

Divergence informationnelle de Jensen-Shannon appliquée à la segmentation d'images

Nicolas GILLARD¹, Étienne BELIN¹, David ROUSSEAU², François CHAPEAU-BLONDEAU¹

¹Laboratoire Angevin de Recherche en Ingénierie des Systèmes (LARIS),
Université d'Angers, 62 avenue Notre Dame du Lac, 49000 Angers, France.

²Université de Lyon, CREATIS; CNRS UMR 5220; INSERM U1044;
Université Lyon 1; INSA-Lyon; 69621 Villeurbanne, France.

(nicolas.gillard, etienne.belin, chapeau)@univ-angers.fr, david.rousseau@univ-lyon1.fr

Résumé – Nous proposons et testons une méthode de caractère informationnel pour la segmentation d'images. Cette méthode exploite la divergence de Jensen-Shannon pour une segmentation basée régions gouvernée par un principe informationnel général opérant sans supervision ni paramètres auxiliaires à ajuster, et pouvant être étendue en 3D de façon directe. Nous l'appliquons sur des images de tissus végétaux.

Abstract – We propose and evaluate a method endowed with an information-theoretic character for image segmentation. This method exploits the Jensen-Shannon divergence for a region-based segmentation governed by a general informational principle operating with no supervision and no auxiliary parameters to adjust, and amenable to direct 3D extension. The method is applied on images of plant tissues.

1 Introduction

La divergence de Jensen-Shannon est une mesure de contraste statistique entre distributions de probabilité qui est basée sur l'entropie informationnelle de Shannon [1]. D'une manière générale, elle peut être définie pour un nombre quelconque de distributions de probabilité, et elle peut incorporer des poids positifs arbitraires pour les distributions. Sur la base de son applicabilité générale et de son orientation informationnelle, la divergence de Jensen-Shannon a été employée dans l'analyse quantitative d'une variété de données et de signaux et de leur contenu informationnel. Par exemple, elle a été appliquée à l'analyse de séquences symboliques [2], à des séquences d'ADN [3], ou à l'information quantitative [4]. Dans le contexte du traitement d'image, la divergence de Jensen-Shannon a été utilisée pour la détection de contour [5], ou en tant que mesure de complexité de l'image [6], ou pour distinguer des régions d'intérêt contre l'arrière-plan [7, 8]. D'autres mesures statistiques similaires à la divergence de Jensen-Shannon ont aussi été utilisées pour le recalage d'images [9, 10], ou pour de la segmentation basée sur les contours [9], ou comme mesure de performance pour l'acquisition d'images [11].

Nous présentons ici une nouvelle application de la divergence de Jensen-Shannon en traitement d'image, pour une segmentation basée sur les régions. La méthodologie informationnelle pour la segmentation est décrite et testée sur des images naturelles. L'étude examine une nouvelle approche, à base informationnelle, pour la segmentation d'image, mais aussi, sur un plan plus fondamental, elle contribue à évaluer les capacités de mesures informationnelles génériques pour répondre à des tâches de référence en imagerie.

2 Divergence JS pour la segmentation

Pour un ensemble de M distributions de probabilités \mathcal{P}_m , $m = 1$ à M , et un ensemble de M coefficients de pondération scalaires positifs α_m satisfaisant $\sum_{m=1}^M \alpha_m = 1$, la divergence informationnelle de Jensen-Shannon est définie comme [1]

$$J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2, \dots, \mathcal{P}_M) = H\left(\sum_{m=1}^M \alpha_m \mathcal{P}_m\right) - \sum_{m=1}^M \alpha_m H(\mathcal{P}_m), \quad (1)$$

où $H(\cdot)$ est l'entropie de Shannon de la distribution de probabilités. La divergence de Jensen-Shannon de l'Éq. (1) est une mesure pondérée, qui est non négative, et s'annule si et seulement si les M distributions de probabilités \mathcal{P}_m coïncident.

Nous souhaitons tester la divergence de Jensen-Shannon de l'Éq. (1) en tant que mesure de contraste entre deux régions d'une image dans un processus de segmentation, avec les tailles relatives des deux régions servant de coefficients de pondération. Nous considérons une image numérique où les intensités des pixels prennent leurs valeurs sur K niveaux $\{0, 1, 2, \dots, K-1\}$. Une région donnée, numérotée j , comprend un total de N_j pixels, sur lesquels on définit la distribution de probabilité empirique $\mathcal{P}_j = \{n_j(0)/N_j, n_j(1)/N_j, n_j(2)/N_j, \dots, n_j(K-1)/N_j\}$, où chaque $n_j(k)$, pour $k = 0$ à $K-1$, est le nombre de pixels avec une intensité k dans la région j . L'entropie de Shannon de la distribution de probabilité \mathcal{P}_j découle comme

$$H(\mathcal{P}_j) = - \sum_{k=0}^{K-1} \frac{n_j(k)}{N_j} \log\left(\frac{n_j(k)}{N_j}\right). \quad (2)$$

Pour deux régions, numérotées par $j = 1$ et $j = 2$, la mesure de contraste est définie comme la divergence de Jensen-Shannon pondérée par la taille relative des régions,

$$J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2) = H\left(\frac{N_1}{N_1 + N_2} \mathcal{P}_1 + \frac{N_2}{N_1 + N_2} \mathcal{P}_2\right) - \frac{N_1}{N_1 + N_2} H(\mathcal{P}_1) - \frac{N_2}{N_1 + N_2} H(\mathcal{P}_2). \quad (3)$$

Le point de départ de la segmentation est une région initiale (hétérogène) comprenant $N_1 + N_2 = N$ pixels, que l'on cherche à séparer en deux régions \mathcal{R}_1 et \mathcal{R}_2 , de tailles respectives N_1 et N_2 pixels, de manière à maximiser la mesure de contraste fournie par la divergence de Jensen-Shannon de l'Éq. (3). Dans la segmentation, chacun des N pixels de la région composite initiale $\mathcal{R}_1 \cup \mathcal{R}_2$, va être affecté soit à la région \mathcal{R}_1 soit à la région \mathcal{R}_2 . Dans ce processus d'affectation, la distribution de probabilité $\mathcal{P} \equiv \mathcal{P}_1 N_1/N + \mathcal{P}_2 N_2/N$ de la région composite initiale $\mathcal{R}_1 \cup \mathcal{R}_2$ est l'invariant $\mathcal{P} = \{n(0)/N, n(1)/N, n(2)/N, \dots, n(K-1)/N\}$, où chaque $n(k)$ pour $k = 0$ à $K-1$ est le nombre de pixels avec une intensité

k parmi les N pixels de $\mathcal{R}_1 \cup \mathcal{R}_2$. La divergence de Jensen-Shannon correspondante

$$J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2) = H(\mathcal{P}) - \left[\frac{N_1}{N} H(\mathcal{P}_1) + \frac{N_2}{N} H(\mathcal{P}_2) \right], \quad (4)$$

avec l'entropie $H(\mathcal{P})$ constante, doit alors être maximisée par une délimitation optimale des régions \mathcal{R}_1 et \mathcal{R}_2 . Dans l'Éq. (4), une entropie comme $H(\mathcal{P}_1)$ est grande et proche de son maximum $\log(K)$ lorsque la région \mathcal{R}_1 est hétérogène et tend à contenir des pixels de tous les niveaux d'intensité avec des probabilités comparables ; en outre $H(\mathcal{P}_1)$ est petite et proche de son minimum 0 lorsque la région \mathcal{R}_1 est homogène et a tendance à ne contenir qu'un petit nombre de niveaux d'intensité avec une probabilité non nulle. Par conséquent, une segmentation avec deux régions homogènes \mathcal{R}_1 et \mathcal{R}_2 associée à de petites entropies $H(\mathcal{P}_1)$ et $H(\mathcal{P}_2)$, est plus favorable à une grande divergence de Jensen-Shannon $J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2)$ dans l'Éq. (4). Par ailleurs, lorsque N_1 ou N_2 tend vers zéro, $J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2)$ dans l'Éq. (4) tend vers son minimum 0. Par conséquent, les petites régions segmentées, en dépit du fait qu'elles soient plus facilement homogènes, ne sont pas favorables pour maximiser $J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2)$ de l'Éq. (4). Ainsi, une segmentation maximisant $J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2)$ de l'Éq. (4) tend à produire deux régions plutôt homogènes \mathcal{R}_1 et \mathcal{R}_2 plutôt équilibrées en taille. Ceci est a priori un comportement intéressant pour une segmentation, pouvant être ainsi obtenue en maximisant la divergence informationnelle de Jensen-Shannon.

Afin de répartir les N pixels initiaux en deux régions \mathcal{R}_1 et \mathcal{R}_2 de manière à maximiser la divergence de Jensen-Shannon J de l'Éq. (4), nous utilisons un algorithme de croissance de région opérant comme suit. \mathcal{R}_1 est initialisée avec un pixel établi comme le pixel courant. Tous les pixels non traités plus proches voisins du pixel courant sont ajoutés à la liste des voisins. Tous les pixels de la liste des voisins sont testés en tant que candidats pour être incorporer à la région \mathcal{R}_1 . Le pixel qui donne le plus grand (le plus proche de $+\infty$) changement de J est effectivement incorporé à \mathcal{R}_1 . Ce pixel devient le pixel courant et l'algorithme est répété jusqu'à ce que tous les N pixels ont été traités et la liste des voisins vidée. Lorsque le processus de croissance de région prend fin, tous les N pixels ont été incorporés dans la région \mathcal{R}_1 , en suivant le chemin des incréments maximaux (éventuellement négatifs) de J à chaque étape. En règle générale, il est attendu que J commence par croître pour les petites tailles N_1 de \mathcal{R}_1 puis diminue à mesure que N_1 approche N . Dans le processus de croissance de la région \mathcal{R}_1 , la valeur courante de J est mise à jour à chaque itération, et la configuration de \mathcal{R}_1 qui jusque là a produit la plus grande valeur de J est mémorisée par une étiquette spéciale sur ses pixels. À la fin du processus de croissance, la région \mathcal{R}_1 associée au maximum global de J est identifiée, et retenue, ainsi que son complémentaire \mathcal{R}_2 , comme résultat de la segmentation.

L'algorithme utilise l'histogramme des populations $\{n(0), n(1), n(2), \dots, n(K-1)\}$ des N pixels, qui demeure invariant dans le processus de croissance de région. Et tandis que la région \mathcal{R}_1 croît, l'algorithme met à jour l'histogramme des populations $\{n_1(0), n_1(1), n_1(2), \dots, n_1(K-1)\}$ des N_1 pixels de \mathcal{R}_1 . Les fonctions auxiliaires $h(u) = -u \log(u)$ et $F_{\pm}(u) = h(u \pm 1) - h(u)$ sont utiles à l'algorithme. De cette façon, dans la région \mathcal{R}_1 de taille N_1 , l'inclusion d'un pixel candidat donné conduirait à un changement ΔJ de la divergence de Jensen-Shannon J de l'Éq. (4), qui peut être calculé

via

$$N \Delta J = F_+(N_1) + F_-(N - N_1) - F_+[n_1(k_0)] - F_-[n(k_0) - n_1(k_0)], \quad (5)$$

où k_0 est l'intensité du pixel candidat. À chaque itération, l'incrément ΔJ est calculé à partir de l'Éq. (5) pour chaque pixel candidat de la liste des voisins, et le pixel avec le plus grand ΔJ est incorporé à la région \mathcal{R}_1 .

L'algorithme de croissance de région est un algorithme de maximisation "glouton", qui n'est pas garanti pour les N pixels de livrer la partition optimale $(\mathcal{R}_1, \mathcal{R}_2)$ réalisant le maximum absolu de $J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2)$ de l'Éq. (4). Toutefois, il peut être escompté qu'il fournisse un bon maximum local le long du chemin de recherche locale mis en œuvre par le processus de croissance. De plus, le critère de la maximisation de J réalisée de cette manière est capable de définir une partition optimisée dans un sens informationnel, sans exigence de paramètres externes à régler. Une autre propriété attractive est que la complexité algorithmique de l'algorithme de croissance de région est faible, n'excédant pas $O(N^2)$, tandis qu'une recherche exhaustive de la partition réalisant le maximum absolu de J afficherait une prohibitive complexité exponentielle. En outre, l'algorithme de croissance de région enforce la connexité (un seul tenant) de la région solution \mathcal{R}_1 , une telle connexité constituant souvent un caractère pertinent pour une segmentation d'images.

Une autre caractéristique intéressante est que la segmentation par croissance de région peut être appliquée à plusieurs reprises séquentiellement, pour segmenter plus avant en deux sous-régions chacune des deux régions résultant d'une première bipartition. Cette récursivité permet de segmenter progressivement une image initiale dans un nombre croissant de sous-régions de plus en plus petites ayant une homogénéité accrue.

De cette façon, l'approche de segmentation régie par la divergence de Jensen-Shannon combine pour les régions des caractéristiques de taille, d'homogénéité et de connexité, au moyen d'une mesure informationnelle, afin d'établir une partition optimisée de l'image. Ceci constitue une combinaison de caractéristiques a priori pertinentes pour la segmentation de structures étendues cohérentes dans les images. Nous allons maintenant tester l'efficacité de cette approche de segmentation sur une application concrète.

3 Application

Nous allons tester l'approche de segmentation sur un domaine applicatif abordé dans le cadre de l'ANR AKER exploitant l'imagerie pour contribuer au phénotypage des végétaux. La Fig. 1 représente une image IRM d'une semence végétale, un type de structure constituée typiquement de deux organes essentiels : un embryon (la partie foncée allongée verticalement sur la Fig. 1) qui va se développer en la plante adulte par division cellulaire, et une réserve d'amidon (la partie grisée plus claire entourant l'embryon sur la Fig. 1) qui assure les premières ressources énergétiques nécessaires au développement de la plante, l'ensemble étant enclos dans l'enveloppe de la graine. La taille et constitution de ces deux organes représentent des éléments importants reliés à la viabilité et la vitalité de la semence, et leur évolution durant la germination conditionne à un stade primitif le pronostic de croissance de la plante. De là provient l'utilité de leur observation et quantification automatisées par imagerie, notamment en 3D de façon non invasive comme le permet l'IRM. L'embryon est un

organe connexe (d'un seul tenant) et le compartiment d'amidon constitue quasiment sa partie complémentaire dans la semence, bien que la limite entre eux puisse être diffuse – les tissus biologiques correspondants apparaissant peu contrastés en IRM. Ce contexte est donc intéressant pour un test de notre méthode de segmentation d'images informationnelle de la Section 2.

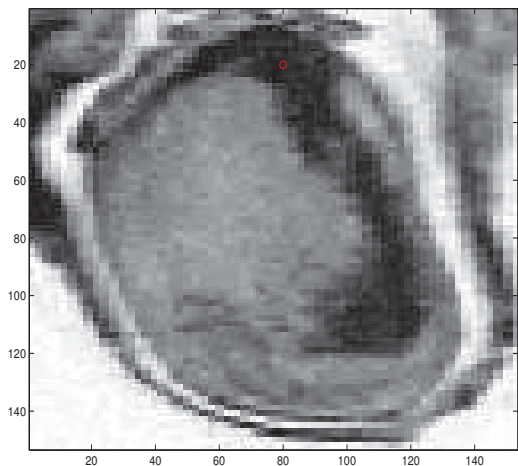


FIGURE 1 – Image IRM d'une semence végétale de taille $153 \times 153 = 23\,409$ pixels, avec un embryon (foncé) entouré d'un compartiment d'amidon (plus clair) à l'intérieur de l'enveloppe de la graine. Le pixel initial pour le processus de croissance de région est indiqué par un cercle rouge de coordonnées $(x = 80, y = 20)$.

La Fig. 2 représente l'évolution de la divergence de Jensen-Shannon $J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2)$ de l'Éq. (4) au cours du processus de croissance de région, lorsque la taille N_1 de la région en croissance \mathcal{R}_1 augmente depuis $N_1 = 1$ pixel jusqu'au total $N_1 = N = 23\,409$ pixels. Dans ce processus, le maximum global de $J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2)$ est enregistré pour une taille de $N_1 = 11\,357$ pixels en abscisse sur la Fig. 2. Ceci identifie la configuration optimale pour la région \mathcal{R}_1 et son complémentaire \mathcal{R}_2 , qui à eux deux offrent une segmentation de l'image entière représentée sur la Fig. 3.

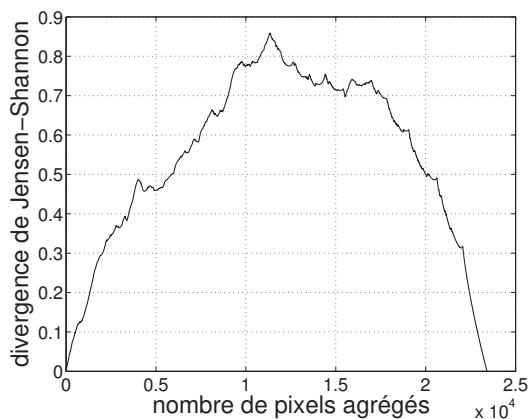


FIGURE 2 – Divergence de Jensen-Shannon $J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2)$ de l'Éq. (4), en fonction de la taille N_1 en pixels de la région en croissance \mathcal{R}_1 lors de l'itération du processus de croissance de région. Le maximum global de $J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2)$ se produit à $N_1 = 11\,357$ pixels, fixant la configuration optimale de la partition de l'image en deux régions $(\mathcal{R}_1, \mathcal{R}_2)$.

Sur la segmentation de l'image entière en deux régions $(\mathcal{R}_1, \mathcal{R}_2)$ obtenue sur la Fig. 3, on constate que les deux struc-

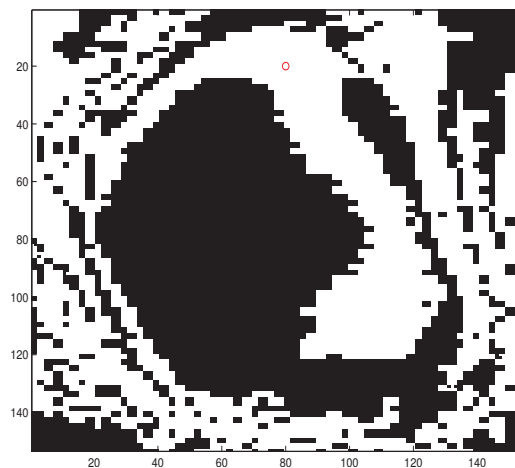


FIGURE 3 – Image binaire représentant la segmentation des $N = 23\,409$ pixels initiaux de l'image de la Fig. 1, en les régions optimales \mathcal{R}_1 (blanc) de taille $N_1 = 11\,357$ pixels, et \mathcal{R}_2 (noir) de taille $N_2 = N - N_1$, et maximisant la divergence de Jensen-Shannon $J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2)$ de la Fig. 2.

tures significatives formées par l'embryon et par le compartiment d'amidon sont bien séparées dans l'intérieur de la graine. Puisque la segmentation a imposé uniquement deux régions dans l'image, d'autres structures moins saillantes et moins homogènes, situées en particulier en périphérie de la graine, ont été assignées à l'une ou l'autre des deux régions segmentées $(\mathcal{R}_1, \mathcal{R}_2)$ selon le critère d'optimisation. Le résultat global peut toutefois être considéré comme remarquable, pour une segmentation complètement non supervisée et sans paramètres libres ajustables, accomplie par la maximisation de la divergence informationnelle de Jensen-Shannon. L'objectif de segmentation est défini à un assez haut niveau sémantique, "informationnel", en demandant d'établir un partitionnement de l'image en deux régions au mieux homogènes et de tailles raisonnables avec un caractère de connexité, sans guère plus de spécification. Il est ainsi intéressant d'apprécier la capacité du critère informationnel à offrir une solution à ce problème générique et formulé d'une façon plutôt générale et qualitative pour la segmentation.

Il est toutefois tout à fait possible, comme nous l'avons indiqué, d'améliorer davantage l'homogénéité des régions segmentées. Ceci peut être accompli par une deuxième exécution de l'algorithme de croissance de région, opérant par exemple sur la région \mathcal{R}_1 résultant de la première exécution de la Fig. 3, afin de la partitionner à son tour en deux sous-régions. Ainsi, au cours d'une deuxième exécution de l'algorithme opérant sur les $N = 11\,357$ pixels formant la région optimale \mathcal{R}_1 segmentée par la première exécution de la Fig. 3, on trouve que la divergence de Jensen-Shannon $J(\mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2)$ de l'Éq. (4) atteint son maximum global pour une taille de $N_1 = 4\,240$ pixels. Ceci détermine pour la région initiale \mathcal{R}_1 un partitionnement optimal en deux sous-régions au sens de l'algorithme. On atteint ainsi, pour l'image initiale de la Fig. 1, après deux exécutions successives de l'algorithme, une segmentation en trois régions comme représentée sur la Fig. 4.

Après la deuxième exécution, on obtient sur la Fig. 4 une segmentation où les deux structures les plus saillantes formées par l'embryon (en blanc) et par le compartiment d'amidon (en noir) sont bien identifiées à l'intérieur de la graine, et la périphérie de la graine repérée en gris. Il apparaît également à l'extérieur de la graine une petite fraction de pixels supplémentaires (en blanc vers les abscisses x environ de 0 à 20 sur la Fig. 4) qui n'appartiennent pas à l'embryon et qui

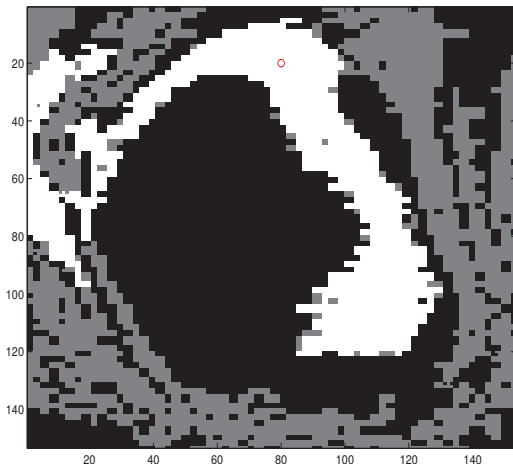


FIGURE 4 – Deuxième exécution de la segmentation par croissance de région : Les pixels noirs étaient exclus dans cette deuxième exécution ; seuls les $N = 11\,357$ pixels blancs et gris sont segmentés comme provenant de la région \mathcal{R}_1 ayant résultée de la première exécution de la Fig. 3. Les deux régions finales segmentées par la deuxième exécution sont \mathcal{R}_1 (blanc) de taille $N_1 = 4240$ pixels, et \mathcal{R}_2 (gris) de taille $N_2 = N - N_1$.

pourraient être éliminés par un masquage sur la graine (l’objet d’intérêt) accessible en IRM. Là aussi, on peut considérer le résultat global assez remarquable pour une segmentation non supervisée basée sur l’optimisation d’un critère informationnel dont on apprécie ainsi, dans son application la plus directe, les capacités pour la segmentation.

La segmentation de la Fig. 4 pourrait être raffinée plus avant en entreprenant une troisième exécution de l’algorithme, afin de segmenter en des régions plus petites et homogènes. Il existe d’autres possibilités basées sur les propriétés de l’approche informationnelle de segmentation. Au lieu du seul maximum global de la divergence de Jensen-Shannon J de l’Éq. (4) on pourrait également considérer le deuxième maximum, ou bien le deuxième maximum en direction des petites ou des grandes tailles N_1 par rapport au maximum global, ou bien le maximum local juste avant le maximum global quand N_1 croît qui présente des propriétés intéressantes à certains titres, ceci en se guidant éventuellement sur la valeur effective de J au maximum local, qui est toujours bornée supérieurement par l’entropie par pixel dans l’image. Étant associées à un maximum (local) de J , de telles solutions alternatives peuvent également être escomptées identifier des structures cohérentes significatives dans l’image, mais avec différents réglages de taille. On pourrait également envisager un processus de croissance de régions non dichotomique, gérant plus de deux régions, pour maximiser une divergence de Jensen-Shannon J à plusieurs régions selon l’Éq. (1). Aussi, cette segmentation par croissance de région peut aisément être étendue en 3D, avec une notion de voisinage 3D entre voxels, et toutes les méthodes de segmentation ne s’étendent pas forcément aisément en 3D. La capacité de la méthode à segmenter des organes de graines, comme illustrée ici, pourrait être testée en 3D en utilisant comme référence les segmentations récemment réalisées en tomographie à contraste de phase [12] que l’on pourrait perturber pour le réalisme avec un bruit typique de l’IRM qui est une imagerie beaucoup plus accessible.

Notre approche peut aussi être confrontée à d’autres méthodes de segmentation. Toutefois notre objectif premier ici, plutôt que de résoudre un problème de segmentation, est plutôt de tester une approche informationnelle générique en

appréciant ses capacités pour la segmentation d’images.

Remerciements : Ce travail a bénéficié d’une aide de l’État gérée par l’Agence Nationale de la Recherche au titre du programme “Investissements d’Avenir” sous la référence ANR-11-BTBR-0007 (programme AKER).

Références

- [1] J. Lin, “Divergence measures based on the Shannon entropy,” *IEEE Transactions on Information Theory*, vol. 37, pp. 145–151, 1991.
- [2] I. Grosse, P. Bernaola-Galván, P. Carpena, R. Román-Roldán, J. Oliver, H. E. Stanley, “Analysis of symbolic sequences using the Jensen-Shannon divergence,” *Physical Review E*, vol. 65, 041905, 1–16, 2002.
- [3] D. Nicorici, J. Astola, “Segmentation of DNA into coding and noncoding regions based on recursive entropic segmentation and stop-codon statistics,” *EURASIP Journal on Applied Signal Processing*, vol. 1, pp. 81–91, 2004.
- [4] A. P. Majtey, P. W. Lamberti, D. P. Prato, “Jensen-Shannon divergence as a measure of distinguishability between mixed quantum states,” *Physical Review A*, vol. 72, 052310, 1–6, 2005.
- [5] J. F. Gómez-Lopera, J. Martínez-Aroza, A. M. Robles-Pérez, R. Román-Roldán, “An analysis of edge detection by using the Jensen-Shannon divergence,” *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, vol. 13, pp. 35–56, 2000.
- [6] J. Rigau, M. Feixas, M. Sbert, “An information-theoretic framework for image complexity,” in *Proceedings Eurographics Workshop on Computational Aesthetics in Graphics, Visualization and Imaging*, (Girona, Spain), pp. 177–184, 18–20 May 2005.
- [7] S. Mairhofer, S. Zappala, S. R. Tracy, C. Sturrock, M. Bennett, S. J. Mooney, T. Pridmore, “RooTrak : Automated recovery of three-dimensional plant root architecture in soil from X-ray microcomputed tomography images using visual tracking,” *Plant Physiology*, vol. 158, pp. 561–569, 2012.
- [8] J. Bassak, “Detection of neural activities in fMRI using Jensen-Shannon divergence,” *International Journal of Biometrics and Bioinformatics*, vol. 6, pp. 113–122, 2012.
- [9] A. Ben Hamza, H. Krim, “Image registration and segmentation by maximizing the Jensen-Rényi divergence,” in *Lecture Notes in Computer Science : Energy Minimization Methods in Computer Vision and Pattern Recognition* (A. Rangarajan, ed.), vol. LNCS 2683, pp. 147–163, Berlin : Springer, 2003.
- [10] Y. He, A. Ben Hamza, A. Hamid Krim, “A generalized divergence measure for robust image registration,” *IEEE Transactions on Signal Processing*, vol. 51, pp. 1211–1220, 2003.
- [11] Y. He, A. Ben Hamza, A. Hamid Krim, V. C. Chen, “Information theoretic measure for ISAR imagery focusing,” in *Proceedings SPIE : Advanced Signal Processing Algorithms, Architectures, and Implementations X*, vol. 4116, (San Diego, CA), 2000.
- [12] D. Rousseau, T. Widiez, S. Di Tommaso, H. Rositi, *et al.*, “Fast virtual histology using X-ray in-line phase tomography : application to the 3D anatomy of maize developing seeds,” *Plant Methods*, vol. 11, 55, 1–10, 2015. ■