

Une Approche SMA pour la Segmentation Markovienne des Tissus et Structures Présents dans les IRM Cérébrales

Benoit Scherrer^{*†}, Michel Dojat^{*}, Florence Forbes[‡], Catherine Garbay[†]

^{*} INSERM U836-UJF-CEA-CHU (GIN)

[†] LIG CNRS UMR 5217 (MAGMA)

[‡] INRIA, Laboratoire Jean Kuntzmann, Université de Grenoble (MISTIS)

Abstract—La segmentation précise des tissus et des structures présents dans des IRM anatomique est indispensable à de nombreuses applications. La plupart des approches considèrent d’abord la segmentation des tissus puis ensuite celle des structures de manière indépendante. Nous proposons dans cet article une approche markovienne coopérative qui se fonde sur le raffinement mutuel des segmentations en tissus et en structures. La connaissance *a priori* nécessaire à la segmentation des structures est apportée par une description floue de l’anatomie cérébrale. Elle est intégrée dans le cadre markovien via l’expression d’un champ externe. La segmentation des tissus intègre dynamiquement l’information structure via un autre champ externe, permettant de raffiner l’estimation des modèles d’intensités. Cette approche markovienne dynamique et coopérative est implémentée dans un environnement multi-agents : des entités autonomes distribuées dans l’image estiment des modèles markoviens locaux et coopèrent pour assurer leur cohérence. L’évaluation est réalisée à la fois sur des images fantômes et sur des images réelles acquises à 3 Tesla.

Mots Clefs – Imagerie Médicale, Champ de Markov, Systèmes Multi-Agents, Segmentation tissus et structures.

Abstract—Many applications in medicine are strongly dependent on accurate tissue and structure segmentation. Most approaches focus first on tissue segmentation and consider structure segmentation afterwards. Our main contribution is to propose Markov models that enable us to carry out both tissue and structure segmentation procedures as combined and cooperative processes that mutually improve. *A priori* knowledge required by structure segmentation is provided by a fuzzy description of brain anatomy integrated in the MRF framework. Tissue segmentation dynamically takes into account the structure information while structure segmentation integrates estimated tissue intensity models. This dynamic and fully cooperative unified approach is implemented into a multi-agent framework. Autonomous entities distributed into the image estimate local Markov fields and cooperate to ensure consistency. The evaluation is performed using phantoms and real images acquired on a 3T scanner.

Keywords – Medical Imaging, Markov Random Field, Multi-Agents System, Tissues and Structures Segmentation.

I. INTRODUCTION

La segmentation précise des tissus et des structures sous-corticales présents dans des IRM anatomique est indispensable à de nombreuses applications. Les modèles de segmentation avec Champs de Markov Cachés Discrets sont particulièrement

adaptés : ils introduisent des dépendances spatiales entre voxels [5] permettant une régularisation de l’étiquetage et une segmentation robuste au bruit [10]. La segmentation des structures est généralement considérée comme une seconde étape après la segmentation des tissus. Elle requiert l’insertion d’information *a priori*, généralement fournie par un recalage d’atlas. Cette approche classique est statique et séquentielle : segmentation des tissus et segmentation des structures sont réalisées de manière indépendante, et l’apport de l’une n’améliore pas l’autre. De plus les méthodes de recalage d’atlas sont généralement coûteuses en temps de calcul et s’adaptent plus ou moins bien à la forte variabilité inter-individuelle du cerveau.

Nous proposons une approche Markovienne unifiée qui se fonde sur le raffinement mutuel des segmentations en tissus et en structures. Nous adoptons une approche locale pour la segmentation des tissus comme proposé dans [6] : le volume est partitionné en petits contextes de segmentation dans lesquels sont estimés les paramètres d’un champ de Markov local. L’estimation locale résultante est alors peu sensible aux hétérogénéités d’intensité des tissus. Cependant d’importants mécanismes de coopération sont mis en place afin d’assurer une cohérence globale des modèles estimés localement. L’information *a priori* nécessaire à la segmentation des structures est fournie par une description floue de l’anatomie cérébrale : chaque structure est décrite par un ensemble de relations spatiales [4] imprécises et donc générales entre structures. Cette connaissance est introduite via le champ externe d’un modèle Markovien et est progressivement mise à jour au fur et à mesure des améliorations des segmentations. Segmentation des tissus et segmentation des structures sont combinées et coopèrent : les structures étant composées de tissus, la segmentation des structures se base sur les modèles d’intensités estimés par les tissus. La segmentation des tissus intègre quant à elle dynamiquement la connaissance structure via l’expression d’un autre champ externe dans son modèle Markovien.

Cette approche Markovienne dynamique, locale et coopérative est implémentée dans un cadre multi-agents décentralisé. Nous montrons sur les fantômes de la base BrainWeb et sur des images réelles acquises à 3 Tesla que cette combinaison originale de modèles markoviens est

une approche très prometteuse pour la segmentation d'IRM cérébrales.

II. APPROCHE MARKOVIENNE COOPÉRATIVE

A. Segmentation Markovienne

Soit un ensemble de voxels $\mathbf{V} = \{1, \dots, N\}$ spatialement organisés sur une grille tri-dimensionnelle régulière. On associe à \mathbf{V} un système de voisinage dans lequel $N(i)$ représente l'ensemble des voisins du voxel i . L'objectif de la segmentation est d'assigner à chaque voxel une classe parmi K en se basant sur les données observées.

Pour cela on modélise les intensités observées et les étiquettes par des champs aléatoires, notés respectivement $\mathbf{Y} = \{Y_1, \dots, Y_N\}$ et $\mathbf{Z} = \{Z_1, \dots, Z_N\}$ pour une image de N voxels. Les Z_i sont à valeur dans $\{e_1, \dots, e_K\}$ avec e_k un vecteur de taille K correspondant à la classe k . Seule la k^{ieme} composante de e_k est non nulle et vaut 1. Afin de prendre en compte les dépendances spatiales entre voxels on modélise les données cachées \mathbf{Z} , c'est à dire les étiquettes, par un Champ de Markov Caché Discret [5] dont la distribution de probabilité est définie par une énergie H dépendant de paramètres Φ_z :

$$p(\mathbf{z} | \Phi_z) = W^{-1} \exp(-H(\mathbf{z} | \Phi_z))$$

avec $W = \sum_{\mathbf{z}'} \exp(-H(\mathbf{z}' | \Phi_z))$.

Par ailleurs on définit la dépendance des intensités observées par rapport aux étiquettes en précisant la probabilité conditionnelle suivante :

$$p(\mathbf{y} | \mathbf{z}, \Phi_y) = \prod_{i \in \mathbf{V}} p(y_i | z_i, \Phi_y)$$

où Φ_y sont des paramètres à préciser. En utilisant la règle de Bayes on voit facilement que le champ conditionnel \mathbf{Z} sachant $\mathbf{Y} = \mathbf{y}$ est également un champ de Markov de fonction énergie $H(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \Phi)$ donnée par :

$$H(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \Phi) = H(\mathbf{z} | \Phi_z) - \sum_{i \in \mathbf{V}} \log p(y_i | z_i, \Phi_y) \quad (1)$$

avec $\Phi = (\Phi_y, \Phi_z)$. Le premier terme $H(\mathbf{z} | \Phi_z)$ est un terme de régularisation traduisant les dépendances spatiales entre voxels. Pour le modèle de Potts classique on a :

$$H(\mathbf{z} | \Phi_z) = \sum_{i \in \mathbf{V}} \left[-\frac{\beta}{2} \sum_{j \in N(i)} t_{z_i z_j} \right]$$

qui est d'autant plus faible que les voxels sont dans le même état que leurs voisins et où β est un paramètre ajustant la force des interactions spatiales. Un modèle plus général que nous considérons par la suite consiste à ajouter au modèle de Potts un terme de champ externe, de sorte que :

$$H(\mathbf{z} | \Phi_z) = \sum_{i \in \mathbf{V}} \left[t_{z_i} \alpha_i - \frac{\beta}{2} \sum_{j \in N(i)} t_{z_i z_j} \right]$$

et donc $\Phi_z = \{\alpha_1, \dots, \alpha_N, \beta\}$. Les α_i 's sont des vecteurs de dimension K définissant le champ externe du modèle

de Potts : intuitivement ce terme pondère l'importance relative des K classes en chaque site i . L'introduction de ces paramètres permet d'intégrer au modèle Markovien une connaissance *a priori* sur les étiquettes en chaque voxel (voir Section II-D).

Le second terme de (1) est le terme d'attache aux données. Pour la segmentation d'IRM on considère généralement $p(y_i | z_i = e_k, \Phi_y) = g_k(y_i)$ où g_k est une distribution gaussienne de moyenne μ_k et de variance σ_k^2 dépendant de k . On a donc $\Phi_y = \{\mu_k, \sigma_k, k = 1 \dots K\}$.

Dans la suite nous considérons donc le modèle Markovien défini par l'énergie :

$$H(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \Phi) = \sum_{i \in \mathbf{V}} \left[t_{z_i} \alpha_i - \frac{\beta}{2} \sum_{j \in N(i)} t_{z_i z_j} - \log p(y_i | z_i, \Phi_y) \right]. \quad (2)$$

La segmentation est réalisée par le principe de Maximum A Posteriori (MAP) en maximisant selon \mathbf{z} la probabilité :

$$p(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \Phi) = W'^{-1} \exp(-H(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \Phi))$$

avec $W' = \sum_{\mathbf{z}'} \exp(-H(\mathbf{z}' | \mathbf{y}, \Phi))$.

Le calcul nécessite l'estimation des paramètres Φ ainsi que l'évaluation de la constante de normalisation W' . Ce calcul n'est cependant pas réalisable car à cause des dépendances spatiales il explose combinatoirement. Il est nécessaire de faire des approximations. Une approche classique est d'utiliser l'algorithme ICM [2] qui alterne segmentation et estimation des paramètres mais qui fournit des estimateurs biaisés. Nous préférons considérer des algorithmes inspirés de EM et utilisons les variantes proposées par [3] basées sur des approximations de type Champ Moyen afin de rendre le calcul possible malgré les dépendances spatiales des modèles Markoviens.

Dans les sections suivantes nous précisons comment sont introduits ces modèles dans notre approche : plusieurs Champs de Markov Cachés Discrets locaux sont distribués dans l'image et segmentent tissus et structures de manière combinée : ils partagent leur connaissance et coopèrent afin d'assurer une cohérence globale dans l'estimation des modèles locaux (voir Figure 1).

B. Segmentation des Tissus

Le traitement automatique des IRM cérébrales est particulièrement affecté par les variations lentes d'intensité dans le volume pour un même tissu. Ces inhomogénéités sont en partie dues à la qualité de l'aimant et à certaines propriétés biologiques des tissus. Pour la segmentation des tissus cet artéfact est généralement modélisé par un biais multiplicatif à estimer [8]. Plutôt que d'estimer un terme de biais global nous adoptons une approche locale comme proposée dans [6].

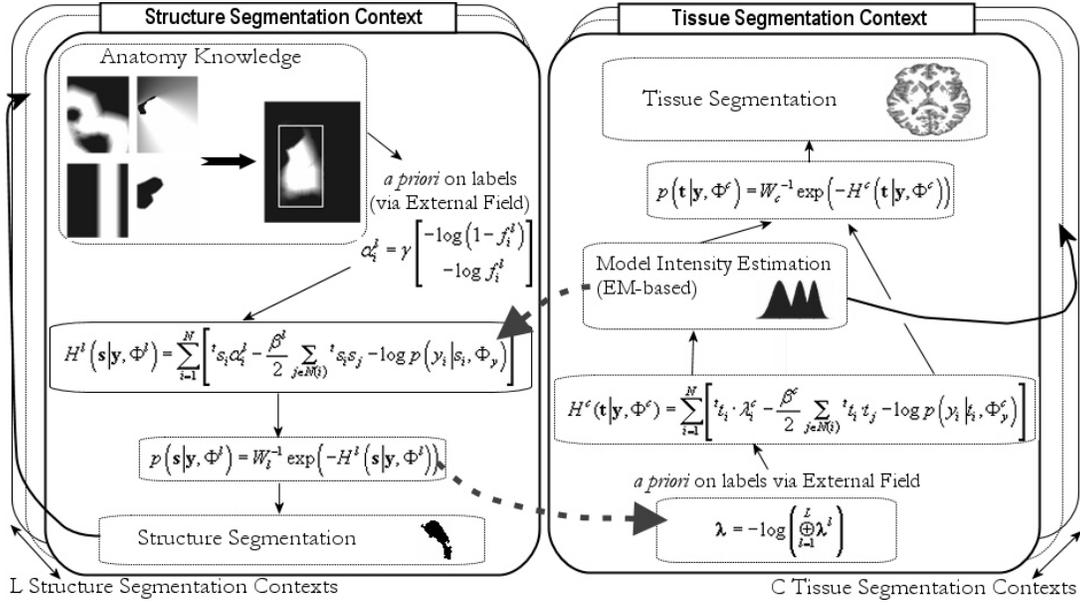


Fig. 1. Schéma synthétique de l'approche. Les flèches en pointillés indiquent des coopérations entre segmentation des tissus et des structures alors que les flèches pleines indiquent des coopérations au sein d'un même modèle.

1) *Approche locale de segmentation*: Le volume est partitionné en C contextes locaux de segmentation tissus dans lesquels sont estimés des Champs de Markov Cachés Discrets locaux. Dans ce travail nous considérons un partitionnement cubique régulier du volume. Les voxels sont étiquetés dans $K = 3$ classes : LCR (Liquide Céphalo-Rachidien), MG (Matière Grise) et MB (Matière Blanche). Pour le i^{ieme} contexte de segmentation on note par $t = \{t_1, \dots, t_N\}$ la classe de chaque voxel. Le modèle de Markov est alors défini par (voir Equation 2) :

$$H^c(\mathbf{t} | \mathbf{y}, \Phi^c) = \sum_{i=1}^N \left[t_i \lambda_i^c - \frac{\beta^c}{2} \sum_{j \in N(i)} t_i t_j - \log p(y_i | t_i, \Phi_y^c) \right], \quad (3)$$

où $\Phi^c = \{\Phi_t^c, \Phi_y^c\}$. Les t_i 's sont à valeur dans $\{e_1, e_2, e_3\}$ respectivement pour $\{e_{LCR}, e_{MG}, e_{MB}\}$. Le champ externe $\{\lambda_1^c, \dots, \lambda_N^c\}$ n'est pas estimé mais permet d'introduire une connaissance issue de la segmentation des structures (voir Section II-D). Nous avons donc à estimer les C paramètres $\Phi^c = \{\beta^c, \{\mu_k^c, \sigma_k^c, k = 1 \dots K\}\}$ des modèles de Markov locaux.

2) *Cohérence des modèles locaux* : Les modèles d'intensités des tissus étant estimés localement, l'approche est moins sensible au biais spatial. Cependant, pour assurer des variations lentes des modèles, les moyennes et variances de chaque classe sont interpolées entre contextes locaux grâce à des splines cubiques. Nous avons donc un modèle gaussien interpolé (moyenne, variance) pour chaque voxel de chaque contexte : $\Phi_{iy} = \{\mu_{i,k}^c, \sigma_{i,k}^c, k = 1 \dots K\}$. La taille des partitions est un paramètre déterminant : plus elle est grande, plus l'approche est sensible au biais spatial. Cependant, avec

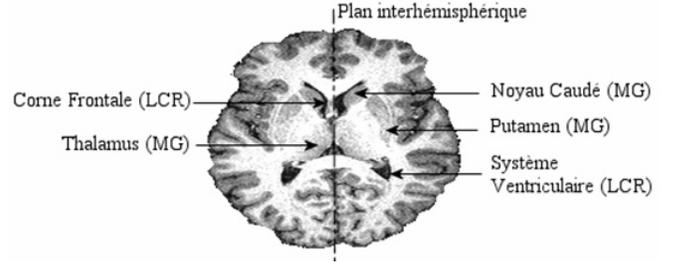


Fig. 2. Structures sous-corticales considérées.

une taille trop petite, les tissus ne sont pas assez représentés dans certains contextes et l'estimation des modèles locaux est mauvaise. Empiriquement nous utilisons des partitions cubiques de taille $20 \times 20 \times 20$, fournissant un bon compromis entre qualité d'estimation des modèles et coût de calcul.

Pour assurer une cohérence globale des modèles locaux les contextes coopèrent entre eux :

- Un contexte vérifie ses modèles d'intensités estimés localement avec les modèles voisins. Si le modèle d'une classe est trop éloigné de celui des voisins il y a un remplacement du modèle. Ainsi un tissu peu représenté dans une partition peut tout de même être modélisé.
- Après estimation un contexte réveille ses voisins afin qu'ils puissent vérifier leurs modèles locaux, et si besoin relancer une estimation et un étiquetage. L'information est donc transmise spatialement de proche en proche.

C. Segmentation des structures

Nous considérons actuellement $L = 9$ structures sous-corticales : le Système Ventriculaire, les deux Cornes Frontales, les deux Noyaux Caudés, les deux Thalamus et les

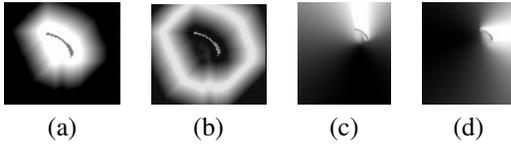


Fig. 3. Illustration des relations spatiales de distance “à moins de D mm” (a), “à environ D mm” (b), et des relations d’orientation “au dessus de” (c) et “à droite de” (d).

deux Putamens. Pour chaque structure cible nous définissons un modèle de Markov local qui étiquette les voxels de son contexte en $K = 2$ classes : *structure* et *non structure*. En notant $\mathbf{s} = \{s_1, \dots, s_N\}$ les étiquettes en chaque voxel, la fonction énergie du modèle de Markov associé à la structure l est donnée par :

$$H^l(\mathbf{s} | \mathbf{y}, \Phi^l) = \sum_{i=1}^N \left[t_{s_i} \alpha_i^l - \frac{\beta^l}{2} \sum_{j \in N(i)} t_{s_i} s_j - \log p(y_i | s_i, \Phi_y^l) \right], \quad (4)$$

avec $\Phi^l = \{\Phi_s^l, \Phi_y^l\}$ et $s_i \in \{e_1, e_2\} = \{e_{NS}, e_S\}$ pour un voxel appartenant ou non à la structure l .

Chaque structure étant composée d’un unique tissu $T^l \in \{e_{LCR}, e_{MG}, e_{MB}\}$ nous calculons les paramètres des modèles d’intensités Φ_y^l à partir des Φ_{iy} estimés par la segmentation des tissus (voir Section II-D). Le champ externe $\{\alpha_1^l, \dots, \alpha_N^l\}$ permet d’introduire la connaissance *a priori* de localisation floue de la structure décrite dans la section suivante.

1) Description de la connaissance anatomique floue :

Chaque structure l est décrite par un ensemble de relations spatiales générales avec les autres structures comme proposé dans [4]. Nous considérons des relations de distance, d’orientation et de symétrie et les exprimont par des cartes 3D floues afin de bien traduire le caractère général de l’information et donc de prendre en compte la variabilité inter-individuelle (voir Figure 3). Il faut remarquer que pour calculer la carte floue d’une relation spatiale de l par rapport à la structure r , une segmentation de r doit être disponible. Cela pose le problème de la première structure à segmenter, nécessaire pour démarrer la construction de la connaissance anatomique. Comme dans [4] nous commençons par étiquetter le système ventriculaire grâce à des opérations de morphologie mathématique sur la segmentation du LCR fournie par les contextes tissus. Cet étiquetage sera ensuite mis à jour.

D’une manière générale, les contextes de segmentation structure coopèrent entre eux : après mise à jour de la segmentation d’une structure l les autres contextes structure recalculent les cartes floues des relations spatiales dépendantes de l . La connaissance anatomique ne dépend alors pas d’une structure “racine” mais est graduellement mise à jour.

2) *Intégration dans le modèle Markovien*: La fusion des cartes floues décrivant la structure l fournit une carte 3D de localisation floue de l dans le volume. Cette information est

utilisée de deux manières différentes :

- Elle nous permet dans un premier temps d’identifier spatialement le contexte de segmentation dans le volume par un simple seuillage sur la carte floue.
- La carte est aussi intégrée dans le modèle de Markov permettant d’introduire une connaissance *a priori* dans la segmentation markovienne.

Notons f^l la carte de localisation floue de la structure l , et f_i^l sa valeur au voxel i . On remarque que le contraste est faible sur les IRM cérébrales, particulièrement au niveau du putamen ou du thalamus où l’on a couramment :

$$p(y_i | t_i = e_{MG}, \Phi_{iy}) \approx p(y_i | t_i = e_{MB}, \Phi_{iy}).$$

On observe alors que la régularisation spatiale fournie par la modélisation Markovienne n’est pas suffisante et que l’étiquetage de ces structures est souvent morcelé. Nous introduisons la carte de localisation floue f^l de manière à renforcer respectivement la probabilité de la classe *structure* lorsque $f_i^l \approx 1$ et celle de la classe *non structure* lorsque $f_i^l \approx 0$. Nous proposons :

$$\alpha_i^l = \gamma_i \begin{bmatrix} -\log(1 - f_i^l) \\ -\log f_i^l \end{bmatrix},$$

où γ_i ajuste l’influence du champ externe dans le modèle. Nous proposons de prendre :

$$\gamma_i = \max_{t \neq T^l} (d(p(y_i | t_i = t, \Phi_{iy}), p(y_i | t_i = T^l, \Phi_{iy}))),$$

où $d(a, b)$ est une fonction qui a son maximum en $a = b$ de manière à ce que l’influence du champ externe soit d’autant plus grande que les probabilités $p(y_i | t_i, \Phi_{iy})$ sont proches. Expérimentalement la fonction :

$$d(a, b) = \exp\left(-\frac{(a - b)^2}{2}\right)$$

donne de bons résultats.

D. Coopération des segmentations tissus et structures

Segmentation des tissus et structures coopèrent de deux manières différentes :

1) *Modèles d’intensité des structures calculés à partir des modèles d’intensités des tissus* : Chaque structure l étant composée d’un seul tissu T^l nous calculons naturellement les paramètres des modèles d’intensités Φ_y^l sur les paramètres interpolés $\Phi_y = \{\Phi_{iy}, i = 1 \dots N\}$ estimés par la segmentation des tissus. Nous proposons $\Phi_y^l = \Phi_y$ et :

$$\begin{cases} p(y_i | s_i = e_S, \Phi_y^l) = p(y_i | t_i = T^l, \Phi_y) \\ p(y_i | s_i = e_{NS}, \Phi_y^l) = \max_{t \in \{e_{LCR}, e_{MG}, e_{MB}\}} p(y_i | t_i = t, \Phi_y) \end{cases},$$

de sorte que les mises à jour dans l’estimation des modèles d’intensité des tissus sont dynamiquement prises en compte par la segmentation des structures.

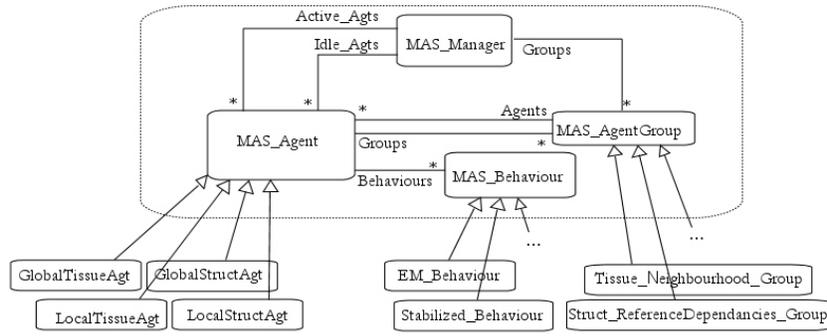


Fig. 4. Modèle Agent/Groupe/Comportement du système Multi-Agents.

2) *Intégration de la connaissance structure dans les tissus* : Réciproquement, le résultat de la segmentation des structures est intégrée dans la segmentation des tissus via le champ externe $\lambda = \{\lambda_i^c, i = 1 \dots N, c = 1 \dots C\}$ du modèle Markovien (voir Equation (3)). Pour conserver le caractère local de chaque structure l nous considérons le masque binaire m^l de la segmentation de l et proposons la contribution locale λ_i^l de l :

$$\begin{aligned} \lambda_i^l (k = T^l) &= m_i^l p(s_i = e_S | \mathbf{y}, \Phi^l) \\ \lambda_i^l (k \neq T^l) &= m_i^l p(s_i = e_{NS} | \mathbf{y}, \Phi^l), \end{aligned}$$

où $\lambda_i^l(k)$ est la k^{ieme} composante de λ_i^l et $p(s_i = e_S | \mathbf{y}, \Phi^l)$ la probabilité *a posteriori* que le voxel i soit dans la classe *structure*. Ainsi, l'introduction de la connaissance structure de l permet de renforcer la probabilité *a posteriori* que chaque voxel i appartenant à l soit dans la classe T^l .

Le champ externe du modèle markovien de segmentation des tissus est ensuite exprimé comme la fusion disjonctive des L contributions locales :

$$\lambda_i = -\log \left(\bigoplus_{l=1}^L \lambda_i^l \right),$$

avec \oplus défini par $a \oplus b = a + b - a * b$. En conséquence la segmentation des structures n'est pas réduite à une étape secondaire après la segmentation des tissus mais est combinée de manière à ce que les deux segmentations se raffinent mutuellement.

III. IMPLÉMENTATION SMA

Nous avons implémenté l'approche dans un système multi-agents spécifique à l'application. Il se fonde sur une approche *décentralisée* et à *partage de mémoire* entre agents, et s'inspire du modèle conceptuel Agent/Groupe/Comportement (voir Figure 4) de MadKit.

Dans ce modèle un agent est une entité qui possède plusieurs comportements et en exécute un seul à un moment donné suivant son état. La notion de groupe permet de rassembler virtuellement les agents qui communiquent et coopèrent entre eux afin de réaliser leur tâche. Deux caractéristiques importantes des groupes sont (1) un agent peut appartenir à plusieurs groupes et (2) les groupes peuvent se recouvrir. Ce modèle est très générique et parfaitement

adapté à notre application.

Nous définissons quatre types d'agents et cinq types de groupes décrits dans les sections suivantes.

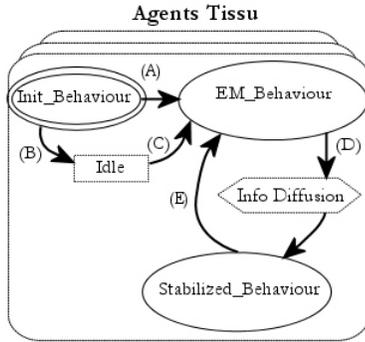
A. Agents du système

Agent Global des Tissus : Une seule instance de cet agent est créée, qui possède un seul comportement : il réalise le partitionnement cubique régulier du volume et se charge de créer un agent local de segmentation par contexte. Il calcule aussi un modèle global d'intensité des tissus avec l'algorithme Fuzzy C-Mean (FCM) afin d'agencer l'ordre d'exécution des agents locaux. Une fois son traitement réalisé, il se met en sommeil définitivement.

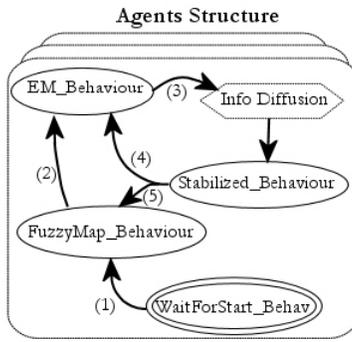
Agent Global des Structures : De même que l'agent global des tissus, une seule instance de cet agent est créée qui se charge de construire les $L = 9$ agents structures. Il leur fournit la description des relations spatiales stables (voir Section II-C.1) entre structures puis se met en sommeil définitivement.

Agent Local de Segmentation des Tissus : Chacun de ces agents est associé à un unique contexte de segmentation tissu et se base sur le modèle de segmentation local proposé dans la section II-B. Il possède 3 comportements dont les enchaînements possibles sont décrits sur la Figure 5a :

- *Init_Behaviour* : Lancé à la création de l'agent, ce comportement réalise une première estimation des modèles d'intensités locaux nécessaire à l'initialisation de EM. Nous avons choisi d'utiliser l'algorithme FCM pour cette première estimation. Les agents dont les modèles d'intensités locaux sont trop éloignés des modèles globaux se mettent en sommeil (transition B). Les autres rentrent directement en mode EM_Behaviour (transition A).
- *EM_Behaviour* : C'est le comportement principal qui réalise la segmentation Markovienne locale et coopérative décrite dans la section II-B. La Figure 5b détaille son fonctionnement et les mécanismes de coopérations décrits dans les sections précédentes : vérification des modèles avec le voisinage, interpolation en chaque voxel et intégration d'un champ externe. Nous avons choisi de ne

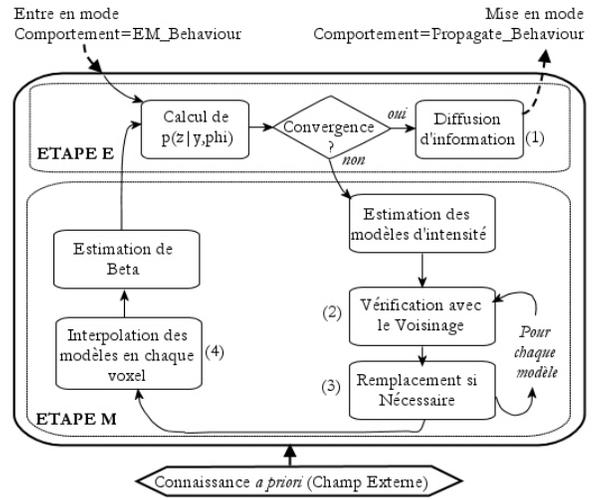


- (A) : Initialisation locale bonne
- (B) : Attente d'information des voisins
- (C) : Réveil par les voisins
- (D) : Convergence de EM atteinte
- (E) : Relancement de EM pour raffinement



- (1) : Démarrage possible
- (2) : Cartes floues construites
- (3) : Convergence de EM atteinte
- (4) : Relancement de EM pour raffinement
- (5) : Mise à jour de cartes floues

(a)



(b)

Fig. 5. Diagrammes fonctionnels : enchainements possibles des comportements des agents tissu et structure (a) et détails du comportement *EM_Behaviour* des agents locaux (b) qui correspond à un EM classique avec ajout des étapes (1), (2), (3) et (4) pour réaliser les mécanismes de coopération.

pas estimer le paramètre β du modèle Markovien mais de le considérer comme $\beta = \frac{1}{T}$ avec T une température décroissante comme proposé dans [10]. Nous considérons la convergence de EM atteinte lorsque la modification relative de la log-vraisemblance entre deux étapes E devient suffisamment petite (expérimentalement 10^{-5} donne de bons résultats). L'agent diffuse alors l'information : les agents tissu voisins ainsi que les agents structure partageant le territoire sont réveillés afin de propager l'éventuelle modification des modèles d'intensité.

- *Stabilized_Behaviour* : Ce comportement correspond à un état de sommeil de l'agent. Lorsqu'il est réveillé (par un agent voisin ou un agent structure), l'agent tissu vérifie ses modèles avec le voisinage et relance la segmentation si nécessaire (transition E) ou se remet en mode sommeil.

Agent local de Segmentation des Structures : Un agent de segmentation structure est défini pour chaque structure à segmenter. Il est dynamiquement localisé grâce à la connaissance anatomique floue (voir II-C.1) et opportuniste : il commence la segmentation le plus tôt possible et enrichit sa connaissance au fur et à mesure. Le fonctionnement se base sur les 4 comportements suivants (voir Figure 5a) :

- *WaitForStart_Behaviour* : Lancé à la création de l'agent, ce comportement synchronise le début de la segmentation : il vérifie (1) que les agents tissus partageant le territoire avec l'agent structure ont déjà estimé leur modèle d'intensité et (2) que les cartes des relations spatiales indispensables au démarrage de l'agent sont calculables.
- *FuzzyMap_Behaviour* : Dans ce comportement l'agent construit ou met à jour les cartes 3D floues de ses relations spatiales, pour ensuite passer au comportement *EM_Behaviour* (transition 2).
- *EM_Behaviour* : C'est le comportement qui étiquette la

structure cible grâce aux modèles d'intensités estimés par les tissus (voir II-D.1) et à l'introduction de l'information anatomique des relations spatiales (voir II-C.1). Après convergence de EM il diffuse l'information : il réveille si nécessaires d'autres agents structures en mode *FuzzyMap_Behaviour* pour leur permettre de mettre à jour leur connaissance anatomique et réveille les agents tissu partageant le territoire afin de mettre à jour leur champ externe.

- *Stabilized_Behaviour* : Ce comportement correspond à un état de sommeil de l'agent. Au réveil, si des structures identifiées comme référence dans des relations spatiales ont mise à jour leur segmentation, il passe en comportement *FuzzyMap_Behaviour* (transition 5). Si les modèles d'intensité des tissus ont été modifiés, l'agent repasse en comportement *EM_Behaviour* (transition 4). Sinon il se remet en sommeil.

Les agents locaux tissu et structure coopèrent (voir sections II-B, II-C et Figure 1) via le mécanisme de Groupe du système multi-agents.

B. Groupes

- *Tissue_Neighbourhood_Group* : Chaque agent tissu local définit le groupe de ses agents voisins avec qui il va pouvoir coopérer : réveil des voisins et vérification des modèles locaux.
- *Struct_ReferenceDependancies_Group* : Chaque agent structure local définit le groupe des agents structures qui sont utilisés comme référence par ses relations spatiales et qui doivent donc fournir leur segmentation pour le calcul des cartes floues.
- *Struct_DependanciesToWakeUp_Group* : Chaque agent structure local A définit le groupe des agents qui utilisent A comme référence, donc les agents à réveiller après une mise à jour de la segmentation.

Noise, Inh.	3%, 20%			3%, 40%		
Tissu	LCR	MG	MB	LCR	MG	MB
Approche Cooperative	0.89	0.93	0.96	0.89	0.93	0.96
FSL	0.88	0.93	0.96	0.88	0.93	0.97
Bruit, Inh.	3%, 100%			7%, 20%		
Tissu	LCR	MG	MB	LCR	MG	MB
Approche Cooperative	0.85	0.90	0.94	0.90	0.92	0.94
FSL	0.88	0.91	0.94	0.90	0.92	0.97

Bruit, Inh.	7%, 40%		
Tissu	LCR	MG	MB
Approche Cooperative	0.89	0.92	0.94
FSL	0.90	0.92	0.97

TABLE I

EVALUATION AVEC LE CRITÈRE DE DICE DE LA SEGMENTATION DES TISSUS POUR DIFFÉRENTES VALEURS DE BRUIT ET D'INHOMOGÉNÉITÉ DES FANTÔMES DE BRAINWEB.

Structure	NC G	NC D	PU G
Critère de Dice	0.65	0.65	0.76
Structure	PU D	TH G	TH D
Critère de Dice	0.68	0.71	0.68

TABLE II

EVALUATION DE LA SEGMENTATION DES STRUCTURES AVEC MARINA.
NC=NOYAU CAUDÉ, PU=PUTAMEN, TH=THALAMUS

- *Struct_TissueDependancies_Group* : Chaque agent structure local définit le groupe des agents tissus avec qui il partage le territoire et qui doivent lui fournir les modèles d'intensités.
- *Tissue_StructDependancies_Group* : Chaque agent tissu local définit le groupe des agents structures avec qui il partage le territoire et qui doivent lui fournir la segmentation de ces structures pour calculer le champ externe.

IV. RESULTATS

A. Evaluation sur fantômes

Nous avons d'abord évalué l'approche sur les fantômes de BrainWeb avec le critère classique de Dice, pour différentes valeurs de bruit et d'inhomogénéité. La Table I compare les résultats obtenus par notre approche et avec FSL [10]. On remarque en particulier avec le fantôme 3% de bruit et 100% d'inhomogénéité que notre approche est sensiblement aussi robuste à l'inhomogénéité que FSL, et ce sans estimer de terme de biais. Sur un Pentium IV 2Ghz avec 768Mo de RAM la segmentation complète du volume est réalisée en environ 5 ou 6 minutes alors que FSL requiert environ 8 ou 9 minutes.

La contribution de la coopération entre agents tissus et agents structures ne peut cependant pas être entièrement évaluée car les fantômes de BrainWeb n'intègrent pas de connaissance structure. Par exemple, certaines parties du putamen sont considérées comme de la Matière Blanche dans le fantôme (Figure 6b) alors que notre approche étiquette correctement ces voxels comme de la Matière Grise (Figure 6e). La Table 2 illustre les résultats obtenus pour la segmentation des structures avec un fantôme construit à partir de masques fournis par le logiciel MARINA [7].

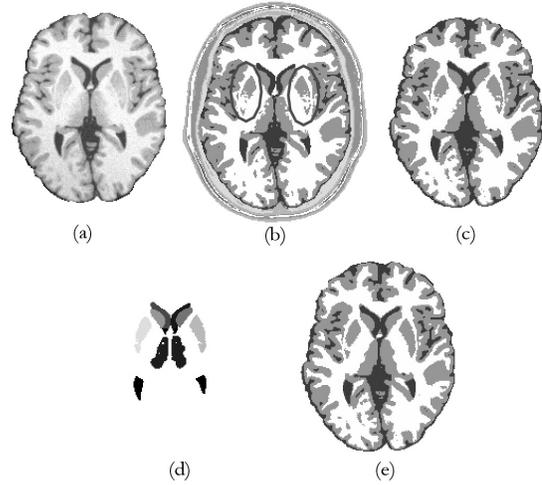


Fig. 6. Fantômes de BrainWeb avec 3% de bruit et 40% d'inhomogénéité (a), Segmentation de référence fournie (b), Segmentation réalisée par FSL (c), Segmentation des Structures (d) et des Tissus (e) par l'approche SMA.

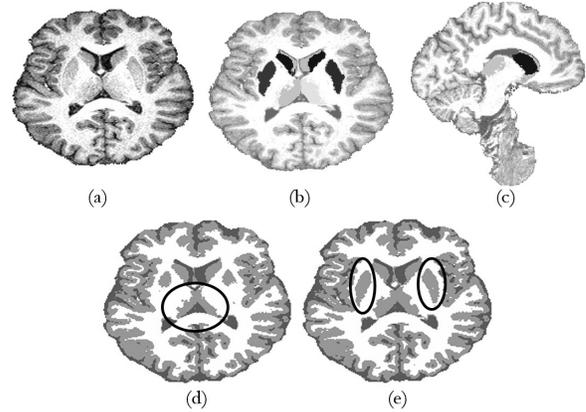


Fig. 7. Evaluation visuelle : Image réelle 3T (a), Segmentation des structures (b-c), Segmentation des tissus sans coopération (d) et avec l'approche SMA (e).

B. Evaluation sur images réelles acquises à 3T

Nous avons évalué visuellement l'approche sur des images réelles acquises à 3 Tesla. La Figure 7 montre la segmentation structure obtenue (b-c) et la nette amélioration de la segmentation des tissus obtenue grâce à la coopération tissu-structure, particulièrement au niveau des putamens et thalamus (d-e).

V. CONCLUSION

Nous avons proposé une approche locale markovienne originale dans laquelle segmentation des tissus et segmentation des structures sont combinées et s'enrichissent mutuellement grâce à une implémentation multi-agents. Nous montrons comment intégrer dans le cadre markovien des connaissances anatomiques *a priori* exprimées par des relations spatiales floues entre structures, et comment les différents agents peuvent coopérer. L'apport de la coopération ne peut être entièrement évaluée sur les fantômes de BrainWeb mais l'approche semble très prometteuse : la segmentation des tissus au niveau des

putamens ou thalamus est visuellement clairement améliorée à la fois sur les fantômes et sur les images réelles.

L'approche locale de segmentation des tissus avec un partitionnement cubique régulier se montre robuste aux inhomogénéités d'intensité des tissus sans la nécessité d'estimer un terme de biais lourd à calculer. Dans des travaux futurs nous évaluerons l'apport de partitionnements plus spécifiques aux données, tels un partitionnement sphérique ou un partitionnement adaptatif. Le volume partiel n'est actuellement pas pris en compte mais pourrait être facilement introduit en ajoutant des classes de mélange dans le modèle. Une autre approche serait de prendre en compte le volume partiel au sein même du modèle, par exemple avec l'extension proposée dans [9] ou en utilisant des modèles "d'overlapping clustering" décrits dans [1]. Nous envisageons aussi de considérer des algorithmes d'estimation du paramètre β qui ajuste l'influence des interactions spatiales dans le modèle Markovien. Enfin, on remarque que la Matière Grise du cortex et celle des noyaux gris sont généralement connectées, perturbant une reconstruction 3D du cortex basée sur la segmentation. La segmentation des structures permet d'identifier la matière grise des noyaux gris, et améliore alors la reconstruction 3D du cortex.

Actuellement nous considérons 9 structures sous-corticales. L'approche sera étendue avec de nouvelles structures pour l'étude et le suivi de pathologies.

REFERENCES

- [1] A. Banerjee, C. Krumpelman, J. Ghosh, S. Basu, and R. Mooney, "Model-based overlapping clustering," in *11th International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining*, vol. 532–537, 2005.
- [2] Besag, "On the statistical analysis of dirty pictures," *Journal of the Royal Statistical Society*, vol. 48, pp. 259–302, 1986.
- [3] G. Celeux, F. Forbes, and N. Peyrard, "EM procedures using mean field-like approximations for model-based image segmentation," *Pattern Recognition*, vol. 36, no. 1, pp. 131–144, 2003.
- [4] O. Colliot, I. Bloch, and O. Camara, "Description of brain internal structures by means of spatial relations for MR image segmentation," in *SPIE Medical Imaging*, vol. 5370, San Diego, 2004, pp. 444–445.
- [5] S. Geman and D. Geman, "Stochastic relaxation, gibbs distributions and the bayesian restoration of images," *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 6, pp. 721–741, 1984.
- [6] N. Richard, M. Dojat, and C. Garbay, "Automated segmentation of human brain MR images using a multi-agent approach," *Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 30, pp. 153–175, 2004.
- [7] N. Tzourio-Mazoyer, B. Landeau, F. Papathanassiou, F. Crivello, O. Etard, N. Delcroix, B. Mazoyer, and M. Joliot, "Automated anatomical labeling of activations in spm using a macroscopic anatomical parcellation of the mni mri single-subject brain," *Neuroimage*, vol. 15, pp. 273–289, 2002.
- [8] K. Van Leemput, F. Maes, D. Vandermeulen, and P. Suetens, "Automated model-based bias field correction in MR images of the brain," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 18, no. 10, pp. 885–896, 1999.
- [9] —, "A unifying framework for partial volume segmentation of brain mr images," *IEEE Trans. Medical Imaging*, vol. 18, no. 10, pp. 897–908, 2003.
- [10] Y. Zhang, M. Brady, and S. Smith, "Segmentation of brain MR images through a hidden Markov random field model and the expectation-maximisation algorithm," *IEEE Transaction on Medical Imaging*, vol. 20, no. 1, pp. 45–47, 2001.