

Segmentation Markovienne Distribuée et Coopérative des Tissus et Structures Présents dans des IRM Cérébrales

B. Scherrer¹

M. Dojat²

F. Forbes³

C. Garbay⁴

^{1,2} UNITE INSERM U594 (Neuroimagerie Fonctionnelle et Métabolique)

³ INRIA Rhône-Alpes (Equipe Mistis)

⁴ UNITE CNRS TIMC (Techniques de l'Imagerie, de la Modélisation et de la Cognition)

Unité mixte INSERM-UJF U594, CHU de Grenoble - Pavillon B
BP 217, 38043 Grenoble Cedex 9
benoitscherrer@gmail.com

Résumé

La segmentation précise des tissus et des structures présents dans des IRM anatomique est indispensable à de nombreuses applications. Les approches les plus performantes reposent sur une modélisation markovienne de corrélation spatiale entre voxels et nécessitent donc l'estimation des paramètres du modèle sous-jacent (modèle de Potts). Des raffinements dans les algorithmes d'estimation n'étant pas suffisant pour la segmentation des structures, nous proposons d'introduire des connaissances anatomiques a priori exprimées par des relations spatiales imprécises entre structures. L'information acquise par la segmentation des structures est intégrée à son tour dans le processus markovien de segmentation des tissus, permettant aux différents processus de segmentation de s'enrichir mutuellement. Nous nous plaçons dans un environnement multi-agents où des entités autonomes distribuées dans l'image coopèrent à la mise en place de modèles markoviens locaux. Nous montrons alors sur des images fantômes et des images réelles acquises à 3 Tesla l'intérêt d'une modélisation markovienne distribuée et coopérative intégrant des connaissances anatomiques pour la segmentation des IRM.

Mots Clef

Imagerie Médicale, Champ de Markov, Segmentation tissus, Segmentation Structures, Système multi-agents

Abstract

Accurate tissues and structures segmentation of MRI brain scan is critical for several applications. Markov random fields are commonly used for such a task and require the estimation of the model parameters (Potts model). Some refinements can be introduced into estimation algorithms, but are not sufficient for structure segmentation. We propose to inject anatomical a priori knowledge expressed as fuzzy spatial relations. Knowledge obtained from structure segmentation is also injected in turn into the markov process of tissues

segmentation. Structures and tissues segmentation are thus dynamic and cooperative processes. They are implemented into a multi-agent system, where autonomous entities distributed into the image estimate local markov fields. We show using phantoms and real images (acquired on a 3T scanner) that a distributed and cooperative markov modelisation using anatomical knowledge is a powerful approach for MRI brain scan segmentation.

Keywords

Medical Imaging, Markov Segmentation, Tissu Segmentation, Structure Segmentation, Multi-Agent System

1 Introduction

Le développement des techniques d'imagerie médicale non invasives telles l'imagerie à résonance magnétique (IRM) et l'imagerie à résonance magnétique fonctionnelle (IRMf) ont rendu possible certaines études sur le cerveau humain jusqu'alors non concevables. L'interprétation de ces images est facilitée par la mise en place de traitements adaptés. Ainsi la segmentation d'IRM cérébrale anatomique est un maillon central de l'interprétation d'images cérébrales et doit être la plus précise et robuste possible en fonction de l'application visée. Dans notre cas on s'attachera à délimiter les tissus cérébraux (matière grise, matière blanche, liquide céphalo-rachidien) et à localiser les structures anatomiques (ventricules, corps calleux, cortex, noyaux centraux...), elles-mêmes composées de ces tissus.

Par construction, la segmentation des structures cérébrales requiert celle des tissus. Or, de nombreuses imperfections entachent l'information radiométrique disponible : le bruit et l'hétérogénéité des intensités (biais multiplicatif) conduisent à l'élargissement des classes de radiométrie, et un contraste très faible ainsi que le volume partiel induisent un plus grand chevauchement de ces classes. L'utilisation de champs de Markov cachés discrets est bien adaptée à la segmentation d'image [9] et particulièrement à la segmentation des tissus sur les IRM

anatomiques [10; 14; 16]. Ils permettent de régulariser l'étiquetage en introduisant une corrélation spatiale entre voxels. Des modélisations markoviennes du volume partiel [12] ou du champ de biais multiplicatif [13] ont aussi été proposées. Les structures cérébrales sous-corticales (comme le putamen, les noyaux caudés, le thalamus...) ne sont généralement pas considérées dans les approches classiques. Cependant leur radiométrie est très proche du ruban cortical et perturbent sa segmentation.

Des connaissances anatomiques peuvent être introduites pour pallier à ces difficultés, par exemple par le biais d'un atlas qu'il conviendra de recalculer sur l'image à segmenter. Ces méthodes sont coûteuses en temps de calcul et s'adaptent plus ou moins bien aux fortes variations anatomiques inter-individuelles du cerveau. Une autre approche, plus récente, consiste à utiliser des relations spatiales anatomiques générales donc imprécises exprimant des distances, des orientations et des symétries relatives entre structures. L'ensemble de ces relations peut être représenté dans un cadre flou, puis utilisé après la segmentation des tissus pour reconnaître les structures [3]. Il peut contribuer au processus de segmentation des structures dans une approche région [1], ou initier un modèle déformable et le faire évoluer [7]. Ces approches conduisent à une vision statique et cloisonnée de la segmentation : les structures sont segmentées de proche en proche et ne contribuent pas à leur tour à une amélioration de la segmentation en tissu, dont la qualité demeure pourtant un enjeu central.

Nous proposons dans cet article une approche coopérative pour la segmentation d'IRM cérébrale anatomique qui se fonde sur le raffinement mutuel des segmentations en tissus et en structures. Nous introduisons les connaissances anatomiques *a priori* issues des relations spatiales dans une modélisation markovienne via l'expression d'un champ externe. L'information acquise par l'étiquetage des structures est intégrée à son tour dans le processus markovien de segmentation des tissus. Segmentation des tissus et des structures apparaissent alors comme des processus dynamiques qui s'enrichissent mutuellement. Ils sont mis en oeuvre dans un cadre distribué par des agents travaillant de manière opportuniste, concurrente et locale.

Dans la section 2 nous présentons de manière générale les approches markoviennes de segmentation et discutons plusieurs méthodes pour l'estimation des paramètres, notamment des algorithmes inspirés de EM [4] : algorithme en champ modal, en champ moyen et en champ simulé. A notre connaissance leur évaluation comparative pour la segmentation d'IRM n'a pas encore été réalisée. Nous exposons dans la section suivante notre approche distribuée et coopérative de segmentation tissus et structures. La section 4 est consacrée à la présentation des connaissances anatomiques et leur intégration dans

les modèles markoviens. La section 5 présente l'environnement multi-agents que nous avons conçu pour implémenter les modèles proposés. La section 6 rapporte les différentes expérimentations réalisées sur des fantômes et sur des images réelles acquises à 3T, ainsi que les résultats obtenus. Ces expérimentations révèlent en particulier l'intérêt des modèles markoviens et de l'algorithme d'estimation en champ modal pour l'intégration de connaissances anatomiques en vue de meilleures segmentations des images cérébrales.

2 Segmentation markovienne et estimation des paramètres

Nous commençons par rappeler les principes de base de la segmentation markovienne, ainsi que différents algorithmes d'estimation des paramètres.

2.1 Modélisation markovienne

Soit un ensemble V de sites spatialement organisés, indicés par $\{1, \dots, N\}$. Les éléments de V sont interprétés comme les voxels d'une grille régulière de dimension 3. On définit sur V un système de voisinage. La relation de voisinage entre deux sites i et j est représentée par $i \sim j$ et on note $N(i)$ l'ensemble des sites voisins du site i .

En chaque site s s'expriment des données de deux types différents : l'une observée, l'intensité au point, et l'autre cachée, codant pour la classe du point, que l'on cherche à retrouver. On notera K le nombre de classes.

L'image des intensités observées \mathbf{y} et celle des étiquettes \mathbf{z} sont modélisées par des champs aléatoires, notés $\mathbf{Y} = \{Y_1, \dots, Y_N\}$ et $\mathbf{Z} = \{Z_1, \dots, Z_N\}$. Le champ $\mathbf{Z} = \{Z_i, i \in V\}$ représente une classification des pixels de V en fonction des observations $\mathbf{Y} = \{Y_i, i \in V\}$.

Par convention, les Z_i sont à valeurs dans $\{e_1, \dots, e_K\}$ où e_k est un vecteur de taille K correspondant à la classe k , ayant toutes ses composantes nulles sauf là $k^{\text{ème}}$ à 1.

Les données cachées \mathbf{Z} sont décrites par un modèle de champ de Markov discret, de distribution de probabilité $p(\mathbf{z}|\Phi_z)$ définie par une énergie H et dépendant d'un paramètre Φ_z :

$$p(\mathbf{z}|\Phi_z) = W^{-1} \exp(-H(\mathbf{z}|\Phi_z)) \quad (2.1)$$

où W est une constante de normalisation :

$$W = \sum_{\mathbf{z}'} \exp(-H(\mathbf{z}'|\Phi_z)). \quad (2.2)$$

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

$$p(\mathbf{y}|\mathbf{z}, \Phi_y) = \prod_{i \in S} p(y_i | z_i, \Phi_y) \quad (2.3)$$

où Φ_y sont des paramètres à préciser. Dans ce travail on utilisera :

$$p(y_i | z_i, \Phi_y) = g_k(y_i) \text{ si } z_i = e_k, \quad (2.4)$$

où g_k est une densité de probabilité gaussienne de moyenne et de variance dépendant de k . Φ_y représente alors l'ensemble des moyennes et variances pour les K classes.

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 (définie à une constante près) H :

$$H(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi) = H(\mathbf{z}|\Phi_z) - \sum_{i \in S} \log p(y_i | z_i, \Phi_y) \quad (2.5)$$

avec $\Phi = (\Phi_y, \Phi_z)$.

Le second terme représente le terme d'attache aux données (les intensités y_i), alors que $H(\mathbf{z}|\Phi_z)$ intervient lui comme un terme de régularisation traduisant la corrélation spatiale entre voxels. Ce dernier est souvent modélisé par un modèle de Potts simple sans champ externe :

$$H(\mathbf{z}|\Phi_z) = \sum_{i=1}^N \left[-\frac{\beta}{2} \sum_{j \in N(i)} {}^t z_i \cdot z_j \right] \quad (2.6)$$

(${}^t z$ note la transposée de z .)

de sorte que Φ_z se réduit ici à un paramètre β et :

$$H(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi) = \sum_{i=1}^N \left[-\frac{\beta}{2} \sum_{j \in N(i)} {}^t z_i \cdot z_j - \log p(y_i | z_i, \Phi_y) \right]. \quad (2.7)$$

Un modèle plus général consiste à ajouter au modèle de Potts (2.6) un terme jouant le rôle de champ externe et permettant de prendre en compte des informations *a priori* disponibles sur les étiquettes. Ainsi nous considérons :

$$H(\mathbf{z}|\Phi_z) = \sum_{i=1}^N \left[{}^t z_i \alpha_i - \frac{\beta}{2} \sum_{j \in N(i)} {}^t z_i \cdot z_j \right]. \quad (2.8)$$

Les α_i sont des paramètres supplémentaires de sorte que $\Phi_z = \{\alpha_1, \dots, \alpha_N, \beta\}$. Les α_i sont des vecteurs de dimension K qui peuvent s'interpréter comme des poids associés aux K classes en chacun des sites i .

Dans le cas particulier où $\beta = 0$, ce qui revient à supposer qu'il n'y a pas d'interaction spatiale entre les sites, on a :

$$p(z_i = e_k | \Phi_z) = \frac{\exp(-\alpha_i(k))}{\sum_{l=1}^K \exp(-\alpha_i(l))}. \quad (2.9)$$

Si bien que α_i pondère l'importance relative des différentes étiquettes au site i . Plus généralement, si l'importance relative des différentes classes est connue (*a priori*), elle peut être prise en compte à travers les α_i . A titre d'exemple nous précisons en sections 4.2 et 4.3 des choix possibles pour α_i à partir de connaissances anatomiques.

Une fois le modèle précisé, la segmentation peut alors se faire selon le principe de Maximum A Posteriori (MAP). Il s'agit de maximiser en \mathbf{z} la probabilité :

$$p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi) = \frac{\exp(-H(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi))}{\sum_{\mathbf{z}'} \exp(-H(\mathbf{z}'|\mathbf{y}, \Phi))}. \quad (2.10)$$

Le calcul nécessite d'évaluer la fonction de partition $\sum_{\mathbf{z}'} \exp(-H(\mathbf{z}'|\mathbf{y}, \Phi))$. Dès que V est trop grand le nombre de configurations pour \mathbf{z} explose, rendant le calcul impossible de manière directe. De plus tous ou une partie des paramètres Φ sont en général inconnus et donc à estimer comme précisé dans la section suivante.

2.2 Estimation des paramètres et segmentation

Nous nous plaçons dans un cadre de segmentation markovienne non supervisée : les paramètres $\Phi = (\Phi_y, \Phi_z)$ du modèle de Markov ne sont pas connus et il faut les estimer.

L'algorithme ICM (Iterated Conditional Mode, [2]) est un algorithme qui alterne segmentation et estimation des paramètres et donc se ramène à chaque étape au cas avec données complètes. A l'itération q , l'étape de segmentation est réalisée en cherchant le mode conditionnel de la distribution du champ de Markov pour la valeur courante Φ^{q-1} des paramètres du modèle et à l'aide de la segmentation courante \mathbf{z}^{q-1} :

$$\forall i \in V, z_i^q = \arg \max_{z_i} p(z_i | \mathbf{y}, \mathbf{z}_{N(i)}^{q-1}, \Phi^{q-1}) \quad (2.11)$$

A l'étape d'estimation, Φ_y et $\Phi_z = \{\beta\}$ (cas sans champ externe) sont réestimés pour la segmentation courante, respectivement par maximum de la log-vraisemblance conditionnelle (2.12) et par maximisation de la pseudo-vraisemblance (2.13)

$$\Phi_y^q = \arg \max_{\Phi_y} \log p(\mathbf{y} | \mathbf{z}^q, \Phi_y) \quad (2.12)$$

$$\beta^q = \arg \max_{\beta} PV(\mathbf{z}^q | \beta) \quad (2.13)$$

$$\text{avec } PV(\mathbf{z} | \beta) = \prod_{i \in V} p(z_i | \mathbf{z}_{N(i)}, \beta).$$

Cet algorithme donne des segmentations acceptables mais est connu pour induire un biais dans l'estimation des paramètres, principalement du à l'utilisation d'une segmentation « dure » (opposée à floue) à chaque étape de l'algorithme.

On peut aussi interpréter le modèle de champ de Markov caché comme un modèle de mélange fini avec dépendance spatiale. Dans ce cadre l'algorithme EM (Expectation-Maximisation [8]) est un algorithme itératif pour le calcul de l'estimateur du maximum de vraisemblance des paramètres pour les données observées. Il travaille avec des probabilités conditionnelles et non pas avec des restaurations des données cachées comme ICM. Ce n'est pas un algorithme de segmentation, mais un algorithme d'estimation des paramètres, permettant ensuite la segmentation à partir des estimateurs fournis. Cet algorithme, facile à implémenter pour les mélanges gaussiens indépendants, explose d'un point de vue combinatoire lorsqu'on introduit des dépendances spatiales. Des approximations sont nécessaires.

Des techniques basées sur des simulations de Monte-Carlo (MCEM) conduisent à de bons résultats, mais sont cependant très lourdes en temps de calcul. Comme alternative, [4] ont proposé des algorithmes moins coûteux inspirés de EM et du principe de champ moyen de la physique statistique. L'idée consiste à se ramener à chaque itération à un système de variables indépendantes en fixant la valeur du champ dans le voisinage de chaque site à une constante, qui est :

- pour l'approximation en champ moyen la moyenne du champ de Markov conditionnel (loi *a posteriori* de \mathbf{Z}) courant
- pour l'approximation en champ modal le mode du champ de Markov conditionnel courant
- pour l'approximation en champ simulé une simulation selon la loi du champ de Markov conditionnel courant.

On se ramène donc à un algorithme de type EM pour modèle de mélange fini indépendant au cours duquel le modèle change et s'adapte à chaque itération en fonction de l'approximation courante du voisinage. Ces trois algorithmes seront comparés dans la section 6.

3 Coopération des processus de segmentation

Dans cette section nous précisons comment nous utilisons le formalisme de la section précédente pour la segmentation coopérative des tissus et des structures. Les processus markoviens de segmentation des tissus et de segmentation des structures coopèrent et s'enrichissent mutuellement via l'expression de deux champs externes dont nous précisons les expressions dans la section 4. Cette section présente le fonctionnement général des deux processus différents mis en œuvre.

3.1 Segmentation des tissus

Le processus markovien de segmentation des tissus étiquette chaque site selon les trois classes { *Liquide céphalo-rachidien*, *Matière grise*, *Matière blanche* }. Le volume partiel n'est pas pris en compte.

Cela correspond donc à $K=3$ dans les modèles présentés dans la section 2.1. Le processus markovien des tissus estime les paramètres des modèles d'intensités des tissus Φ_y tout en intégrant la connaissance issue des structures via le champ externe d'un modèle de Potts. Initialement, lorsque aucune structure n'a encore été segmentée, ce champ externe est nul. Par la suite, il permet d'incorporer le résultat des segmentations des structures par l'intermédiaire des probabilité de *structure* et de *non structure* qui en résultent (voir section 4.3)

3.2 Segmentation des structures

Des processus markoviens de segmentation sont mis en œuvre pour segmenter les L structures. Ils étiquettent chaque site selon les deux classes { *structure*, *non structure* }. Ils utilisent donc les modèles présentés dans la section 2.1 avec $K=2$.

Les processus markoviens de segmentation des structures ne réestiment pas les modèles d'intensités, mais utilisent les modèles Φ_y calculés par les processus markoviens tissus. Ils intègrent la connaissance anatomique *a priori* via un champ externe précisé dans la section 4.2.

3.3 Illustration des mécanismes

La Figure 1 illustre les mécanismes de coopérations précédemment décrits.

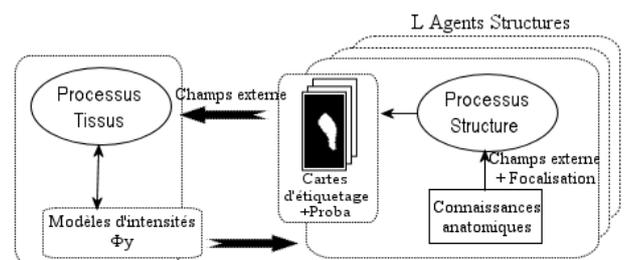


Figure 1 : Illustration des interactions entre processus tissus et structures.

4 Apport de connaissances anatomiques et intégration dans les modèles markoviens

Les données radiométriques étant insuffisantes pour segmenter les structures, nous introduisons des connaissances anatomiques sous forme de relations spatiales générales entre structures. Les sections 4.2 et 4.3 décrivent ensuite l'intégration de ces connaissances dans les différents processus de segmentation.

4.1 Relations spatiales

Les connaissances sur l'anatomie du cerveau (cf Figure 2) sont exprimées via des relations spatiales imprécises entre structures cérébrales. Les relations spatiales sont des relations binaires entre une structure de référence (R) et la structure cible (C). Par exemple : « le putamen (C) est à environ 20 mm du ventricule latéral (R) ». Cette connaissance floue est traduite dans un cadre de logique possibiliste par une carte 3D floue d'appartenance à la structure [3].

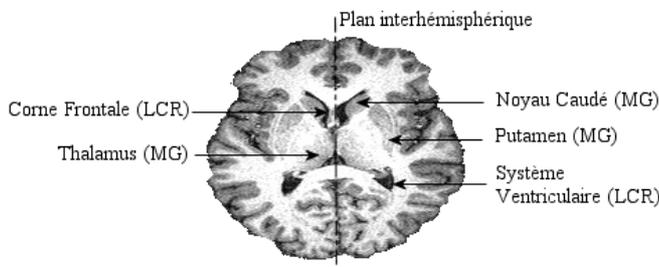


Figure 2 : Localisation des structures considérées dans notre approche

Pour construire la carte floue de la première structure cible (C) la segmentation d'une structure de référence (R) est nécessaire. Le système ventriculaire est très visible sur les images et a la propriété d'être la deuxième plus grande composante de Liquide Céphalo-Rachidien. Dans [1] et [7] des opérations de morphologie mathématique sont utilisées pour l'étiqueter et donc pour initialiser la construction des connaissances anatomiques.

Trois types de relations spatiales sont mises en œuvre :

- *Des relations de distances*, de la forme : « C est à une distance { d'environ, supérieure à, inférieure à } D mm de R »
- *Des relations d'orientation*, qui visent à contraindre la position de la structure C dans la direction D par rapport à la structure R.
- *Des relations de symétrie*, afin de prendre en compte la semi-symétrie du cerveau. A notre connaissance ces relations importantes ont été peu utilisées en IRM cérébrales. Nous les traduisons en considérant la symétrie de la structure de référence, puis en construisant une carte floue de distance relative à une version érodée de ce symétrique.

La fusion conjonctive ou disjonctive de plusieurs cartes floues [3] permet enfin une localisation floue de chaque

structure l (avec $l \in \{1, \dots, L\}$). On dispose donc en chaque site i de quantités f_i^l représentant la possibilité que le site i appartienne à la structure l . La Figure 3 illustre les cartes floues construites pour le putamen droit et la carte fusionnée résultante.

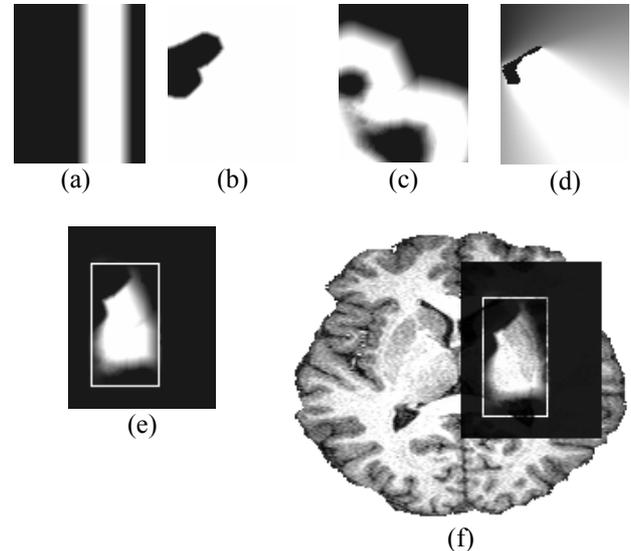


Figure 3 : Cartes floues des relations spatiales du putamen droit : distances au plan interhémisphérique (a), à la corne frontale (b), au ventricule+corne frontale (c), orientation par rapport à la corne frontale droite (d), carte fusionnée résultante (e) et fusion avec l'image anatomique (f) (le noir et le blanc correspondent respectivement à la probabilité 0 et 1.)

La Figure 3.f, fusion du paysage flou (3.e) avec l'image anatomique (Figure 2), illustre la connaissance spatiale acquise : on a défini une région d'intérêt possibiliste incluant le putamen qui, injectée dans notre modèle markovien, permettra la segmentation de cette structure.

4.2 Intégration dans le processus markovien de segmentation des structures

Afin d'intégrer la connaissance anatomique issue des relations spatiales (les f_i^l) nous adoptons comme modèle de corrélation spatiale le modèle de Potts avec champ externe (2.8). Pour distinguer les processus de segmentation des structures et des tissus, on notera ici \mathbf{s} plutôt que \mathbf{z} la variable de la classe, de sorte que s_i représente la classe *structure* ou *non structure* du site i . On a alors :

$$H^l(\mathbf{s} | \Phi_s^l) = \sum_{i=1}^N \left[{}^t s_i \alpha_i^l - \frac{\beta^l}{2} \sum_{j \in N(i)} {}^t s_i s_j \right] \quad (4.1)$$

et en notant $\Phi^l = \{\Phi_s^l, \Phi_y\}$:

$$H^l(\mathbf{s} | \mathbf{y}, \Phi^l) = H^l(\mathbf{s} | \Phi_s^l) - \sum_{i \in V} \log p(y_i | s_i, \Phi_y). \quad (4.2)$$

Nous proposons les α_i^l tels que :

$$\alpha_i^l = \gamma \begin{bmatrix} -\log(1 - f_i^l) \\ -\log f_i^l \end{bmatrix} \quad (4.3)$$

où γ un paramètre réglant l'influence du champ externe.

Cela a pour effet d'influencer les sites pour lesquels, sans champ externe, la décision d'étiquetage est instable (probabilité d'appartenance aux deux classes presque égales). Le champ externe influencera d'autant plus le site i que f_i^l est proche de 1 ou 0. Plus précisément, α_i est choisi de manière à ce qu'un f_i^l proche de 1 influence le site i à être dans la structure l , ie $s_i = e_1$ et inversement si f_i^l est proche de 0.

Expérimentalement nous avons choisi $\gamma = \beta$ qui semble donner de bons résultats, et qui revient à donner la même influence à la connaissance anatomique et au terme de corrélation spatiale.

De plus, il est intéressant de faire intervenir l'information anatomique de localisation floue de la structure dans le terme d'attache aux données, modifié en :

$$\sum_{i \in S} f_i^l \log(p(y_i | s_i, \Phi_y)), \quad (4.4)$$

permettant de focaliser la segmentation sur la zone cible.

Les paramètres des modèles d'intensités Φ_y ne sont pas réestimés mais déduit des paramètres estimés dans la segmentation des tissus. Notons $j(l)$ la classe du tissu associé à la structure l ($j(l) \in \{1, 2, 3\}$). La classe *structure* fait intervenir les paramètres de la gaussienne du tissu $j(l)$ et la classe *non structure* fait intervenir un mélange des gaussiennes des deux autres tissus.

4.3 Intégration dans le processus markovien de segmentation des tissus

Nous adoptons aussi le modèle de Potts avec champ externe dans le processus de segmentation des tissus, défini par l'énergie ci-dessous. Ici la variable de classe est notée t_i :

$$H(\mathbf{t} | \mathbf{y}, \Phi) = \sum_{i=1}^N \left[t_i \cdot \lambda_i - \frac{\beta}{2} \sum_{j \in N(i)} t_i t_j - \log p(y_i | t_i, \Phi_y) \right]. \quad (4.5)$$

Les paramètres de champ externe $\lambda = (\lambda_i, i \in V)$ permettent d'introduire dans le processus de segmentation

des tissus l'information acquise par la segmentation de chaque structure. Soit λ^l la contribution de la structure l . Nous proposons :

$$\lambda = -\log \left(\bigoplus_{l=1}^L \lambda^l \right) \quad (4.6)$$

(\oplus représente la fusion disjonctive des différentes contributions, définie par $a \oplus b = a + b - ab$).

Pour conserver le caractère local de la connaissance, on considère chaque structure l segmentée ainsi que son dilaté \bar{s}^l et on construit le masque binaire \mathbf{d}^l défini par :

$$\forall i \in V : d_i^l = \begin{cases} 1 & \text{si } i \in \bar{s}^l \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases} \quad (4.7)$$

Notons ensuite $j(l)$ la classe du tissu associé à la structure l ($j(l) \in \{1, 2, 3\}$). On définit alors λ_i^l par :

$$\forall k \in \{1, 2, 3\} \quad \lambda_i^l(k) = \begin{cases} d_i^l p(s_i = e_1 | \mathbf{y}, \Phi^l) & \text{si } k = j(l) \\ d_i^l p(s_i = e_0 | \mathbf{y}, \Phi^l) & \text{si } k \neq j(l) \end{cases} \quad (4.8)$$

où $p(s_i | \mathbf{y}, \Phi^l)$ est la probabilité a posteriori pour le site i d'être de la structure l , estimée lors de l'étape de segmentation des structures.

Ainsi, pour un site i appartenant à la structure, le terme $p(s_i = e_1 | \mathbf{y}, \Phi^l)$ est supérieur à $p(s_i = e_0 | \mathbf{y}, \Phi^l)$ et le tissu constituant la structure est favorisé alors que pour un site appartenant à une bande autour de la structure, $p(s_i = e_0 | \mathbf{y}, \Phi^l)$ est supérieur à $p(s_i = e_1 | \mathbf{y}, \Phi^l)$, et les deux autres classes de tissus sont favorisées (cf Figure 4).

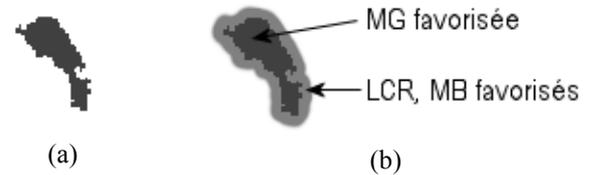


Figure 4 : Segmentation du putamen (constitué de matière grise) (a) et version dilatée (b), permettant de conserver le caractère local de l'information.

5 Système multi-agents

Les expérimentations ont été réalisées à partir de l'environnement multi-agents situé, coopératif et décentralisé de segmentation des tissus proposé par [11].

5.1 Agents tissus

Le volume est scindé en partitions abritant chacune un agent local de segmentation des tissus. Chaque agent estime les paramètres d'un modèle markovien local de manière coopérative :

- Il vérifie et modifie son modèle d'intensités selon les partitions voisines. Ainsi un tissu peu représenté dans une partition peut tout de même être modélisé.
- Les modèles d'intensités sont interpolés entre partitions voisines afin de prendre en compte l'hétérogénéité des intensités des tissus à l'intérieur de chaque partition.
- Une modification des modèles d'intensités d'un agent réveille les agents des partitions voisines, permettant de transmettre spatialement l'information.
- Une modification de la segmentation d'une structure réveille l'agent si celle-ci est présente dans la partition, de manière à mettre à jour le champ externe et donc la connaissance structure.

5.2 Agents structures

Un agent structure est défini pour chacune des L structures à segmenter. Nous avons ainsi 9 agents pour étiqueter le système ventriculaire, les deux cornes frontales, les deux noyaux caudés, les deux thalamus et les deux putamens.

Ces agents sont :

- *Dynamiquement localisés* : ils se focalisent dynamiquement sur leur structure cible grâce à l'information de localisation floue de la structure.
- *Opportunistes* : ils commencent leur traitement dès que possible et enrichissent leur connaissance au fur et à mesure.
- *Coopératifs* : ils segmentent chacun leur structure cible, en s'appuyant sur :
 - o Les segmentations des autres agents structures pour construire et mettre à jour les cartes floues des relations spatiales. Ainsi il n'y a plus de structure « racine » dont la qualité de la segmentation (réalisée une fois pour toutes) conditionne entièrement la qualité de la connaissance.
 - o Les agents tissus pour connaître les modèles d'intensités Φ_y estimés. En effet ces derniers tiennent compte de l'hétérogénéité des intensités des tissus, qu'il est aussi intéressant de prendre en compte dans la segmentation des structures.

6 Expérimentations et résultats

Les résultats ont été évalués à la fois sur des images fantômes et sur des images réelles, acquises par un imageur 3T. L'évaluation sur les fantômes a été réalisée avec le critère de Jaccard, défini par :

$$J = \frac{VP}{VP + FP + FN}, \quad (6.1)$$

Avec VP = VraisPositifs, FP = FauxPositifs et FN = FauxNégatifs.

A notre connaissance il n'existe pas de fantôme à la fois tissus et structures, indispensable à une réelle évaluation de notre approche coopérative où agents tissus et agents structures s'enrichissent mutuellement. Nous avons donc été contraints de considérer deux fantômes différents.

6.1 Fantômes tissus

Nous avons évalué les algorithmes d'estimation des paramètres grâce au fantôme de BrainWeb [6] pour différentes valeurs de bruit.

Bruit 3% Inhomogénéité 20%	ICM	Modal	Moyen	Simulé
LCR	61%	62%	62%	62%
MG	86%	86%	86%	86%
MB	91%	91%	91%	91%
Temps de calcul	2m30	2m30	6m.	13m20

Bruit 7% Inhomogénéité 20%	ICM	Modal	Moyen	Simulé
LCR	56%	57%	57%	57%
MG	80%	82%	83%	83%
MB	85%	86%	87%	87%
Temps de calcul	2m50	2m50	6m.	12m.

Bruit 9% Inhomogénéité 20%	ICM	Modal	Moyen	Simulé
LCR	56%	57%	57%	56%
MG	79%	81%	81%	80%
MB	83%	85%	85%	85%
Temps de calcul	3m.	3m.	6m.	13m.

Tableau 1 : Evaluation des algorithmes d'estimation. LCR : Liquide Céphalo-Rachidien, MG : Matière Grise, MB : Matière Blanche.

Les quatre algorithmes donnent des résultats similaires, avec un léger désavantage pour ICM en présence de bruit. Les algorithmes en champ moyen et en champ simulé sont plus lourds à mettre en œuvre que le champ modal, et ne semblent pas apporter un réel gain dans les conditions d'estimations des paramètres choisies. Sur la base de ces expérimentations nous proposons d'utiliser l'algorithme en champ modal, qui représente un bon compromis entre résultat et temps de calcul.

L'apport des connaissances anatomiques et de la coopération entre agents tissus et structures ne peut pas correctement être évaluée avec ces images. On voit par exemple sur la Figure 5 que la segmentation de référence disponible au niveau du putamen n'inclus pas de connaissance structure et est donc fautive.

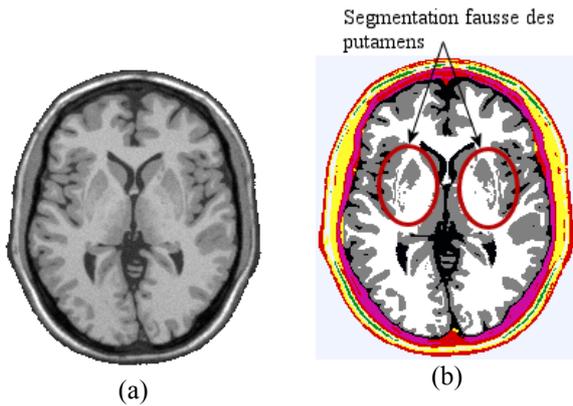


Figure 5 : Fantôme 3% de bruit, 20% d'inhomogénéité (a) et segmentation de référence disponible (b) (vue transversale)

6.2 Fantôme structure

Nous avons considéré le fantôme du LONI (UCLA Laboratory of Neuro Imaging) pour évaluer la segmentation en structures. Les résultats obtenus avec le critère de Jaccard étaient de l'ordre de 60 à 65% selon les structures. Ces résultats moyens sont dus à l'étiquetage de référence assez grossier comme l'illustre la Figure 6 :

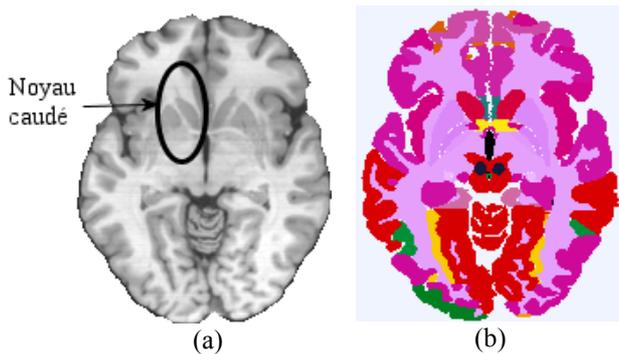


Figure 6 : Fantôme (a) et segmentation des structures disponible (b) du LONI (UCLA Laboratory of Neuro Imaging)

Par exemple les noyaux caudés sont clairement sur-segmentés sur la segmentation de référence proposée. D'autre part le liquide céphalo-rachidien au niveau des sillons n'est pas étiqueté, rendant impossible l'évaluation tissu. On pourrait évaluer seulement les résultats de la matière grise et de la matière blanche, mais la matière grise des sillons est elle aussi sur-segmentée au détriment du LCR des sillons, pourtant visible sur la Figure 6.a. Enfin, aucune version bruitée de l'image fantôme n'est disponible. Nous mettons ainsi en évidence la nécessité de construire un atlas à la fois tissus et structures pour tester et comparer les algorithmes de segmentation.

6.3 Images réelles

Une évaluation visuelle qualitative sur images réelles a enfin été réalisée, indispensable pour apprécier complètement les résultats de l'approche. Les images ont

été acquises sur la plate-forme IRM 3 Tesla grenobloise. La Figure 7 illustre bien l'apport des connaissances spatiales sur la qualité de la segmentation des tissus au niveau des putamens ou des thalamus.

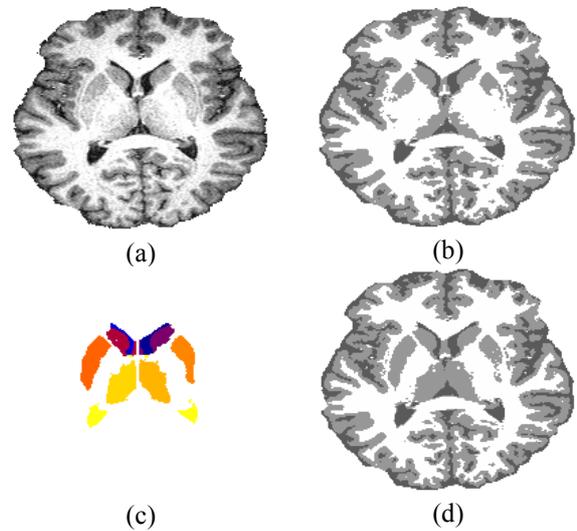


Figure 7 : (a) image réelle, (b) segmentation des tissus sans connaissance anatomique, (c) segmentation des structures, et (d) segmentation des tissus par notre approche distribuée et coopérative.

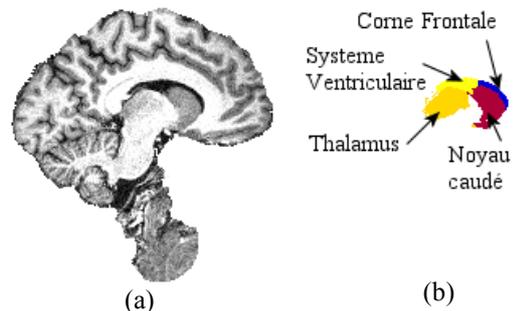


Figure 8 : Vue sagittale de l'image originale (a) et de la segmentation obtenue (b)

Le putamen est une structure très difficile à segmenter étant donné son contraste et sa proximité avec le ruban cortical. La Figure 9 illustre les bénéfices de notre approche coopérative, et en particulier la mise en œuvre des relations de semi-symétrie.

La première segmentation du putamen droit (Figure 9.a.2) est mauvaise, mais la relation de semi-symétrie permet ensuite de le corriger. L'étiquetage n'est certes pas parfait, mais la coopération entre agents a permis une nette amélioration. Pour le putamen gauche (Figure 9.b.2) la première segmentation est perturbée par la présence de Liquide Céphalo-Rachidien, mais est progressivement améliorée grâce à la régularisation markovienne et à la relation de semi-symétrie.

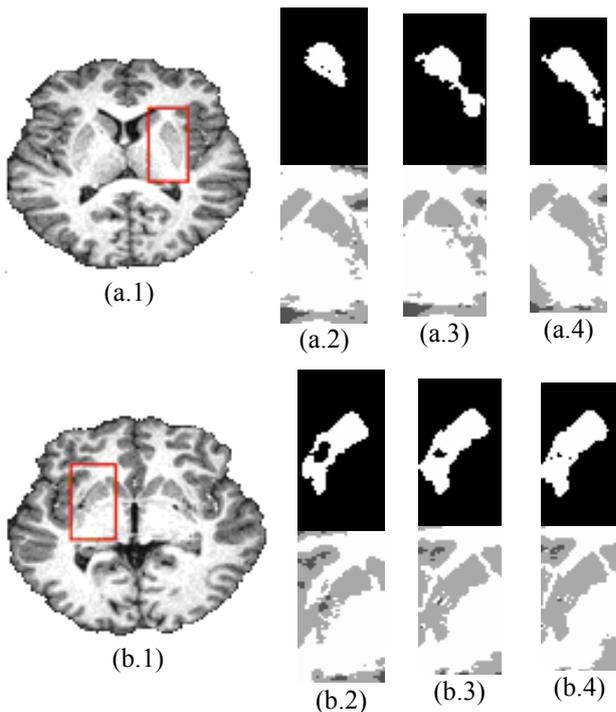


Figure 9 : Evolution de la segmentation des putamens droits et gauche : image anatomique (a.1 et b.1), première segmentation des putamens et des tissus (a.2, b.2) puis évolution (a.3, a.4, b.3, b.4)

Un autre apport de la segmentation des structures est une meilleure segmentation du cortex. En effet certaines structures sous-corticales comme les putamens ou les noyaux caudés (constitués aussi de matière grise) sont très proches du ruban cortical et perturbent sa segmentation. Le fait de segmenter ces structures permet de les différencier de la matière grise du cortex, rendant possible une meilleure reconstruction 3D du cortex. Ces résultats sont illustrés sur la Figure 10.

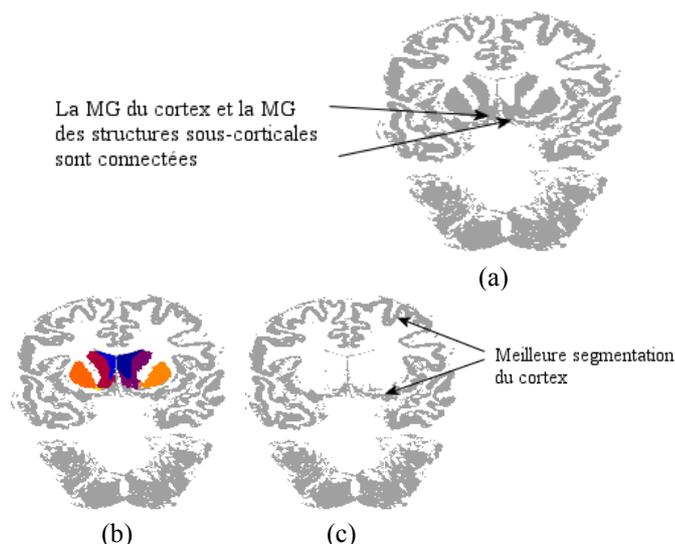


Figure 10 : Segmentation de la matière grise sans connaissance anatomique (a), segmentation en structures (b), et ruban cortical déduit. (vue coronale)

7 Conclusion et perspectives

L'intégration de connaissances anatomiques dans des modèles markoviens distribués et coopératifs de segmentation offre donc de très bons résultats. Tous les processus s'enrichissent mutuellement et contribuent progressivement à une nette amélioration des segmentations des tissus et des structures. L'information anatomique des relations spatiales est elle aussi mise à jour et ne dépend plus de la segmentation d'une structure « racine » réalisée une fois pour toutes comme dans les approches hiérarchiques [7].

Les résultats sur les images réelles sont très concluants, et l'impossibilité de tester pleinement notre approche sur des images fantômes nous conduit à mettre en évidence la nécessité de construire des fantômes à la fois tissus et structures.

Le cadre markovien nous place dans une approche région de segmentation, conceptuellement de plus bas niveau que les approches frontières des modèles déformables [7]. Ce choix a plusieurs conséquences :

- Le cadre est probabiliste et une mesure de l'incertitude est toujours disponible.
- Segmentation des tissus et segmentation des structures coopèrent dans un cadre unifié, adapté au cadre distribué et coopératif.
- L'ajout d'un champ externe permet d'introduire facilement de l'information *a priori*.
- L'approche n'est pas conditionnée par les prétraitements nécessaires aux modèles déformables, qui détruisent parfois de l'information utile.
- Le problème de l'initialisation des modèles déformables, même si il peut partiellement être résolu avec les méthodes GVF [15], ne se pose pas.

Nous n'intégrons cependant pas de connaissance sur la topologie des structures segmentées, ni sur leur morphologie. C'est dans cette intention qu'il pourrait être intéressant de combiner notre approche bas niveau avec un modèle déformable. Ce dernier pourrait vraisemblablement être simple étant donné les traitements déjà effectués par les processus markoviens.

Il serait bénéfique de prendre en compte les effets de volume partiel en intégrant par exemple cinq gaussiennes dans les modèles d'intensités des tissus, de manière à obtenir une segmentation plus informative au niveau des interfaces LCR-MG et MG-MB. Ceci permettrait, selon l'application, de privilégier ensuite un tissu plutôt qu'un autre.

Il serait aussi intéressant d'évaluer l'apport d'autres raffinements dans le modèle markovien. On pourrait analyser plus précisément l'influence des paramètres des modèles, et envisager si besoin d'autres méthodes d'estimation adaptées. Ainsi [5] propose d'estimer les paramètres d'un champ externe destiné à conserver les

structures fines. Ce champ externe permettrait sans doute de mieux segmenter les sillons.

Nous avons ainsi montré qu'un environnement multi-agents est un cadre bien adapté à la mise en œuvre de processus markoviens locaux, distribués et coopératifs pour la segmentation d'IRM anatomique.

Bibliographie

- [1] Barra, V. et J. Y. Boire, Automatic segmentation of subcortical brain structures in MR images using information fusion, *IEEE Transaction on Medical Imaging* **20**(7): 549-558, 2001.
- [2] Besag, On the statistical analysis of dirty pictures, *Journal of the Royal Statistical Society* **48**: 259-302, 1986.
- [3] Bloch, I., T. Géraud et H. Maître, Representation and fusion of heterogeneous fuzzy information in the 3D space for model-based structural recognition - Application to 3D brain imaging, *Artificial Intelligence* **148**: 141-175, 2003.
- [4] Celeux, G., F. Forbes et N. Peyrard, EM procedures using mean field-like approximations for model-based image segmentation, *Pattern Recognition* **36**(1): 131-144, 2003.
- [5] Celeux, G., F. Forbes et N. Peyrard, Modele de Potts avec champ externe et algorithme de type EM pour la segmentation d'image. RFIA, Toulouse, 2004.
- [6] Collins, D., A. Zijdenbos, V. Kollokian, J. Sled, N. Kabani, C. Holmes et A. Evans, Design and construction of a realistic digital brain phantom, *IEEE Transactions on Medical Imaging* **17**(3): 463-468, 1998.
- [7] Colliot, O., I. Bloch et O. Camara, Combinaison de relations spatiales et de modèles déformables pour la segmentation de structures cérébrales internes en IRM. RFIA, Toulouse, p563-572, 2004.
- [8] Dempster, A. P., N. M. Laird et D. B. Rubin, Maximum likelihood from incomplete data via EM algorithm, *Journal of the Royal Statistical Society* **39**: 1-38, 1977.
- [9] Geman, S. et D. Geman, Stochastic Relaxation, Gibbs Distributions and the Bayesian Restoration of Images, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* **6**: 721-741, 1984.
- [10] Held, K., E. R. Kops, B. J. Krause, W. M. Wells, R. Kikinis et H. W. Muller-Gartner, Markov random field segmentation of brain MR images, *IEEE Transaction on Medical Imaging* **16**(6): 878-886, 1997.
- [11] Richard, N., Une approche située, coopérative, et décentralisée pour l'interprétation d'images cérébrales par RMN. Thèse de doctorat, Université Joseph Fourier, Grenoble, 2004.
- [12] Shattuck, D. W., S. R. Sandor-Leahy, K. A. Schaper, D. A. Rottenberg et R. M. Leahy, Magnetic resonance image tissue classification using a partial volume model, *Neuroimage* **13**(5): 856-876, 2001.
- [13] Van Leemput, K., F. Maes, D. Vandermeulen et P. Suetens, Automated model-based bias field correction in MR images of the brain, *IEEE Transactions on Medical Imaging* **18**(10): 885-896, 1999.
- [14] Van Leemput, K., F. Maes, D. Vandermeulen et P. Suetens, Automated model-based tissue classification of MR images of the brain, *IEEE Transaction on Medical Imaging* **18**(10): 897-908, 1999.
- [15] Xu, C. et J. L. Prince, Snakes, shapes and gradient vector flow, *IEEE Transaction on Image Processing*(mars 1998): 359-369, 1998.
- [16] Zhang, Y., M. Brady et S. Smith, Segmentation of Brain MR images through a hidden Markov random field model and the expectation-maximisation algorithm, *IEEE Transaction on Medical Imaging* **20**(1): 45-47, 2001.