

Segmentation robuste de vertèbres

Jean-Baptiste Courbot, Edmond Rust, Emmanuel Monfrini, Christophe Collet

▶ **To cite this version:**

Jean-Baptiste Courbot, Edmond Rust, Emmanuel Monfrini, Christophe Collet. Segmentation robuste de vertèbres. GRETSI, Sep 2015, Lyon, France. hal-01245693

HAL Id: hal-01245693
https://hal.science/hal-01245693

Submitted on 17 Dec 2015

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 robuste de vertèbres

Jean-Baptiste COURBOT[1], Edmond RUST[1], Emmanuel MONFRINI[2], Christophe COLLET[1]

[1]ICube, Université de Strasbourg - CNRS, 67412 Illkirch, France

[2]Département CITI, CNRS, UMR 5157 SAMOVAR, 91011 Évry, France

[jb.courbot, edmond.rust.etu, c.collet]@unistra.fr, emmanuel.monfrini@it-sudparis.eu

Résumé – Nous proposons une nouvelle méthode de segmentation vertébrale pour les données TDM 3D robuste aux problèmes rencontrés en routine clinique. Cette méthode comporte deux étapes principales : la première est une nouvelle méthode coarse-to-fine produisant une première forme grossière de la vertèbre, la seconde est une segmentation par chaîne de Markov Cachée (CMC) introduisant une nouvelle transformation du volume en chaîne pour produire un résultat régulier. Cette méthode n'introduit pas d'*a priori* sur la forme des vertèbres et permet donc de prendre en compte les cas particuliers et pathologiques, courants en routine clinique. Elle est testée et validée sur un ensemble de vertèbres issues de scanners réalisés chez des patients explorés en routine clinique, ainsi que dans le contexte de traitements de colonnes entières, puis validée par un expert.

Abstract – We propose a new vertebra segmentation method for CT 3D data handling problems encountered in daily practice. This method is based on two consecutive main steps: the first one is a new hierarchical method efficiently producing a coarse vertebra shape, the second step consists in a final segmentation using a specific volume transformation. This method does not introduce any prior on the expected vertebra shape and thus allows to deal with the most frequent non-standard cases. The method was tested on a set of vertebrae encountered in daily practice as well as in the context of spine processing, and was validated by an expert.

1 Introduction

Connaître la position, l'orientation et la forme des vertèbres est crucial pour de nombreuses applications médicales, comme le suivi de lésions vertébrales, la planification pré-opératoire ou les traitements radiologiques interventionnels. De plus, l'environnement anatomique et la forme des vertèbres varient pour un même patient et entre différents patients. Certaines pathologies induisent davantage de spécificités concernant la forme, la taille ou l'intensité du volume observé. Dans un contexte de segmentation d'image, la plupart des travaux publiés (*e.g.* [7, 8]) semblent développés sur une population jeune et en bonne santé dans laquelle les vertèbres sont très bien séparées, avec un manque d'information conséquent sur la robustesse des méthodes sur la population de patients réellement explorés et traités en routine clinique.

La segmentation d'image médicale peut reposer sur des méthodes pixéliques, par textures ou par contours [13]. La majorité des travaux récents sur la segmentation vertébrale [7, 8, 9, 10, 12] sont basés sur ces derniers, en proposant notamment une adaptation de modèle de forme *a priori* au volume vertébral.

Ces travaux restent limités sur deux points : - Les algorithmes utilisent des descripteurs complexes impliquant des temps de calcul conséquents, et - les méthodes sont validées sur des ensembles de vertèbres limités spatialement (lombaires, thoraciques ou cervicales) ou en terme de santé (patients jeunes, sains). La méthode proposée ne présente pas ces limitations, puisqu'elle ne repose pas sur des données d'atlas ni sur des descripteurs de forme complexes. En outre, elle s'avère robuste y compris sur des cas cliniques présentant un vieillissement ou des pathologies éloignées des standards anatomiques généralement utilisés pour valider les méthodes [7, 8]. Pour réduire les temps de calculs, une méthode retirant les voxels par groupe est proposée. La segmentation finale est effectuée *via* un traitement par Chaîne de Markov Cachée (CMC) selon une nouvelle transformation du volume en chaîne.

On supposera dans la suite que les vertèbres sont isolées dans les volumes délimités par les disques inter-vertébraux voisins et les plans moyens correspondants. Il existe plusieurs méthode de *localisation de vertèbres* dans la littérature qui produisent ce type de séparation [6, 7, 8]. La première étape de la segmentation permettra de tester des groupes cohérents de voxels, et sera donc robuste aux changements locaux et globaux de luminance. La seconde étape séparera la vertèbre de son environnement au niveau du voxel dans le cadre robuste d'une segmentation par CMC. Aucun *a priori* de forme n'a été introduit dans les méthodes, ce qui permet de traiter tout type de vertèbre standard ainsi que les cas particuliers que l'on peut rencontrer en routine clinique. Ces cas particuliers peuvent être liés à une pathologie donnée (par exemple tumeur osseuse), ou à des modifications liées au vieillissement (ostéoporose, arthrose).

Les parties 2 et 3 détaillent respectivement les deux étapes de la méthode. Les résultats et commentaires correspondants sont présentés en partie 4, et une conclusion est donnée en partie 5.

2 Pré-segmentation coarse-to-fine

En imagerie médicale, les méthodes *coarse to fine* sont notamment utilisées pour du recalage rapide (*e.g.* [9]). Les méthodes de clustering produisent d'autre part des informations cohérentes de haut niveau. Il nous est apparu souhaitable d'uti-

liser ces deux approches pour produire rapidement une première estimation pertinente du volume. Un nouvel algorithme est introduit afin de remplir ces tâches : il fonctionne par couches concentriques en trois étapes principales, qui sont décrites dans les parties suivantes.

Extraction de la couche de travail

Cette étape permet d'isoler la couche de travail pour les traitements ultérieurs. Soit $\hat{V}_{j-1}$ le volume estimé à l'étape $(j-1)$ et V_j le volume de travail pour l'étape j. Celui-ci est défini de la manière suivante :

$$V_1 = V_0 - V_0 \ominus R(I_1) \quad (1)$$

$$V_j = \hat{V}_{j-1} \oplus R(O_j) - \hat{V}_{j-1} \ominus R(I_j) \; \forall j > 1 \quad (2)$$

V_0 est le volume initial, et l'opérateur $\oplus$ (resp. $\ominus$) représente la dilatation (resp. l'érosion) morphologique, pour un élément structurant R en disque de diamètre O_j et I_j pour les épaisseurs externes et internes respectivement.

Création de super-voxel (SV)

Une méthode de clustering liée à la méthode SLIC proposée dans [1] est développée. Les auteurs proposent un algorithme pour des images 2D couleurs que nous généralisons ici au cas 3D en niveaux d'intensité. On se référera à cette méthode sous le nom « SLIC-3D ». Les composantes spatiales et de luminance sont respectivement la distance euclidienne 3D et l'intensité exprimée en Unité Housfield (HU) [14]. Un voxel i est donc représenté par ses coordonnées spatiales x_i, y_i, z_i et sa luminance l_i. Pour le centroïde $C_k = [x_k, y_k, z_k, l_k]^T$ du Super-Voxel (SV) k, la distance mixte D_m entre C_k et i combine les quatre composantes de la manière suivante :

$$D_m(C_k, i) = \sqrt{(d_c(C_k, i)/m)^2 + (d_s(C_k, i)/S)^2} \quad (3)$$

où d_s est la distance euclidienne 3D et d_c l'écart en luminance entre C_k et $i : d_c(C_k, i) = |l_k - l_i|$. m pondère les contribution des deux composantes, et S représente la taille requise pour un SV. La procédure SLIC-3D est décrite dans l'Algorithme 1.

Sélection des SV

Un test est développé afin de qualifier si les SV font partie de la vertèbre. Ce test utilise la luminance moyenne l_k de chaque SV C_k. Un test adaptatif est mis au point afin d'assurer un choix cohérent et robuste des SV, notamment dans les cas non standards. Il est construit à partir de la méthode de *fusion statistique de région* [11]. Tandis que les auteurs utilisent ce test sur un ensemble de paires de pixels, ici les SV sont testés par rapport à une luminance de référence l_0, correspondant à l'intensité typique des tissus osseux en TDM. Pour un SV k donné, le prédicat de *fusion osseuse* sera :

$$\mathcal{P}_0(k) := |l_k - l_0| \leq b(k) \quad (4)$$

$b(\cdot)$ est un *seuil de fusion* donné [11] par $b(k) = g\sqrt{\frac{1}{Q|k|} ln\left(\frac{1}{\delta}\right)}$, où $|k|$ est le nombre de voxels dans k, g est le nombre de niveaux d'intensité, et δ est la probabilité d'erreur du prédicat. Q est le nombre attendu de variables aléatoires sous-jacentes pour la région traitée.

Un prédicat d'*intériorité* est ajouté en alternative à $\mathcal{P}_0$, afin de ne pas rejeter des SV situés à l'intérieur du volume. Soit $v = (x_v, y_v, z_v)$ le centre du volume résiduel, alors pour un SV k et un de ses voisins k' :

$$\mathcal{P}_I^k(k') := d_s(C_{k'}, v) \leq d_s(C_k, v) \quad (5)$$

Les deux prédicats (4) et (5) sont regroupés en un prédicat *vertébral* :

$$\mathcal{P}(k) := \mathcal{P}_0(k) \text{ ou } \mathcal{P}_I^{k'}(k) \; \forall k' \text{ t.q. } \begin{cases} k \text{ et } k' \text{ voisins,} \\ \mathcal{P}(k') \text{ est valide.} \end{cases} \quad (6)$$

Modèle et paramètres

Les paramètres du modèle ont été évalués à partir d'une base de 12 vertèbres, selon les principes suivants :

- Les deux premières valeurs de S (SLIC-3D, Alg. 1) seront plus élevées que les suivantes afin de procéder en *coarse to fine*. Les paramètres de tailles de l'Eq. (2) seront aussi définis avec S.
- Le paramètre m (Alg. 1) prendra des valeurs décroissantes pour exclure d'abord des SV cohérents spatialement, puis en intensité.
- L'intensité de référence l_0 (Pred. 4) est fournie par un expert.
- Le nombre d'itérations J est calculé afin que l'algorithme couvre tout le volume.

Le modèle est robuste aux variations de ces paramètres, dans le cadre de l'approche *coarse to fine*. L'Alg. 2 résume la méthode de pré-segmentation, que nous nommons « Carving ».

3 Segmentation par CMC

Le résultat du Carving inclut la majeure partie du volume vertébral sous-jacent, et est de taille moindre que le volume initial. Il est transformé en une région d'intérêt (ROI) construite à l'aide d'une dilatation morphologique par un élément structurant circulaire de rayon 10mm, afin de permettre une séparation statistique efficace entre la vertèbre et son environnement. Cette ROI sera traitée dans le cadre d'une Chaîne de Markov Cachée (CMC) avec une transformation spécifique du volume, et avec les algorithmes de Baum-Welch [2] et SEM [4]. Cette partie décrit les particularités de ce travail, les détails de SEM et Baum-Welch peuvent être trouvés dans [5].

Une transformation courante est la courbe de Hilbert dans le cadre de la segmentation d'image 2D ou 3D [5, 3]. Néanmoins elle induit des artefacts dans les résultats de segmentation et peut fournir des résultats irréguliers. Une nouvelle transformation du volume en chaîne est donc introduite, basée sur la forme de la ROI. Le parcours retenu, consistant en des spirales par coupe axiale de sens alternatif est illustré en Figure 1. L'algorithme de segmentation transforme d'abord le volume en chaîne. Les paramètres du mélange sont estimés avec l'algorithme SEM, dont la convergence est évaluée à l'aide d'estimations du Maximum Posterior Mode (MPM) à chaque itération. La chaîne segmentée est estimée avec le MPM et les paramètres finaux issus de SEM. Enfin, le volume segmenté est reconstruit *via* la transformation inverse.

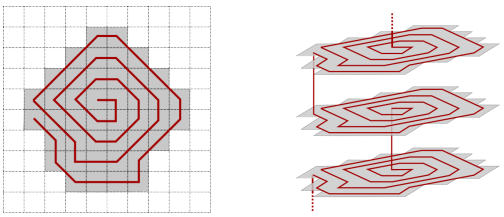


FIGURE 1 – Illustration de la transformation spirale, pour une coupe et trois coupes axiales successives du volume.

4 Résultats

Dans cette partie, les performances de la méthode sont évaluées sur un ensemble de vertèbres issues de la routine clinique et sur des exemples de colonnes complètes.

La méthode a été évaluée sur un ensemble de 339 volumes issus de la colonne de 15 patients consécutifs explorés dans un centre anti cancéreux, en excluant les patients présentant des tumeurs osseuses ou des lésions métastatiques osseuses. Les patients, d'une moyenne d'âge de 63 ans, présentent des dégénérescences arthrosiques et des atteintes ostéoporotiques reflétant la plupart des situations rencontrées en routine clinique sur une population âgée.

Chaque volume a été traité par la méthode proposée et par l'algorithme K-Means pour référence, en tant qu'outil de segmentation sans *a priori*. Ce dernier échoue lorsque de l'air est présent dans le volume, un sous-ensemble de volumes sans air a donc été isolé. Les résultats ont été évalués par un expert selon la notation suivante :

- Excellent (100) : la vertèbre est exactement délimitée.
- Bon (75) : la structure anatomique est presque couverte, à part quelques voxels.
- Mauvais (50) : la vertèbre est reconnaissable mais des parties importantes manquent.
- Médiocre (25) : la vertèbre n'est pas reconnaissable.
- Échec (0) : la segmentation a échoué.

TABLE 1 – Résultats pour l'ensemble complet et partiel.

Ensemble	Partiel		Complet
Score	Méthode proposée	K-Means	Méthode proposée
100	75 (42.13%)	46 (25.84%)	98 (28.91%)
75	64 (35.96%)	83 (46.63%)	129 (38.05%)
50	31 (17.42%)	35 (19.66%)	80 (23.60%)
25	6 (3.37%)	9 (5.06%)	29 (8.55%)
0	2 (1.12%)	5 (2.81%)	3 (0.88%)
Score moyen	**78.65**	**71.91**	**71.39**

Les résultats sont reportés dans le Tableau 1. En considérant que les résultats excellents et bons fournissent suffisamment d'information pour la segmentation et les traitements avancés, notre méthode donne 78% de résultats corrects, quand K-Means donne 72% sur le sous-ensemble, tandis que notre méthode produit 67% de résultats corrects sur l'ensemble complet (contre 38% pour K-Means). Étant donné que cet ensemble provient de données de routine clinique et inclut une proportion non négligeable de pathologies mineures, ces résultats sont particulièrement intéressants pour une utilisation clinique.

Les algorithmes ont été développés et testés avec Matlab sur un processeur Intel i5 (2.6 GHz), sans optimisation particulière du code. En moyenne, le temps de calcul est de 36 secondes par vertèbre.

Enfin, nous illustrons les possibilités d'intégration de la méthode dans le cadre d'un traitement de colonne entière. Pour deux patients, toutes les vertèbres ont été séparées manuellement et la méthode testée sur le bloc résultant (cf. Figure 2). Le second patient présente des dégénérescences discales étagées, une maladie de Forestier thoracique et un tassement de L4 (première vertèbre en vert clair en partant du bas). Pour chaque vertèbre, on distingue clairement le corps vertébral et les éléments postérieurs. Certaines délimitations entraînent également des imprécisions de segmentation aux limites des volumes.

5 Conclusion

La segmentation vertébrale reste une tache complexe, notamment en raison du nombre de formes, des changements dus au vieillissement, ainsi qu'aux cas pathologiques. Malgré cela, la méthode proposée remplit les critères d'une segmentation sans atlas, utilisable dans le cadre de traitement de la colonne vertébrale. Cette méthode pourrait être étendue à la segmentation osseuse en général, et pourrait également bénéficier d'une méthode de séparation vertébrale robuste. Nos travaux sur ces points seront présentés dans des communications ultérieures.

Remerciements. Les auteurs remercient le Pr. A. Gangi, Chef du Pôle Imagerie des Hôpitaux Universitaires de Strasbourg, pour l'intérêt porté à ce travail.

Références

[1] Radhakrishna Achanta, Appu Shaji, Kevin Smith, Aurelien Lucchi, Pascal Fua, and Sabine Susstrunk. Slic superpixels compared to state-of-the-art superpixel methods. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 34(11) :2274–2282, 2012.

[2] Leonard E Baum, Ted Petrie, George Soules, and Norman Weiss. A maximization technique occurring in the statistical analysis of probabilistic functions of markov chains. *The annals of mathematical statistics*, pages 164–171, 1970.

[3] Stephanie Bricq, Christophe Collet, and Jean-Paul Armspach. Unifying framework for multimodal brain MRI segmentation based on hidden markov chains. *Medical image analysis*, 12(6) :639–652, 2008.

[4] Gilles Celeux and Jean Diebolt. L'algorithme SEM : un algorithme d'apprentissage probabiliste : pour la reconnaissance de mélange de densités. *Revue de statistique appliquée*, 34(2) :35–52, 1986.

[5] Roger Fjortoft, Yves Delignon, Wojciech Pieczynski, Marc Sigelle, and Florence Tupin. Unsupervised classification of radar images using hidden markov chains and hidden markov random fields. *Geoscience and Remote Sensing, IEEE Transactions on*, 41(3) :675–686, 2003.

[6] Ben Glocker, Johannes Feulner, Antonio Criminisi, David R Haynor, and Ender Konukoglu. Automatic localization and identification of vertebrae in arbitrary field-of-view CT scans. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2012*, pages 590–598. Springer, 2012.

[7] Yiebin Kim and Dongsung Kim. A fully automatic vertebra segmentation method using 3D deformable fences. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 33(5) :343–352, 2009.

[8] Tobias Klinder, Jörn Ostermann, Matthias Ehm, Astrid Franz, Reinhard Kneser, and Cristian Lorenz. Automated model-based vertebra detection, identification, and segmentation in CT images. *Medical image analysis*, 13(3) :471–482, 2009.

[9] Jun Ma, Le Lu, Yiqiang Zhan, Xiang Zhou, Marcos Salganicoff, and Arun Krishnan. Hierarchical segmentation and identification of thoracic vertebra using learning-based edge detection and coarse-to-fine deformable model. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2010*, pages 19–27. Springer, 2010.

[10] Hengameh Mirzaalian, Michael Wels, Tobias Heimann, B Michael Kelm, and Michael Suehling. Fast and robust 3D vertebra segmentation using statistical shape models. In *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2013 35th Annual International Conference of the IEEE*, pages 3379–3382, 2013.

[11] Richard Nock and Frank Nielsen. Statistical region merging. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 26(11) :1452–1458, 2004.

[12] Abtin Rasoulian, Robert Rohling, and Purang Abolmaesumi. Lumbar spine segmentation using a statistical multi-vertebrae anatomical shape + pose model. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 32(10) :1890–1900, Oct 2013.

[13] Neeraj Sharma and Lalit M Aggarwal. Automated medical image segmentation techniques. *Journal of medical physics/Association of Medical Physicists of India*, 35(1) :3, 2010.

[14] Perry Sprawls. *Physical principles of medical imaging*. Medical Physics Pub., 1995.

Algorithme 1 SLIC-3D

Requiert : Volume V contenant la vertèbre, paramètres m et S (3), nombre d'itération $nItr$
Produit : Carte des labels de SV L, carte des distance pixel-centroïde D
Placer les C_k sur une grille cubique de taille S.
Pour chaque voxel i : $L(i) \leftarrow -1$ et $D(i) \leftarrow \infty$.
for $Itr = 1 : nItr$ **do**
  for chaque centroïde C_k **do**
    for chaque voxel i dans un cube de côté S centré en (x_k, y_k, z_k) **do**
      Calculer $D_m(C_k, i)$ (3).
      if $D_m(C_k, i) \leq D(i)$ **then**
        $L(i) = k$ et $D(i) = D_m(C_k, i)$
  Mise à jour des centroïdes.

Algorithme 2 Carving

Requiert : Volume initial V_0
Produit : Pré-segmentation binaire de V_0
Calcul du nombre d'itérations J.
for chaque itération j **do**
  Construire V_j : (2) avec O_j et I_j.
  Mise à jour de g, Q, δ avec les valeurs courantes.
  Fractionner V_t : Alg. 1 avec S_j and m_j.
  for chaque SV k **do**
    Tester $\mathcal{P}(k)$: (6) avec g, Q, δ, l_0.
    if $\mathcal{P}(k)$ faux **then**
      Exclure les voxels contenus dans k du volume.

Paramètres : $I_j = S_j \; \forall j$, $O_1 = 0$, $O_j = (S_{j-1} + S_j)/2 \; \forall j > 1$, $m_1 = 100$, décroissance linéaire jusqu'à $m_J = 70$, $S_1 = 23$mm, $S_2 = 17$mm, $S_j = 11$mm $\; \forall j > 2$, g est l'intervalle des valeurs de V_t, $Q = 0.4 \times g$, $l_0 = 1300$ HU, $\delta = 1/|V_t|$

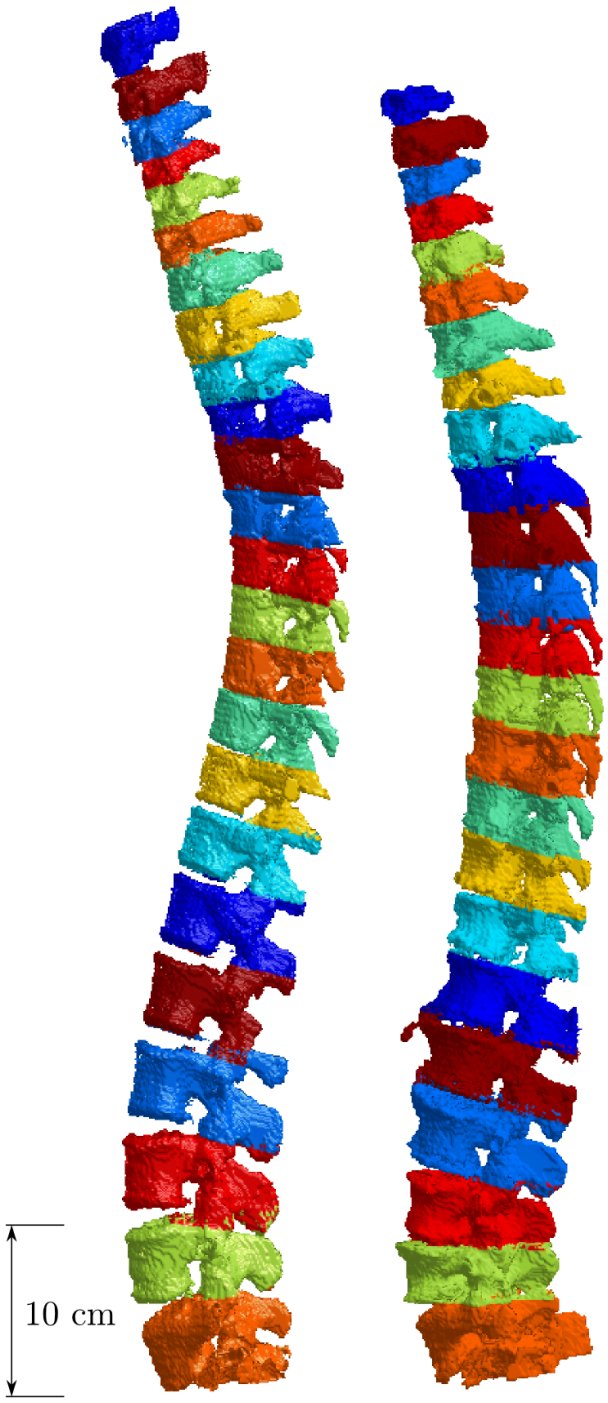


FIGURE 2 – Exemples de résultats intégrés sur la colonne vertébrale de deux patients. Les vertèbres sont séparées par le même jeu de couleur. Gauche : rachis sain. Droite : rachis arthrosique.