



HAL
open science

**Analyse d'images multi-modales TEP-TDM du thorax.
Application à l'oncologie : segmentation de tumeurs,
d'organes à risque et suivi longitudinal pour la
radiothérapie**

Julien Wojak

► **To cite this version:**

Julien Wojak. Analyse d'images multi-modales TEP-TDM du thorax. Application à l'oncologie : segmentation de tumeurs, d'organes à risque et suivi longitudinal pour la radiothérapie. Traitement du signal et de l'image [eess.SP]. Télécom ParisTech, 2010. Français. NNT : . pastel-00567100

HAL Id: pastel-00567100

<https://pastel.hal.science/pastel-00567100>

Submitted on 18 Feb 2011

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Thèse

présentée pour obtenir le grade de docteur

de Télécom ParisTech

Spécialité : Signal et Images

Julien Wojak

Analyse d'images multi-modales
TEP-TDM du thorax. Application à
l'oncologie : segmentation de tumeurs,
d'organes à risque et suivi longitudinal
pour la radiothérapie

Soutenue le 17 décembre 2010 devant le jury composé de

Pierre Charbonnier
Christophe Odet
Stéphanie Jehan-Besson
Grégoire Malandain
Régine Trebossen
Elsa Angelini
Isabelle Bloch
Pascal Pineau

Rapporteurs

Examineurs

Directrices de thèse

Invité

Résumé

En oncologie du thorax, les modalités d'imagerie de tomодensitométrie (TDM) et d'imagerie d'émission de positons (TEP) sont fréquemment utilisées conjointement, pour le diagnostic et/ou pour l'élaboration de plans de traitement. En effet, le développement d'appareils d'acquisition combinant ces deux modalités d'imagerie permet d'obtenir des couples d'images TEP-TDM dans un même repère, rendant leur utilisation conjointe possible en routine clinique sans une difficulté préalable de recalage. Une correspondance parfaite n'est toutefois pas garantie dans les régions thoraciques, à cause principalement des mouvements respiratoires. Ces deux modalités sont de natures très différentes. L'imagerie TDM fournit des informations anatomiques (ou structurelles) et l'imagerie TEP fournit des informations métaboliques (ou fonctionnelles). Ainsi l'imagerie TDM peut révéler précisément la position d'un nodule pulmonaire tandis que l'imagerie TEP renseigne sur son activité maligne ou non. De même l'imagerie TEP permet de mettre en lumière une activité tumorale dans une zone faiblement contrastée en TDM où une tumeur pourrait ne pas être détectée (par exemple dans les aires ganglionnaires du médiastin).

Dans le cadre de l'imagerie pour l'oncologie, le contourage manuel des tumeurs reste une étape indispensable à la quantification de l'activité tumorale. Cette tâche est fastidieuse et sujette à de fortes variabilités inter et intra-praticiens. La variabilité peut être réduite par l'utilisation d'outils logiciels d'aide au tracé. Pourtant, peu d'algorithmes de segmentation automatiques ou semi-automatiques tirant parti de ces images multimodales ont été développés. Aussi un objectif de cette thèse est de proposer des méthodes de segmentation mettant à profit l'utilisation conjointe des images TEP et TDM. La modalité TDM étant la modalité anatomiquement la plus précise et considérée par les praticiens comme celle devant faire référence pour l'élaboration de plans de traitement par radiothérapie, les méthodes mises en œuvre dans cette thèse s'attachent à réaliser des segmentations aussi précises que possible des images TDM en utilisant l'imagerie TEP comme guide pour la localisation de la tumeur. Le formalisme des méthodes variationnelles a été adopté pour l'élaboration de nos algorithmes et nous proposons de rajouter des contraintes déduites de la TEP.

En plus des structures cibles pour la radiothérapie (tumeurs, nodules), les organes à risque, devant être protégés des irradiations, nécessitent également d'être contourés. Un autre objectif de cette thèse est de proposer des algorithmes permettant leur segmentation. Ils s'appuient sur une connaissance a priori forte des distributions non paramétriques d'intensités des différents types d'organes dans les images TDM et de connaissances a priori de formes des organes à segmenter fournies par un atlas. En particulier, les connaissances sur la forme sont prises en compte au travers de sa description générale (permettant d'autoriser une certaine variabilité anatomique) par ses p premiers moments de Legendre. Les connaissances sur les distributions d'intensités sont mises à profit dans la construction d'un arbre d'inclusion hiérarchique des différentes structures anatomiques. Cet arbre est exploité pour réduire progressivement la recherche à des zones d'intérêt restreintes, contenant les organes à segmenter.

Un dernier objectif de la thèse est de proposer une méthodologie pour la segmentation de tumeurs dans le cadre du suivi longitudinal des patients dans des images préalablement recalées. Un formalisme proche de celui utilisé pour la segmentation multimodale est développé, en remplaçant les informations issues de la TEP par des informations déduites d'une segmentation à une date t_1 pour guider une segmentation à une date t_2 .

L'ensemble des méthodes de segmentation a été testé sur différents jeux de données, et

lorsque des segmentations manuelles expertes sont disponibles, des résultats quantitatifs sont présentés, montrant l'intérêt des approches proposées et la précision des résultats obtenus.

Abstract

In oncological thoracic imaging, computerized tomography (CT) and positron emission tomography (PET) are widely used jointly, for diagnosis and/or treatment planing. The development of combined scanners enables the acquisition of pairs of CT-PET volumes in a common spatial referential, allowing their joint exploitation in clinical routine, without the prerequisite for complex registration. Perfect correspondence of image information is nevertheless not guaranteed in the thoracic region, mainly due to breathing motions. In addition, these two imaging modalities are very different : CT imaging provides anatomical (i.e. structural) information while PET imaging provides metabolic (i.e. functional) information. In particular, CT imaging provides detailed information on the position of a pulmonary nodule, while PET imaging provides information on its malignant or normal activity. PET imaging can also reveal tumoral activities for tumors with low-contrast on CT images (e.g. in the mediastinal ganglionar regions).

In the context of oncological imaging, manual delineation of the tumors remains a critical step for the quantification of tumoral activity. This task is tedious and subject to high inter and intra-expert variability, which can be decreased by the use of dedicated tracing software tools. Nevertheless, very few automated or semi-automated segmentation algorithms have been proposed, exploiting these multimodal images. One goal of this thesis work was to propose a segmentation method jointly exploiting PET and CT image information. The CT modality, being more precise for anatomical information, is considered by the clinicians as the reference for radiotherapy treatment planing. The proposed methodology therefore focuses on a detailed segmentation of the CT images, using PET information to guide the tumor segmentation. The framework of variational segmentation methods is used to design our algorithms and the specific constraints based on PET information.

In addition to target structures for radiotherapy (tumors, nodules), organs at risk which need to be preserved from radiations, must be segmented. An additional goal of this thesis is to provide segmentation methods for these organs. The methods rely on strong a priori knowledge on the non-parametric intensity distributions and on the shapes of the different organs. Shape information is formulated through general descriptors (enabling to handle certain anatomical variabilities) with the p first Legendre moments. Knowledge on intensity distribution is exploited in a hierarchical inclusion tree of the different anatomical structures to segment in the thoracic regions. The tree structure is exploited to iteratively focus the segmentation tasks by restricting the regions of interest.

A final goal of the thesis is to propose a methodological framework for the segmentation of tumors in the context of longitudinal follow up of patients with registered images. A formalism, similar to the multimodal segmentation, is proposed, replacing PET-based information by the segmentation of the tumor at time t_1 to guide its segmentation at time t_2 .

The proposed segmentation methods were tested on multiple data sets. When manual tracing is available, quantitative comparisons of the segmentations are presented, demonstrating the performance and accuracy of the proposed segmentation framework.

Remerciements

Je remercie en premier lieu mes directrices de thèse, Elsa Angelini et Isabelle Bloch. Elles ont su me laisser une grande autonomie dans mon travail tout en étant toujours présentes pour de riches conseils et me faire bénéficier de leur grande expérience.

Merci à Christophe Odet et Pierre Charbonnier d'avoir accepté de rapporter mon mémoire de thèse. Leurs remarques pertinentes m'ont été très précieuses. Je tiens également à remercier l'ensemble du jury, Stephanie Jehan Besson, Regine Trebossen, Pacal Pineau ainsi que Grégoire Malandain qui a accepté de le présider.

Je remercie l'ensemble des partenaires du projet MINIARA, en particulier Pascal Pineau pour le suivi et l'intérêt qu'il a porté aux travaux de toutes les équipes, ainsi que Régine Trebossen, Renaud Maroy, Irène Buvat, Perrine Tilsky et Hatem Necib, qui m'ont beaucoup appris sur les subtilités de la modalité TEP au cours de nos réunions de projet. Mes remerciements s'adressent aussi aux équipes médicales partenaires, à Caroline Prunier, Yolande Petegnief et Antoine Leborgne. Enfin, je remercie la société Dosisoft et Hanna Kafrouni.

Moins impliqués dans les détails de mes travaux mais tout aussi indispensables à leurs conduites à terme, je sais gré à tous ceux qui ont fait le quotidien de mes journées de travail. Ainsi, je remercie chaleureusement l'ensemble des doctorants ou post-docs (ou successivement l'un et l'autre) en particulier Carolina, Nicolas, Juan Pablo, Pierre, Kevin, Jeremy, Emi, Geoffroy, Ana, David, Olivier et Camille. Merci aussi aux indispensables de TSI, Patricia dynamique et irremplaçable assistante sans qui les tracas administratifs seraient insurmontables et Sophie Charlotte grâce à qui jamais un problème informatique n'en est un plus de quelques minutes. Enfin je remercie tout ceux qui font de TII une équipe studieuse et chaleureuse où il est agréable de travailler.

Table des matières

Introduction	10
1 Segmentation d’images médicales : état de l’art sur les méthodes variationnelles et leurs applications en oncologie	15
1.1 Contexte médical	16
1.1.1 Images de tomodensitométrie	16
1.1.2 Images d’émission de positons	18
1.1.3 « Scanners » combinés	21
1.1.4 Contourages manuels	21
1.2 Segmentation automatique d’images par des méthodes variationnelles	23
1.2.1 Méthodes variationnelles utilisant le gradient de l’image	24
1.2.2 Méthodes variationnelles utilisant des informations de régions	26
1.3 Méthodes variationnelles pour la segmentation d’images médicales	32
1.3.1 Diverses applications	34
1.3.2 Segmentation d’images du thorax et de tumeurs pulmonaires	37
1.4 Conclusion	39
2 Segmentation de tumeurs et lymphomes dans des images multi-modales TEP-TDM	41
2.1 État de l’art	41
2.2 Un modèle variationnel pour la segmentation d’images multimodales	44
2.2.1 Formulation vectorielle : approche naïve	44
2.2.2 Pondération de l’attache aux données variant spatialement	45
2.3 Choix du terme d’attache aux données	51
2.3.1 Utilisation de masques de structures anatomiques	51
2.3.2 Utilisation de boîtes englobantes quelconques	51
2.4 Tests et résultats	52
2.5 Conclusion	57
3 Segmentation et contraintes de forme	59
3.1 État de l’art	59
3.2 Description d’une forme par ses moments	61
3.2.1 Les moments géométriques	61
3.2.2 Les moments de Legendre	61
3.3 Introduction des moments de Legendre dans la fonctionnelle	66
3.4 Discrimination de formes	67
3.5 Tests et résultats	68

3.5.1	Segmentation du cœur : définition d'une région d'intérêt et initialisation	68
3.5.2	Tests pour la segmentation du cœur	70
3.5.3	Application à d'autres organes : segmentation de l'aorte	71
3.6	Conclusion	72
4	Représentation du thorax et procédure hiérarchique de segmentation	73
4.1	Distributions d'intensité dans les images TDM	74
4.1.1	Analyse des histogrammes de structures thoraciques dans des images TDM	74
4.1.2	Estimation de densités de probabilité d'intensité d'images	76
4.1.3	Estimation des densités des organes du thorax : séparabilité et construction d'un arbre hiérarchique	77
4.2	Segmentation du thorax	79
4.2.1	Parcours de l'arbre	79
4.2.2	Construction du terme d'attaches aux données	79
4.2.3	Nœuds terminaux : limites des statistiques et ajout de connaissances a priori	82
4.3	Tests et résultats	82
4.4	Conclusion	86
5	Segmentation pour le suivi longitudinal	89
5.1	État de l'art	91
5.2	Recalage	91
5.2.1	Méthode	92
5.2.2	Exemple de résultat de recalage	93
5.3	Adaptation de la méthode de segmentation dans le cadre du suivi	95
5.3.1	Construction du coefficient de pondération $\lambda(\mathbf{x})$	96
5.4	Tests et résultats	98
5.4.1	Détails de la procédure de segmentation sur un cas particuliers	98
5.4.2	Différents exemples tests : résultats et commentaires	99
5.5	Conclusion	105
	Conclusion	105
	Bibliographie	122

Introduction

Le rôle de l'imagerie dans les applications médicales occupe une place croissante depuis plusieurs années. Les améliorations technologiques des appareils d'acquisition permettent de réaliser des images de plus en plus précises. Par exemple la résolution typique des appareils de tomodensitométrie (scanner à rayons X) est de $1,17 \times 1,17 \times 1,5 \text{ mm}^3$ actuellement. De tels progrès permettent bien sûr d'améliorer les diagnostics par la détection de plus petites lésions et par des mesures de volumes (par exemple de tumeurs) beaucoup plus précises. Le revers de ces améliorations est que l'analyse de telles images, c'est-à-dire la détection de lésions ou la segmentation de structures, prend un temps croissant car elle demande une manipulation d'un volume de données de plus en plus important. C'est pourquoi, depuis plusieurs années déjà, de nombreuses recherches visent à proposer des algorithmes d'aide à l'analyse d'images par exemple en proposant des solutions de segmentation automatiques de structures anatomiques.

La construction d'une méthode automatique d'analyse ou d'aide à l'analyse d'images médicales est un problème complexe. Suivant le type d'images à traiter (TDM, IRM (imagerie par résonance magnétique), échographies...) ou les objectifs visés (amélioration de la qualité des images, détection ou segmentation des images ou interprétation automatique des images), les solutions proposées peuvent être de nature très différentes.

Dans cette thèse, nous nous intéressons à l'imagerie du thorax, plus particulièrement aux images utilisées pour la détection, la caractérisation et l'élaboration éventuelle de plans de traitement par radiothérapie de tumeurs pulmonaires ou de ganglions lymphatiques infectés (lymphomes). Les images utilisées en routine clinique dans ce contexte sont les images anatomiques de tomodensitométrie (TDM) et les images fonctionnelles d'émission de positons (TEP). Le premier objectif est de proposer des algorithmes de segmentation automatiques ou semi-automatiques de ces tumeurs ou lymphomes en utilisant ces deux modalités d'imagerie. Dans le cas où un plan de traitement par radiothérapie est envisagé, en plus de la segmentation des tumeurs comme structures cibles (c'est-à-dire devant être irradiées), il est nécessaire de délimiter les organes à risque (c'est-à-dire les organes ne devant pas recevoir d'irradiations). La segmentation de tels organes, comme le cœur, constitue le second objectif de cette thèse. Enfin, de manière plus prospective, nous abordons la question du suivi temporel des pathologies.

D'un point de vue méthodologique, cette thèse adopte le formalisme des méthodes variationnelles pour la segmentation d'images. Il s'agit de formuler le problème de segmentation comme un problème d'optimisation dont le ou un minimum correspond à la segmentation recherchée. Généralement, les fonctionnelles mises en jeu dans ce contexte se décomposent en la somme d'un terme de régularité (qui contrôle la longueur du contour ou l'aire de la surface de l'objet segmenté) et un terme d'attache aux données. La construction du terme d'attache aux données est un point clé dans l'élaboration de la fonctionnelle. En effet, à travers ce terme, il est possible d'inclure des connaissances a priori sur les statis-

tiques des intensités observées dans les images (moyennes, variances, informations sur les histogrammes) des structures que l'on cherche à segmenter. De plus, d'autres informations a priori, comme des connaissances sur la forme des structures à segmenter, peuvent être ajoutées lors de l'écriture de la fonctionnelle.

La réalisation de cette thèse fait partie du projet MINIARA supporté par le pôle de compétitivité Medicen Paris Région et piloté par la société Dosisoft. Dans ce contexte une partie des algorithmes développés dans cette thèse ont été transférés à la société Dosisoft pour l'intégration dans leur console de traitement d'image.

Structure du document

Le premier chapitre décrit le contexte général dans lequel s'inscrit cette thèse. Il présente tout d'abord précisément les modalités d'imagerie TDM et TEP mises en jeu pour l'oncologie du thorax en insistant sur les différences entre ces deux modalités et les artefacts que l'on peut rencontrer en particulier dans les images TEP. Ensuite, nous présentons le cadre de travail des méthodes variationnelles en différenciant celles qui, pour construire un terme d'attache aux données, utilisent des informations sur les contours dans les images (c'est-à-dire son gradient) et celles qui utilisent des informations directement liées aux intensités (moyennes, variances, analyse de l'histogramme) des régions à segmenter. Nous présentons également un formalisme récent, reposant sur la construction de fonctionnelles à solutions dans l'espace des fonctions à variations bornées et ayant pour terme de régularité la variation totale, permettant une résolution plus rapide et plus stable que les fonctionnelles plus classiquement utilisées.

Dans le deuxième chapitre, nous nous intéressons à la segmentation de tumeurs et de lymphomes en utilisant conjointement les modalités TEP et TDM. Nous évoquons tout d'abord les travaux existants qui traitent de ce problème. Nous proposons ensuite une méthode originale qui vise à réaliser une segmentation précise dans l'image TDM en étant guidée par les informations de l'image TEP, dérivée des méthodes présentées dans le premier chapitre.

Dans le troisième chapitre, nous proposons de segmenter les organes à risque dans les images TDM. Les informations images ne sont en général pas suffisantes pour cette tâche (faible contraste, information issues de régions peu discriminante). C'est pourquoi nous proposons d'ajouter des informations a priori à l'aide de contraintes de formes. L'information de forme est représentée à l'aide des premiers moments de Legendre. Les formes de référence sont issues d'un atlas en cours d'élaboration par la société Dosisoft. Des validations sont effectuées en segmentant le cœur dans des images TDM.

Dans le quatrième chapitre nous proposons un cadre général pour la segmentation du thorax. Deux aspects sont présentés et développés : le premier est la prise en compte d'un maximum d'information a priori sur les intensités par la construction d'un terme d'attache aux données spécifique à l'organe à segmenter. Le second vise à organiser globalement la procédure de segmentation d'une manière hiérarchique pour construire des domaines de recherche de solutions de plus en plus réduits contenant les structures d'intérêt pour réaliser une segmentation. Cette partie permet de garantir l'efficacité et la robustesse des algorithmes de segmentation proposés dans les autres chapitres.

Dans le cinquième chapitre, plus prospectif que les quatre précédents, nous proposons d'aborder le suivi longitudinal. Cela consiste à analyser les images de plusieurs examens d'un même patient réalisés à différentes dates, par exemple pour vérifier que des tumeurs régressent bien au cours d'un traitement. Nous abordons ce problème comme un problème

de segmentation d'un examen à une date t_2 connaissant la segmentation dans l'image de l'examen à une date t_1 . Nous proposons un cadre de travail proche de celui adopté au chapitre 2, en cherchant une segmentation précise dans l'examen à t_2 en étant guidé par les informations fournies par l'examen à la date t_1 . Cette méthode est illustrée sur des exemples montrant des degrés variés d'évolution de tumeurs.

Chapitre 1

Segmentation d'images médicales : état de l'art sur les méthodes variationnelles et leurs applications en oncologie

Les modalités d'imagerie médicale telles que la tomодensitométrie, l'imagerie par scintigraphie, l'imagerie par résonance magnétique, sont devenues un outil de diagnostic et d'aide au traitement très présent pour l'oncologie.

Dans des pathologies du thorax comme le cancer du poumon ou le lymphome de Hodgkin, le diagnostic s'appuie le plus fréquemment sur des images volumiques à rayons X, combinées ou non avec des images fonctionnelles d'émission de positons. La réalisation de tels examens, devenue courante dans les hôpitaux, génère une grande quantité d'images volumiques, qui doivent être analysées coupe par coupe par les praticiens. Dans le cas de patients atteints de tumeurs, le diagnostic peut nécessiter un contourage de ces dernières (pour réaliser des mesures de volume et de surface par exemple). Lorsque l'utilisation de la radiothérapie a été décidée dans le plan de traitement, en plus des volumes cibles (c'est-à-dire des tumeurs à irradier), les organes à risques (devant être exclus des zones irradiées) nécessitent aussi d'être contourés. De tels contourages, le plus souvent effectués tout ou partie manuellement, sont fastidieux. De plus, des différences de tracés peuvent être observées entre différents praticiens et également pour un même praticien réalisant un même contourage à deux moments différents. C'est pourquoi de nombreuses recherches visent à réaliser des algorithmes de segmentation automatique conduisant à des résultats fiables et reproductibles. Le problème de la segmentation étant par définition mal posé, les algorithmes s'attachent à réduire l'espace de recherche en se concentrant sur des segmentations particulières. Ainsi il existe des méthodes dédiées à la segmentation des poumons, d'autres à la segmentation des tumeurs, etc.

Dans ce chapitre, nous allons décrire les principales modalités d'imagerie utilisées pour le diagnostic et l'élaboration de plans de traitement en oncologie du thorax : l'imagerie de tomодensitométrie et l'imagerie par tomographie à émission de positons. Nous décrirons également les procédures de contourages manuels et les imprécisions qui y sont inhérentes. Enfin, après un bref aperçu de méthodes automatiques de segmentation utilisées dans ce domaine, nous décrirons leurs applications cliniques.

1.1 Contexte médical

1.1.1 Images de tomodensitométrie

Les images de tomodensitométrie (TDM) sont des images volumiques du corps humain représentant le coefficient d'absorption des rayons X, directement fonction de la densité des tissus traversés. Le principe de base de l'acquisition volumique est le suivant. Pour une coupe axiale donnée, en faisant tourner un émetteur et des capteurs de rayons X autour du patient (figure 1.1) des profils mesurés (suivant les directions successives du faisceau de rayons X) des coefficients d'absorption de rayons X sont mesurées. Des algorithmes d'inversion de la transformée de Radon permettent, à partir de ces profils, de reconstruire une image de coupe (donnant la mesure de l'absorption en chaque pixel). En déplaçant le couple émetteur-capteurs de coupe axiale en coupe axiale, une image volumique complète du patient peut être réalisée.

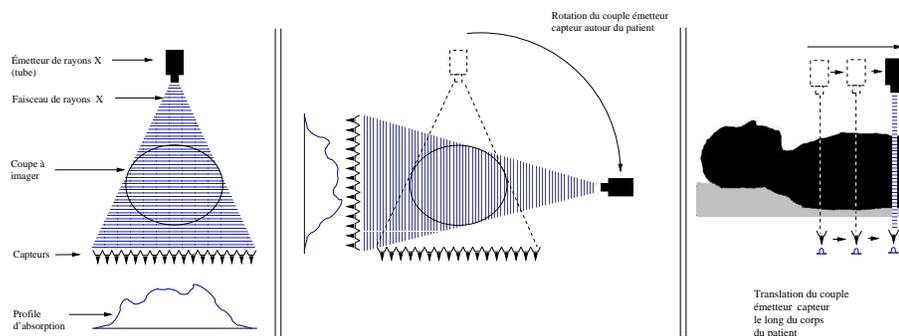


FIG. 1.1 – Principe d'acquisition des images TDM.

Des évolutions technologiques, en physique sur le couple émetteur-capteurs, en informatique pour le traitement de données de tailles plus importantes, et en mathématiques pour l'élaboration d'algorithmes de reconstruction plus efficaces, ont permis de faire évoluer la qualité des images TDM et leurs temps d'acquisition. Il est habituel de présenter ces évolutions en désignant des « générations » d'appareils de tomodensitométrie.

- Les appareils dits de première et deuxième générations fonctionnent sur le principe d'un mouvement de rotation et de translation du couple émetteur-capteurs (comme décrit figure 1.2 (a)). La largeur du faisceau de rayons X étant limitée, des translations doivent être effectuées pour l'acquisition d'une coupe. La première génération ne comporte que deux capteurs ne permettant de réaliser que deux coupes simultanément. Le temps d'acquisition est de plusieurs minutes. Les derniers appareils de deuxième génération demandent un temps d'acquisition de 15 à 20 secondes.
- Les appareils de troisième génération (figure 1.2(b)) possèdent une grille de capteurs plus grande et le faisceau de rayons X est plus ouvert : le mouvement de translation est supprimé. Le couple émetteur-capteurs tourne autour du patient. Un gain d'un facteur 2 est réalisé pour le temps d'acquisition.
- Les appareils de quatrième génération (figure 1.2 (c)) possèdent un anneau de capteurs qui entoure le patient. Seul l'émetteur tourne.
- Enfin les appareils de cinquième génération ont l'émetteur placé à l'extérieur de l'anneau de capteurs (ces derniers s'écartant pour laisser passer les rayons incidents).

Les mesures de coefficients d'absorption sont calibrées pour fournir des images aux

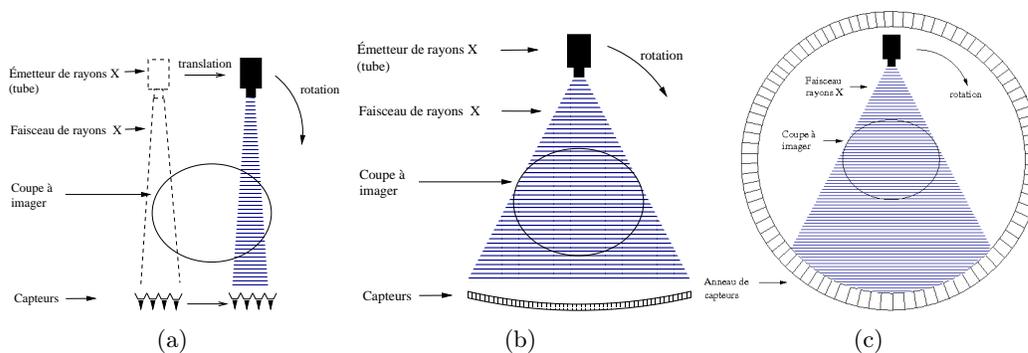


FIG. 1.2 – Évolution des technologies d’acquisition des images de tomodensitométrie. (a) Première et deuxième génération, (b) troisième génération, (c) quatrième génération.

intensités connues pour les différents types de tissus. La calibration est réalisée grâce à l’échelle de Hounsfield (HU) reposant sur les valeurs particulières d’absorption fixées à $\mu_{\text{eau}} = 0$ pour l’eau et $\mu_{\text{air}} = -1000$ pour l’air. Elle est donnée par la formule de normalisation suivante :

$$\text{HU}(\mu_{\text{tissus}}) = \frac{\mu_{\text{tissus}} - \mu_{\text{eau}}}{\mu_{\text{eau}} - \mu_{\text{air}}} \times 1000. \quad (1.1)$$

Les images TDM ont ainsi des niveaux de gris allant de -1000HU pour l’air (fond de l’image ou trachée) à 1000HU (et parfois des valeurs supérieures) pour les os comme illustré sur la figure 1.3). La répartition des intensités en unité HU en fonction des types de tissus imagés est donnée figure 1.4.

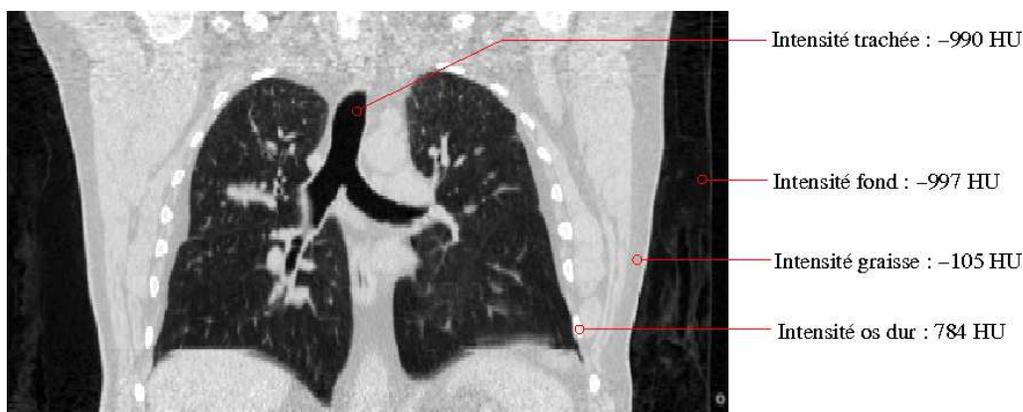


FIG. 1.3 – Une image TDM et les intensités en HU de certains milieux caractéristiques : air (fond et trachée), graisse, os dense.

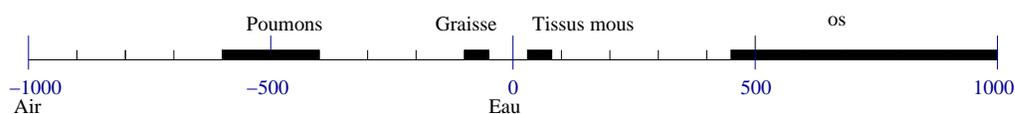


FIG. 1.4 – Intensité des images TDM en fonction du type de tissu en unités HU.

L’œil humain ne pouvant distinguer les plus de 2000 niveaux d’intensité d’une image TDM, les radiologues ont défini des « fenêtres » de visualisation consistant en une quan-

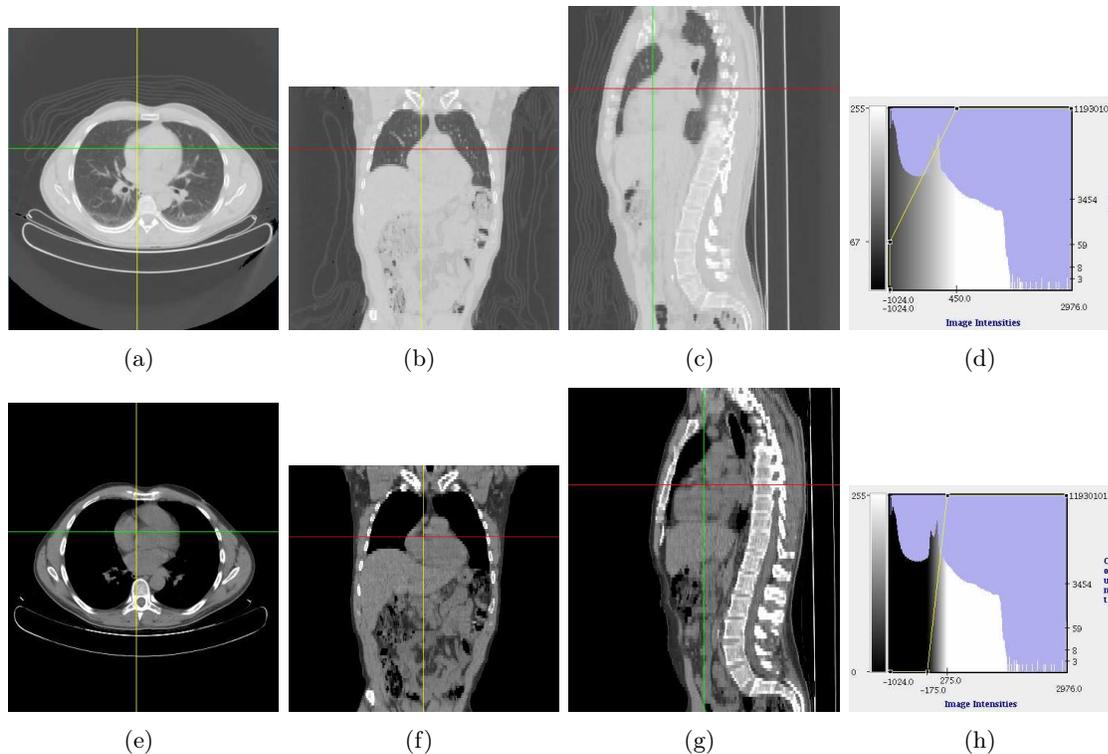


FIG. 1.5 – Exemples d’images TDM avec différentes fenêtres de visualisation (et leur histogrammes). (a,b,c) Coupes axiales, coronales et sagittales avec un fenêtrage dit parenchyme. (e,f,g) Fenêtrage médiastinal. (d,h) Histogrammes des fenêtres.

tification sur un nombre restreint de niveaux de gris de l’image dans un intervalle donné (avec une saturation des niveaux de gris en dehors de l’intervalle d’intérêt). Une fenêtre est définie par son niveau et sa largeur. Le niveau correspond au niveau de gris central de l’intervalle d’intérêt (en unité Hounsfield) et la largeur à l’étendue de l’intervalle d’intérêt. Par exemple pour la visualisation du médiastin, il est habituel de choisir un niveau de fenêtre de 40 HU avec une largeur de 350, et pour la visualisation du parenchyme pulmonaire, un niveau de -600 avec une largeur de fenêtre de 1500 (figure 1.5). Ces fenêtres sont un outil de visualisation, le traitement numérique des images s’effectue, lui, sur toute la dynamique afin de ne pas perdre d’informations.

La résolution typique de ces images est de $1,17 \times 1,17 \times 1,60 \text{ mm}^3$.

1.1.2 Images d’émission de positons

En imagerie pour l’oncologie du thorax, en plus des images TDM, les images TEP (tomographie à émission de positons) sont très utilisées pour le diagnostic et la caractérisation de l’activité des tissus tumoraux. A l’inverse des images TDM qui fournissent une information anatomique (ou structurelle) précise, les images TEP fournissent une information fonctionnelle (c’est-à-dire de l’activité du corps humain). Le principe de l’imagerie TEP est de mesurer les concentrations locales, après injection dans l’organisme d’un patient de molécules marquées par un isotope radioactif émetteur de rayons gamma. Les propriétés physiques ou chimiques des molécules marquées leur permettent de s’accumuler dans cer-

tains tissus en fonction de leurs activités métaboliques. Par exemple, pour l'oncologie du thorax, le traceur le plus utilisé est le ^{18}F -fluorodésoxyglucose ^{18}F -FDG (isotope radioactif du glucose) qui va préférentiellement se fixer dans les zones du corps consommant le plus de glucose, c'est-à-dire le foie, le cerveau et les tumeurs (les cellules des tissus tumoraux se multiplient plus vite que celles des tissus sains et consomment ainsi plus de glucose) (figure 1.6). En se désintégrant, l'isotope radioactif libère des positons (particules chargées positivement), qui vont s'annihiler avec des électrons (chargés négativement) en libérant deux photons gamma dans deux directions opposées à 180 degrés l'une de l'autre (figure 1.7) et à une énergie de 511 keV. Des caméras à photons, placées autour du patient, permettent de détecter les rayonnements gamma simultanés et de sens opposés, provenant d'une désintégration, permettant de définir une droite sur laquelle est situé le lieu de la désintégration du traceur. Des méthodes de reconstruction permettent ensuite de créer l'image TEP complète.

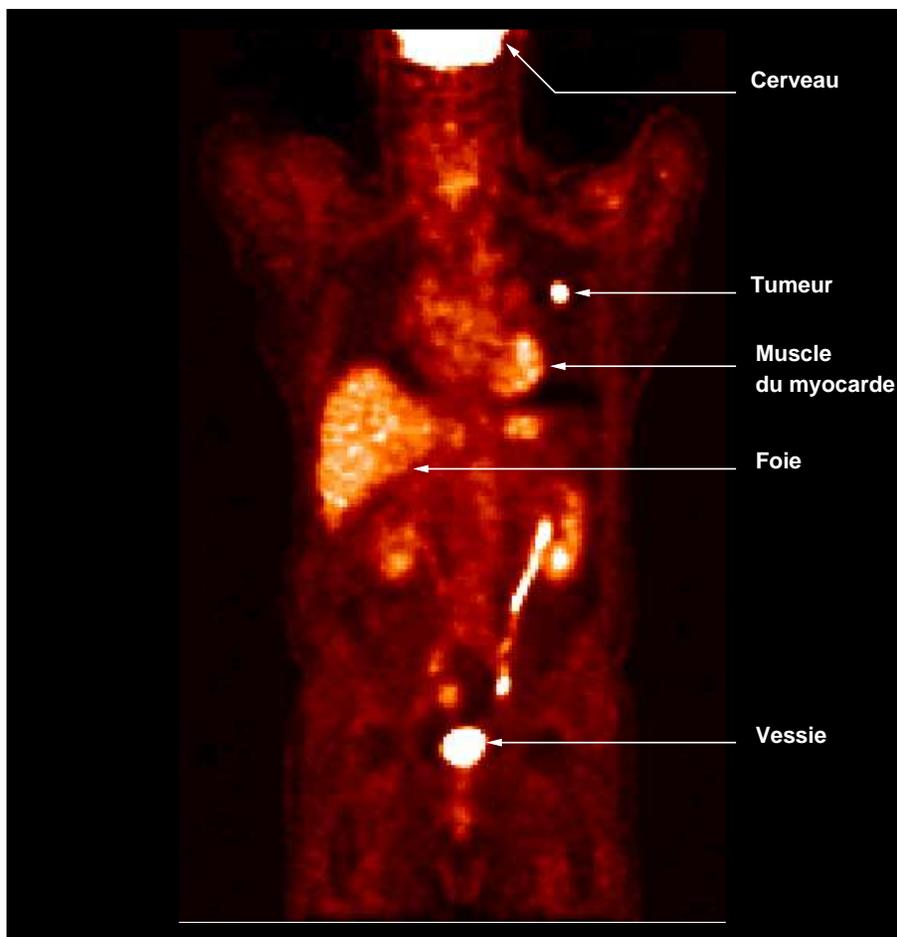


FIG. 1.6 – Un exemple d'image TEP. Les traceurs s'accumulent dans le cerveau, les tumeurs, le foie et la vessie.

L'intensité des pixels des images TEP n'est pas normalisable ni calibrable comme celle des images TDM. L'intensité observée dépend, bien sûr, de l'activité métabolique des différents tissus du patient, mais aussi de la quantité de traceur radioactif injectée au patient, du

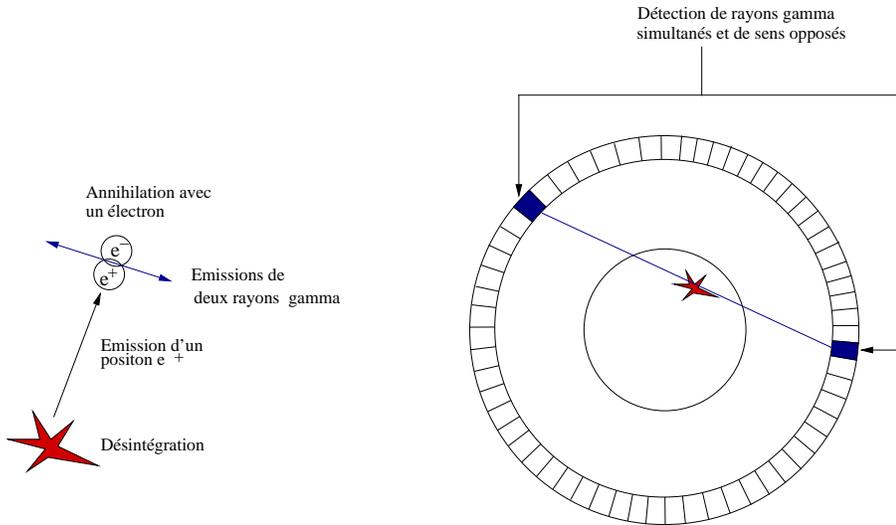


FIG. 1.7 – Principe de l'imagerie TEP.

temps écoulé entre l'injection de la dose et l'examen d'imagerie, de la concentration du traceur répartie dans les tissus du patient (c'est-à-dire du poids du patient). La quantification de l'activité tumorale via les informations révélées par l'image TEP est souvent effectuée à l'aide d'indicateurs permettant d'annuler les différences de mesure dues aux phénomènes qui ne sont pas spécifiquement liés à la répartition de la fixation. Par exemple, dans les services de médecine nucléaires, les médecins calculent fréquemment des mesures de SUV (standardized uptake values ou *prise de contraste standardisée*) de la manière suivante

$$SUV = \frac{c(t)}{\text{Concentration de traceur injecté / Poids du patient}} \quad (1.2)$$

où $c(t)$ est la concentration du rayonnement, mesurée en Becquerel par millilitre qui dépend du temps t écoulé entre le moment d'injection du traceur et le moment de l'examen d'imagerie. Le SUV est une mesure sans dimension, il ne s'agit pas d'une normalisation de l'image TEP. En supposant que le traceur soit réparti uniformément dans le corps du patient, le SUV serait de 1 partout. Aussi les zones avec un SUV supérieur à 1 sont réputées être des zones d'hyperfixation et celles où il est inférieur à 1 d'hypofixation. Comme il est souligné dans [Buvat, 2007], la mesure de SUV n'est que semi-quantitative (en particulier à cause du terme $c(t)$ qu'il est difficile de quantifier précisément). Les mesures du poids du patient et la dose initiale étant invariantes, la mesure de SUV est proportionnelle à l'intensité observée des images TEP. Cela signifie en particulier qu'il est équivalent de considérer des valeurs relatives des intensités TEP et des valeurs relatives des mesures de SUV.

Le protocole d'acquisition de ces images est plus lourd que celui des images TDM. En effet, après l'injection du traceur, le patient doit prendre un temps de repos pour le laisser se diffuser et se fixer dans l'organisme. La procédure d'imagerie elle-même est relativement longue (de 20 à 30 minutes). Les résolutions des images fournies par les appareils TEP actuels sont de l'ordre de $4 \times 4 \times 4 \text{mm}^3$. Aussi pour des petites tumeurs, les images sont altérées par un fort effet de volume partiel. De plus, du fait de la durée des examens en TEP, une apnée n'est pas possible, et les images du thorax sont entachées d'un « flou de respiration ».

1.1.3 « Scanners » combinés

Les images TDM sont des images purement anatomiques (ou structurelles) permettant d'étudier la position, la forme et la taille des tissus du corps humain. Cependant elles ne révèlent qu'une mesure de la densité des tissus : une image TDM ne permet pas de différencier un nodule pulmonaire bénin d'une tumeur (ces deux tissus ayant la même densité). A l'inverse, les images TEP sont des images fonctionnelles. Elles révèlent l'activité du corps humain en fonctionnement mais ne fournissent pas d'informations anatomiques précises. Aussi la complémentarité de ces deux modalités est naturelle et l'intérêt de les utiliser conjointement a été souligné par de nombreuses publications médicales [Giraud et al., 2002; Ashamalla et al., 2005; van Baardwijk et al., 2006; Faria et al., 2008]. Lorsque les images TDM et TEP sont acquises avec deux appareils différents, le recalage des deux modalités est un problème difficile et un obstacle à leur utilisation conjointe. Il existe cependant actuellement des machines combinées permettant de réaliser des acquisitions TEP et TDM au cours d'un même examen. Des détails sur la conception des différents modèles d'appareils combinés TEP-TDM sont donnés dans [Townsend et al., 2004]. L'intérêt d'une telle amélioration technique est qu'il devient immédiat de placer les images TEP et TDM dans le même repère puisque le patient reste dans la même position et que les deux acquisitions sont très proches dans le temps (figure 1.8(a-b)). Cependant le recalage entre les deux images peut ne pas être parfait, des décalages pouvant provenir de :

- la différence de résolution entre les images TEP et les images TDM (typiquement $4 \times 4 \times 4 \text{ mm}^3$ pour l'image TEP et $1,17 \times 1,17 \times 1,60 \text{ mm}^3$ pour l'image TDM) induisant un effet de volume partiel plus important pour les images TEP,
- la différence de temps d'acquisition entre les deux modalités : de l'ordre de la seconde pour les images TDM et plusieurs minutes (environ 20 min) pour les images TEP. Dans une zone comme le thorax, où les mouvements de respiration sont importants, cette différence de temps va se traduire par un « flou de mouvement » sur l'image TEP et d'éventuels décalages entre les modalités TEP et TDM. La figure 1.8(c) illustre la superposition d'images TEP-TDM issues d'un scanner combiné avec des décalage entre les frontières apparentes d'une tumeur dans les deux modalités. La figure 1.9 illustre l'amplitude du mouvement respiratoire (visualisée à partir d'images TDM 4D) pouvant conduire à de telles erreurs.

1.1.4 Contourages manuels

Pour la radiothérapie, comme souligné dans [Daisne, 2005], la modalité considérée comme la plus utile pour réaliser des contourages des tumeurs est la TDM. Aussi même si des recherches sont menées pour proposer des protocoles de segmentation en TEP et des indices de mesures d'activité, les praticiens considèrent toujours l'image TDM comme étant l'image de référence. La manière de délimiter les contours des volumes cibles de radiothérapie (en oncologie du thorax les tumeurs pulmonaires et les lymphomes à partir des images TDM) est définie par les rapports 50 et 62 de l'ICRU¹ (International Commission for Radiation Units) [ICRU, 1993a,b]. Les volumes cibles sont décomposés en 3 niveaux concentriques (du plus étroit au plus large) définissant le GTV, le CTV et le PTV.

- Le GTV (gross tumor volume) correspond au volume apparent de la tumeur (dit volume tumoral macroscopique).

¹<http://www.icru.org/>

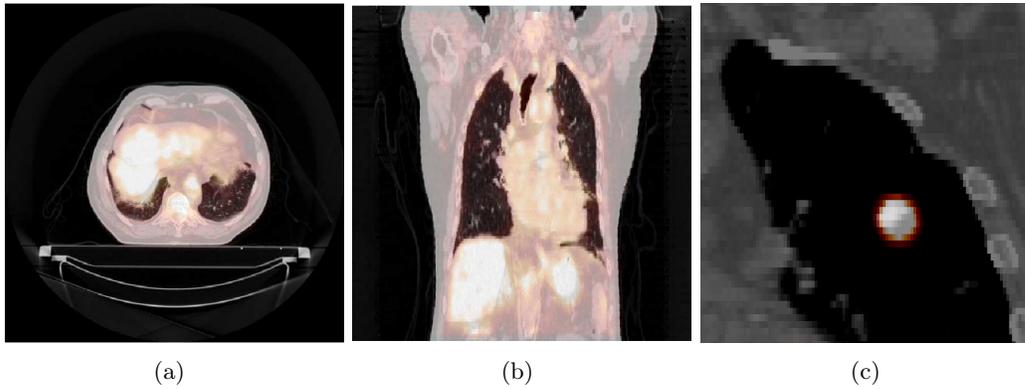


FIG. 1.8 – Superposition d'images TDM (en niveaux de gris) et TEP (en couleur) acquises avec un scanner combiné. (a) Exemple de coupe axiale. (b) Exemple de coupe coronale. (c) Exemple d'une mauvaise correspondance entre les deux modalités pour une tumeur pulmonaire : principalement à cause des mouvements de respiration la tumeur apparaît plus étendue sur les images TEP que sur les images TDM.

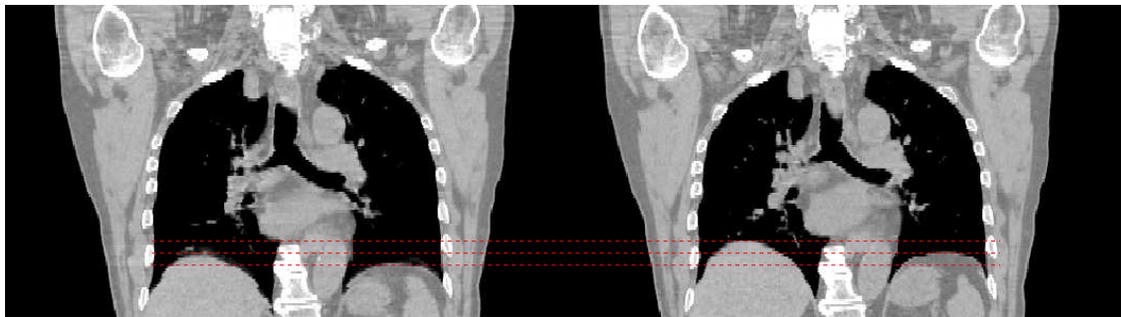


FIG. 1.9 – Amplitude du mouvement respiratoire. Deux images TDM d'un même patient prises à deux instants différents du cycle respiratoire. Les lignes rouges en pointillés illustrent les décalages des poumons entre les différents instants du cycle respiratoire.

- Le CTV (clinical tumor volume), correspond au volume anatomo-clinique. Il fait référence aux extensions courantes de tumeurs observées par prélèvement chirurgical.
- Le PTV (previsional target volume) est le volume cible prévisionnel. Il tient compte d'éventuels mouvements du patient pendant la séance d'évaluation et de l'imprécision des appareils de radiothérapie.

Plusieurs études cliniques sont consacrées à la quantification de la variabilité intra et inter-praticiens dans le tracé du GTV, par exemple [Giraud et al., 2002; Steenbakkers et al., 2006; van Baardwijk et al., 2007]. Plusieurs protocoles pour mesurer cette variabilité sont proposés. Certains ne s'appuient que sur les images TDM comme par exemple [Giraud et al., 2002]. D'autres mesurent la variabilité en utilisant conjointement les images. En particulier les travaux de [Steenbakkers et al., 2006] montrent que l'indice de concordance (c'est-à-dire le rapport entre l'intersection et l'union de deux segmentations différentes) entre différents experts est de l'ordre de 0,70. Cette valeur est certes bien supérieure à celle

observée en utilisant des images TDM seules mais elle reste trop faible pour être considérée comme reproductible.

Aussi le besoin d’algorithmes automatiques, ou semi-automatiques, de segmentation, a été souligné dans [Daisne, 2005], pour favoriser une meilleure reproductibilité dans les étapes de contourage, en limitant les tâches manuelles fastidieuses pour l’utilisateur.

1.2 Segmentation automatique d’images par des méthodes variationnelles

Il existe de nombreuses méthodes de segmentation d’images. L’objectif ici n’est pas de constituer un vaste état de l’art des techniques de segmentation allant d’un simple seuillage à des algorithmes plus élaborés. Rappelons simplement que segmenter une image consiste à la partitionner en un certain nombre de régions définies par des critères d’homogénéité (par exemple des intensités proches entre les pixels ou les voxels appartenant à une même région). Segmenter une image peut également signifier la séparer en deux régions, l’une représentant un objet spécifique à détecter et l’autre le fond aux propriétés d’homogénéité pouvant être variables ou inconnues. Parmi toutes les méthodes de segmentation, on peut dégager deux grandes catégories : celles qui utilisent les informations de contours des images (i.e. du gradient) et celles qui utilisent des informations de régions (i.e. des informations directement liées aux distributions d’intensité de l’image). Traversant ces deux catégories de méthodes, un cadre de travail consistant à définir le problème de segmentation comme un problème d’optimisation, consistant en la recherche d’une partition optimale \mathcal{P}^* de l’image, est souvent adopté. Il présente l’avantage de fournir un cadre mathématique formel, aux propriétés souvent bien définies, modélisant des informations liées aux propriétés de l’image correspondant à l’intuition. La formulation générique suivante est utilisée :

$$\mathcal{P}^* = \arg \min_{\mathcal{P}} F(\mathcal{P}, I). \quad (1.3)$$

Il s’agit de minimiser une fonctionnelle F où \mathcal{P}^* peut représenter soit la partition de l’image I recherchée, soit les contours de l’objet à segmenter.

Selon la manière de considérer l’image, soit comme une fonction continue de \mathbb{R}^n dans \mathbb{R} ($n = 2$ ou 3), soit comme un objet discret de \mathbb{Z}^n , la mise en œuvre de la minimisation sera différente. Dans le premier cas, des outils de calcul des variations sont utilisés, dans le second ce sont des outils d’optimisation combinatoire qui sont utilisés. En particulier, dans ce second cas, il est fréquent de représenter l’image comme un graphe $\mathcal{G} = (\mathcal{N}, \mathcal{A})$, \mathcal{N} désignant ses nœuds (en général les pixels de l’image) et \mathcal{A} ses arêtes (par exemple valuées avec la valeur du gradient entre les pixels de l’image). Les problèmes de segmentation peuvent alors être vus comme des problèmes de coupure de graphes comme dans les travaux de [Boykov et Jolly, 2001; Boykov et Funka-Lea, 2006]. D’autres travaux, initiés par l’article fondateur de [Geman et Geman, 1984] consistent à considérer le graphe de l’image comme un champ de Markov et à réaliser la segmentation dans un cadre bayésien.

Dans cette thèse nous avons porté notre attention sur les méthodes variationnelles. Ce sont donc surtout celles-ci que nous décrirons dans cette section. Nous les décomposons en deux catégories, la première regroupant les méthodes variationnelles permettant de réaliser une segmentation à l’aide des informations du gradient de l’image, et la seconde celles permettant de réaliser une segmentation à l’aide d’informations d’intensité de l’image, dites de « région ». Pour l’une ou l’autre de ces catégories, la représentation du contour de l’objet segmenté peut être implicite ou explicite.

1.2.1 Méthodes variationnelles utilisant le gradient de l'image

Historiquement les contours actifs sont considérés comme une méthode variationnelle pionnière de segmentation d'images. Introduits dans [Kass et al., 1988] ils consistent à chercher un contour représenté par la courbe paramétrée $\mathcal{C}(s) : [0, 1] \rightarrow \Omega$, en minimisant une fonctionnelle E_{KWT} de la forme :

$$\arg \min_{\mathcal{C}} E_{KWT}(\mathcal{C}(s)) = \arg \min_{\mathcal{C}} \underbrace{\int_0^1 -|\nabla I(\mathcal{C}(s))|^2 ds}_{\text{attache aux données}} + \underbrace{\lambda_1 \int_0^1 |\mathcal{C}_s(s)|^2 ds + \lambda_2 \int_0^1 |\mathcal{C}_{ss}(s)|^2 ds}_{\text{régularité}} \quad (1.4)$$

où $\mathcal{C}_s(s)$ et $\mathcal{C}_{ss}(s)$ représentent les dérivées première et seconde de la courbe \mathcal{C} par rapport à s .

Le terme d'attache aux données de l'équation (1.4) favorise le passage de la courbe \mathcal{C} par les points de fort gradient de l'image (c'est-à-dire les contours les plus apparents). Le terme de régularité met en jeu l'élasticité ($\mathcal{C}_s(s)$) et la rigidité ($\mathcal{C}_{ss}(s)$) de la courbe. Les facteurs de pondération λ_1 et λ_2 permettent de choisir l'importance relative des différents termes dans la fonctionnelle.

Une telle formulation n'est pas sans quelques inconvénients. Tout d'abord, la fonctionnelle (1.4) admet plusieurs minima : l'étape d'initialisation est alors primordiale. De plus la représentation explicite d'un contour par sa forme paramétrique n'autorise pas naturellement les changements de topologie (séparation en deux contours distincts ou repliement de la courbe sur elle-même). D'autre part cette formulation dépend explicitement de la manière de réaliser la paramétrisation de la courbe.

Une partie de ces problèmes trouvent réponse dans les contours actifs dit géodésiques. Développés par [Caselles et al., 1997] ils consistent à minimiser la fonctionnelle E_{GAC}

$$\arg \min_{\mathcal{C}} E_{GAC} = \arg \min_{\mathcal{C}} \int_0^1 g(|\nabla I(\mathcal{C}(s))|^2) ds + \lambda \int_0^1 |\mathcal{C}_s(s)|^2 ds \quad (1.5)$$

où g est une fonction de potentiel de contour telle que $g \approx 0$ dans les zones de l'image de fort gradient et $g \approx 1$ dans les zones de l'image de faible gradient. Généralement, les fonctions g choisies sont $g(x) = \frac{1}{1+|x|}$ ou $g(x) = \exp(-x)$. La fonctionnelle est équivalente à :

$$\arg \min_{\mathcal{C}} E_{GAC} = \arg \min_{\mathcal{C}} \int_0^1 g(|\nabla I(\mathcal{C}(s))|^2) |\mathcal{C}_s(s)| ds \quad (1.6)$$

qui est indépendante de la paramétrisation choisie. La dénomination géodésique est due au fait que minimiser la fonctionnelle (1.6) revient à minimiser la longueur de la courbe $|\mathcal{C}_s(s)|$ dans un espace non euclidien où la métrique dépend de $g(|\nabla I(\mathcal{C}(s))|^2)$.

La minimisation de cette fonctionnelle est réalisée par une descente de gradient en suivant l'équation d'évolution suivante:

$$\frac{\partial \mathcal{C}}{\partial t} = \beta N, \quad (1.7)$$

où N est la normale à la courbe et $\beta = g\kappa - \nabla g \cdot N$ (κ désigne la courbure de la courbe \mathcal{C}). Là encore l'initialisation est une étape primordiale pour éviter des minima locaux.

1.2.1.1 Représentation explicite du contour de l'objet à segmenter

Les fonctionnelles décrites précédemment utilisent toutes une représentation explicite du contour qui doit les minimiser. Il est en effet représenté par une courbe paramétrée dans le

cas 2D ou par une surface paramétrée dans le cas 3D. D'autres représentations explicites représentent le contour à l'aide de courbes de Bézières (ou courbes splines) et expriment la fonctionnelle à l'aide des points de contrôle et des fonctions de base comme par exemple dans [Brigger et al., 2000].

1.2.1.2 Représentation implicite du contour de l'objet à segmenter par ensemble de niveaux

La méthode par ensembles de niveaux, introduite en traitement d'images par [Osher et Sethian, 1988], consiste à ne plus représenter une courbe explicitement comme une fonction de \mathbb{R} dans \mathbb{R} (pour une courbe sur une image 2D) mais comme l'ensemble de niveau 0 d'une fonction Φ de \mathbb{R}^2 dans \mathbb{R} (figure 1.10). Les fonctionnelles de segmentation doivent alors être redéfinies sur Φ . Cette représentation présente l'avantage de pouvoir naturellement autoriser des changements de topologie dans la forme à segmenter.

Suivant le problème et la fonctionnelle étudiés, Φ peut être restreinte à certaines classes de fonctions. Dans le cas d'une image 2D, nous pouvons fixer arbitrairement Φ comme étant une distance signée au contour :

$$\begin{aligned} \Phi : \mathbb{R}^2 &\rightarrow \mathbb{R} \\ (x, y) &\mapsto \begin{cases} \Phi(x, y) < 0 & \text{à l'intérieur du contour } C \\ \Phi(x, y) = 0 & \text{sur le contour } C \\ \Phi(x, y) > 0 & \text{à l'extérieur du contour } C \end{cases} \end{aligned} \quad (1.8)$$

Un avantage supplémentaire du formalisme par ensembles de niveaux est que l'extension en 3D est directe (et de manière générale en ND).

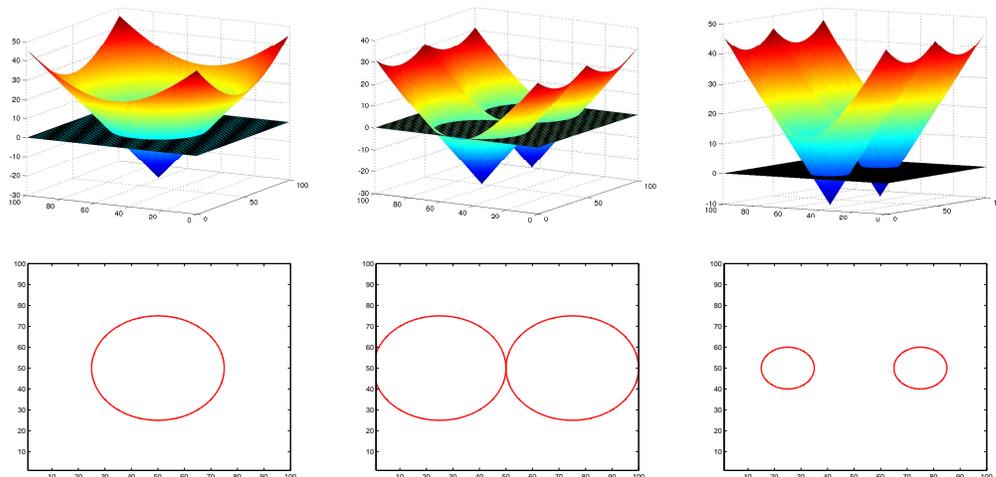


FIG. 1.10 – Exemple de fonctions Φ et leurs ensembles de niveau 0 définissant un contour.

Par exemple, la reformulation des contours actifs géodésiques en utilisant une représentation par ensembles de niveaux conduit à l'équation d'évolution suivante :

$$\frac{\partial \Phi}{\partial t} = g |\nabla \Phi| \kappa + \nabla g \cdot \nabla \Phi \quad (1.9)$$

où la courbure κ s'exprime en fonction de Φ ($\kappa = \frac{\nabla \Phi}{|\nabla \Phi|}$)

1.2.2 Méthodes variationnelles utilisant des informations de régions

Dans beaucoup de cas pratiques, et en particulier en imagerie médicale, l'information de gradient n'est pas pertinente pour réaliser une bonne segmentation. En effet une structure à segmenter peut avoir un contour non nécessairement visible partout ou présenter des informations de fort gradient ne correspondant pas à son contour. La figure 1.11 illustre ce cas de figure sur l'exemple de la paroi intérieure du poumon dans une image TDM.

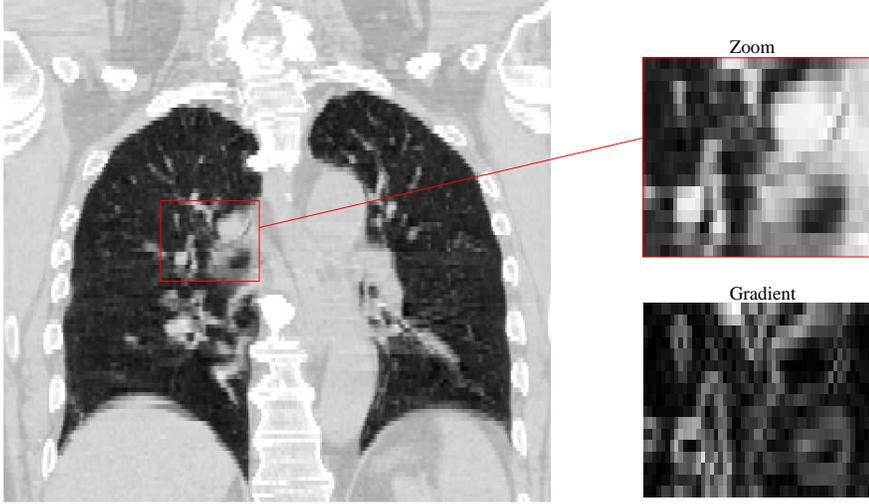


FIG. 1.11 – Image TDM et zoom sur une partie de son image de gradient : l'information de gradient n'est pas toujours pertinente, par exemple sur la paroi intérieure du poumon.

C'est pourquoi des approches prenant en compte des informations d'intensité, à l'intérieur des partitions segmentées, ont été développées. Les informations d'intensité peuvent prendre plusieurs formes : suivre des distributions d'intensité connues a priori ou apprises sur des données [Anquez et al., 2008], suivre des distributions évaluées pendant le processus de segmentation [Paragios et Deriche, 2000; Lecellier et al., 2010], ou suivre des informations d'homogénéité plus complexes caractérisant des textures [Paragios et Deriche, 2002; Lecellier et al., 2008a]. Le modèle le plus étudié pour la prise en compte des informations d'intensité est celui de [Mumford et Shah, 1988]. Il consiste à segmenter une image en regroupant dans une même région les pixels (ou les voxels) ayant des intensités proches et en imposant une contrainte de régularité sur les frontières des régions (c'est-à-dire les contours de la segmentation). Cela se traduit, dans le cas simplifié de la recherche d'une partition de l'image correspondant à une modélisation des intensités par une fonction constante par morceaux, par la minimisation de la fonctionnelle E :

$$\arg \min_{I_{\text{cpm}}, \Gamma} E(I_{\text{cpm}}, \Gamma) = \arg \min_{I_{\text{cpm}}, \Gamma} \lambda \underbrace{\int_{\Omega} \|I_{\text{cpm}} - I\|^2 d\Omega}_{\text{homogénéité des régions}} + \underbrace{\int_{\Gamma} d\Gamma}_{\text{longueur des contours}}, \quad (1.10)$$

où I_{cpm} est une approximation constante par morceaux recherchée de l'image I définie sur le domaine Ω de frontière Γ , et λ est un coefficient permettant de pondérer l'importance

des différents termes dans la fonctionnelle. La minimisation de cette fonctionnelle est un problème difficile. Les méthodes les plus courantes pour la réaliser sont soit l'écriture d'un modèle approché, soit des méthodes d'optimisation stochastique [Shen, 2005; Law et al., 2008]. Comme pour les formulations utilisant les informations de gradient de l'image, une représentation explicite du contour recherché (comme dans [Gastaud et al., 2004]) ou une représentation implicite par ensemble de niveaux peuvent être utilisées. Parmi les modèles approchés, le plus répandu est celui de [Chan et Vese, 2001] qui met en œuvre une segmentation en deux régions par le formalisme des ensembles de niveaux.

1.2.2.1 Le modèle de Chan et Vese

Le modèle de [Chan et Vese, 2001] utilise le formalisme de la représentation par ensembles de niveaux pour proposer l'approximation du modèle de la fonctionnelle (1.10). Cette approximation est restreinte à la segmentation d'une image en deux phases (objet et fond). Elle consiste à résoudre le problème suivant :

$$\arg \min_{\Phi, c_1, c_2} \int_{\Omega} |\nabla H(\Phi)| d\Omega + \int_{\Omega} H(\Phi)(I - c_1)^2 d\Omega + \int_{\Omega} (1 - H(\Phi))(I - c_2)^2 d\Omega, \quad (1.11)$$

où H est la fonction de Heaviside ($H(x) = 1$ si x est positif, 0 sinon), c_1 et c_2 sont les niveaux moyens d'intensité de chacune des deux phases.

1.2.2.2 Minimisation

Descente de gradient [Chan et Vese, 2001] proposent d'écrire les conditions d'optimalité de la fonctionnelle 1.11 en utilisant le modèle approché régularisé suivant :

$$\arg \min_{\Phi, c_1, c_2} \int_{\Omega} |\nabla H_{\epsilon}(\Phi)| d\Omega + \int_{\Omega} H_{\epsilon}(\Phi)(I - c_1)^2 d\Omega + \int_{\Omega} (1 - H_{\epsilon}(\Phi))(I - c_2)^2 d\Omega \quad (1.12)$$

où H_{ϵ} est une version régularisée (au moins continue et dérivable) de la fonction de Heaviside. Les auteurs, dans [Chan et Vese, 2001] proposent d'utiliser l'une ou l'autre des régularisations décrites dans le tableau suivant:

expression	$H_{1,\epsilon}(x) = \frac{1}{2} + \frac{1}{\pi} \arctan\left(\frac{x}{\epsilon}\right)$	$H_{2,\epsilon}(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } x > \epsilon \\ 0 & \text{si } x < -\epsilon \\ \frac{1}{2} \left(1 + \frac{x}{\epsilon} + \frac{1}{\pi} \sin\left(\frac{\pi x}{\epsilon}\right)\right) & \text{si } x < \epsilon \end{cases}$
régularité	C^{∞}	C^1
dérivée ¹	$\delta_{1,\epsilon}(x) = \frac{1}{\pi} \frac{\epsilon}{\epsilon^2 + x^2}$	$\delta_{2,\epsilon}(x) = \begin{cases} 0 & \text{si } x > \epsilon \\ \frac{1}{2\epsilon} \left(1 + \cos\left(\frac{\pi x}{\epsilon}\right)\right) & \text{si } x < \epsilon \end{cases}$
support de la dérivée	non borné	borné restreint à l'intervalle $[-\epsilon, \epsilon]$

¹ il s'agit d'une impulsion de Dirac régularisée.

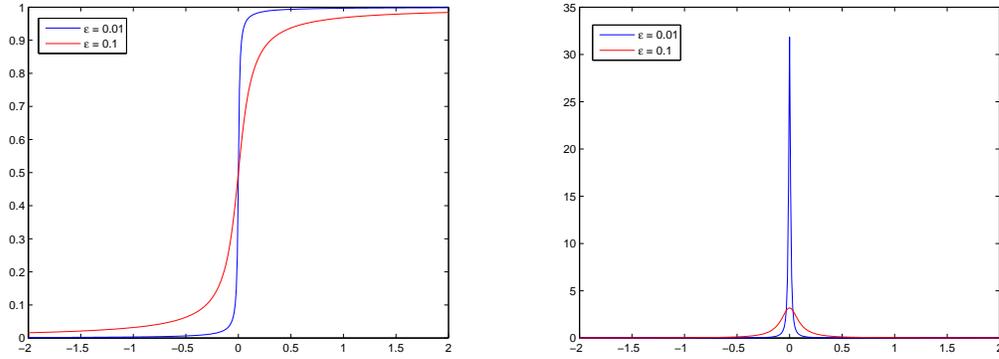


FIG. 1.12 – Fonction de Heaviside régularisée et sa dérivée avec $\epsilon = 0,01$ (en bleu) et $\epsilon = 0,1$ (en rouge).

La figure 1.12 illustre deux exemples de graphes des fonctions $H_{1,\epsilon}$ avec $\epsilon = 0,1$ et $\epsilon = 0,01$.

Ces approximations dérivables de la fonction de Heaviside permettent d'écrire l'équation d'Euler Lagrange par rapport à la fonction Φ de la fonctionnelle (1.12). La condition d'optimalité suivante est alors obtenue :

$$\lambda \delta_\epsilon(\Phi)(I - c_1)^2 - \lambda \delta_\epsilon(\Phi)(I - c_2)^2 - \delta_\epsilon(\Phi) \operatorname{div} \left(\frac{\nabla \Phi}{|\nabla \Phi|} \right) = 0 \quad (1.13)$$

Une solution stationnaire est obtenue par descente de gradient.

Cette méthode présente deux principaux inconvénients. Le premier, purement numérique, est que pour avoir un schéma numérique stable, on est obligé de choisir un pas τ suffisamment petit, ce qui implique une convergence assez lente. Le second provient directement de la construction du modèle : il n'y a pas nécessairement unicité de la solution et rien n'empêche la méthode de converger vers un minimum local loin de la solution recherchée. La figure 1.13 illustre le problème de l'influence de l'initialisation sur la partition finale avec une approximation de la fonction de Dirac à support borné et étroit sur une coupe 2D d'une image de poumons. La régularisation, en particulier en élargissant le support de la fonction Dirac, permet une évolution de la fonction Φ au-delà de son seul ensemble de niveau 0, ce qui permet d'éviter un certain nombre de minima locaux.

Vers une formulation convexe et des algorithmes d'optimisation efficaces. S'inspirant de l'approche de [Chan et al., 2006], pour le débruitage, les auteurs de [Bresson et al., 2007] proposent une nouvelle formulation approchée de la fonctionnelle de Mumford et Shah, par le problème sous contrainte suivant :

$$\begin{cases} \arg \min_{u, c_1, c_2} E_{\text{TV}}(u, c_1, c_2) = \arg \min_{u, c_1, c_2} \int_{\Omega} |\nabla u| d\Omega \\ \quad + \int_{\Omega} u(I - c_1)^2 + (1 - u)(I - c_2)^2 d\Omega, \\ \text{s.c. } u \in \text{BV}_{[0,1]}(\Omega). \end{cases} \quad (1.14)$$

La fonction d'ensemble de niveaux Φ et son indicatrice $H(\Phi)$ sont remplacées par une fonction d'appartenance u appartenant à l'ensemble des fonctions à variations bornées à valeurs dans $[0, 1]$ ($\text{BV}_{[0,1]}(\Omega)$). Ainsi, au lieu de chercher une segmentation dans l'espace des fonctions indicatrices (le résultat est une segmentation binaire mais il y a plusieurs

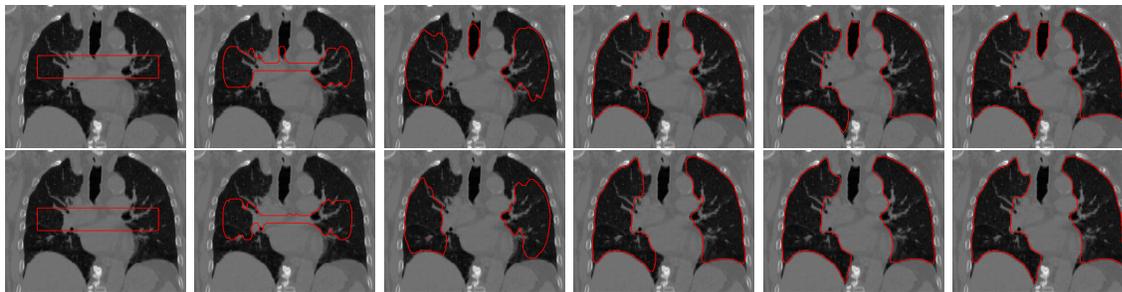


FIG. 1.13 – Résultats de la minimisation de la fonctionnelle de Chan et Vese sur une image avec deux initialisations différentes (l’une incluant la trachée, l’autre l’excluant) conduisant à deux résultats différents. Les colonnes correspondent respectivement aux initialisations et aux évolutions du contour après 20, 100, 500, 700 et 1500 itérations.

solutions), les auteurs proposent de chercher une fonction $u \in BV_{[0,1]}(\Omega)$ pouvant prendre toutes les valeurs intermédiaires entre 0 et 1. L’avantage d’une telle formulation est que, en fixant c_1 et c_2 , la fonctionnelle (1.14) est convexe en u et l’espace de minimisation BV est aussi convexe (contrairement à celui des fonctions indicatrices), ainsi il n’y a donc plus de minimum locaux. Cette propriété permet, comme illustré sur la figure 1.17, de s’affranchir du problème de l’initialisation.

Dans ce modèle, le terme de régularité est la variation totale de u . Il permet d’assurer que le minimum est atteint pour u binaire (figure 1.16). Aussi une segmentation est atteinte par simple seuillage de u (généralement à 0,5).

De même dans [Mory et Ardon, 2007; Mory et al., 2007] une forme plus générique de fonctionnelle est proposée :

$$\begin{cases} \arg \min_{u, \alpha_i} E_{TV_2} = \arg \min_{u, \alpha_i} \int_{\Omega} |\nabla u| d\Omega + \lambda \int_{\Omega} u(\mathbf{x}) r_{\alpha_i}(\mathbf{x}) d\Omega \\ \text{s.c. } u \in BV_{[0,1]}(\Omega) \end{cases} \quad (1.15)$$

où $r_{\alpha_i}(\mathbf{x})$ est un terme d’attache aux données quelconque ne dépendant pas de u et les α_i , $i \in \{1, 2\}$ sont les paramètres du terme d’attache aux données. Le tableau 1.1 donne quelques exemples de termes d’attache aux données utilisables.

$r(\mathbf{x}) = (I - c_1)^2 - (I - c_2)^2$	[Chan et Vese, 2001]
$r_{\alpha_i}(\mathbf{x}) = \log P_i(I \alpha_i)$	[Paragios et Deriche, 2000]
$r_{\alpha_i}(\mathbf{x}) = (I - s_{\alpha_i})^2 + \nu \nabla s_{\alpha_i} ^2$	[Vese et Chan, 2002]

TAB. 1.1 – Différents termes d’attaches aux données possibles pour l’équation 1.15.

Les auteurs de [Bresson et al., 2007; Mory et Ardon, 2007] proposent également de pondérer la variation totale par un terme de potentiel fonction du gradient pour diminuer la valeur de l’énergie près des contours les plus apparents. Le terme de pondération le plus classiquement utilisé est :

$$g(\mathbf{x}) = \frac{1}{|1 + \nabla I_{\sigma}|} \quad (1.16)$$

où I_σ est l'image I lissée par un noyau gaussien de largeur σ . La fonctionnelle se réécrit alors

$$\begin{cases} \arg \min_{u, r_{\alpha_i}} E_{TVg} = \arg \min_{u, r_{\alpha_i}} \int_{\Omega} g(\mathbf{x}) |\nabla u| d\Omega + \lambda \int_{\Omega} u(\mathbf{x}) r_{\alpha_i}(\mathbf{x}) d\Omega \\ \text{s.c. } u \in \text{BV}_{[0,1]}(\Omega) \end{cases} \quad (1.17)$$

La figure 1.14 illustre le rôle du potentiel de gradient en soulignant les différences entre les résultats de la minimisation de la fonctionnelle (1.15) et de la fonctionnelle (1.17), en particulier pour les parties fines.

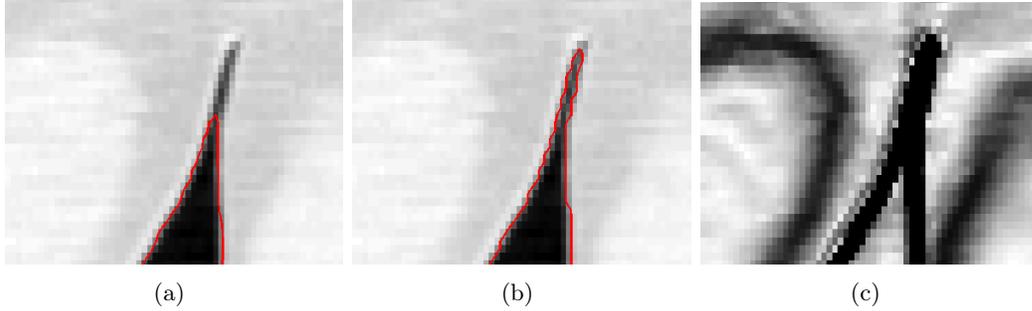


FIG. 1.14 – Rôle de la pondération par le potentiel gradient : segmentation séparant le corps du fond de l'image près de l'aisselle. (a) Minimum de la fonctionnelle 1.15. (b) Minimum de la fonctionnelle 1.17. (c) Potentiel de gradient $g(\mathbf{x})$.

Là encore, l'optimisation se fait alternativement sur les paramètres de $r_{\alpha_i}(\mathbf{x})$ (c_1 et c_2 dans le cas d'une fonctionnelle type [Chan et Vese, 2001]) et sur u . Dans le cas où $r(\mathbf{x}) = ((I - c_1)^2 - (I - c_2)^2)$, la minimisation par rapport à c_1 et c_2 est directe et conduit aux moyennes pondérées suivantes :

$$c_1 = \frac{\int_{\Omega} u I d\mathbf{x}}{\int_{\Omega} u d\mathbf{x}} \quad c_2 = \frac{\int_{\Omega} (1-u) I d\mathbf{x}}{\int_{\Omega} (1-u) d\mathbf{x}} \quad (1.18)$$

La minimisation par rapport à u peut se faire soit par descente de gradient, soit par l'algorithme de [Chambolle, 2004].

Minimisation par descente de gradient Pour minimiser la fonctionnelle (1.17), [Chan et al., 2006] proposent de transformer le problème avec contrainte (1.17) (où la contrainte est l'appartenance de u à l'ensemble $\text{BV}_{[0,1]}(\Omega)$) en un problème sans contrainte par pénalisation exacte de la manière suivante :

$$\arg \min_{u, r_{\alpha_i}} \int_{\Omega} g(\mathbf{x}) |\nabla u| d\Omega + \lambda \int_{\Omega} u(\mathbf{x}) r(\mathbf{x}) d\Omega + \int_{\Omega} \alpha \nu(u(\mathbf{x})) d\Omega \quad (1.19)$$

avec le terme de pénalisation, appliqué à u , défini par $\nu(t) = \max(0, 2|t - \frac{1}{2}| - 1)$ (illustré figure 1.15) et $\alpha > \frac{\lambda}{2} \|r(\mathbf{x})\|_{L^\infty(\Omega)}$.

La pénalisation est exacte au sens où tout minimum de la fonctionnelle (1.19) minimise aussi la fonctionnelle 1.17, une preuve étant donnée dans [Chan et al., 2006].

Les équations d'Euler-Lagrange conduisent à la condition d'optimalité suivante :

$$\text{div} \frac{\nabla u}{|\nabla u|} - \lambda r(\mathbf{x}) - \alpha \nu'(u(\mathbf{x})) = 0 \quad (1.20)$$

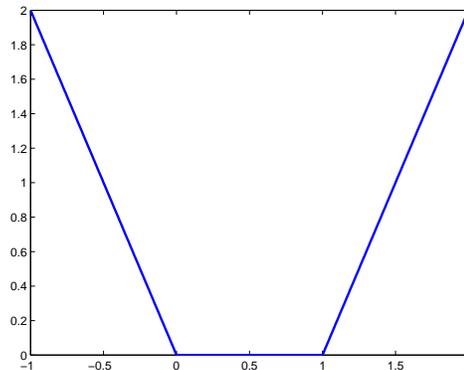


FIG. 1.15 – Pénalisation pour la minimisation de la fonctionnelle (1.19). En dehors de l'intervalle $[0, 1]$, le terme de pénalisation empêche l'existence de minima.

La solution stationnaire est obtenue par descente de gradient à l'aide du schéma explicite aux différences finies à l'ordre 1 suivant :

$$u^{n+1} = u^n + \tau \left(\operatorname{div} \frac{\nabla u}{|\nabla u|} - \lambda r(\mathbf{x}) - \alpha \nu'(u^n(\mathbf{x})) \right) \quad (1.21)$$

où τ doit être suffisamment petit pour assurer la stabilité numérique.

Minimisation par l'algorithme de Chambolle De même que pour la descente de gradient, le problème (1.17) est réécrit comme le problème sans contrainte (1.19). L'algorithme de [Bresson et al., 2007] fondé sur [Chambolle, 2004] consiste à ajouter une variable auxiliaire v et une contrainte $u = v$ de la manière suivante :

$$\arg \min_{u,v} \int_{\Omega} g |\nabla u| dx + \frac{1}{2\theta} \int_{\Omega} |u - v|^2 d\Omega + \int_{\Omega} vr + \beta \nu(v) d\Omega \quad (1.22)$$

La minimisation doit alors à présent se faire alternativement pour les variables u et v . Le minimum pour u est donné par :

$$u = v - \theta \operatorname{div}(p) \quad (1.23)$$

avec p solution de :

$$g \nabla(\theta \operatorname{div} p - v) - |\nabla(\theta \operatorname{div} p - v)| p = 0 \quad (1.24)$$

déterminée par les itérations de point fixe suivantes (en initialisant $p^0 = 0$) :

$$p^{n+1} = \frac{p^n + \tau \nabla(\operatorname{div}(p^n) - \frac{v}{\theta})}{1 + \frac{\tau |\nabla(\operatorname{div}(p^n) - \frac{v}{\theta})|}{g}} \quad (1.25)$$

où le pas $\tau \leq 1/8$ Le minimum pour v est donné par :

$$v = \max(\min(u - \theta \lambda r, 1), 0) \quad (1.26)$$

L'ensemble complet de la procédure de minimisation est résumé dans l'algorithme suivant.

Algorithme 1 Minimisation de (1.19)

[Chambolle, 2004]

Entrées : I, u, θ, τ, g

repéter

calculer c_1 and c_2 selon l'éq. (1.18)

$$r := (I - c_1)^2 - (I - c_2)^2$$

$$v := \max(\min(u - \theta\lambda r, 1), 0)$$

$$p^0 := 0$$

repéter

$$p^{n+1} := \frac{p^n + \tau \nabla(\operatorname{div}(p^n) - \frac{v}{\theta})}{1 + \frac{\tau |\nabla(\operatorname{div}(p^n) - \frac{v}{\theta})|}{\theta}}$$

jusqu'à $p^{n+1} \approx p^n$

$$u := v - \theta \operatorname{div}(p)$$

jusqu'à convergence

Sortie : u

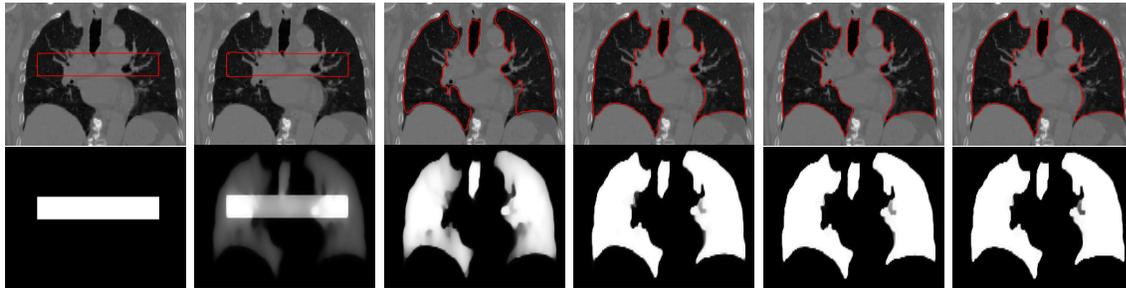


FIG. 1.16 – Evolution de u pendant la minimisation. La première ligne représente l'ensemble de niveau 0,5, la seconde est une image de u . Les colonnes correspondent respectivement à l'initialisation et aux itérations 10, 20, 40, 60 et 100.

Une large palette de méthodes variationnelles pour la segmentation d'images a été développée aux cours des vingt dernières années. Elles ont été souvent utilisées en imagerie médicale comme nous le montrons dans la prochaine section. La dernière formulation de [Bresson et al., 2007], [Mory et Ardon, 2007] et [Mory et al., 2007] présente de nombreux avantages du fait de la convexité de la fonctionnelle par rapport à la variable u et de la recherche de la solution dans l'espace BV, l'étape d'initialisation n'est plus une étape aussi primordiale et des algorithmes rapides, issus des outils de l'optimisation convexe, pour minimiser la variation totale sont disponibles.

1.3 Méthodes variationnelles pour la segmentation d'images médicales

Les méthodes variationnelles pour la segmentation, et particulièrement les méthodes par ensembles de niveaux, sont très utilisées en imagerie médicale pour des applications variées, utilisant la totalité des modalités d'imagerie usuelles. Un état de l'art dédié aux méthodes par ensemble de niveaux est proposé dans [Angelini et Jin, 2005]. Le compléter et dresser un nouvel état de l'art exhaustif et actuel de l'utilisation de méthodes variationnelles est une tâche très difficile face à la profusion de ces travaux. Dans cette partie, nous mettons

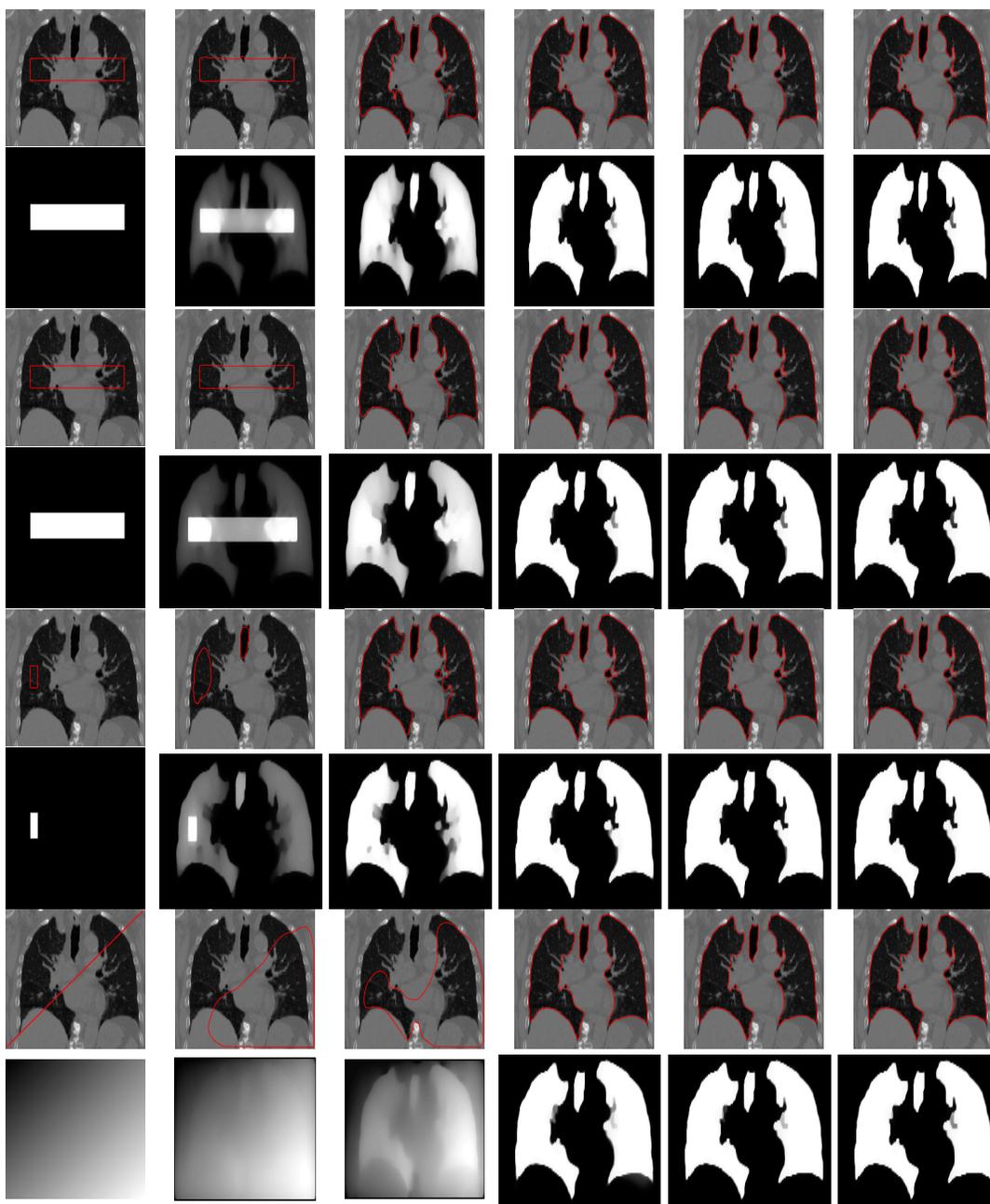


FIG. 1.17 – La formulation convexe rend le résultat indépendant de l’initialisation. Chaque ligne représente les résultats pour des initialisations différentes de u (son ensemble de niveau 0,5 et sa valeur), les colonnes représentent respectivement l’initialisation et l’évolution de u aux itérations 10, 20, 40, 60 et 100.

tout d’abord en lumière un certain nombre d’applications de segmentation par méthodes variationnelles pour montrer l’étendue (en termes de variétés de structures à segmenter et de modalités utilisées) puis nous détaillons plus spécifiquement les travaux dédiés à la segmentation du thorax et/ou des tumeurs pulmonaires dans les modalités TEP et/ou TEP-TDM.

1.3.1 Diverses applications

Le tableau précédent résume quelques-unes des applications récentes des méthodes variationnelles pour la segmentation en imagerie médicale. Les applications sont très variées, pouvant aller de la segmentation de structures cérébrales en IRM (par exemple [Yang et Duncan, 2004]) au suivi du mouvement des ventricules dans des images d'échographie cardiaque (par exemple [Dydenko et al., 2006]). Une large majorité des travaux cités précédemment utilisent, exclusivement ou non, des approches par régions. En effet, à part quelques structures particulières dans certaines modalités, par exemple les os dans des images TDM [Tan et al., 2007], les informations de gradient dans les images médicales sont souvent mal définies. Aussi même si certains auteurs comme [Ray et al., 2003; Colliot et al., 2006] cherchent dans une première étape à améliorer la qualité des gradients dans les images avant de les utiliser, les informations de régions sont en général plus robustes.

Lorsque des images médicales sont segmentées à l'aide de méthodes variationnelles, plusieurs classes d'approches se dégagent :

- Certaines méthodes utilisent l'une des formulations variationnelles les plus classiques (décrites le plus souvent par les fonctionnelles (1.6) et (1.11)) et cherchent à fournir une initialisation la plus proche possible de la segmentation finale essentiellement pour éviter les minima locaux. Dans ce cas, les méthodes variationnelles ne sont souvent qu'une dernière étape de raffinement lors d'un processus complet de segmentation. C'est le cas par exemple de [Moreno, 2007] où la segmentation des poumons dans des images TDM est obtenue par un contour actif initialisé correctement à l'aide de la classification par k-moyennes préalable. Un autre exemple se trouve dans les travaux de [Qatarneh et al., 2003] qui proposent de segmenter des poumons en initialisant un contour actif par recalage d'un atlas.
 - Dans la classe des méthodes variationnelles utilisant des informations de régions, différents travaux tentent de tirer au mieux profit des informations d'intensité de l'image a priori ou apprises en cours de segmentation. C'est le cas par exemple des travaux de [Paragios et Deriche, 2002] ou de [Lecellier et al., 2008b]. En effet, si la distribution d'intensité de l'objet à segmenter est souvent relativement uniforme, il est fréquent que celle du fond soit multimodale. Une autre approche pour éviter les problèmes liés à la distribution multimodale du fond est développée dans [Mille, 2009] où les intensités moyennes des régions ne sont évaluées que dans une bande étroite autour du contour d'intérêt.
 - D'autres travaux ajoutent de l'information a priori sur les structures à segmenter, comme des informations de forme (par exemple [Yang et Duncan, 2004], [Lecellier et al., 2008b] ou [Paragios, 2003]). Une variante des ajouts d'informations a priori est l'ajout de connaissances sur l'agencement spatial des structures à segmenter. Cela a par exemple été utilisé dans [Nempont et al., 2008] pour la segmentation de structures cérébrales ou dans [Moreno et al., 2008] où le cœur dans des images TDM est segmenté à l'aide d'un contour actif de type (1.6) où l'image de potentiels est réalisée à l'aide de connaissances floues d'informations relatives à la localisation spatiale du cœur.
 - Une autre approche consiste également à s'éloigner des formulations variationnelles « classiques » pour en établir de nouvelles plus adaptées aux structures qui doivent être segmentées. Ainsi [Yan et Kassim, 2006] proposent d'adapter la formulation
-

des contours actifs géodésiques aux cas des structures allongées pour segmenter des vaisseaux sanguins.

Ces trois approches ne sont pas exclusives. Nous montrons dans le paragraphe suivant qu'elles sont également utilisées pour la segmentation du thorax et des tumeurs pulmonaires.

1.3.2 Segmentation d'images du thorax et de tumeurs pulmonaires

La segmentation de structures thoraciques, et en particulier de tumeurs pulmonaires dans les images TDM, est l'objet de nombreux travaux. En revanche, comme nous le verrons dans le chapitre 2, le problème spécifique de la segmentation conjointe des images TEP/TDM a, quant à lui, été beaucoup moins abordé. Dans cette partie, nous nous concentrons sur l'état de l'art des méthodes de segmentation automatique de structures du thorax qui vont nous intéresser dans cette thèse, c'est-à-dire les poumons (ou l'ensemble du parenchyme pulmonaire) et les tumeurs ou nodules. Nous laissons volontairement ici de côté les travaux concernant la segmentation du cœur dans des images TDM car ils seront développés dans le chapitre 3.

1.3.2.1 Généralités

La segmentation de structures thoraciques, qui peuvent être des nodules ou des tumeurs, des emphysèmes pulmonaires, les bronches, etc., passe souvent par une première étape consistant en la segmentation des poumons dans leur ensemble. Plusieurs auteurs proposent des algorithmes pour réaliser automatiquement cette tâche. Un certain nombre d'entre eux s'appuient à la fois sur les propriétés d'intensités des poumons (ils sont beaucoup plus sombres que les structures avoisinantes) et sur des systèmes de « règles ». Ainsi les auteurs de [Zheng et al., 2003] proposent de segmenter les poumons en réalisant tout d'abord un seuillage puis en mettant en œuvre un système de règles éliminant les « trous » dans le seuillage précédent pouvant correspondre à des nodules, en séparant les éventuelles jonctions entre les poumons et en supprimant la trachée. Des approches assez similaires sont proposées dans [Hu et al., 2001], dans [Armato et Sensakovic, 2004] où une étape supplémentaire utilisant un algorithme de « rolling ball » est proposée pour éliminer les nodules collés aux bordures des poumons, et dans [Guo et Wu, 2007] où le système de règles est construit pour réaliser un tracé du contour externe des poumons à partir du seuillage. D'autres approches n'utilisant pas un seuillage pour la première étape de la segmentation des poumons ont également été proposées. Par exemple, [Brown et al., 1997] proposent d'utiliser une approche par croissance de régions, et [Moreno, 2007] une approche par classification par k-moyennes et contraintes spatiales. Dans les deux cas, un raffinement est proposé pour obtenir la segmentation des poumons. L'ensemble de ces méthodes permet d'obtenir de bons résultats pour des poumons sains ou avec des nodules de petites tailles. Les tumeurs de grandes tailles, si elles sont connexes aux parois des poumons, sont généralement par construction exclues des segmentations. Le problème de la segmentation des poumons a aussi été abordé à l'aide de méthodes variationnelles, nous discuterons de ces approches dans le prochain paragraphe. La trachée est également souvent segmentée dans les images du thorax, en particulier pour pouvoir la séparer des poumons. La segmentation de la trachée est en général abordée par des méthodes de type seuillage puis régularisation comme par exemple dans [Yim et Hong, 2005]. En effet, le niveau d'intensité de la trachée est plus faible que celui du parenchyme pulmonaire (la trachée ne contient que de l'air à l'inverse du parenchyme qui contient également des vaisseaux sanguins).

Les nodules ou tumeurs pulmonaires font l'objet de travaux s'intéressant à leur segmentation et/ou à leur détection dans les images TDM et dans les images TEP. Les images TEP étant mal résolues, elles sont surtout utilisées pour de la détection. Par exemple, dans [Maroy et al., 2010] la détection de tumeurs pulmonaires est effectuée grâce à un apprentissage, les tumeurs détectées sont classées en fonction de leur probabilité à être de vrais positifs ou de faux positifs (80% des tumeurs sont correctement détectées) et une étape de segmentation est proposée (70% des tumeurs sont correctement segmentées).

La détection automatique de nodules dans les image TDM est un domaine de recherche très actif. Certains travaux comme [Armato et al., 2001] proposent de trouver l'emplacement des nodules pulmonaires à l'aide d'un seuillage à l'intérieur du parenchyme et d'un système de règles reposant sur le volume et la forme plutôt sphérique attendue des nodules. D'autres proposent des approches de mise en correspondance de caractéristiques [Lee et al., 2001]. Une autre approche proposée dans [Agam et al., 2005] consiste à détailler l'arbre vasculaire des poumons et à différencier les jonctions de vaisseaux normales des nodules. Nous ne détaillons pas ici davantage cet état de l'art car la détection de tumeurs en elle-même ne fait pas partie des objectifs de cette thèse. Cette étape étant considérée comme réalisée manuellement (par la donnée d'un point approximativement au centre de la tumeur) ou réalisée automatiquement à l'aide d'algorithmes proposés dans le logiciel développé par la société Dosisoft.

La segmentation proprement dite des nodules ou tumeurs, c'est-à-dire la détermination précise de leur contour en éliminant les structures adjacentes telles que les vaisseaux sanguins, est également un sujet d'intérêt surtout, depuis que les scanners TDM permettent de réaliser des images quasiment isotropes et bien résolues autorisant des mesures de volume assez précises. Dans [Xu et al., 2002] une approche par programmation dynamique en utilisant une initialisation manuelle et des contraintes de forme est proposée. La segmentation est réalisée coupe par coupe ce qui limite les possibilités de recours à la cohérence 3D de l'objet à segmenter. Dans [Fan et al., 2002] la segmentation est réalisée grâce à la mise en correspondance d'un modèle, cette méthode donne de bons résultats pour des tumeurs ayant des formes proches d'ellipsoïdes. Une méthode assez proche est développée dans [Okada et al., 2005]. Les auteurs de [Kostis et al., 2003] proposent de réaliser la segmentation en deux étapes, la première consiste en un seuillage (les tumeurs ont des intensités nettement plus élevées que le fond) et la seconde en l'application d'opérateurs de morphologie mathématique pour supprimer les vaisseaux adjacents. En particulier à cause des hypothèses faite sur les éléments structurants cette méthode n'est opérante que pour des tumeurs de petite taille. Des travaux assez proches ont été proposés dans [Kuhnigk et al., 2006; Moltz et al., 2009]. Une approche par seuillage et morphologie mathématique est également développée par les auteurs de [Fetita et al., 2003]. A l'inverse des précédents ils utilisent en plus une segmentation complète du poumon ce qui leur permet de s'affranchir des limitations de taille. Les auteurs de [Dehmeshki et al., 2008] proposent d'utiliser une croissance de région avec une carte de connexité floue.

Ainsi l'ensemble de ces méthodes, si elles donnent souvent de bons résultats ont toutes quelques points faibles, soit vis-à-vis de la taille de l'objet à segmenter soit à cause d'hypothèses sur une forme sphérique ou ellipsoïdale des tumeurs ou nodules. Toutes se concentrent sur la modalité TDM. Comme nous le montrerons au prochain chapitre, utiliser conjointement les images TEP et TDM peut permettre de s'affranchir de certaines de ces limitations.

1.3.2.2 Segmentation par des méthodes variationnelles

Parmi la variété des applications mises en œuvre, les méthodes variationnelles ont également été utilisées pour la segmentation d'organes du thorax (comme les poumons) ou pour des tumeurs pulmonaires. Par exemple, les auteurs de [Ray et al., 2003] réalisent des segmentations de poumons dans des images IRM de thorax en utilisant une implémentation explicite et paramétrique des contours actifs qui utilise les informations de gradient de l'image (une stratégie de fusion de contours est développée car le changement de topologie n'est pas nativement possible avec une représentation explicite des contours). Une représentation implicite des contours par ensembles de niveaux est choisie dans [Silveira et Marques, 2006; Silveira et al., 2007]. Les auteurs proposent de segmenter les poumons dans des images TDM à l'aide d'un algorithme de contour actif utilisant le gradient de l'image à segmenter corrigé pour ne pas exclure les vaisseaux pulmonaires de la segmentation. Ces approches permettent d'obtenir de bons résultats mais elles n'exploitent pas toute l'information disponible dans des images TDM alors que cela pourrait renforcer la robustesse des algorithmes proposés. Des travaux plus éloignés [Annangi et al., 2010], proposant la segmentation des poumons dans images de radiographies 2D, utilisent une approche par contours actifs tenant compte des statistiques de l'image qui permet d'obtenir de bons résultats. La segmentation des poumons par des méthodes variationnelles utilisant les informations de région de l'image est également mise en œuvre dans [Lai et Ye, 2009]. De plus une contrainte de forme est ajoutée pour inclure les tumeurs de grande taille dans la segmentation des poumons. La segmentation des tumeurs a également été abordée à l'aide de méthodes variationnelles. Par exemple les travaux de [Kalpathy-Cramer et al., 2008] pour la segmentation des tumeurs dans des images TDM utilisent des contours actifs guidés par une carte de probabilité, déduite des gradients de l'image.

Cet aperçu nous montre que différentes classes de méthodes ont déjà été testées pour proposer des algorithmes automatiques ou semi-automatiques d'images du thorax dans des images TDM. Une part d'entre eux utilise les méthodes variationnelles dans des formulations classiques exploitant le gradient de l'image ou des informations de région. Les informations de régions portent souvent sur les premiers moments statistiques alors que les images TDM dont les intensités sont calibrées permettent d'utiliser des informations plus fines comme des fonctions de densité de probabilité.

D'autre part, à travers cette revue de travaux nous constatons que le modèle de Thiran, Bresson, Mory, Ardon, a peu été utilisé en imagerie médicale. Pourtant cette approche semble prometteuse pour deux raisons. La première est que la formulation est très proche de celle des formulations variationnelles classiques. En particulier la plupart des travaux qui ont eu pour but de développer des termes d'attache aux données mettant en jeu des informations de régions sont très rapidement transférables dans le nouveau cadre de segmentation. La seconde est que cette formulation est plus rapide et plus stable dès lors que l'on utilise un algorithme de minimisation de la variation totale qui ne soit pas une descente de gradient. Une limite à cette formulation est qu'il s'agit d'une compétition de régions sur l'intégralité du support Ω qui oblige à être attentif au choix de Ω et du terme de compétition de région.

1.4 Conclusion

Le diagnostic et la préparation de plans de traitement pour la radiothérapie dans le cas de tumeurs pulmonaires ou de ganglions lymphatiques infectés dans la région du thorax

nécessitent l'utilisation de l'imagerie médicale. Les principales modalités utilisées actuellement sont l'imagerie TDM et l'imagerie TEP (et de plus en plus souvent acquises conjointement). Par sa précision anatomique importante (avec une résolution généralement proche de $1,17 \times 1,17 \times 1,5 \text{mm}^3$), l'image TDM sert de référence pour le contournage des tumeurs et l'évaluation de leurs caractéristiques (volume, plus grand diamètre, etc ...). Néanmoins l'utilisation de ces images précises nécessite de grands volumes de données, et leur segmentation manuelle prend un temps important. De plus, les segmentations manuelles sont peu reproductibles et sujettes à des variabilités qui peuvent être importantes. Ces raisons (qui ne sont pas spécifiques aux images du thorax) conduisent à vouloir réaliser des algorithmes de segmentation automatiques ou semi-automatiques. Les choix méthodologiques pour la segmentation d'image sont très vastes : méthodes de classification, méthodes discrètes, méthodes variationnelles continues utilisant le gradient ou les informations de région de l'image à segmenter.

Dans cette thèse, nous avons choisi de nous concentrer sur les méthodes variationnelles continues. Elles ont déjà été très utilisées en imagerie médicale dans des applications très diverses malgré certaines de leurs limitations bien connues comme l'absence de minimum global dans beaucoup de formulations ou la vitesse de convergence des schémas numériques utilisés. Cependant le développement récent de méthodes telles que celles de [Mory et Ardon, 2007] et [Mory et al., 2007], qui n'ont que jusqu'alors été très peu explorées en imagerie médicale, permettent de s'affranchir d'un certain nombre de contraintes numériques accélérant ainsi le calcul de la segmentation et de contraintes de modélisation permettant une moins grande sensibilité aux initialisations. De plus ces méthodes autorisent une assez grande diversité de choix d'attaches aux données permettant de réaliser des modèles d'images réalistes. Dans la suite, nous montrerons comment il est possible d'adapter ces méthodes pour mettre, au mieux, à profit les informations données à la fois par les images TEP et par les images TDM pour réaliser des segmentations de tumeurs pulmonaires.

Chapitre 2

Segmentation de tumeurs et lymphomes dans des images multi-modales TEP-TDM

Comme nous l'avons rappelé dans le chapitre précédent, les modalités TEP et TDM sont souvent utilisées conjointement en oncologie du thorax car elles apportent des informations complémentaires. L'image TEP, fonctionnelle, apporte des informations quant à l'activité d'éventuelles tumeurs ou de ganglions infectés et l'image TDM, anatomique, donne des informations précises sur la localisation ou la forme de la tumeur et des organes qui l'entourent.

Dans ce chapitre nous proposons une méthode automatique de segmentation de tumeurs ou de lymphomes (ganglions infectés) s'appuyant sur les deux modalités TEP et TDM. Suivant les recommandations de radiologues [Daisne, 2005] notre méthode s'attache à réaliser une segmentation précise dans l'image TDM en ne se servant de l'image TEP que comme d'un guide. Dans tout ce chapitre, nous travaillons avec des images provenant d'un scanner combiné TEP-TDM supposées recalées. Le recalage n'est donc pas abordé dans ce chapitre. Cependant, la possibilité d'erreurs éventuelles de recalage, dues à la respiration par exemple, est prise en compte dans notre méthode.

Nous présentons tout d'abord l'état de l'art lié à la problématique de la segmentation conjointe d'image TEP-TDM. Puis nous détaillons notre algorithme de segmentation, qui s'appuie sur les méthodes variationnelles présentées dans la partie 1.2.2 du chapitre 1, en discutant le rôle et la stabilité de l'ensemble des paramètres mis en jeu. Enfin nous évaluons notre méthode quantitativement en la comparant à des segmentations manuelles et à des résultats d'algorithmes « vectoriels » proches de l'état de l'art.

2.1 État de l'art

L'intérêt d'utiliser conjointement les modalités TEP et TDM pour la segmentation des tumeurs du thorax a été largement souligné dans des publications médicales [Ashamalla et al., 2005; Faria et al., 2008; Giraud et al., 2002; van Baardwijk et al., 2006]. Cependant peu de techniques automatiques ou semi-automatiques ont été proposées. Les auteurs de [Jafar et al., 2006] proposent une première approche pour mettre à profit les deux modalités TEP et TDM dans un but de détection de tumeurs dans les images TEP, c'est un objectif différent de la segmentation qui nous intéresse ici. Dans ces travaux l'image TDM est

utilisée pour donner des informations a priori anatomiques pour aider à la détection dans les images TEP.

Le problème de segmentation est lui abordé dans [El Naqa et al., 2007]. Les auteurs proposent une méthode consistant à considérer l'image TEP-TDM comme une image vectorielle (à deux canaux, un pour chaque modalité) et à appliquer des techniques de segmentation par contours actifs du type de ceux de [Chan et al., 2000]. Les auteurs proposent une méthode de segmentation semi-automatique. Tout d'abord un contour, proche de la tumeur, est initialisé manuellement. Ensuite l'algorithme de [Chan et al., 2000] est mis en œuvre pour obtenir la segmentation finale. Deux difficultés demeurent dans cette approche. La première est l'ajustement des paramètres pondérant les deux modalités. En effet, à l'inverse des images TDM qui sont calibrées, les intensités TEP peuvent varier fortement entre différents jeux d'images et rendre le réglage des paramètres de pondération difficile. Néanmoins ces problèmes pourraient être limités en normalisant localement les intensités TEP dans un voisinage proche de la tumeur. La seconde difficulté réside dans le fait que les décalages entre les images, en particulier ceux dus à la respiration, ne sont pas spécifiquement pris en compte dans cette approche vectorielle.

Une autre classe de méthode est proposée dans [Grubben et al., 2010]. Un étiquetage par maximisation a posteriori d'une distribution d'un champ de vecteurs (image TEP et image CT) markovien est proposé.

Les auteurs de [Potesil et al., 2007] proposent également de segmenter des tumeurs pulmonaires à l'aide des modalités TEP-TDM. Ils proposent dans un premier temps de détecter les tumeurs comme maxima locaux de l'image TEP. La segmentation est ensuite réalisée comme une différenciation des voxels appartenant aux tumeurs et des voxels appartenant au fond à l'aide d'un test de rapport de vraisemblances entre la région tumorale et son complémentaire. Les vraisemblances sont évaluées à l'aide de produits des densités de probabilités estimées dans les images TEP et TDM.

Dans tout ces travaux la spécificité des deux modalités est peu prise en compte en particulier dans les deux premiers [El Naqa et al., 2007; Grubben et al., 2010] le rôle des modalités est formellement interchangeable dans les formulations données ce qui ne traduit pas la réalité observée des images.

Une méthode plus « asymétrique » est proposée par les auteurs de [Ballangan et al., 2008]. Leur objectif est de segmenter à la fois les poumons et les tumeurs pulmonaires dans un couple d'image TDM en utilisant un atlas probabiliste des poumons créé à partir d'une base d'images TDM. Une première segmentation grossière des poumons est tout d'abord obtenue par croissance de région initialisée par seuillage et analyse des composantes connexes. Une différence entre cette segmentation et une segmentation obtenue par recalage de l'atlas probabiliste permet aux auteurs de définir les zones de tumeurs potentielles. Ces zones sont annotées comme des tumeurs si leurs intensités dans l'image TEP sont importantes, puis incorporées dans le masque précédent du poumon pour le compléter. Ainsi, dans cette méthode l'image TEP n'est utilisée qu'à minima pour annoter certains tissus comme étant des tumeurs et pour compléter la segmentation des poumons. Si cette méthode fournit de bons résultats pour la segmentation des poumons, la segmentation des tumeurs reste quant à elle plus sensible à la présence de gros vaisseaux adjacents.

D'autres travaux traitent de la segmentation conjointe des images TEP-TDM pour le cerveau. Le cadre de travail est différent de celui du thorax car les possibilités de décalage entre les modalités sont beaucoup plus réduites. En particulier dans [Xia et al., 2008], les auteurs proposent de segmenter des couples TEP-TDM d'images de cerveaux, par une classification en trois classes : la matière blanche, la matière grise et le fluide céphalo-

rachidien. Un algorithme en trois étapes est développé : tout d’abord un rehaussement de contraste (dans un intervalle de dynamique d’intérêt pour les structures du cerveau) est effectué sur l’image TDM, puis le fluide céphalo-rachidien est masqué dans l’image TDM par un seuillage optimal. Enfin la classification entre la matière grise et la matière blanche est effectuée à l’aide d’un algorithme de classification spatiale floue dans l’image vectorielle TEP-TDM. L’utilisation conjointe des images TEP-TDM permet d’améliorer les résultats de segmentations de la matière grise et de la matière blanche qui sont toutes deux très bruitées dans les deux modalités. Les résultats présentés sont bons, cependant cette méthode est très spécifique à la segmentation de cerveaux sains et ne peut pas être étendue directement à d’autres cas.

Les travaux traitant de la segmentation d’images IRM acquises dans différentes modalités peuvent apporter un éclairage intéressant. En effet, comme dans le cas des images TEP-TDM, utiliser plusieurs modalités IRM pour réaliser une segmentation permet souvent d’améliorer les algorithmes. De nombreux exemples tendent à montrer cela. C’est le cas par exemple de [Israel-Jost et al., 2008a] où l’utilisation conjointe d’IRM T1 et T2 de cerveaux de souris permet d’améliorer les segmentations des tissus sains et de tumeurs par rapport à l’IRM T1 seule, des méthodes similaires sont aussi utilisées dans [Israel-Jost et al., 2008b] pour des IRM multi-modales de cerveaux pathologiques (humains). Dans [Hong et al., 2007], une classification multimodale sur des images de différents protocoles est effectuée par une variante de l’algorithme EM. Les voxels des différents protocoles sont vus comme des réalisations de mélanges de gaussiennes vectorielles (une composante par protocole). Un algorithme EM est mis en œuvre pour la détermination des paramètres des mélanges de gaussiennes et la segmentation finale est donnée par le maximum a posteriori pour chacune des classes. Cette méthode comporte deux principales limitations : les tissus doivent être modélisés à l’aide de distributions d’intensités paramétriques et les images doivent être telles que les voxels à la même position dans différentes modalités représentent la même partie anatomique du patient (c’est-à-dire un recalage anatomique parfait).

Dans [Lecoeur et al., 2008] trois modalités d’IRM en niveaux de gris (T1, T2, FLAIR) considérées comme trois canaux de couleurs (bleu, rouge, vert) sont fusionnées pour créer une image IRM en couleurs. La segmentation de lésions de sclérose en plaques est ensuite réalisée par un algorithme de coupure de graphe s’appuyant sur le gradient spectral de l’image en couleurs. Les mêmes auteurs dans [Lecoeur et al., 2010] proposent un gradient spectral optimisé pour les images IRM et non plus le gradient spectral de couleurs (analogues à bleu, rouge, vert) classique. Une transposition de cette méthode à notre problème semble difficile, l’image TEP étant par construction anatomiquement peu précise (elle engendrerait probablement un gradient spectral trop flou). À l’opposée de ces méthodes qui utilisent toutes les différentes modalités de manière identique et interchangeable, sans considérer plus avant les spécificités de chacune, les auteurs de [Dugas-Phocion et al., 2004] proposent de segmenter des lésions de sclérose en plaque automatiquement en utilisant un cadre hiérarchique où chaque étape met en jeu la modalité la plus adaptée. Cette approche est intéressante car elle s’adapte plus spécifiquement au problème de la segmentation des lésions de sclérose en plaque des images du cerveau issues de différentes séquences IRM (T1, T2 et FLAIR) en obtenant de chacune des modalités le maximum d’information possible dans ce cadre de travail.

Dans la suite, nous développons également une méthode qui tient compte des spécificités des images TEP et TDM en élaborant un algorithme de segmentation n’assurant pas un rôle symétrique aux deux modalités d’image. Cela est particulièrement justifié pour des images TEP-TDM où les imprécisions en TEP sont très importantes.

2.2 Un modèle variationnel pour la segmentation d'images multimodales

Dans cette partie, nous proposons d'étendre le modèle variationnel décrit dans le chapitre 1 aux images multimodales TEP-TDM. Deux approches sont proposées et évaluées, l'une utilisant une construction d'une image vectorielle combinant les deux modalités, l'autre réalisant une segmentation spécifique de l'image TDM guidée par l'image TEP.

2.2.1 Formulation vectorielle : approche naïve

Une approche naïve consiste à construire comme dans [El Naqa et al., 2007] une image vectorielle ayant comme première composante l'image TDM et comme seconde composante l'image TEP. La première étape de cette construction est de sur-échantillonner l'image TEP à la résolution de l'image TDM. L'intensité d'un voxel (x, y, z) de cette image est alors le vecteur $\mathbf{I}(x, y, z) = (I_{TDM}(x, y, z), I_{TEP}(x, y, z))^T$. La segmentation de cette nouvelle image vectorielle est ensuite fournie par la fonction d'appartenance u minimisant la fonctionnelle :

$$\min_{\substack{u \in BV_{[0,1]}(\Omega) \\ \mathbf{c}_1, \mathbf{c}_2}} \int_{\Omega} g|\nabla u|d\Omega + \int_{\Omega} u\|\Lambda(\mathbf{I} - \mathbf{c}_1)\|^2d\Omega + \int_{\Omega} (1-u)\|\Lambda(\mathbf{I} - \mathbf{c}_2)\|^2d\Omega \quad (2.1)$$

où $\mathbf{c}_1 = (c_{1TDM}, c_{1TEP})^T$, $\mathbf{c}_2 = (c_{2TDM}, c_{2TEP})^T$ sont des vecteurs dans \mathbb{R}^2 , et $\Lambda = \begin{pmatrix} \lambda_{TDM} & 0 \\ 0 & \lambda_{TEP} \end{pmatrix}$ est la matrice de pondération des termes d'attache aux données dans les deux modalités.

Il y a peu de différence entre cette formulation et celle décrite par les auteurs de [El Naqa et al., 2007]. Néanmoins les bonnes propriétés décrites au chapitre 1 restent vraies pour cette formulation vectorielle. Aussi la minimisation de la fonctionnelle 2.1 est plus rapide que celle de la fonctionnelle proposée par [El Naqa et al., 2007] et les résultats sont moins sensibles aux initialisations. Cette formulation ne règle pas les problèmes qui peuvent être posés par des incertitudes de recalage entre les images TEP et TDM (comme ceux causés par la respiration). En particulier lorsque la zone de forte intensité de l'image TEP liée à une tumeur est plus étalée que la position anatomique de la tumeur donnée par l'image TDM, on peut être confronté à un problème de « moyennage » de la segmentation résultante, un exemple est montré sur la figure 2.11 dans la partie 2.4.

Nous pouvons mettre en évidence l'équivalence du modèle vectoriel précédent et d'un modèle moyen (c'est-à-dire d'un modèle de segmentation intermédiaire entre les segmentations individuelles des deux modalités TEP et TDM). En effet, écrire :

$$\min_{\substack{u \in BV_{[0,1]}(\Omega) \\ \mathbf{c}_1, \mathbf{c}_2}} \left[\int_{\Omega} g|\nabla u|d\Omega + \int_{\Omega} u\|\Lambda(\mathbf{I} - \mathbf{c}_1)\|^2d\Omega + \int_{\Omega} (1-u)\|\Lambda(\mathbf{I} - \mathbf{c}_2)\|^2d\Omega \right] \quad (2.2)$$

est équivalent à :

$$\min_{\substack{u \in BV_{[0,1]}(\Omega) \\ (c_{1TDM}, c_{1TEP})^T \\ (c_{2TDM}, c_{2TEP})^T}} \left[2 \int_{\Omega} g|\nabla u|d\Omega + 2 \int_{\Omega} \left\{ u \left\| \begin{pmatrix} \lambda_{TDM} I_{TDM} \\ \lambda_{TEP} I_{TEP} \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} \lambda_{TDM} c_{1TDM} \\ \lambda_{TEP} c_{1TEP} \end{pmatrix} \right\|^2 \right. \right. \\ \left. \left. + (1-u) \left\| \begin{pmatrix} \lambda_{TDM} I_{TDM} \\ \lambda_{TEP} I_{TEP} \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} \lambda_{TDM} c_{2TDM} \\ \lambda_{TEP} c_{2TEP} \end{pmatrix} \right\|^2 \right\} d\Omega \right] \quad (2.3)$$

c'est-à-dire :

$$\min_{u \in BV_{[0,1]}(\Omega)} \left[\int_{\Omega} g|\nabla u|d\Omega + 2 \int_{\Omega} u(\lambda_{\text{TDM}}I_{\text{TDM}} - \lambda_{\text{TDM}}c_{1\text{TDM}})^2 + (1-u)(\lambda_{\text{TDM}}I_{\text{TDM}} - \lambda_{\text{TDM}}c_{2\text{TDM}})^2d\Omega \right. \\ \left. + \int_{\Omega} g|\nabla u|d\Omega + 2 \int_{\Omega} u(\lambda_{\text{TEP}}I_{\text{TEP}} - \lambda_{\text{TEP}}c_{1\text{TEP}})^2 + (1-u)(\lambda_{\text{TEP}}I_{\text{TEP}} - \lambda_{\text{TEP}}c_{2\text{TEP}})^2d\Omega \right] \quad (2.4)$$

que l'on peut aussi réécrire :

$$\min_{u \in BV_{[0,1]}(\Omega)} \left[\underbrace{\int_{\Omega} g|\nabla u|d\Omega + 2\lambda_{\text{TDM}}^2 \int_{\Omega} u(I_{\text{TDM}} - c_{1\text{TDM}})^2 + (1-u)(I_{\text{TDM}} - c_{2\text{TDM}})^2d\Omega}_{\text{énergie liée à l'image TDM}} \right. \\ \left. + \underbrace{\int_{\Omega} g|\nabla u|d\Omega + 2\lambda_{\text{TEP}}^2 \int_{\Omega} u(I_{\text{TEP}} - c_{1\text{TEP}})^2 + (1-u)(I_{\text{TEP}} - c_{2\text{TEP}})^2d\Omega}_{\text{énergie liée à l'image TEP}} \right] \quad (2.5)$$

Ecrit sous cette forme, le modèle de segmentation vectoriel apparaît équivalent à la minimisation d'une somme pondérée d'une énergie dont l'attache aux données dépend uniquement de l'image TDM et d'une énergie dont l'attache aux données dépend de l'image TEP.

2.2.2 Pondération de l'attache aux données variant spatialement

Comme cela est souligné dans [Daisne, 2005], pour un radiothérapeute, la cible de traitement est calculée à partir de la segmentation de la tumeur sur l'image TDM. En effet, la bonne résolution spatiale des images TDM et la possibilité de connaître la densité des tissus, nécessaire pour le calcul de dose, via les niveaux d'intensité des images font de la modalité TDM la modalité de référence pour la radiothérapie. Il apparaît donc important de favoriser la segmentation de l'image TDM. Aussi nous préférons construire un modèle dans lequel les images TDM et TEP jouent des rôles très différents et asymétriques (au sens où les deux modalités ne sont pas interchangeables dans le modèle).

Une formulation ne faisant intervenir que la modalité TDM est du type :

$$\min_{\substack{u \in BV_{[0,1]}(\Omega) \\ c_1, c_2}} \int_{\Omega} |\nabla u(\mathbf{x})|d\Omega + \lambda \int_{\Omega} u(I_{\text{TDM}} - c_1)^2 + (1-u)(I_{\text{TDM}} - c_2)^2d\Omega. \quad (2.6)$$

Elle conduit à des résultats de segmentation semblables à ceux présentés à la figure 2.1, pour une portion d'image TDM restreinte autour d'une tumeur pulmonaire avec deux valeurs du paramètre λ différentes. On observe que selon la valeur du paramètre de pondération λ , la segmentation de la tumeur inclut une part plus ou moins importante des vaisseaux pulmonaires. Cet exemple simple illustre le rôle crucial joué par le paramètre de pondération. Dans les cas extrêmes, si λ est nul, la solution du problème est une fonction u constante (égale à zéro ou à un selon l'initialisation) et si λ est très grand ($\approx +\infty$) le terme d'attache aux données devenant très important devant le terme de régularisation, la solution est très proche d'un seuillage.

A l'instar de la fonction potentielle gradient g , introduite dans la fonctionnelle (1.17) et qui permet de relâcher les contraintes de régularité près des contours les plus apparents

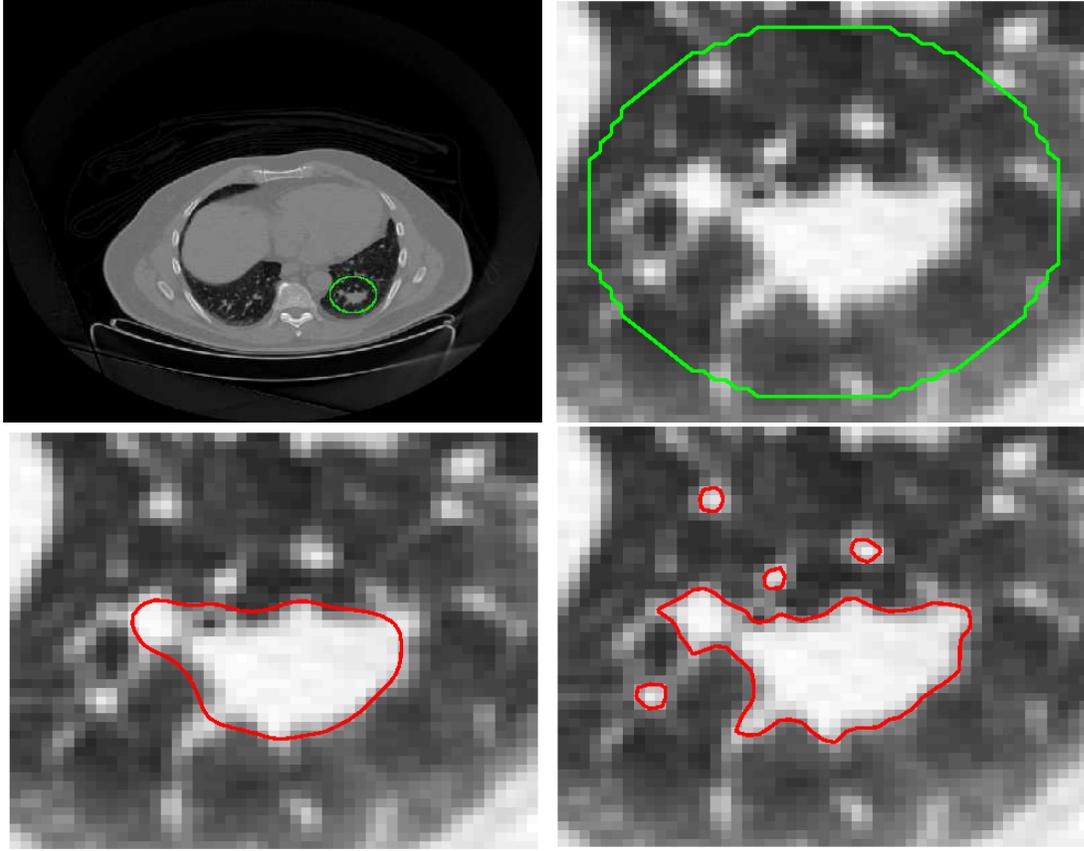


FIG. 2.1 – Segmentation d’une tumeur pulmonaire par la minisation de la fonctionnelle 2.6 : l’utilisation de l’image TDM seule ne permet pas de différencier la tumeur des vaisseaux adjacents. La première ligne représente une coupe axiale de l’image traitée où la région de recherche est décrite par le cercle vert. La seconde ligne présente les résultats de la segmentation, l’image de gauche est obtenue avec $\lambda = 10^{-5}$, celle de droite avec $\lambda = 10^{-4}$.

de l’image, on aimerait pouvoir jouer sur le paramètre d’attache aux données pour qu’il permette à la fois d’accorder un poids suffisant à la régularisation loin de la tumeur pour ne pas inclure de vaisseaux pulmonaires et d’accorder un poids plus important à l’attache aux données dans des zones qui appartiennent indiscutablement à la tumeur. Aussi au lieu d’utiliser un paramètre λ fixé dans la formulation (1.15) nous proposons d’utiliser un λ variant spatialement et déterminé a priori conduisant alors à l’écriture de la fonctionnelle suivante :

$$\min_{\substack{u \in BV_{[0,1]}(\Omega) \\ c_1, c_2}} \int_{\Omega} |\nabla u(\mathbf{x})| d\Omega + \int_{\Omega} \lambda(\mathbf{x}) u(\mathbf{x}) (I_{\text{TDM}}(\mathbf{x}) - c_1)^2 d\Omega + \int_{\Omega} \lambda(\mathbf{x}) (1 - u(\mathbf{x})) (I_{\text{TDM}}(\mathbf{x}) - c_2)^2 d\Omega \quad (2.7)$$

La difficulté consiste alors à déterminer a priori la variation spatiale du paramètre de pondération $\lambda(\mathbf{x})$. Nous proposons d’utiliser les informations de l’image TEP pour la construction de $\lambda(\mathbf{x})$. Pour cela, rappelons tout d’abord quelques propriétés des images TEP au voisinage de tumeurs et en particulier de tumeurs pulmonaires ou thoraciques.

2.2.2.1 Description des images TEP de la zone thoracique

Comme nous l'avons rappelé dans le chapitre 1, la durée d'acquisition d'une image TEP est de l'ordre d'une vingtaine de minutes. Dans la zone thoracique, pendant une telle durée d'examen, le mouvement respiratoire provoque généralement un « flou cinétique » autour des zones à forte fixation dans l'image TEP. En effet, la concentration de traceurs est répartie sur un volume équivalent à toute la zone couverte par la tumeur au cours du mouvement respiratoire. De plus le mouvement respiratoire étant périodique, l'intensité dans l'image TEP au centre des tumeurs est plus importante qu'en périphérie. Dans [Nehmeh et al., 2002] les effets des mouvements respiratoires sur la visualisation des tumeurs dans les images TEP sont mesurés. Il est en particulier montré qu'ils induisent une augmentation du volume apparent des lésions en TEP de 10% à plus de 30% et à une diminution des valeurs de fixations de 5% à plus de 100%. Ces observations sont illustrées sur la figure 2.2 montrant un zoom sur une tumeur et sur un ganglion dans des images TDM sur lesquelles sont superposés des profils d'intensité de l'image TEP selon deux lignes centrales orthogonales ainsi que différentes lignes de niveaux des intensités de l'image TEP. On y voit clairement une intensité maximum des images TEP au centre des lésions et la décroissance du signal TEP en dehors des zones tumorales.

Deux autres études distinctes ([Black et al., 2004] et [Nestle et al., 2005]), ayant pour but de caractériser le SUV dans les images TEP, montrent que le volume tumoral visible sur l'image TDM est toujours supérieur au volume tumoral obtenu par un seuillage de l'image TEP à 60% de l'intensité maximale.

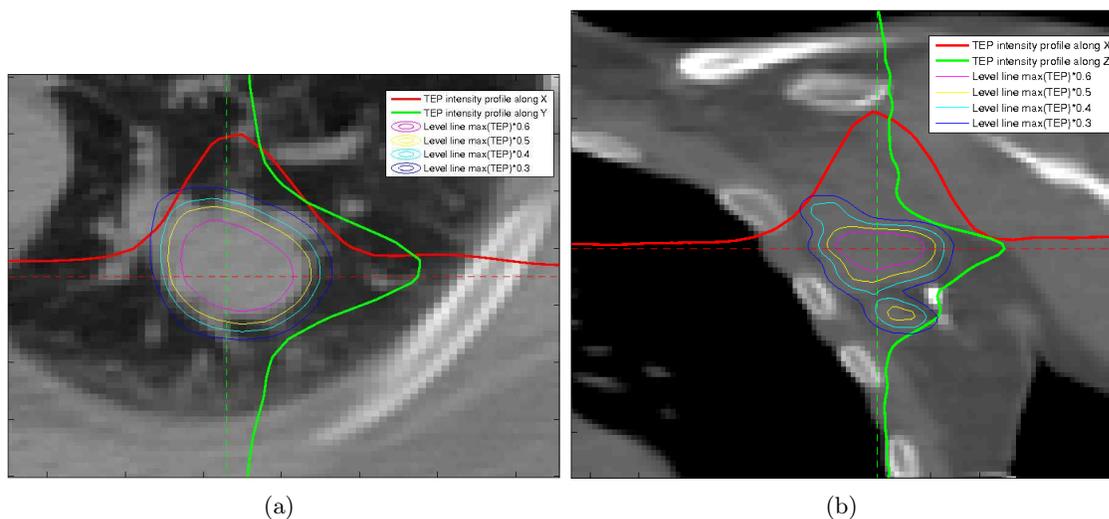


FIG. 2.2 – Profils d'intensités TEP superposés à des images TDM pour : (a) une tumeur pulmonaire et (b) un ganglion lymphatique infecté. Les lignes de niveau de l'intensité de l'image TEP sont tracées pour des valeurs s'échelonnant de $0,6 \times \max(\text{TEP})$ en magenta à $0,3 \times \max(\text{TEP})$ en bleu.

2.2.2.2 Choix du terme de pondération $\lambda(\mathbf{x})$

Le choix d'un terme de pondération entre la régularisation et l'attache aux données variant spatialement et permettant d'assurer une bonne segmentation de tumeurs doit

vérifier les propriétés suivantes :

- (i) *Être maximal dans une zone considérée comme étant au centre de la tumeur.*
- (ii) *Être proche de zéro loin de la tumeur.*

Ces deux premières propriétés sont facilement justifiables. Loin de la tumeur, la segmentation ne doit pas inclure de structures telles que les vaisseaux pulmonaires. Si l'attache aux données est très faible dans cette zone, la régularisation prend le dessus et son effet est de réduire l'aire de la surface segmentée, c'est-à-dire de ne pas prendre en compte des structures n'appartenant pas à la tumeur. Inversement une attache aux données forte dans la zone certainement tumorale assure que le volume segmenté ne se réduit pas à zéro.

- (iii) *Posséder un taux de croissance plus ou moins important en fonction de l'importance de "l'étalement" du signal TEP par rapport aux structures anatomiques révélées sur l'image TDM.*

En effet, le poids de l'attache aux données doit rester relativement fort près des bords de la tumeur pour obtenir une segmentation suffisamment précise et relativement faible plus loin des bords pour ne pas inclure de structures adjacentes.

- (iv) *Être à valeurs dans un intervalle borné qui n'est pas dépendant de l'intervalle de valeurs que peuvent prendre les intensités dans les images TEP.*

En effet, les dynamiques d'intensité en TEP peuvent être très variables (car dépendantes entre autres de la dose injectée, de la taille des tumeurs, de la résolution de l'appareil d'imagerie). Pour construire une procédure de segmentation robuste, le terme de pondération ne doit pas être influencé par des valeurs absolues des intensités TEP mais par des valeurs relatives.

Un ensemble de fonctions respectant bien ces propriétés est la classe des fonctions sigmoïdes. Il s'agit d'une fonction croissante de \mathbb{R} à valeurs dans $[0, K]$, ayant pour expression générale :

$$\lambda(\mathbf{x}) = K \frac{1}{1 + pe^{-sI(\mathbf{x})}} \quad (2.8)$$

où K est la valeur maximale atteinte par la sigmoïde, $a > 0$ est un coefficient relatif à l'abscisse du centre de symétrie de la courbe et s est la pente de la transition de la sigmoïde entre ses valeurs proches de 0 et ses valeurs proches de K , et I est l'intensité des images TEP « normalisées » (les détails relatifs à cette normalisation sont donnés dans le paragraphe suivant).

Le choix des valeurs des paramètres de la fonction sigmoïde s'effectue de la manière suivante :

- K doit être choisi de façon à obtenir un ordre de grandeur comparable entre les termes d'énergie d'attache aux données et de régularisation,
 - p est fixé à 1,
 - s , la pente de la sigmoïde, dépend de la confiance dans les valeurs intermédiaires de de l'image TEP (entre 40% et 60% du maximum). Ce choix se fait en fonction de la « confiance attendue dans les valeurs de transition de la TEP ».
-

A propos du choix de l'influence des paramètres de la sigmoïde Le choix de s correspond à « la confiance que l'on accorde » dans les valeurs de faible intensité de l'image TEP.

La dynamique de l'image TEP initiale est incluse dans l'intervalle $[a, b]$ avec $a = \min(I_{\text{TEP}})$ et $b = \max(I_{\text{TEP}})$. La première étape consiste à décaler cet intervalle de dynamique de sorte que la valeur d'intensité $m = 0,6b$ soit ramenée à zéro. Cela signifie que les valeurs inférieures à 60% de l'intensité maximale de l'image TEP deviennent négatives et sont ramenées à des valeurs proches de 0 à travers la fonction sigmoïde. Le nouvel intervalle de dynamique de l'image TEP est alors $[c, d] = [a - 0,6b, b - 0,6b]$.

Le choix de s s'effectue ensuite tel que l'intensité $0,4b$ (négative dans le nouvel intervalle) soit plus ou moins importante. Soit t le « taux de confiance dans les images TEP » pour une intensité de 40% de l'intensité TEP maximale. Ce taux t est fixé par l'utilisateur. Des plages de valeurs conduisant à de bons résultats sont données dans la suite. On cherche donc s pour que la valeur de la sigmoïde correspondant à $0,4b$ soit égale à tK . C'est-à-dire on cherche s tel que

$$tK = K \frac{1}{1 + \exp(-sx_0)} \quad (2.9)$$

soit

$$s = -\log(1/t - 1) \frac{1}{x_0} \quad (2.10)$$

avec $x_0 = 0,4b - 0,6b$ représentant la valeur des 40% de l'intensité maximale dans l'image TEP replacée dans l'intervalle $[c, d]$.

La figure 2.4 illustre l'influence sur la forme générale de la sigmoïde du choix du paramètre s (équivalent au choix du paramètre t) de pente de la transition entre 0 et K .

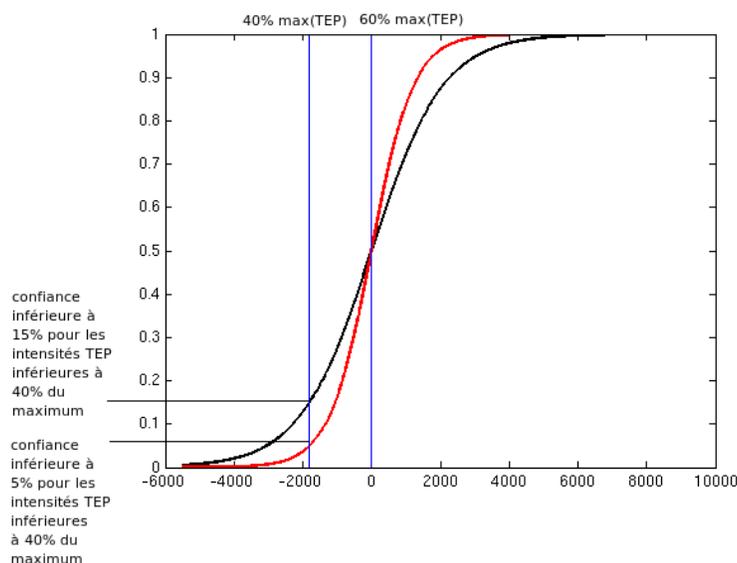


FIG. 2.3 – Illustration du choix des paramètres de la sigmoïde.

Le choix effectif du paramètre t a été réalisé empiriquement à l'aide d'une série de tests. Il s'avère que pour t compris entre 5% et 15% de bons résultats sont généralement

obtenus et sont assez stables. La figure 2.4 illustre ce choix. Pour une tumeur pulmonaire donnée, différentes segmentations ont été réalisées en faisant varier t entre 1 et 30. On voit clairement que pour $t < 10$ la zone de confiance dans l'image TEP est trop restreinte et conduit à une segmentation ne comprenant pas l'intégralité de la tumeur pour l'image TDM. Pour $10 < t < 20$, l'ensemble des segmentations sont convenables et très proches les unes des autres. Enfin pour $t > 30$ la segmentation prend en compte la tumeur mais aussi les structures avoisinantes.

Cette approche de segmentation de l'image TDM guidée par les informations des images TEP a été transférée à la société Dosisoft pour l'incorporer comme un outil de segmentation de tumeurs. Le choix du paramètre t est laissé à l'utilisateur sous forme d'un choix entre trois options (restriction TEP forte, restriction TEP moyenne, et restriction TEP faible) correspondant aux valeurs de t 5%, 15% et 25%.

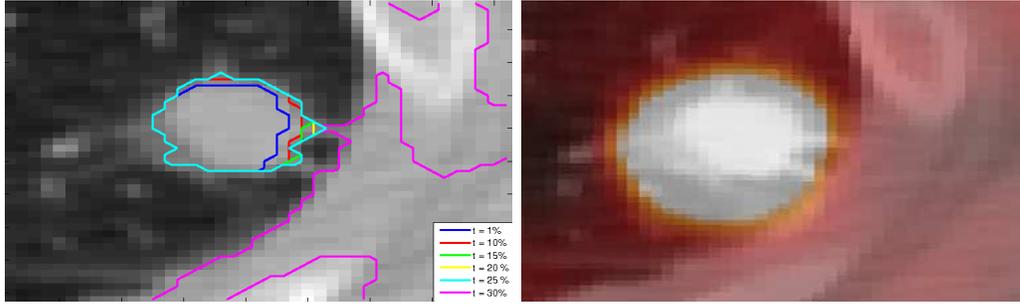


FIG. 2.4 – Évolution du contour d'une tumeur suivant un paramètre s décroissant -i.e. t croissant- et superposition de l'image TDM avec l'image TEP correspondante. Le terme de région est calculé avec des distributions a priori sur le fond et l'objet, sans masque du poumon.

2.2.2.3 Validité de la procédure de minimisation

Nous nous assurons ici que l'introduction du terme de pondération variant spatialement permet toujours d'utiliser les algorithmes de minimisation présentés dans le précédent chapitre.

Minimiser la fonctionnelle

$$\min_{u \in BV_{[0,1]}(\Omega)} \int_{\Omega} |\nabla u(\mathbf{x})| d\Omega + \int_{\Omega} \lambda(\mathbf{x}) u(\mathbf{x}) (I(\mathbf{x}) - c_1)^2 d\Omega + \int_{\Omega} \lambda(\mathbf{x}) (1 - u(\mathbf{x})) (I(\mathbf{x}) - c_2)^2 d\Omega \quad (2.11)$$

est équivalent à minimiser

$$\min_{u \in BV_{[0,1]}(\Omega)} \int_{\Omega} |\nabla u(\mathbf{x})| d\Omega + \int_{\Omega} \lambda(\mathbf{x}) u(\mathbf{x}) (I(\mathbf{x}) - c_1)^2 d\Omega - \int_{\Omega} \lambda(\mathbf{x}) u(\mathbf{x}) (I(\mathbf{x}) - c_2)^2 d\Omega \quad (2.12)$$

car le terme $\lambda(\mathbf{x})(I(\mathbf{x}) - c_2)^2$ est strictement positif et indépendant de u . On peut réécrire la fonctionnelle 2.12 sous la forme standard écrite au chapitre 1 :

$$\min_{u \in BV_{[0,1]}(\Omega)} \int_{\Omega} |\nabla u(\mathbf{x})| d\Omega + \int_{\Omega} u r(\mathbf{x}) d\Omega \quad (2.13)$$

avec $r(\mathbf{x}) = \lambda(\mathbf{x}) ((I(\mathbf{x}) - c_1)^2 - (I(\mathbf{x}) - c_2)^2)$. Comme $\lambda(\mathbf{x})$ est fixé a priori et ne varie pas au cours de la minimisation, son rôle est transparent dans la formulation de $r(\mathbf{x})$ et

les algorithmes de minimisation présentés dans le chapitre précédent peuvent être mis en œuvre à nouveau. Plus généralement on peut choisir $r(\mathbf{x}) = \lambda(\mathbf{x})r_0(\mathbf{x})$, r_0 prenant l'une des expressions présentées dans le tableau 1.1.

2.2.2.4 Initialisation de u

L'initialisation de u joue un rôle relativement important pour réduire le nombre d'itérations nécessaires pour arriver à convergence (plus l'initialisation est proche de la solution cherchée, plus l'algorithme converge vite). L'autre rôle de l'initialisation est de permettre de fixer à l'avance quelle phase du résultat ($u = 0$ ou $u = 1$) correspond à la tumeur ou au fond. A nouveau nous proposons d'utiliser l'image TEP pour cette étape : l'initialisation de u est simplement réalisée en choisissant $u = 1$ si l'intensité de l'image TEP est supérieure à 70% d'un maximum local appartenant à la tumeur et $u = 0$ partout ailleurs dans Ω .

2.3 Choix du terme d'attache aux données

Quelle que soit la méthode de segmentation de tumeur choisie, vectorielle ou pondération par un terme variant spatialement, plusieurs types d'attaches aux données sont possibles. Le choix de l'un d'eux dépend essentiellement des connaissances a priori sur les images à segmenter.

2.3.1 Utilisation de masques de structures anatomiques

Lorsque cela est possible, nous pouvons utiliser des masques de structures anatomiques pour définir le domaine dans lequel nous souhaitons réaliser la segmentation. Par exemple dans le cas d'une tumeur située à l'intérieur de l'un des deux poumons, une segmentation préalable de ce poumon (par exemple par la méthode décrite dans le chapitre 4) permet de restreindre le domaine Ω dans la formulation d'une fonctionnelle de type 1.15 (figure 2.5).

Dans un tel cas de figure, la tumeur à segmenter et le parenchyme pulmonaire sont relativement homogènes en intensité et leurs intensités moyennes respectives sont assez éloignées (environ -500 HU pour le parenchyme pulmonaire et 40 HU pour une tumeur). Aussi, un terme d'attache aux données de type $r(\mathbf{x}) = (I(\mathbf{x}) - c_1)^2 - (I(\mathbf{x}) - c_2)^2$ s'avère suffisant et l'évaluation des paramètres c_1 et c_2 est peu coûteuse.

2.3.2 Utilisation de boîtes englobantes quelconques

Dans certains cas de figure, l'utilisation de masques de structures anatomiques homogènes n'est pas possible. Cela arrive par exemple pour certains lymphomes ou certaines tumeurs pulmonaires très proches des parois des poumons. Nous utilisons alors une boîte englobante contenant la tumeur pour définir le domaine Ω . Si l'intensité de la tumeur reste bien homogène, l'utilisation d'un domaine Ω non contraint par les structures anatomiques conduit souvent à un fond ayant un histogramme avec plusieurs modes. Le modèle d'image en deux régions d'intensités constantes par morceaux n'est alors plus adapté. On préfère utiliser un terme d'attache aux données du type $r(\mathbf{x}) = \log\left(\frac{p_1}{p_2}\right)$ où p_1 et p_2 sont des estimations des fonctions de densité de probabilité de l'intensité des images TDM dans la zone tumorale et dans le fond. Ces estimations sont considérées indépendantes de u et connues à chaque itération. L'estimation des fonctions de densité de probabilité p_i est réalisée à partir des histogrammes à l'aide de techniques de type Parzen (des détails pour l'estimation non-paramétrique de densités de probabilité sont donnés dans le chapitre 4).

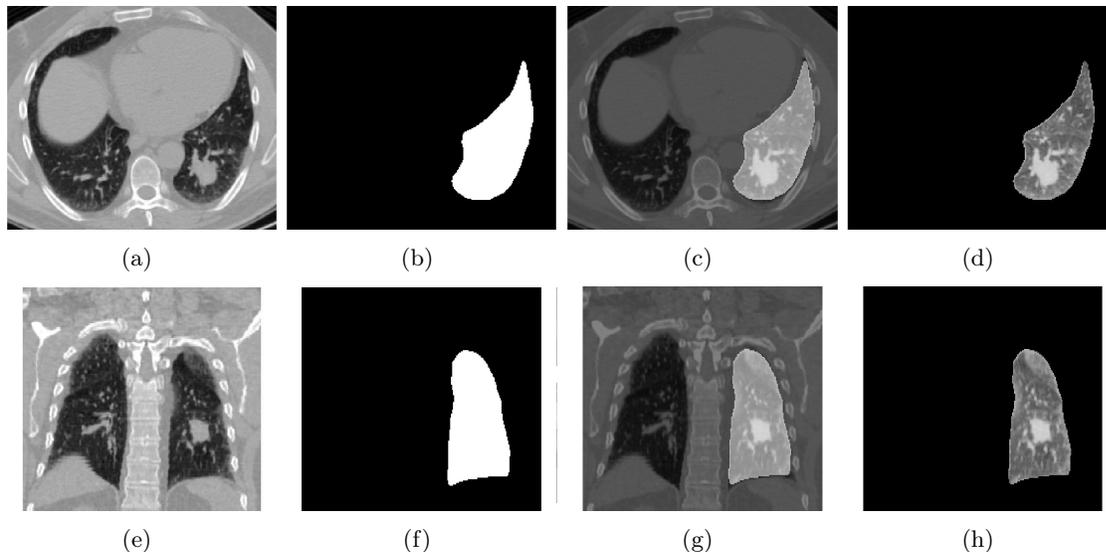


FIG. 2.5 – Application d’un masque pour la segmentation d’une tumeur: (a) et (e) image TDM du thorax avec une tumeur pulmonaire (coupe axiale et coupe coronale), (b) et (f) masque du poumon gauche, (c) et (g) superposition du masque et de l’image TDM, (d) et (h) zone d’intérêt retenue pour la segmentation.

Les densités sont estimées à partir d’une évaluation grossière de la tumeur fournie par un seuillage de l’image TEP. En pratique, dans une région d’intérêt autour de la tumeur, les voxels ayant une intensité dans l’image TEP supérieure à 60% de l’intensité maximum de l’image TEP sont utilisés pour l’estimation de la fonction de densité de probabilité de l’intensité de la zone tumorale dans l’image TDM et ceux ayant une intensité dans l’image TEP inférieure à 40% de l’intensité maximum de l’image TEP sont utilisés pour l’estimation de la fonction de densité de probabilité de l’intensité du fond dans l’image TDM. L’évaluation des densités est illustrée sur la figure 2.6.

La figure 2.7 illustre les différences observées entre deux segmentations : l’une réalisée dans une région d’intérêt correspondant au masque du poumon, l’autre dans une zone d’intérêt quelconque. Pour la première, un terme d’attache aux données modélisant une image constante par morceaux est utilisée, pour l’autre une attache aux données modélisant les distributions du fond et de la tumeur est utilisée. Des résultats comparables sont obtenus.

2.4 Tests et résultats

Nous avons évalué les différentes stratégies de segmentation multimodale sur un cas de lymphome de Hodgkin et cinq cas de tumeurs du poumon. La résolution des images TDM est de $1,17 \times 1,17 \times 1,60 \text{ mm}^3$ et celle des images TEP de $4 \times 4 \times 4 \text{ mm}^3$. Les calculs ont été effectués dans des régions d’intérêt autour des tumeurs. Quelques résultats qualitatifs sont illustrés sur les figures 2.8 and 2.9.

Pour quantifier la qualité des résultats, nous avons comparé nos segmentations automatiques à celles tracées manuellement par un expert médical en calculant les indices de similarité, de sensibilité et de spécificité. Nous avons également calculé des indices de concordance pour situer l’ordre de grandeur de nos résultats avec ceux des études de [Giraud et al., 2002] et [van Baardwijk et al., 2007]. En effet, ces études ont pour but d’évaluer

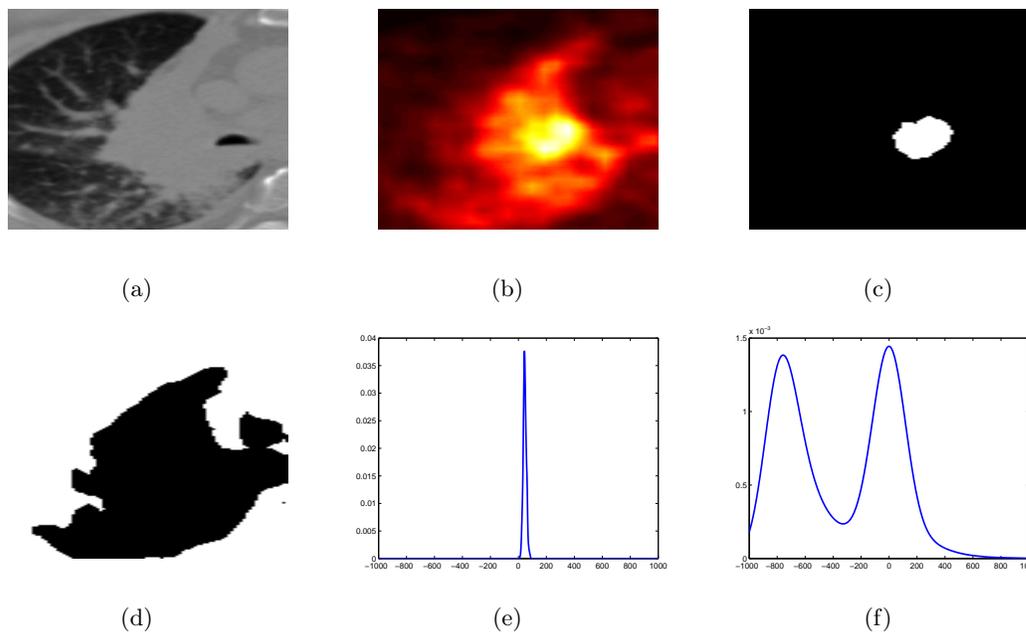


FIG. 2.6 – (a) Une tumeur dans une boîte englobante contenant à la fois du parenchyme pulmonaire et des muscles thoraciques. (b) Image TEP correspondante. (c) Seuillage de l’image TEP haut (échantillon de la tumeur). (d) Seuillage de l’image TEP bas (échantillon du fond). (e) Estimation de la densité de probabilité de la tumeur. (f) Estimation de la densité de probabilité du fond.

la variabilité inter-experts en utilisant des indices de concordance entre les tracés de différents experts pour des tumeurs pulmonaires de différentes tailles et des lymphomes. Aussi cet indice est utile pour réaliser des comparaisons. Dans [Giraud et al., 2002] les tracés des experts sont réalisés simplement à partir d’images TDM et dans [van Baardwijk et al., 2007] ils sont réalisés à partir des deux modalités TEP et TDM. Ils révèlent des variabilités inter-experts conduisant à un indice de concordance moyen de 0,70 pour les tumeurs pulmonaires et de 0,63 pour les lymphomes.

Cela montre qu’une évaluation des résultats par rapport à une segmentation manuelle particulière n’est pas une évaluation par rapport à une vérité terrain standard et que des résultats avec des indices de concordance du même ordre de grandeur que ceux observés dans les tracés inter-experts peuvent être considérés comme satisfaisants.

Rappelons que si l’on note A l’ensemble des voxels segmentés par une méthode automatique, par E ceux segmentés par un expert et par $|E|$ et $|A|$ leurs cardinaux, l’indice de similarité est donné par $\frac{2|E \cap A|}{|E| + |A|}$, l’indice de sensibilité par $\frac{|E \cap A|}{|E|}$, l’indice de spécificité par $\frac{|E \cap A|}{|A|}$ et l’indice de concordance par $\frac{|E \cap A|}{|E \cup A|}$. Ces indices sont reportés dans le tableau 2.1.

Le tableau 2.1 montre une évaluation quantitative pour 5 tumeurs et un ganglion. Les indices permettant d’évaluer les résultats sont calculés entre les segmentations manuelles et les segmentations automatiques. Les lignes notées *vectorel* correspondent à des évaluations avec des résultats de segmentation obtenus par la méthode vectorielle décrite dans la partie 2.2.1 et celles notées *poids var* correspondent aux résultats de segmentation obtenus avec la méthode mettant en jeu un terme de pondération variant spatialement décrite dans la partie 2.2.2. Les résultats obtenus par la méthode de la partie 2.2.2 sont également illustrés sur la

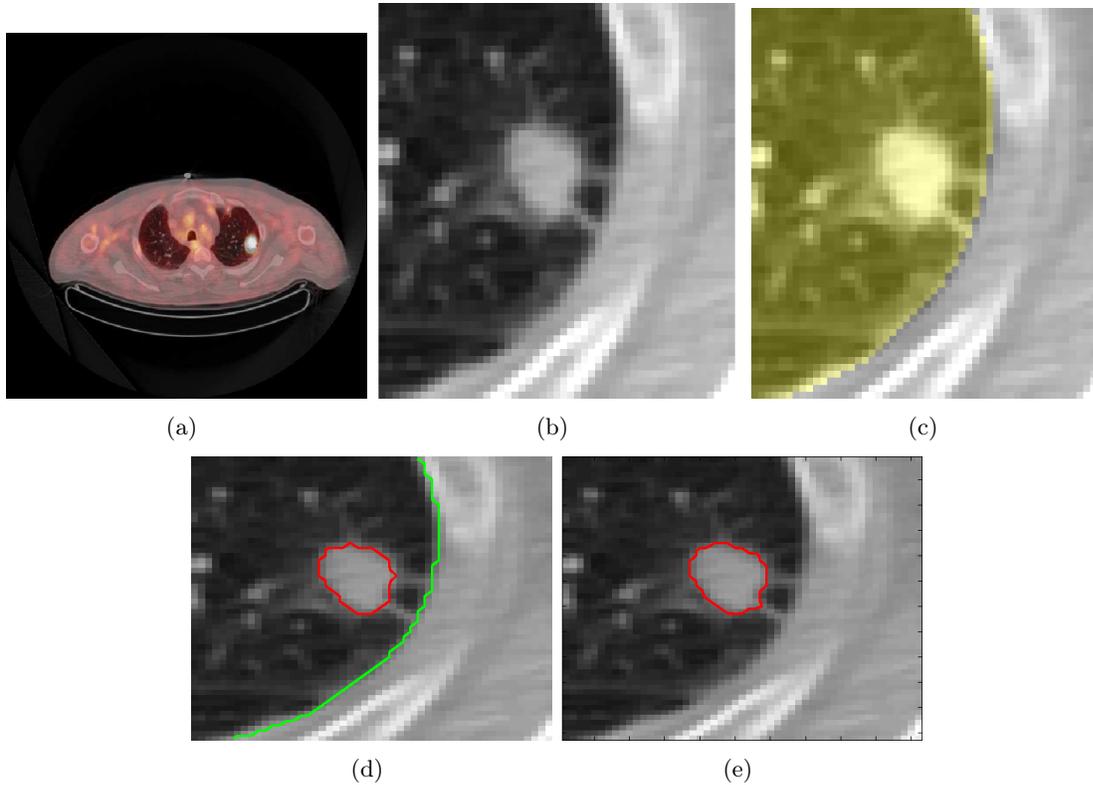


FIG. 2.7 – Segmentation d’une tumeur pulmonaire à l’aide de deux termes d’attache aux données différents. (a) Superposition des images TEP et TDM. (b) Zoom autour de la tumeur dans l’image TDM. (c) Masque du poumon (en jaune). (d) Segmentation de la tumeur en utilisant un terme d’attache aux données du type $r(\mathbf{x}) = \lambda(\mathbf{x})((I - c_1)^2 - (I - c_2)^2)$ dans un masque du poumon (en vert). (e) Segmentation de la tumeur en utilisant un terme d’attache aux données du type $r(\mathbf{x}) = \log\left(\frac{p_1}{p_2}\right)$ dans une boîte englobante quelconque.

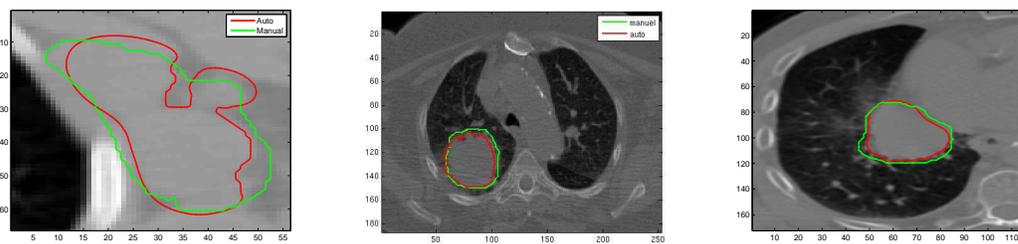


FIG. 2.8 – Résultats de segmentation montrant des segmentations manuelles (en vert) et nos segmentations automatiques (en rouge) sur trois cas pathologiques: (à gauche) lymphome susclaviculaire, (au milieu et à droite) deux tumeurs en contact avec les parois des poumons.

figure 2.14. Le tableau nous montre que des ordres de grandeur satisfaisants sont obtenus pour la méthode utilisant une pondération variant spatialement. La méthode vectorielle est quant à elle plus souvent sujette au problème de moyennage que nous avons décrit dans la partie 2.2.1. A cause de ces problèmes de moyennage les tendances entre les indices de

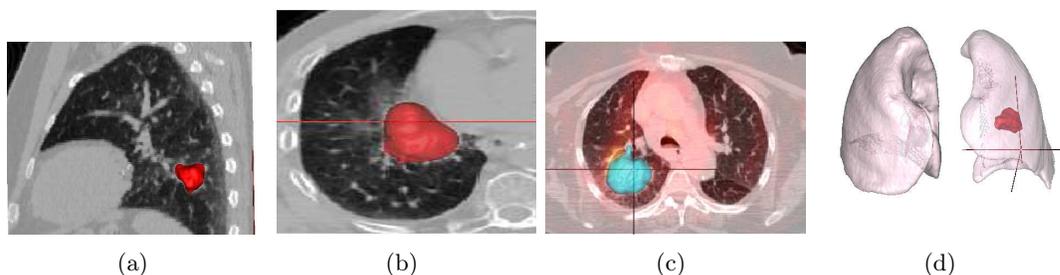


FIG. 2.9 – Vues 3D de résultats de segmentation. (a-b) tumeurs superposées à des coupes orthogonales d’images TDM, (c) tumeur superposée à l’image composée des modalités TEP et TDM, (d) une tumeur et le masque de la segmentation du poumon.

		indice de similarité	indice de sensibilité	indice de spécificité	indice de concordance	Volume en cm ³ auto (manuel)
tumeur 1	vectorel	0,80	0,80	0,81	0,79	101
	poids var	0,85	0,76	0,96	0,74	80,07 (102)
tumeur 2	vectorel	0,65	0,83	0,55	0,50	24
	poids var	0,79	0,68	0,96	0,68	12 (17)
tumeur 3	vectorel	0,01	0,92	0,007	0,009	213
	poids var	0,81	0,78	0,89	0,76	14 (23)
tumeur 4	vectorel	0,2	0,96	0,1	0,1	197
	poids var	0,90	0,86	0,95	0,83	48,90 (37)
tumeur 5	vectorel	0,79	0,83	0,76	0,71	5
	poids var	0,82	0,79	0,84	0,72	3 (4)
lymphome	vectorel	0,68	0,94	0,62	0,58	91
	poids var	0,72	0,60	0,92	0,60	40,31 (78)

TAB. 2.1 – Résultats quantitatifs : comparaison entre une segmentation manuelle d’un expert et une segmentation automatique.

sensibilité et de spécificité s’inversent entre la méthode avec une pondération variable et la méthode vectorielle. En effet, la seconde méthode a tendance à fournir des segmentations trop larges incluant en grande partie les segmentations manuelles. La figure 2.10 illustre le cas de la tumeur 1 où de bons résultats sont obtenus avec les deux méthodes proposées. Cela s’explique par la bonne localisation des zones de forte intensité dans l’image TEP. A l’inverse, la figure 2.11 illustre l’effet de moyennage dans le cas de la tumeur 2 où l’effet de la respiration sur les images TEP est très important. Pour la tumeur 3, les résultats sont très mauvais pour la méthode vectorielle, en effet, pour cette tumeur collée au médiastin, les intensités dans l’image TEP restent assez élevées dans tout le médiastin : le résultat de la segmentation « fuit » alors dans tout le médiastin. Un cas assez similaire se produit pour la tumeur 4. Pour le ganglion, illustré sur la figure 2.12, la segmentation vectorielle fournit un résultat proche de l’image TEP et la méthode en utilisant une pondération variant spatialement semble être plus proche du lymphome.

Pour mieux illustrer le rôle joué par les informations issues de l’image TEP dans le processus de segmentation utilisant une pondération variant spatialement, nous présentons sur la figure 2.4 une image TDM sur laquelle nous avons superposé le contour de la segmentation obtenue et les lignes de niveaux à 40% et à 60% de l’intensité maximale de l’image TEP dans la région de la tumeur. Cette figure montre que la décroissance du terme de pondération a permis de segmenter la tumeur et de la séparer des principaux vaisseaux sanguins situés au dessus d’elle.

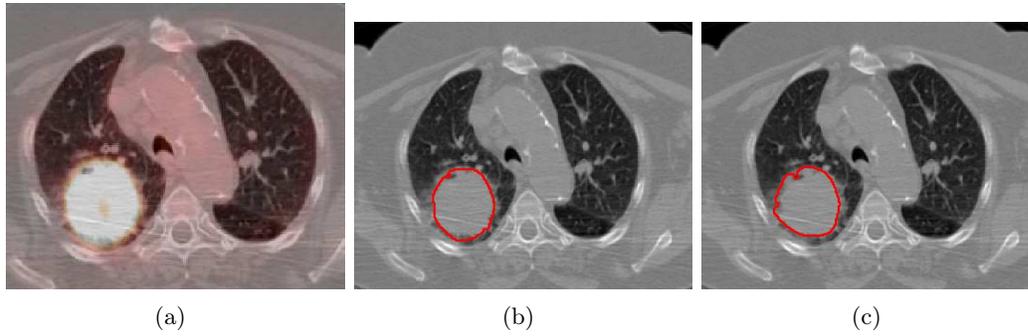


FIG. 2.10 – Résultats de segmentation pour la tumeur 1. (a) Bonne localisation des fortes intensités dans l'image TEP. (b) Résultat de segmentation avec la méthode vectorielle (c) Résultat de segmentation avec la méthode utilisant une pondération variant spatialement.

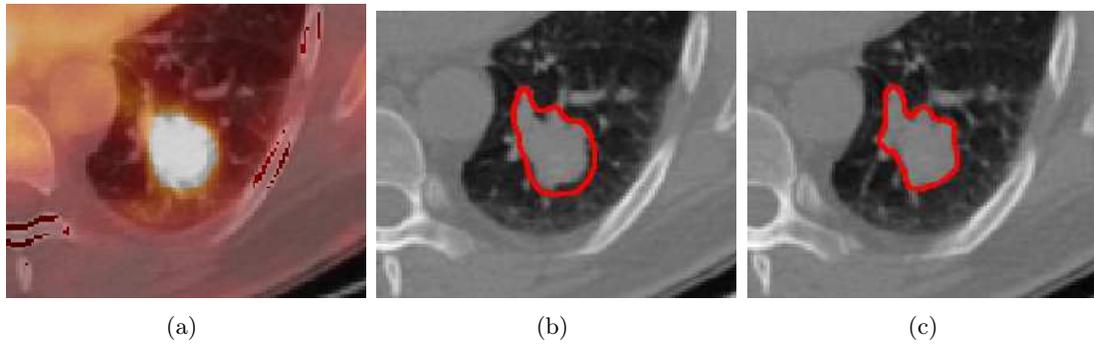


FIG. 2.11 – Résultats de segmentation pour la tumeur 2. (a) « Etallement » des intensités maximales près de la tumeur dans l'image TEP. (b) Résultat de segmentation avec la méthode vectorielle. (c) Résultat de segmentation avec la méthode utilisant une pondération variant spatialement.

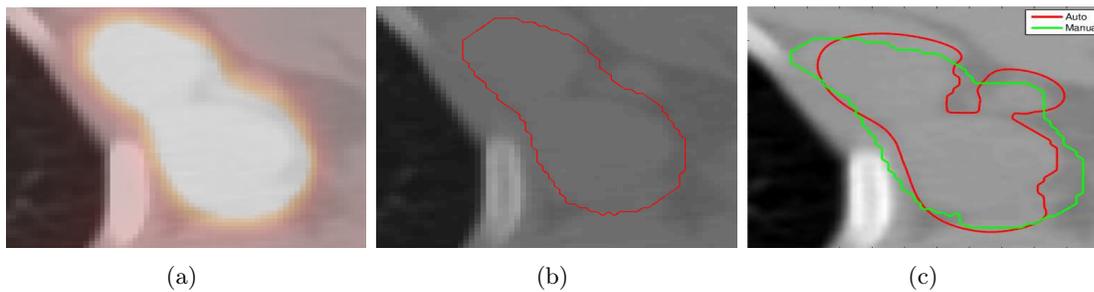


FIG. 2.12 – Résultats de segmentation pour le ganglion. (a) Superposition des images TEP et TDM. (b) Résultat de segmentation avec la méthode vectorielle (c) Résultat de segmentation avec la méthode utilisant une pondération variant spatialement, le contour manuel est également représenté (en vert).

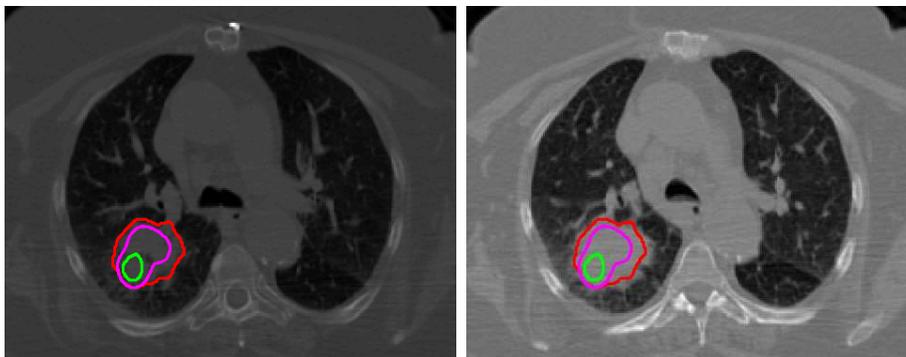


FIG. 2.13 – Deux coupes axiales illustrant la segmentation d’une tumeur (en rouge) en utilisant une pondération variant spatialement. Les contours en vert et en magenta représentent respectivement des seuillages des intensités de l’image TEP à 60% de son intensité maximale et à 40% de son intensité maximale.

2.5 Conclusion

Nous avons proposé deux méthodes de segmentation mettant à profit la bimodalité TEP-TDM. Elles dérivent d’une extension du modèle variationnel 1.15 décrit au chapitre 1.

Dans un premier temps nous avons écrit des algorithmes proches de l’état de l’art en considérant les images TEP-TDM comme des images vectorielles. Cette solution se révèle peut satisfaisante car elle est assez sensible aux décalages qui peuvent exister entre les deux modalités en particulier ceux dus aux mouvements respiratoires.

En s’inspirant des recommandations des médecins radiothérapeutes, nous avons ensuite écrit un algorithme de segmentation des images TDM guidé par la TEP. L’originalité de notre approche réside dans la construction d’un terme de pondération de l’attache aux données variant spatialement et dépendant des intensités TEP. Chaque modalité joue un rôle dans la fonctionnelle qui dépend fortement de ses caractéristiques : l’image TDM, plus précise anatomiquement et sur laquelle on souhaite obtenir un contour de qualité, sert à construire le terme d’attache aux données, l’image TEP sert quant à elle à guider la segmentation en permettant de pondérer l’attache aux données. La pondération est normalisée à l’aide d’une fonction sigmoïde qui permet de tenir compte des imprécisions « d’étalement » de l’image TEP liées au mouvement respiratoires. De bons résultats ont été obtenus avec cette méthode.

L’évaluation quantitative n’a pu être faite que sur un nombre limité de cas et une évaluation plus vaste est bien sûr souhaitable.

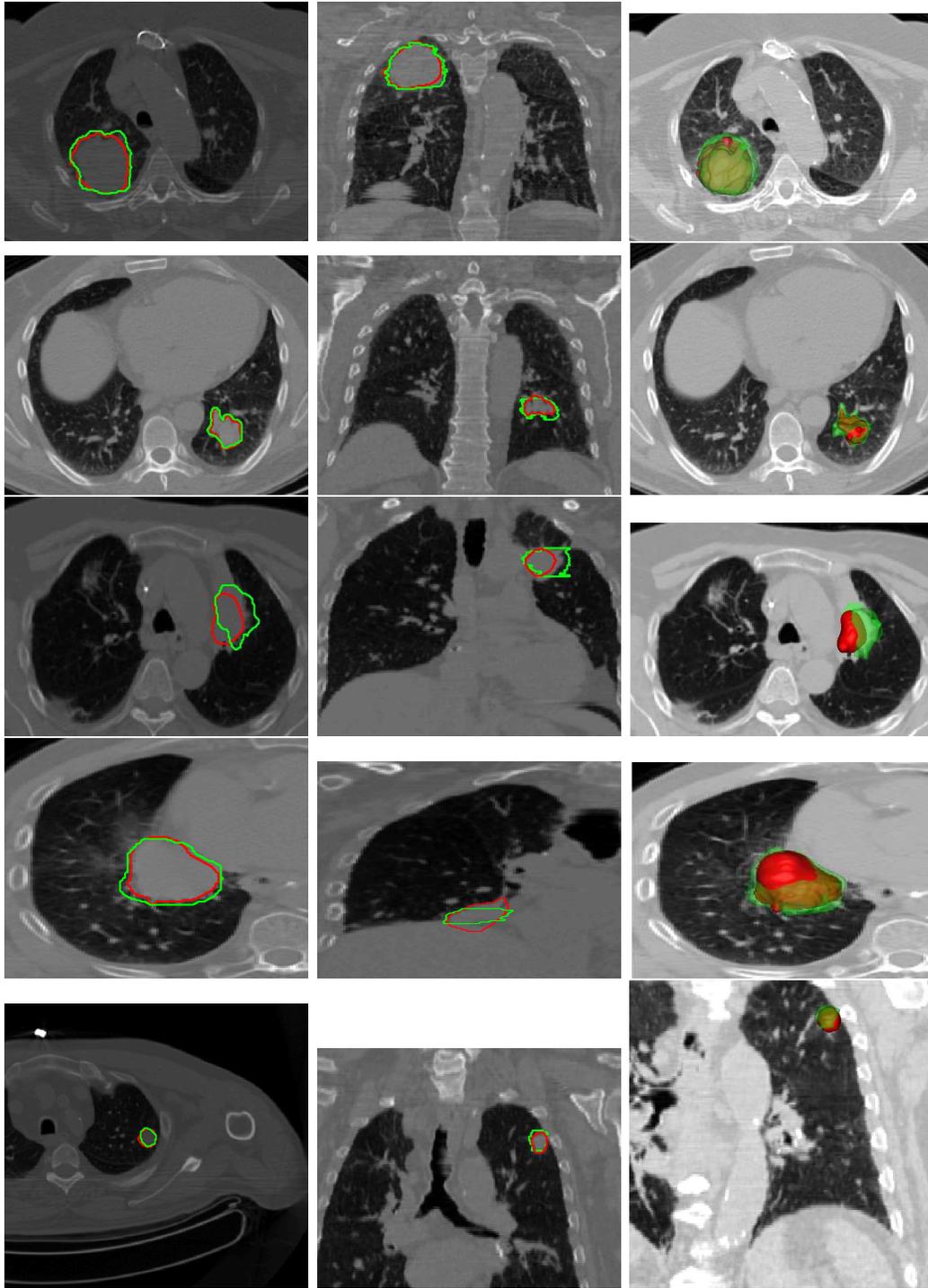


FIG. 2.14 – Comparaisons de résultats entre des segmentations automatiques et des segmentations manuelles. En ligne sont présentés les segmentations des tumeurs 1 à 5 (dans le même ordre que dans le tableau de résultats 2.1). La première colonne représente une vue axiale, la deuxième une vue coronale et la troisième une vue 3D. Sur chacune des images présentée, le contour de la segmentation manuelle est tracé en vert et celui de la segmentation automatique est tracé en rouge.

Chapitre 3

Segmentation et contraintes de forme

Dans le chapitre précédent nous avons présenté une solution pour segmenter des tumeurs dans une image TDM en s'aidant de l'image TEP. Lorsqu'un traitement par radiothérapie est envisagé, la segmentation des tumeurs est indispensable car cela permet de définir la structure « cible », c'est-à-dire celle devant être irradiée. Les structures avoisinantes doivent elles être protégées au maximum des irradiations. En particulier certains organes, dits organes à risque, comme le cœur, doivent impérativement être écartés des irradiations. C'est pourquoi ces organes font également l'objet de segmentations dans les images TDM qui permettent de définir précisément leur limites pour réaliser des plans de radiothérapie les évitant.

Pour un certain nombre d'organes à risque, le contraste et les caractéristiques plus globales d'intensité (comme la moyenne ou la variance) dans les images TDM ne permettent pas de les distinguer facilement de leurs structures avoisinantes. Par exemple, dans les images TDM, les limites entre le cœur, l'aorte et le foie sont souvent très ténues.

C'est pourquoi il apparaît nécessaire d'apporter d'autres connaissances a priori pour guider un algorithme de segmentation automatique. Nous nous sommes tournés vers une stratégie souvent adoptée dans le traitement des images médicales : l'ajout d'informations a priori sur la forme de l'organe à segmenter.

Dans ce chapitre, nous évoquons les stratégies existantes pour inclure de la connaissance sur la forme des objets à segmenter, puis nous présentons une manière compacte de représenter les formes à l'aide de leurs moments de Legendre, ensuite nous proposons une manière d'inclure une contrainte de forme dans la fonctionnelle et nous terminons par des tests pour la segmentation du cœur dans des images TDM du thorax.

3.1 État de l'art

Lorsque la segmentation de structures anatomiques est délicate à réaliser automatiquement par des algorithmes classiques, par exemple à cause du manque de contraste avec les structures avoisinantes, de nombreux travaux proposent d'inclure de la connaissance a priori pour la segmentation. Cette approche est particulièrement bien adaptée à l'imagerie médicale dans la mesure où, au travers d'atlas par exemple, on dispose d'un grand nombre d'informations a priori sur la forme des organes et leur positionnement les uns par rapport aux autres.

Les méthodes utilisant le plus d'informations a priori à la fois de formes et de relations spatiales sont les méthodes par recalage avec un atlas (comme par exemple [Commowick

et al., 2005]). Cependant elles sont très difficiles à mettre en œuvre. En effet, d’une part, le problème du recalage sur atlas en lui-même reste très difficile, en particulier pour des tissus mous nécessitant un recalage non rigide, et d’autre part la constitution d’un atlas est délicate. En effet, elle demande la construction d’un modèle d’un individu « moyen » difficile à bien définir. Enfin les approches par recalage d’atlas atteignent leurs limites en présence de pathologies qui, évidemment, ne sont pas présentes dans l’atlas.

Nous distinguons ensuite deux catégories d’approches utilisant des informations a priori : celles se focalisant sur le positionnement relatif des organes et celles se focalisant sur la forme des organes.

Parmi les approches privilégiant les informations sur la localisation des organes, les travaux de [Nempont et al., 2008] proposent d’utiliser les relations spatiales entre les structures anatomiques du cerveau pour la segmentation des ventricules ou des noyaux caudés. Toujours pour la segmentation du cerveau, cette approche est également privilégiée par [Khotanlou et al., 2009]. Pour les images du thorax, les travaux de [Moreno, 2007] proposent d’utiliser la relation “entre” appliquée aux poumons pour délimiter une zone d’intérêt pour la segmentation du cœur, de bons résultats ont été obtenus mais cette méthode manque de robustesse.

Les approches privilégiant les informations de forme sont nombreuses. Deux questions se posent pour utiliser ces informations : comment représenter une forme et comment les comparer, c’est-à-dire évaluer des écarts entre des formes (pour pouvoir ensuite les minimiser). Pour la représentation des formes une approche proposée dans [Staib et Duncan, 1992] consiste à représenter un contour (en 2D) ou une surface (en 3D) à l’aide de ses n premiers coefficients dans la décomposition elliptique de Fourier (il s’agit d’une projection « tronquée » dans une base de fonctions sinus et cosinus). Comme il s’agit d’une base orthonormale, cette représentation est compacte.

D’autres travaux, initiés par [Leventon et al., 2000; Leventon, 2000], proposent de représenter les formes implicitement à l’aide d’une fonction distance signée. L’intérêt de cette représentation est qu’elle permet l’apprentissage. Néanmoins cette représentation présente une certaine redondance, et surtout oblige systématiquement à une étape d’alignement des formes. D’autres approches reposent sur la projection de la forme dans une base adaptée. C’est par exemple le cas des travaux de [Gerig et al., 2001] où la forme est donnée via sa projection sur les harmoniques sphériques. Cette approche est intéressante car elle garantit une invariance par rotation. Elle est cependant limitée aux objets à topologie sphérique. La représentation d’une forme par sa projection dans la base des polynômes de Legendre proposée par les auteurs de [Teague, 1980] pour la description de la forme est reprise par [Poupon et al., 1998] pour comparer des formes et par [Foulonneau et al., 2006] dans un cadre de segmentation par contour actif puis par [Lecellier et al., 2008b] dans une formulation très proche. Cette représentation est également compacte car les polynômes de Legendre forment une base orthogonale. De plus, comme nous le détaillerons dans la partie 3.2, la projection d’une forme dans une base formée par les polynômes de Legendre peut être rendue invariante par translation et changement d’échelle (et également aux transformations affines [Foulonneau et al., 2006]).

L’incorporation de la forme ou de la représentation de la forme dans la fonctionnelle à minimiser est réalisée selon les auteurs de différentes manières. Dans [Staib et Duncan, 1992], le contour est représenté explicitement et un terme spécifique à la contrainte de forme est ajouté. Dans [Leventon, 2000], la contrainte de forme n’est pas incluse directement dans la fonctionnelle (de type contours actifs géodésiques), mais dans l’algorithme de minimisation. D’autres travaux, comme [Tsai et al., 2003; Bresson et al., 2003; Gastaud

et al., 2004], proposent différentes stratégies pour inclure la représentation par distance signée de [Leventon, 2000] dans la fonctionnelle et proposent des solutions pour contourner les problèmes d’alignement des formes. Dans les travaux de [Foulonneau et al., 2006] et de [Lecellier et al., 2008b] la contrainte de forme est incluse dans la fonctionnelle en y ajoutant la différence en norme 2 des moments de Legendre d’une forme de référence de la forme en cours de segmentation. Notons également que cette approche par écart entre les moments d’une forme de référence et d’une forme en cours de segmentation a aussi été utilisée par [Rose et al., 2009] dans un cadre de segmentation par croissance de régions sous contrainte de forme.

Plusieurs aspects doivent être pris en compte pour l’ajout d’une information de forme dans le cadre de la segmentation des organes à risque. Tout d’abord la description doit pouvoir tenir compte de la variation naturelle de taille des organes entre les différents patients. C’est pourquoi une description directement invariante par translation et changement d’échelle est souhaitable, elle permet d’éviter une étape supplémentaire d’alignement entre la forme de référence et la structure à segmenter. De plus, la description doit être suffisamment précise pour permettre une segmentation ressemblant suffisamment à la forme de référence mais pas trop « contraignante » à cause des variations anatomiques naturelles entre les patients. C’est pourquoi nous nous sommes penchés vers la description de forme à l’aide des moments de Legendre.

3.2 Description d’une forme par ses moments

Comme nous l’avons évoqué dans l’état de l’art, la description d’une forme par ses moments de Legendre présente de nombreux avantages : invariance possible par translation et changement d’échelle et représentation plus ou moins fine de la forme en fonction du nombre de moments choisis pour la représenter. Dans cette section nous décrivons l’expression des moments de Legendre, quelques unes de leur propriétés et un algorithme rapide pour leur calcul.

3.2.1 Les moments géométriques

Comme cela a été montré dans l’article fondateur de [Teague, 1980] une image, ou plus particulièrement une forme, peut être représentée par ses moments (c’est-à-dire par les coefficients de la projection de sa fonction caractéristique dans une base). Les moments dit « géométriques », pour une forme en dimension 3, sont donnés par :

$$M_{p,q,r} = \int_{\Omega} x^p y^q z^r I(x, y, z) dx dy dz \quad (3.1)$$

Ainsi, si I est la fonction caractéristique d’une forme, le moment à l’ordre 0, $M_{0,0,0} = \int_{\Omega} I(x, y, z) dx dy dz$, est son volume, et les moments à l’ordre 1, $M_{1,0,0}$, $M_{0,1,0}$, $M_{0,0,1}$, représentent les coordonnées de son centre d’inertie. Hormis l’interprétation « physique » des premiers moments géométriques, cette représentation est limitée en particulier parce que la base formée par les monômes x^k , $k \in \mathbb{N}$, n’est pas orthogonale.

3.2.2 Les moments de Legendre

Les moments de Legendre sont la projection sur la base des polynômes de Legendre d’une forme donnée.

3.2.2.1 Polynômes de Legendre : définitions et propriétés

Les polynômes sont une suite de polynômes orthogonaux $(P_n)_{n \in \mathbb{N}}$ solutions de l'équation différentielle

$$\begin{cases} \frac{d}{dx} \left((1-x^2) \frac{dP_n(x)}{dx} \right) + n(n+1)P_n(x) = 0, \\ P_n(1) = 1. \end{cases} \quad (3.2)$$

Ils peuvent s'exprimer sous forme différentielle :

$$P_n(x) = \frac{1}{n!2^n} \frac{d^n}{dx^n} ((x^2-1)^n), \quad (3.3)$$

où sous forme de somme :

$$P_n(x) = \frac{1}{2^n} \sum_{k=0}^n (C_n^k)^2 (x-1)^{n-k} (x+1)^k \quad (3.4)$$

D'un point de vue pratique, le calcul des coefficients des polynômes de Legendre est réalisé par la formule de récurrence suivante :

$$(n+1)P_{n+1}(x) = (2n+1)xP_n(x) - nP_{n-1}(x), \quad (3.5)$$

avec $P_0(x) = 1$ et $P_1(x) = x$. L'ensemble de ces écritures et la justification de la formule de récurrence peuvent être retrouvés par exemple dans [Guilpin, 1999]. Les polynômes de Legendre aux ordres 1 à 5 sont illustrés sur la figure 3.1.

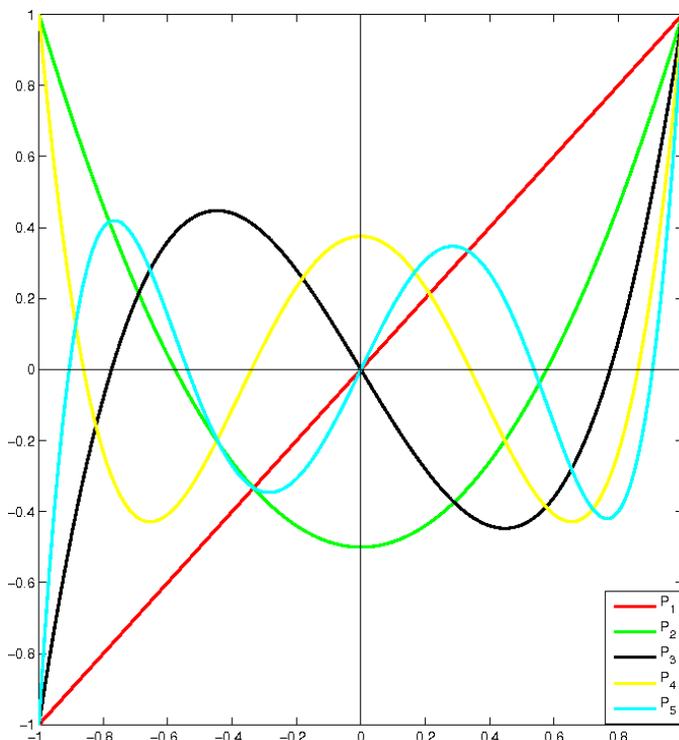


FIG. 3.1 – Graphe des polynômes de Legendre aux ordre 1 à 5.

Propriété d'orthogonalité Elle s'écrit :

$$\begin{cases} \int_{-1}^1 P_m(x)P_n(x) dx = 0 \text{ si } m \neq n \\ \int_{-1}^1 P_m(x)P_m(x) dx = \frac{2}{2m+1} \text{ sinon} \end{cases} \quad (3.6)$$

Normalisation La propriété d'orthogonalité conduit à l'écriture immédiate des polynômes de Legendre normalisés \tilde{P}_n :

$$\tilde{P}_n(x) = \frac{2n+1}{2} P_n(x) \quad (3.7)$$

3.2.2.2 Calcul des moments de Legendre

Les moments de Legendre d'une fonction f (de \mathbb{R}^3 dans \mathbb{R}) se calculent comme la projection sur la base des polynômes de Legendre. Aussi en dimension 3, on a :

$$L_{p,q,r} = \frac{(2p+1)(2q+1)(2r+1)}{8} \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 f(x,y,z) P_p(x) P_q(y) P_r(z) dx dy dz. \quad (3.8)$$

La reconstruction de la forme à partir de ses coefficient $L_{p,q,r}$ dans la base des polynômes de Legendre est donnée par :

$$f(x,y,z) = \sum_{p=0}^{\infty} \sum_{q=0}^{\infty} \sum_{r=0}^{\infty} L_{p,q,r} P_p(x) P_q(y) P_r(z) \quad (3.9)$$

En pratique, l'approximation à l'ordre P de la reconstruction est donnée par

$$\hat{f}(x,y,z) = \sum_{p=0}^P \sum_{q=0}^{p-1} \sum_{r=0}^{q-1} L_{p,q,r} P_p(x) P_q(y) P_r(z) \quad (3.10)$$

Interprétation des moments de Legendre aux premiers ordres De manière générale, comme tout polynôme, un polynôme de Legendre peut s'exprimer sous la forme d'une somme pondérée de monômes de degrés croissants :

$$P_n(x) = \sum_{i=0}^n a_i x^i \quad (3.11)$$

Sous cette forme, les moments de Legendre d'une fonction ou image I peuvent être réécrits en fonction des moments géométriques de la manière suivante :

$$L_{p,q,r} = \frac{(2p+1)(2q+1)(2r+1)}{8} \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 P_p(x) P_q(y) P_r(z) I(x,y,z) dx dy dz \quad (3.12)$$

$$= \frac{(2p+1)(2q+1)(2r+1)}{8} \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 \sum_{i=0}^p a_i x^i \sum_{j=0}^q b_j y^j \sum_{k=0}^r c_k z^k I(x,y,z) dx dy dz \quad (3.13)$$

$$= \frac{(2p+1)(2q+1)(2r+1)}{8} \sum_{i=0}^p \sum_{j=0}^q \sum_{k=0}^r a_i b_j c_k \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 x^i y^j z^k dx dy dz \quad (3.14)$$

$$= \frac{(2p+1)(2q+1)(2r+1)}{8} \sum_{i=0}^p \sum_{j=0}^q \sum_{k=0}^r a_i b_j c_k M_{i,j,k} \quad (3.15)$$

où les a_i , b_j , c_k sont les coefficients des polynômes de Legendre. Cette relation entre les moments de Legendre et les moments géométriques permet de retrouver les propriétés des moments géométriques aux ordres 0 et 1.

Moments de Legendre centrés : invariance par rapport aux translations Les moments de Legendre invariants par translation sont donnés par :

$$L_{p,q,r}^c = \frac{(2p+1)(2q+1)(2r+1)}{8} \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 I(x,y,z) P_p(x-x_0) P_q(y-y_0) P_r(z-z_0) dx dy dz \quad (3.16)$$

avec $x_0 = L_{1,0,0}$, $y_0 = L_{0,1,0}$ et $z_0 = L_{0,0,1}$ les coordonnées du centre de gravité de la forme étudiée.

Moments de Legendre réduits : invariance par rapport aux changements d'échelle

$$L_{p,q,r}^r = \frac{(2p+1)(2q+1)(2r+1)}{8} \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 I(x,y,z) P_p\left(\frac{x}{\mathcal{A}}\right) P_q\left(\frac{y}{\mathcal{A}}\right) P_r\left(\frac{z}{\mathcal{A}}\right) dx dy dz \quad (3.17)$$

où $\mathcal{A} = L_{0,0,0}$ est l'aire de la forme.

Il est possible également de calculer les moments de Legendre centrés réduits de la manière suivante:

$$L_{p,q,r}^{rc} = \frac{(2p+1)(2q+1)(2r+1)}{8} \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 I(x,y,z) P_p\left(\frac{x-x_0}{\mathcal{A}}\right) P_q\left(\frac{y-y_0}{\mathcal{A}}\right) P_r\left(\frac{z-z_0}{\mathcal{A}}\right) dx dy dz \quad (3.18)$$

Algorithme rapide pour le calcul des moments de Legendre La manière la plus naïve pour calculer les moments de Legendre d'une image I est de faire correspondre son ensemble de définition Ω au cube unité $[-1, 1] \times [-1, 1] \times [-1, 1]$ et de discrétiser le calcul des intégrales de l'équation (3.8) à l'aide d'une somme de la manière suivante :

$$L_{p,q,r} = \frac{(2p+1)(2q+1)(2r+1)}{8} \sum_{i=1}^{N_x} \sum_{j=1}^{N_y} \sum_{k=1}^{N_z} I(i,j,k) P_p(x_i) P_q(y_j) P_r(z_k) dx dy dz \quad (3.19)$$

où N_x , N_y et N_z représentent la taille de l'image I , $dx = \frac{2}{N_x}$, $dy = \frac{2}{N_y}$ et $dz = \frac{2}{N_z}$ représentent un élément de surface de la taille d'un voxel ramené dans le cube $[-1, 1]^3$ et $x_i = -1 + (i - \frac{1}{2})N_x$, $y_j = -1 + (j - \frac{1}{2})N_y$ et $z_k = -1 + (k - \frac{1}{2})N_z$ sont les coordonnées du centre des voxels pour lesquels les polynômes de Legendres sont évalués.

En utilisant une telle méthode, une erreur systématique est commise en considérant les polynômes de Legendre constants par morceaux sur chaque pixel. La complexité du calcul est élevée : le temps de calcul pour de grandes images ou à des ordres importants est conséquent. De nombreux travaux comme ceux de [Yap et Paramesran, 2005] proposent des algorithmes précis pour le calcul des moments de Legendre, d'autres comme ceux de [Pawlak et Liao, 1992] proposent des approximations pour réaliser plus rapidement les calculs.

Récemment, l'auteur de [Hosny, 2007, 2010] a proposé d'utiliser la relation de récurrence suivante (équation 3.20) pour le calcul de la primitive des polynômes de Legendre pour proposer une méthode rapide et précise de calcul des moments :

$$\int P_p(x) = \frac{P_{p+1}(x) - P_{p-1}(x)}{2p+1} \quad (3.20)$$

En définissant les coordonnées des bords des voxels comme :

$$\begin{aligned} U_i &= x_i - \frac{dx}{2} & U_{i+1} &= x_i + \frac{dx}{2} \\ V_j &= y_j - \frac{dy}{2} & V_{j+1} &= y_j + \frac{dy}{2} \\ W_k &= z_k - \frac{dz}{2} & W_{k+1} &= z_k + \frac{dz}{2} \end{aligned} \quad (3.21)$$

Comme la valeur de I est constante sur chaque intervalle $[U_i, U_{i+1}] \times [V_j, V_{j+1}] \times [W_k, W_{k+1}]$, on peut donc réécrire la définition des moments de Legendre (équation 3.8) de la manière suivante :

$$L_{p,q,r} = \frac{(2p+1)(2q+1)(2r+1)}{8} \sum_{i=1}^{N_x} \sum_{j=1}^{N_y} \sum_{k=1}^{N_z} I(i, j, k) \int_{U_i}^{U_{i+1}} P_p(x) dx \int_{V_j}^{V_{j+1}} P_q(y) dy \int_{W_k}^{W_{k+1}} P_r(z) dz. \quad (3.22)$$

En utilisant la primitive (3.20), on a :

$$\int_{U_i}^{U_{i+1}} P_p(x) dx = \frac{1}{p+1} [(U_{i+1} P_p(U_{i+1}) - P_{p-1}(U_{i+1})) - (U_i P_p(U_i) - P_{p-1}(U_i))] \quad (3.23)$$

et des expressions similaires pour les intégrales de P_q et P_r . On peut réécrire

$$L_{p,q,r} = \sum_{i=1}^{N_x} \sum_{j=1}^{N_y} \sum_{k=1}^{N_z} I(i, j, k) I_p(x_i) I_q(y_j) I_r(z_k) \quad (3.24)$$

avec

$$I_p(x_i) = \frac{2p+1}{2p+2} [(U_{i+1} P_p(U_{i+1}) - P_{p-1}(U_{i+1})) - (U_i P_p(U_i) - P_{p-1}(U_i))] \quad (3.25)$$

$$I_q(y_j) = \frac{2q+1}{2q+2} [(V_{j+1} P_q(V_{j+1}) - P_{q-1}(V_{j+1})) - (V_j P_q(V_j) - P_{q-1}(V_j))] \quad (3.26)$$

$$I_r(z_k) = \frac{2r+1}{2r+2} [(W_{k+1} P_r(W_{k+1}) - P_{r-1}(W_{k+1})) - (W_k P_r(W_k) - P_{r-1}(W_k))] \quad (3.27)$$

Les noyaux I_p , I_q et I_r obtenus ne dépendent que de la taille de l'image (ils peuvent donc être calculés une seule fois pour un ensemble d'images de même taille). De plus, moyennant un coût de mémoire un peu plus important, la complexité des moments de Legendre peut être simplifiée en transformant la triple somme imbriquée en trois sommes successives.

De même, ce procédé de décomposition en sommes successives peut être utilisé pour calculer la reconstruction d'une image à partir de ses moments.

La figure 3.2 illustre un exemple de reconstruction d'un masque de cœur en 3D à partir de sa préalable décomposition dans la base des polynômes de Legendre. On peut voir que la précision de la reconstruction augmente avec l'ordre choisi. Ce masque de cœur provient d'un atlas du thorax TDM en cours de réalisation par la société Dosisoft. Il s'agit d'une segmentation manuelle par un expert d'un exemple de cœur. Utiliser les moments de Legendre à des faibles ordres, permet caractériser globalement la forme sans prendre trop en compte les variabilités anatomiques naturelles.

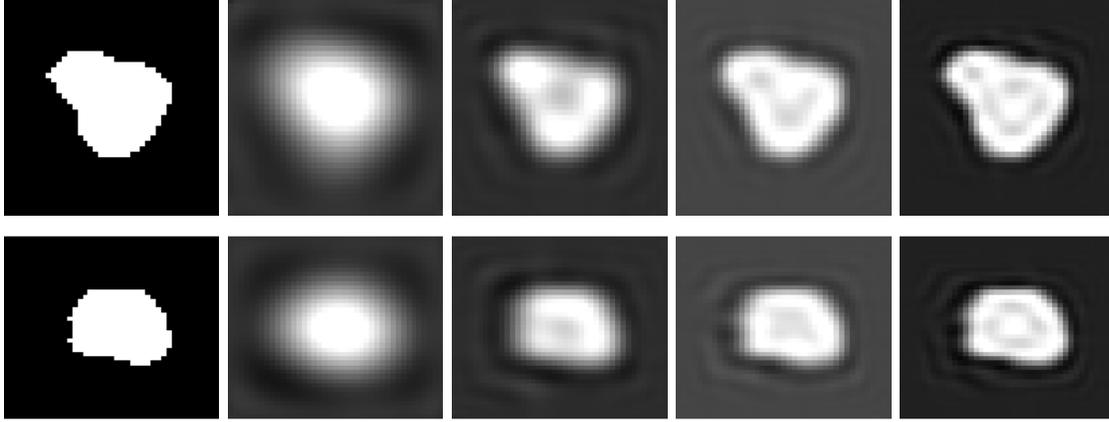


FIG. 3.2 – Une image de masque de cœur et sa reconstruction aux ordres 10, 20, 30 et 40. La première ligne représente une coupe dans la vue axiale et la seconde une coupe dans la vue coronale.

3.3 Introduction des moments de Legendre dans la fonctionnelle

Nous souhaitons introduire une contrainte sur la forme à segmenter dans une fonctionnelle du type (1.15). Nous détaillons dans cette partie l'approche utilisée.

Pour contraindre la segmentation à être ressemblante à une forme donnée, nous proposons d'ajouter la norme L_2 de la différence entre les moments d'une forme de référence et ceux de la segmentation recherchée à la fonctionnelle (1.15) :

$$\arg \min_{u \in \text{BV}_{[0,1]}([-1,1]^3)} \int_{\Omega} |\nabla u| d\Omega + \lambda \int_{\Omega} r(\mathbf{x})u d\Omega + \tau \|L^{\text{ref}} - L^{\text{cur}}\|^2 \quad (3.28)$$

où L^{ref} sont les moments à un ordre donné d'une forme de référence, L^{cur} sont les moments, au même ordre, de la segmentation recherchée et λ et τ des constantes de pondération.

La fonctionnelle 3.28 peut être réécrite plus explicitement de la manière suivante :

$$\arg \min_{u \in \text{BV}_{[0,1]}([-1,1]^3)} \int_{\Omega} |\nabla u| d\Omega + \lambda \int_{\Omega} r(\mathbf{x})u d\Omega + \tau \sum_i \left(\int_{[-1,1]^3} P_p(x)P_q(y)P_r(z)I_{\text{ref}} dx dy dz - \int_{[-1,1]^3} P_p(x)P_q(y)P_r(z)\tilde{u} dx dy dz \right)^2 \quad (3.29)$$

où \tilde{u} est la segmentation recherchée exprimée dans le domaine $[-1, 1]^3$, I_{ref} est le masque binaire d'une forme de référence et i est une combinaison des ordres p, q, r pour la construction du vecteur de moments. Pour simplifier les calculs et la minimisation, on ramène Ω au domaine $[-1, 1]^3$ et on a alors la fonctionnelle suivante :

$$\arg \min_{u \in \text{BV}_{[0,1]}([-1,1]^3)} \int_{[-1,1]^3} |\nabla u| dx dy dz + \lambda \int_{[-1,1]^3} r(\mathbf{x})u dx dy dz + \tau \sum_i \left(\int_{[-1,1]^3} P_p(x)P_q(y)P_r(z)I_{\text{ref}} dx dy dz - \int_{[-1,1]^3} P_p(x)P_q(y)P_r(z)u dx dy dz \right)^2 \quad (3.30)$$

Cette formulation est différente de celle [Foulonneau et al., 2006] au sens où le domaine d'intégration est fixe (le cube unité $[-1, 1]^3$).

La minimisation alors est effectuée par descente de gradient alternée entre évolution et centrage de la forme. La contrainte $u \in \text{BV}_{[0,1]}([-1, 1]^3)$ est prise en compte de la même manière que dans [Bresson et al., 2007].

3.4 Discrimination de formes

Nous nous intéressons à présent au pouvoir discriminant des moments de Legendre en tant que descripteurs de forme. Nous souhaitons répondre à la question suivante : deux formes visuellement considérées comme différentes ont elles des moments de Legendre très différents et à quels ordres ? Inversement deux formes considérées visuellement comme proches ont elles des moments de Legendre proches ?

En vue de notre application, la segmentation d'organes à risque pour la radiothérapie tels le cœur, nous nous intéressons aux quatre classes suivantes : cœur seul, cœur et aorte, cœur et foie, cœur et aorte et foie.

Écart en norme 2 entre les vecteurs des différents types de forme.

Pour souligner les différences entre les moments de Legendre entre différentes catégories de formes, nous commençons par calculer l'erreur en norme 2 entre les vecteurs de moments des différentes formes. Concrètement cela revient à calculer :

$$\|\lambda_{\text{forme}_1} - \lambda_{\text{forme}_2}\|_2^2,$$

où λ_{forme_i} est un vecteur contenant les moments de Legendre d'une forme à différents ordres. Il est construit de la manière suivante :

$$\begin{pmatrix} L_{0,0,0} \\ L_{0,0,1} \\ L_{0,0,2} \\ \vdots \\ L_{p,q,r} \end{pmatrix}$$

Le tableau 3.1 donne les résultats des différences en norme 2 des vecteurs de moments de Legendre (pour un nombre fini de moments) des différentes catégories de formes décrites précédemment.

ref vs \ ordre	moyenne		min		max	
	5	15	5	15	5	15
autres masques de cœurs	0.17	1.21	0.13	1.09	0.26	1.52
masques de cœur et de foie	0.56	2.40	0.52	2.26	0.58	2.56
masques de cœur et d'aorte	0.61	2.38	0.44	2.13	0.69	2.50
masques de cœur et d'aorte et de foie	0.53	2.38	0.45	2.19	0.62	2.60

TAB. 3.1 – Norme ℓ_2 des différences entre les vecteurs de moments de Legendre entre un masque de cœur de référence et 13 masques d'autres cœurs, 4 masques de cœur et d'aorte, 4 masques de cœur et de foie, 4 masques de cœur, d'aorte et de foie.

Cet exemple confirme bien que quel que soit l'ordre utilisé, les différences anatomiques normales entre différents masques de cœurs conduisent à des différences plus faibles entre les moments que celles entre des cœurs et des cœurs avec les structures avoisinantes.

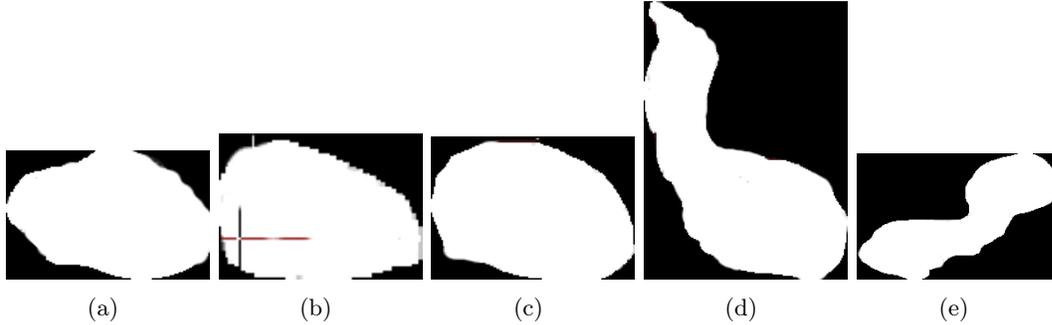


FIG. 3.3 – Exemples de masques de : (a) cœur de référence, (b-c) deux autres cœurs, (d) cœur et aorte, (e) cœur et foie.

En suivant la démarche adoptée par Poupon et al. [1998], nous proposons de réaliser une analyse en composantes principales des classes de formes décrites précédemment et caractérisées par leurs moments de Legendre. Pour cela nous construisons la matrice de données (3.31) comprenant pour chacune de ses lignes une observation, c'est-à-dire une segmentation d'une structure anatomique, et pour chacune de ses colonnes, les valeurs des moments de Legendre.

$$\begin{matrix}
 & \lambda_1 & \lambda_2 & \cdots & \lambda_p \\
 \begin{matrix} S_1 \\ S_2 \\ \vdots \\ S_n \end{matrix} & \begin{bmatrix} \lambda_1(S_1) & \lambda_2(S_1) & \cdots & \lambda_p(S_1) \\ \lambda_1(S_2) & \ddots & & \vdots \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ \lambda_1(S_n) & \cdots & \cdots & \lambda_p(S_n) \end{bmatrix} & &
 \end{matrix} \quad (3.31)$$

L'analyse en composantes principales fait apparaître que les trois premiers modes propres représentent 90% de la variance. De plus la projection des moments sur le plan des deux premiers modes (figure 3.4) montre qu'ils permettent de bien différencier les différentes formes en jeu. En effet, les masques de cœurs seuls sont regroupés dans le plan des deux premiers modes et nettement séparés des autres formes (cœur et aorte, cœur et foie).

3.5 Tests et résultats

3.5.1 Segmentation du cœur : définition d'une région d'intérêt et initialisation

A partir d'une segmentation préalable des poumons (obtenue par exemple avec la méthode décrite dans le chapitre 4), nous construisons une région d'intérêt autour du cœur. Elle consiste en une boîte englobante des poumons allongée à sa base. Une élongation de 1/3 de la boîte englobante initiale permet de contenir le cœur dans tous les exemples que nous avons traités. La figure 3.5 illustre la construction de cette boîte.

La région d'intérêt finale dans laquelle nous cherchons à effectuer la segmentation du cœur est constituée de cette boîte englobante de laquelle nous retirons les régions des poumons

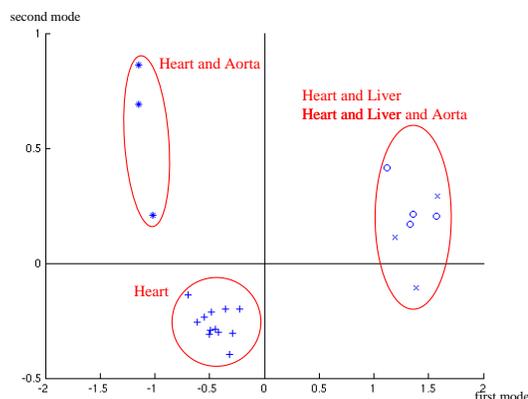


FIG. 3.4 – Analyse en composantes principales sur les moments de Legendre. Projection des résultats sur les deux premiers axes principaux. Les points représentés par des “+” correspondent aux masques de cœurs, ceux représentés par des “o” correspondent aux masques de cœurs et foies ensemble, ceux représentés par des “*” correspondent aux masques de cœurs et aortes ensemble et ceux représentés par des “x” correspondent aux masques des cœurs, foies et aortes ensemble.

et de la trachée. Nous retirons également de la zone de recherche les tissus localisés à droite du poumon droit et ceux à gauche du poumon gauche.

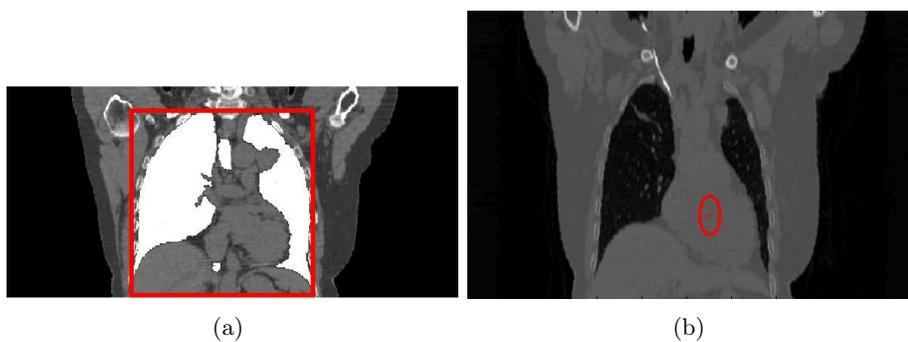


FIG. 3.5 – Initialisation de la fonction u pour la segmentation du cœur. (a) Définition de la région d’intérêt du cœur. (b) Exemple d’initialisation (représenté par la sphère rouge).

L’initialisation de u pour la segmentation du cœur est réalisée semi automatiquement. Un point C approximativement au centre du cœur est donné par l’utilisateur. Une sphère centrée en C et de diamètre 4cm est choisie pour initialiser $u(\mathbf{x})$ à 1 (région considérée comme appartenant au cœur). Pour le reste de la région d’intérêt, nous affectons 0 à $u(\mathbf{x})$.

Dans les tests que nous avons effectués, nous avons fixé l’ordre de calcul des moments à 10 et nous avons utilisés un terme de compétitions de régions du type de [Paragios et Deriche, 2000]

	similarité	sensibilité	spécificité
Cœur 1	0.82 (0.77)	0.96 (0.96)	0.74 (0.64)
Cœur 2	0.81 (0.70)	0.89 (0.90)	0.78 (0.58)
Cœur 3	0.80 (0.75)	0.94 (0.78)	0.70 (0.72)
Cœur 4	0.84 (0.74)	0.76 (0.62)	0.97 (0.92)
Cœur 5	0.77 (0.84)	0.81 (0.83)	0.72 (0.84)
Cœur 6	0.81 (0.80)	0.93 (0.91)	0.71 (0.71)
Cœur 7	0.78 (0.71)	0.84 (0.88)	0.73 (0.60)
Cœur 8	0.80 (0.67)	0.92 (0.71)	0.80 (0.62)
Cœur 9	0.75 (0.64)	0.83 (0.60)	0.73 (0.70)

TAB. 3.2 – Résultats quantitatifs: comparaisons entre les segmentations automatiques et les segmentations manuelles. Les indices donnés entre parenthèses indiquent les résultats obtenus par [Moreno et al., 2008].

3.5.2 Tests pour la segmentation du cœur

Après une segmentation préalable des poumons et de la trachée, nous avons testé notre algorithme de segmentation par contrainte de forme sur 9 images CT pour lesquelles nous possédions des segmentations manuelles réalisées par des médecins. Pour évaluer la qualité des résultats, nous avons calculé les indices de similarité, sensibilité et spécificité. Nous avons également comparé nos résultats avec ceux réalisés dans les travaux de [Moreno, 2007]. Dans [Moreno, 2007], le cœur est également segmenté dans des images TDM. La méthode proposée consiste à définir sous la forme d’une fonction d’appartenance la possibilité pour le cœur d’appartenir à certaines régions de l’image. Cette fonction d’appartenance est calculée en fonction de la position relative du cœur vis-à-vis des autres organes. En particulier la modélisation de la relation « entre », initialement proposée par [Bloch et al., 2006], est utilisée en définissant le cœur comme étant entre les poumons. La fonction d’appartenance combinée avec une diffusion du gradient de l’image à segmenter permet de construire un « potentiel » guidant la segmentation du cœur par un contour actif.

L’ensemble de nos résultats sont consignés dans le tableau 3.2.

Les résultats obtenus sont globalement meilleurs que ceux de [Moreno, 2007]. Les différences de résultats entre les deux méthodes sont illustrées sur les figures 3.6(b) et 3.7. A l’exception du cas du cœur 4 (figure 3.7 colonne du milieu), l’indice de spécificité est généralement plus grand que celui de sensibilité. Cela signifie que notre algorithme de segmentation automatique a tendance à fournir des tracés de contours plus étendus que ceux réalisés manuellement. En particulier, dans plusieurs cas, une partie de l’aorte est comprise dans la délimitation du cœur trouvée automatiquement. Ce cas de figure est illustré à la figure 3.6(a). Néanmoins, pour des applications en radiothérapie où le cœur est considéré comme un organe à risque, ces résultats sont satisfaisants, puisqu’il vaut mieux une région un peu trop grande qu’un peu trop petite (même si nos segmentations ne recouvrent jamais entièrement les segmentations manuelles).

Le dernier cas présenté dans la figure 3.7 permet de souligner l’intérêt d’ajouter des informations de forme dans le modèle de segmentation pour compenser le manque d’informations sur les niveaux de gris.

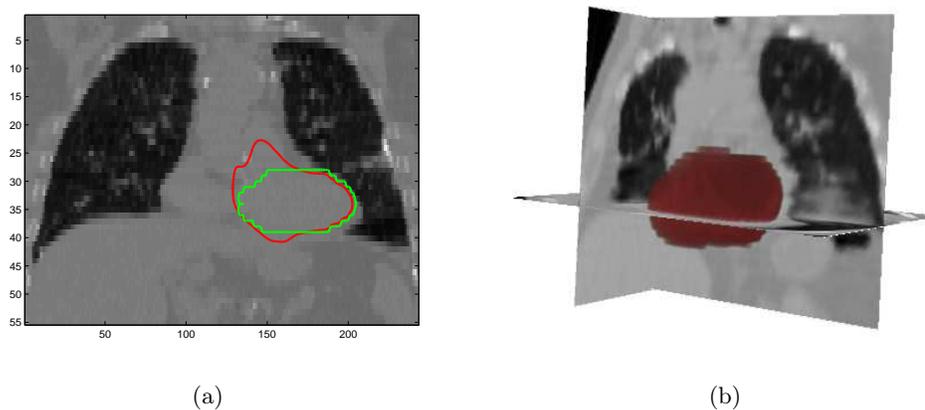


FIG. 3.6 – (a) Segmentation automatique (en rouge) incluant une partie de l’aorte. (une segmentation manuelle du cœur apparaît (en vert)). (b) Une vue 3D de la segmentation du cœur.

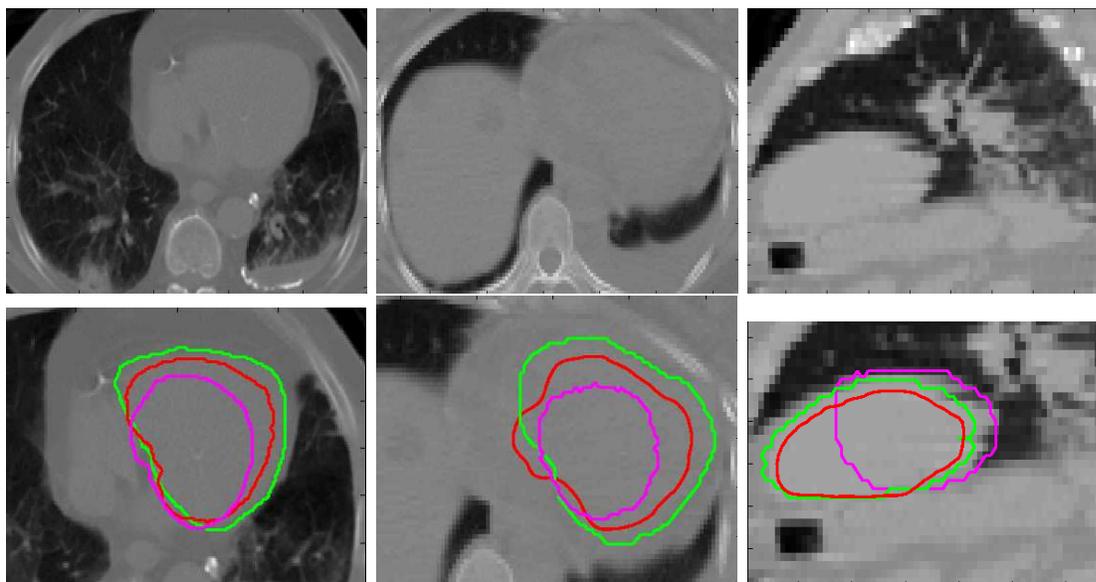


FIG. 3.7 – Exemples de résultats de segmentation. Première ligne : image originale, seconde ligne : contours des segmentations (vert: segmentation manuelle, magenta : segmentation par la méthode de [Moreno, 2007], rouge : notre méthode avec contrainte de forme).

3.5.3 Application à d’autres organes : segmentation de l’aorte

Nous avons également testé la méthode de segmentation avec contrainte de forme pour segmenter l’aorte. Peu de tests ont été réalisés pour ce cas. La région d’intérêt préalablement construite pour le cœur pour la définition de la zone de recherche Ω est à nouveau utilisée. Un exemple de résultat obtenu est illustré sur la figure 3.8

L’évaluation de la qualité des résultats est très difficile pour l’aorte. En particulier au niveau de la jonction de l’aorte et du cœur. La figure 3.9 montre un exemple de résultat de segmentation dans la zone de la jonction avec le cœur.

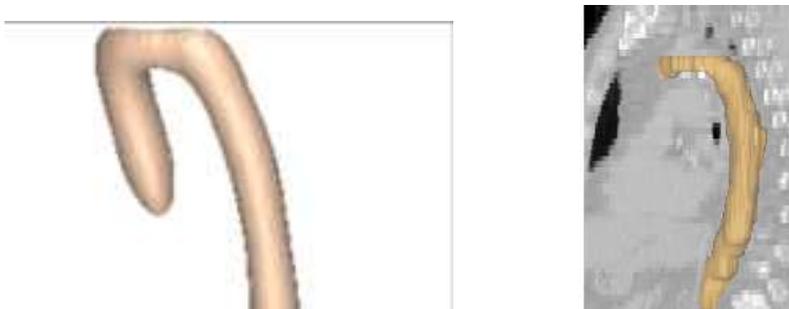


FIG. 3.8 – Forme de référence de l’aorte et un exemple de segmentation obtenue.

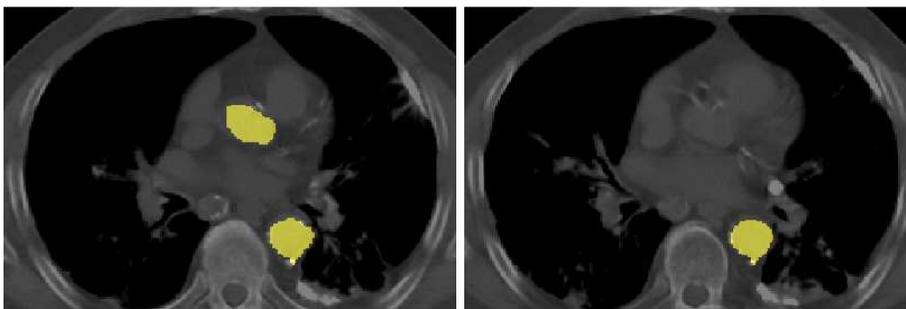


FIG. 3.9 – Segmentation de l’aorte près du cœur (deux coupes axiales successives) : la limite d’une bonne segmentation n’est pas claire.

3.6 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons ajouté une contrainte de forme pour la segmentation des organes à risques pour pallier le manque d’informations des images (mauvais contrastes et statistiques de régions peu discriminantes). Pour cela, nous avons ajouté dans la fonctionnelle un terme traduisant l’écart entre les moments de Legendre d’une forme de référence et de la forme en cours de segmentation. L’utilisation des moments de Legendre permet, par construction, d’obtenir une invariance par translation et changement d’échelle. De plus, avec cette représentation, les variations anatomiques naturelles peuvent être tolérées en se limitant à un nombre relativement restreint de coefficients de Legendre. Le calcul des moments de Legendre, en 3D, est rapidement effectué grâce aux algorithmes de [Hosny, 2007]. Néanmoins la formulation que nous avons choisie n’est pas adaptée pour utiliser les algorithmes de minimisation rapide décrits au chapitre 1. Nous nous sommes tournés vers une minimisation plus classique par descente de gradient, plus lente. La recherche d’une meilleure formulation permettant à la fois de contraindre la forme à segmenter et de réaliser un algorithme rapide de segmentation serait une piste intéressante à explorer. En effet, hormis la minimisation coûteuse, les résultats présentés dans ce chapitre montrent l’intérêt pour la segmentation d’organes à risque d’utiliser des informations a priori sur la forme à segmenter.

Chapitre 4

Représentation du thorax et procédure hiérarchique de segmentation

Comme nous l'avons brièvement évoqué dans les chapitres précédents, les segmentations, que ce soit de tumeurs, de lymphomes ou d'organes à risque, sont souvent facilitées lorsque le domaine de recherche Ω est limité. Par exemple segmenter une tumeur dans un domaine restreint à l'un des deux poumons est plus facile et plus rapide que de la segmenter dans une image de thorax complet. Cette démarche visant à réduire le domaine de travail Ω en sélectionnant des zones d'intérêt particulières est fréquemment utilisée.

En imagerie médicale, elle a été en particulier systématisée dans [Fasquel et al., 2006]. Les auteurs proposent de segmenter différents organes, comme l'estomac, le foie et d'éventuelles tumeurs hépatiques en construisant un arbre d'inclusion représentant l'anatomie. Chaque nœud de l'arbre représente un organe ou une structure anatomique incluant d'autres structures représentées par ses nœuds fils. Ainsi le nœud représentant le foie peut avoir des fils représentant des tumeurs hépatiques. L'intérêt de ces travaux est de pouvoir utiliser des connaissances a priori anatomiques fortes d'inclusion, représentées synthétiquement par un arbre, pour faciliter les segmentations en ne travaillant que sur des zones d'intérêt limitées, sémantiquement interprétables, et en adaptant les traitements numériques des images aux différentes zones sur lesquelles on travaille.

Plus généralement, cette idée d'arbre d'inclusion construit séquentiellement pour réaliser des zones d'intérêt est aussi un point clé de [Ni et al., 2009]. Une image quelconque est segmentée en deux phases en utilisant les modèles de [Bresson et al., 2007]. Les deux phases obtenues sont considérées comme deux nouvelles régions d'intérêt dans lesquelles de nouvelles segmentations en deux régions sont effectuées. Le processus est répété dans chaque sous-région jusqu'à ce qu'il n'y ait plus de sous-segmentations possibles. Cette approche est plus générale que celle de [Fasquel et al., 2006] dans le sens où aucun a priori sur les images n'est requis, mais elle est moins adaptée dans le cadre de l'imagerie médicale lorsque des informations a priori fortes sont disponibles.

Les auteurs de [Camara et al., 2004] adoptent une stratégie différente pour approcher le même objectif : réduire les zones d'intérêt. Dans ces travaux, des organes thoraciques et abdominaux (les poumons, le foie, les reins) sont segmentés. Les régions de recherche sont construites à l'aide de relations spatiales floues. Par exemple la zone de recherche des reins est définie « sous » les poumons.

Dans ce chapitre nous proposons également une approche hiérarchique et séquentielle pour la segmentation des organes du thorax (ensemble du corps, squelette, poumons, vaisseaux pulmonaires). Comme dans [Fasquel et al., 2006] nous construisons un arbre d'inclusion de structures anatomiques itérativement. En plus d'utiliser des connaissances a priori anatomiques pour la construction de l'arbre et des zones d'intérêt, nous utilisons des connaissances a priori sur l'intensité des images TDM à chaque étape de segmentation. En effet, comme nous l'avons souligné dans le chapitre 1, les images TDM sont calibrées : les informations de niveaux de gris (exprimées en HU) sont stables d'un examen à l'autre et peuvent être utilisées. Le choix des niveaux de l'arbre est réalisé à partir d'observations sur les histogrammes des distributions d'intensité des différents organes du thorax.

4.1 Distributions d'intensité dans les images TDM

Les images TDM sont calibrées, leur dynamique s'étend de l'intensité -1000 HU pour l'air (c'est-à-dire le fond de l'image) à des intensités pouvant être supérieures à plus de 1000 HU, pour les os denses. Les détails des plages d'intensités typiques pour les différents types de tissus sont décrits dans le chapitre 1. Dans cette partie nous nous intéressons tout d'abord à hiérarchiser l'anatomie du thorax en fonction des histogrammes de ses différents constituants. Ensuite nous décrirons une méthode pour évaluer les fonctions de densité de probabilité des structures retenues. Enfin nous montrerons que le parcours d'un arbre de modélisation anatomique hiérarchique nous permet de réaliser itérativement les segmentations des différents organes du thorax en sélectionnant des zones d'intérêt réduites et en utilisant des termes d'attache aux données spécifiques.

4.1.1 Analyse des histogrammes de structures thoraciques dans des images TDM

L'exploitation d'images TDM segmentées manuellement (destinées à la constitution d'un atlas du thorax) nous a permis de réaliser des histogrammes du thorax, de ses organes et de leurs différentes combinaisons.

L'histogramme d'une image de thorax est illustré sur la figure 4.1(a). Il présente un mode proche de -1000 HU correspondant essentiellement au fond (l'histogramme du fond seul est représenté figure 4.1(b)) et d'autres modes (moins élevés) représentant le corps dans l'image (son histogramme est présenté figure 4.1(c)).

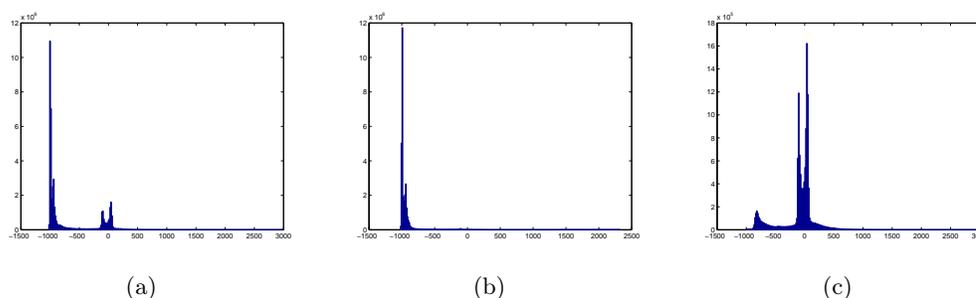


FIG. 4.1 – Histogramme d'une image TDM du thorax. (a) Histogramme de l'image entière. (b) Histogramme du fond seul. (c) Histogramme du corps seul.

L'histogramme du corps présente deux zones plus importantes, une entre -800 et -600

HU correspondant aux intensités plus foncées des voies aériennes (voir l'histogramme des voies aériennes figure 4.2(a)), l'autre autour de 0 HU représentant le reste des tissus du corps (figure 4.2(b)).

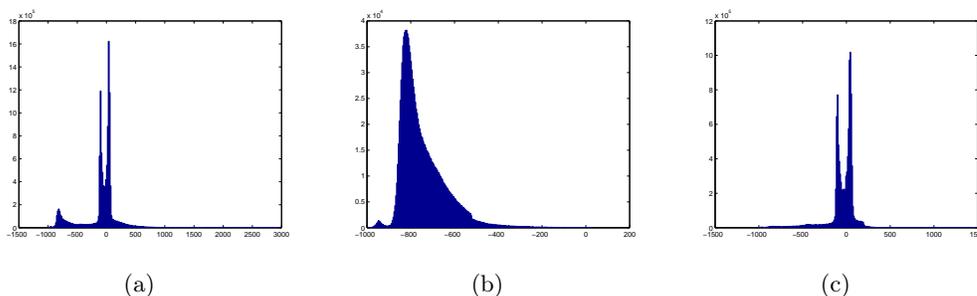


FIG. 4.2 – Histogrammes dans une image TDM du corps dans la zone du thorax. (a) Zone du thorax complète. (b) Voies aériennes. (c) Autres tissus.

De même l'histogramme des voies aériennes peut être décomposé en deux parties : une plus foncée correspondant à la trachée (figure 4.3(b)) et une plus claire correspondant aux poumons (figure 4.3(c)).

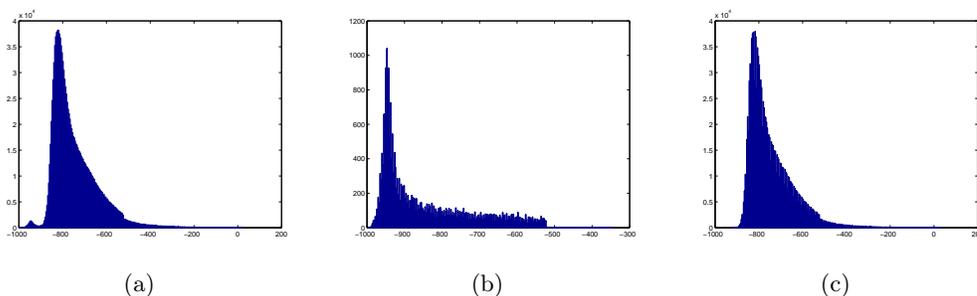


FIG. 4.3 – Histogrammes des voies aériennes dans une image TDM. (a) Voies aériennes complètes. (b) Trachée. (c) Poumons.

L'histogramme des tissus non aériens du thorax (figure 4.1(c)) est la résultante de l'histogramme du squelette, des autres tissus mous (muscles et graisses) (figure 4.4) et celui des poumons, du parenchyme et des vaisseaux pulmonaires.

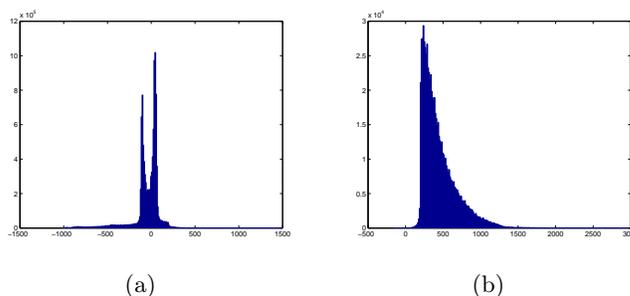


FIG. 4.4 – Histogrammes des voies non aériennes. (a) Ensemble des tissus mous. (b) Squelette.

L'observation de ces histogrammes montre que, pour utiliser une méthode de segmen-

tation variationnelle de type compétition de régions comme celle décrite au chapitre 1, avec une fonctionnelle de la forme (1.15), selon les structures que l'on veut séparer, on est parfois amené à mettre en compétition des régions qui ont des distributions d'intensité avec plusieurs modes. Par exemple pour séparer le corps du fond, il faut mettre en compétition le fond et le corps possédant une distribution avec trois modes vraiment distincts. Il apparaît alors adapté de choisir un terme d'attache aux données de type $r(\mathbf{x}) = \log(p_{\text{corps}}(I(\mathbf{x}))) - \log(p_{\text{fond}}(I(\mathbf{x})))$. Cela nécessite de connaître une expression des fonctions de densité de probabilité p des différentes structures.

Le partie suivante rappelle les principales familles de méthodes pour l'estimation de fonctions de densité de probabilité et détaille celle retenue.

4.1.2 Estimation de densités de probabilité d'intensité d'images

Connaissant un échantillon de réalisations x d'une variable aléatoire X (par exemple les intensités dans une image), estimer la densité de probabilité sous-jacente est un problème courant faisant l'objet d'une littérature abondante. Dans cette partie, nous rappelons brièvement les principales méthodes utilisées pour résoudre ce problème en traitement d'images et nous détaillons la méthode retenue.

Méthodes paramétriques: Selon le type de phénomènes observés par les réalisations de la variable aléatoire X , il est parfois possible de modéliser a priori le type de famille de loi selon laquelle elle se comporte. Ainsi, le problème se pose alors d'estimer les paramètres de cette loi. Cela est classiquement réalisé en maximisant la vraisemblance. En imagerie médicale, il est souvent illusoire de modéliser la distribution des intensités par une seule loi usuelle connue (de type loi normale ou exponentielle) en particulier parce que les histogrammes sont souvent multi-modaux. Une approche fréquente est de supposer que les distributions sont la réalisation d'un mélange de lois, le plus fréquemment des mélanges de gaussiennes. En effet, en considérant un grand nombre de gaussiennes, on peut approcher assez finement toute densité de probabilité [Bishop, 1995]. Des algorithmes de type E-M (expectation maximisation) permettent d'estimer les vecteurs de paramètres [Dempster et al., 1977]. De telles approches ont par exemple été utilisées pour la réalisation d'un atlas probabiliste pour la segmentation d'organes abdominaux dans des images TDM non contrastées dans [Park et al., 2003].

Méthodes non-paramétriques: L'estimation non paramétrique de densité de probabilité est également possible sans a priori sur les lois sous-jacentes. En traitement d'images, les méthodes de type Parzen [Rosenblatt, 1956; Parzen, 1962], également appelées méthodes d'estimation à noyaux, sont couramment utilisées. Elles consistent à estimer la densité de probabilité en tout point t en pondérant par une fonction noyau continue « en cloche » la fréquence des apparitions des réalisations de la variable aléatoire x_i autour de t .

L'estimation de la densité de probabilité est alors donnée par :

$$\hat{p}(t) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n K_h(t - x_i) \quad (4.1)$$

où K_h est une fonction noyau de largeur h et n le nombre de réalisations de la variable aléatoire X . Le choix le plus courant de K_h est la gaussienne :

$$K_h(x) = \frac{1}{h\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{x^2}{2h^2}\right) \quad (4.2)$$

Le choix de la forme du noyau importe peu. En revanche le choix du paramètre h définissant la largeur du support est assez crucial. En effet ce paramètre contrôle le « lissage » de l'estimateur. L'importance du choix du paramètre h est illustré sur la figure 4.5. La densité de probabilité des intensités des voxels du thorax est estimée en utilisant trois valeurs de h différentes (5, 25 et 75). Pour le h le plus important, le lissage de l'histogramme est important et les deux modes autour de 0 sont confondus en un seul. A l'inverse pour le h petit le graphe de la distribution est très « piqué ».

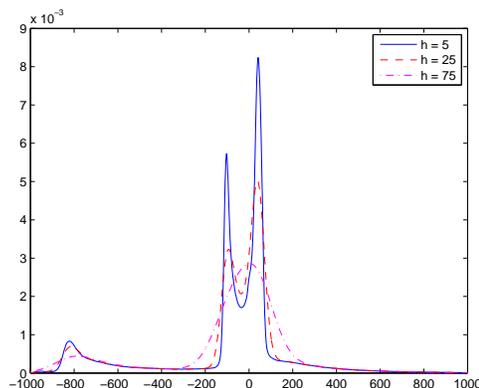


FIG. 4.5 – Exemple d'estimation de fonction de densité de probabilité pour l'intensité des voxels appartenant au thorax avec différentes largeurs de support de la fonction noyau.

Plusieurs méthodes ont été proposées dans la littérature pour décider du choix de h .

- Dans le cas des noyaux à largeur fixe, une valeur optimale (dans un cas gaussien) justifiée dans [Silverman, 1986] est donnée par

$$h = 1,06 \min \left(\sigma_x, \frac{\text{liq}(x)}{1,34} \right) n^{\frac{1}{5}} \quad (4.3)$$

où n est le nombre de réalisations de la variable aléatoire x dans l'échantillon considéré, liq est la largeur inter-quantile et σ_x est l'écart type de l'échantillon considéré. Pour des distributions avec des modes « serrés », il est toutefois parfois préférable de choisir une largeur plus petite pour ne pas confondre les modes.

- Méthodes adaptatives : la largeur du noyau varie en parcourant l'histogramme pour lisser les zones avec moins d'intérêt et conserver des séparations dans des zones plus sensibles [Terrell et Scott, 1992]. Le coût de l'estimation de la fonction de densité de probabilité est alors important. Pour accélérer ces méthodes, des techniques hybrides paramétriques/non-paramétriques ont été développées. Elles ont été en particulier utilisées en imagerie médicale pour l'estimation de loi de distribution des intensités dans [Atif, 2004].

Dans la suite nous avons utilisé la largeur de bande de [Silverman, 1986] (équation 4.3).

4.1.3 Estimation des densités des organes du thorax : séparabilité et construction d'un arbre hiérarchique

Dans cette partie, à l'aide des échantillons ayant permis la construction des histogrammes, nous estimons les fonctions de densité de probabilité des différents organes du

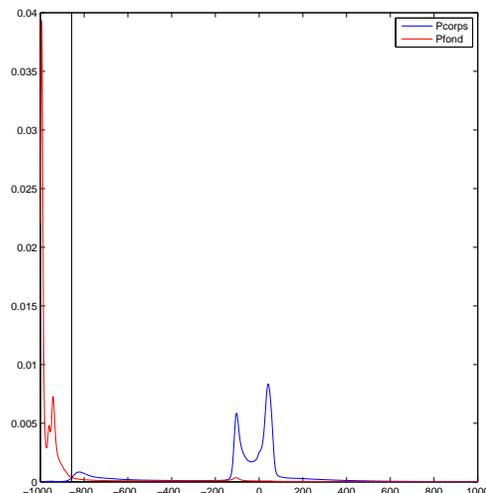


FIG. 4.6 – Fonctions estimées des densités de probabilité des intensités du fond et du corps du patient. La fonction de densité de probabilité du corps comporte trois modes et celle du fond deux modes principaux. Les recouvrements entre les modes des deux fonctions sont faibles.

thorax et nous construisons un arbre hiérarchique définissant à la fois l'ordre des segmentations, les régions de recherche et les termes de compétition à utiliser. La construction de l'arbre doit satisfaire les contraintes suivantes :

- Les structures du niveau $n+1$ sont incluses dans leurs structures parentes du niveau n .
- Les séparations d'une structure de niveau n en sous-structures de niveau $n+1$ se fait toujours par la méthode 1.15 (chapitre 1). Cela signifie qu'une structure est segmentée en deux sous-structures. Pour que la séparation soit possible, les sous-structures doivent avoir des distributions d'intensités avec des modes qui ne se superposent que faiblement.
- Chaque structure doit anatomiquement faire sens.

A la racine de l'arbre, nous plaçons l'image TDM du thorax. Le choix d'inclusion naturel est de séparer le fond de l'image du corps du patient. La densité de probabilité des intensités du fond et celle des intensités du corps, représentées figure 4.6, sont bien séparées. Aussi nous associons à la racine de l'arbre le terme de compétition de régions et deux fils, l'un représentant le fond, l'autre le corps du patient.

Nous construisons ensuite l'arbre suivant en séparant les inclusions qui ont des distributions avec les recouvrements les plus faibles. L'ensemble de l'arbre est représenté figure 4.7. La racine de l'arbre (ou le nœud n_0) est l'image TDM complète. le nœud n_1 est le fond de l'image, comme il ne comporte évidemment pas de sous-structure d'intérêt il s'agit d'un nœud terminal. Le nœud n_1 contient l'estimation de densité du corps entier, il est décomposé en les nœuds n_3 et n_4 représentant respectivement les densités des distributions d'intensité des voies aériennes et de leur complémentaire (dans le masque du corps). Le nœud n_3 est décomposé en les nœuds n_5 et n_6 : n_5 est un nœud terminal associé à la

distribution d'intensité des voxels de la trachée, n6 est associé à la distribution d'intensité des voxels des poumons. Le nœud n4 est de son côté décomposé en n7 et n8 contenant respectivement les distributions d'intensité des voxels représentant les tissus mous et des voxels représentant les os (n8 est un nœud terminal). Finalement le nœud n6 se décompose en deux nœuds terminaux n9 et n10 associés aux intensités du parenchyme pulmonaire et des vaisseaux. De même le nœud n7 se décompose en deux nœuds terminaux n11 et n12 associés aux intensités des tissus mous clairs et des tissus mous foncés.

4.2 Segmentation du thorax

Dans la section précédente nous avons construit un arbre binaire hiérarchique du thorax. Chaque nœud représente une structure anatomique particulière (à l'exception du fond) et possède deux fils (exceptés les nœuds terminaux). A un niveau donné, les nœuds se distinguent par des distributions d'intensité aux modes se recouvrant faiblement.

Le parcours de cet arbre nous permet de réaliser des segmentations du thorax séquentiellement, en créant au fur et à mesure des masques pour limiter les domaines Ω sur lesquels sont définis les problèmes de segmentation et des termes d'attache aux données adaptés aux fonctions de densité de probabilité estimées.

4.2.1 Parcours de l'arbre

Le parcours de l'arbre s'effectue séquentiellement de la racine vers les nœuds terminaux. A chaque nœud, un processus de segmentation adapté est mis en œuvre pour séparer la structure cible et son complémentaire et des masques binaires sont créés (servant à la définition de nouvelles zones de recherche).

La figure 4.8 représente les segmentations obtenues après un parcours de l'arbre complet.

4.2.2 Construction du terme d'attaches aux données

L'évaluation des fonctions de densité de probabilité d'un certain nombre de structures cibles nous permet de construire des termes d'attache aux données spécifiques pour chaque nœud de l'arbre.

En effet, si, lorsque les distributions d'intensité de deux régions sont monomodales, bien espacées et chacune de faible variance, un terme d'attache aux données de type $r(\mathbf{x}) = (I - c_1)^2 - (I - c_2)^2$ convient. Lorsque l'on veut mettre en compétition des distributions multimodales (comme dans le cas du corps et du fond de l'image par exemple) ou des distributions à queue lourde (comme dans le cas de la trachée et des poumons) il est plus adapté d'utiliser un terme de compétition de régions du type :

$$r(\mathbf{x}) = \log(p_1(I(\mathbf{x}))) - \log(p_2(I(\mathbf{x}))) \quad (4.4)$$

Détaillons pour chacun des nœuds les termes d'attache aux données retenus.

Nœuds n1 à n6 Pour les nœuds n_1 à n_6 , les densités ne peuvent pas être considérées comme monomodales et de faible variance, aussi nous avons utilisé le terme de compétition de régions suivant :

$$r(\mathbf{x}) = \log(p_i(I(\mathbf{x}))) - \log(p_j(I(\mathbf{x}))) \quad (4.5)$$

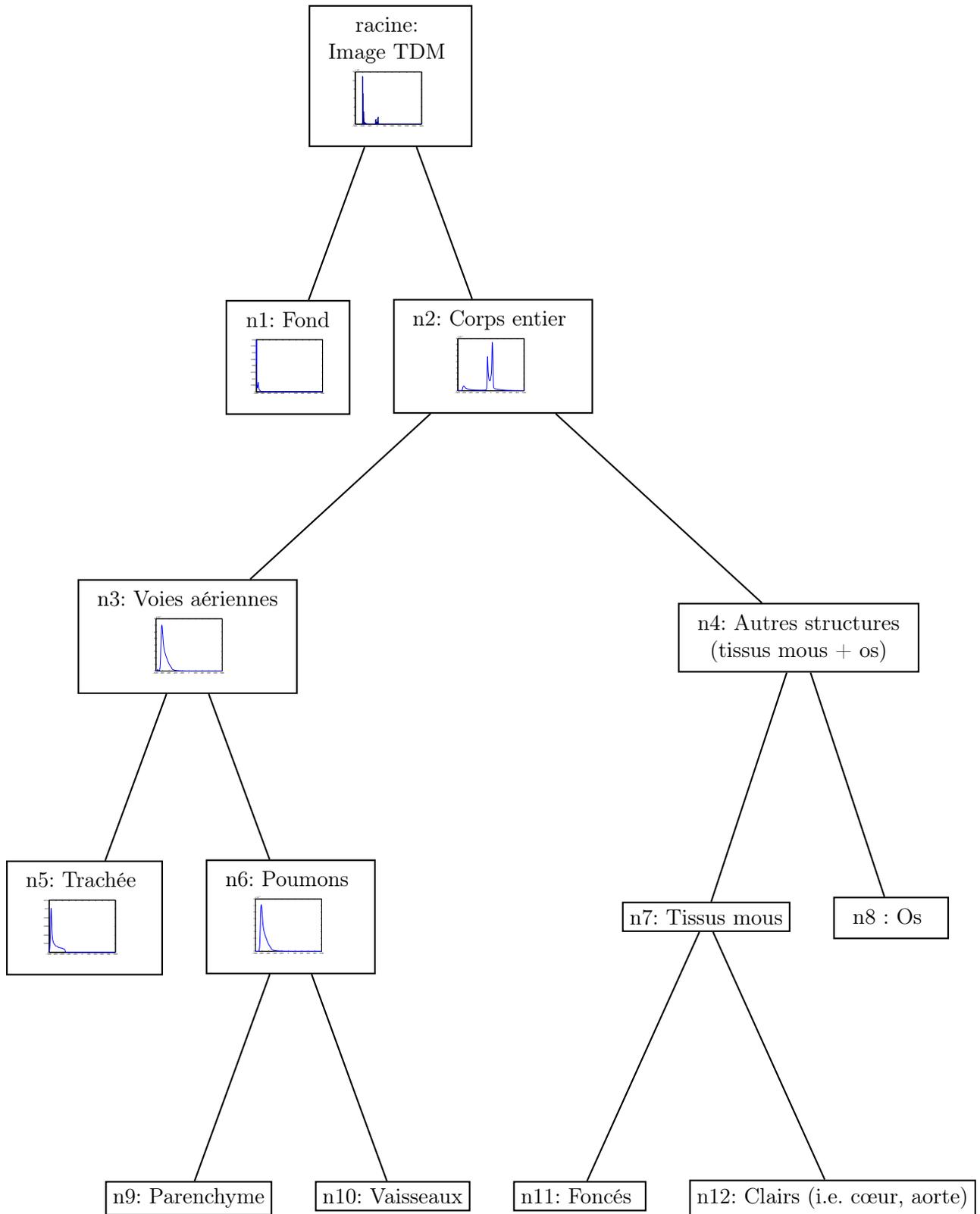


FIG. 4.7 – Fonctions de densité de probabilité des intensités des organes du thorax dans une image TDM ordonnées dans un arbre hiérarchique.

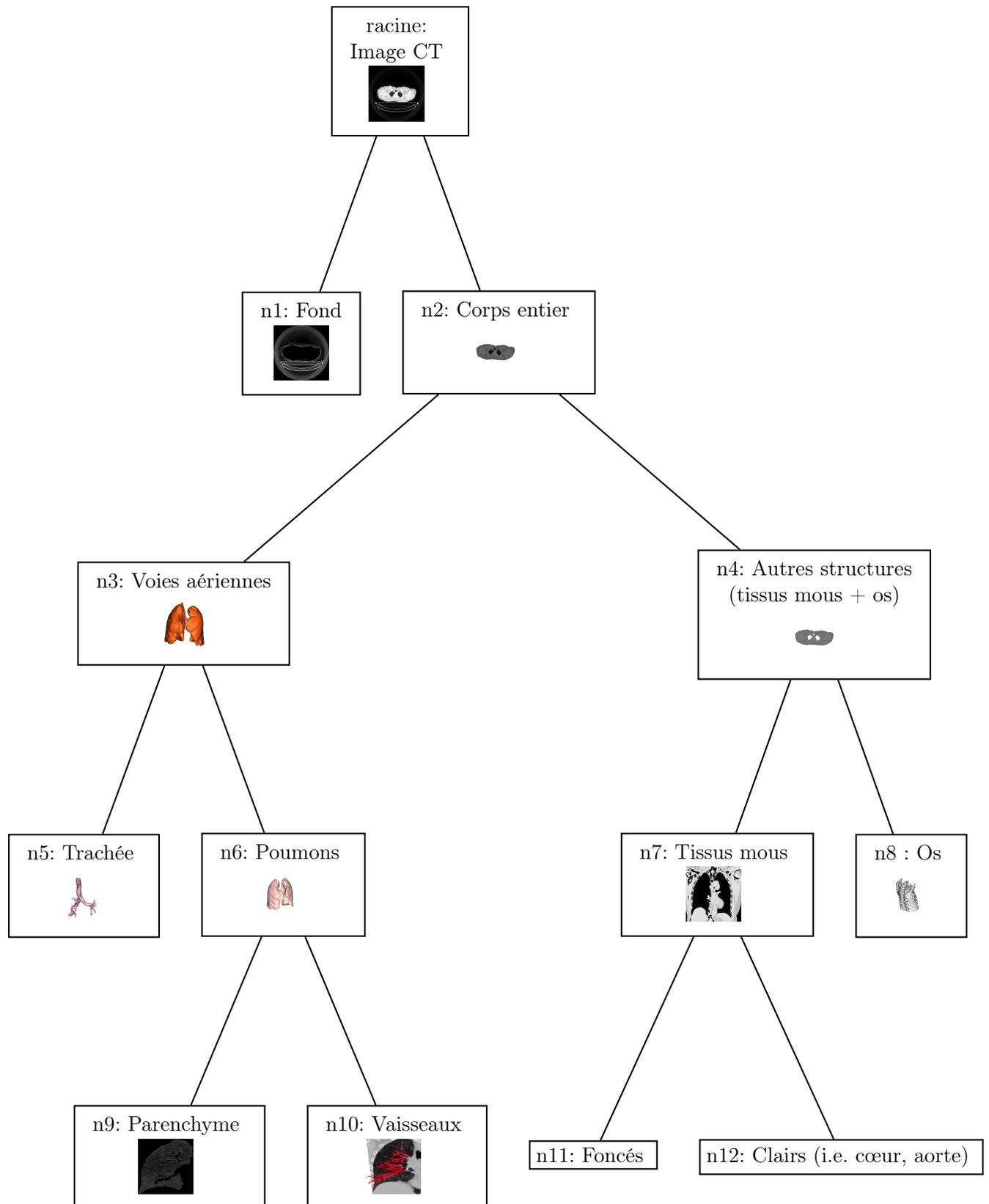


FIG. 4.8 – Arbre d'inclusion montrant les segmentations des différents organes ordonnées grâce à la description hiérarchique des termes d'attache aux données.

où p_i et p_j sont les fonctions de densité de probabilité associées aux nœuds n_i et n_j respectivement.

Nœuds n7 à n12 L'atlas utilisé n'est pas assez détaillé et ne fournit pas de masque des structures que nous avons attribuées aux nœuds n7 à n12. Aussi nous ne disposons pas d'estimation de densités des intensités a priori pour ces structures. De plus, pour ces nœuds plutôt bas dans l'arbre, les zones de recherche sont suffisamment bien délimitées et homogènes pour pouvoir utiliser un terme d'attache aux données du type :

$$r(\mathbf{x}) = (I - c_1)^2 - (I - c_2)^2 \quad (4.6)$$

4.2.3 Nœuds terminaux : limites des statistiques et ajout de connaissances a priori

Plusieurs nœuds terminaux, s'ils représentent une homogénéité statistique, peuvent néanmoins contenir plusieurs sous-structures anatomiques intéressantes à segmenter. Ce sont les cas des nœuds n10 et n12. Le nœud n10 qui contient les vaisseaux pulmonaires peut aussi contenir des tumeurs aux intensités proches de celles de vaisseaux. Le nœud n12, qui contient les tissus mous « clairs » contient en particulier une grande partie du système vasculaire : comme nous l'avons détaillé au chapitre 3, il peut être intéressant de subdiviser ces tissus pour obtenir par exemple une segmentation du cœur qui est un organe à risque. Ainsi, pour ces structures particulières, les connaissances a priori sur les distributions d'intensité de l'arbre hiérarchique ne sont pas suffisantes. D'autres connaissances a priori, exogènes, sont alors introduites dans le processus complet de segmentation. Dans les cas de tumeurs et de lymphomes, la pondération par l'image TEP est introduite (chapitre 2) et dans le cas d'organes à risques, c'est la connaissance sur les descripteurs généraux des formes qui est ajoutée (chapitre 3).

4.3 Tests et résultats

La procédure complète de segmentation est testée sur différents examens TDM. Dans chacun des cas nous présentons des analyses qualitatives. En particulier nous discutons de la stabilité du choix des paramètres à chacun des nœuds de l'arbre.

noeud n0, séparation du corps et du fond La séparation du corps et du fond est faite à l'aide d'un terme d'attache aux données mettant en compétition les fonctions de densité de probabilité de chacune de ces deux structures. La figure 4.9 présente un exemple de résultat obtenu.

L'initialisation pour cette segmentation est choisie aussi proche que possible du résultat final afin de limiter le nombre d'itérations de l'algorithme de segmentation décrit au chapitre 1. En effet, la segmentation du corps entier est la segmentation définie sur un domaine Ω le plus grand, c'est-à-dire pour laquelle chaque itération de l'algorithme de segmentation est le plus coûteux. Pour cela, un seuillage est tout d'abord effectué à -400 HU (nous choisissons cette valeur pour sa position centrale entre les modes principaux des intensités du corps et les modes principaux des intensités du fond). Le résultat de ce seuillage est illustré sur la figure 4.10, avec le seuil choisi, il exclut évidemment une grande partie des poumons et la trachée. Pour rapprocher encore plus l'initialisation de la segmentation finale, nous « bouchons les trous » dans le seuillage. Une dilatation avec

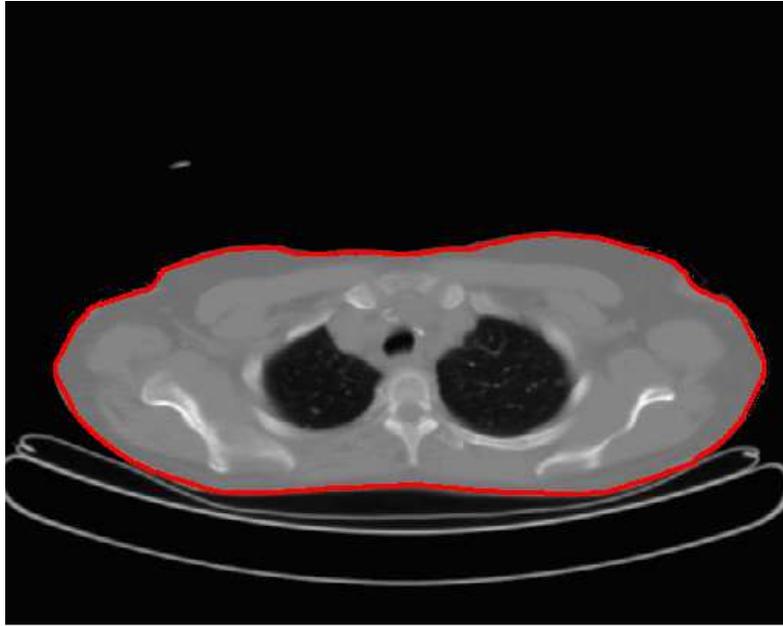


FIG. 4.9 – Exemple de segmentation du corps.

un élément structurant suffisamment grand est tout d'abord effectuée pour fermer une éventuelle ouverture des voies respiratoires sur l'extérieur. Les trous sont ensuite bouchés par morphologie mathématique, et une érosion compensant la précédente dilatation est appliquée. L'initialisation obtenue est illustrée sur 4.10, elle comporte l'ensemble de corps et une partie de la table d'examen et du fond. Cette dernière est éliminée en choisissant un poids pour la régularité suffisamment fort.

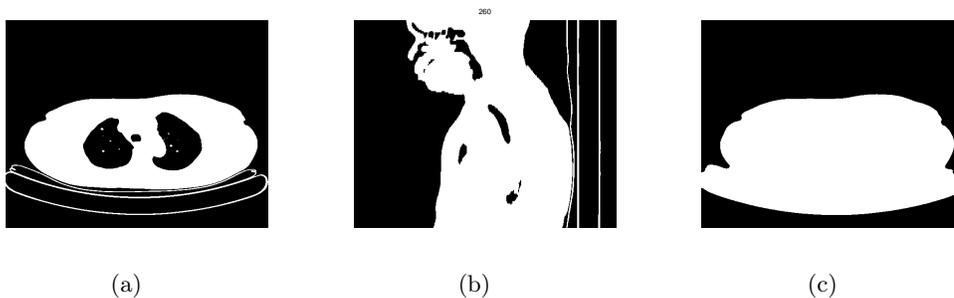


FIG. 4.10 – Etape pour l'initialisation de u pour la segmentation du corps complet. (a) Seuillage de l'image TDM à -400 HU dans une coupe coronale. (b) Seuillage de l'image TDM à -400 HU dans une coupe sagittale. (c) Initialisation retenue.

noeud n2, segmentation des voies aériennes La segmentation des voies aériennes est réalisée à l'intérieur d'un domaine Ω constitué par le masque du corps. Cette segmentation est initialisée par un seuillage (à -600 HU). Un exemple de résultat est présenté sur la figure 4.11.

A cette étape, dans certains cas, lorsque les parois des poumons sont très proches, la segmentation peut les confondre. Selon l'application visée, la séparation des poumons peut

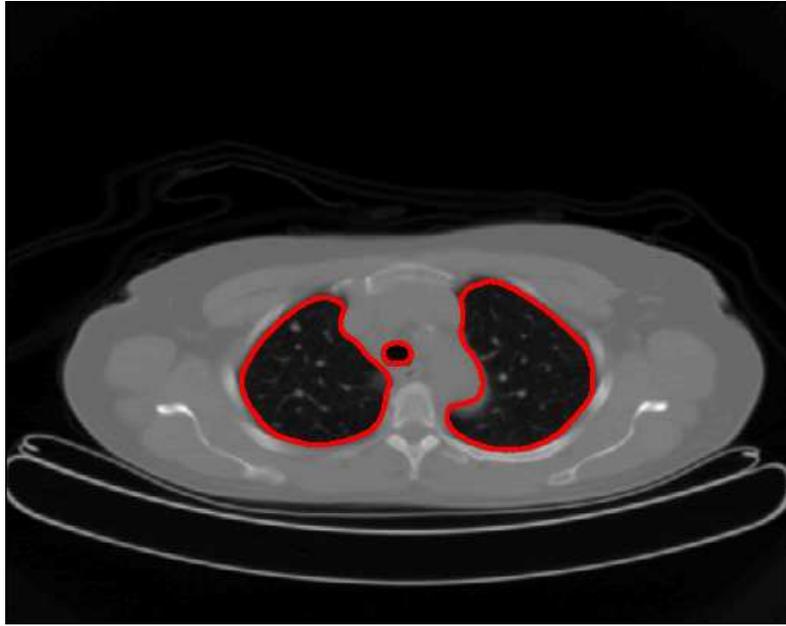


FIG. 4.11 – Segmentation des voies aériennes.

être intéressante. Nous traitons de ce problème après la séparation de la trachée.

noeud n3, segmentation de la trachée Pour segmenter la trachée, nous travaillons sur le domaine Ω réduit ne contenant que les voies aériennes obtenues à l'étape précédente. Comme l'avions déjà souligné la trachée a des intensités plus sombres que le parenchyme pulmonaire. En effet la trachée ne contient que de l'air à la différence du parenchyme qui est parcouru d'une multitude de vaisseaux sanguins qui « éclaircissent » son apparence dans l'image TDM.

A nouveau, nous procédons à une initialisation par un seuillage (à -950 HU). Un exemple d'initialisation et de résultat de segmentation de la trachée est illustré sur la figure 4.12



FIG. 4.12 – Initialisation et segmentation de la trachée.

L'évaluation de la qualité des segmentations de la trachée n'est pas facile au niveau des

jonctions avec les poumons. La figure 4.13 montre un exemple des limites obtenues pour la segmentation au niveau des bronches.

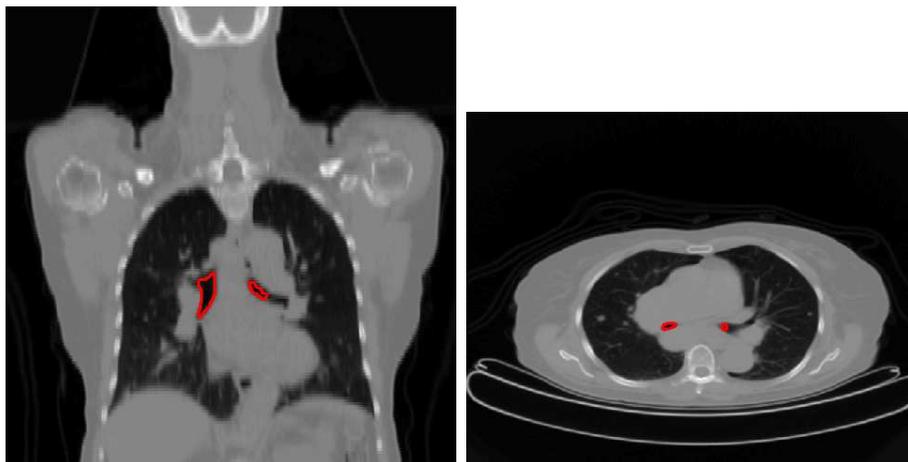


FIG. 4.13 – Segmentation de la trachée.

Ainsi nous obtenons la segmentation de la trachée et par complémentaire celle des poumons. Dans certains cas, les parois des poumons peuvent sembler, dans l'image TDM, en contact l'une avec l'autre (figure 4.14). Cela arrive plus fréquemment lorsque l'image est acquise en inspiration maximale. La segmentation des poumons n'est pas alors composée de deux composante connexes correspondant à chacun des poumons mais d'une seule. La séparation des poumons est réalisée par un algorithme proposé dans [Moreno, 2007] consistant en une érosion pour l'obtention de deux composantes connexe et en une dilation pour chacune des composantes connexes séparément.

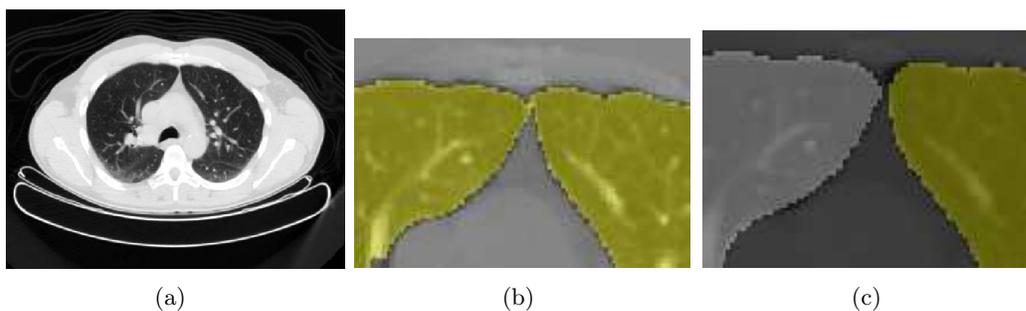


FIG. 4.14 – (a) Séparation très étroite entre les poumons dans l'image TDM. (b) Zoom sur le résultat de la segmentation : les poumons sont « reliés ». (c) Résultat du post-traitement.

Cas des tumeurs pulmonaires Lorsque des tumeurs pulmonaires sont présentes dans les poumons, si elles sont petites, elles sont incluses dans la segmentation des poumons. Si elles sont plus grosses et collées à la paroi, il peut arriver qu'elles soient exclues de la segmentation (figure 4.15). Elles sont alors considérées comme appartenant au corps. La segmentation des tumeurs elle-même, comme nous l'avons présenté au chapitre 2, est semi automatique au sens où la localisation d'un centre approximatif de la tumeur doit être précisé. Le choix d'utiliser ou non un masque du poumon pour la segmentation des tumeurs dépend de la qualité de la segmentation à cette étape.

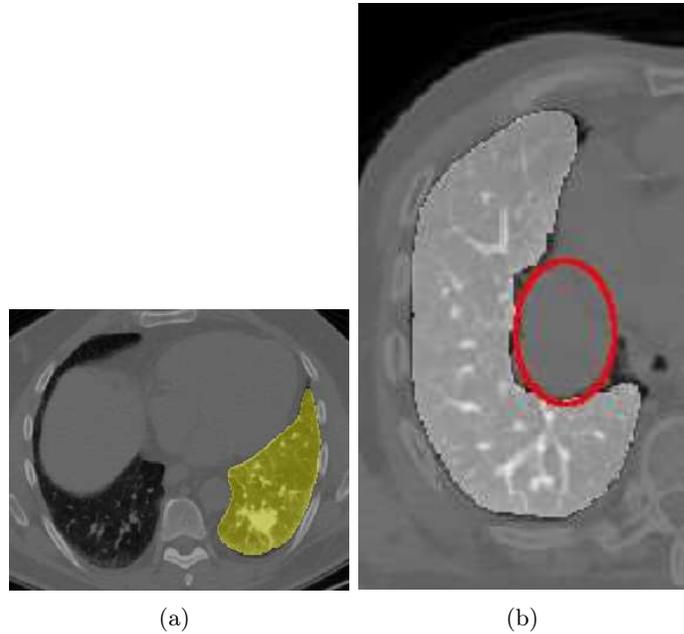


FIG. 4.15 – (a) Segmentation du poumon incluant une petite tumeur. (b) Segmentation du poumon excluant une tumeur plus grosse (entourée en rouge sur l'image).

noeud n4, séparation tissus mous-squelette: La séparation des tissus mous et du squelette ne pose pas de problème particulier les intensités moyennes de ces deux structures étant nettement séparées.

noeud n6, séparation parenchyme pulmonaire-vaisseaux Les vaisseaux sont une structure arborescente complexe. L'évaluation de la qualité de leur segmentation est très difficile. En cas de présence de tumeur incluse dans le masque du poumon, la tumeur est toujours segmentée dans la classe des vaisseaux.

4.4 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons tiré parti des images TDM qui sont calibrées pour construire un arbre hiérarchique binaire d'inclusion, structurant les informations de distribution d'intensité des différents organes du thorax dans les image TDM.

Nous avons ensuite proposé un schéma de segmentation séquentiel des organes du thorax en parcourant cet arbre. A chaque étape, un domaine de recherche spécifique, et de plus en plus limité en espace, est construit et un terme d'attache aux données spécifique, tenant compte des distributions d'intensité des images TDM, est proposé. Par construction, les branches de l'arbre peuvent être traitées séparément.

Pour une image de thorax d'un patient sain, la procédure de segmentation est entièrement automatique. Un contrôle des résultats est bien sûr nécessaire. De plus, la séparation des poumons en deux composantes connexes peut toutefois nécessiter un post-traitement.

Pour une image de thorax présentant des tumeurs pulmonaires, en particulier des tumeurs de taille importante, la segmentation des poumons peut ne pas inclure ces tumeurs. Le problème de la segmentation des tumeurs est alors celui présenté dans le chapitre 2 avec une étape manuelle consistant à définir approximativement le centre de la tumeur et

le domaine dans lequel la segmentation doit être réalisée. Un post traitement après segmentation de la tumeur pour reconstruire un masque des poumons complet pourrait être envisagé.

Dans l'approche que nous avons proposée, seules les informations relatives aux intensités des tissus sont directement utilisées. Implicitement, les relations d'inclusion entre les organes sont également utilisées pour définir les domaines de recherche. Cela conduit à la construction de nœuds terminaux représentant un ensemble de structures anatomiques et non pas un seul organe.

L'approche que nous avons proposée est bien adaptée pour les images TDM et pourrait être étendue à d'autres images que celles du thorax.

Chapitre 5

Segmentation pour le suivi longitudinal

Le suivi longitudinal consiste à suivre l'évolution de la pathologie du patient au cours du temps par exemple pour vérifier sa réponse au traitement médical entrepris. Des examens sont régulièrement réalisés et les évolutions des tumeurs sont mesurées, en particulier leurs variations de volume ou de plus grand diamètre (critères RECIST¹ -*response evaluation criteria in solid tumours*- [Therasse et al., 2000]). Dans le cadre du suivi, l'examen combiné TEP-TDM n'est pas toujours réalisé et le suivi peut être effectué uniquement à partir d'images TDM, comme illustré sur la figure 5.1. Comme pour un diagnostic ou un plan de traitement, lors du suivi, ne serait ce que pour des mesures de volume, les tumeurs ou les ganglions infectés doivent être contourés. A nouveau pour réduire le temps passé par les praticiens à réaliser ces contourages et pour réduire la variabilité intra et inter-experts, nous proposons une méthode de segmentation automatique dans le cadre du suivi.

Le problème que l'on se propose alors de résoudre dans ce chapitre est le suivant : étant donné une série d'examens TDM d'un même patient et des segmentations de pathologies éventuelles au temps t_1 , comment obtenir de nouvelles segmentations au temps $t_i, i > 1$, pour mesurer l'évolution de ces pathologies. Il ne s'agit donc pas ici de faire de la « détection de changements » entre les examens aux différentes dates comme cela a pu être proposé par exemple pour la modalité TEP dans [Necib et al., 2008].

Tout d'abord rappelons que le problème du suivi longitudinal ne peut pas se réduire à un problème de recalage. En effet recalier l'image de l'examen t_1 sur l'examen t_2 et appliquer le champ de déformation obtenu à la segmentation de t_1 pour trouver une segmentation pour t_2 ne peut donner de bons résultats qu'à de rares exceptions et risque même de masquer les évolutions que nous souhaitons modifier. Quel que soit le type de recalage utilisé (rigide, élastique, déformations libres) et qu'il soit géométrique ou iconique avec différentes mesures de similarité, le recalage n'est pas un modèle de déformation de tumeur. Néanmoins pour mettre à profit les informations fournies par la segmentation réalisée à l'examen t_1 , nous nous autoriserons un recalage rigide entre t_1 et t_2 et d'une manière générale entre les examens t_i et t_{i+1} pour mettre les images « dans le même repère » sans pour autant les modifier.

L'examen à la date t_1 et sa segmentation fournissent beaucoup d'informations qu'il est intéressant de mettre à profit pour segmenter l'image de l'examen à la date $t_i, i > 1$. Ainsi, sur l'exemple de la figure 5.1, on peut voir que même si des changements importants

¹<http://www.recist.com/>

interviennent entre l'examen à t_1 et celui à t_2 des informations sur la tumeur à t_1 comme sa localisation ou son volume peuvent donner des indications pour la segmentation de l'examen à t_2 . Dans ce chapitre nous proposons une méthode de segmentation utilisant les couples d'images à (t_{i-1}, t_i) pour la segmentation de l'image à $t_i, i > 1$. Dans un souci de cohérence méthodologique nous souhaitons adopter à nouveau le cadre de segmentation variationnelle utilisé jusqu'alors dans cette thèse, qui est également bien adapté au problème de suivi tel que nous l'avons posé.

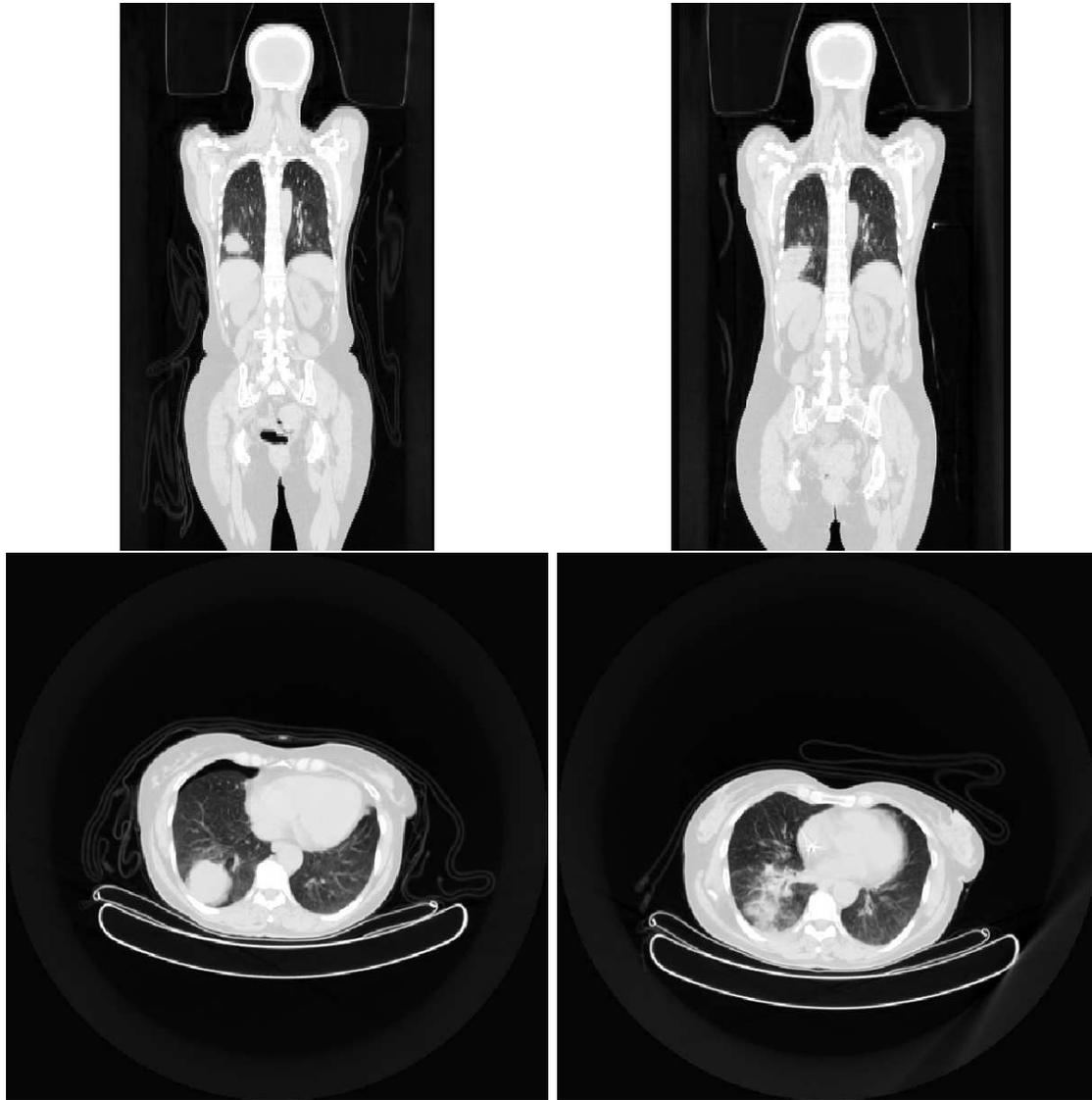


FIG. 5.1 – Exemple d'examen de suivi longitudinal à deux dates différentes. La colonne de gauche montre l'image TDM à la date t_1 en coupe coronale sur la première ligne et en coupe axiale sur la seconde. La colonne de droite est une image TDM du même patient à date $t_2 = t_1 + 20$ semaines.

5.1 État de l'art

Le problème du suivi est un problème complexe qui n'est pas toujours posé de la même manière selon les auteurs y ayant apporté des contributions.

En effet, dans certains travaux, plutôt que d'essayer de segmenter les tumeurs dans les différents examens, le problème du suivi est abordé comme un problème de détection et de caractérisation de changement. C'est le cas par exemple des travaux de [Necib et al., 2008, 2010] où des changements entre des images TEP d'un même patient au cours du traitement sont analysés. A partir de l'image du premier examen et d'une image de différence entre le premier examen et le second (la première image est recalée sur la seconde) une image biparamétrique est créée. Elle est ensuite classifiée en quatre classes (à l'aide d'un modèle de mélange de gaussiennes et d'un algorithme EM) : bruit, régression de l'activité de la tumeur, augmentation de l'activité de la tumeur et stabilité de l'activité de la tumeur.

De même, les auteurs de [Kawata et al., 2001] proposent une caractérisation de l'évolution des tumeurs pulmonaires à l'aide de l'analyse du champ de déformation d'un recalage non rigide entre les différents examens.

Ces travaux fournissent des résultats intéressants mais ils sont différents des objectifs suivis dans ce chapitre.

Les changements dans la taille des tumeurs pulmonaires sont aussi l'objet des travaux de [Reeves et al., 2006] où une segmentation jointe à une caractérisation de l'évolution est effectuée (à l'aide de seuillages adaptatifs guidés par des connaissances a priori sur les formes). Leurs travaux s'inscrivent davantage dans la phase de diagnostic que dans la phase de traitement. En effet, leur but est de mesurer le « temps de doublement » du volume de nodules pour discriminer les nodules malins des bénins. Les objectifs poursuivis par les auteurs de [Ambrosini et al., 2009] sont très similaires.

D'autres travaux plus génériques, dont le suivi peut être dérivé comme un cas particulier, concernent la segmentation et le recalage joints. Citons en particulier ceux de [Wyatt et Noble, 2002] qui mettent en place un recalage rigide et ceux de [Yezzi et al., 2001] qui mettent en place une stratégie de contours actifs pour le recalage joint.

Une approche par recalage et segmentation jointe de tumeurs est difficile à mettre en œuvre dans le cas des images TDM du thorax à cause des déformations non rigides qui peuvent être importantes et aussi en cas de changements importants dans l'allure de la tumeur, comme par exemple dans le cas d'une forte régression ou d'une disparition de la tumeur, où la structure à segmenter devient très différente dans les deux images.

5.2 Recalage

Les examens de suivi sont réalisés à différentes dates. Les intervalles entre deux examens sont de quelques semaines à quelques mois suivant les cas. Les images des différents examens du suivi ne sont donc pas recalées. Comme nous l'avons proposé en introduction de ce chapitre, afin de ne pas induire de déformations anatomiques, nous ne nous autorisons qu'un recalage rigide (une translation et une rotation) pour placer les différents examens dans le même repère sans changer la forme des images. Dans tous les cas, nous déformons l'image pour laquelle on dispose de la segmentation vers l'image que l'on veut segmenter pour ne jamais déformer l'image à segmenter.

5.2.1 Méthode

Le recalage n'étant pas l'objet de nos travaux nous n'avons pas cherché à élaborer une méthode originale. Un état de l'art des techniques de recalage en imagerie médicale a été établi dans [Maintz et Viergever, 1998] puis complété dans [Hill et al., 2001] et dans [Crum et al., 2003] (cette dernière référence traitant essentiellement du recalage non rigide). Les travaux de [Malandain, 2006] dont la problématique principale concerne les mesures de similarité fournissent néanmoins une actualisation des précédentes publications d'état de l'art. Si les méthodes géométriques peuvent apparaître séduisantes en temps de calcul, elles s'avèrent difficiles à mettre en œuvre pour des images du thorax, où la respiration implique un mouvement d'un grand nombre de structures du thorax rendant l'extraction de primitives géométriques stables difficile. C'est pourquoi nous nous sommes tournés vers des méthodes iconiques. Comme nous utilisons des images TDM (calibrées), l'utilisation d'une mesure de similarité simple comme une erreur quadratique est suffisante. Parmi l'ensemble des méthodes de recalage iconique existantes, nous nous avons retenu la méthode de « block matching » pour le recalage rigide de [Ourselin et al., 2000] pour son compromis entre simplicité, rapidité et qualité des résultats pour les cas qui nous intéressent. L'idée à la base de cet algorithme est de partitionner l'image source en différents « blocs » (des pavés de taille fixée) puis pour chacun des blocs de chercher dans l'image cible le pavé le plus ressemblant et d'en déduire les paramètres d'une transformation locale. Lorsque toutes les transformations locales sont définies, une transformation globale minimisant l'écart entre les transformations locales est déterminée.

Comme nous l'illustrons sur la figure 5.2, la position du patient peut varier fortement entre des examens à des dates différentes. En particulier la position des bras peut être soit le long du corps soit étendus au-dessus de la tête. Cela induit des déformations relativement importantes au niveau des tissus du thorax (ils sont plus étirés lorsque les bras sont étendus derrière la tête), et évidemment des déformations très importantes concernant les bras eux-mêmes. Pour minimiser les erreurs de recalage, nous avons choisi de chercher la matrice de transformation dans une boîte englobante ne contenant que l'image du tronc du patient sans l'image des membres. Cette stratégie a également été adoptée dans le logiciel développé par Dosisoft.

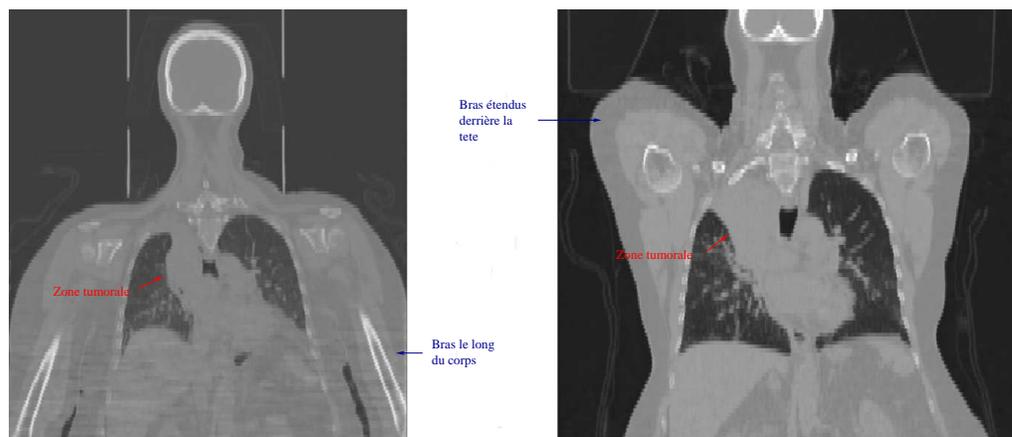


FIG. 5.2 – Deux examens à deux dates différentes : les bras ne sont pas placés dans la même position.

Choix de la boîte englobante La boîte englobante est définie manuellement. Elle contient l'image du patient des épaules jusqu'au bas des poumons. Des pistes pour automatiser cette étape sont imaginables en particulier en s'aidant des segmentations du corps entier et des poumons réalisées au chapitre 4 et en détectant des points d'intérêt particuliers (épaules, point le plus bas du poumon).

5.2.2 Exemple de résultat de recalage

A partir de deux examens à deux dates différentes présentés sur la figure 5.2.2, nous mettons en œuvre l'algorithme de recalage.

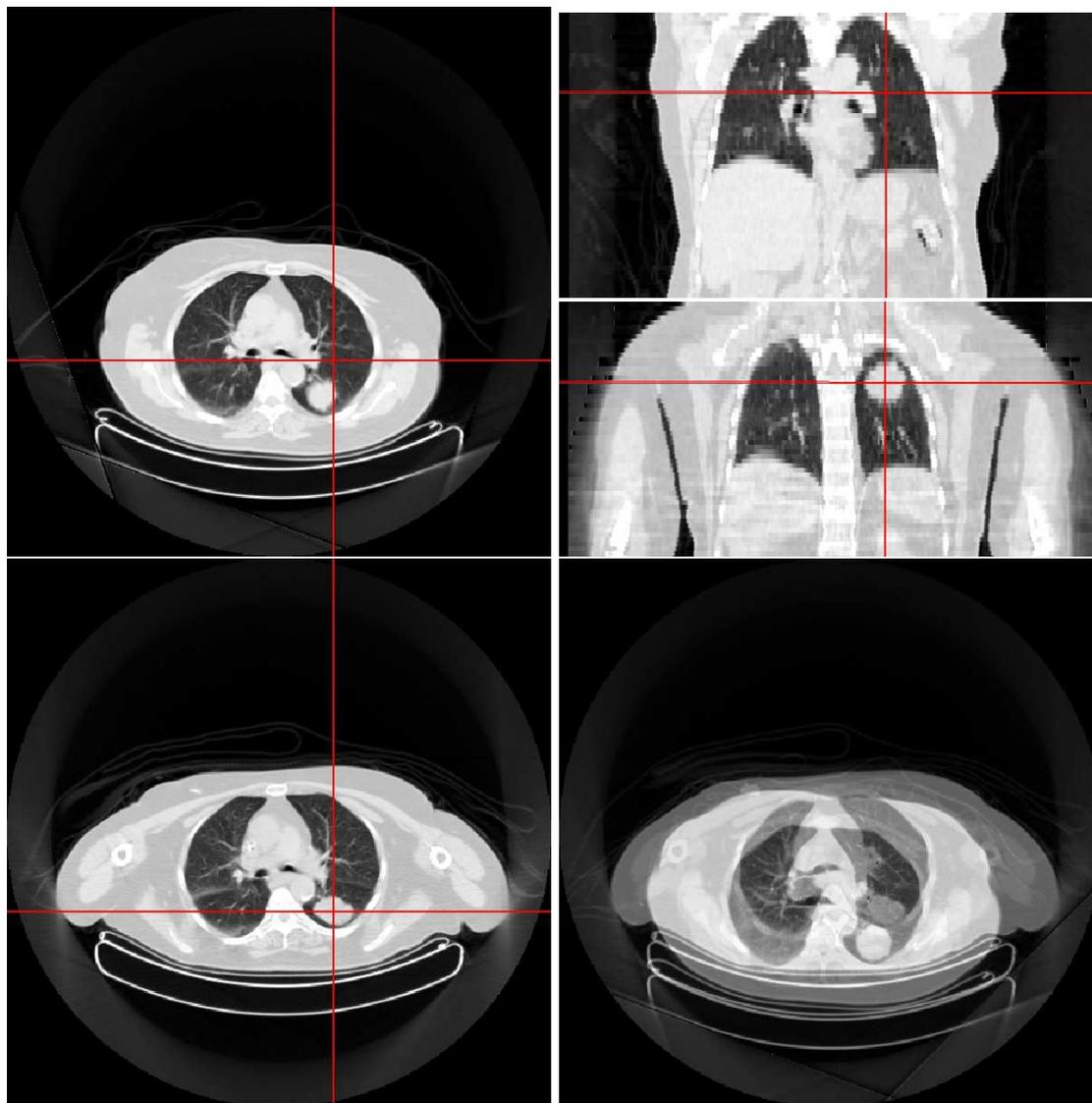


FIG. 5.3 – Deux images à deux dates différentes (vues axiales et vues coronales) et leur superposition : un recalage est nécessaire (le centre de la croix en rouge a les mêmes coordonnées dans chacune des images).

Le résultat obtenu est montré sur la figure 5.4. La croix en rouge sur l'image représente

un point de mêmes coordonnées dans les images. Le recalage semble satisfaisant dans ce cas. Pour mieux le caractériser, une image en mosaïque est construite (figure 5.5) (les pavés de la mosaïque alternent entre l'image cible et l'image source). Elle fait apparaître que dans les zones les moins sensibles au mouvement de respiration, comme le dos, le recalage est de bonne qualité avec une bonne continuité des structures entre les pavés de la mosaïque. En revanche il y a des décalages sur le haut des poumons. De plus, près de la tumeur, des décalages sont également présents. Cela s'explique en partie par l'erreur résiduelle de recalage globale autour de la tumeur, et en partie (la plus importante) par les changements de forme de la tumeur entre les examens (ce type de décalage ne constituant pas une erreur).

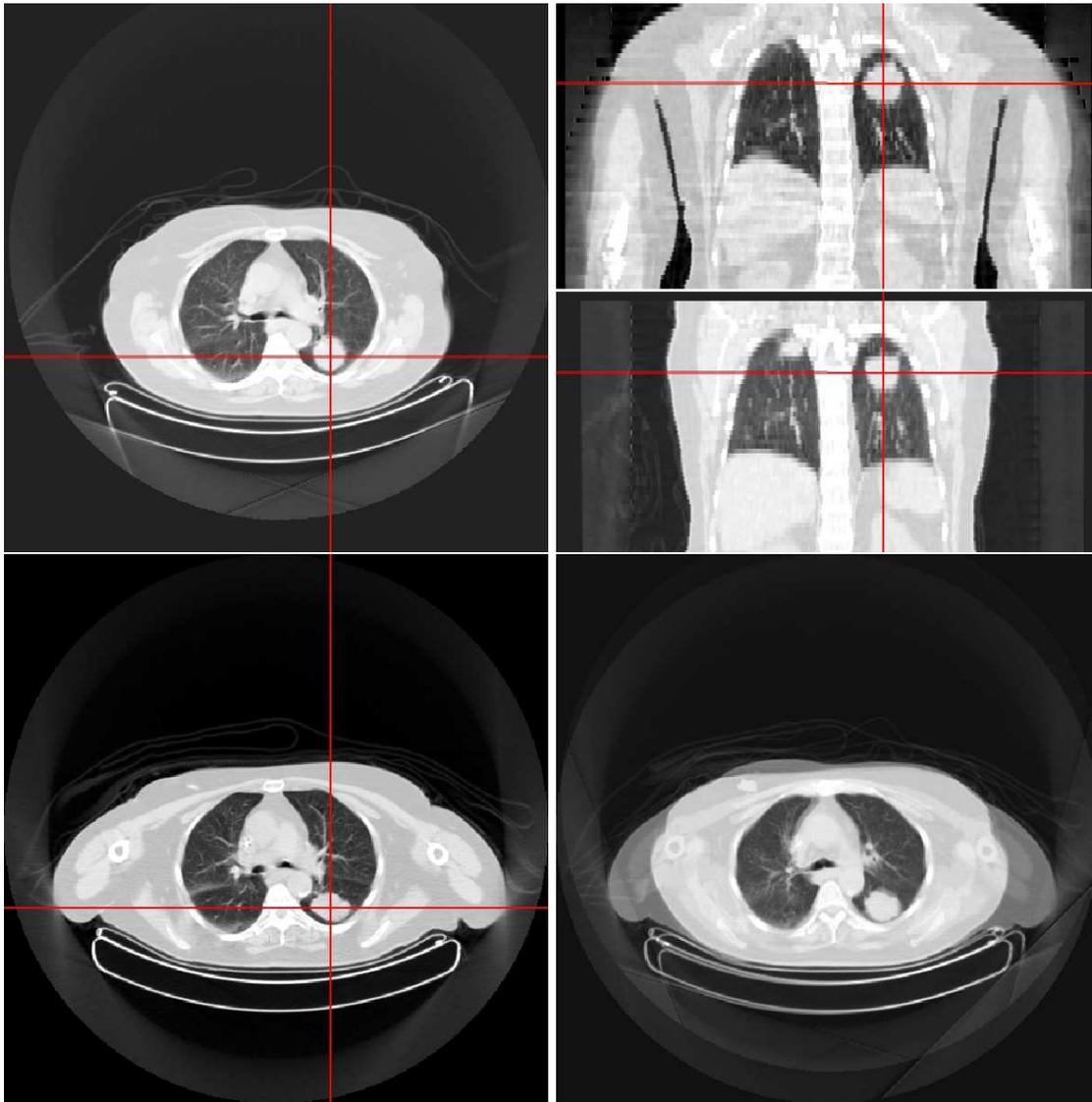


FIG. 5.4 – Résultat du recalage rigide.

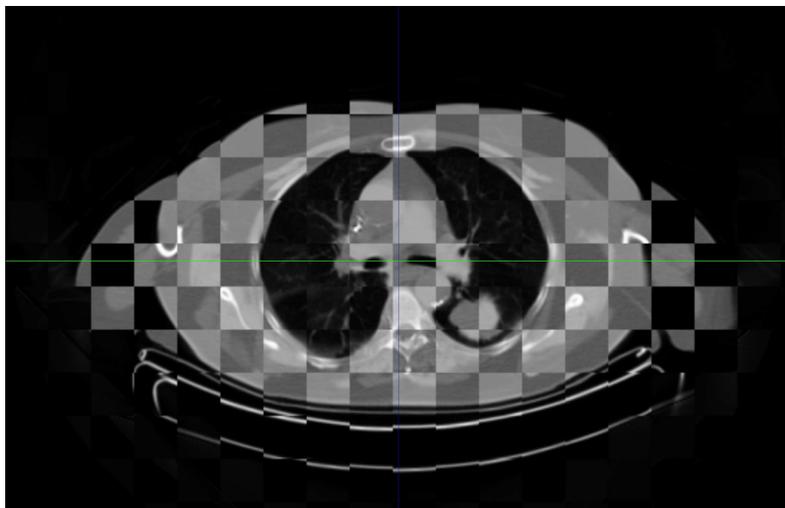


FIG. 5.5 – Représentation en mosaïque du résultat de recalage. La qualité du recalage est globalement satisfaisante (en particulier au niveau du dos du patient). Les discontinuités importantes observées dans la tumeur sont (malgré le recalage rigide et son imprécision locale inhérente) principalement dues aux évolutions de la tumeur entre les deux examens.

Images de différence: Finalement ces recalages rigides sont bien adaptés pour positionner les patients dans le même repère. Mais comme il ne s'agit « que » d'un recalage rigide on ne peut pas s'attendre à avoir une parfaite correspondance entre des structures qui ne sont pas rigides comme les organes du thorax. Cela est très bien mis en évidence sur l'image de différences entre l'image d'un examen réalisé à une date t_1 recalée sur l'image d'un examen réalisé à une date t_2 et l'image de l'examen réalisé à la date t_2 que nous présentons sur la figure 5.6. En effet, elle confirme que l'on voit des changements autour de la tumeur, autour des parois des poumons, et autour des vaisseaux pulmonaires, ce qui correspond aux structures se déplaçant de manière la moins rigide ou tout du moins approchable par une transformation rigide.

5.3 Adaptation de la méthode de segmentation dans le cadre du suivi

Dans le chapitre 2, les segmentations des tumeurs étaient réalisées à partir des deux modalités TEP et TDM. L'image TEP était utilisée pour contraindre le poids de l'attache aux données dans la formulation du problème de segmentation sur l'image TDM. Dans le cadre du suivi, l'image TEP n'est pas toujours disponible pour chacun des examens. Aussi pour réaliser des segmentations des images des examens réalisés aux dates $t_i, i > 1$, nous proposons de garder le même modèle que dans le chapitre 2 mais en remplaçant la modalité TEP par des informations issues de la segmentation de l'image de l'examen à la date t_1 .

Rappelons le modèle utilisé dans le chapitre 2. La segmentation était donnée par la

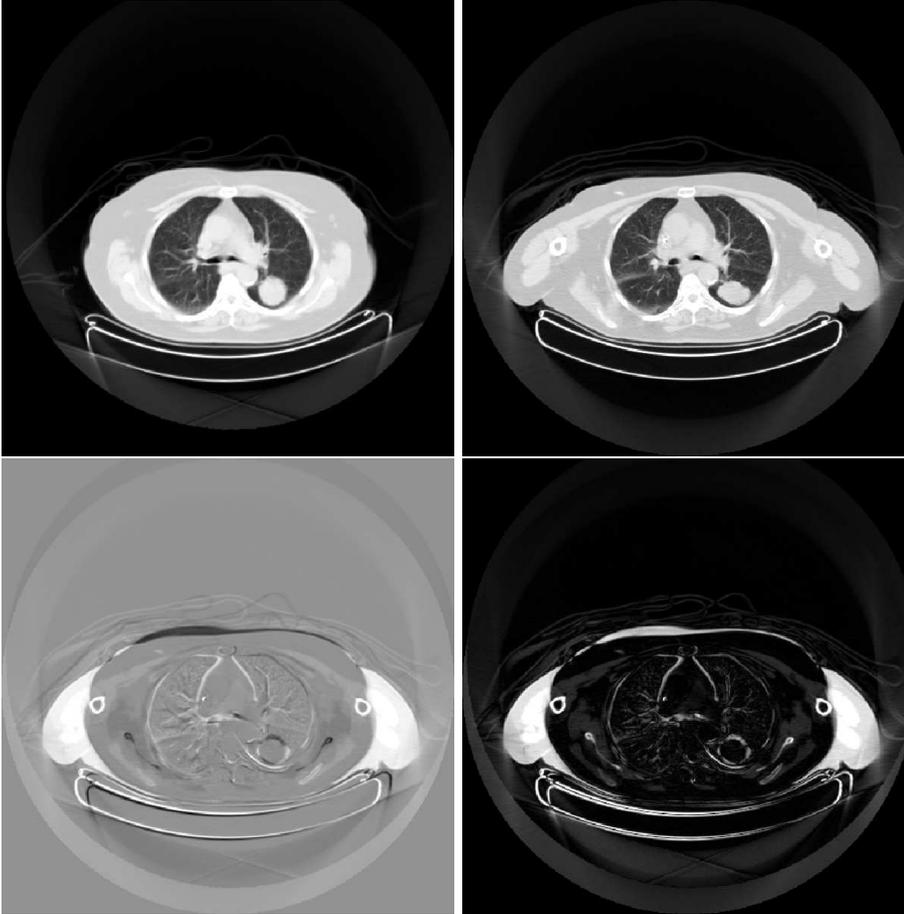


FIG. 5.6 – Différences entre des images recalées. Première ligne : image de l'examen à la date t_1 (recalée sur l'image de l'examen à la date t_2) et image de l'examen à la date t_2 . Seconde ligne : image de la différence entre t_1 et t_2 et valeur absolue de la différence entre t_1 (recalée sur l'image de l'examen à la date t_2) et t_2 .

fonction u minimisant

$$\min_{\substack{u \in BV_{[0,1]}(\Omega) \\ \alpha_i}} \int_{\Omega} |\nabla u(\mathbf{x})| d\Omega + \int_{\Omega} \lambda(\mathbf{x}) u(\mathbf{x}) r(\mathbf{x}) d\Omega \quad (5.1)$$

où $r(\mathbf{x})$ est un terme d'attache aux données (dépendant des paramètres α_i) et $\lambda(\mathbf{x})$ est un coefficient de pondération entre la régularité et l'attache aux données. L'enjeu est alors maintenant de construire ce coefficient $\lambda(\mathbf{x})$, non plus à l'aide de l'image TEP, mais à l'aide de la segmentation de l'image de l'examen à t_1 .

5.3.1 Construction du coefficient de pondération $\lambda(\mathbf{x})$

La construction du coefficient de pondération doit être effectuée en tenant compte des approximations du recalage autour de la tumeur (en particulier des décalages induits par la respiration ne sont pas corrigés par un recalage rigide) et des possibilités d'évolution de la tumeur entre les différents examens. La tumeur peut croître, décroître ou rester station-

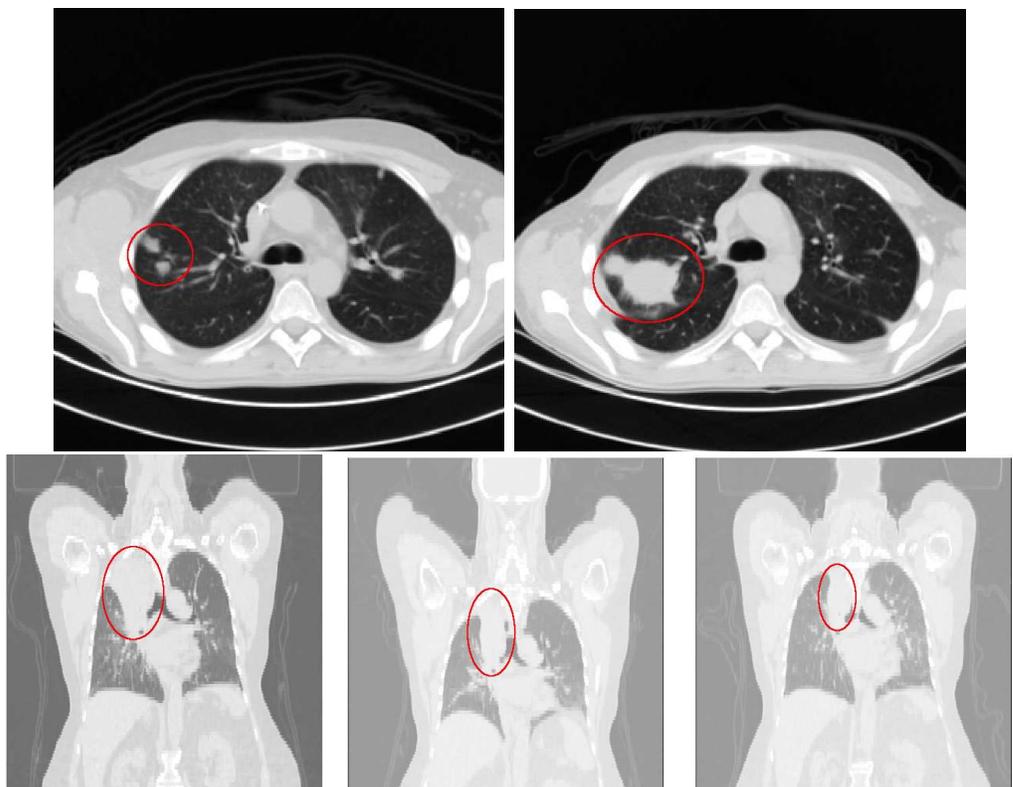


FIG. 5.7 – Exemples d'évolution de tumeurs. La première ligne représente une tumeur en progression entre deux examens réalisés à 14 semaines d'intervalle. La seconde ligne montre une tumeur dont le volume réduit entre les examens (réalisés à 12 semaines d'intervalle).

naire. Les cas extrêmes d'apparition ou de disparition peuvent également se produire. La figure 5.7 illustre différents cas d'évolutions.

La construction du terme de pondération pour tenir compte de ces différents cas de figure doit vérifier les propriétés suivantes :

(i) Favoriser une attache aux données importante dans un voisinage de la segmentation réalisée pour l'image de l'examen de la date t_i .

En effet, que la tumeur ait augmenté ou diminué, les changements principaux ont eu lieu soit à l'extérieur de la tumeur à une distance raisonnable des contours, soit à l'intérieur de la tumeur.

(ii) Favoriser une régularisation plus importante loin des contours à l'extérieur de la segmentation réalisée pour l'image de l'examen de la date t_i .

Cela se justifie car on ne souhaite pas inclure de structures adjacentes à la tumeur loin des contours.

Finalement le terme de pondération doit être une fonction décroissante de la distance à la segmentation initiale pour respecter ces deux propriétés. L'allure générale

souhaitée est illustrée dans la figure 5.8.

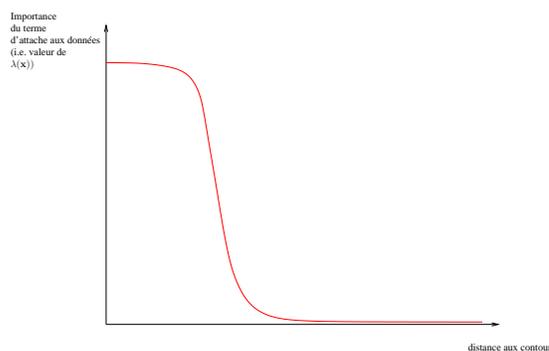


FIG. 5.8 – Allure souhaitée de la variation spatiale de λ en fonction de la distance au contour initial de la segmentation initiale.

Notons $D(\mathbf{x})$ la carte de distance à la tumeur, et son inverse par $D^{-1} \approx \frac{1}{D(\mathbf{x})+\epsilon}$ (ϵ est une constante petite servant à éviter la division par 0). Une fonction sigmoïde de D^{-1} permet d'approcher l'allure souhaitée de la courbe du paramètre $\lambda(\mathbf{x})$.

5.4 Tests et résultats

5.4.1 Détails de la procédure de segmentation sur un cas particuliers

La procédure complète de segmentation débute par la segmentation de la tumeur dans l'image de l'examen à la date t_1 à l'aide des images TEP-TDM par la méthode décrite dans le chapitre 2. Un exemple de résultat est montré sur la figure 5.9.

Puis la carte de distance au contour est évaluée et le terme de pondération de l'attache aux données est calculé (figure 5.10).

Enfin la segmentation de l'examen de la date t_2 est réalisée en minimisant la fonctionnelle (2.7). Un exemple de résultat est donné sur la figure 5.11. Les résultats présentés dans ce cas sont bons, les différences entre les tumeurs entre les deux examens étaient petites. Nous détaillons davantage le comportement de notre méthode dans la partie suivante. Si un autre examen à la date t_3 est réalisé, sa segmentation est réalisée à partir de la segmentation de l'examen à la date t_2 .

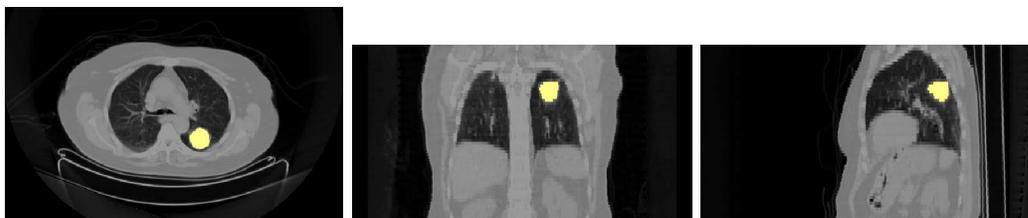


FIG. 5.9 – Résultat de segmentation pour l'examen initial à l'aide des modalités TEP et TDM avec la méthode du chapitre 2

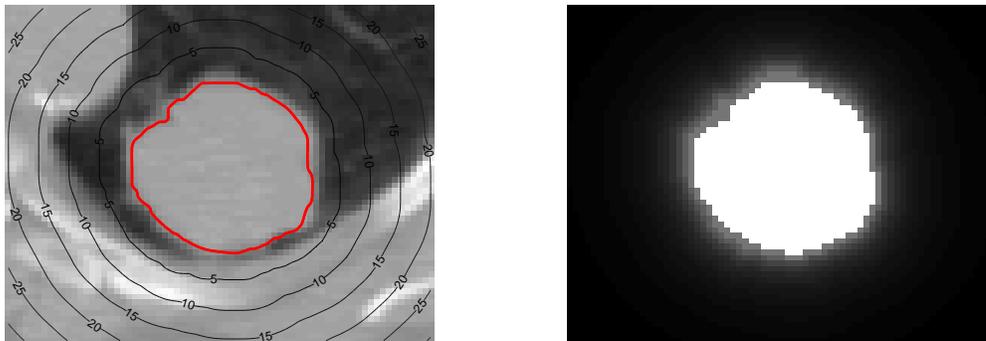


FIG. 5.10 – Exemple de carte de distance et de carte de pondération.

5.4.2 Différents exemples tests : résultats et commentaires

Nous avons testé la méthode de suivi précédente dans différents cas de figure : régression d'une tumeur, progression d'une tumeur et apparition d'une tumeur. Nous présentons dans cette partie les différents résultats obtenus.

Cas 1 : 2 examens avec une régression faible de la tumeur Ce cas correspond à l'exemple précédent qui a été présenté pour illustrer le déroulement complet de la méthode. Sur ce cas, l'évolution de la tumeur est très faible et les résultats donnés par notre algorithmes sont convaincants.

Cas 2 : 2 examens avec une régression forte de la tumeur Nous présentons ici un second cas de régression de tumeur. La régression est beaucoup plus importante que dans le cas précédent. En effet, entre les deux examens (espacés de 11 mois) la tumeur disparaît presque totalement comme cela est illustré sur la figure 5.12.

A partir de la segmentation de la tumeur dans l'image de l'examen à la date t_1 , l'image de l'examen réalisé au temps t_2 est segmentée. Nous obtenons les résultats présentés sur la figure 5.13. Pour obtenir de tels résultats, nous avons cherché la segmentation de la tumeur dans un masque du poumon. En effet la tumeur dans l'image t_1 étant extrêmement proche de la paroi du poumon, prendre une fonction décroissante de la fonction distance au contour de cette segmentation pour pondérer le poids de l'attache aux données sans utiliser de masque du poumon laisse la possibilité d'inclure dans la segmentation des zones intercostales d'intensité proche de celle de la tumeur. Qualitativement les résultats semblent corrects. Grâce à la décroissance de l'importance de l'attache aux données, les vaisseaux bordant la tumeur ne sont pas inclus dans la segmentation (cela est particulièrement visible sur la coupe présentée au centre de la figure 5.13). Néanmoins quelques voxels situés au-dessus de la tumeur n'ont pas été inclus dans la segmentation, à cause de leur distance trop grande par rapport à la segmentation initiale, alors qu'ils appartiennent probablement aux tissus tumoraux. En effet, malgré le recalage rigide, la tumeur apparaît plus « en avant » dans l'examen à la date t_2 que dans celui à la date t_1 : le masque de la tumeur de l'examen à la date t_1 ne recouvre pas entièrement la tumeur dans l'image de l'examen à la date t_2 .

!ht

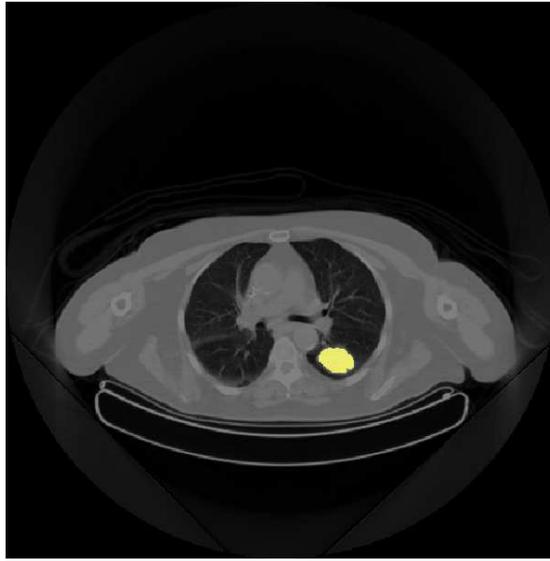
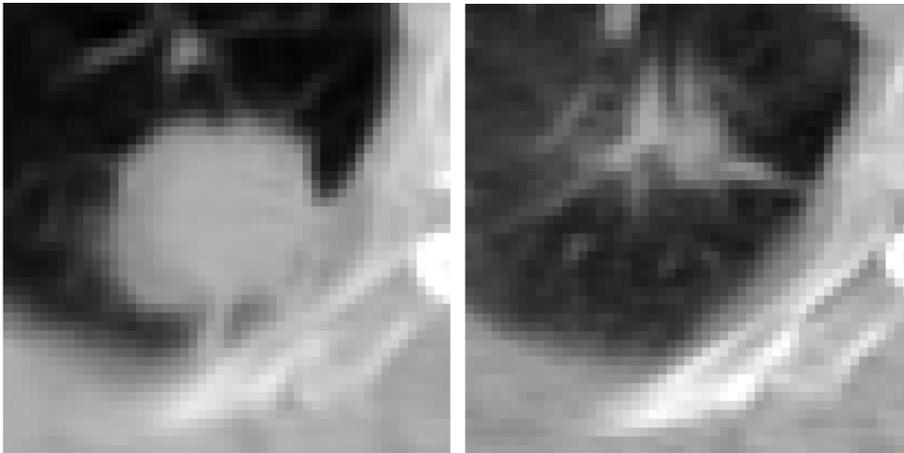
FIG. 5.11 – Segmentation de la tumeur sur l’examen à la date t_2 .

FIG. 5.12 – Régression d’une tumeur pulmonaire.

Pour ce patient, l’examen TEP a aussi été effectué lors de l’examen à la date t_2 . Cependant, comme cela est illustré sur la figure 5.14 la tumeur ne « répond » plus dans l’examen TEP. Dans un tel cas de figure, la méthode développée au chapitre 2 ne peut pas être mise en œuvre. Aucune comparaison ne peut alors être effectuée entre les deux méthodes.

Cas 3 : 5 examens avec une régression de la tumeur Nous traitons ici le cas du suivi d’un patient pendant 5 examens. Globalement, le volume tumoral réduit entre les examens. Cette série d’examens est présentée sur la figure 5.15.

Comme précédemment un recalage rigide est effectué de l’image t_i sur l’image t_{i+1} et la segmentation de l’image de l’examen t_1 (figure 5.16) est réalisée à partir de l’examen TEP-TDM. Ensuite chaque image t_{i+1} est segmentée en utilisant les informations de la

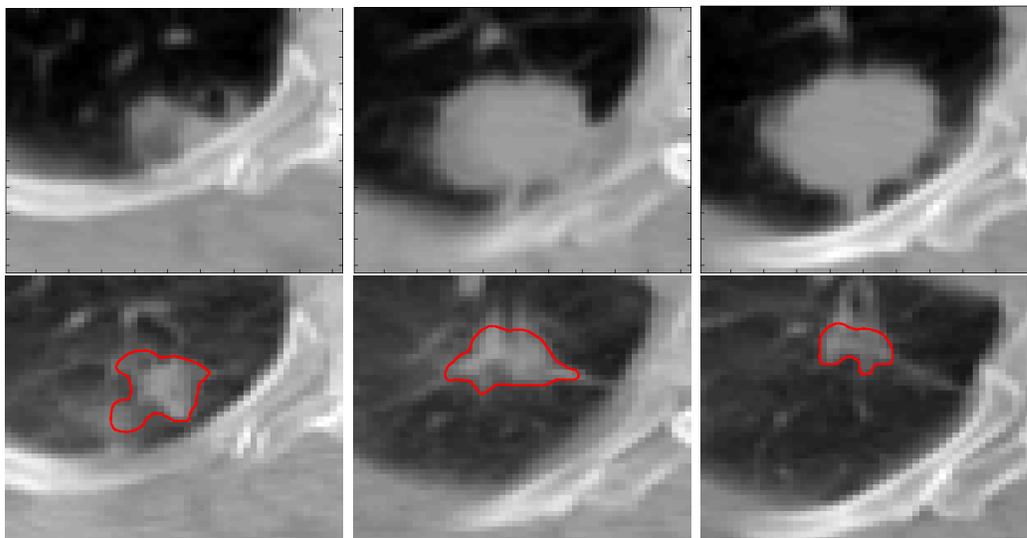


FIG. 5.13 – Segmentation (montrée sur 3 coupes axiales) de l'image du second examen (deuxième ligne) à partir de la segmentation de l'image du premier examen (première ligne).

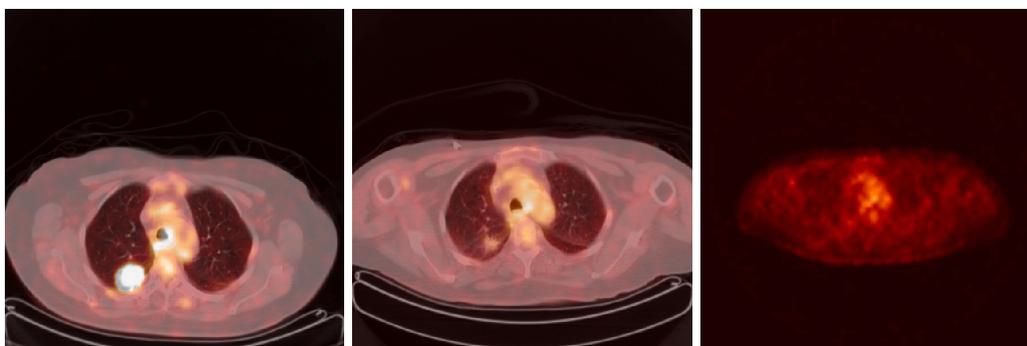


FIG. 5.14 – De gauche à droite : superposition des images TEP-TDM de l'examen à la dates t_1 , superposition des images TEP-TDM de l'examen à la dates t_2 , image TEP seule de l'examen à la date t_2 . A l'examen à la date t_2 , la tumeur ne répond plus en TEP.

segmentation de l'image t_i .

La figure 5.17 montre le résultat de la segmentation de la tumeur dans l'examen réalisé à la date t_2 . Visuellement ce résultat semble satisfaisant. Cependant une zone à l'avant de la trachée a été incluse vraisemblablement à tort dans la tumeur (cela se remarque davantage sur la coupe axiale). La vue coronale montre des irrégularités en bas de la tumeur correspondant à des vaisseaux pulmonaires. En superposant avec le contour de la tumeur au temps t_1 , on voit que cela peut s'expliquer par la construction du terme d'attache aux données qui apporte une pondération maximale dans la zone contenant les irrégularités.

La figure 5.18 montre le résultat de la segmentation de la tumeur dans l'examen réalisé à la date t_3 . A nouveau, ce résultat semble visuellement satisfaisant. Néanmoins les mêmes observations que pour l'examen à t_2 peuvent être faites ici, concernant les zones à l'avant de la trachée et sur l'irrégularité qui peut être observée sur le bas de la tumeur peuvent

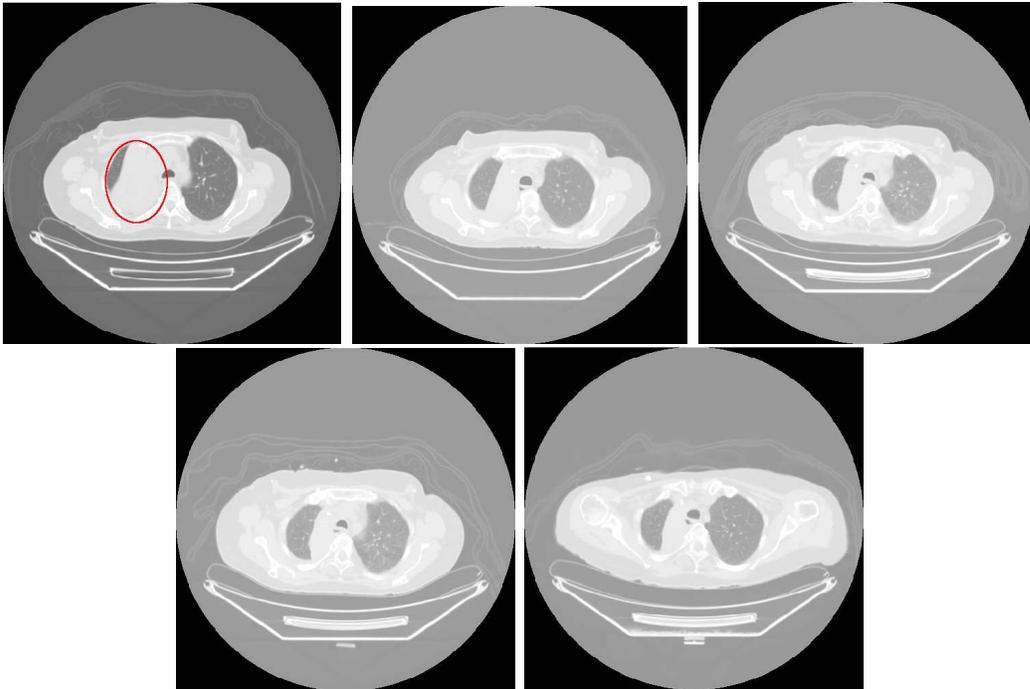


FIG. 5.15 – Evolution d’une tumeur : 5 examens ont été réalisés à environ 12 semaines d’intervalle (la tumeur est entourée en rouge sur l’image du premier examen).

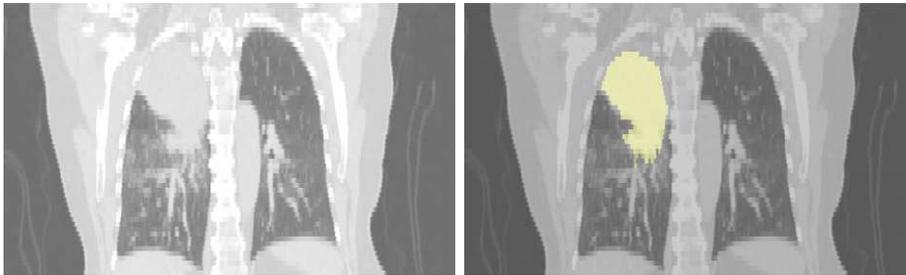


FIG. 5.16 – Segmentation de la tumeur dans l’image de l’examen de la date t_1 .

être faites ici.

La figure 5.19 montre le résultat de la segmentation de la tumeur dans l’examen réalisé à la date t_4 . La tumeur n’évolue que très peu entre ces deux examens : les segmentations obtenues pour t_3 et t_4 sont très proches.

La segmentation pour le dernier examen, à t_5 , est montrée sur la figure 5.20. Les mêmes conclusions que pour les deux examens (t_2 et t_3) peuvent être tirées, en particulier pour la partie de la trachée incluse à tort dans la zone tumorale. Pour ces 4 segmentations (t_2 à t_4), nous n’avons jamais corrigé manuellement une des segmentations intermédiaires pour réaliser la segmentation suivante. Une correction de la segmentation de la tumeur dans l’examen à la date t_3 aurait probablement permis d’améliorer les segmentations pour les examens des dates t_4 et t_5 .



FIG. 5.17 – Segmentation de la tumeur à t_2 . Vue axiale et vue coronale. La dernière image représente la segmentation (en rouge) de la tumeur à t_2 superposée avec la segmentation de la tumeur à t_1 .



FIG. 5.18 – Segmentation de la tumeur à t_3 . Vue axiale et vue coronale. La dernière image représente la segmentation (en rouge) de la tumeur à t_3 superposée avec la segmentation de la tumeur à t_2 (en vert).

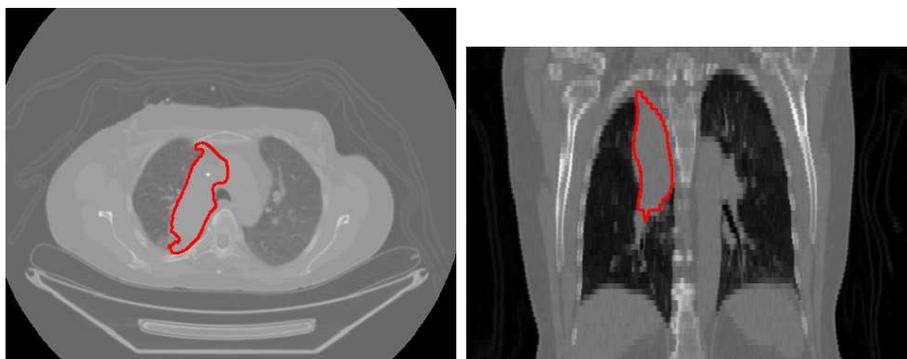


FIG. 5.19 – Segmentation de la tumeur à t_4 . Vue axiale et vue coronale.

Cas 4 : 2 examens avec une progression de la tumeur Nous présentons à présent le cas inverse, c'est-à-dire celui d'une tumeur qui progresse fortement entre deux examens réalisés à 14 semaines d'intervalle. Les images TDM correspondantes sont présentées sur la figure 5.21.

Le résultat obtenu dans ce cas est moins bon que pour les cas précédents. En effet, comme cela est illustré sur la figure 5.22, la tumeur dans l'examen à la date t_1 étant très petite par rapport à celle de l'examen à la date t_2 , le terme de pondération « empêche » la segmentation de recouvrir toute la tumeur. L'examen TEP avait été réalisé ici aux deux examens. A titre de comparaison, la figure 5.22 montre également la segmentation obtenue en utilisant l'algorithme décrit au chapitre 2.

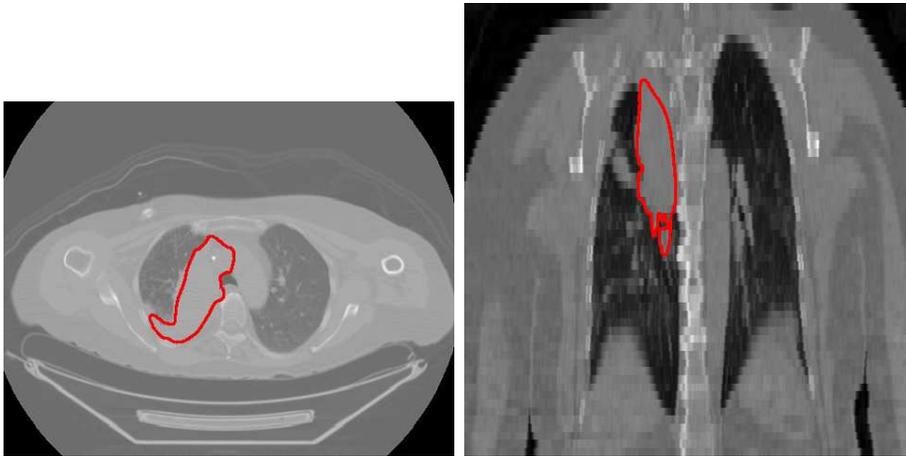


FIG. 5.20 – Segmentation de la tumeur à t_5 . Vue axiale et vue coronale.

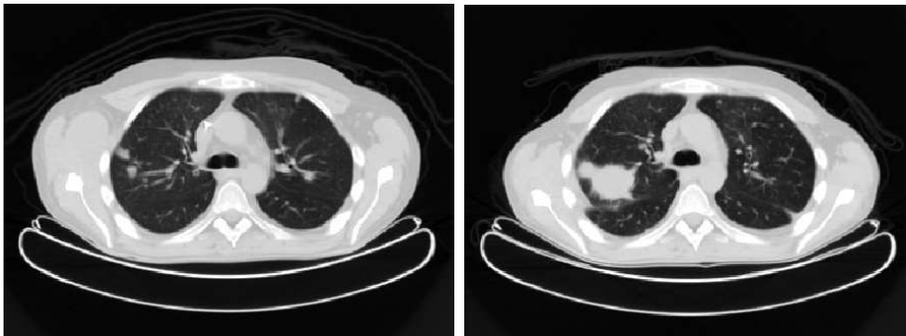


FIG. 5.21 – Exemple d'une progression importante d'une tumeur entre deux examens réalisés à 14 semaines d'intervalle.

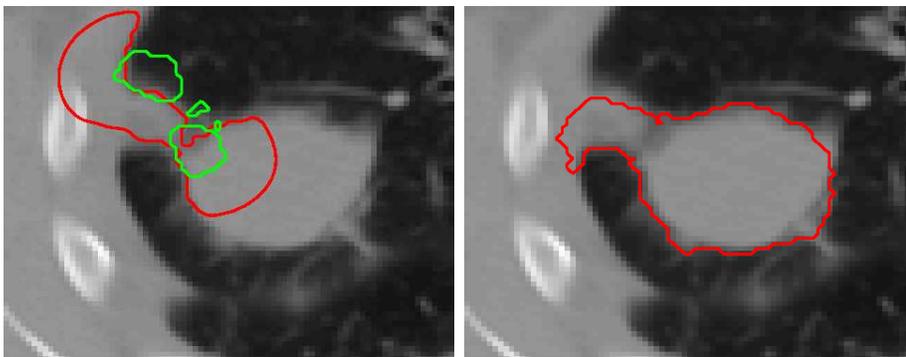


FIG. 5.22 – Progression importante de la tumeur. La première image représente la segmentation obtenue avec notre algorithme de suivi (en rouge) et la segmentation de l'examen à la date t_1 (en vert). La seconde représente la segmentation obtenue avec l'algorithme utilisant l'image TEP décrit au chapitre 2.

Cas 5 : Apparition d'une tumeur L'apparition d'une tumeur est un cas difficile qui ne peut pas être pris en compte par notre algorithme tel qu'il est construit. En effet, si une nouvelle tumeur apparaît, en plus du problème de sa détection, nous ne possédons aucune

information pour pondérer l'attache aux données.

5.5 Conclusion

Dans ce chapitre nous nous sommes volontairement limités à un cadre de travail très précis. En effet, ce chapitre, plus prospectif que les précédents, présente une possibilité d'adaptation du cadre de travail utilisé jusqu'alors pour apporter une réponse au problème du suivi de l'évolution de pathologies au cours du temps. Le problème de *suivi* a été traité comme un problème de segmentation de tumeur dans des examens réalisés à des dates $t_i, i > 1$ en connaissant la segmentation de la tumeur à la date t_1 . Réaliser ces segmentations permet, entre autres, d'évaluer les variations de volume des tumeurs entre les différentes dates ou d'évaluer assez rapidement d'autres critères, plus proches des critères RECIST, comme le diamètre maximal de la tumeur, ou encore de déterminer les directions privilégiées d'évolution.

Dans des cas d'évolution modérée des tumeurs, l'approche proposée permet d'obtenir des résultats de segmentations satisfaisants. En revanche, dans des cas de changements très importants, la qualité des résultats est plus discutable. Dans les cas de grands changements la prise en compte des informations fournies par la carte de différence entre les examens pourrait permettre de construire un terme de pondération plus adapté.

De plus certains cas particuliers comme l'apparition de tumeurs ne sont pas du tout pris en compte dans l'approche proposée.

Conclusion

Conclusion générale

Dans cette thèse nous avons proposé différentes stratégies de segmentation pour des tumeurs ou des lymphomes dans des images TDM et TEP et pour des organes dans des images TDM. Nos algorithmes s'appuient sur les formulations variationnelles de [Bresson et al., 2007; Mory et Ardon, 2007] qui n'ont jusqu'alors peu été utilisées en imagerie médicale. Ces approches se sont révélées pertinentes car elles permettent de construire des fonctionnelles avec un assez large choix de termes d'attache aux données et d'utiliser des algorithmes de minimisation rapides. Le choix du terme d'attache aux données se révèle être un point clé de la réussite d'une segmentation dans la mesure où il permet de prendre au mieux en compte les caractéristiques, connues a priori, de l'image à segmenter. Ainsi, tout au long de la thèse nous avons essayé de mettre à profit a maxima les informations a priori qui peuvent être fournies par les images. Cette stratégie s'adapte particulièrement bien pour les images médicales. En effet une image médicale constitue un monde clos et, même si cela peut être nuancé par la présence de pathologies ou par des variations anatomiques normales, on s'attend toujours à trouver les mêmes structures dans les différentes images.

Dans la partie consacrée à la segmentation multimodale, nous nous sommes attachés à mettre à profit une information a priori provenant de l'image TEP pour la segmentation de l'image TDM. En effet, une pondération entre le terme de régularité et le terme d'attache aux données, variant spatialement, a été construit en utilisant les variations d'intensité des images TEP. Cette stratégie nous a permis d'obtenir des résultats satisfaisants : nous avons pu segmenter précisément des tumeurs dans des images TDM et bien les séparer de leurs structures voisines, comme les vaisseaux sanguins, aux intensités pourtant proches. L'approche que nous avons proposée est intéressante car elle donne des rôles différents aux modalités TEP et TDM et elle permet d'obtenir des segmentations précises dans les images TDM qui est considérée comme la modalité de référence par les radiothérapeutes.

Dans le chapitre dédié à la segmentation des organes à risque dans les images TDM nous avons choisi de compenser le manque d'informations données par l'image elle-même en ajoutant des connaissances a priori sur la forme des organes à segmenter. Nous avons choisi de décrire les formes par leurs moments de Legendre et nous avons ajouté un terme dans la fonctionnelle pénalisant l'écart entre les moments. La description de la forme par des moments de Legendre nous a permis de nous affranchir d'une étape d'alignement des formes explicites et de ne décrire que des caractéristiques globales des formes (pour autoriser des variations anatomiques normales) en ne travaillant que sur un ordre maximal des moments relativement faible. Des résultats encourageants ont été obtenus pour la segmentation du cœur dans des images TDM faiblement contrastées. D'autres résultats, plus difficiles à évaluer ont également été présentés pour la segmentation de l'aorte.

Nous avons ensuite proposé un cadre général pour la segmentation du thorax dans

des images TDM. Nous avons profité de la stabilité des intensités dans les images TDM pour construire un cadre de segmentation prenant en compte les distributions d'intensité typiques de chaque organe pour la construction de termes d'attache aux données adaptés. Nous avons représenté l'anatomie du thorax par un arbre d'inclusion qui permet de décrire les structures du thorax, d'une part en termes d'inclusion des unes dans les autres (lecture verticale de l'arbre), et d'autre part en termes de séparation de fonctions de densité de probabilités des intensités observées entre les structures (lecture horizontale de l'arbre). Cette approche permet, en réalisant des segmentations successives, de définir des zones de recherche de plus en plus limitées pour les segmentations suivantes. Les segmentations obtenues dans cette partie ont en outre permis d'aider à contraindre les domaines de recherche pour les segmentations des tumeurs et des organes à risques.

Dans la dernière partie, consacrée au suivi temporel des pathologies, nous avons proposé un cadre de travail proche de celui présenté pour la segmentation multimodale. L'information a priori que nous avons voulu exploiter ici est celle donnée par la segmentation de la tumeur dans l'image l'examen initial pour réaliser des segmentations dans les images TDM des examens suivants. Des résultats préliminaires ont été obtenus sur des images avec différents types d'évolution de tumeurs.

Perspectives

Plusieurs perspectives se dégagent de nos travaux. A très court terme une validation plus poussée des méthodes de segmentation TEP-TDM, en particulier sur des lymphomes, dans une plus grande quantité d'images est souhaitable. Plus généralement cette étape de validation pourrait être étendue pour chacune des méthodes de segmentation proposées. En effet, pour les organes à risque, notre méthode pourrait être testée et validée pour un plus grand nombre de cas pour le cœur et pour une plus grande variété d'organes. La segmentation complète du thorax pourrait également être validée plus systématiquement sur un plus grand nombre de cas. Dans cette perspective, deux aspects sont à prendre en compte : pour chacun des organes principaux, par exemple les poumons ou la trachée, la qualité de la segmentation doit être mesurée, et globalement pour chacune des images testées, le bon déroulement de la chaîne complète de segmentation doit également être pris en compte comme critère d'évaluation. Pour le suivi longitudinal, en plus de ces perspectives de validation solide, un prolongement immédiat du travail réalisé est de proposer une analyse ou un « résumé » des changements observés en mesurant la variation de volume et la variation du plus grand diamètre entre les différents examens et en décrivant les directions privilégiées du changement.

A moyen et long terme, d'autres perspectives se dégagent.

Concernant la segmentation avec contrainte de forme, la caractérisation de la forme par ses moments de Legendre présente plusieurs avantages de compacité de description de la forme et de possibilité de description « hiérarchique » des niveaux de détails. Cependant la manière que nous avons choisie pour représenter la contrainte de forme fait perdre les avantages de rapidité du modèle de [Bresson et al., 2007; Mory et Ardon, 2007]. Un travail plus méthodologique pour mieux y inclure des contraintes de forme et élaborer des algorithmes rapides de minimisation serait intéressant à mener.

Pour la représentation hiérarchique du thorax, nous pourrions aller plus loin dans les niveaux de détail de l'arbre. En particulier au niveau des poumons, on pourrait essayer

de détailler la séparation des lobes en s'aidant du réseau vasculaire et de la forme a priori plane des lobes.

Pour le suivi, la construction du terme de pondération spatiale pourrait être affinée en prenant en compte des informations issues de la carte de distance dans un voisinage de la tumeur à la date t . Cela permettrait en particulier de savoir dans quel sens autour du contour orienter la décroissance de la pondération de l'attache aux données en fonction du signe de l'image de différence et plus généralement de donner des critères pour choisir l'importance de la pente de la décroissance.

Bibliographie

- G. Agam, S. G. Armato, et C. Wu. Vessel Tree Reconstruction in Thoracic CT Scans With Application to Nodule Detection. *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 24(4): 486–499, Avril 2005.
- B. Al-Diri, A. Hunter, et D. Steel. An active contour model for segmenting and measuring retinal vessels. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 28(9):1488 –1497, sep. 2009.
- A. Albert Huang, R. Abugharbieh, et R. Tam. A hybrid geometric and statistical deformable model for automated 3-d segmentation in brain mri. *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on*, 56(7):1838 –1848, jul. 2009.
- R. D. Ambrosini, P. Wang, et W. G. O’Dell. Volume change determination of metastatic lung tumors in CT images using 3-D template matching. Dans *Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference Series*, volume 7260 of *Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference Series*, Fev. 2009.
- E. Angelini, R. Otsuka, S. Homma, et A. Laine. Comparison of ventricular geometry for two real time 3D ultrasound machines with three dimensional level set. Dans *Biomedical Imaging: Nano to Macro, 2004. IEEE International Symposium on*, pages 1323 – 1326 Vol. 2, apr. 2004.
- E. D. Angelini et Y. Jin. *Handbook of Biomedical Image Analysis*, chapter State-of-Art of Levelset Methods in Segmentation and Registration of Medical Imaging Modalities, pages 47–102. Kluwer Academic, 2005.
- E. D. Angelini, T. Song, et A. Laine. Homogeneity measures for multiphase level set segmentation of brain MRI. Dans *Biomedical Imaging: Nano to Macro, 2006. 3rd IEEE International Symposium on*, pages 746 –749, apr. 2006.
- P. Annangi, S. Thiruvankadam, A. Raja, H. Xu, X. Sun, et L. Mao. A region based active contour method for X-ray lung segmentation using prior shape and low level features. Dans *Biomedical Imaging: From Nano to Macro, 2010 IEEE International Symposium on*, pages 892 –895, 2010.
- J. Anquez, E. D. Angelini, et I. Bloch. Segmentation of fetal 3D ultrasound based on statistical prior and deformable model. Dans *ISBI*, pages 17–20. IEEE, 2008.
- S. Armato, M. Giger, et H. MacMahon. Automated detection of lung nodules in CT scans: preliminary results. *Medical physics*, 28(8):1552–1561, August 2001.
- S. G. Armato et W. F. Sensakovic. Automated lung segmentation for thoracic CT: impact on computer-aided diagnosis¹. *Academic Radiology*, 11(9):1011–1021, Sept. 2004.
-

- H. Ashamalla, S. Rafla, K. Parikh, B. Mokhtar, G. Goswami, S. Kambam, H. Abdel-Dayem, A. Guirguis, P. Ross, et A. Evola. The contribution of integrated PET/CT to the evolving definition of treatment volumes in radiation treatment planning in lung cancer. *International Journal of Radiation Oncology Biology Physics*, 63(4):1016 – 1023, 2005.
- J. Atif. *Recalage non-rigide multimodal des images radiologiques par information mutuelle quadratique normalisée*. PhD thesis, Université de Paris XI - Orsay, 2004.
- C. Baillard, C. Barillot, et P. Bouthemy. Robust Adaptive Segmentation of 3D Medical Images with Level Sets, Nov. 2000.
- C. Baillard, P. Hellier, et C. Barillot. Segmentation of brain 3D MR images using level sets and dense registration. *Medical Image Analysis*, 5(3):185 – 194, 2001.
- J. Ball et L. Bruce. Level set-based core segmentation of mammographic masses facilitating three stage (core, periphery, spiculation) analysis. Dans *Engineering in Medicine and Biology Society, 2007. EMBS 2007. 29th Annual International Conference of the IEEE*, pages 819 –824, aug. 2007.
- Ballangan, Xiuying, Dagan, Eberl, et Fulham. Lung segmentation and tumor detection from CT thorax volumes of FDG PET-CT scans by template registration and incorporation of functional information. Dans *Nuclear Science Symposium Conference Record, 2008. NSS '08. IEEE*, pages 5349 –5353, Oct. 2008.
- C. M. Bishop. *Neural Networks for Pattern Recognition*. Clarendon Press, Oxford, 1995.
- Q. C. Black, I. S. Grills, L. L. Kestin, C.-Y. O. Wong, J. W. Wong, A. A. Martinez, et D. Yan. Defining a radiotherapy target with positron emission tomography. *International Journal of Radiation Oncology*Biological*Physics*, 60(4):1272 – 1282, 2004.
- I. Bloch, O. Colliot, et R. M. C. Junior. On the Ternary Spatial Relation "between". *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part B*, 36(2):312–327, 2006.
- Y. Y. Boykov et G. Funka-Lea. Graph Cuts and Efficient N-D Image Segmentation. *International Journal of Computer Vision*, 70(2):109–131, Nov. 2006.
- Y. Y. Boykov et M. P. Jolly. Interactive Graph Cuts for Optimal Boundary and Region Segmentation of Objects in N-D Images. Dans *International Conference on Computer Vision*, pages I: 105–112, 2001.
- X. Bresson, P. Vandergheynst, et J.-P. Thiran. A priori information in image segmentation: energy functional based on shape statistical model and image information. Dans *ICIP (3)*, pages 425–428, 2003.
- X. Bresson, S. Esedoglu, P. Vandergheynst, J. P. Thiran, et S. J. Osher. Fast Global Minimization of the Active Contour/Snake Model. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 28(2):151–167, Juin 2007.
- P. Brigger, J. Hoeg, et M. Unser. B-Spline Snakes: A Flexible Tool for Parametric Contour Detection. *IEEE Trans. Image Processing*, 9(9):1484–1496, Sept. 2000.
-

-
- M. Brown, M. McNitt-Gray, N. Mankovich, J. Goldin, J. Hiller, L. Wilson, et D. Aberie. Method for segmenting chest CT image data using an anatomical model: preliminary results. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(6):828–839, 1997.
- I. Buvat. Les limites du SUV. *Médecine Nucléaire*, 31(4):165–172, 2007. 9^e Conférence Internationale de l'ACOMEN - L'instrumentation en Médecine Nucléaire.
- O. Camara, O. Colliot, et I. Bloch. Computational modeling of thoracic and abdominal anatomy using spatial relationships for image segmentation. *Real-Time Imaging*, 10(4):263–273, Août. 2004.
- V. Caselles, R. Kimmel, et G. Sapiro. Geodesic Active Contours. *International Journal of Computer Vision*, 22:61–79, 1997.
- A. Chambolle. An Algorithm for Total Variation Minimization and Applications. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 20(1-2):89–97, 2004.
- T. F. Chan et L. A. Vese. Active contours without edges. *IEEE Transaction on Image Processing*, 10(2):266–277, 2001.
- T. F. Chan, B. Y. Sandberg, et L. A. Vese. Active contours without edges for vector-valued images. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 11(2):130–141, Juin 2000.
- T. F. Chan, S. Esedoğlu, et M. Nikolova. Algorithms for finding global minimizers of image segmentation and denoising models. *SIAM J. Appl. Math.*, 66(5):1632–1648, 2006. ISSN 0036-1399.
- G. Chen, L. Gu, L. Qian, et J. Xu. An improved level set for liver segmentation and perfusion analysis in mris. *Information Technology in Biomedicine, IEEE Transactions on*, 13(1):94–103, jan. 2009.
- C. Ciofolo et C. Barillot. Atlas-based segmentation of 3D cerebral structures with competitive level sets and fuzzy control. *Medical Image Analysis*, 13(3):456–470, 2009.
- O. Colliot, T. Mansi, P. Besson, N. Bernasconi, et A. Bernasconi. Improved segmentation of focal cortical dysplasia lesions on MRI using expansion towards cortical boundaries. Dans *ISBI*, pages 323–326. IEEE, 2006.
- O. Commowick, R. Stefanescu, P. Fillard, V. Arsigny, N. Ayache, X. Pennec, et G. Malandain. Incorporating Statistical Measures of Anatomical Variability in Atlas-to-Subject Registration for Conformal Brain Radiotherapy. Dans J. S. Duncan et G. Gerig, editors, *MICCAI (2)*, volume 3750 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 927–934. Springer, 2005.
- W. Crum, L. Griffin, D. Hill, et D. Hawkes. Zen and the art of medical image registration: correspondence, homology, and quality. *NeuroImage*, 20(3):1425–1437, 2003.
- J.-F. Daisne. *Multi-Modality Imaging in Planning Patients with Head and Neck Squamous Cell Carcinomas : Myths and Reality*. PhD thesis, Université Catholique de Louvain, 2005.
-

- J. Dehmeshki, H. Amin, M. Valdivieso, et X. Ye. Segmentation of Pulmonary Nodules in Thoracic CT Scans: A Region Growing Approach. *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 27(4):467–480, Avril 2008.
- A. Dempster, N. Laird, et D. Rubin. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Proceedings of the Royal Statistical Society*, B-39:1–38, 1977.
- I. Dindoyal, T. Lambrou, J. Deng, C. F. Ruff, A. D. Linney, C. H. Rodeck, et A. Todd-Pokropek. Level set segmentation of the fetal heart. Dans A. Frangi, P. Radeva, A. Santos, et M. Hernandez, editors, *Functional Imaging and Modeling of the Heart*, volume 3504 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 123–132. Springer Berlin / Heidelberg, 2005.
- G. Dugas-Phocion, M. Á. G. Ballester, G. Malandain, N. Ayache, C. Lebrun, S. Chanalet, et C. Bensa. Hierarchical segmentation of multiple sclerosis lesions in multi-sequence MRI. Dans *ISBI*, pages 157–160. IEEE, 2004.
- I. Dydenko, F. Jamal, O. Bernard, J. D’hooge, I. E. Magnin, et D. Friboulet. A level set framework with a shape and motion prior for segmentation and region tracking in echocardiography. *Medical Image Analysis*, 10(2):162 – 177, 2006.
- I. El Naqa, D. Yang, et J. O. Deasy. Automated estimation of the biophysical target for radiotherapy treatment planning using multimodality image analysis. Dans *International Conference on Image Processing*, pages V: 533–536, 2007.
- L. Fan, J. Qian, B. Odry, H. Shen, D. Naidich, G. Kohl, et E. Klotz. Automatic segmentation of pulmonary nodules by using dynamic 3-D cross correlation for interactive CAD systems. Dans *Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference Series*, volume 4684, pages 1362–1369, 2002.
- S. L. Faria, S. Menard, S. Devic, C. Sirois, L. Souhami, R. Lisbona, et C. R. Freeman. Impact of FDG-PET/CT on radiotherapy volume delineation in non-small-cell lung cancer and correlation of imaging stage with pathologic findings. *International Journal of Radiation Oncology Biology Physics*, 70(4):1035 – 1038, 2008.
- J.-B. Fasquel, V. Agnus, J. Moreau, L. Soler, et J. Marescaux. An interactive medical image segmentation system based on the optimal management of regions of interest using topological medical knowledge. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 82(3):216–230, 2006.
- C. I. Fetita, F. J. Prêteux, C. Beigelman-Aubry, et P. Grenier. 3D Automated Lung Nodule Segmentation in HRCT. Dans R. E. Ellis et T. M. Peters, editors, *MICCAI (1)*, volume 2878 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 626–634. Springer, 2003. ISBN 3-540-20462-8.
- I. Figueiredo, P. Figueiredo, G. Stadler, O. Ghattas, et A. Araujo. Variational image segmentation for endoscopic human colonic aberrant crypt foci. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 29(4):998 –1011, apr. 2010.
- A. Foulonneau, P. Charbonnier, et F. Heitz. Affine-Invariant Geometric Shape Priors for Region-Based Active Contours. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 28(8):1352–1357, Août. 2006.
-

-
- M. Gastaud, M. Barlaud, et G. Aubert. Combining shape prior and statistical features for active contour segmentation. *IEEE Transaction on Circuits and Systems for Video Technology*, 14(5):726–734, Mai 2004.
- S. Geman et D. Geman. Stochastic Relaxation, Gibbs Distributions, and the Bayesian Restoration of Images. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 6(6):721–741, Nov. 1984.
- G. Gerig, M. Styner, D. Jones, D. Weinberger, et J. Lieberman. Shape Analysis of Brain Ventricles Using SPHARM. Dans *Workshop on Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis*, pages 171–178, 2001.
- P. Giraud, S. Elles, S. Helfre, Y. D. Rycke, V. Servois, M.-F. Carette, C. Alzieu, P.-Y. Bondiau, B. Dubray, E. Touboul, M. Housset, J.-C. Rosenwald, et J.-M. Cosset. Conformal radiotherapy for lung cancer: different delineation of the gross tumor volume (GTV) by radiologists and radiation oncologists. *Radiotherapy and Oncology*, 62(1):27–36, 2002.
- R. Goldenberg, R. Kimmel, E. Rivlin, et M. Rudzsky. Cortex segmentation: a fast variational geometric approach. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 21(12):1544–1551, dec. 2002.
- H. Grubben, P. Miller, G. G. Hanna, K. J. Carson, et A. R. Hounsell. MAP-MRF segmentation of lung tumours in PET/CT image. Dans *International Symposium on Biomedical Imaging*, pages 290–293, 2010.
- C. Guilpin. *Manuel de calcul numérique appliqué*. EDP Sciences, 1999.
- S. Guo et X. Wu. Automatic Segmentation and Quantitative Diagnosis Pulmonary Parenchyma in Thoracic CT. Dans *ICBBE*, 2007.
- M. Hernandez et A. F. Frangi. Non-parametric geodesic active regions: Method and evaluation for cerebral aneurysms segmentation in 3DRA and CTA. *Medical Image Analysis*, 11(3):224–241, 2007.
- D. L. G. Hill, P. G. Batchelor, M. Holden, et D. J. Hawkes. Medical image registration. *Physics in Medicine and Biology*, 46(3):R1, 2001.
- X. Hong, S. McClean, B. Scotney, et P. Morrow. Model-based segmentation of multimodal images. Dans *Computer Analysis of Images and Patterns*, pages 604–611, 2007.
- K. M. Hosny. Exact Legendre moment computation for gray level images. *Pattern Recognition*, 40(12):3597–3605, Dec. 2007.
- K. M. Hosny. Refined translation and scale Legendre moment invariants. *Pattern Recognition Letters*, 31(7):533–538, 2010.
- S. Hu, E. A. Hoffman, et J. M. Reinhardt. Automatic lung segmentation for accurate quantitation of volumetric X-ray CT images. *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 20(6):490–498, Juin 2001.
- ICRU. ICRU Report 50, Prescribing, recording and reporting photon beam therapy. Report technique, International Commission on Radiation Units and Measurement, 1993a.
-

- ICRU. ICRU Report 62, Prescribing, recording and reporting photon beam therapy (supplement to ICRU Report 50). Rapport technique, International Commission on Radiation Units and Measurement, 1993b.
- V. Israel-Jost, E. Breton, E. D. Angelini, P. Choquet, I. Bloch, et A. Constantinesco. Vectorial multi-phase mouse brain tumor segmentation in T1-T2 MRI. Dans *ISBI*, pages 5–8. IEEE, 2008a.
- V. Israel-Jost, J. Darbon, E. Angelini, et I. Bloch. Algorithms for finding global minimizers of image segmentation and denoising models. Rapport technique, UCLA CAM Report 08-75, 2008b.
- I. Jafar, H. Yhing, A. Shields, et O. Muzik. Computerized detection of lung tumors in PET/CT images. Dans *Engineering in Medicine and Biology Society, 2006. EMBS '06. 28th Annual International Conference of the IEEE*, pages 2320–2323, 2006.
- N. Joshi, S. Bond, et M. Brady. The segmentation of colorectal MRI images. *Medical Image Analysis*, 14(4):494–509, 2010.
- J. Kalpathy-Cramer, U. Ozertem, W. Hersh, M. Fuss, et D. Erdogmus. Semi-supervised segmentation using non-parametric snakes for 3D-CT applications in Radiation Oncology. Dans *Machine Learning for Signal Processing, 2008. MLSP 2008. IEEE Workshop on*, pages 109–114, 2008.
- M. Kass, A. Witkin, et D. Terzopoulos. Snakes: Active contour models. *International Journal of Computer Vision*, 1(4):321–331, 1988.
- Y. Kawata, N. Niki, H. Ohmatsu, M. Kusumoto, R. Kakinuma, K. Mori, H. Nishiyama, K. Eguchi, M. Kaneko, et N. Moriyama. Analysis of Pulmonary Nodule Evolutions Using a Sequence of Three-Dimensional Thoracic CT Images. Dans *MICCAI*, volume 2201 of *LNCS*, pages 103–110, 2001.
- H. Khotanlou, O. Colliot, J. Atif, et I. Bloch. 3D brain tumor segmentation in MRI using fuzzy classification, symmetry analysis and spatially constrained deformable models. *Fuzzy Sets and Systems*, 160(10):1467–1473, 2009.
- W. J. Kostis, A. P. Reeves, D. F. Yankelevitz, et C. I. Henschke. Three-Dimensional Segmentation and Growth Rate Estimation of Small Pulmonary Nodules in Helical CT Images. *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 22(10):1259–1274, 2003.
- J. M. Kuhnigk, V. Dicken, L. Bornemann, A. Bakai, D. Wormanns, S. Krass, et H. O. Peitgen. Morphological Segmentation and Partial Volume Analysis for Volumetry of Solid Pulmonary Lesions in Thoracic CT scans. *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 25(4):417–434, Avril 2006.
- S. Kurugol, J. Dy, G. Sharp, et D. Brooks. 3D level set esophagus segmentation in thoracic ct images using spatial, appearance and shape models. Dans *Biomedical Imaging: From Nano to Macro, 2010 IEEE International Symposium on*, pages 444–447, apr. 2010.
- J. Lai et M. Ye. Active contour based lung field segmentation. Dans *Intelligent Human-Machine Systems and Cybernetics, 2009. IHMSC '09. International Conference on*, volume 1, pages 288–291, 2009.
-

-
- Y. N. Law, H. K. Lee, et A. M. Yip. A Multiresolution Stochastic Level Set Method for Mumford-Shah Image Segmentation. *IEEE Transaction on Image Processing*, 17(12): 2289–2300, Dec. 2008.
- F. Lecellier, J. Fadili, S. J. Besson, M. Revenu, et G. Aubert. Region-based active contours and sparse representations for texture segmentation. Dans *ICPR*, pages 1–4, 2008a.
- F. Lecellier, S. Jehan-Besson, J. Fadili, G. Aubert, M. Revenu, et E. Saloux. Region-based active contour with noise and shape priors, may 2008b. *ICIP 2006*.
- F. Lecellier, J. Fadili, S. Jehan-Besson, G. Aubert, M. Revenu, et E. Saloux. Region-based active contours with exponential family observations. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 36:28–45, 2010.
- J. Lecoœur, S. P. Morrissey, J. C. Ferré, D. Arnold, D. L. Collins, et C. Barillot. Multiple Sclerosis Lesions Segmentation using Spectral Gradient and Graph Cuts. Dans *Medical Image Analysis on Multiple Sclerosis (validation and methodological issues)*, 2008.
- J. Lecoœur, J.-C. Ferré, et C. Barillot. Segmentation multimodale optimale par coupe de graphe multispectral : applications aux lésions de sclérose en plaques en IRM. Dans *17ème Congrès francophone sur la Reconnaissance des Formes et l'Intelligence Artificielle (RFIA 2010)*, 2010.
- Y. Lee, T. Hara, H. Fujita, S. Itoh, et T. Ishigaki. Automated detection of pulmonary nodules in helical CT images based on an improved template-matching technique. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(7):595–604, 2001.
- M. E. Leventon. *Statistical Models in Medical Image Analysis*. PhD thesis, Massachusetts Institute of Technology, 2000.
- M. E. Leventon, W. E. L. Grimson, et O. D. Faugeras. Statistical shape influence in geodesic active contours. Dans *CVPR*, pages I: 316–323, 2000.
- J. Liang, T. McInerney, et D. Terzopoulos. United Snakes. *Medical Image Analysis*, 10(2): 215 – 233, 2006.
- N. Lin, W. Yu, et J. S. Duncan. Combinative multi-scale level set framework for echocardiographic image segmentation. *Medical Image Analysis*, 7(4):529 – 537, 2003. *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention*.
- J. B. A. Maintz et M. A. Viergever. A Survey of Medical Image Registration. *Medical Image Analysis*, 2(1):1–16, 1998.
- G. Malandain. Les mesures de similarité pour le recalage des images médicales. mémoire d'habilitation à diriger des recherches, université de Nice Sophia-Antipolis, mars 2006.
- R. Manniesing, B. Velthuis, M. van Leeuwen, I. van der Schaaf, P. van Laar, et W. Niessen. Level set based cerebral vasculature segmentation and diameter quantification in CT angiography. *Medical Image Analysis*, 10(2):200 – 214, 2006.
- R. Maroy, L. S. Christophe, S. de Gavrilloff, C. Comtat, M. Ribeiro, et R. Trebossen. T-LMA, an automated tumor segmentation method of FDG PET images: Application to lung cancer. *J NUCL MED MEETING ABSTRACTS*, 51(2):23, Mai 2010.
-

- J. Mille. Narrow band region-based active contours and surfaces for 2D and 3D segmentation. *Computer Vision and Image Understanding*, 113(9):946–965, Sept. 2009.
- J. Moltz, L. Bornemann, J.-M. Kuhnigk, V. Dicken, E. Peitgen, S. Meier, H. Bolte, M. Fabiel, H.-C. Bauknecht, M. Hittinger, A. Kiessling, M. Pusken, et H.-O. Peitgen. Advanced Segmentation Techniques for Lung Nodules, Liver Metastases, and Enlarged Lymph Nodes in CT Scans. *Selected Topics in Signal Processing, IEEE Journal of*, 3(1):122–134, 2009.
- A. Moreno. *Non-Linear Registration of Thoracic PET and CT Images for the Characterization of Tumors : Application to Radiotherapy*. PhD thesis, Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications, 2007.
- A. Moreno, C. M. Takemura, O. Colliot, O. Camara, et I. Bloch. Using anatomical knowledge expressed as fuzzy constraints to segment the heart in CT images. *Pattern Recognition*, 41(8):2525–2540, Août. 2008.
- B. Mory et R. Ardon. Fuzzy Region Competition: A Convex Two-Phase Segmentation Framework. Dans *Scale Space and Variational Methods in Computer Vision*, pages 214–226, 2007.
- B. Mory, R. Ardon, et J. P. Thiran. Variational Segmentation using Fuzzy Region Competition and Local Non-Parametric Probability Density Functions. Dans *International Conference on Computer Vision*, pages 1–8, 2007.
- D. Mumford et J. Shah. Optimal Approximations by Piecewise Smooth Functions and Variational Problems. *Comm. on Pure and Applied Math.*, XLII(5):577–685, 1988.
- H. Necib, M. Dusart, B. Vanderlinden, et I. Buvat. Detection and characterization of the tumor change between two FDG PET scans using parametric imaging. Dans *ISBI*, pages 21–24. IEEE, 2008.
- H. Necib, C. Garcia, A. Wagner, A. Hendlisz, P. Flamen, et I. Buvat. Validation of parametric imaging for detecting early tumor changes between two FDG PET-CT scans. *Society of Nuclear Medicine Annual Meeting Abstracts*, 51(2_MeetingAbstracts):26, Mai 2010.
- S. A. Nehmeh, Y. E. Erdi, C. C. Ling, K. E. Rosenzweig, H. Schoder, S. M. Larson, H. A. Macapinlac, O. D. Squire, et J. L. Humm. Effect of Respiratory Gating on Quantifying PET Images of Lung Cancer. *The Journal of Nuclear Medicine*, 43(7):876–881, 2002.
- O. Nempont, J. Atif, E. D. Angelini, et I. Bloch. Structure segmentation and recognition in images guided by structural constraint propagation. Dans M. Ghallab, C. D. Spyropoulos, N. Fakotakis, et N. M. Avouris, editors, *ECAI*, volume 178 of *Frontiers in Artificial Intelligence and Applications*, pages 621–625. IOS Press, 2008.
- U. Nestle, S. Kremp, A. Schaefer-Schuler, C. Sebastian-Welsch, D. Hellwig, C. Rubes, et C.-M. Kirsch. Comparison of different methods for delineation of 18F-FDG PET-positive tissue for target volume definition in radiotherapy of patients with non-small cell lung cancer. *The Journal of nuclear medicine*, 46(8):1342 – 1348, 2005.
-

-
- K. Y. Ni, B. W. Hong, S. Soatto, et T. F. Chan. Unsupervised multiphase segmentation: A recursive approach. *Computer Vision and Image Understanding*, 113(4):502–510, Avril 2009.
- K. Okada, D. Comaniciu, et A. Krishnan. Robust anisotropic gaussian fitting for volumetric characterization of pulmonary nodules in multislice CT. *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 24(3):409–423, 2005.
- S. Osher et J. Sethian. Fronts Propagating with Curvature-Dependent Speed: Algorithms Based on Hamilton-Jacobi Formulations. *Journal of Computational Physics*, 79:12–49, 1988.
- S. Ourselin, A. Roche, S. Prima, et N. Ayache. Block Matching: A General Framework to Improve Robustness of Rigid Registration of Medical Images. Dans *MICCAI*, volume 1935 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 557–566. Springer, 2000.
- N. Paragios. A level set approach for shape-driven segmentation and tracking of the left ventricle. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 22(6):773–776, jun. 2003.
- N. Paragios et R. Deriche. Coupled Geodesic Active Regions for Image Segmentation: A Level Set Approach. Dans *European Conference on Computer Vision*, pages II: 224–240, 2000.
- N. Paragios et R. Deriche. Geodesic Active Regions and Level Set Methods for Supervised Texture Segmentation. *International Journal of Computer Vision*, 46:223–247, 2002.
- H. Park, P. H. Bland, et C. R. Meyer. Construction of an Abdominal Probabilistic Atlas and its Application in Segmentation. *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 22(4): 483–492, 2003.
- E. Parzen. On the estimation of a probability density function and mode. *Annals of Mathematical Statistics*, 33:1065–1076, 1962.
- M. Pawlak et S. X. Liao. On Image Analysis via Orthogonal Moments. Dans *Vision Interface*, pages 253–258, 1992.
- C. Pluempitiwiriawej, J. Moura, Y.-J. L. Wu, et C. Ho. Stacs: new active contour scheme for cardiac mr image segmentation. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 24(5):593–603, may. 2005.
- V. Potesil, X. Huang, et X. Zhou. Automated tumor delineation using joint PET/CT information. Dans *Proc. of SPIE, Medical Imaging: Computer-aided Diagnosis*, volume 6514, 2007.
- F. Poupon, J. F. Mangin, D. Hasboun, C. Poupon, et I. Magnin. Multi-object Deformable Templates Dedicated to the Segmentation of Brain Deep Structures. Dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 1998*, 1998.
- S. M. Qatarnah, M. E. Noz, S. Hyödynmaa, G. Q. Maguire, E. L. Kramer, et J. Crafoord. Evaluation of a segmentation procedure to delineate organs for use in construction of a radiation therapy planning atlas. *International Journal of Medical Informatics*, 69(1): 39 – 55, 2003.
-

- N. Ray, S. T. Acton, T. Altes, E. E. de Lange, et J. R. Brookeman. Merging parametric active contours within homogeneous image regions for MRI-based lung segmentation. *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 22(2):189–199, 2003.
- A. P. Reeves, A. B. Chan, D. F. Yankelevitz, C. I. Henschke, B. Kressler, et W. J. Kostis. On Measuring the Change in Size of Pulmonary Nodules. *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 25(4):435–450, Avril 2006.
- H. Rifai, I. Bloch, S. Hutchinson, J. Wiart, et L. Garnero. Segmentation of the skull in MRI volumes using deformable model and taking the partial volume effect into account. *Medical Image Analysis*, 4(3):219 – 233, 2000.
- J.-L. Rose, C. Revol-Muller, D. Charpigny, et C. Odet. Shape prior criterion based on tchebichef moments in variational region growing. Dans *ICIP*, pages 1081–1084. IEEE, 2009.
- M. Rosenblatt. Remarks on some Nonparametric Estimates of a Density Function. *The Annals of Mathematical Statistics*, 1956:832–837, 1956.
- H. Scherl, J. Hornegger, M. Prümmer, et M. Lell. Semi-automatic level-set based segmentation and stenosis quantification of the internal carotid artery in 3D CTA data sets. *Medical Image Analysis*, 11(1):21 – 34, 2007.
- J. Shen. A stochastic-variational model for soft mumford-shah segmentation, oct 2005. UCLA CAM Report 22 pages.
- M. Silveira et J. Marques. Automatic segmentation of the lungs using multiple active contours and outlier model. Dans *Engineering in Medicine and Biology Society, 2006. EMBS '06. 28th Annual International Conference of the IEEE*, pages 3122 –3125, 2006.
- M. Silveira, J. Nascimento, et J. Marques. Automatic segmentation of the lungs using robust level sets. Dans *Engineering in Medicine and Biology Society, 2007. EMBS 2007. 29th Annual International Conference of the IEEE*, pages 4414 –4417, 2007.
- B. Silverman. *Kernel density estimation technique for statistics and data analysis*, volume 26. Monographs on statistics and applied probability, Chapman and Hall, London, 1986.
- D. Smeets, D. Loeckx, B. Stijnen, B. D. Dobbelaer, D. Vandermeulen, et P. Suetens. Semi-automatic level set segmentation of liver tumors combining a spiral-scanning technique with supervised fuzzy pixel classification. *Medical Image Analysis*, 14(1):13 – 20, 2010.
- L. Staib et J. Duncan. Boundary finding with parametrically deformable models. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 14(11):1061 –1075, Nov. 1992.
- R. J. Steenbakkers, J. C. Duppen, I. Fitton, K. E. Deurloo, L. J. . Zijp, E. F. Comans, A. L. Uitterhoeve, P. T. Rodrigus, G. W. Kramer, J. Bussink, K. D. Jaeger, J. S. Belderbos, P. J. Nowak, M. van Herk, et C. en R.N. Rasch. Reduction of observer variation using matched CT-PET for lung cancer delineation: A three-dimensional a nalysis. *International Journal of Radiation Oncology*Biolog*Physics*, 64(2):435 – 448, 2006.
-

-
- S. Tan, J. Yao, M. Ward, L. Yao, et R. Summers. 3D Multi-scale level set segmentation of vertebrae. Dans *Biomedical Imaging: From Nano to Macro, 2007. ISBI 2007. 4th IEEE International Symposium on*, pages 896–899, apr. 2007.
- Z. Tao et H. D. Tagare. Tunneling descent for M.A.P. active contours in ultrasound segmentation. *Medical Image Analysis*, 11(3):266–281, 2007.
- M. R. Teague. Image analysis via the general theory of moments. *Journal of the Optical Society of America*, 70(8):920–930, Août. 1980.
- G. R. Terrell et D. W. Scott. Variable Kernel Density Estimation. *The Annals of Statistics*, 20(3):1236–1265, 1992.
- P. Therasse, S. G. Arbutk, E. A. Eisenhauer, J. Wanders, R. S. Kaplan, L. Rubinstein, J. Verweij, M. Van Glabbeke, A. T. van Oosterom, M. C. Christian, et S. G. Gwyther. New Guidelines to Evaluate the Response to Treatment in Solid Tumors. *Journal of the National Cancer Institute*, 92(3):205–216, 2000.
- D. Townsend, J. Carney, J. Yap, et N. Hall. PET/CT today and tomorrow. *The Journal of Nuclear Medicine*, 45(1 (Suppl)):4S–14S, 2004.
- A. Tsai, J. Yezzi, A., W. Wells, C. Tempany, D. Tucker, A. Fan, W. Grimson, et A. Willsky. A shape-based approach to the segmentation of medical imagery using level sets. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 22(2):137–154, feb. 2003.
- A. van Baardwijk, B. G. Baumert, G. Bosmans, M. van Kroonenburgh, S. Stroobants, V. Gregoire, P. Lambin, et D. D. Ruyscher. The current status of FDG-PET in tumour volume definition in radiotherapy treatment planning. *Cancer Treatment Reviews*, 32(4):245–260, 2006.
- A. van Baardwijk, G. Bosmans, L. Boersma, J. Buijsen, S. Wanders M. Hochstenbag, R.-J. van Suylen, A. Dekker, C. Dehing-Oberije, R. Houben, . S. M. Bentzen, M. van Kroonenburgh, P. Lambin, et D. D. Ruyscher. PET-CT-Based Auto-Contouring in Non-Small-Cell Lung Cancer Correlates With Pathology and Reduces Interobserver Variability in the Delineation of the Primary Tumor and Involved Nodal Volumes. *International Journal of Radiation Oncology Biology Physics*, 68(3):771–778, 2007.
- L. A. Vese et T. F. Chan. A Multiphase Level Set Framework for Image Segmentation Using the Mumford and Shah Model. *International Journal of Computer Vision*, 50:271–293, 2002.
- P. P. Wyatt et J. A. Noble. MAP MRF Joint Segmentation and Registration. Dans T. Dohi et R. Kikinis, editors, *MICCAI (1)*, volume 2488 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 580–587. Springer, 2002.
- Y. Xia, L. Wen, S. Eberl, M. J. Fulham, et D. D. Feng. Segmentation of dual modality brain PET/CT images using the MAP-MRF model. Dans *MMSP*, pages 107–110. IEEE Signal Processing Society, 2008.
- N. Xu, N. Ahuja, et R. Bansal. Automated Lung Nodule Segmentation Using Dynamic Programming and EM Based Classification. Dans *Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference Series*, volume 4684, pages 666–676, 2002.
-

- P. Yan et A. A. Kassim. Segmentation of volumetric MRA images by using capillary active contour. *Medical Image Analysis*, 10(3):317 – 329, 2006.
- J. Yang et J. S. Duncan. 3D image segmentation of deformable objects with joint shape-intensity prior models using level sets. *Medical Image Analysis*, 8(3):285 – 294, 2004.
- P. T. Yap et R. Paramesran. An efficient method for the computation of legendre moments. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 27(12):1996–2002, Dec. 2005.
- A. J. Yezzi, L. Zollei, et T. Kapur. A Variational Framework for Joint Segmentation and Registration. Dans *Workshop on Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis*, 2001.
- Y. Yim et H. Hong. Automatic Segmentation of Pulmonary Structures in Chest CT Images. Dans A. Sanfeliu et M. Lazo-Cortés, editors, *CIARP*, volume 3773 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 654–662. Springer, 2005.
- B. Zheng, J. K. L. III, G. S. Maitz, B. E. Chapman, C. R. Fuhrman, R. M. Rogers, F. C. Sciurba, A. Perez, P. Thompson, W. F. Good, et D. Gur. A simple method for automated lung segmentation in x-ray CT images. volume 5032, pages 1455–1463. SPIE, 2003.
-

Publications

- Julien Wojak, Elsa D. Angelini, Isabelle Bloch. *Segmentation multimodale de tumeurs pulmonaires et de ganglions lymphatiques par une méthode variationnelle*, RFIA, Caen, France, 2010
 - Julien Wojak, Elsa D. Angelini, Isabelle Bloch. *Joint Variational Segmentation of CT-PET Data for Tumoral Lesions* IEEE ISBI, Rotterdam, Netherlands, 2010
 - Julien Wojak, Elsa D. Angelini, Isabelle Bloch. *Introducing Shape Constraint via Legendre Moments in a Variational Framework for Cardiac Segmentation on non-Contrast CT Images* VISAPP, Angers, France, 2010
 - Julien Wojak, Elsa D. Angelini, Isabelle Bloch. *Thorax oncology: a hierarchical segmentation framework incorporating bi-modality PET/CT images specificities and shape constraints to segment tumors and organs at risk* (Télécom ParisTech Research Report 2010D016)
-