



**HAL**  
open science

## Segmentation 3D des lésions du lymphome à partir de descripteurs multimodaux TEP/TDM

Eloïse Grossiord, Hugues Talbot, Nicolas Passat, Michel Meignan, Laurent Najman

► **To cite this version:**

Eloïse Grossiord, Hugues Talbot, Nicolas Passat, Michel Meignan, Laurent Najman. Segmentation 3D des lésions du lymphome à partir de descripteurs multimodaux TEP/TDM. Journée thématique du GdR ISIS: "Segmentation d'images biomédicales: quels outils pour l'analyse des données massives, hétérogènes et multimodales?", 2018, Paris, France. hal-01745773

**HAL Id: hal-01745773**

**<https://hal.univ-reims.fr/hal-01745773>**

Submitted on 8 Jan 2019

**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.

# Segmentation 3D des lésions du lymphome à partir de descripteurs multimodaux TEP/TDM

E. Grossiord<sup>1</sup>, H. Talbot<sup>2</sup>, N. Passat<sup>3</sup>, M. Meignan<sup>4</sup>, L. Najman<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Institut Universitaire du Cancer de Toulouse (IUCT) - Oncopôle, Toulouse, France

<sup>2</sup> Université Paris-Est, ESIEE-Paris, LIGM, CNRS, France

<sup>3</sup> Université de Reims Champagne-Ardenne, CReSTIC, France

<sup>4</sup> The Lymphoma Academic Research Organisation (LYSARC), Lyon, France



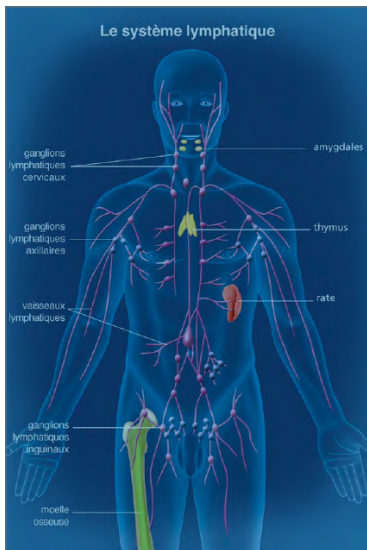
UNIVERSITÉ  
— PARIS-EST



GDR ISIS "Segmentation d'images biomédicales : quels outils pour l'analyse des données massives, hétérogènes et multimodales ?"

GdR ISIS

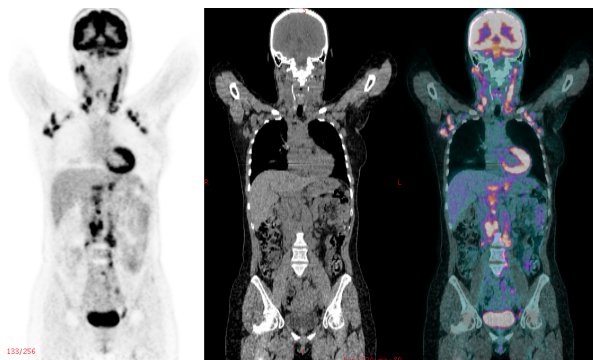
# Le lymphome



- Cancer du système lymphatique, principal élément du système immunitaire de l'organisme
- 6<sup>ème</sup> rang de cancer en France
- Présence de multiples lésions dans différentes localisations

# L'imagerie pour le lymphome

- TEP au  $^{18}\text{F}$ -FDG/TDM : **gold standard** pour le lymphome
- Utilisation massive de l'imagerie
  - Détection de tumeurs, diagnostic, bilan d'extension
  - Évaluation de la réponse thérapeutique (chimiothérapie)
  - Extraction de paramètres quantitatifs (activité métabolique, volume, etc.)

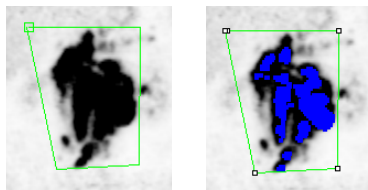


- Forte interaction (ROI, initialisation et paramètres à fixer)
- Variabilité inter-/intra-utilisateur/système
- Procédures longues et fastidieuses → utilisation clinique difficile
- Dépendance pré-/post-traitements

# Référence pour la segmentation du lymphome

La méthode de référence pour la segmentation du lymphome reste le

**seuillage à 2,5 de SUV ou 41% du  $SUV_{max}$**  dans une ROI définie manuellement



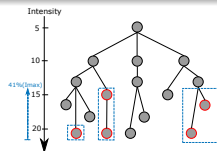
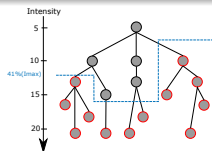
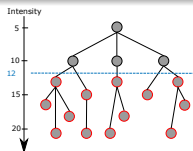
- Contrôle/validation/confiance du résultat pour le clinicien
- Procédure **laborieuse** pour le lymphome pour les cas complexes
  - Lymphome : Très nombreuses tumeurs, localisations multiples, variabilité de distribution d'intensité et de contraste

Objectif : Proposer une méthode de **détection automatique, facile d'utilisation et intuitive** de **toutes** les lésions dans le lymphome **dans le corps entier**

Nous proposons l'utilisation de l'arbre de coupes, et en particulier du **max-tree**.

## Critères de choix

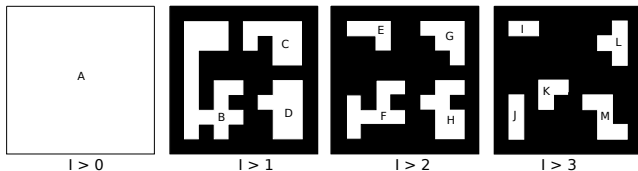
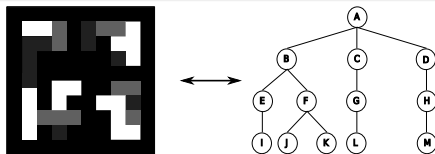
- Adapté à la représentation d'objets d'intérêt correspondant à des maxima d'intensité
- Adapté au développement de méthodes de segmentation interactive et temps-réel
- Représentation basée sur une décomposition par seuillage de l'image  
→ Intègre les principales stratégies de seuillage (fixe, adaptatif, boîtes englobantes)





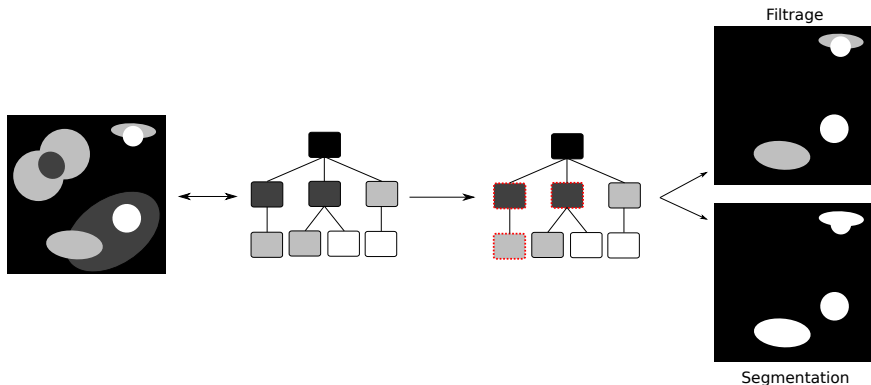
# Max-tree : définitions

$\Gamma_v = \{x \in \Gamma \mid v \leq \mathcal{F}(x)\}$  : seuillages successifs de  $\mathcal{I}$

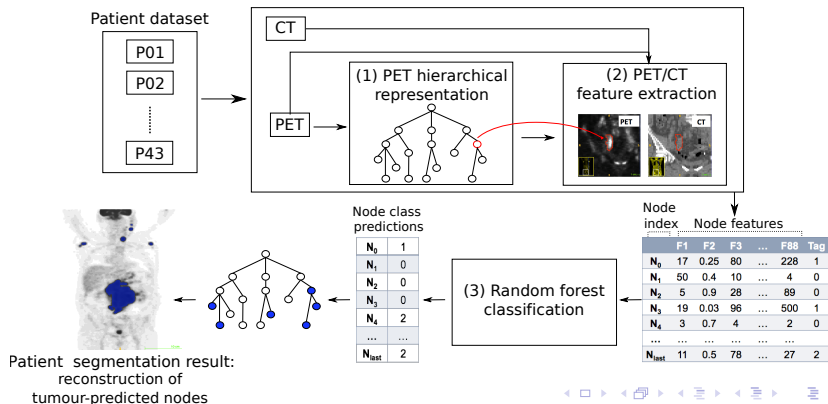


# Max-tree $\mathcal{C}\mathcal{T}$ : propriétés

- Des traitements d'images basiques peuvent être interprétés comme des opérations sur les noeuds de l'arbre
  - Segmentation, filtrage = sélection de noeuds d'intérêt basée sur attribut descriptif stocké en chaque noeud

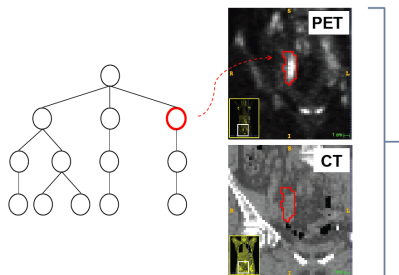


**Principe** : Utilisation de **critères multimodaux** TEP/TDM par **apprentissage supervisé** (forêts aléatoires) pour **automatiser** la détection des lésions dans le lymphome



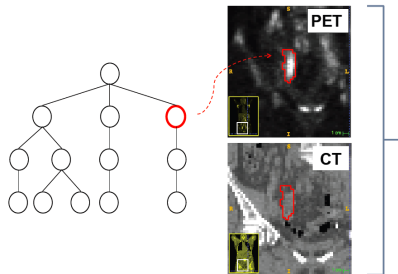
# Caractérisation multimodale TEP/TDM

- ◆ Caractérisation de chaque noeud par un ensemble de descripteurs calculés sur les modalités TEP et TDM



# Caractérisation multimodale TEP/TDM

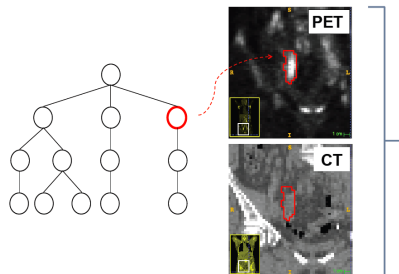
- ◆ Caractérisation de chaque noeud par un ensemble de descripteurs calculés sur les modalités TEP et TDM



## 88 descripteurs

- Attributs d'intensité et dérivés de l'histogramme
  - max, moyenne
  - skewness, kurtosis
  - etc.
- Descripteurs de forme
  - compacité
  - flatness
  - etc.
- Attributs de texture d'Haralick, à partir de la GLCM
  - énergie
  - entropie
  - etc.
- Descripteurs anatomiques
  - Position anatomique
  - Distance relative par rapport à 6 organes hyperfixants en TEP (au sein de 10 examens de référence = "atlas anatomique")

- ◆ Caractérisation de chaque noeud par un ensemble de descripteurs calculés sur les modalités TEP et TDM



## 88 descripteurs

- Attributs d'intensité et dérivés de l'histogramme
- Descripteurs de forme
- Attributs de texture d'Haralick, à partir de la GLCM
- Descripteurs anatomiques

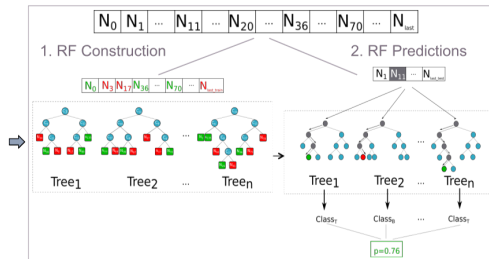
→ Un noeud = 88 descripteurs + classification tumeur/organe/non pertinent

# Apprentissage supervisé par forêts aléatoires

## Input :

Nodes index	Nodes characteristics						
	P1	P2	P3	...	P33	Tag	
$N_0$	17	0.25	80	...	228	1	
$N_1$	50	0.4	10	...	4	0	
$N_2$	5	0.9	28	...	89	2	
$N_3$	19	0.03	96	...	500	1	
$N_4$	3	0.7	4	...	2	0	
...	...	...	...	...	...	...	
$N_{last}$	11	0.5	78	...	27	1	

## Random Forest



## Output : Class predictions

Tumour membership probabilities

$N_0$	0.92
$N_1$	0.08
$N_2$	0.27
$N_3$	0.78
$N_4$	0.13
...	...
$N_{last}$	0.53

## Forêts aléatoires

- Modèle d'apprentissage supervisé
- Agrégation d'arbres de décisions
- Bonne gestion corrélation des attributs/surapprentissage

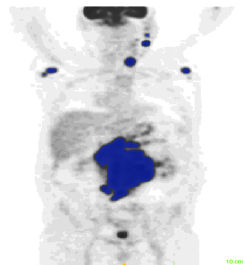
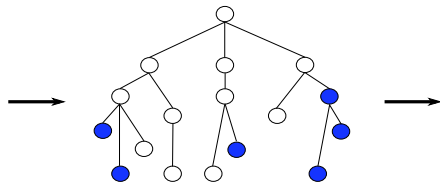
# De la classification à la segmentation

Notre méthode de segmentation consiste à conserver les noeuds dont la probabilité d'appartenance à la classe tumeur est plus grande que pour les autres classes :

## Class predictions

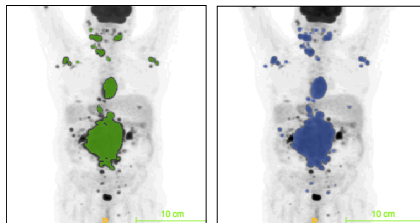
Tumour membership probabilities

$N_0$	0.92
$N_1$	0.08
$N_2$	0.27
$N_3$	0.78
$N_4$	0.13
...	...
$N_{last}$	0.53



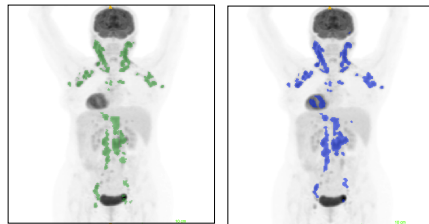
Segmentation





Vérité terrain

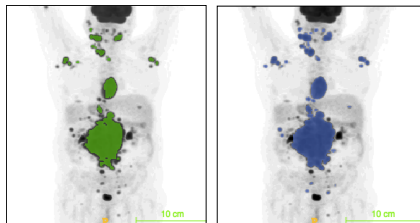
Résultat



Vérité terrain

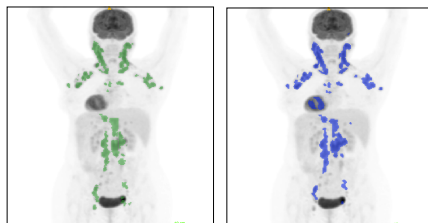
Résultat

- Validation de la RF : **Taux de classification de 81%** sur l'ensemble des classes
- Détection **automatique de 92%** des sites tumoraux
- $Sensibilité_{moy} = 0.74$ , and  $Spécificité_{moy} = 0.99$
- Coefficient de corrélation de Matthew = 0.66



Vérité terrain

Résultat



Vérité terrain

Résultat

- **Surestimation** du volume tumoral de 35 %
  - Faux positifs physiologiques
  - Lésions non délinées par les cliniciens dans la VT -> surplus d'information

- Les approches hiérarchiques, combinées à des descripteurs multimodaux et une procédure d'apprentissage, sont efficaces pour la détection automatique des foyers tumoraux
- + **Détection automatique de 92% des tumeurs avec bonne spécificité**
- **Surestimation volumique à éliminer**
  - Procédure d'apprentissage sur une plus large bdd (→ **à venir!**)
  - Sélection des descripteurs d'importance
  - Élimination préliminaire des organes hyperfixants par un atlas anatomique

Merci de votre attention

contact : [eloise.grossiord@iuct-oncopole.fr](mailto:eloise.grossiord@iuct-oncopole.fr)



INSTITUT UNIVERSITAIRE  
DU CANCER DE TOULOUSE  
Oncopole

UNIVERSITÉ —  
— PARIS-EST

