

# Calcul de l'homologie de structures cellulaires

S. Alayrangués<sup>1</sup>, G. Damiand<sup>2</sup>, L. Fuchs<sup>1</sup>, P. Lienhardt<sup>1</sup> et S. Peltier<sup>1</sup>

<sup>1</sup>XLIM-SIC, Université de Poitiers

<sup>2</sup>LIRIS, Université Claude Bernard

---

## Résumé

*Au cours de ces dernières années beaucoup de travaux ont montré que les propriétés topologiques sont intéressantes dans un contexte image (analyse, traitement, synthèse). Parmi tous les invariants topologiques (caractéristique d'Euler, nombres de Betti, orientabilité, etc.), les groupes d'homologie sont connus pour être particulièrement intéressants en termes de caractérisation topologique. Ils sont, de plus, calculables de façon homogène pour n'importe quelle dimension. Dans cet article, nous rappelons brièvement les structures cellulaires utilisées en modélisation géométrique à base topologique et en analyse d'image. Nous proposons ensuite trois approches pour calculer l'homologie de ces différentes structures. Ces approches sont des adaptations de méthodes classiques provenant de la topologie algébrique. Celles-ci ont été principalement développées pour des structures simpliciales et cubiques. Nous présentons en particulier deux développements en cours traitant de deux méthodes différentes pour calculer l'information homologique sur des structures combinatoires dérivées des cartes combinatoires : une méthode basée sur la définition d'un opérateur de bord cellulaire et une autre méthode suivant une approche constructive basée sur les travaux concernant l'homologie effective.*

**Mots-clés :** Modélisation géométrique à base topologique, structures coombinatoires cellulaires, calcul de l'homologie

---

## 1. Introduction

Une grande variété de modèles combinatoires existe pour structurer un objet géométrique [LFB08]. Ils ont été développées dans différents contextes qui vont de l'analyse d'images (par ex. les Region Adjacency Graphs RAG [Ros74], les graphes duaux [Kro95], les ordres [Ber99, DCB03], les cartes topologiques [BDF01, DBF04]) à la modélisation géométrique à base topologique (par ex. les cartes généralisées [Lie94], les chaînes de cartes [EL95]). Des propriétés topologiques peuvent être calculées sur ces modèles combinatoires. Ces propriétés sont des invariants topologiques qui peuvent aider à reconnaître des objets via une caractérisation topologique partielle [NSK\*02]. Ils sont aussi intéressants pour contrôler la validité des différentes opérations de manipulation d'un objet [DL03, DL87, LSB04].

Différents invariants topologiques, tels la caractéristique d'Euler [DPFL06] ou le groupe fondamental [ADFQ03, Mal01] ont été étudiés. Parmi ces invariants, la caractérisation de l'homologie offre un compromis particulièrement

intéressant entre la quantité d'information obtenue et la difficulté à la calculer.

Cependant, même si la théorie de l'homologie a été développée pour une large classe de structures [LW69, May67] (les CW-complexes et leurs sous-classes), les algorithmes effectifs de calcul de l'homologie ont principalement été conçus pour de petites dimensions [DPF06, DPF08] et/ou pour des classes particulières de structures comme les complexes simpliciaux ou les complexes cubiques [GDJMR09, KMM04, NSK\*02].

Ces algorithmes de calcul de l'information homologique reposent principalement sur deux approches qui ont été développées en topologie algébrique. La méthode de réduction de matrices d'incidence en Forme Normale de Smith [Hat02, Mun84] est historiquement la première, elle utilise la définition d'un opérateur de bord ce qui est bien connu pour les structures simpliciales. Cette méthode existe en de nombreuses variantes et optimisations dont l'objectif est de ré-

duire le coût des opérations de réduction sur des matrices très creuses [DHSW03, DSV01, Gie96, Sto96].

La seconde méthode, qui peut être appelée “méthode de l’homologie effective”, repose sur une approche constructive [GDJMR09, RS06]. Elle emploie principalement deux outils, les réductions et les équivalences homologiques, et produit des algorithmes capable de calculer l’information homologique de manière incrémentale, par exemple durant la construction d’un objet.

Il ne semble pas exister d’obstacle théorique pour adapter ces deux approches aux structures cellulaires, et pour développer des méthodes similaires à celles utilisées pour les complexes simpliciaux ou cubiques. Néanmoins, peu d’études portent sur ce sujet. Quelques avancées ont été réalisées en ce sens, concernant des extensions de calcul de la Forme Normale de Smith pour les ensembles simplodaux [PFL09], et pour une sous-classe des cartes généralisées [APDL09].

Nos travaux actuels se concentrent sur les structures cellulaires triangulables, qui correspondent en pratique à la plupart des structures cellulaires utilisées en géométrie algorithmique, en modélisation géométrique à base topologique et en analyse d’images. Nous essayons d’obtenir des algorithmes de calcul de l’information homologique sur les structures cellulaires en adaptant les deux approches décrites précédemment. Le fait d’être triangulable est une propriété cruciale des complexes cellulaires que nous étudions. Elle est indispensable pour valider nos méthodes, car l’information homologique que nous calculons pour un objet représenté par une structure cellulaire doit être équivalente à celle obtenue par un calcul pour une triangulation de cet objet.

Les méthodes que nous développons doivent être plus générales que les méthodes classiques car elles doivent pouvoir s’étendre selon le type de cellules de la subdivision considérée. De plus, notre objectif est de concevoir des algorithmes spécialisés qui tirent profit des propriétés des subdivisions cellulaires étudiées et, en particulier, de bénéficier de l’optimisation du nombre de cellules (i.e. pour un même objet sa subdivision cellulaire contient moins de cellules que son analogue simplicial).

La section 2 rappelle brièvement ce qu’est l’homologie d’une structure combinatoire et la section 3 présente trois approches pour le calcul de l’homologie de structures combinatoires.

## 2. Une courte présentation de l’homologie

L’homologie d’un objet s’exprime sous la forme d’une collection de groupes abéliens associés à l’objet subdivisé. Malgré leur nature algébrique, les groupes d’homologie ont une interprétation géométrique : ils décrivent les « trous » de la structure combinatoire pour chaque dimension.

Ces trous sont caractérisés par des ensembles de cellules

(i.e. des simplexes pour une structure simpliciale) d’une dimension donnée qui forment un « chemin » qui « entoure » le trou. Ces ensembles de cellules s’appellent des *générateurs* du groupe d’homologie de la dimension considérée.

Ainsi, pour la dimension 0, les « trous » sont les composantes connexes de l’objet ; ils sont caractérisés par la donnée d’un sommet pour chaque composante connexe. En dimension 1, les trous sont les tunnels de l’objet. Ils sont caractérisés par un chemin d’arêtes qui les entourent. Par exemple sur le tore, un cercle méridien et un cercle parallèle entourent chacun un trou de dimension 1 (cf. figure. 1). La dimension

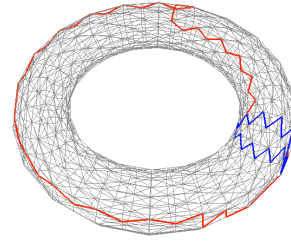


Figure 1: Les deux “trous” de dimension 1 du tore.

2 permet encore une interprétation simple des trous de cette dimension. Les trous de dimension 2 sont les cavités d’un objet volumique. Les générateurs sont des chemins de faces qui entourent la cavité.

### 2.1. Chaînes, groupes des chaînes

Pour une dimension  $p$ , on considère l’ensemble des combinaisons linéaires à coefficients entiers de  $p$ -cellules. Muni d’une opération d’addition, cet ensemble forme le groupe des  $p$ -chaînes. De cette façon, toute  $p$ -chaîne s’écrit  $\sum_{i=1}^{n_p} \alpha_i^p \sigma_i^p$ , où  $n_p$  est le nombre  $p$ -cellules de l’objet, et pour tout  $i$ ,  $\alpha_i^p$  est un coefficient entier ( $\alpha_i^p \in \mathbb{Z}$ ) et  $\sigma_i^p$  est une  $p$ -cellule. Lorsque le coefficient  $\alpha_i$  est nul, on omet l’écriture du terme  $\alpha_i \sigma_i^p$  dans la  $p$ -chaîne.

Pour additionner deux  $p$ -chaînes, il suffit d’additionner les coefficients cellule par cellule. De cette façon, l’ensemble des  $p$ -chaînes est muni d’une opération d’addition que l’on note aussi “+”. Cette notation reste compatible avec la définition d’une  $p$ -chaîne.

L’ensemble des  $p$ -chaînes muni de cette opération d’addition “+” est donc un groupe abélien dont l’élément neutre est la chaîne vide, que l’on note 0, et l’opposé d’une  $p$ -chaîne  $\sum_{i=1}^{n_p} \alpha_i^p \sigma_i^p$  est la  $p$ -chaîne  $\sum_{i=1}^{n_p} (-\alpha_i^p) \sigma_i^p = -(\sum_{i=1}^{n_p} \alpha_i^p \sigma_i^p)$ . De cette façon, la somme d’une  $p$ -chaîne et de son opposée est bien égale à 0. On note  $C_p$  le groupe des  $p$ -chaînes<sup>†</sup>.

<sup>†</sup>. En informatique graphique, les objets considérés, même s’ils

La notion de chaîne est purement algébrique. En effet, le coefficient  $\alpha_i^p$  d'un simplexe  $\sigma_i^p$  dans une chaîne n'a pas forcément de sens géométrique, excepté pour les valeurs 1 et  $-1$ . Dans ce cas,  $1 \cdot \sigma$  signifie que la cellule  $\sigma$  est considéré avec son orientation, et  $-1 \cdot \sigma$  signifie que l'on considère  $\sigma$  avec son orientation opposée.

Sans rentrer dans les détails, on peut noter que l'on définit l'homologie sur des objets subdivisés en cellules orientables. Une discussion approfondie de la notion d'orientation se trouve dans [Mun84, Hat02].

## 2.2. Bord, sous-groupes des bords et des cycles

L'application de bord  $\partial_p$  est un morphisme<sup>‡</sup> entre le groupe des chaînes  $C_p$  et le groupe des chaînes  $C_{p-1}$ . Ainsi le bord, d'une  $p$ -chaîne  $c = \sum_{i=1}^p \alpha_i^p \sigma_i^p$  se déduit par linéarité à partir du bord d'une cellule :  $\partial_p(c) = \sum_{i=1}^p \alpha_i^p \partial(\sigma_i^p)$ .

L'homologie est définie à partir d'homomorphismes de bord vérifiant pour tout  $p > 0$  et toute  $p$ -chaîne  $c$ ,  $\partial_{p-1}(\partial_p(c)) = 0$ . Autrement dit, le bord de toute chaîne, elle même obtenue comme le bord d'une chaîne, est la chaîne nulle.

Les  $p$ -chaînes dont le bord est la chaîne nulle sont appelées des  $p$ -cycles. Les  $p$ -cycles forment un sous-groupe de  $C_p$ , celui-ci est noté  $Z_p$ .

Les  $p$ -chaînes qui sont le bord d'une  $(p+1)$ -chaîne forment un sous-groupe de  $Z_p$  (car le bord d'un bord est la chaîne nulle). On appelle ces  $p$ -chaînes des  $p$ -bords et le sous-groupe est noté  $B_p$ .

## 2.3. Cycles homologues

Lorsque l'on observe les cycles qui ne sont pas des bords sur un objet, on remarque que ces cycles entourent les « trous » de l'objet. L'idée de l'homologie est de définir une relation d'équivalence qui « range » les cycles qui entourent les mêmes trous dans la même classe d'équivalence. Ainsi, deux cycles  $z_1$  et  $z_2$  sont homologues si on peut écrire  $z_2 = b + z_1$  où  $b$  est un bord.

On dit que deux cycles sont *homologues* si leur différence est un bord (i.e. un élément de  $B_p$ ). Cette relation « être homologue » est une relation d'équivalence.

peuvent compter un nombre très grand de cellules, ne sont constitués que d'un nombre fini de cellules. Ainsi, dans notre cas, une  $p$ -chaîne est une *somme finie* de  $p$ -cellules.

‡. Un morphisme est une application entre éléments d'ensembles munis de structures analogues (ici une structure de groupe) et qui sont compatibles avec cette structure. Ici, un morphisme de groupe  $f$ , envoie l'élément neutre 0 sur l'élément neutre,  $f(0) = 0$ , et est compatible avec les opérations définies sur les groupes, i.e.  $f(a+b) = f(a) + f(b)$ .

## 2.4. Groupes d'homologie

Pour une dimension  $p$ , l'ensemble des classes d'équivalence pour la relation « être homologue » forme un groupe : le groupe d'homologie de dimension  $p$  ; on le note  $H_p$ . Plus formellement, c'est le quotient du sous-groupe des cycles  $Z_p$  par la relation « être homologue ». Les classes d'équivalence partitionnent les cycles de  $Z_p$  en fonction des trous qu'ils entourent. Tous les bords de  $B_p$  sont homologues à la chaîne nulle ; ils forment la classe notée 0 du groupe d'homologie. On peut donc aussi dire que le groupe  $H_p$  est le quotient de  $Z_p$  par  $B_p$  ; cela s'écrit :

$$H_p = Z_p / B_p.$$

## 2.5. Complexe de chaîne, structure des groupes d'homologie

Un *complexe de chaînes libre* est une suite de groupes et d'homomorphismes de bord :

$$0 \xrightarrow{\partial_{n+1}} C_n \xrightarrow{\partial_n} C_{n-1} \xrightarrow{\partial_{n-1}} \dots \xrightarrow{\partial_1} C_0 \xrightarrow{\partial_0} 0.$$

Chaque groupe  $H_p$ , calculé à partir d'un complexe de chaînes libres vérifie le théorème des groupes abéliens finiment engendrés [Mun84]. Chaque groupe  $H_p$  est donc isomorphe à une somme directe de la forme :

$$\underbrace{\mathbb{Z} \oplus \dots \oplus \mathbb{Z}}_{\beta_p} \oplus \mathbb{Z}/t_1\mathbb{Z} \oplus \dots \oplus \mathbb{Z}/t_k\mathbb{Z}.$$

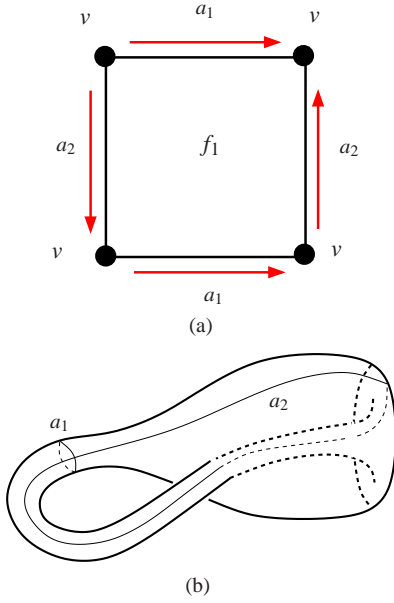
Un groupe d'homologie  $H_p$  est alors caractérisé par un nombre  $\beta_p$ , appelé  *$p$ -ième nombre de Betti*, et des entiers  $t_1, \dots, t_k$  appelés *coefficients de torsion*, tels que  $t_i$  divise  $t_{i+1}$  pour tout  $i$ .

Le nombre  $\beta_p$  correspond au nombre de « trous » de dimension  $p$ . Par exemple pour le tore,  $\beta_2 = 1$  et  $\beta_1 = 2$ . Les entiers  $t_i$  caractérisent un autre type de trous que l'on appelle les parties de torsion de l'objet. De tels trous sont des cycles qui ne sont pas des bords, mais tels que si on les parcourt plusieurs fois, ils se comportent comme des bords.

Cette notion de torsion permet, entre autres, de distinguer le tore et la bouteille de Klein. Ces trois objets peuvent être obtenus à partir d'une cellule carrée, mais avec des recollements d'arêtes différents. Le figure 2 montre comment obtenir une bouteille de Klein à partir d'une cellule carrée.

## 3. Approches pour le calcul de groupes d'homologie

Dans cette section nous présentons trois approches pour le calcul de groupes d'homologie sur des structures cellulaires. Ces structures cellulaires se divisent en deux grandes familles [LFB08] ; les structures type « graphes d'incidence » et les structures type « cartes combinatoires ». Ces dernières permettent des relations de multi-incidences (par exemple, une arête dont les deux sommets sont identiques, i.e. une boucle) ce que ne permettent pas les premières.



**Figure 2:** Bouteille de Klein. En 2(a) une représentation d'une cellule carrée. Les flèches indiquent comment sont recollés les bords. En 2(b) la représentation géométrique de la bouteille de Klein en respectant les recollements indiqués.

Nous nous sommes particulièrement intéressés au calcul des groupes d'homologie sur les g-cartes (cartes généralisées) [Lie94] qui sont des structures de type cartes combinatoires.

Les structures cellulaires des deux types sont des structures triangulables auxquelles on peut associer un analogue simplicial (i.e. une triangulation). Les structures de type “cartes combinatoires” sont des structures simpliciales structurées en cellules. Certains simplexes y sont définis de manière explicite, leurs cellules et leurs relations d'incidence y sont définies de manière implicite. Pour les structures cellulaires de type “graphes d'incidence” qui se basent sur une définition explicite de chaque cellule et de leur relations d'incidences, la structure simpliciale sous-jacente est définie de façon implicite.

### 3.1. Conversion de modèle afin d'appliquer des méthodes simpliciales

Une première méthode directe, permettant de calculer l'homologie d'une structure cellulaires, consiste à effectuer le calcul sur la structure simpliciale sous-jacente.

Cette méthode permet d'obtenir un résultat exact, mais le fait de travailler sur la structure simpliciale annule l'optimisation liée à la structuration en cellules. La complexité du calcul de l'homologie étant directement lié au nombre de cellules. On aurait tout intérêt à pouvoir calculer directement

sur la structure cellulaire et non plus sur l'analogue simplicial qui contient plus de cellules.

### 3.2. Définition d'un opérateur de bord cellulaire

Cette seconde approche vise donc à tirer parti de l'optimisation apportée par la structuration cellulaire. Un tel opérateur de bord  $\partial^\square$  doit satisfaire plusieurs conditions.

En premier lieu, afin de définir UNE homologie, l'opérateur  $\partial^\square$  doit être nilpotent de classe 2 (i.e.  $\partial^\square \partial^\square = 0$ ). Nous avons défini un tel opérateur de bord pour les chaînes de cartes [ADLP11].

L'objectif n'est pas de définir une homologie quelconque, mais l'homologie simpliciale (i.e. la même homologie que celle calculée sur la structure simpliciale associée à notre structure cellulaire). En d'autres termes, définir un opérateur de bord satisfaisant  $\partial^\square \partial^\square = 0$  n'est pas suffisant. Par exemple, prenons le cas d'un opérateur de bord  $\partial^\square$  trivial, on a bien  $\partial^\square \partial^\square = 0$ , mais l'homologie définie à partir de cet opérateur de bord ne nous aide pas pour caractériser topologiquement notre objet cellulaire.

Dans [ADLP11], nous avons d'une part défini un opérateur de bord cellulaire sur les chaînes de cartes. Mais cette structure permet de modéliser des cellules qui ne sont pas équivalentes à des boules topologiques (cette situation existe aussi pour les structures type “graphes d'incidence”). On sait donc qu'on ne pourra pas obtenir un opérateur de bord définissant l'homologie simpliciale pour toute chaîne de cartes. Nous avons donc exhibé une sous-classe de chaînes de cartes pour laquelle l'homologie que l'on a définie est équivalente à l'homologie simpliciale.

### 3.3. Application de l'homologie effective pour les g-cartes (travaux en cours)

Cette approche constructive permet de calculer l'homologie d'un objet de manière incrémentale. Cette approche est une adaptation des travaux de F. Sergeraert [Ser99] pour le modèle des g-cartes. Les fondements de l'homologie effective proviennent de la topologie algébrique, et reposent en particulier sur les notions de réduction, d'équivalence homologique et de cône d'un morphisme.

Une réduction  $\rho : (\widehat{C}, \widehat{\partial}) \Rightarrow (C, \partial)$  est un diagramme :

$$h \begin{array}{ccc} \curvearrowright & & \\ & \xleftarrow{g} & (C, \partial) \\ & \xrightarrow{f} & \\ & & \end{array} (\widehat{C}, \widehat{\partial})$$

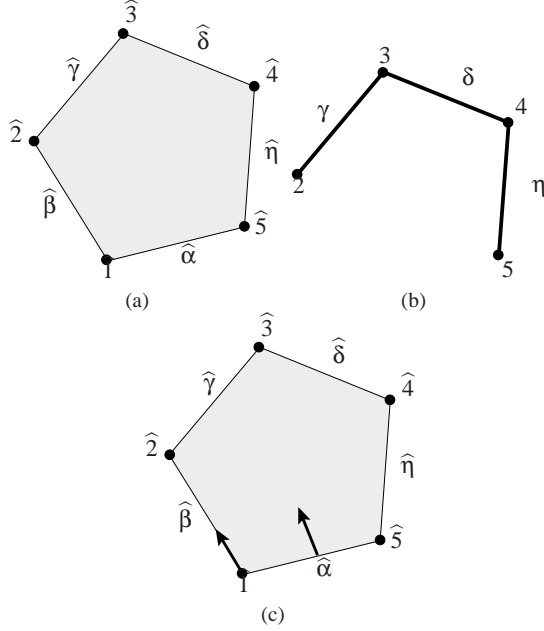
où :

- $(\widehat{C}, \widehat{\partial})$  and  $(C, \partial)$  sont des complexes de chaînes
- $f$  et  $g$  sont des morphismes de complexes de chaînes
- $h$  est un opérateur d'homotopie qui envoie des éléments de dimension  $p$  de  $\widehat{C}$  sur des éléments de dimension  $p+1$  de  $\widehat{C}$ .

les applications  $f$ ,  $g$  et  $h$  satisfont les relations :

- (a)  $gf = id_C$
- (b)  $fg + h\partial + \partial h = id_{\hat{C}}$
- (c)  $hf = gh = hh = 0$

La réduction  $p$  est notée par  $((\hat{C}, \hat{\partial}), (C, \partial), h, f, g)$  quand il est nécessaire d'indiquer ses différentes composantes. La figure 3 montre un exemple de réduction.



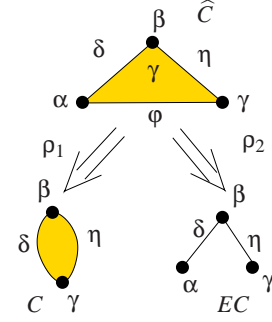
**Figure 3:** Un exemple de réduction, le complexe  $\hat{C}$  de la figure 3(a) est réduit sur le complexe  $C$  de la figure 3(b). La réduction est telle que  $g$  est l'inclusion de  $C$  dans  $\hat{C}$ ,  $f$  est la projection de  $\hat{C}$  dans  $C_*$  et  $h$  est représentée sur la figure 3(c). Les flèches indiquent les endroits où  $h$  n'est pas nulle. Le sommet 1 s'envoie sur l'arête  $\hat{\beta}$  et l'arête  $\hat{\alpha}$  s'envoie sur la face.

Une *équivalence homologique* est formée de deux réductions et elle fait le lien entre trois complexes associés à trois objets homologiquement équivalents : l'objet  $C$  dont on souhaite connaître l'homologie, un objet  $EC$  plus petit en nombre de cellules et qui possède la même homologie et un objet  $\hat{C}$  plus grand en nombre de cellules à partir duquel on peut retrouver l'objet  $C$  ainsi que les opérations qui ont permis de le construire.

On a une réduction,  $\hat{C} \Rightarrow C$ , de  $\hat{C}$  sur  $C$  et une réduction  $\hat{C} \Rightarrow EC$ , de  $\hat{C}$  sur  $EC$ . On note l'équivalence homologique entre  $C$  et  $EC$  par  $C \Leftarrow \hat{C} \Rightarrow EC$ . Le figure 4 montre un exemple d'équivalence homologique.

Toute l'information homologique de  $C$  est quant à elle contenue dans le petit objet  $EC$ . Le gros objet  $\hat{C}$  est indispensable afin de faire le lien entre  $C$  and  $EC$ .

Le *cône d'un morphisme*, peut être vu comme un moyen



**Figure 4:** Un exemple d'équivalence homologique. La réduction  $\rho_1$  envoie le sommet  $\alpha$  sur l'arête  $\phi$  (par son opérateur d'homotopie  $h_1$ ) et la réduction  $\rho_2$  envoie l'arête  $\phi$  sur la face  $\gamma$  (par son opérateur d'homotopie  $h_2$ ).

de représenter un morphisme sous la forme d'un complexe de chaînes. Le cône d'un morphisme  $f : M \rightarrow N$  est la somme directe de  $M$  et  $N$  telle que le morphisme  $f$  définit une partie du bord de  $M \oplus N$ . Cette représentation permet d'obtenir un objet homologiquement équivalent à l'objet défini par le morphisme à partir du morphisme utilisé pour le construire. Le figure 5 montre un exemple de cône d'un morphisme.

L'homologie effective se base sur le théorème énoncé ci-dessous exprimé ici de manière simplifiée. Pour une présentation plus formelle, voir [RS06].

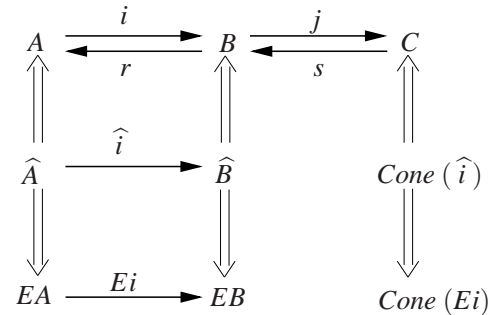
### Théorème 1

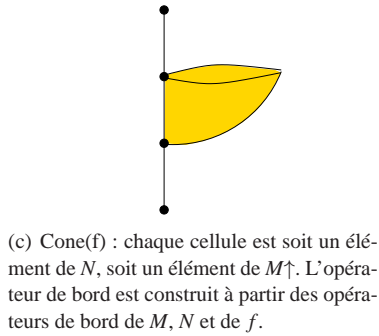
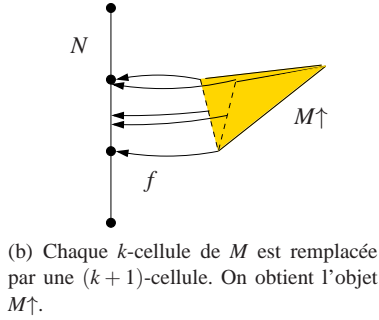
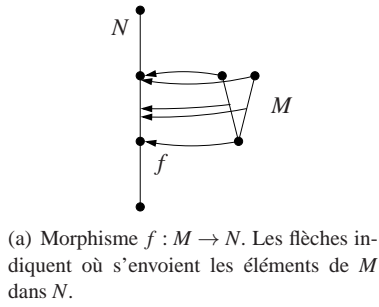
Soient deux objets  $A$  et  $B$  et deux équivalences homologiques associées à ces objets,  $A \Leftarrow \hat{A} \Rightarrow EA$  et  $B \Leftarrow \hat{B} \Rightarrow EB$ . Considérons un troisième objet  $C$ . Si on peut définir des morphismes  $i, r, j, s$  reliant  $A, B$  et  $C$ , vérifiant les propriétés suivantes :

- $ri = id_A$
- $ir + sj = id_B$
- $js = id_C$

alors les applications  $\hat{i} : \hat{A} \rightarrow \hat{B}$ , et  $Ei : EA \rightarrow EB$  peuvent être déduites des applications précédentes. De plus, on peut déduire une équivalence homologique pour l'objet  $C$  en construisant les cônes des morphismes  $\hat{i}$  and  $Ei$ .

Cette situation est schématisée ainsi :

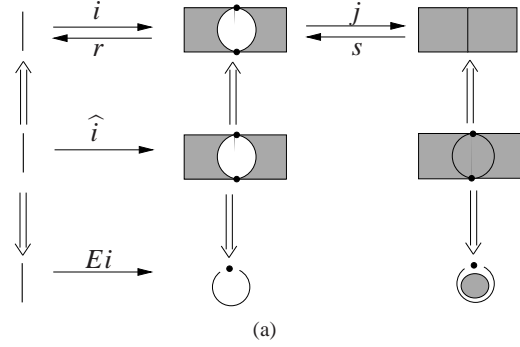




**Figure 5:** Un exemple de cône d'un morphisme. En 5(a), le morphisme considéré. En 5(b), la construction du cône. En 5(c), l'objet obtenu.

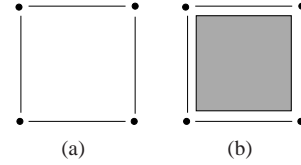
Ce théorème est adapté pour une approche incrémentale de l'homologie. En effet, soit  $C$  un objet construit à partir de deux autres objets  $A$  et  $B$ , par un mécanisme de construction décrit par les morphismes  $i$ ,  $r$ ,  $s$  et  $j$ . Si on connaît des équivalences pour chaque objet  $A$  et  $B$ , alors un morphisme  $\hat{i}$  reliant les deux objets  $\hat{A}$  et  $\hat{B}$  et un morphisme  $Ei$  reliant les deux objets  $AE$  et  $AB$  peuvent être déduits. Les cônes de ces deux morphismes sont utilisés pour construire une équivalence homologique sur  $C$ . La figure 6 illustre une application du théorème pour calculer une équivalence homologique sur un objet construit par une opération d'identification.

L'algorithme de calcul incrémental de l'homologie que nous proposons pour les  $g$ -cartes se base sur les deux opérations de construction élémentaire : l'opération de cône cel-

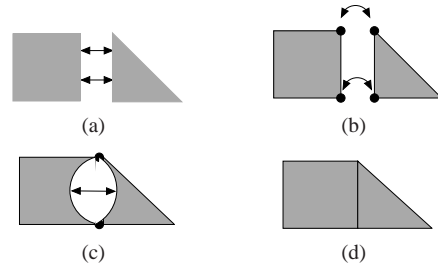


**Figure 6:** Diagramme correspondant à la situation du théorème 1 pour une opération d'identification. Les applications  $i$  et  $r$  décrivent comment l'objet  $A$  s'envoie dans l'objet  $B$ . Les applications  $j$  et  $s$  décrivent comment l'identification des arêtes "centrale" de l'objet  $B$  est effectuée pour obtenir l'objet  $C$ . Le théorème 1 permet de maintenir la connaissance de l'information homologique pour l'objet  $C$ .

lulaire et l'opération d'identification. Initialement, une 0-g-carte est construite, puis des opérations de cône cellulaire et d'identification sont appliquées. À chaque étape, nous stockons les équivalences homologiques associées à chaque cellule et à chaque composante connexe.



**Figure 7:** Opération de cône cellulaire.



**Figure 8:** Opération d'identification de deux arêtes.

Nous décrivons ci-dessous la manière de calculer ces équivalences homologiques à chaque nouvelle étape de la construction en utilisant les équivalences de l'étape précédente pour l'opération de cône cellulaire et l'opération d'identification.



### 3.3.1. Opération de cône cellulaire

Soit  $G$  une  $(n-1)$ -g-carte, telle que les équivalences homologiques de chaque cellule et de chaque composante connexe ont été calculées au cours de sa construction. L'opération de cône cellulaire, qui construit une  $n$ -g-carte à partir de  $G$ , consiste à ajouter de nouvelles  $n$ -cellules "remplissant" chaque composante connexe de  $G$  (cf. figure 7). Les cellules de dimensions 0 à  $(n-1)$  restent donc inchangées et les équivalences homologiques qui leurs sont associées également.

L'équivalence homologique liée à chaque nouvelle  $n$ -cellule peut être déduite en temps linéaire à partir de l'équivalence homologique de la composante connexe dont elle est issue.

Pour les composantes connexes, le résultat est obtenu immédiatement car on sait qu'un objet résultant d'une opération cône cellulaire possède une homologie triviale (i.e. pour chaque composante connexe, seul  $H_0$  est isomorphe à  $\mathbb{Z}$ ).

### 3.3.2. Opération d'identification

L'opération d'identification de deux  $(n-1)$ -cellules ayant même bord a pour effet de les fusionner. L'identification peut être réalisée de manière plus générale pour deux cellules n'ayant pas même bord en identifiant d'abord récursivement les cellules de leurs bords (cf. figure 8 pour un exemple d'identification de deux arêtes).

Les équivalences homologiques des cellules de dimension 0 à  $n-1$  qui ne sont impliquées dans aucune identification sont préservées, sinon elles sont fusionnées en une nouvelle cellule qui a la même homologie que les deux cellules identifiées, et une des deux équivalences homologiques peut donc être conservée.

Les cellules de dimension  $n$  ne sont jamais modifiées par aucune identification, leurs équivalences homologiques restent donc inchangées.

Le calcul des équivalences homologiques des composantes connexes sont plus délicates à calculer et nécessitent l'utilisation du théorème 1. En effet, on se trouve dans la situation de la figure 6 où l'objet  $A$  correspond aux parties à identifier, l'objet  $B$  correspond à l'objet auquel on applique l'opération et l'objet  $C$  est l'objet obtenu après l'opération. Les applications  $i, j, r, s$  encodent les relations entre ces objets.

## 4. Conclusion

Dans cet article nous avons esquissé deux pistes intéressantes pour calculer l'homologie de structures cellulaires. L'une utilisant la définition d'un opérateur de bord cellulaire adapté à la structure cellulaire étudiée ou à une de ses sous-classes [ADLP11]. L'autre en utilisant une approche incrémentale basée sur la théorie de l'homologie effective [Ser99] autorisant une méthode incrémentale.

Ces pistes sont maintenant à explorer plus avant en proposant des implantations efficaces pouvant manipuler des objets contenant un grand nombre de cellules. Une autre voie serait d'établir des équivalences entre structures cellulaires afin de bénéficier pour une structure de résultats obtenues pour l'autre structure. Cela a déjà été abordé dans [ADLP11].

## Références

- [ADFQ03] AYALA R., DOMINGUEZ E., FRANCÈS A., QUINTERO A. : Homotopy in digital spaces. *DAMATH : Discrete Appl. Math. and Combin. Oper. Research and Comput. Science*. Vol. 125 (2003).
- [ADLP11] ALAYRANGUES S., DAMIAND G., LIENHARDT P., PELTIER S. : *A Boundary Operator for Computing the Homology of Cellular Structures*. Tech. Rep. RR2012-1, 2011. 71 pages.
- [APDL09] ALAYRANGUES S., PELTIER S., DAMIAND G., LIENHARDT P. : Border operator for generalized maps. In *Proc. of DGCI* (Montreal, Canada, 2009), LNCS, Springer.
- [BDF01] BERTRAND Y., DAMIAND G., FIORIO C. : Topological map : minimal encoding of 3d segmented images. In *Proc. of GbRPR* (Ischia, Italy, May 2001), pp. 64–73.
- [Ber99] BERTRAND G. : New notions for discrete topology. In *Proc. of DGCI* (Marne-la-Vallée, France, 1999), vol. 1568 de LNCS, Springer, pp. 218–228.
- [DBF04] DAMIAND G., BERTRAND Y., FIORIO C. : Topological model for two-dimensional image representation : definition and optimal extraction algorithm. *Computer Vision and Image Understanding*. Vol. 93, Num. 2 (February 2004), 111–154.
- [DCB03] DARAGON X., COUPRIE M., BERTRAND G. : Discrete frontiers. In *Proc. of DGCI* (Naples, Italie, 2003), vol. 2886 de LNCS, Springer, pp. 236–245.
- [DHSW03] DUMAS J., HECKENBACH F., SAUNDERS B., WELKER V. : Computing simplicial homology based on efficient smith normal form algorithms. In *Algebra, Geometry, and Software Systems* (2003), pp. 177–206.
- [DL87] DOBKIN D., LASZLO M. : Primitives for the manipulation of three-dimensional subdivisions. In *Symp. on Computational Geometry* (1987), pp. 86–99.
- [DL03] DAMIAND G., LIENHARDT P. : Removal and contraction for n-dimensional generalized maps. In *Proc. of DGCI* (Naples, Italy, November 2003), vol. 2886 de LNCS, Springer, pp. 408–419.
- [DPF06] DAMIAND G., PELTIER S., FUCHS L. : Computing homology for surfaces with generalized maps : Application to 3d images. In *Proc. of ISVC* (Lake Tahoe, Nevada, USA, November 2006), vol. 4292 de LNCS, Springer-verlag, pp. 235–244.

- [DPF08] DAMIAND G., PELTIER S., FUCHS L. : Computing homology generators for volumes using minimal generalized maps. In *Proc. of IWCIA* (Buffalo, NY, USA, April 2008), vol. 4958 de LNCS, Springer, pp. 63–74.
- [DPFL06] DAMIAND G., PELTIER S., FUCHS L., LIENHARDT P. : Topological Map : An Efficient Tool to Compute Incrementally Topological Features on 3D Images. In *Proc. of IWCIA* (Berlin, Germany, 2006), vol. 4040 de LNCS, Springer, pp. 1–15.
- [DSV01] DUMAS J., SAUNDERS B., VILLARD G. : On efficient sparse integer matrix smith normal form computations. *J. of Symbolic Computation*. Vol. 32, Num. 1 (2001), 71–99.
- [EL95] ELTER H., LIENHARDT P. : Cellular complexes as structured semi-simplicial sets. *International Journal of Shape Modeling*. Vol. 1, Num. 2 (1995), 191–217.
- [GDJMR09] GONZÁLEZ-DÍAZ R., JIMÉNEZ M. J., MEDRANO B., REAL P. : Chain homotopies for object topological representations. *Discrete Applied Mathematics*. Vol. 157, Num. 3 (2009), 490–499.
- [Gie96] GIESBRECHT M. : Probabilistic computation of the smith normal form of a sparse integer matrix. In *Proc. of Int. Symp. on Algorithmic Number Theory* (1996), vol. 1122 de LNCS, Springer-Verlag, pp. 173–186.
- [Hat02] HATCHER A. : *Algebraic Topology*. Cambridge University Press, 2002.
- [KMM04] KACZYNSKI T., MISCHAIKOW K., MROZEK M. : *Computational Homology*. Springer, 2004.
- [Kro95] KROPATSCH W. : Building irregular pyramids by dual-graph contraction. *Vision, image and signal processing*. Vol. 142, Num. 6 (1995), 366–374.
- [LFB08] LIENHARDT P., FUCHS L., BERTRAND Y. : Combinatorial models for topology-based geometric modeling. In *Theory and Applications of Proximity, Nearness and Uniformity*, Somashekhar Naimpally G. D. M., (Ed.), vol. 23. Dipartimento di Matematica, Seconda Università di Napoli, Décembre 2008.
- [Lie94] LIENHARDT P. : N-dimensional generalized combinatorial maps and cellular quasi-manifolds. *International Journal of Computational Geometry and Applications*. Vol. 4, Num. 3 (1994), 275–324.
- [LSB04] LIENHARDT P., SKAPIN X., BERGEY A. : Cartesian product of simplicial and cellular structures. *Int. Journal of Computational Geometry and Applications*. Vol. 14, Num. 3 (June 2004), 115–159.
- [LW69] LUNDELL A., WEINGRAM S. : *The Topology of CW-complexes*. Van Nostrand Reinhold, New-York, 1969.
- [Mal01] MALGOUYRES R. : Computing the fundamental group in digital spaces. *IJPRAI*. Vol. 15, Num. 7 (2001), 1075–1088.
- [May67] MAY J. : *Simplicial objects in algebraic topology*. Van Nostrand, Princeton, 1967.
- [Mun84] MUNKRES J. : *Elements of algebraic topology*. Perseus Books, 1984.
- [NSK\*02] NIETHAMMER M., STEIN A., KALIES W., PILARCZYK P., MISCHAIKOW K., TANNENBAUM A. : Analysis of blood vessel topology by cubical homology. In *IEEE Proceedings of the International Conference on Image Processing* (2002), vol. 2, pp. 969–972.
- [PFL09] PELTIER S., FUCHS L., LIENHARDT P. : Simplicial sets : Definitions, operations and comparison with simplicial sets. *Discrete Applied Mathematics*. Vol. 157 (January 2009), 542–557.
- [Ros74] ROSENFELD A. : Adjacency in digital pictures. *Information and Control*. Vol. 26, Num. 1 (septembre 1974), 24–33.
- [RS06] RUBIO J., SERGERAERT F. : Constructive homological algebra and applications. *Genova Summer school* (august 2006).
- [Ser99] SERGERAERT F. : Constructive algebraic topology. *SIGSAM Bulletin*. Vol. 33, Num. 3 (septembre 1999), 13–13.
- [Sto96] STORJOHANN A. : Near optimal algorithms for computing smith normal forms of integer matrices. In *Proc. of International Symposium on Symbolic and Algebraic Computation* (1996), Lakshman Y. N., (Ed.), ACM, pp. 267–274.