



Les arbres de coupes comme extracteur d'attributs pour la segmentation multi-images par marche aléatoire

Francisco Javier Alvarez Padilla, Barbara Romaniuk, Benoît Naegel, Stéphanie Servagi-Vernat, Dimitri Papathanassiou, Nicolas Passat

► To cite this version:

Francisco Javier Alvarez Padilla, Barbara Romaniuk, Benoît Naegel, Stéphanie Servagi-Vernat, Dimitri Papathanassiou, et al.. Les arbres de coupes comme extracteur d'attributs pour la segmentation multi-images par marche aléatoire. GRETSI, 2017, Juan-les-Pins, France. hal-01694736

HAL Id: hal-01694736

<https://hal.univ-reims.fr/hal-01694736>

Submitted on 16 Feb 2018

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.

Les arbres de coupes comme extracteur d'attributs pour la segmentation multi-images par marche aléatoire

Francisco Javier ALVAREZ PADILLA¹, Barbara ROMANIUK¹, Benoît NAEGEL², Stéphanie SERVAGI-VERNAT^{1,3},
Dimitri PAPATHANASSIOU^{1,4}, Nicolas PASSAT¹

¹Université de Reims Champagne-Ardenne, CReSTIC, France

²Université de Strasbourg, CNRS, ICube, France

³Département de Radiothérapie, Institut Jean-Godinot, Reims, France

⁴Département de Médecine Nucléaire, Institut Jean-Godinot, Reims, France

francisco-javier.alvarez-padilla@univ-reims.fr

Résumé – La Tomographie par Émission de Positons (TEP), la Tomodensitométrie (TDM) et la TDM avec injection de produit de contraste sont couramment utilisées pour la planification du traitement de radiothérapie, où la précision de la segmentation tumorale est une étape cruciale. En dépit de sa faible résolution spatiale, la TEP est, dans ce contexte, la principale modalité mise en jeu pour les phases de segmentation, grâce au fort contraste des régions tumorales. Récemment, les méthodes de segmentation multimodales ont toutefois démontré leur potentiel, tirant parti d'informations intrinsèquement différentes (TEP, TDM, IRM, etc.). Cependant, ces méthodes utilisent, en général, uniquement des informations spectrales. Pour cette raison, nous proposons une nouvelle méthodologie multicritères et multi-images, pour exploiter des informations de nature vectorielle. Tout d'abord, la structure d'un arbre de coupes est utilisée pour l'extraction d'attributs. Les arbres construits sont restitués sous la forme d'une image, en assignant des valeurs vectorielles aux voxels. Dans un second temps, une marche aléatoire est appliquée pour obtenir une segmentation de cette dernière. Finalement, les volumes obtenus sont classifiés pour une étape de planification de la dose en fonction de l'hétérogénéité tumorale, *dose painting*.

Abstract – Positron Emission Tomography (PET), Computed Tomography (CT) and contrast-enhanced CT have been widely used in tumor delineation and radiotherapy treatment planning, where precision of tumor segmentation is a crucial step. Despite its low spatial resolution, PET is, in this context, the main methodology involved in the segmentation phases, due to its high contrast in tumor regions. Recently, multimodal segmentation methods have demonstrated their potential, taking advantage of intrinsically different information (PET, CT, MRI, etc.). However, these methods only take advantage of spectral information. For this reason, we propose a new multicriteria and multi-image methodology, to exploit information of vectorial nature. Firstly, a component-tree structure is used to retrieve several attributes. The computed trees are restored as an image, assigning vector values to the voxels. In a second step, the random walk method is applied to obtain a segmentation result. Finally, the volumes are classified according to their heterogeneity for a step of dose painting.

1 Introduction

La radiothérapie a pour objectif d'éliminer les cellules tumorales en endommageant principalement leur ADN. Les tumeurs sont hétérogènes avec des cellules radiorésistantes et bien vascularisées avec des plages de nécrose. À ce jour, en routine clinique, la dose de radiothérapie délivrée sur la tumeur est homogène malgré sa composition hétérogène. Pour les carcinomes épidermoïde de la tête et du cou localement avancés, les patients présentent un taux de récurrence régional après radiothérapie proche du 20–30%, généralement observé dans la tumeur initiale. L'une des voies d'amélioration serait de délivrer une dose de radiothérapie en fonction d'une caractéristique tu-

morale identifiée par l'imagerie anatomique ou métabolique, comme par exemple des zones d'hypoxie par ¹⁸F-FAZA TEP, des zones de prolifération par FLT TEP, des zones de néoangiogénèse par IRM de diffusion, etc. (*dose painting*). La ¹⁸F-FDG TEP-TDM est largement utilisée en clinique pour la stadification de la maladie, la planification du traitement de radiothérapie et le suivi du patient. De plus, la TDM avec injection de produit de contraste (TDM-IC) peut être réalisée pour réhausser les vaisseaux sanguins et les régions tumorales hautement vascularisées liées à la néoangiogénèse.

En absence d'une méthodologie cliniquement validée, la délimitation des tumeurs à irradier est faite manuellement avec l'aide des différentes données radiologiques. Les erreurs intra/inter-opérateurs et le temps d'implantation ont conduit à la proposition de nouvelles méthodologies visant à automatiser la segmentation des tumeurs à partir de la ¹⁸F-FDG TEP, qui est l'imagerie métabolique la plus connue aujourd'hui. Comme

Ce travail est partiellement financé par la *Universidad de Guadalajara, México* (expédient 021-V/2015/660); et partiellement financé par le programme "Investissement d'Avenir", piloté par l'Agence Nationale pour la Recherche (Infrastructure d'Avenir en Biologie Santé, ANR-11-INBS-0006).

première tentative, un seuillage fixe à 40–50% du SUV_{max} selon le type du cancer [1] reste un protocole largement utilisé du fait de sa simplicité d’implantation et de l’obtention de résultats assez satisfaisants. Sur cette base, des variantes ont été proposées pour adapter le seuil selon les caractéristiques spectrales de l’image [2]. Des approches par classification ont été également explorées. Dewalle-Vignion et al. [3] ont extrait des zones tumorales via l’image de *maximum intensity projection* (MIP) pour chaque plan anatomique de l’image (sagittal, coronal et axial). Un FCM est ensuite appliqué pour classifier ces régions qui vont guider la procédure de segmentation. Des approches plus complexes, basées sur des modèles par graphes ont également été proposées. Bagci et al. [4] présentent une adaptation de l’algorithme de la marche aléatoire afin de réaliser la segmentation à partir d’un ensemble d’images médicales (TEP, TDM et/ou IRM, etc.). Ju et al. [5] ont proposé une méthodologie bimodale basée dans le *graph cut* pour la TEP et la TDM dont la fonction d’énergie à optimiser est composée par des termes provenant de chaque image. À partir de ces déclarations, nous estimons que la modélisation d’une image sous forme de graphe ainsi que la multimodalité, ont montré des résultats probants dans le cadre de la segmentation. La plupart de ces méthodes se sont basées uniquement sur les valeurs d’intensité des images. Nous proposons une méthodologie basée sur les graphes et la multimodalité, en tirant avantage de la notion d’image avec des composants vectoriels. À cet effet, nous avons fait le choix d’exploiter les arbres de coupes. Cette structure arborescente permet de séparer les régions de l’image selon ses intensités tout en proposant une structure hiérarchique. Dans notre cas, cette structuration se fera localement par rapport aux intensités maximales, caractéristique des tumeurs. D’abord, nous allons expliquer les notions de base pour la compréhension de notre approche dans la section suivante. Ensuite, les différentes étapes de cette approche sont détaillées en section 3. Enfin, nous présentons quelques résultats illustratifs en section 4.

2 Arbres de coupes

Un arbre de coupes τ [6] est une structure de graphe qui représente une image de manière hiérarchique, par un ensemble de nœuds $k \in \Theta$ (Fig. 1). L’image I est partitionnée par une procédure de seuillage à chaque niveau d’intensité, en définissant les niveaux binaires $\lambda_*(I)$. Les voxels connectés spatialement (composantes connexes) vont former les nœuds Θ de l’arbre τ . Les arêtes entre les nœuds Θ sont établies par la relation d’inclusion \subseteq sur Θ . Si un nœud k_j au niveau λ_{n+1} est inclus dans un nœud k_i au niveau λ_n , alors k_i est le parent de k_j . Dans les images fonctionnelles, les zones tumorales présentent une intensité élevée. Afin de profiter de cette caractéristique, les niveaux $\lambda_*(I)$ sont organisés dans l’arbre τ par valeurs croissantes. La racine de l’arbre τ est alors le nœud k dans λ_0 (le support Ω de I) et les feuilles de τ représentent les valeurs des maxima locaux. La représentation d’une image par le biais d’un

arbre de coupes présente, au demeurant, l’avantage de pouvoir être réalisé en temps quasi-linéaire [7].

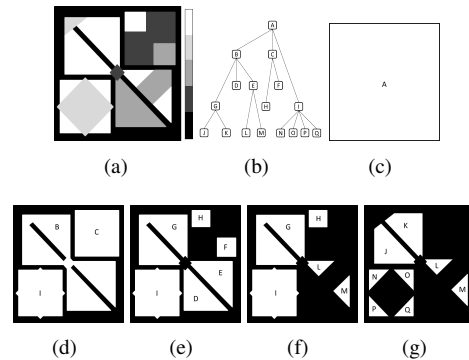


FIGURE 1 – (a) Image I à niveaux de gris. (b) Arbre de coupes $\tau(I)$. (c–g) Les 5 coupes $\lambda_{1-5}(I)$.

3 Méthodologie

Notre méthodologie est divisée en deux étapes. Dans la première étape, nous utilisons les arbres de coupes pour partitionner une image en régions afin de caractériser ces dernières par un vecteur d’attributs. Chaque vecteur d’attribut sera replongé dans les voxels correspondants au nœud pour construire une image vectorielle. Dans la deuxième étape, ce modèle d’image est segmenté grâce à une adaptation de la marche aléatoire.

3.1 Les arbres de coupes pour la construction d’une image vectorielle

Premièrement, un arbre de coupes τ est construit à partir de chaque image. Il est également possible de faire interagir plusieurs images pour la construction d’un arbre τ_α . Un arbre τ est ainsi construit pour une image définie α et les intensités d’une image complémentaire γ sont projetées vers τ_α . Dans cette étape, les voxels de γ seront placés dans les nœuds de $\tau_\alpha(\Theta)$ où se trouvent leurs voxels $\alpha(X)$ spatialement correspondants. De cette manière, nous profitons de la morphologie de α pour distribuer les intensités de γ .

La structure τ nous permet de caractériser les régions (ses nœuds Θ) par le biais d’attributs h (généralement à valeurs scalaires) considérés pertinents. Cette procédure peut être facilement implantée, en explorant chaque nœud k au long des branches de τ , des feuilles jusqu’à la racine. Formellement, cet ensemble d’attributs est stocké dans un vecteur $A = [h_1, h_2, \dots, h_n]$ en chaque nœud de l’arbre. Chaque arbre τ est sémantiquement différent, du fait de la provenance des images, spectralement différentes. Cette caractéristique permet d’extraire des informations pertinentes selon la nature de l’image (fonctionnelle ou anatomique).

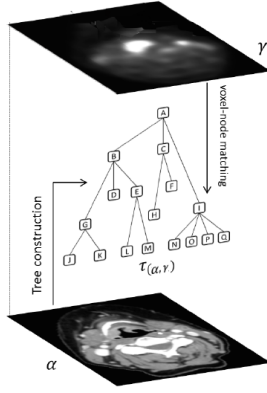


FIGURE 2 – Représentation graphique de l’interaction $\alpha - \gamma$ pour la construction d’un arbre τ_{α}^{γ} .

Un attribut peut se baser sur des notions spectrales, de forme, de géométrie, etc. [8]. Par exemple :

- Le *contraste* : est la distance spectrale entre l’intensité minimale et l’intensité maximale. Un faible contraste entre deux nœuds adjacents (k_i et k_j) peut être interprété comme leur appartenance à la même région.
- L’*intensité moyenne* : permet de normaliser l’intensité.
- La *compacité* et l’*élongation* : fournissent une information sur la forme ; les tumeurs sont usuellement compacte.

La sélection des attributs est une étape cruciale ; en particulier, elle doit être suffisamment discriminante. Ce facteur, selon la pertinence des attributs, peut différencier des voxels qui, par intensité, sont similaires.

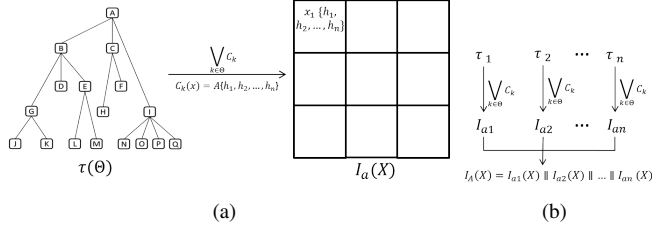


FIGURE 3 – (a) À partir de C_k , les attributs des nœuds sont reliés avec les voxels d’une image I_{α} . (b) Plusieurs arbres τ peuvent être également restitués dans plusieurs images I_{α} dont les attributs seront concatennés pour obtenir une image I_A .

Après le calcul d’attributs, en tant qu’image, l’arbre τ est restitué par $I = \bigvee_{k \in \Theta} C_k$, où C_k est une fonction cylindrique qui permet de relier un voxel x d’une image I à un nœud k d’un arbre τ . De cette manière, les voxels X des nœuds Θ vont retrouver leur emplacement d’origine dans I . Les différents attributs sont regroupés au sein d’un vecteur A par $C_k(x) = A$. Ceci définit une image vectorielle I_A dont les voxels X stockent un vecteur A avec plusieurs valeurs h , Fig. 3.

3.2 La marche aléatoire vectorielle

Le modèle d’image vectorielle que nous proposons peut être adapté à toute méthode de segmentation. Dans notre cas, nous utilisons la marche aléatoire pour sa robustesse au bruit, sa vitesse de traitement, ainsi que sa capacité à détecter des contours faibles et à identifier simultanément des objets multiples (plusieurs tumeurs).

La marche aléatoire (MA) [9] est une méthode inspirée d’un circuit électrique et adaptée pour la segmentation d’images. Une image I_A peut être modélisée comme un graphe $G = (V, E)$ où chaque voxel représente un nœud $v \in V$ avec un vecteur d’attributs A , tandis qu’une arête e_{ij} fait la liaison de deux nœuds voisins, v_i et v_j , par une distribution spatiale, voir Fig. 4 (a). Cette arête e_{ij} est pondérée par une fonction de poids gaussienne :

$$\omega_{ij} = \exp(-\beta \|v_i(A) - v_j(A)\|^2), \quad (1)$$

où $v_i(A)$ est le vecteur A d’attributs h dans le nœud v_i et β est un paramètre permettant de normaliser, atténuer ou accentuer le carré du gradient $\|v_i(A) - v_j(A)\|^2$.

Étant donné que A est composé de valeurs scalaires hétérogènes, nous proposons d’utiliser la distance de Mahalanobis pour normaliser l’échelle des données :

$$d_m(v_i(A), v_j(A)) = \sqrt{(v_i(A) - v_j(A))^T \Sigma^{-1} (v_i(A) - v_j(A))}, \quad (2)$$

où Σ^{-1} correspond à la matrice inverse de covariance.

L’algorithme de la MA cherche à trouver le chemin le plus court entre un nœud non-classé et les nœuds classés. Cette résolution, expliquée par [9], est exprimée par une carte de probabilités d’appartenance à chaque classe. Les voxels seront considérés comme membres de la classe ayant la plus haute valeur de probabilité en appliquant un seuillage binaire pour obtenir la segmentation.



FIGURE 4 – (a) Une image I comme un graphe $G(V, E)$. (b) g_f en rouge et g_b en bleu.

Pour initialiser la MA, des graines g sont sélectionnés par un protocole de seuillage dans les nœuds v au niveau de l’attribut h , où le h choisi est l’*intensité TEP* pour profiter du fort contraste. Les nœuds $v(A(h))$ avec une valeur supérieure au t_f (seuil du *foreground*) sont marqués comme les graines g_f et les nœuds avec une valeur inférieure à t_b (seuil du *background*) sont considérés comme g_b . Les paramètres t_f et t_b sont des pourcentages par rapport au h_{max} : ils sont définis par l’opé-

rateur en respectant $t_b < t_f$ pour ne pas chevaucher les graines marquées.

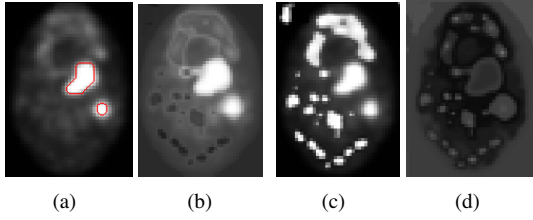


FIGURE 5 – (a) Segmentation dans la TEP. Attributs sélectionnés : (b) *intensité moyenne*, (c) *contraste* et (d) *compacité*.

4 Experimentation

Notre ensemble d’images provient de patients atteints de cancer de la tête et du cou qui sont traités à l’Institut Jean Godinot (IJG), le centre de lutte contre le cancer de Reims. Il est composé d’images ^{18}F -FDG TEP-TDM acquises par GE Discovery 710 et TDM-IC par Philips Big Bore CT 2009. Afin d’éviter une perte d’information, la TEP et la TDM sont sur-échantillonnées jusqu’à atteindre la résolution de la TDM-IC, qui est la plus grande. Ensuite, la TDM-IC est recalée avec la TDM par un recalage non-rigide [10].

Dans cette experimentation, nous présentons deux exemples de cas de segmentation possibles. Premièrement, illustré dans la Fig. 5, les zones tumorales sont distribuées dans une région anatomique avec peu de restrictions. Nous utilisons alors seulement la TEP comme α . Les attributs choisis sont : l’*intensité moyenne*, le *contraste* et la *compacité*. t_f est fixé à 75% et t_b à 20%.

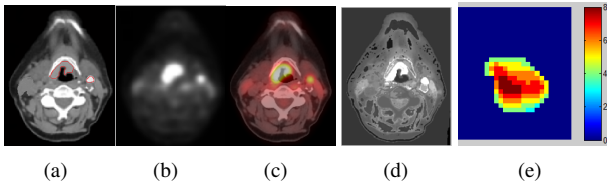


FIGURE 6 – (a) Segmentation dans la TDM-IC comme α et (b) la TEP comme γ . (c) TEP–TDM fusionnées. Attribut : (d) *intensité moyenne* – TEP (projection du contraste TEP→TDM-IC). (e) Carte de 8 distances.

Dans le second cas, illustré dans la Fig. 6, la TEP met en évidence la forme de la tumeur primaire, convexe. Cependant, la TDM-IC correspondant présente une section concave dans la tumeur. La TDM-IC est alors la plus adaptée en tant que α puisque la région tumorale est mieux représentée, et la TEP comme γ pour profiter de son contraste. t_f est fixé, également, à 75% et t_b à 20%. De plus, les graines sont comparées anatomiquement avec la TDM-IC pour éliminer les faux positifs.

Finalement, les volumes obtenus sont partitionnés pour quantifier leur hétérogénéité. Ainsi, 8 rangs proportionnels sont dé-

finis (sous la demande du radiothérapeute) à l’intérieur du volume, afin de calculer la dose de radiation, figure 6 (e). Les résultats sont transmis au Département de Radiothérapie de l’IJG pour sa validation et son application clinique.

5 Conclusion

Cette approche montre sa capacité d’adaptation aux problématiques inhérentes à la segmentation tumorale. Dans ce contexte, quelques situations peuvent être complexes à prendre en charge individuellement mais peuvent être résolues par l’exploitation combinée des avantages de chaque image source par attributs objet.

Références

- [1] Yu W., Fu X.-L., Zhang Y. J. et al. *GTV spatial conformity between different delineation methods by 18 FDG PET/CT and pathology in esophageal cancer*. *Radiation Oncology*, 93:441–446, 2009.
- [2] Nestle U., Schaefer-Schuler A., Kremp S. et al. *Target volume definition for 18F-FDG PET-positive lymph nodes in radiotherapy of patients with non-small cell lung cancer*. *Eur J Nucl Med*, 34:453–462, 2007.
- [3] Dewalle-Vignion A., Betrouni N., et al. *A new method for volume segmentation of PET images, based on possibility theory*. *IEEE T Med Imaging*, 30:409–423, 2011.
- [4] Bagci U., Udupa J., Mendhiratta N. et al. *Joint segmentation of anatomical and functional images: applications in quantification of lesions from PET, PET-CT, MRI-PET, and MRI-PET-CT images*. *Med Imag Anal*, 17:929–945, 2013.
- [5] Ju W., Xiang D., Zhang B. et al. *Random walk and graph cut for co-segmentation of lung tumor on PET-CT images*. *IEEE T Image Process*, 24:5854–5867, 2015.
- [6] Salembier P., Oliveras A., and Garrido L. *Anti-extensive connected operators for image and sequence processing*. *IEEE T Image Process*, 7:555–570, 1998.
- [7] Carlinet E. and Géraud T. *Comparative review of component tree computation algorithms*. *IEEE T Image Process*, 23:3885–3895, 2014.
- [8] Alvarez F., Grossiord E., Romaniuk B. et al. *Multicriteria 3D PET image segmentation*. *IPTA*, 346–351, 2015.
- [9] Grady L. *Random walks for image segmentation*. *IEEE T Pattern Anal*, 28:1768–1783, 2006.
- [10] Myronenko A. et Song X. *Intensity-based image registration by minimizing residual complexity*. *IEEE T Med Imaging*, 29:1882–1891, 2010.