique d'un flux de bactéries. Chaque bactérie qui adhère à la paroi cellulaire est automatiquement recensée, suivit lorsqu'elle se déplace ou/et lorsqu'elle se décroche parce qu'elle ne peut pas résister à la force du courant.

10.6 Quantum Dots : sur-expression de la proteine tau

Cette application [Genovesio *et al.*, 2005b] a été effectuée en collaboration avec V. Emilianli et M. Coppey-Moisan de l'Institut Jacques Monod, CNRS, des universités Paris 6 et 7 et T. Liedl et W. J. Parak du Center for Nanoscience (CeNS) de l'université Ludwig-Maximilians de Munich.

Dans cette application nous nous intéressons à l'effet de la surexpression de la protéine tau sur le transport de vésicules (qui dépend des microtubules) dans des cellules Hela vivantes. Ces vésicules ont été marquées par des quantum dots en fluorescence rouge inorganique. Les quantum dots offrent beaucoup d'avantages (tels qu'une perte de fluorescence moins élevée) et représente une technique très prometteuse qui est amenée à être beaucoup utilisée dans le futur. Cette expérience a permis de montrer que si tau n'a pas d'effet sur la vitesse des vésicules, il réduit en moyenne nettement le volume moyen de leur déplacement.

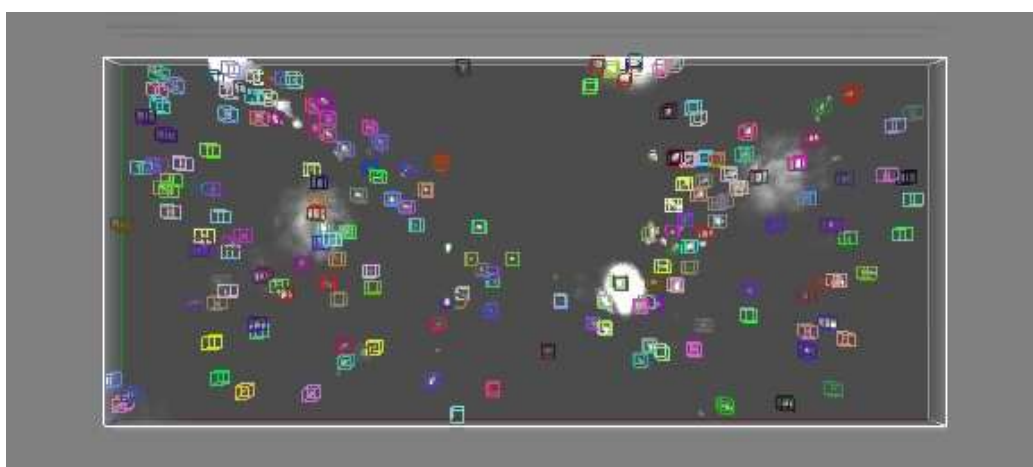


FIG. 10.11: Suivi de vésicules marquées par quantum dots (1)

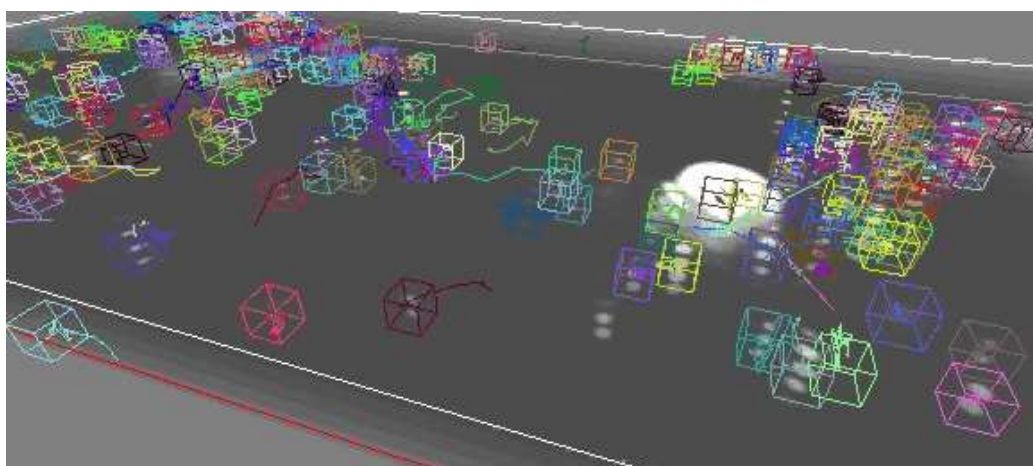


FIG. 10.12: Suivi de vésicules marquées par quantum dots (2)

Chapitre 11

Conclusion

Ce travail de thèse traite du problème du suivi de multiples taches fluorescentes dans des scènes de videomicroscopie 3D+T. Un balayage rapide des principales techniques de suivi nous a permis de nous placer dans le cadre du suivi bayésien multi-objets constitué de trois composantes : 1) un détecteur qui produit des mesures des taches dans chaque image de la séquence, 2) un filtre bayésien qui permet de créer une prédiction de la mesure de chacun des objets à l'aide de modèles prédéfinis et des mesures passées, 3) une méthode d'association qui est utilisée pour déterminer la ou les mesures utilisées pour la mise à jour des filtres. Nous avons décrit la méthode que nous utilisons pour détecter les taches fluorescentes, étudié les filtres bayésiens et les principales méthodes d'association. Nous avons ensuite montré que ce schéma présentait encore un problème de premier plan pour nos applications puisqu'il ne permettait pas, en l'état, de prendre en compte les erreurs de détections quasi-permanentes du fait de la complexité des images biologiques. En effet, aussi bonne soit la méthode de détection employée, on a observé qu'elle ne pouvait jamais être considérée comme parfaite, particulièrement dans notre cadre où les images sont très bruitées et les objets mal définis. Nous avons remarqué qu'une détection peut, en réalité, être produite par plusieurs objets et inversement qu'un objet peut produire plusieurs détections, enfin ces deux erreurs peuvent être combinées et produire des situations plus complexes. Dans leur construction formelle, aucune des méthodes d'associations étudiées ne tient compte de ce type d'erreur de détection, ce qui conduit logiquement à un échec du suivi lors de leur utilisation. Nous avons donc étudié la forme que devrait avoir l'ensemble de détections produit par le détecteur pour que le problème d'association soit bien posé, nous avons qualifié cette forme par le terme *cohérente topologiquement*. Dans le cas général, l'ensemble de détections n'a pas cette forme. Nous avons montré qu'il existe un moyen de transformer cet ensemble de détections pour le rendre cohérent topologiquement de manière à faire apparaître un événement réalisable d'associations jointes qui corresponde à la situation réelle. Cette méthode est quelque peu abstraite puisqu'elle nécessite de connaître les objets sous-jacents. L'information la plus proche des objets dont nous disposons étant les densités de mesure prédites des filtres bayésiens, nous avons proposé deux algorithmes approximant notre méthode d'association dite de «séparation-fusion». Nous avons ensuite exposé la méthode de suivi multi-objets complète. Elle comprend une méthode de détection basée sur une transformée en ondelettes, un filtre à interaction de modèles multiples accompagné de trois modèles de transition proposés et

notre méthode d'association «séparation-fusion» qui utilise une modification de l'algorithme des k-moyennes. Une méthode de mise à jour automatique du bruit de transition a également été proposée. Nous avons ensuite effectué une évaluation quantitative sur des données synthétiques qui montre que notre méthode permet de suivre une densité d'objets nettement plus élevée notamment grâce à la méthode d'association proposée. Enfin, nous avons décrit le logiciel développé dans le cadre de ce travail qui a déjà permis à notre méthode d'être appliquée à une série de problèmes de la biologie cellulaire.

Les contributions de ce travail de thèse sont au nombre de six : 1) une méthode originale d'association séparation-fusion pour le suivi robuste d'une forte densité d'objets ; 2) une méthode de mise à jour des fenêtres de recherche pour le suivi bayésien gaussien ; 3) une méthode complète de suivi multi-objets dans un environnement tridimensionnel qui utilise un filtre IMM composé de plusieurs modèles et les deux premières contributions ; 4) la création d'un logiciel complet - utilisé à présent quotidiennement par des biologistes de l'Institut Pasteur - dédié à l'analyse d'images et de séquences 2D+t et 3D+t qui peut être enrichi grâce à l'ajout de plugins 5) plusieurs plugins de traitement et d'analyse d'image pour ce logiciel tels que : suivi multi-objets, colocalisation, générateur de séquence, validation et divers outils de base ; 6) plusieurs résultats de recherche fondamentale dans le domaine de la biologie cellulaire grâce à la méthode et au logiciel créé.

La qualité du suivi de multiples objets dans l'environnement décrit précédemment est directement lié à la densité des objets en présence et à la qualité de leur détection. Plusieurs travaux restent à approfondir dans le cadre de ce travail notamment le problème de l'initialisation des trajectoires, le cadre et les limites de l'association séparation-fusion et les fonctions de séparation et de fusion. Le problème de l'initialisation, commun à toutes les méthodes de suivi automatique, est crucial ici puisque cette initialisation peut difficilement être rendue manuelle. Elle est d'autant plus importante avec l'algorithme d'association que nous proposons puisque l'ensemble de détections produit par le détecteur est remodelé grâce aux informations qu'apportent les filtres bayésiens. A la première image, chaque détection initie un filtre, si celle-ci ne correspond à aucun ou à plusieurs objets, des trajectoires ne correspondant à aucun objet vont être créées perturbant le mécanisme de séparation-fusion des associations à venir. Une formalisation plus stricte du cadre de l'association séparation-fusion devrait également être envisagée, elle permettrait d'en exploiter mieux les avantages d'une part et d'en étudier plus précisément les limites d'autre part. Enfin l'étude plus approfondie de fonctions de séparation et de fusion devrait également être considérée afin d'adapter cette méthode à d'autres applications.

Sixième partie

Annexes

Annexe A

Estimation Bayésienne

A.1 Règle de Bayes

$$p(A|B)p(B) = p(A, B) = p(B|A)p(A) \quad (\text{A.1})$$

A.2 Factorisation de probabilité jointe

$$\begin{aligned} p(A, B|C) &= \frac{p(A, B, C)}{p(C)} \quad \text{par (A.1)} \\ &= \frac{p(A|B, C)p(B, C)}{p(C)} \quad \text{par (A.1)} \\ p(A, B|C) &= p(A|B, C)p(B|C) \end{aligned} \quad (\text{A.2})$$

A.3 Filtrage bayésien

Obtention de $p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t})$ depuis $p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1})$:

$$\begin{aligned}
p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t}) &= \frac{p(Z_{1:t}|\mathbf{x}_t)p(\mathbf{x}_t)}{p(Z_{1:t})} && \text{par (A.1)} \\
&= \frac{p(\mathbf{z}_t, Z_{1:t-1}|\mathbf{x}_t)p(\mathbf{x}_t)}{p(\mathbf{z}_t, Z_{1:t-1})} \\
&= \frac{p(\mathbf{z}_t|Z_{1:t-1}, \mathbf{x}_t)p(Z_{1:t-1}|\mathbf{x}_t)p(\mathbf{x}_t)}{p(\mathbf{z}_t, Z_{1:t-1})} && \text{par (A.2)} \\
&= \frac{p(\mathbf{z}_t|Z_{1:t-1}, \mathbf{x}_t)p(Z_{1:t-1}|\mathbf{x}_t)p(\mathbf{x}_t)}{p(\mathbf{z}_t|Z_{1:t-1})p(Z_{1:t-1})} && \text{par (A.1)} \\
&= \frac{p(\mathbf{z}_t|Z_{1:t-1}, \mathbf{x}_t)p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1})p(Z_{1:t-1})p(\mathbf{x}_t)}{p(\mathbf{z}_t|Z_{1:t-1})p(Z_{1:t-1})p(\mathbf{x}_t)} && \text{par (A.1)} \\
&= \frac{p(\mathbf{z}_t|Z_{1:t-1}, \mathbf{x}_t)p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1})}{p(\mathbf{z}_t|Z_{1:t-1})} \\
p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t}) &= \frac{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)p(\mathbf{x}_t|Z_{1:t-1})}{p(\mathbf{z}_t|Z_{1:t-1})} && \text{processus de Markov} \tag{A.3}
\end{aligned}$$

A.4 MHT

Obtention de $P\{\theta_t^l|\Theta_{1:t-1}^{m(l)}, Z_{1:t-1}\}$

$$P\{\theta_t^k|\Theta_{1:t-1}^s, \mathbf{Z}_{1:t-1}\} = P\{\theta_t^k, \delta(\theta_t^k), \phi(\theta_t^k), \nu(\theta_t^k)|\Theta_{1:t-1}^s, \mathbf{Z}_{1:t-1}\} \tag{A.4}$$

$$= P\{\theta_t^k|\delta(\theta_t^k), \phi(\theta_t^k), \nu(\theta_t^k), \Theta_{1:t-1}^s, \mathbf{Z}_{1:t-1}\} \tag{A.5}$$

$$\times P\{\delta(\theta_t^k), \phi(\theta_t^k), \nu(\theta_t^k)|\Theta_{1:t-1}^s, \mathbf{Z}_{1:t-1}\} \tag{A.6}$$

$$= P\{\theta_t^k|\delta(\theta_t^k), \phi(\theta_t^k), \nu(\theta_t^k)\} \times \mathbf{P}\{\delta(\theta_t^k), \phi(\theta_t^k), \nu(\theta_t^k)\} \tag{A.7}$$

Le nombre d'événements réalisables d'associations jointes θ_t^k avec τ objets détectés, ν nouveaux objets détectés et $\phi = m - \tau - \nu$ fausses alertes est donné par le produit des deux termes suivants :

- le nombre d'arrangements (parce que chaque objet connu a une identité) de $\tau = m - \phi - \nu$ mesures correspondant à un objet connu parmi le nombre total de mesures m au temps t
- le nombre de combinaisons (parce qu'un nouvel objet n'a pas d'identité) de ν mesures correspondant à un nouvel objet parmi le nombre total de mesures $\phi + \nu$ restantes au temps t

on a donc

$$P\{\theta_t^k | \delta(\theta_t^k), \phi(\theta_t^k), \nu(\theta_t^k)\} = [A_m^\tau C_{\phi+\nu}^\nu]^{-1} \quad (\text{A.8})$$

$$= \left[\frac{m!}{(m-\tau)!} \frac{(\phi+\nu)!}{\phi!\nu!} \right]^{-1} \quad (\text{A.9})$$

$$= \frac{\phi!\nu!}{m} \quad (\text{A.10})$$

Par ailleurs,

$$P\{\delta(\theta_t^1), \phi(\theta_t^1), \nu(\theta_t^1)\} = \mu_F(\phi)\mu_N(\nu) \prod_i (P_D^i)^{\delta_i} (1 - P_D^i)^{1-\delta_i} \quad (\text{A.11})$$

donc

$$P\{\theta_t^k | \Theta_{1:t-1}^s, \mathbf{Z}_{1:t-1}\} = \frac{\phi!\nu!}{m} \mu_F(\phi)\mu_N(\nu) \prod_i (P_D^i)^{\delta_i} (1 - P_D^i)^{1-\delta_i} \quad (\text{A.12})$$

Annexe B

Echantillonnage préférentiel

B.1 Loi des grands nombres

Soit x^1, \dots, x^N , un échantillon indépendant, identiquement distribué selon la densité de probabilité $p(\cdot)$:

$$\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N f(x^i) \xrightarrow[N \rightarrow \infty]{\mathcal{L}} \mathbb{E}_p[f(x)] \quad (\text{B.1})$$

B.2 Théorème « central limit »

Soit x^1, \dots, x^N , un échantillon indépendant, identiquement distribué de moyenne μ d'écart-type σ :

$$\frac{\sum_{i=1}^N x^i - N\mu}{\sigma\sqrt{N}} \xrightarrow[N \rightarrow \infty]{\mathcal{L}} \mathcal{N}(0, 1) \quad (\text{B.2})$$

B.3 Echantillonnage préférentiel : exemple intuitif

Considérons l'intégrale suivante que l'on ne sait pas déterminer mais que l'on cherche à approcher numériquement :

$$P = \int_a^b p(x) dx \quad (\text{B.3})$$

Une manière naïve d'approcher cette intégrale par tirage stochastique (méthode de Monte Carlo) est d'utiliser la loi des grands nombres B.1 avec une densité uniforme. Soit $u(x)$ une densité uniforme sur l'intervalle $[a, b]$:

$$u(x) = \frac{1}{b-a} \mathbb{1}_{\{x \in [a, b]\}} \quad (\text{B.4})$$

on a :

$$\mathbb{E}_u[p(x)] = \int_a^b u(x)p(x)dx = \int_a^b \frac{1}{b-a}p(x)dx \quad (\text{B.5})$$

et donc d'après la loi des grands nombres B.1 si N échantillons u^i sont tirés selon la densité $u(x)$ on a :

$$\int_a^b \frac{1}{b-a}p(x)dx \approx \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N p(u^i) \quad (\text{B.6})$$

et donc :

$$P = \int_a^b p(x)dx \approx \frac{b-a}{N} \sum_{i=1}^N p(u^i) \quad (\text{B.7})$$

La question qu'on doit alors se poser est la suivante : n'existe-t-il pas une densité f telle que P soit mieux approximée qu'avec u avec un nombre égal de tirage ?

La technique d'échantillonnage préférentiel permet d'effectuer un tirage à partir d'une distribution $f(x)$ de manière à ce que l'évaluation soit concentrée sur des régions de l'espace contribuant plus fortement à l'intégrale. Réécrivons l'intégrale :

$$P = \int_a^b \left(\frac{p(x)}{f(x)} \right) f(x)dx = \mathbb{E}_f \left[\frac{p(x)}{f(x)} \right] \quad (\text{B.8})$$

avec $f(x)$ une fonction dite de « proposition ». P peut alors être évaluée comme l'espérance de $\frac{p(x)}{f(x)}$ pour la distribution $f(x)$. Cette reformulation va permettre d'accélérer l'efficacité du tirage. En effet, si $f(x)$ est choisie telle qu'elle se comporte approximativement comme $p(x)$ (*i.e.* $f(x)$ est grande quand $p(x)$ est grande et $f(x)$ est petite quand $p(x)$ petite...) alors s'en suit une réduction conséquente de l'écart-type :

$$\sigma \approx \sqrt{\frac{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (f(u_i) - \bar{f})^2}{N}} \geq \sqrt{\frac{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \left(\frac{p(x_i)}{f(x_i)} - \overline{\left(\frac{p}{f} \right)} \right)^2}{N}} \approx \sigma' \quad (\text{B.9})$$

où x_i est le i ème tirage d'une distribution qui a pour densité $f(x)$. C'est un résultat du théorème « centrale limit » B.2.

B.4 Echantillonnage préférentiel

On connaît $p(x)$ et $f(x)$ à une constante de normalisation près, c'est à dire on connaît $\tilde{p}(x)$ et $\tilde{f}(x)$ telles que :

$$p(x) \propto \tilde{p}(x) \quad (\text{B.10})$$

$$f(x) \propto \tilde{f}(x) \quad (\text{B.11})$$

Le ratio non normalisé défini en tout x est :

$$\tilde{w}(x) = \frac{\tilde{p}(x)}{\tilde{f}(x)} \quad (\text{B.12})$$

Si l'on sait générer N échantillons x^i , $i = 1, \dots, N$ selon $\tilde{f}(\cdot)$:

$$\{x_i \sim \tilde{f}(x)\}_{i=1}^N \quad (\text{B.13})$$

on peut obtenir des poids normalisés de la façon suivante :

$$w(x_i) = \frac{\tilde{w}(x_i)}{\sum_{i=1}^N \tilde{w}(x_i)} \quad (\text{B.14})$$

et d'après la loi des grands nombres (B.1) :

$$\sum_{i=1}^N w(x_i) \delta(x - x^i) = \sum_{i=1}^N \frac{\tilde{w}(x_i)}{\sum_{j=1}^N \tilde{w}(x_j)} \delta(x - x^i) \quad (\text{B.15})$$

$$= \frac{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \tilde{w}(x_i) \delta(x - x^i)}{\frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \tilde{w}(x_j)} \quad (\text{B.16})$$

$$\xrightarrow[N \rightarrow \infty]{\mathcal{L}} \frac{\mathbb{E}_{\tilde{f}}[\tilde{w}(y) \delta(x - y)]}{\mathbb{E}_{\tilde{f}}[\tilde{w}(y)]} = p(x) \quad (\text{B.17})$$

$$(\text{B.18})$$

ainsi $p(x)$ peut être approchée par :

$$p(x) \approx \sum_{i=1}^N w(x_i) \delta(x - x^i) \quad (\text{B.19})$$

B.5 Echantillonnage préférentiel séquentiel

Si on dispose à l'étape t d'un nuage de points $\{\mathbf{x}_t^i, w_t^i\}_{i=1}^N$ tel que $\sum_1^N w_t^i = 1$ et d'une fonction de proposition f à partir de laquelle on peut tirer des échantillons $\{x^i \sim f(x)\}_{i=1}^N$ alors la densité de probabilité *a posteriori* peut être approchée par échantillonnage préférentiel :

$$p(\mathbf{x}_{0:t} | \mathbf{z}_{1:t}) \approx \sum_{i=1}^N w_t^i \delta(\mathbf{x}_{0:t} - \mathbf{x}_{0:t}^i) \quad (\text{B.20})$$

où

$$w_t^i \propto \frac{p(\mathbf{x}_{0:t}^i | \mathbf{z}_{1:t})}{f(\mathbf{x}_{0:t}^i | \mathbf{z}_{1:t})} \quad (\text{B.21})$$

est le poids normalisé de la i ème particule car

$$p(\mathbf{x}_t | Z_{1:t}) = \lim_{N \rightarrow \infty} \sum_{i=1}^N w_t^i \delta(\mathbf{x}_t - \mathbf{x}_t^i) \quad (\text{B.22})$$

Pour obtenir les poids récursivement on part de A.3 :

$$p(\mathbf{x}_{0:t}|\mathbf{z}_{1:t}) = \frac{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_{0:t})p(\mathbf{x}_{0:t}|\mathbf{z}_{1:t-1})}{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{z}_{1:t-1})} \quad (\text{B.23})$$

$$= \frac{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_{0:t})p(\mathbf{x}_t, \mathbf{x}_{0:t-1}|\mathbf{z}_{1:t-1})}{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{z}_{1:t-1})} \quad (\text{B.24})$$

$$= \frac{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_{0:t})p(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{0:t-1}, \mathbf{z}_{1:t-1})}{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{z}_{1:t-1})} \times p(\mathbf{x}_{0:t-1}|\mathbf{z}_{1:t-1}) \quad (\text{B.25})$$

$$= \frac{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)p(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1})}{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{z}_{1:t-1})} \times p(\mathbf{x}_{0:t-1}|\mathbf{z}_{1:t-1}) \quad (\text{B.26})$$

$$p(\mathbf{x}_{0:t}|\mathbf{z}_{1:t}) \propto p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t)p(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1})p(\mathbf{x}_{0:t-1}|\mathbf{z}_{1:t-1}) \quad (\text{B.27})$$

Si on choisit f telle qu'elle peut être décomposée en :

$$f(\mathbf{x}_{0:t}|\mathbf{z}_{1:t}) = f(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{0:t-1}, \mathbf{z}_{1:t})f(\mathbf{x}_{0:t-1}|\mathbf{z}_{1:t-1}) \quad (\text{B.28})$$

alors en remplaçant (B.27) et (B.28) dans (B.21) on obtient :

$$w_t^i \propto \frac{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t^i)p(\mathbf{x}_t^i|\mathbf{x}_{t-1}^i)p(\mathbf{x}_{0:t-1}^i|\mathbf{z}_{1:t-1})}{f(\mathbf{x}_t^i|\mathbf{x}_{0:t-1}^i, \mathbf{z}_{1:t})f(\mathbf{x}_{0:t-1}^i|\mathbf{z}_{1:t-1})} = w_{t-1}^i \frac{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t^i)p(\mathbf{x}_t^i|\mathbf{x}_{t-1}^i)}{f(\mathbf{x}_t^i|\mathbf{x}_{0:t-1}^i, \mathbf{z}_{1:t})} \quad (\text{B.29})$$

\mathbf{x}_t^i est un processus de Markov donc ne dépend que de \mathbf{x}_{t-1}^i :

$$w_t^i \propto w_{t-1}^i \frac{p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t^i)p(\mathbf{x}_t^i|\mathbf{x}_{t-1}^i)}{f(\mathbf{x}_t^i|\mathbf{x}_{t-1}^i, \mathbf{z}_t)} \quad (\text{B.30})$$

Pour le cas assez courant où la fonction de proposition est choisie comme étant la densité d'évolution :

$$f(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1}^i, \mathbf{z}_t) = p(\mathbf{x}_t|\mathbf{x}_{t-1}^i) \quad (\text{B.31})$$

on obtient :

$$w_t^i \propto w_{t-1}^i p(\mathbf{z}_t|\mathbf{x}_t^i) \quad (\text{B.32})$$

Annexe C

K-moyennes et C-moyennes floues

C.1 K-moyennes

L'algorithme des k -moyennes (k -means [MacQueen, 1967]) est un algorithme d'apprentissage non supervisé pour la classification d'un ensemble de points en un nombre prédéfini de classes. On note \mathbf{c}_j le centre de la classe j et $\mathbf{x}_i^{(j)}$ un point affecté à cette classe. L'algorithme des k -moyennes tend à minimiser :

$$J = \sum_{j=1}^k \sum_{i=1}^n d(\mathbf{x}_i^{(j)}, \mathbf{c}_j) \quad (\text{C.1})$$

où d est une distance prédéfinie. Notons que l'algorithme des k -moyennes ne garantit pas la

Algorithme 15 K-moyennes

ENTREES : n points et k centres de classe

SORTIES : n points étiquetés par une des k classes, k centres de classes mis à jour

```
/* 1 - Assigner à chaque point l'étiquette de la classe dont le centre est le plus proche */
```

```
/* 2 - Mettre à jour le vecteur de centres des classes  $\mathbf{C}^t$  avec */
```

$$\mathbf{c}_j = \frac{1}{n_j} \sum_{i=1}^{n_j} \mathbf{x}_i^{(j)}$$

```
/* 3 - Boucler */
```

```
SI un  $\mathbf{x}_i^{(j)}$  a changé de classe ALORS
```

```
    retourner à l'étape 1
```

```
SINON
```

```
    s'arreter
```

```
FIN SI
```

convergence vers un minimum global.

C.2 C-moyennes floues

Les c-moyennes floues (*fuzzy c-means* [Dunn, 1973; Bezdek, 1981]) sont la version floue des k-moyennes où l'appartenance d'un point à une classe est donnée par une mesure d'appartenance. Le critère a cette fois la forme suivante :

$$J = \sum_{j=1}^k \sum_{i=1}^n u_{ij}^m d(\mathbf{x}_i, \mathbf{c}_j) \quad (\text{C.2})$$

où $u_{ij} \in [0,1]$ est la mesure d'appartenance de \mathbf{x}_i à la classe j avec $\sum_{j=1}^k u_{ij} = 1$ et le paramètre $m > 1$ fixé représente le degré de flou entre classes.

Algorithme 16 C-moyennes floues

ENTREES : n points et k centres de classe

SORTIES : n points et leurs degrés d'appartenance à chaque classes, k centres de classes mis à jour

/* 1 - Mettre à jour la matrice des mesures d'appartenance à l'itération t
 \mathbf{U}^t avec */

$$u_{ij} = \frac{1}{\sum_{l=1}^k \left[\frac{d(\mathbf{x}_i, \mathbf{c}_j)}{d(\mathbf{x}_i, \mathbf{c}_l)} \right]^{\frac{2}{m-1}}}$$

/* 2 - Mettre à jour le vecteur de centres des classes \mathbf{C}^t avec */

$$\mathbf{c}_j = \frac{\sum_{i=1}^n u_{ij}^m \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^n u_{ij}^m}$$

/* 3 - Boucler si \mathbf{U}^t a significativement changé */

SI $\|\mathbf{U}^t - \mathbf{U}^{t-1}\| < \epsilon$ ALORS

retourner à l'étape 1

SINON

s'arreter

FIN SI

Bibliographie

- [Amino *et al.*, 2004] Rogerio Amino, Auguste Genovesio, Susanna Celli, Pascal Roux, Jean-Christophe Olivo-Marin, Spencer L Shorte, Robert Menard, and Friedrich Frischknecht. From skin to liver : In vivo imaging of plasmodium sporozoites. *Molecular Parasitology Meeting XV*, September 19-23 2004.
- [Arnaud and Mémin, 2004] E. Arnaud and E. Mémin. Optimal importance sampling for tracking in image sequences : application to point tracking. *Proceedings of European Conference on Computer Vision, ECCV'04*, May 2004. Pragues.
- [Arulampalam *et al.*, 2002] M.S. Arulampalam, S. Maskell, N. Gordon, and T. Clapp. A tutorial on particle filters for online nonlinear/non-Gaussian Bayesian tracking. *IEEE Transaction on Signal Processing*, 50(2) :174–188, 2002.
- [Aschwanden and Guggenbuhl, 1992] P. Aschwanden and W. Guggenbuhl. Experimental results from a comparative study on correlation type registration algorithms. *Robust computer vision*, 0 :268–282, 1992. Wichmann.
- [Babcock *et al.*, 2004] H. P. Babcock, C. Chen, and X. Zhuang. Using single particle tracking to study nuclear trafficking of viral genes. *Biophysical Journal*, 87 :2749–2758, october 2004.
- [Badenas *et al.*, 2001] J. Badenas, J. Miguel, and F. Pla. Motion-based segmentation and region tracking in image sequences. *Pattern Recognition*, 34 :661–670, 2001.
- [Bar-Shalom and Blair, 2000] Y. Bar-Shalom and W. Dale Blair. *Multitarget-Multisensor Tracking Applications and Advances*, volume III. Artech House, Oct 2000.
- [Bar-Shalom and Fortmann, 1988] Y. Bar-Shalom and T.E. Fortmann. *Tracking and Data Association*. Academic Press, New-York, 1988.
- [Belhassine, 2003] Z. Belhassine. Multitarget tracking of fluorescent spots in video microscopy. *Rapport de stage de l'Unité d'Analyse d'Images quantitative - Institut Pasteur*, October 2003.
- [Bezdek, 1981] J. C. Bezdek. *Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms*. Plenum Press, New York, 1981.
- [Blake and Isard, 2000] A. Blake and M. Isard. *Active Contours*. Springer, 2000.
- [Blobel, 1985] G. Blobel. Gene gating : A hypothesis. *Proc. Natl. Acad Sci*, 82 :8527–8529, December 1985.
- [Blocker *et al.*, 1998] A. Blocker, G. Griffiths, J.-C. Olivo, A. Hyman, and F. Severin. A role for microtubule dynamics in phagosome movement. *Journal of Cell Science*, 111(3) :303–312, 1998.

- [Blom and Bar-Shalom, 1988] H. A. P. Blom and Y. Bar-Shalom. The interacting multiple model algorithm for systems with markovian switching coefficients. *IEEE Transaction on Automatic Control*, 33(8) :780–783, August 1988.
- [Blom, 1984] H. A. P. Blom. An efficient filter for abruptly changing systems. *23rd IEEE Conference on Decision and Control*, pages 656–658, December 1984. Las Vegas, NV.
- [Briquet-Laugier *et al.*, 1998] F. Briquet-Laugier, C. Boulin, and J.-C. Olivo-Marin. Analysis of moving biological objects in video microscopy sequences. *Proc. of SPIE*, 3642 :1–11, 1998.
- [Bruno, 2004] M. G. S. Bruno. Bayesian methods for multiaspect target tracking in image sequences. *IEEE Transaction on Signal Processing*, 52(7) :1848–1861, July 2004.
- [Buckley *et al.*, 2000] K. Buckley, A. Vaddiraju, and R. Perry. A new pruning/merging algorithm for MHT multitarget tracking. *Radar*, May 2000.
- [Cabal *et al.*, 2005] G. Cabal, A. Genovesio, F. Feuerbach, O. Gadai, J.-C. Olivo-Marin, and U. Nehrbass. Three-dimensional tracking of chromosomal loci in living cells. *soumis très prochainement*, 2005.
- [Carlin *et al.*, 1992] B. P. Carlin, N. G. Polson, and D. S. Stoffer. A Monte Carlo approach to nonnormal and non-linear state-space modeling. *Journal of the American Statistical Association*, 87(418) :493–500, 1992.
- [Cassidy and Penny, 2002] M. J. Cassidy and W. D. Penny. Bayesian nonstationary autoregressive models for biomedical signal analysis. *IEEE Transaction on Biomedical Engineering*, 49(10) :1142–1152, Oct 2002.
- [Chan and Vese, 2001] T. Chan and L. Vese. Active contours without edges. *IEEE Transaction on Image Processing*, 10(2) :266–277, 2001.
- [Chen *et al.*, 2002] Y. Chen, T. Huang, and Y. Rui. Parametric contour tracking using unscented Kalman filter. In *Proc. IEEE Int. Conf. Image Processing ICIP 2002, III*, pages 613–616, 2002.
- [Chetverikov and Verestóí, 1999] D. Chetverikov and J. Verestóí. Feature point tracking for incomplete trajectories. *Computing*, 62(4) :321–338, 1999.
- [Chetverikov and Verest’oy, 1998] D. Chetverikov and J. Verest’oy. Experimental comparative evaluation of feature point tracking algorithms, 1998.
- [Choi and Kim, 2002] M.-S. Choi and W.-Y. Kim. A novel two stage template matching method for rotation and illumination invariance. *Pattern Recognition*, 35 :119–129, 2002.
- [Chui, 1992] C.K. Chui. *An Introduction To Wavelets*. Academic Press, New York, 1992.
- [Cousquer, 2004] S. Cousquer. Visualisation of multidimensional images. *Rapport de stage de l’Unité d’Analyse d’Images quantitative - Institut Pasteur*, 2004.
- [Cox and Hingorani, 1996] I. J. Cox and S. L. Hingorani. An efficient implementation of Reid’s multiple hypothesis tracking algorithm and its evaluation for the purpose of visual tracking. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 18(2) :138–150, Feb 1996.

- [Crowley *et al.*, 1995] J. L. Crowley, F. Berard, and J. Coutaz. Finger tracking as an input device for augmented reality. *International Workshop on Face and Gesture Recognition*, pages 195–200, June 1995. Zurich Switzerland.
- [Cuartero *et al.*, 2001] G. Cuartero, V. Meas-Yedid, V. Galy, U. Nehrbass, and J.-C. Olivo-Marin. Three dimensional spot detection by multiscale analysis. *Proc. IEEE Int. Conf. Image Processing ICIP 2001, I*, pages 317–320, 2001.
- [Daoudi *et al.*, 1998] M. Daoudi, F. Ghorbel, A. Mokadem, O. Avaro, and H. Sanson. Shape distance for contour tracking and motion estimation. *Pattern Recognition*, 32 :1297–1306, 1998.
- [Dell’Acqua and Gamba, 2002] F. Dell’Acqua and P. Gamba. Rain pattern tracking by means of cotrec and modal matching. *Optical Engineering*, 41(2) :278–286, Feb 2002.
- [Doucet, 1998] A. Doucet. On sequential simulation-based methods for bayesian filtering. Technical report cued/f-infeng/tr.310, Signal Processing Group, Departement of Engineering, University of Cambridge CB2 1PZ Cambridge, 1998.
- [Duda and Hart, 1973] R. O. Duda and P. E. Hart. *Pattern Classification and Scene Analysis*. John Wiley and Sons, June 1973.
- [Duda *et al.*, 2000] R. O. Duda, P. E. Hart, and D. G. Stork. *Pattern Classification*. Wiley-Interscience, 2nd edition, October 2000.
- [Dunn, 1973] J. C. Dunn. A fuzzy relative of the isodata process and its use in detecting compact well-separated clusters. *Journal of Cybernetics*, (3) :32–57, 1973.
- [Farina, 2002] A. Farina. Cramér-Rao bound for nonlinear filtering with $p_d < 1$ and its application to target tracking. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 50(8) :1916–1924, 2002.
- [Feuerbach *et al.*, 2002] F. Feuerbach, V. Galy, E. Trelles-Sticken, M. Fromont-Racine, A. Jacquier, E. Gilson, J.-C. Olivo-Marin, H. Scherthan, and U. Nehrbass. Nuclear architecture and spatial positionning help establish transcriptional states of telomeres in yeast. *Nature Cell Biology*, 4 :214–221, 2002.
- [Figueiredo and Nowak, 2001] M. A. T. Figueiredo and R. D. Nowak. Wavelet-based image estimation : An empirical bayes approach using Jeffrey’s noninformative prior. *IEEE Trans. on Image Processing*, 10(9) :1322–1331, 2001.
- [Galy *et al.*, 2000] V. Galy, J.-C. Olivo-Marin, H. Scherthan, V. Doye, N. Rascalou, and U. Nehrbass. Nuclear pore complexes in the organisation of silent telomeric chromatin. *Nature*, 403(108-112), 2000.
- [Gelgon *et al.*, 2005] M. Gelgon, P. Bouthemy, and J.-P. Le Cadre. Recovery of the trajectories of multiple moving objects in an image sequence with a pmht approach. *Image and Vision Computing Journal*, 1(23) :19–31, 2005.
- [Genovesio and Olivo-Marin, 2003] A. Genovesio and J.-C. Olivo-Marin. Tracking fluorescent spots in biological video microscopy. *Proceedings of SPIE - Three-Dimensional and Multidimensional Microscopy : Image Acquisition and Processing X*, 4964 :98–105, January 2003. San Jose, California, USA.

- [Genovesio *et al.*, 2003] A. Genovesio, B. Zhang, and J.-C. Olivo-Marin. Tracking of multiple fluorescent biological objects in three dimensional video microscopy. *Proceedings of IEEE International Conference on Image Processing ICIP 2003*, I :1105–1108, September 2003. Barcelona, Spain.
- [Genovesio *et al.*, 2004] A. Genovesio, Z. Belhassine, and J.-C. Olivo-Marin. Adaptive gating in gaussian bayesian multi-target tracking. *Proceedings of ICIP 2004 (IEEE International Conference on Image Processing)*, Octobre 2004.
- [Genovesio *et al.*, 2005] Auguste Genovesio, Tim Liedl, Valentina Emiliani, Wolfgang J. Parak, Maité Coppey-Moisan, and Jean-Christophe Olivo-Marin. Multiple particle tracking in 3d+t microscopy : Methods and application to the tracking of quantum dots. *soumis à IEEE Transactions on Image Processing*, 2005.
- [Gil and Milanés, 1996] S. Gil and R. Milanés. Comparing features for target tracking in traffic scenes. *Pattern Recognition*, 29(8) :1285–1296, 1996.
- [Gordon *et al.*, 1993] N. Gordon, D. Salomon, and A. Smith. Novel approach to nonlinear/non-Gaussian Bayesian state estimation. *IEEE Proc.F, Radar and signal processing*, 140(2) :107–113, 1993.
- [Hediger *et al.*, 2002] F. Hediger, F. R. Neumann, G. Van Houwe, K. Dubrana, and S. M. Gasser. Live imaging of telomeres. yku and sir proteins define redundant telomere-anchoring pathways in yeast. *Current Biology*, 12 :2076–2089, 2002.
- [Hue *et al.*, 2002] C. Hue, J. P. Le Cadre, and P. Pérez. Sequential Monte Carlo method for multiple target tracking and data fusion. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 50(2) :309–325, Feb 2002.
- [Hung, 1999] Y. S. Hung. A Kalman filter approach to direct depth estimation incorporating surface structure. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 21(6) :570–575, Jun 1999.
- [Hwang, 1999] Vincent S. Hwang. Tracking feature points in time-varying images using an opportunistic selection approach. *Pattern Recognition*, 22(3) :247–256, 1999.
- [Isard and Blake, 1996] M. Isard and A. Blake. Contour tracking by stochastic propagation of conditional density. *European Conference on Computer Vision*, 1 :343–356, 1996.
- [Isard and Blake, 1998] M. Isard and A. Blake. Condensation – conditional density propagation for visual tracking. *International Journal of Computer Vision*, 29(1) :5–28, 1998.
- [Jacquet and Szpankowski, 2002] P. Jacquet and W. Szpankowski. A universal predictor based on pattern matching. *IEEE Transaction on Information Theory*, 48(6) :1462–1472, Jun 2002.
- [Jang and Choi, 2000] D.-S. Jang and H.-I. Choi. Active models for tracking moving objects. *Pattern Recognition*, 33 :1135–1146, 2000.
- [Jang *et al.*, 2002] D.-S. Jang, S.-W. Jang, and H.-I. Choi. 2D human body tracking with structural Kalman filter. *Pattern Recognition*, 35 :2041–2049, 2002.
- [Jilkov and Li, 2004] V. P. Jilkov and X. R. Li. Online bayesian estimation of transition probabilities for markovian jump systems. *IEEE Transactions On Signal Processing*, 52(6) :1620–1630, June 2004.

- [Johnston and Krishnamurthy, 2001] L. A. Johnston and V. Krishnamurthy. An improvement to the interacting multiple model (imm) algorithm. *IEEE Transactions on Image Processing*, 49(12) :2909–2923, 2001.
- [Jonker and Volgenant, 1987] R. Jonker and A. Volgenant. A shortest augmenting path algorithm for dense and sparse linear assignment problems. *Computing*, 38 :325–340, 1987.
- [Kalman, 1960] R. E. Kalman. A new approach to linear filtering and prediction problems. *Transactions of the ASME-Journal of Basic Engineering*, 82(D) :35–45, 1960.
- [Kass *et al.*, 1988] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos. Snakes : Active countour models. *International Journal of Computer Vision*, 1 :321–331, 1988.
- [Kitagawa, 1996] G. Kitagawa. Monte Carlo filter and smoother for non-Gaussian non-linear state space models. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 5(1) :1–25, 1996.
- [Konrad and Ristivojević, 2002] J. Konrad and M. Ristivojević. Joint space-time image sequence segmentation based on volume competition and level sets. In *Proc. IEEE Int. Conf. Image Processing ICIP 2002, I*, pages 573–576, 2002.
- [Koschan *et al.*, 2003] A. Koschan, S. K. Kang, J. K. Paik, B. R. Abidi, and M. A. Abidi. Color active shape models for tracking non-rigid objects. *PRL*, 24(11) :1751–1765, July 2003.
- [Kotecha and Djurić, 2003a] J. H. Kotecha and P. M. Djurić. Gaussian sum particle filtering. *IEEE Transaction on Signal Processing*, 51(10) :2602–2612, 2003.
- [Kotecha and Djurić, 2003b] J. H. Kotecha and P. M. Djurić. Gaussian particle filtering. *IEEE Transaction on Signal Processing*, 51(10) :2592–2601, 2003.
- [Kuhn, 1995] H. K. Kuhn. The hungarian method for solving the assignment problem. *Naval Research Logistics Quarterly*, 2 :83–97, 1995.
- [Laroche *et al.*, 1998] T. Laroche, S. G. Martin, M. Gotta, H. C. Gorham, F. E. Pryde, E. J. Louis, and S. M. Gasser. Mutation of yeast ku genes disrupts the subnuclear organization of telomeres. *Current Biology*, 8 :653–656, 1998.
- [Larocque *et al.*, 2002] J.-R. Larocque, J. P. Reilly, and W. Ng. Particle filter for tracking an unknown number of sources. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 50(12) :2926–2937, December 2002.
- [Leduigou, 2002] J. Leduigou. Module de visualisation de séquences d’images en microscopie multidimensionnelle. *Rapport de stage de l’Unité d’Analyse d’Images quantitative - Institut Pasteur*, 2002.
- [Lee and Tahk, 1998] H.G. Lee and M.J. Tahk. A new input estimation algorithm for target tracking problem. *Korea Automatic Control Conference KACC*, October 1998.
- [Lewis, 1995] J. P. Lewis. Fast template matching. *Vision Interface*, pages 120–123, 1995.
- [Li *et al.*, 2003] P. Li, T. Zhang, and A. E. C Pece. Visual contour tracking based on particle filters. *IVC*, 21(1) :111–123, January 2003.
- [MacQueen, 1967] J. B. MacQueen. Some methods for classification and analysis of multivariate observations. *Proceedings of 5-th Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability*, 1 :281–297, 1967.

- [Mairey *et al.*, 2004] E. Mairey, E. Donnadieu, A. Genovesio, J.-C. Olivo-Marin, X. Nassif, and G. Dumenil. Bacterial adhesion under flow - a real time adhesion assay. *14th international Pathogenic Neisseria conference*, september 2004. Milwaukee, USA.
- [Malladi *et al.*, 1995] R. Malladi, J. A. Sethian, and B. C. Vemuri. Shape modeling with front propagation : A level set approach. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(2), 1995.
- [Mallat and Zhong, 1992] S. Mallat and S. Zhong. Characterization of signals from multiscale edges. *IEEE. Trans. on Pattern Anal. and Machine. Intell.*, 14(7) :710–732, 1992.
- [Mallat, 1989] S. Mallat. A theory for multiresolution signal decomposition : the wavelet representation. *IEEE. Trans. on Pattern Anal. and Machine. Intell.*, 11(7) :674–693, 1989.
- [Mallat, 1998] S. Mallat. *A Wavelet Tour of Signal Processing*. Academic Press, 1998.
- [Marques and Lemos, 2001] J. S. Marques and J. M. Lemos. Optimal and suboptimal shape tracking based on multiple switched dynamic models. *Image and Vision Computing*, 19 :539–550, 2001.
- [McInemey and Terzopoulos, 1999] T. McInemey and D. Terzopoulos. Topology adaptive deformable surfaces for medical image volume segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10) :840–850, October 1999.
- [Mehra, 1970] R. K. Mehra. On the identification of variances and adaptive Kalman filtering. *IEEE Transactions on Automatic Control*, AC-15(2), April 1970.
- [Murphy *et al.*, 2001] C. Murphy, R. Saffrich, J.-C. Olivo-Marin, A. Giner, W. Ansorge, T. Fotsis, and M. Zerial. Dual function of rhod in vesicular movement and cell motility. *Eur. Journal of Cell Biology*, 80(6) :391–398, 2001.
- [Murty, 1968] K. G. Murty. An algorithm for ranking all the assignments in order of increasing cost. *Operations Research*, 16 :682–687, 1968.
- [Nascimento and Marques, 2002] J. C. Nascimento and J. S. Marques. Improving the robustness of parametric shape tracking with switched multiple models. *Pattern Recognition*, 35 :2711–2718, 2002.
- [Ngoc *et al.*, 1997] S. Nguyen Ngoc, F. Briquet-Laugier, C. Boulin, and J.-C. Olivo-Marin. Adaptive detection for moving biological objects in video microscopy sequences. *ICIP*, 3 :484–487, 1997.
- [Nguyen and Smeulders, 2002] H. T. Nguyen and W. M. Smeulders. Template tracking using color invariant pixel features. *Proc. IEEE Int. Conf. Image Processing ICIP 2002*, I, 2002.
- [November and Simon, 1988] L. J. November and G. W. Simon. Precise proper-motion measurement of solar granulation. *The Astrophysical Journal*, 333 :427–442, October 1988.
- [Ohyama *et al.*, 2002] W. Ohyama, T. Wakabayashi, K. Sekioka, F. Kimura, and S. Tsuruoka. Automatic tracking of local myocardial motion by correlation weighted velocity method. *ICPR*, I :711–714, 2002.
- [Olivo-Marin, 2002] J.-C. Olivo-Marin. Extraction of spots in biological images using multiscale products. *Pattern Recognition*, 35(9) :1989–1996, 2002.

- [Ollivier, 2004] F. Ollivier. Implementation and test of JPDAF et MHT for tracking in biological fluorescence microscopy. *Rapport de Stage de l'Unité d'Analyse d'Image Quantitative - Institut Pasteur*, 2004.
- [Orton and Fitzgerald, 2002] M. Orton and W. Fitzgerald. A Bayesian approach to tracking multiple targets using sensor arrays and particle filters. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 50(2) :216–223, Feb 2002.
- [Osher and Sethian, 1988] S. Osher and J. A. Sethian. Front propagating with curvature dependent speed : algorithms based on hamilton-jacobi formulations. *Journal of Computational Physics*, 79(12-49), 1988.
- [Penard, 2003] L. Penard. Improvement of spot detection in fluorescent immunomicroscopy images. *Rapport de stage de l'Unité d'Analyse d'Images quantitative - Institut Pasteur*, June 2003.
- [Peterfreund, 1999] N. Peterfreund. Robust tracking of position and velocity with kalman snakes. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 21(6) :564–569, Jun 1999.
- [Rangarajan and Shah, 1991] K. Rangarajan and M. Shah. Establishing motion correspondence. *CVGIP : Image Underst.*, 54(1) :56–73, 1991.
- [Rasmussen and Hager, 2001] C. Rasmussen and G. Hager. Probabilistic data association methods for tracking visual objects. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 23(6) :560–576, June 2001.
- [Reece, 2001] S. Reece. Nonlinear kalman filtering with semi-parametric biscoy distributions. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 49(11) :2445–2453, 2001.
- [Reid, 1979] D. B. Reid. An algorithm for tracking multiple targets. *IEEE Transactions on Automatic Control*, AC-24 :843–854, December 1979.
- [Sadler and Swami, 1999] B.M. Sadler and A. Swami. Analysis of multiscale products for step detection and estimation. *IEEE Trans. on Inform. Theory*, 45(3) :1043–1051, 1999.
- [Salari and Sethii, 1990] V. Salari and I. K. Sethii. Feature point correspondence in the presence of occlusion. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(1) :87–91, 1990.
- [Schutter *et al.*, 1999] J. D. Schutter, J. D. Geeter, T. Lefebvre, and H. Bruyninckx. *Kalman Filter : A tutorial*. Division of Production Engineering, Machine Design and Automation (PMA) Celestijnenlaan 300 B, B-3001 Heverlee, Belgium and SCK CEN Belgian Nuclear Energy Research Center Boeretang 200, B-2400 Mol, Belgium Katholieke Universiteit Leuven, October 1999.
- [Seelen and Bajcsy, 1996] U. Von Seelen and R. Bajcsy. Adaptive correlation tracking of targets with changing scale. *Technical report, GRASP Laboratory Technical Report*, June 1996.
- [Seisenberger *et al.*, 2001] G. Seisenberger, MU Ried, T. Endress, H. Buning, M. Hallek, and C. Brauchle. Real-time single-molecule imaging of the infection pathway of an adeno-associated virus. *Science*, 294(5548) :1929, Nov 2001.

- [Sethi and Jain, 1987] J. K. Sethi and R. Jain. Finding trajectories of feature points in a monocular image sequence. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 9 :56–73, 1987.
- [Sethian, 1999] J. A. Sethian. *Level Set Methods and Fast Marching Methods*. Cambridge University Press, 2nd edition edition, 1999.
- [Shav-Tal *et al.*, 2004] Y. Shav-Tal, X. Darzacq, S. M. Shenoy, D. Fusco, S. M. Janicki, D. L. Spector, and R. H. Singer. Dynamic of single mRNPs in nuclei of living cells. *Science*, 304, June 2004.
- [Simeonova and Semerdjiev, 2002] I. Simeonova and T. Semerdjiev. Specific features of IMM tracking filter design. *Information and Security, an International Journal.*, 9 :154–165, 2002.
- [Starck *et al.*, 2000] J.-L. Starck, F. Murtagh, and A. Bijaoui. *Image Processing and Data Analysis : the Multiscale Approach*. Cambridge University Press, 2000.
- [Tao and Kumar, 2000] H. Tao and R. Kumar. A sampling algorithm for tracking multiple objects. *ICCV*, 1883 :53–68, Sept 2000.
- [Tao *et al.*, 2002] H. Tao, H. S. Sawhney, and R. Kumar. Object tracking with bayesian estimation of dynamic layer representations. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 24(1) :75–89, 2002.
- [Tissainayagam and Suter, 2001a] P. Tissainayagam and D. Suter. Performance prediction analysis of a point feature tracker based on different motion models. *Computer Vision and Image Understanding*, 84 :104–125, 2001.
- [Tissainayagam and Suter, 2001b] P. Tissainayagam and D. Suter. Visual tracking with automatic motion model switching. *Pattern Recognition*, 34 :641–660, 2001.
- [Vallotton *et al.*, 2003] P. Vallotton, A. Ponti, C.M. Waterman-Storer, E.D. Salmon, and G. Danuser. Recovery, visualization, and analysis of actin and tubulin polymer flow in live cells : a fluorescent speckle microscopy study. *Biophys. J.*, 85 :1289–1306, 2003.
- [Veenman *et al.*, 2000] C. J. Veenman, M.J.T. Reinders, and E. Backer. A composite model and algorithm for motion correspondence. In *Proceedings of the sixth annual conference of the Advanced School for Computing and Imaging*, Belgium, June 2000.
- [Veenman *et al.*, 2001] Cor J. Veenman, Marcel J. T. Reinders, and Eric Backer. Resolving motion correspondence for densely moving points. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 23(1) :54–72, 2001.
- [Veenman *et al.*, 2003] C. J. Veenman, M. J. T. Reinders, and E. Backer. Establishing motion correspondence using extended temporal scope. *Artificial Intelligence*, 145(1-2) :227–243, 2003.
- [Wang, 2002] F. Wang. Robust Kalman filters for linear time-varying systems with stochastic parametric uncertainties. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 50(4) :803–813, 2002.
- [Willet *et al.*, 2001] P. Willet, R. Niu, and Y. Bar-Shalom. Integration of Bayes detection with target tracking. *IEEE Transaction on Signal Processing*, 49(1), Jan 2001.
- [Willet *et al.*, 2002] P. Willet, Y. Ruan, and R. Streit. PMHT : problems and some solutions. *IEEE Transactions on Aerospace and Electronics*, 38(3) :738–754, 2002.

- [Zhang, 2003] B. Zhang. Détection et caractérisation de spots fluorescents en microscopie tridimensionnelle par transformée en ondelettes. *Rapport de stage de l'Unité d'Analyse d'Image Quantitative de l'Institut Pasteur*, 2003.
- [Zimmer *et al.*, 2002a] C. Zimmer, E. Labruyere, V. Meas-Yedid, N. Guillen, and J.-C. Olivo-Marin. Segmentation and tracking of migrating cells in videomicroscopy with parametric active contours : a tool for cell-based drug testing. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 21(10) :1212–1221, October 2002.
- [Zimmer *et al.*, 2002b] C. Zimmer, E. Labruyere, V. Meas Yedid, N. Guillen, and J.-C. Olivo-Marin. Improving active contours for segmentation and tracking of motile cells in videomicroscopy. *ICPR*, II :286–289, 2002.

Communications et publications

- [Genovesio and Marin, 2003] A. Genovesio and J.-C. Olivo Marin. Tracking de cibles mouvantes multiples en vidéomicroscopie. *Proceedings of ICISP 2003 (IAPR - International Conference on Image and Signal Processing)*, pages 725–728, June 2003. Agadir, Maroc.
- [Genovesio and Marin, 2004a] A. Genovesio and J.-C. Olivo Marin. Interring multiple model based method to track moving fluorescent biological spots. *Proceedings of ISBI 2004 (International Symposium on Biomedical Imaging)*, 2004. Arlington (USA).
- [Genovesio and Marin, 2004b] A. Genovesio and J.-C. Olivo Marin. Interring multiple model based method to track multiple target in videomicroscopy. *Electronic proceedings of RFIA 2004 (reconnaissance des Formes et intelligence Artificielle)*, 2004. Toulouse (france).
- [Genovesio and Marin, 2004c] A. Genovesio and J.-C. Olivo Marin. Split and merge data association filter for dense multi-target tracking. *Proceedings of ICPR 2004 (International Conference on Pattern recognition)*, August 2004. Cambridge (UK).
- [Genovesio and Olivo-Marin, 2003] A. Genovesio and J.-C. Olivo-Marin. Tracking fluorescent spots in biological video microscopy. *Proceedings of SPIE - Three-Dimensional and Multidimensional Microscopy : Image Acquisition and Processing X*, 4964 :98–105, January 2003. San Jose, California, USA.
- [Genovesio *et al.*, 2003a] A. Genovesio, B. Zhang, and J.-C. Olivo-Marin. Tracking of multiple fluorescent biological objects in three dimensional video microscopy. *Proceedings of IEEE International Conference on Image Processing ICIP 2003*, I :1105–1108, September 2003. Barcelona, Spain.
- [Genovesio *et al.*, 2003b] A. Genovesio, Bo Zhang, Vannary Meas-Yedid, Christophe Zimmer, and Jean-Christophe Olivo-Marin. Tracking and motion analysis in dynamic imaging : movie crunching. *ELMI*, June 11-13 2003. Barcelone (Spain).
- [Genovesio *et al.*, 2004a] A. Genovesio, Z. Belhassine, and J.-C. Olivo-Marin. Adaptive gating in gaussian bayesian multi-target tracking. *Proceedings of ICIP 2004 (IEEE International Conference on Image Processing)*, Octobre 2004.
- [Genovesio *et al.*, 2004b] A. Genovesio, G. Cabal, O. Gadal, F. Feuerbach, U. Nehrass, and J.-C. Olivo-Marin. A computerize method for the three-dimensional detection and localization of chromosomal loci in living cells. *ELMI 2004*, 2004.
- [Genovesio* *et al.*, 2005a] Auguste Genovesio*, Nathalie Arhel*, Sarah Miko, Emmanuelle Perret, Jean-Christophe Olivo-Marin, Spencer Shorte, and Pierre Charneau. Quantitative 4d tracking of flash-labelled cytoplasmic and nuclear hiv-1 complexes. *Soumis à Nature Methods*, 2005.

- [Genovesio *et al.*, 2005b] Auguste Genovesio, Tim Liedl, Valentina Emiliani, Wolfgang J. Parak, Maité Coppey-Moisan, and Jean-Christophe Olivo-Marin. Multiple particle tracking in 3d+t microscopy : Method and application to the tracking of endocytosed quantum dots. *soumis à IEEE Transaction on Image Processing*, 2005.
- [Genovesio, 2004] A. Genovesio. Multitarget tracking applications in microbiology. *ELSO*, September 4-8 2004. Nice (France).
- [Amino *et al.*, 2004] Rogerio Amino, Auguste Genovesio, Susanna Celli, Pascal Roux, Jean-Christophe Olivo-Marin, Spencer L Shorte, Robert Menard, and Friedrich Frischknecht. From skin to liver : In vivo imaging of plasmodium sporozoites. *Molecular Parasitology Meeting XV*, September 19-23 2004.
- [Cabal *et al.*,] G. Cabal, A. Genovesio, F. Feuerbach, O. Gadal, J.-C. Olivo-Marin, and U. Nehrbass. Three-dimensional tracking of chromosomal loci in living cells. *soumis très prochainement*.
- [Mairey *et al.*, 2004] E. Mairey, E. Donnadieu, A. Genovesio, J.-C. Olivo-Marin, X. Nas-sif, and G. Dumenil. Bacterial adhesion under flow - a real time adhesion assay. *14th international Pathogenic Neisseria conference*, september 2004. Milwaukee, USA.

Table des Algorithmes

1	Filtre de Kalman	38
2	Filtre basé sur une grille	45
3	Filtre de Kalman étendu	46
4	Filtre à interaction de modèles multiples	50
5	Filtre à particules SIS	63
6	Ré-échantillonnage	64
7	Filtre à particules avec rééchantillonnage SIR	65
8	Association sous optimale des plus proches voisins	75
9	Association multi hypothèses : une implémentation	78
10	Association de données probabiliste	80
11	Association probabiliste de données jointe	83
12	K-moyennes contraintes par le volume	114
13	K-moyennes contraintes par la photométrie	115
14	Association multi-objets séparation-fusion : implantation globale	116
15	K-moyennes	151
16	C-moyennes floues	152

Table des figures

1.1	Exemples de marquage fluorescent	11
1.2	Exemple d'une séquence 2D de taches fluorescentes	12
2.1	Exemple de détection par corrélation	16
2.2	Exemple de détection par contour actif	18
2.3	Exemple de détection par ensemble de niveaux	20
2.4	Shéma générale du tracking bayésien	23
3.1	Seuillage itératif	31
3.2	Seuillage par maximisation de l'entropie	32
3.3	Le seuillage par minimisation du flou	33
3.4	Seuillage Manuel	33
4.1	Estimation d'un signal par filtrage de Kalman	40
4.2	Propagation de densité par Filtrage de Kalman	41
4.3	Estimation d'un signal par filtrage de Kalman avec transition incorrecte	42
4.4	Propagation de densité par Filtrage de Kalman avec transition incorrecte	43
4.5	Estimation d'un signal non linéaire par filtrage de Kalman étendu	47
4.6	Propagation de densité par Filtrage de Kalman étendu	48
4.7	Estimation d'un signal par filtrage IMM	53
4.8	Propagation de densité par filtrage IMM	54
4.9	Estimation d'un signal non linéaire non gaussien par filtrage de Kalman étendu	56
4.10	Propagation de densité par filtrage de Kalman étendu	57
4.11	Estimation d'un signal non linéaire par filtrage approximé basé sur une grille	58
4.12	Propagation de densité par filtrage approximé basé sur une grille	59
4.13	Estimation d'un signal non linéaire par filtrage approximé basé sur une grille	60
4.14	Propagation de densité par filtrage approximé basé sur une grille	61
4.15	Estimation d'un signal non linéaire par filtrage particulaire SIR	66
4.16	Propagation de densité par filtrage particulaire SIR	67
4.17	Estimation d'un signal non linéaire multimodale par filtrage particulaire SIR	68
4.18	Propagation de densité par filtrage particulaire SIR	69
4.19	Estimation d'un signal non linéaire multimodale par filtrage particulaire SIR	70
4.20	Propagation de densité par filtrage particulaire SIR	71
5.1	Les plus proches voisins	76
5.2	PDAF : Fenêtre de recherche	79

5.3	JPDAF : Volumes de la fenêtre de recherche autour des mesures prédites. . .	82
6.1	Détection fusionnée de deux objets.	86
6.2	Deux trajectoires en présence d'une détection fusionnée de deux objets. . . .	87
6.3	Événements réalisables d'associations jointes pour la figure 6.2.	87
6.4	Deux trajectoires en présence d'une seule mesure	89
6.5	Détections partielles d'un objet.	89
6.6	Détections partielles : exemple	90
7.1	Formes de détection	97
7.2	Fonction de séparation et fonction de fusion	100
7.3	Deux objets sont face à trois détections	103
8.1	Modèles de dynamique	108
8.2	Association séparation-fusion, un exemple visuel de fusion	112
9.1	Exemples de séquences synthétiques	119
9.2	Erreur de prédiction moyenne de l'IMM sur 50 trajectoires générées	120
9.3	Comparaison de la qualité du suivi avec différents modèles de transition	120
9.4	Illustration de l'adaptation automatique de la fenêtre de recherche	121
9.5	Illustration de différentes méthodes d'adaptation	121
9.6	Effet du changement des paramètres de la méthode 5	122
9.7	Visualisation des fenêtres de recherche adaptatives	122
9.8	Robustesse de l'algorithme SM (1)	124
9.9	Robustesse de l'algorithme SM (2)	124
9.10	Robustesse de l'algorithme SM (3)	125
9.11	Robustesse de l'algorithme SM (4)	125
9.12	Robustesse de l'algorithme SM (5)	126
9.13	Comparaison visuelle pour une séquence générée (1)	127
9.14	Comparaison visuelle pour une séquence générée (2)	128
9.15	Comparaison visuelle pour une séquence générée (3)	129
10.1	Phases I et II	132
10.2	Phases III et IV	133
10.3	Résumé des différentes phases de mouvement du VIH-1	134
10.4	Suivi de sporozoïtes de Plasmodium	135
10.5	Détection du plan de maximum d'intensité	136
10.6	Estimation du rayon du noyau	137
10.7	Suivi du locus et du noyau dans le temps	137
10.8	Système mis en place pour l'observation d'un flux de bactéries	138
10.9	Image d'un flux de bactéries	139
10.10	Suivi automatique d'un flux de bactéries	139
10.11	Suivi de vésicules marquées par quantum dots (1)	140
10.12	Suivi de vésicules marquées par quantum dots (2)	140