

Suivi de multiples taches fluorescentes par interaction de différents modèles de mouvement en vidéomicroscopie

Multitarget Tracking of Fluorescent Spots by Interacting Multiple Model in Video Microscopy

A. Genovesio^{1,2*}

B. Zhang¹

J.-C. Olivo-Marin¹

¹ Unité d'Analyse d'Image Quantitative, Institut Pasteur

² SIP-CRIP5, Université René Descartes, Paris V

Institut Pasteur, 28 rue du Dr Roux, 75724 Paris Cedex 15, France
auguste.genovesio@pasteur.fr, jcolivo@pasteur.fr

Résumé

L'analyse de la motilité est une dimension importante de la biologie cellulaire. Le développement de méthodes automatiques pour accéder à cette analyse devient de plus en plus nécessaire avec l'avènement de la vidéomicroscopie. Nous proposons une méthode pour détecter et suivre de multiples objets biologiques dont les comportements sont différents et peuvent varier au cours du temps dans des séquences de vidéomicroscopie par fluorescence. Ceci permet par la suite l'extraction et l'analyse de données telles que le nombre, la position, la vitesse des objets ou encore leurs différentes phases de mouvement. Cette méthode se décompose en trois étapes. Une étape de détection repose sur une analyse multi-échelle utilisant une transformation en ondelettes non décimée. Une étape de prédiction des états futurs de chaque objet sur l'image suivante utilise un algorithme d'interaction entre modèles (IMM). Enfin, une étape d'association est utilisée afin de construire les trajectoires composées des états filtrés et de mettre à jour les IMM en vue d'améliorer les prédictions des futurs états. Une fois que les trajectoires sont obtenues, elles sont analysées pour en extraire les informations de mobilité des objets biologiques.

Mots Clefs

Analyse d'image, suivi automatique, IMM, ondelettes, microscopie

Abstract

The analysis of cell and pathogen motility is a major topic in cell biology for which computerized methods are most

needed. We propose a method to detect and track multiple moving biological objects exhibiting different kind of dynamics among them and over time in image sequences acquired by fluorescence video microscopy. This method allows the extraction and analysis of quantitative data such as number, position, speed and movement stages. The method consists of three stages. A detection based on a multi-scale analysis of images using an undecimated wavelet transform. The next stage consists, for each detected spot, in computing several predictions of its future state in the next frame. This is accomplished thanks to an Interacting Multiple Model (IMM) algorithm, which includes several models corresponding to different movement types. This is followed by a data association stage during which tracks are constructed and IMM filters are refined in order to produce improved predictions on future images. Once all moving objects have been assigned to unique spatio-temporal paths, trajectories are analyzed in terms of different parameters relevant to the study of biological motility.

Keywords

Image analysis, Tracking, IMM, Wavelets, microscopy.

1 Introduction

Grâce à l'association de marquages de type GFP (Green Fluorescent Protein) et de la microscopie numérique, il est maintenant possible de filmer des cellules en temps réel. Les objets biologiques marqués par fluorescence ont généralement l'aspect de petites taches sur un fond très bruité. Le nombre, la position, la distribution spatiale, les phases de mouvement et la vitesse de ces taches tiennent alors un rôle majeur dans la compréhension des informa-

* A.G. est soutenu en partie par l'AC-14.2 de l'ANRS

tions contenues dans les images pour caractériser certains phénomènes biologiques [15, 21, 4, 22]. Une tache fluorescente représentant un objet biologique est donc définie comme étant de petite taille, compacte, n'ayant pas de bords clairement définis. Son intensité est également plus forte que celle de son entourage immédiat. Dans le contexte de l'observation de cellules vivantes, il faut tenir compte du fait que la forme et le mouvement de ces taches peuvent varier au cours du temps. Ces particularités rendent le suivi automatique particulièrement difficile. En effet, pour le suivi d'humains ou de voitures ou même d'objets biologiques ne se déformant pas, on peut recourir à des techniques de corrélation [8, 23, 17, 1, 9, 16]. Pour le suivi de cellules observées à fort grossissement, les contours actifs [14, 7, 24] permettent d'obtenir une certaine robustesse vis-à-vis des déformations. En revanche, pour les objets biologiques submicrométriques ou observés à un faible grossissement, les caractéristiques très spécifiques citées plus haut telles que la mauvaise définition des contours ou la forte déformation ne nous permettent pas d'utiliser de telles techniques.

Dans cet article, nous présentons une méthode composée de trois étapes : i) Une étape de détection qui utilise une transformation en ondelettes, ii) une étape de prédiction qui utilise un filtre IMM et iii) une étape d'association basée sur le maximum de vraisemblance. Nous détaillons ces étapes dans les trois premières parties. La dernière partie est consacrée aux résultats obtenus. Enfin, cette méthode présente des avantages que nous détaillons dans la conclusion.

Dans ce qui suit, chaque tache est représentée par un vecteur d'état dont les paramètres varient au cours du temps. L'idée générale est d'obtenir à chaque image un ensemble de prédictions des mesures de l'état de chaque objet afin de l'associer au mieux à un ensemble de mesures détectées.

2 Détection

La détection des taches est fondée sur une approche multirésolution utilisant une transformée en ondelettes discrète, invariante par translation (SI-DWT) [18, 20] et sur le filtrage sélectif des coefficients d'ondelette. Ce schéma permet de séparer et de caractériser des objets de différentes tailles en sélectionnant uniquement les images de détail à certaines échelles [18]. Ceci est accompli en débruitant chaque image de détail de manière indépendante grâce à une technique de seuillage automatique. Considérons que l'image originale X est contaminée par un bruit additif gaussien n , on a $Y = X + n$, où Y est l'observation. Après application de la transformée en ondelettes nous obtenons $\mathbf{WY} = \mathbf{WX} + \mathbf{Wn}$ où $\mathbf{W}$ est la matrice de transformation. En supposant que le bruit est stationnaire à chaque échelle, nous utilisons le seuillage non-informatif de Jeffrey [11] pour estimer les coefficients $\mathbf{WY}_i$ à une échelle donnée i :

$$t_{noninformative}(\mathbf{WY}_i) = \frac{(\mathbf{WY}_i^2 - 3\sigma_i^2)_+}{\mathbf{WY}_i} \quad (1)$$

où σ_i est l'écart-type du bruit à l'échelle i dans le domaine d'ondelettes. Une estimation robuste [10] de σ_i est calculée grâce au médian de la valeur absolue des coefficients d'ondelettes à l'échelle i :

$$\tilde{\sigma}_i = \frac{\text{median}(|\mathbf{WY}_i|)}{0.6745} \quad (2)$$

Pour caractériser les taches nous calculons ensuite une image de corrélation $P_s(x, y)$ qui est la multiplication directe de s images correspondant aux échelles sélectionnées :

$$P_s(x, y) = \prod_{i=j_1}^{j_s} \mathbf{WY}_i(x, y)_+ \quad (3)$$

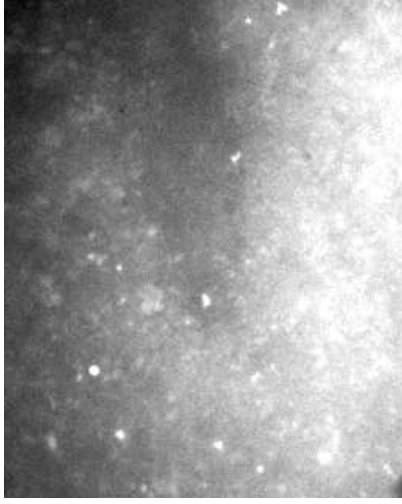
La corrélation a pour double effet de réduire le bruit résiduel et d'augmenter le contraste entre les objets et l'arrière-plan. Après cette amplification locale des objets fluorescents qui nous intéressent, un seuil est automatiquement déterminé par maximum d'entropie. Chaque composante connexe de l'image de corrélation ainsi seuillée représente un objet. Sur chacune de ces composantes, il est maintenant possible d'extraire, à partir des images originales, un ensemble de paramètres représentant chaque tache à un instant donné. Les paramètres pris en compte ici sont : le centre de masse (x, y) , l'aire a et l'intensité moyenne i de chaque tache. Cet ensemble de données mesurées de l'état d'une tache à un instant t est appelé une *observation* et sera noté :

$$\mathbf{z}(t) = \begin{bmatrix} x_t \\ y_t \\ a_t \\ i_t \end{bmatrix} \quad (4)$$

La figure 1 présente un exemple de la procédure de détection et de son avantage par rapport à des techniques classiques. Un seuillage classique est appliqué à une image de la séquence pour tenter d'en extraire les objets fluorescents. Il est évident sur cet exemple que le résultat n'est pas satisfaisant puisqu'une partie du fond est également prélevée. En revanche l'application de notre méthode donne un bon résultat puisque l'on obtient la détection des objets d'intérêt sans retenir de partie du fond.

3 Prédiction

Une fois qu'un ensemble de paramètres a été obtenu pour chaque tache sur chaque image, il est nécessaire de lier temporellement les états successifs de chaque objet afin de reconstruire les trajectoires. Dans ce processus, toutes les détections ne correspondent pas forcément à un objet ; de même, tous les objets ne sont pas obligatoirement détectés à chaque instant. Ceci est dû à la qualité de la détection, d'une part, et au comportement des objets, d'autre part, qui peuvent par exemple entrer et sortir du plan focal. Il est donc nécessaire de tenir compte des erreurs de détection en



a



b



c

FIG. 1 – a) Image originale. b) Seuillage classique obtenu avec [19]. c) Détection après transformation, débruitage et produit d'échelles

construisant une estimation des états cachés de chaque objet à chaque instant. Pour ceci, nous utilisons un mécanisme faisant interagir plusieurs modèles d'évolution prédéfinis, l'estimateur IMM.

3.1 Estimateur IMM

L'estimateur IMM (ou Interacting Multiple Model estimator) est un algorithme d'estimation d'un vecteur dont l'évolution est régie par un système de permutations représenté par des coefficients de Markov. L'IMM, développé originairement par Blom [5] a été popularisé par Blom et Bar Shalom [6]. Nous en rappelons brièvement ici le principe.

L'objectif est d'estimer un vecteur d'état $\mathbf{x}$ variant dans le temps suivant les équations de dynamique et d'observation suivantes :

$$\mathbf{x}(t) = \Phi^j(t)\mathbf{x}(t-1) + \mathbf{v}^j(t) \quad (5)$$

$$\mathbf{z}(t) = \mathbf{H}^j(t)\mathbf{x}(t) + \mathbf{w}^j(t) \quad (6)$$

où $\mathbf{x}(t)$ est le vecteur d'état du système au temps t , $\mathbf{z}(t)$ est le vecteur d'observation au temps t , $\Phi^j(t)$ est la matrice de transition de l'état du système pendant l'événement noté $M^j(t) = \{ \text{le modèle } j \text{ est actif au temps } t \}$. $\mathbf{H}^j(t)$ est la matrice d'observation pour $M^j(t)$. Les vecteurs $\mathbf{v}^j(t)$ et $\mathbf{w}^j(t)$ représentent les bruits du système et de l'observation. Ils sont supposés gaussiens, blancs, mutuellement indépendants, de moyenne nulle et de matrice de covariance $\mathbf{Q}^j(t)$ et $\mathbf{R}^j(t)$ 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 états finis suivant les probabilités

$$p_{ij} = Pr\{M^j(t)|M^i(t-1)\} \quad (7)$$

de passer de $M^i(t-1)$ à $M^j(t)$. 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 $\frac{1}{r^2}$. 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 [6, 2] 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

$$\hat{\mathbf{x}}(t|t) = E(\mathbf{x}(t)|Z_{t-1}) \quad (8)$$

et de la covariance

$$\mathbf{P}(t|t) = E(\tilde{\mathbf{x}}(t)\tilde{\mathbf{x}}(t)^T|Z_{t-1}) \quad (9)$$

où $\tilde{\mathbf{x}}(t) = \mathbf{x}(t) - \hat{\mathbf{x}}(t|t)$ et $Z_t = \{\mathbf{z}(1), \dots, \mathbf{z}(t)\}$. 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

$$\begin{aligned}\hat{\mathbf{x}}^{0j}(t-1|t-1) &= \sum_{i=1}^r \mu^{i|j}(t-1|t-1) \hat{\mathbf{x}}^i(t-1|t-1) \\ &\quad (10)\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\mathbf{P}^{0j}(t-1|t-1) &= \sum_{i=1}^r \mu^{i|j}(t-1|t-1) \{ \mathbf{P}^i(t-1|t-1) \\ &\quad + [\hat{\mathbf{x}}^i(t-1|t-1) - \hat{\mathbf{x}}^{0j}(t-1|t-1)] \\ &\quad [\hat{\mathbf{x}}^i(t-1|t-1) - \hat{\mathbf{x}}^{0j}(t-1|t-1)]^T \} \quad (11)\end{aligned}$$

où la probabilité conditionnelle de chaque modèle est donnée par

$$\begin{aligned}\mu^{i|j}(t-1|t-1) &= Pr\{M^j(t)|M^i(t-1), Z_{t-1}\} \\ &= \frac{p_{ij}\mu^i(t-1|t-1)}{\mu^j(t|t-1)} \quad (12)\end{aligned}$$

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

$$\mu^j(t|t-1) = Pr\{M^j(t)|Z_{t-1}\} \quad (13)$$

$$= \sum_{i=1}^r p_{ij}\mu^i(t-1|t-1) \quad (14)$$

Ensuite, pour chaque filtre, la mise à jour des estimations de l'état $\hat{\mathbf{x}}^j(t|t)$ et de la covariance $\mathbf{P}^j(t|t)$ est donnée par les équations du filtre de Kalman qui produisent une estimation optimale et peuvent être calculées parallèlement pour chaque modèle puisqu'elles sont totalement indépendantes. Pour une description détaillée du filtre de Kalman se reporter à [3].

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

$$\begin{aligned}\Lambda^j(t) &= \frac{1}{\sqrt{\det[2\pi\mathbf{S}^j(t)]}} \\ &\quad \exp\left\{\frac{-1}{2} [\tilde{\mathbf{z}}^j(t)]^T [\mathbf{S}^j(t)]^{-1} \tilde{\mathbf{z}}^j(t)\right\} \quad (15)\end{aligned}$$

La probabilité de $M^j(t)$ est alors

$$\mu^j(t|t) = Pr\{M^j(t)|Z_t\} \quad (16)$$

$$= \frac{\mu^j(t|t-1)\Lambda^j(t)}{\sum_{i=1}^r \mu^i(t|t-1)\Lambda^i(t)} \quad (17)$$

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

$$\hat{\mathbf{x}}(t|t) = \sum_{j=1}^r \mu^j(t|t) \hat{\mathbf{x}}^j(t|t) \quad (18)$$

$$\quad (19)$$

et

$$\begin{aligned}\mathbf{P}(t|t) &= \sum_{j=1}^r \mu^j(t|t) \{ \mathbf{P}^j(t|t) \\ &\quad + [\hat{\mathbf{x}}^j(t|t) - \hat{\mathbf{x}}(t|t)] \\ &\quad [\hat{\mathbf{x}}^j(t|t) - \hat{\mathbf{x}}(t|t)]^T \}. \quad (20)\end{aligned}$$

3.2 Modèles de dynamique proposés

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

1. le modèle "Random Walk" (RW) :

$$\Phi^1 = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (21)$$

qui est sensé prendre en compte les mouvements de type marche aléatoire

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

$$\Phi^2 = \begin{bmatrix} 2 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 2 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (22)$$

qui considère que la vitesse est constant entre deux images.

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

$$\Phi^3 = \begin{bmatrix} 3 & 0 & 0 & 0 & -3 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 3 & 0 & 0 & 0 & -3 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (23)$$

qui considère que l'accélération est constante entre deux images.

Ces trois modèles ont un vecteur d'état commun

$$\mathbf{x}(t) = \begin{bmatrix} x_t \\ y_t \\ a_t \\ i_t \\ x_{t-1} \\ y_{t-1} \\ x_{t-2} \\ y_{t-2} \end{bmatrix} \quad (24)$$

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 aléatoires [4]. Ensuite, sur une précédente étude plus qualitative [12] 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.

Il est à noter que dans les expressions ci-dessus, le modèle SLE considère les trois état précédents, que le modèle FLE considère seulement les deux état 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 (21) et (22) sont donc inutiles et présents uniquement pour des raisons de compatibilité de dimensions entre les trois modèles.

Le modèle d'observation est commun aux trois modèles de dynamique :

$$\mathbf{z}(t) = \begin{bmatrix} x_t \\ y_t \\ a_t \\ i_t \end{bmatrix}, \mathbf{H} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (25)$$

4 Association et mise à jour

4.1 Association

Après l'étape de détection, un ensemble de prédictions est produit par chaque IMM pour chaque image. Pour reconstruire correctement les trajectoires, il est nécessaire de passer par une étape d'association. Celle-ci consiste à trouver la meilleure association entre mesures observées et mesures prédites de chaque état. Il faut noter que comme le nombre de prédictions n'est jamais égal au nombre d'observations, la meilleure association n'est pas l'association globale optimale. Il faut en effet prendre en compte que : i) certains objets sortent du plan focal et ne sont pas détectés ii) des bruits peuvent être détectés comme étant des objets auquel cas ils ne doivent pas être associés à une trajectoire iii) un nouvel objet peut entrer dans le plan focal et doit alors initier une nouvelle trajectoire.

L'association est effectuée de la manière suivante : tout d'abord, on note $\Lambda^{\max}(l, i)$ le maximum de vraisemblance

calculé pour chacun des n IMM, c'est-à-dire que pour chaque trajectoire $T_l, l \in \{1, \dots, n\}$ et chaque observation $\mathbf{z}_i(t), i \in \{1, \dots, m\}$, on cherche le modèle qui maximise (15) (*i.e.* le maximum de vraisemblance de l'innovation parmi les filtres de chaque IMM). Chacun de ces maxima est utilisé pour former la matrice suivante :

$$\mathbf{L} = \begin{bmatrix} \vdots & & \\ \dots & \Lambda^{\max}(l, i) & \dots \\ \vdots & & \end{bmatrix} \quad (26)$$

Pour réduire les calculs et de manière à détecter les objets sortant, ceci est effectué seulement pour les observations contenues dans une fenêtre de validation, définie telle que la distance de Mahalanobis entre mesure prédite et observée est inférieure au carré d'une statistique $\chi^2_{\dim(z)}$ choisie pour être au moins égale à 0.95.

Les associations à l'image t (l'indice t est supprimée pour ne pas alourdir les notations), $A = (a_0, \dots, a_{\min(n, m)})$, sont alors obtenues de la façon suivante :

$$a_k = (l_k, i_k) = \arg \max_{(l, i) \in \mathbf{J}_k} \mathbf{L}(l, i) \quad (27)$$

avec

$$\begin{cases} \mathbf{J}_0 &= \{(l, i) / l \in \{1, \dots, n\}, i \in \{1, \dots, m\}\} \\ \mathbf{J}_{k+1} &= \mathbf{J}_k \setminus \{(l, i) / \{l = j_k\} \cup \{i = i_k\}\} \end{cases} \quad (28)$$

La recherche de nouvelles associations s'arrête lorsque $\mathbf{J}_k = \emptyset$. Cette technique d'association est sous-optimale globalement, *i.e.* il peut arriver que

$$\exists B^* = \{b_0, \dots, b_{\min(n, m)}\}, \sum_k \mathbf{L}(a_k) < \sum_k \mathbf{L}(b_k) \quad (29)$$

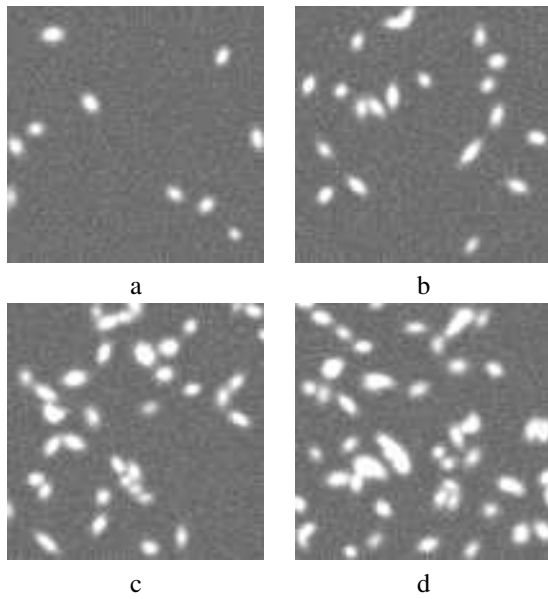
Cependant une assignation optimale globalement n'est pas ce que nous recherchons dans la mesure où il existe de fausses détections. Des tests ont montré que dans le contexte de notre application cette méthode donne de bien meilleurs résultats qu'une association optimale globalement (que l'on peut obtenir en utilisant l'algorithme de Jonker et Volgenant [13] par exemple).

4.2 Mise à jour

Une fois que l'étape d'association a été effectuée, les filtres de chaque IMM sont mis à jour. Une estimation de l'état de chaque objet est obtenue avec (20). Parallèlement, l'équation (17) permet à chaque IMM de mettre à jour les probabilités de ses modèles associés.

5 Résultats

Pour valider la qualité de la trajectographie obtenue automatiquement grâce à notre méthode, nous avons généré un ensemble de séquences. Ces séquences contiennent des objets artificiels dont les caractéristiques sont aussi proches que possible de celles d'objets biologiques réels. Ils sont



	Nombre d'objets	Nombre de séquences analysées	% d'objets correctement suivis
a	10	3	97%
b	20	3	90%
c	40	3	79%
d	60	3	55%

FIG. 2 – Influence du nombre d'objets sur la qualité du tracking dans des séquences de 30 images de 100x100 pixels.

représentés par des densités gaussiennes 2D dont les matrices de covariance varient aléatoirement afin de reproduire une diversité d'objets dont la forme se modifie avec le temps. Leurs tailles oscillent entre 8x8 et 12x12 pixels et l'ensemble des objets est contenu dans une image de 100x100 pixels, c'est-à-dire une surface volontairement petite. Plusieurs séquences de 30 images sont ainsi produites contenant de 10 à 60 objets. Dans ces séquences, les objets se meuvent suivant des types de mouvements différents. Enfin, un bruit blanc gaussien est ajouté pour représenter le bruit typique d'images de microscopie. La figure 2 résume l'influence du nombre d'objets sur les performances de notre méthode. Ces résultats montrent que même en présence d'une grande densité d'objets, les performances du suivi sont satisfaisantes.

Conclusion

Nous avons présenté une méthode pour détecter et suivre des objets microscopiques dont les comportements sont différents et évoluent au cours du temps. Celle-ci utilise : i) une transformation en ondelette invariante par translation pour la détection, ii) un filtre IMM avec différents modèles de transition pour la prédiction et l'estimation, iii) une méthode d'association non globale basée sur le maximum de vraisemblance entre mesures prédites et observées pour la construction des trajectoires.



FIG. 3 – Résultats du tracking sur la séquence réelle présentée Fig. 1.



FIG. 4 – Résultats du tracking sur une séquence générée.

Les avantages de cette méthode sont triples :

- d’abord, elle est automatique et ne requiert aucune initialisation manuelle.
- la représentation de l’évolution d’une tache par l’évolution d’un vecteur d’état nous permet de considérer l’objet de manière globale. Ainsi, alors que les techniques de tracking par corrélation sont inefficaces pour ce type d’application, notre méthode permet de suivre des taches qui se déforment fortement au cours du temps.
- enfin elle permet le suivi d’objets dont le type de comportement change au cours du temps.

Pour finir, nous avons montré que sur des séquences générées proches de la réalité, il est possible d’établir des trajectoires valides avec une densité d’objets relativement élevée.

Références

- [1] P. Aschwanden and W. Guggenbuhl. Experimental results from a comparative study on correlation type registration algorithms. *Robust computer vision*, 268–282, 1992. Wichmann.
- [2] Y. Bar-Shalom and W. Dale Blair. *Multitarget-Multisensor Tracking Applications and Advances*, volume III. Artech House, Oct 2000.
- [3] Y. Bar-Shalom and T.E. Fortmann. *Tracking and Data Association*. Academic Press, New-York, 1988.
- [4] 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.
- [5] 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.
- [6] 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.
- [7] T. Chan and L. Vese. Active contours without edges. *IEEE Transaction on Image Processing*, 10(2):266–277, 2001.
- [8] S.-I. Chien and S.-H. Sung. Adaptive window method with sizing vectors for reliable correlation-based target tracking. *Pattern Recognition*, 33:237–249, 2000.
- [9] 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.
- [10] D.L. Donoho and I.M. Johnstone. Ideal spatial adaptation via wavelet shrinkage. *Biometrika*, 81(3):425–455, 1994.
- [11] 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.
- [12] 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, January 2003. San Jose.
- [13] R. Jonker and A. Volgenant. A shortest augmenting path algorithm for dense and sparse linear assignment problems. *Computing*, 38:325–340, 1987.
- [14] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos. Snakes : Active countour models. *International Journal of Computer Vision*, 1:321–331, 1988.
- [15] 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.
- [16] 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.
- [17] L. J. November and G. W. Simon. Precise proper-motion measurement of solar granulation. *The Astrophysical Journal*, 333:427–442, October 1988.
- [18] J.-C. Olivo-Marin. Extraction of spots in biological images using multiscale products. *Pattern Recognition*, 35(9):1989–1996, 2002.
- [19] N. Otsu. A threshold selection method from gray-level histograms. *IEEE Trans. Syst., Man, Cybern.*, 9(1):62–66, 1979.
- [20] J.-L. Starck, F. Murtagh, and A. Bijaoui. *Image Processing and Data Analysis : the Multiscale Approach*. Cambridge University Press, 2000.
- [21] D. Toomre, P. Keller, J. White, J.-C. Olivo, and K. Simons. Dual-color visualisation of trans-golgi network to plasma membrane traffic along microtubules in living cells. *Journal of Cell Science*, 112(1):21–33, 1999.
- [22] W. Tvarusko, M. Bentele, T. Misteli, R. Rudolf, C. Kaether, D. L. Spector, H. H. Gerdes, and R. Eils. Time-resolved analysis and visualization of dynamic process in living cells. *PNAS*, 96:7950–7955, 1999.
- [23] U. von Seelen and R. Bajcsy. Adaptive correlation tracking of targets with changing scale. *Technical report, GRASP Laboratory Technical Report*, June 1996.
- [24] 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 Transaction on Medical Imaging*, 21(10):1212–1221, October 2002.