



Segmentation multimodale optimale par coupe de graphe multispectral : applications aux lésions de sclérose en plaques en IRM

Jérémy Lecoœur^{1,2,3}

Jean-Christophe Ferré^{1,2,3,4}

Christian Barillot^{1,2,3}

¹ INRIA, Équipe-Projet VisAGeS, IRISA, Rennes

² Université de Rennes I, CNRS IRISA, Rennes,

³ INSERM, Unité-Projet U746, IRISA, Rennes

⁴ Département de Neuro-radiologie, CHU Pontchaillou, Rennes

IRISA

Campus Universitaire Beaulieu

35042 RENNES CEDEX

jlecoeur@irisa.fr

Résumé

L'objectif de cette étude est d'optimiser une méthode de segmentation supervisée appliquée à des images obtenues par plusieurs séquences d'imagerie par résonance magnétique (IRM). Les images d'IRM ne se comportant pas comme des images naturelles, l'utilisation d'un gradient spectral colorimétrique basé sur un paradigme psycho-visuel est problématique et, souvent, sous-optimal. Par conséquent, nous proposons de créer un gradient spectral optimisé en utilisant les images de différentes séquences d'IRM. Pour ce faire, l'algorithme apprend les paramètres optimisés du gradient spectral à partir d'une analyse sur des données possédant une vérité terrain, qui peut être soit des fantômes soit des délimitations manuelles d'un expert. En utilisant une mesure de qualité comme fonction de coût, nous calculons un gradient optimisé et l'utilisons pour segmenter des images issues des mêmes séquences. Les résultats montrent que les matrices obtenues pour le gradient optimisé amène à une segmentation statistiquement meilleure et que l'apprentissage supervisé d'une matrice optimisée est une bonne façon d'améliorer la méthode de segmentation par gradient spectral colorimétrique.

Mots Clefs

Optimisation, Sclérose en plaques, Segmentation, Coupe de graphe, Gradient multispectral, IRM, images multimodales

Abstract

We present an optimized supervised segmentation method from multimodal MRIs. As MR images do not behave as natural images, using a spectral gradient based on a psycho-visual paradigm is sub-optimal. Therefore, we propose to create an optimized colorimetric spectral gradient

using multi-modalities MRIs. To that purpose, the algorithm learns the optimized parameters of the spectral gradient based on ground truth which are either phantoms or manual delineations of an expert. Using Dice Similarity Coefficient as a cost function for an optimization algorithm, we were able to compute an optimized gradient and to utilize it in order to segment MRIs with the same kind of modalities. Results show that the optimized gradient matrices perform significantly better segmentations and that the supervised learning of an optimized matrix is a good way to enhance the segmentation method.

Keywords

Optimization, Multiple sclerosis, Segmentation, Graph Cut, Multispectral gradient, MRI, multimodal imaging

1 Introduction

De nos jours, les examens d'imagerie clinique se font de plus en plus souvent sur divers canaux d'informations et les images résultantes sont, de fait, de plus en plus, multimodales. L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une imagerie multiparamétrique qui permet l'acquisition de séquences pondérées en l'un des paramètres du signal. C'est l'examen de choix pour l'exploration des pathologies du système nerveux central, comme par exemple la sclérose en plaque (SEP). Par conséquent, pour accéder aux informations complémentaires et pertinentes contenues dans ces données, ces séquences multimodales doivent être prises en compte pour parvenir à une meilleure segmentation des régions d'intérêt.

Plusieurs méthodes de segmentation de lésions de sclérose en plaques [1, 2, 3, 4, 5, 6], développées pour remplacer l'usage de délimitations manuelles, ont montré une grande variabilité des résultats [7] aussi bien inter-individuelle que

intra-individuelle. Cependant, le principal défaut de ces méthodes est qu'elle ne permettent pas un affinage itératif des résultats lorsque nécessaire.

La méthode semi-automatique des coupes de graphes [8] est capable de donner efficacement une solution optimale pour l'utilisation conjointe d'informations de frontières et de régions d'une façon similaire aux champs aléatoires de Markov.

Dans un autre champ d'application, les travaux de Ali et coll. [9] utilisent des données multimodales mais sont restreints à des images en deux dimensions. Ainsi, ils ne peuvent pas assurer de cohérence spatiale à la solution de segmentation pour des images en trois dimensions.

Dans nos travaux précédents [10, 11], nous avons proposé d'utiliser la méthode de coupe de graphe combinée avec une technique de gradient spectral colorimétrique [12] pour accomplir la segmentation de trois séquences IRM vues comme une seule image en couleur. Le gradient spectral est basé sur un paradigme psycho-visuel et, en tant que tel, peut-être sous-optimal pour les IRM.

Dans cette étude, nous avons proposé une technique d'apprentissage d'un gradient spectral optimisé. Ce gradient optimisé a ensuite été utilisé dans un contexte de coupe de graphe pour réaliser la segmentation d'images multimodales. Nous avons évalué cette méthode sur des données cliniques et synthétiques dans le contexte de la segmentation automatique des lésions de sclérose en plaques.

2 Méthodes

Le gradient spectral est un opérateur lié aux travaux d'espace-échelle qui utilise non pas l'intensité lumineuse mais la longueur d'onde de la couleur pour trouver les contours des objets. Or, utiliser ce gradient spectral, basé sur un contexte psycho-visuel, peut être sous-optimal pour le type d'image que nous considérons puisque les images médicales ne sont pas des images naturelles. Nous proposons d'apprendre un nouvel espace spectral qui optimise la séparabilité des séquences considérées puis d'utiliser ce nouvel espace sur d'autres sujets avec la même combinaison de séquences multimodales.

Dans les sections suivantes, nous expliquerons le gradient spectral colorimétrique, la méthode de segmentation par coupe de graphe colorimétrique, et la recherche du nouveau gradient multispectral optimisé.

2.1 Gradient spectral colorimétrique

Dans notre approche précédente [10, 11], nous avons proposé d'utiliser le gradient spectral colorimétrique, introduit par Geusebroek et coll. [12], en tant qu'information de frontière. Nous construisons une image couleur de type RVB en assignant à chaque canal colorimétrique une des trois modalités (*e.g.* des séquences IRM).

Geusebroek et coll. ont apporté la preuve [12] que le gradient spectral peut être calculé à partir du spectre réfléchi d'une surface (e) et de ses dérivées, première et seconde, par rapport à la longueur d'onde ($e_\lambda, e_{\lambda\lambda}$). Ces trois termes,

vus en tant que vecteur colonne E , peuvent être approxiés très finement en multipliant simplement les valeurs RVB de l'image (vus comme un vecteur colonne \mathcal{V}) par une matrice de projection \mathcal{M} :

$$E = \mathcal{M} \cdot \mathcal{V} \quad (1)$$

Enfin, en utilisant cet espace multispectral, nous pouvons définir deux opérateurs dont les propriétés permettent de trouver les arêtes colorimétriques :

$$\varepsilon = \frac{1}{e} \cdot \frac{\partial e}{\partial \lambda} = \frac{e_\lambda}{e} \text{ et } \varepsilon_\lambda = \frac{\partial \varepsilon}{\partial \lambda} = \frac{e \cdot e_{\lambda\lambda} - e_\lambda^2}{e^2} \quad (2)$$

Ainsi, on peut trouver les transitions bleu-jaune en utilisant la norme du gradient de premier ordre :

$$\Gamma = \sqrt{(\partial_x \varepsilon)^2 + (\partial_y \varepsilon)^2 + (\partial_z \varepsilon)^2} \quad (3)$$

De même, la norme du gradient de second ordre permet la détection des transitions pourpre-vert :

$$\begin{aligned} \Upsilon &= \sqrt{(\partial_{x,\lambda} \varepsilon)^2 + (\partial_{y,\lambda} \varepsilon)^2 + (\partial_{z,\lambda} \varepsilon)^2} \\ &= \sqrt{(\partial_x \varepsilon_\lambda)^2 + (\partial_y \varepsilon_\lambda)^2 + (\partial_z \varepsilon_\lambda)^2} \end{aligned} \quad (4)$$

Ces deux quantités peuvent être ajoutées et ainsi définir un opérateur détectant toutes les arêtes colorimétriques :

$$\aleph = \sqrt{\Gamma^2 + \Upsilon^2}$$

2.2 Coupe de graphe basée sur le gradient spectral

Selon le schéma décrit par Boykov et coll. [13, 8], le problème de la segmentation est décrit par un graphe de flot directionnel qui représente l'image. L'ensemble des noeuds est défini par, d'une part, deux noeuds particuliers nommés noeuds terminaux - aussi appelés "source" et "puits" - qui représentent respectivement la classe "objet" et la classe "fond", et d'autre part par les autres noeuds correspondant aux voxels du volume 3D. Les noeuds sont reliés entre eux par des arêtes orientées.

Soient \mathcal{P} l'ensemble contenant tous les voxels p de l'image, \mathcal{N} l'ensemble de toutes les paires $\{p, q\}$ des éléments du voisinage de \mathcal{P} et $V = (V_1, V_2, \dots, V_{|\mathcal{P}|})$ un vecteur binaire où chaque V_p peut être une des deux étiquettes "objet" ou "fond". Par conséquent, le vecteur V définit une segmentation. Les ensembles de points \mathcal{B} et \mathcal{O} sont, respectivement, les graines du fond et de l'objet. L'énergie que nous cherchons à minimiser par une coupe de graphe est de la forme :

$$E(V) = \alpha \cdot \sum_{p \in \mathcal{P}} R_p(V_p) + \sum_{\substack{\{p,q\} \in \mathcal{N} \\ V_p \neq V_q}} B_{\{p,q\}} \quad (5)$$

Le terme $R_p(\cdot)$, communément appelé terme de région, exprime l'appartenance du voxel p à des modèles donnés

d'objet et de fond. Il est encodé dans le graphe au moyen des *t-liens*, les arêtes qui relient les noeuds aux noeuds terminaux (source et puits).

Deux cas sont à considérer : le poids W_{so} du *t-lien* impliquant le noeud "source" et le poids W_{pu} du *t-lien* impliquant le noeud "puits" qui peuvent être calculés de la manière suivante :

$$W_{so} = \begin{cases} 0 & \text{si } p \in \mathcal{B} \\ \infty & \text{si } p \in \mathcal{O} \\ -\ln P(\Psi_p|\mathcal{B}) & \text{autrement} \end{cases} \quad (6)$$

$$W_{pu} = \begin{cases} \infty & \text{si } p \in \mathcal{B} \\ 0 & \text{si } p \in \mathcal{O} \\ -\ln P(\Psi_p|\mathcal{O}) & \text{autrement} \end{cases}$$

où Ψ_p est un vecteur à trois éléments contenant les intensités du voxel p pour chacune des trois modalités, $P(\Psi_p|\mathcal{O})$ est la probabilité pour le voxel p d'appartenir à la classe "objet" et $P(\Psi_p|\mathcal{B})$ est la probabilité pour le voxel p d'appartenir à la classe "fond". Ces probabilités sont calculées à partir du jeu de graines en se basant sur une hypothèse de mélange de lois gaussiennes.

Le terme $B_{\{p,q\}}$, appelé terme de frontière, reflète la similarité des voxels p et q . Ainsi, les *n-liens*, reliant les voxels voisins, ont un poids important quand p et q sont similaires et ce poids tombe à zéro quand ils sont dissemblables.

Pour calculer ces *n-liens*, nous utilisons une fonction *ad-hoc* qui est une discrétisation du gradient spectral colorimétrique :

$$\aleph_d(p, q) = \exp\left(\frac{(\varepsilon(p) - \varepsilon(q))^2 + (\varepsilon_\lambda(p) - \varepsilon_\lambda(q))^2}{-2\sigma^2}\right) \quad (7)$$

où ε et ε_λ sont les quantités définies par l'équation 2.

Le poids du *n-lien* entre les voxels p et q est alors :

$$B_{\{p,q\}} \propto \aleph_d(p, q) \cdot \frac{1}{\text{dist}(p, q)} \quad (8)$$

où $\text{dist}(p, q)$ est la distance entre p et q .

2.3 Optimisation de l'espace multispectral

Le gradient spectral colorimétrique, défini par Geusebroek et coll. [12], est basé sur un paradigme psycho-visuel, ce qui peut être problématique puisque les images médicales ne se comportent pas comme des images naturelles. Par conséquent, le gradient spectral colorimétrique ne peut pas assurer l'optimalité de la décomposition spectrale des images multimodales. Pour enlever cette limitation, nous proposons de créer un espace multispectral optimisé qui diffère de $(e, e_\lambda, e_{\lambda\lambda})$ afin d'améliorer la séparabilité des modalités complémentaires.

L'étape d'apprentissage de l'algorithme est basé sur des données pour lesquelles la vérité terrain est connue (par exemple des fantômes ou des délinéations par un expert).

L'algorithme apprend les paramètres optimisés d'une nouvelle matrice carré $\tilde{\mathcal{M}}$ de taille 3×3 pour remplacer la matrice de l'équation 1. Dans ce nouveau contexte, le vecteur d'entrée n'est pas constitué des valeurs RVB d'une base multimodale mais des différentes modalités.

Nous avons choisi d'utiliser le Coefficient de Similarité de Dice (CSD) [14] comme mesure de coût pour l'optimisation puisqu'il est efficace pour la comparaison quantitative de deux segmentations. Un score supérieur à 0.7 indique un bon résultat, notamment dans le cas de petites structures. Formellement, il est équivalent dans ce contexte à l'indice Kappa [15]. Le CSD est calculé comme suit :

$$CSD = 2 \cdot \frac{\text{Card}(Res \cap VT)}{\text{Card}(Res) + \text{Card}(VT)} \quad (9)$$

Res étant le résultat de la segmentation et VT la vérité terrain.

Pour des ensembles donnés de graines \mathcal{B} et \mathcal{O} ainsi qu'une vérité terrain, nous pouvons calculer un score de CSD pour la segmentation obtenue via notre algorithme de coupe de graphe. En se basant sur cette mesure, nous voulons trouver une matrice qui maximise ce CSD. En d'autres termes :

$$\tilde{\mathcal{M}} = \arg \max_{\mathcal{M}} CSD = \arg \max_{\mathcal{M}} f(\mathcal{M}) \quad (10)$$

Pour l'optimisation, nous avons utilisé l'algorithme NEWUOA de Powell et coll. [16] car il a été montré que celui-ci était très efficace pour atteindre la matrice optimale dans des applications de recalage linéaire [17], ce qui est similaire à notre problème. Ainsi, cet optimum est atteint même avec des initialisations très différentes que ce soit pour les paramètres de la matrice ou les ensembles de graines pour la source et le puits requis par l'algorithme de coupe de graphe. Cet algorithme d'optimisation utilise une approximation quadratique locale de la fonction de coût et est capable de gérer la recherche de neuf paramètres à la fois.

L'implémentation est directe : la première étape est de développer une matrice optimale à partir d'une combinaison donnée de modalités. La seconde étape utilise cette matrice optimale afin de segmenter des jeux d'images présentant le même ensemble de modalités.

Pour évaluer cette méthode, nous avons utilisé l'algorithme d'optimisation sur chacun des n sujets des différentes études, calculant ainsi n matrices optimales pour chaque étude. Ensuite, nous avons utilisé chaque matrice pour les $n - 1$ autres sujets, nous avons donc obtenu $n \times n$ scores de CSD et nous avons comparé ces n vecteurs de score par une ANOVA (ANalysis Of VAriance) afin d'évaluer la significativité statistique des résultats obtenus par rapport au gradient spectral colorimétrique classique.

Enfin, nous avons aussi pratiqué une validation croisée par la méthode du *Leave One Out*. Nous avons cherché la matrice $\tilde{\mathcal{N}}_i$ qui optimise le CSD de $n - 1$ sujets, i étant le numéro du sujet n'entrant pas dans le calcul de cette ma-

trice :

$$\tilde{\mathcal{N}}_i = \arg \max_{\mathcal{M}} \sum_j CSD \quad \forall i, j \in [1; n], i \neq j \quad (11)$$

Puis nous avons appliqué cette matrice au n -ième sujet (le sujet i) et avons calculé le CSD ainsi obtenu.

3 Matériel

Nous avons réalisé des expériences sur deux jeux de modalités IRM. Tout d'abord, sur des données synthétiques avec des lésions de sclérose en plaques obtenues sur BrainWeb [18] avec trois différents cas présentant respectivement une charge lésionnelle faible, modérée ou sévère. Nous avons construit le vecteur d'entrée \mathcal{V} à partir de séquences IRM simulées et pondérées en T1, T2 et en densité de proton (DP). Les trois images appartiennent au même sujet, sont recalées dans le même espace et sont constituées de 217 coupes de 181×181 voxels isométriques de 1 mm avec différents niveaux de bruit - 0%, 1%, 3%, 5%, 7% et 9% de bruit (relativement au tissu le plus clair de l'image) - et différents niveaux d'inhomogénéité d'intensité - 0%, 20% et 40% - afin de tester la robustesse aux artefacts.

Ensuite, nous avons validé notre approche sur des IRM cliniques avec des lésions de sclérose en plaques pour lesquelles nous possédons une vérité terrain, consistant en des segmentations manuelles par un expert. Nous avons utilisé quatorze sujets avec des séquences pondérées en T1, T2 et FLAIR, toutes trois recalées dans le même espace [19]. Les données ont été acquises sur une IRM Philips ACHIEVA 3T avec des images T1 3D isométriques de résolution 1 mm, des images T2 en coupe axiale de 3 mm d'épaisseur et des images FLAIR 2D avec des coupes de 3 mm d'épaisseur. Sur ces données cliniques, les inhomogénéités d'intensité [20] et le bruit [21] ont été corrigés. Les volumes présentent différentes charges lésionnelles (c'est à dire le volume de l'ensemble des lésions) représentant différents stades d'évolution de la maladie.

4 Résultats

L'objectif principal est d'améliorer la segmentation de données pathologiques. Par conséquent, nous ne montrons la performance de la méthode que sur ce type de données. Pour valider notre approche, nous avons travaillé à la fois sur des données synthétiques et cliniques.

Le temps total pour l'optimisation d'un seul jeu de séquences est d'environ 500 secondes sur un ordinateur portable (Dual Core cadencé à 2.16 GHz avec 2 GO de RAM, sous Linux), peu importe l'ordre et la nature des séquences.

4.1 Données synthétiques avec sclérose en plaques

En utilisant le schéma proposé ci-dessus, nous sommes capables, pour chacun des trois sujets i , de calculer une matrice $\tilde{\mathcal{M}}_i$ qui optimise la fonction de coût (ici, le CSD). Nous voulons montrer que ces matrices "optimales" de

projection dans un sous-espace spectral sont statistiquement équivalentes par rapport au résultat optimal attendu. Pour cela, nous avons utilisé chacune des matrices pour chacun des deux autres sujets et calculé le CSD des segmentation obtenues.

Sujet	1	2	3
Charge lésionnelle	Légère	Modérée	Sévère
\mathcal{M}	0.7787	0.7602	0.7804
$\tilde{\mathcal{M}}_1$	0.8612	0.8417	0.8301
$\tilde{\mathcal{M}}_2$	0.8514	0.8852	0.8528
$\tilde{\mathcal{M}}_3$	0.8316	0.8224	0.8903

TAB. 1 – Les scores de CSD obtenus avec $\tilde{\mathcal{M}}_i$, la matrice optimale du sujet i (avec $i \in [1; 3]$), sont meilleurs que ceux obtenus pour \mathcal{M} (matrice originale du gradient spectral colorimétrique). Les nombres en gras sont les CSD optimisés pour chaque sujet. Les images présentent ici 3% de bruit et 20% d'inhomogénéité d'intensité

Le tableau 1 présente les résultats pour un niveau de bruit de 3% et 20% d'inhomogénéité d'intensité. Il montre que chaque matrice optimale permet une meilleure segmentation des lésions de sclérose en plaques que le gradient spectral colorimétrique. En effet, on voit que les scores de CSD obtenus avec $\tilde{\mathcal{M}}_i$, la matrice optimale du sujet i (avec $i \in [1; 3]$), sont meilleurs que ceux obtenus pour \mathcal{M} (matrice originale du gradient spectral colorimétrique). Le temps moyen de calcul pour une segmentation est de 71.5 secondes par sujet sur un ordinateur portable (Dual Core cadencé à 2.16 GHz avec 2 GO de RAM, sous Linux).

La figure 1 nous montre l'évolution du CSD en fonction du niveau de bruit, pour un niveau d'inhomogénéité d'intensité fixé (en l'occurrence 0% ici). La courbe bleue montre la moyenne des résultats obtenus avec la matrice \mathcal{M} du gradient spectral colorimétrique, la courbe verte indique la moyenne des résultats obtenus avec les matrices optimisées $\tilde{\mathcal{M}}_i$ et la courbe rouge nous présente la moyenne des résultats optimaux. Les trois courbes ont un comportement similaire et le CSD décroît quand le niveau de bruit augmente : notre algorithme est donc potentiellement sensible au bruit. Néanmoins, on peut voir que pour des niveaux de bruit faibles (1 et 3%), la qualité de segmentation n'est que peu affectée. En revanche, cette qualité chute drastiquement ensuite et la différence entre les résultats optimaux et les résultats des matrices optimisées s'atténue.

La figure 2 nous montre l'évolution du CSD en fonction du niveau d'inhomogénéité, pour un niveau de bruit fixé (en l'occurrence 0% ici). Les trois courbes représentent les mêmes groupes de résultats que sur la figure

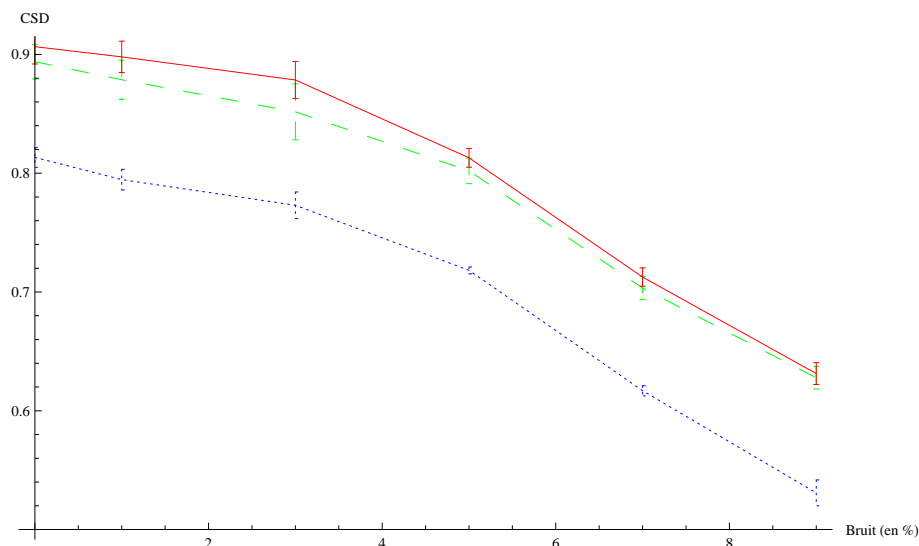


FIG. 1 – Le Coefficient de Similarité de Dice décroît quand le niveau de bruit augmente. En bleu (pointillé fin) : Moyenne des résultats avec la matrice origine. En vert (pointillé large) : Moyenne des résultats des matrices optimisées. En rouge (trait plein) : Moyenne des résultats optimaux.

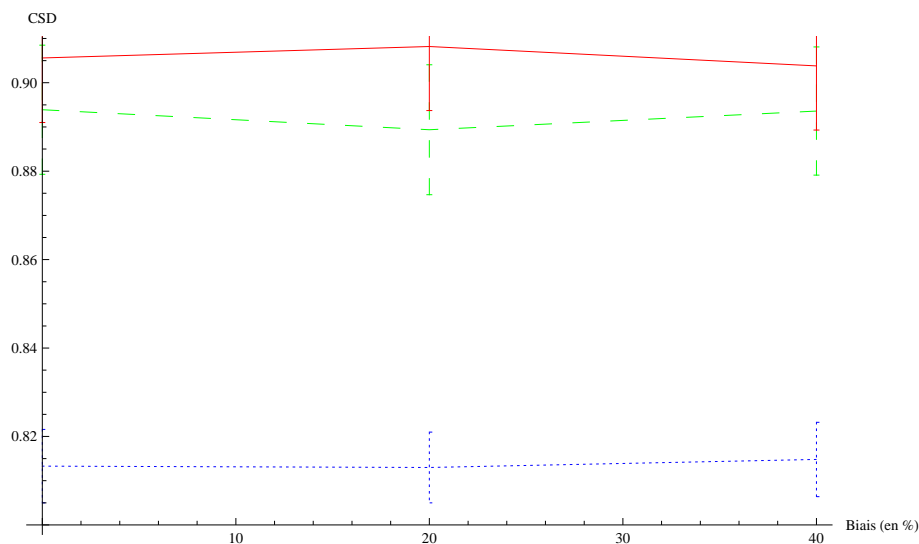


FIG. 2 – Le Coefficient de Similarité de Dice reste plus ou moins constant en fonction du niveau d'inhomogénéité d'intensité. En bleu (pointillé fin) : Moyenne des résultats avec la matrice origine. En vert (pointillé large) : Moyenne des résultats des matrices optimisées. En rouge (trait plein) : Moyenne des résultats optimaux.

précédente. Cette figure montre clairement que le CSD est presque insensible aux inhomogénéité d'intensité de l'image. On constate que, même pour des niveaux d'inhomogénéité élevé (40%), la qualité de segmentation est quasi-constante.

Contrairement aux méthodes de segmentation basées sur des mélanges de lois gaussiennes, notre approche est moins voire pas sensible au biais, artefact difficile à corriger en pratique et nécessite donc moins de pré-traitement ; cela est dû à l'utilisation du gradient spectral.

4.2 Données cliniques avec sclérose en plaques

En utilisant le même protocole expérimental que pour les données synthétiques, nous avons calculé une matrice optimisée pour nos quatorze sujets. Un expert a manuellement segmenté les lésions et nous avons utilisé ces segmentations comme vérité terrain.

Ensuite, nous avons utilisé chacune des matrices optimisées pour chacun des treize autres sujets, obtenant ainsi 196 scores pour l'espace spectral optimisé. Une fois encore, nous avons comparé ces valeurs à celles obtenues quand nous appliquons l'algorithme de coupe de graphe avec la

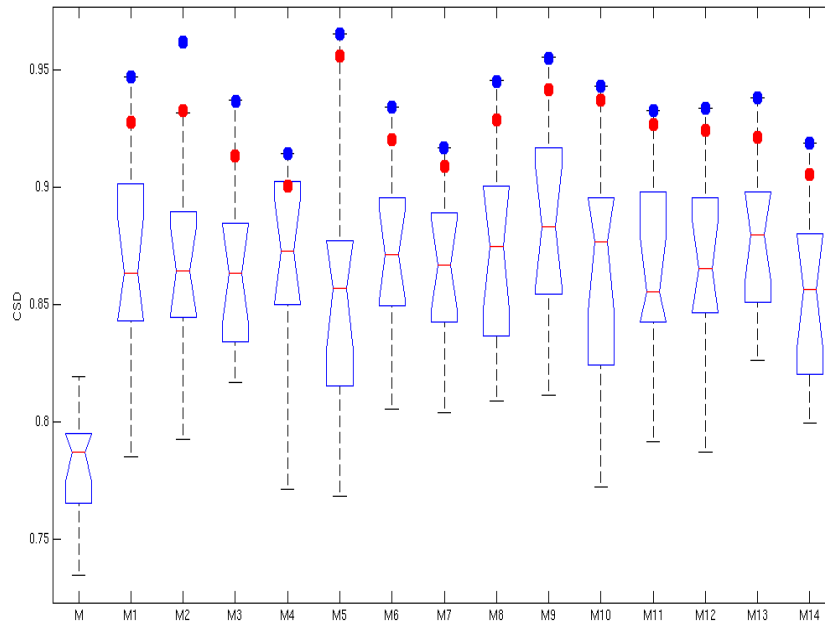


FIG. 3 – Comparaison de la performance des différentes matrices sur des données cliniques. Les meilleurs scores de chaque sujet sont obtenus avec la matrice optimale correspondante. La boîte à moustaches de la colonne i représentent l'étendue des scores de CSD obtenus pour chacun des 14 sujets. Les points bleus représentent les scores de CSD de la segmentation optimale de chaque sujet. Les points rouges représentent les résultats de la validation croisée.

matrice originale du gradient spectral colorimétrique.

La figure 3 présente ces résultats et montre que les matrices optimales réalisent en général une meilleure segmentation que la matrice colorimétrique. Le temps moyen de calcul pour une segmentation est de 69.5 secondes par sujet sur un ordinateur portable (Dual Core cadencé à 2.16 GHz avec 2 GO de RAM, sous Linux). Bien que le CSD soit dépendent de la taille de l'objet segmenté, nous notons qu'il n'existe pas de corrélation entre le score et la charge lésionnelle.

Nous pouvons voir sur les figures 4 et 5 que la version optimisée de l'algorithme corrige la plupart des voxels mal classifiés, qu'ils soient faux négatifs ou faux positifs.

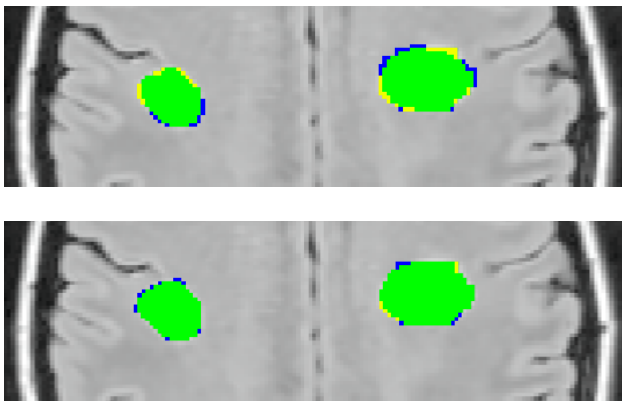


FIG. 4 – En haut : résultat de segmentation des données cliniques avec l'algorithme classique. En bas : résultat de segmentation des données cliniques avec l'algorithme optimisé. Vert = pixel correctement classifié; Bleu = faux positif; Jaune = faux négatif

Nous avons ensuite réalisé une validation croisée par la méthode du "Leave One Out" en utilisant les différentes matrices et jeux de données. Ces résultats sont présentés sur la figure 3 sous la forme de points rouges. Le point rouge de la colonne i représente le CSD obtenu avec la matrice \mathcal{N}_i définie par l'équation 11. On constate que les segmentations obtenues sont proches de la segmentation optimale. Cela montre que l'apprentissage des paramètres de projection dans un sous-espace multispectral peut être fait sur un jeu limité de données avec un comportement quasi-optimal (avec un écart de 1.55% en moyenne).

4.3 Signification statistique des résultats

Pour quantifier les différences entre les résultats obtenus avec les matrices optimales et ceux obtenus avec la matrice colorimétrique dans l'expérience avec les données synthétiques, nous avons lancé une ANOVA sur ces données avec comme hypothèse nulle que les groupes de résultats sont homogènes. Nous discuterons ici des résultats présentés dans le tableau 1, les résultats des autres configurations de bruit et d'inhomogénéité étant similaires.

Ainsi la p -value des quatre groupes de résultats ensemble est de $8.3 \cdot 10^{-3}$ avec $F = 8.084$, ce qui signifie qu'il existe une différence statistique entre ces groupes.

A l'inverse, la p -value des trois groupes utilisant les matrices optimisées est de 0.75 avec $F = 0.3080$. Cela montre que les résultats obtenus pour les matrices optimisées sont significativement meilleurs comparativement à ceux obtenus en appliquant la matrice du gradient spectral colorimétrique. Cela démontre aussi que les matrices optimisées forment un groupe homogène. Ainsi, nous sommes

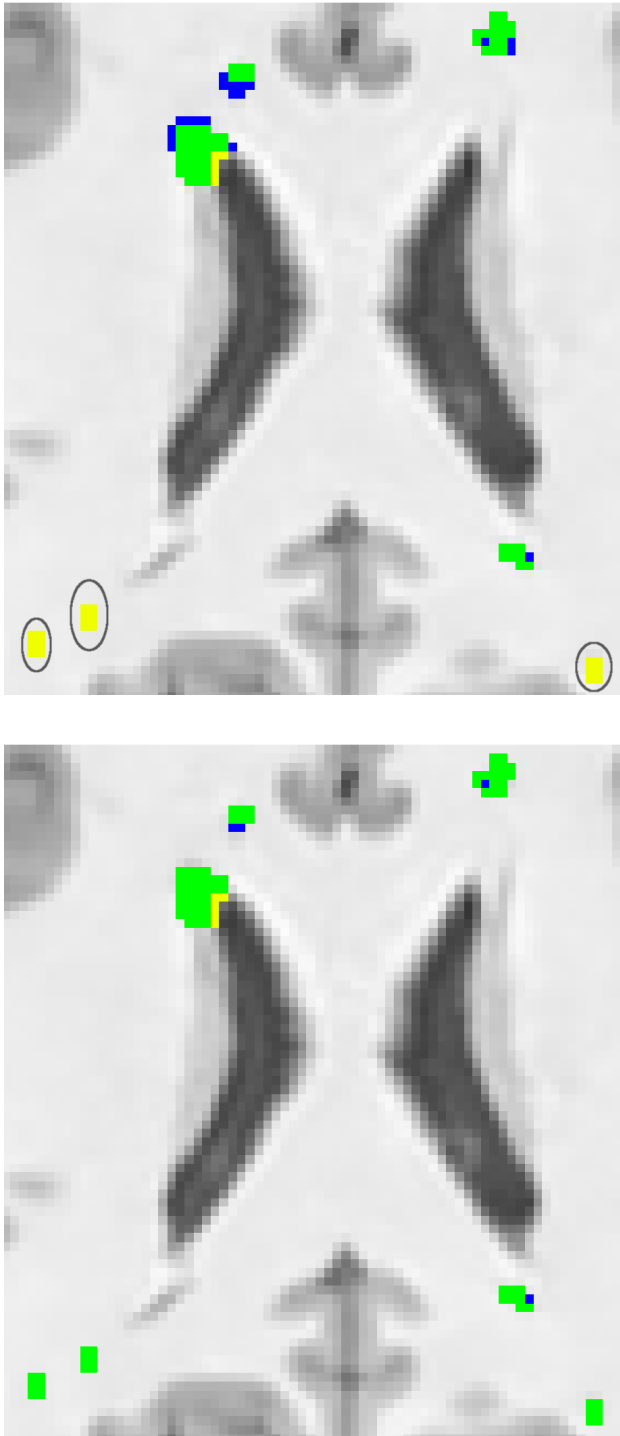


FIG. 5 – En haut : résultat de segmentation des données cliniques avec l’algorithme classique. En bas : résultat de segmentation des données cliniques avec l’algorithme optimisé. Vert = pixel correctement classifié ; Bleu = faux positif ; Jaune = faux négatif. Les ellipses sur l’image du haut montrent l’emplacement des lésions manquées.

capables de trouver une décomposition optimale à partir d’un jeu de données d’apprentissage et d’appliquer cette décomposition à de nouveaux sujets sans dévier de l’intervalle optimal.

De même, dans l’expérience sur données cliniques, nous avons lancé une ANOVA sur les données afin de quantifier les différences entre les résultats. La p -value des quinze groupes de CSD est de 2.10^{-7} avec $F = 4.724$, montrant qu’il existe une différence statistique entre les groupes, tandis que la p -value des quatorze groupes de résultats obtenus avec les matrices optimisées est de 0.89 avec $F = 0.5368$. Une fois de plus, les matrices optimisées réalisent des segmentations statistiquement meilleures que la matrice originale.

L’homogénéité des résultats des matrices optimisées montre qu’il est possible d’utiliser un volume possédant une vérité terrain comme échantillon d’entraînement et de réaliser une segmentation précise et exacte en utilisant la matrice optimisée apprise sur l’échantillon pour d’autres sujets avec les mêmes séquences. Les résultats de la validation croisée montrent qu’il en outre est possible d’approcher la segmentation optimale en incluant une large base d’apprentissage.

5 Conclusion et perspectives

Dans cette étude, nous avons proposé une technique supervisée pour l’optimisation d’un espace spectral intermédiaire pour le calcul d’un gradient multispectral dans un contexte de coupe de graphe. Les expériences montrent que cette optimisation permet un apprentissage supervisé d’une matrice optimale qui peut être efficacement utilisée pour segmenter les structures d’intérêt de sujets avec le même type de séquences que celles qui ont été utilisées pour calculer la matrice optimale. Nous avons aussi montré que ce principe fonctionne sur différentes combinaisons de séquences.

Une fois la matrice optimale calculée, le temps de calcul global pour une segmentation est plutôt petit (environ 70 secondes sur un ordinateur portable). Cela permet l’utilisation d’un contexte de segmentation semi-automatique afin d’affiner, si nécessaire, les résultats initiaux. En effet, ajouter de nouvelles graines de source et de puits vont modifier la coupe dans le graphe et permettre aux pixels mal classifiés (faux négatifs ou faux positifs) d’être corrigés dans la nouvelle itération, et cela en quelques secondes.

Comme nous le montrons dans cette étude, la méthode proposée permet à cette technique de segmentation de démarrer avec des états d’initialisation variés puisque les matrices calculées amènent toujours à des performances de segmentation similaires. De plus, cette capacité permet l’extension de l’algorithme original à un contexte multi-séquence avec plus de 3 modalités. Ainsi, la matrice \mathcal{M} , qui était une matrice carrée de taille 3×3 , pourrait être généralisée à une matrice de taille $n \times 3$ où chacun des nouveaux éléments peut être initialisé quasiment aléatoirement (*e.g.* avec des 0). Des expériences supplémentaires sont en cours pour démontrer clairement cette capacité.

Il serait aussi possible d’inclure de multiples séquences en utilisant un algorithme de réduction de dimensionnalité. Cet algorithme réduirait ces multiples séquences à trois

images contenant le maximum d'informations.

Références

- [1] Aït-Ali, L., Prima, S., Hellier, P., Carsin, B., Edan, G., Barillot, C. : *STREM : a robust multidimensional parametric method to segment MS lesions in MRI*. In : *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*. (October 2005) 409–416
- [2] Bricq, S. : *Segmentation d'images IRM anatomiques par inférence bayésienne multimodale et détection de lésions*. PhD thesis, Université Louis Pasteur de Strasbourg (2008)
- [3] Freifeld, O., Greenspan, H., Goldberger, J. : *Lesion detection in noisy MR brain images using constrained GMM and active contours*. In : *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging : From Nano to Macro*. (2007) 596–599
- [4] García-Lorenzo, D., Prima, S., L. Collins, D., L. Arnold, D., Barillot, C., P. Morrissey, S. : *Multiple Sclerosis (MS) Brain segmentation combining robust Expectation Maximization (EM) and Mean Shift (MeS)*. In : *Annual Meeting of the European Society for Magnetic Resonance in Medicine and Biology, Valencia, Spain* (October 2008)
- [5] Rousseau, F., Blanc, F., de Sèze, J., Rumbac, L., Armspach, J. : *An a contrario approach for outliers segmentation : application to multiple sclerosis in MRI*. In : *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*. (2008) 9–12
- [6] Van Leemput, K., Maes, F., Vandermeulen, D., Colchester, A., Suetens, P. : *Automated segmentation of multiple sclerosis lesions by model outlier detection*. *IEEE Transactions on Medical Imaging* **20**(8) (2001) 677–688
- [7] Grimaud, J., Lai, M., Thorpe, J., Adeleine, P., Wang, L., Barker, G., Plummer, D., Toft, P., McDonald, W., Miller, D. : *Quantification of MRI lesion load in multiple sclerosis : a comparison of three computer-assisted techniques*. *MR Imaging* **14**(5) (1996) 495–505
- [8] Boykov, Y., Funka-Lea, G. : *Graph cuts and efficient N-D images segmentation*. *International Journal of Computer Vision* **70**(2) (November 2006) 109–131
- [9] Ali, A., Farag, A. : *Graph cut based segmentation of multimodal images*. In : *IEEE International Symposium on Signal Processing and Information Technology*. (2007) 1036–1041
- [10] Lecoeur, J., Morrissey, S.P., Ferré, J.C., Arnold, D., Collins, D., Barillot, C. : *Multiple Sclerosis Lesions Segmentation using Spectral Gradient and Graph Cuts*. In : *Proceedings of MICCAI workshop on Medical Image Analysis on Multiple Sclerosis (validation and methodological issues)*. (September 2008)
- [11] Lecoeur, J., Ferré, J.C., Collins, D.L., Morrissey, S., Barillot, C. : *Multi Channel MRI Segmentation With Graph Cuts Using Spectral Gradient And Multidimensional Gaussian Mixture Model*. In : *Proceedings of SPIE Medical Imaging 2009 : Image Processing*. Volume 7259. (February 2009)
- [12] Geusebroek, J.M., Dev, A., van den Boomgaard, R., Smeulders, A., Cornelissen, F., Geerts, H. : *Color invariant edge detection*. In : *Scale-Space Theories in Computer Vision*. Volume 1252 of *Lecture Notes in Computer Science*. (1999) 459–464
- [13] Boykov, Y., Jolly, M.P. : *Interactive graph cuts for optimal boundary & region segmentation of objects in N-D images*. In : *International Conference on Computer Vision*. Volume 1. (July 2001) 105–112
- [14] Dice, L. : *Measure of the amount of ecological association between species*. *Ecology* **26**(3) (1945) 297–302
- [15] Zijdenbos, A.P., Dawant, B.M., Margolin, R.A., Palmer, A.C. : *Morphometric analysis of white matter lesions in mr images : Method and validation*. *IEEE Transactions on Medical Imaging* **13**(4) (1994) 716–724
- [16] Powell, M.J.D. : *The NEWUOA software for unconstrained optimization without derivatives*. In : *Workshop On Large Scale Nonlinear Optimization*. Volume 83 of *Nonconvex Optimization and Its Applications*. (2004)
- [17] Wiest-Daesslé, N., Prima, S., Morrissey, S., Barillot, C. : *Validation of a new optimisation algorithm for registration tasks in medical imaging*. In : *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging : From Nano to Macro*. (April 2007)
- [18] Collins, D.L., Zijdenbos, A.P., Kollokian, V., Sled, J.G., Kabani, N.J., Holmes, C.J., Evans, A.C. : *Design and construction of a realistic digital brain phantom*. *IEEE Transactions on Medical Imaging* **17**(3) (June 1998) 463–468
- [19] Collins, D.L., Neelin, P., Peters, T.M., Evans, A.C. : *Automatic 3D Intersubject Registration of MR Volumetric Data in Standardized Talairach Space*. *Journal of Computer Assisted Tomography* **18** (March 1994) 192–205
- [20] Sled, J.G., Zijdenbos, A.P., Evans, A.C. : *A nonparametric method for automatic correction of intensity nonuniformity in mri data*. *IEEE Transactions on Medical Imaging* **17**(1) (February 1998) 87–97
- [21] Coupé, P., Yger, P., Prima, S., Hellier, P., Kervrann, C., Barillot, C. : *An Optimized Blockwise Non Local Means Denoising Filter for 3D Magnetic Resonance Images*. *IEEE Transactions on Medical Imaging* **27**(4) (2008) 425–441