INSTITUT NATIONAL DE RECHERCHE EN INFORMATIQUE ET EN AUTOMATIQUE

Segmentation automatique : application aux angioscanners 3D du foie

Luc Soler, Grégoire Malandain, Hervé Delingette

N° 3496

Septembre 1998

THÈME 3

Rapport de recherche

ISSN 0249-6399

Segmentation automatique : application aux angioscanners 3D du foie

Luc Soler, Grégoire Malandain, Hervé Delingette*

Thème 3 — Interaction homme-machine,
images, données, connaissances
Projet Epidaure**

Rapport de recherche n° 3496 — Septembre 1998 — 39 pages

Résumé : Dans le cadre de la réalisation d'un simulateur de chirurgie laparoscopique*** du foie, nous avons développé une nouvelle méthode permettant d'extraire dans les angioscanners 3D du foie, le réseau vasculaire de la veine porte. Ce réseau est utilisé en pratique pour repérer les différents segments anatomiques, qui représentent l'unité d'intervention dans les exérèses**** du foie. Notre méthode facilite ainsi la tâche des chirurgiens, en leur fournissant automatiquement le modèle 3D de la veine porte par une segmentation décomposée en trois étapes. La première étape réduit l'image à la région d'intérêt correspondant au contour du foie et améliore sa qualité en réalisant un filtrage anisotrope. La seconde segmente les réseaux vasculaires et appliquant un seuillage global, suivi d'une analyse locale. La troisième étape traduit les connaissances a priori que nous avons des réseaux vasculaires, en contraintes topologiques et géométriques. Cette dernière étape permet de corriger les problèmes résultant de l'anisotropie des images, en déconnectant les différentes arborescences du foie pour en extraire la veine porte. Les résultats obtenus sur douze patients, et vérifiés par un radiologue, montrent que l'algorithme extrait automatiquement les principales branches de la veine porte, permettant de délimiter les segments anatomiques définis dans l'anatomie conventionnelle du foie.

Mots-clé : segmentation, angioscanner 3D, foie, veine porte, vascularisation, seuillage, topologie discrète.

(Abstract: pto)

* . E-mail : Luc.Soler@inria.fr, Gregoire.Malandain@inria.fr, Herve.Delingette@inria.fr
** . http://www.inria.fr/Equipes/EPIDAURE-eng.html
*** . examen de la cavité abdominale au moyen d'un endoscope introduit à travers la paroi abdominale.
**** . ablation chirurgicale d'une partie inutile ou nuisible à l'organisme.

Unité de recherche INRIA Sophia Antipolis
2004 route des Lucioles, BP 93, 06902 SOPHIA ANTIPOLIS Cedex (France)
Téléphone : 04 93 65 77 77 – Télécopie : 04 93 65 77 65

Automatic Segmentation: Application to 3D Angioscanners of the Liver

Abstract: As part of a hepatic surgery simulator, we have developed a new method for the extraction of the portal vein's vascular tree in 3D liver angioscanners. In practice, this tree is used to localize the different anatomical segments that correspond to the unit of surgical ablation of the liver. Our method thus facilitates the surgeon's task by automatically giving the 3D model of the portal vein in a three-step segmentation. The first step reduces the image to the ROI defined by the liver contours and increases its quality by an anisotropic filtering. The second step performs the segmentation of vascular networks by a global thresholding followed by a local analysis. The third step translates a priori knowledge in topological and geometrical constraints. This last step allows to remove mistakes due to the anisotropy of the images by disconnecting the different vascular trees in order to extract the portal vein. Results on 12 patients, validated by a radiologist, showed that the algorithm automatically extracts the principal branches of the portal vein, allowing to delimit the anatomical segments defined in the conventional liver anatomy.

Key-words: segmentation, angioscanner 3D, liver, portal vein, vessels, thresholding, digital topology.

1 Introduction

L'imagerie médicale tridimensionnelle permet une vision de l'intérieur du corps humain de plus en plus précise. Les méthodes d'acquisition restent cependant parfois difficiles à mettre en œuvre et l'analyse des résultats est complexe. Dans le domaine de la chirurgie hépatique, la modalité la plus courante est l'angioscanner 3D[1]. Ces images permettent aux chirurgiens de voir la vascularisation du foie et d'évaluer les possibilités d'intervention. Selon Couinaud, le foie est composé de 8 segments indépendants qui représentent la dispersion des branches de la veine porte. Ils sont utilisés dans les résections hépatiques, dites anatomiques[2], comme unités d'intervention. De telles résections consistent à retirer dans un foie les régions infectées, segment par segment. Dans la pratique, les chirurgiens utilisent la définition de Couinaud [Cou57] qui permet de repérer les segments à partir de repères issus essentiellement de la veine porte (voir paragraphe 5.3). Ils délimitent ainsi les 8 segments manuellement à partir d'images souvent difficiles à analyser. Tout d'abord les images sont rarement de bonne qualité (diffusion irrégulière du produit de contraste dans les vaisseaux, mouvement du patient pendant l'acquisition, aspect texturé, etc). Ensuite, les images sont constituées de coupes plus ou moins espacées qui obligent le médecin à imaginer la représentation volumique. L'anisotropie[3] rend souvent plus complexe cette analyse, le suivi mental des arborescences internes étant alors une tâche d'autant plus difficile et subjective.

Le but de nos travaux est d'apporter aux chirurgiens une aide essentielle lors de la phase préopératoire, en améliorant l'analyse des images mais également en facilitant la planification des interventions chirurgicales. Ceci permettrait de réduire les coûts de ces interventions et de l'imagerie, par une réduction du temps d'hospitalisation et une réduction du nombre d'acquisitions d'images réalisées sur un patient. Le but est également d'optimiser le geste chirurgical.

Pour atteindre ces objectifs, nous nous proposons de développer un outil permettant de visualiser et d'extraire automatiquement l'anatomie interne du foie (vaisseaux, tumeurs, kystes) à partir d'angioscanners 3D. Cet outil devra également permettre de délimiter automatiquement les segments anatomiques utilisés par les chirurgiens pour planifier les opérations. L'étape ultime sera d'offrir une découpe idéale du foie, proposant ainsi en cas de lésions hépatiques, les plans d'exérèse optimaux.

1.1 État de l'art

Les méthodes de segmentation dépendent en grande partie de l'imagerie utilisée et des caractéristiques propres aux structures que l'on souhaite segmenter. Dans le cas des images par scanner X de la région abdominale, les images contiennent de nombreuses structures

1. scanner X des vaisseaux après injection d'un liquide opaque aux rayons X.
2. ablation chirurgicale d'une partie du foie à partir de repères anatomiques précis.
3. épaisseur des coupes et espacement entre les coupes plus importants que la taille des pixels.

anatomiques. Parmi celles-ci, nous ne souhaitons segmenter que le foie et à l'intérieur de celui-ci les réseaux vasculaires et les éventuelles lésions, c'est-à-dire des structures dont la topologie et la géométrie sont très différentes.

Dans la littérature, ce type de problème est abordé de deux façons différentes. La première consiste à réaliser une segmentation séquentielle. Chaque étape permet de segmenter une des structures de l'image et d'utiliser cette structure pour simplifier le problème, soit en la soustrayant de l'image, soit en l'utilisant comme masque [GHKF96, CCPP95, BMEL93]. La seconde consiste à réaliser une unique segmentation qui permettra de distinguer chacune des structures de l'image. Nous avons choisi la première approche car elle permet d'appliquer des méthodes de segmentation spécifiques à chacune des structures que l'on souhaite segmenter et donc d'obtenir de meilleurs résultats.

L'utilisation la plus courante de cette technique, consiste à réaliser une première étape de segmentation de la région d'intérêt (ROI). L'image est ensuite réduite en utilisant ce résultat. Les étapes suivantes segmentent ensuite les différentes structures présentes dans la ROI, ou bien simplement certaines de celle-ci. Dans le cas des images thoraciques par exemple, la ROI correspond aux poumons. Les structures internes recherchées après la première étape calculant le masque, seront les lésions internes, les vaisseaux ou l'arbre pulmonaire [CCPP95, SSH94, ECNL94]. On retrouve cette segmentation séquentielle dans les images du cerveau. Dans [AM96, BMEL93] par exemple, le masque de la ROI initialement calculé est celui de la tête. Les étapes suivantes permettent alors de segmenter le cerveau.

Dans le cas des images du foie, la première étape a pour but de segmenter l'enveloppe du foie. Contrairement aux exemples précédents, elle n'est généralement suivie que d'une étape de visualisation des structures internes [CCSH95, HCK93]. Ces visualisations ne sont pas des segmentations et elles n'apportent qu'une information visuelle aux praticiens. En effet, bien qu'elles permettent de distinguer très nettement les différentes structures internes, elles ne fournissent aucune information quantitative de volume ou de taille. Elles ne permettent pas non plus la construction de modèles, étape obligatoire pour la réalisation d'un simulateur.

Un grand nombre de travaux ont traité la segmentation de l'enveloppe du foie que ce soit de façon automatique [MD97, GHKF96, CCSH95, BGCK93, MOKS93, HCK93] ou semi-automatique [ISF92]. Les techniques utilisées sont variées, mais on peut noter que la majorité d'entre elles utilisent un modèle déformable, soit pour améliorer le résultat final en optimisant une autre méthode de segmentation [GHKF96], soit pour segmenter directement [MD97, CCSH95]. Indépendamment de l'extraction de l'enveloppe du foie, la segmentation de réseaux vasculaires du foie a fait l'objet de différents travaux [MYSO95, ZJEL95, ZJP95, ISF92]. On notera particulièrement les travaux de [ZJP95], qui permettent l'extraction de la veine porte dans les angioscanners X du foie, à partir d'une méthode par croissance de région. Cette méthode offre l'avantage de fournir des informations topologiques sur le réseau, utilisables pour la reconstruction des segments anatomiques du foie. Par contre, elle utilise un seuil et un point de départ fournis manuellement. Cette technique n'est donc pas entièrement automatique. Enfin, notons que les lésions du foie font très rarement l'objet de méthodes de segmentation spécifiques comme dans [BFMVH97, Kov95]. Elles peuvent cependant être réalisées par des méthodes de segmentation utilisées pour d'autres structures. Par exemple, le foie et ses tumeurs sont segmentées avec la même méthode dans [CCSH95].

De toutes ces techniques, seuls les travaux de [GHKF96, SHBC96] approchent une solution de segmentation générale des différentes structures du foie, bien que les réseaux vasculaires ne soient pas clairement délimités. En effet, on retrouve dans leur méthode une première segmentation du foie, améliorée par des opérateurs morphologiques, puis par un modèle déformable. On y trouve de plus une méthode de segmentation des tumeurs, repérées par leur localisation dans le masque du foie, par leur intensité, mais également par une contrainte de forme. On peut ajouter à cette analyse, la visualisation finale des vaisseaux, détaillée par les mêmes auteurs dans [FKHG96, HSKB95]. Ils utilisent une méthode de classification qui permet de donner, pour chaque intensité de l'histogramme de l'image réduite au masque du foie, le pourcentage de voxels appartenant à chacune des structures. Cette méthode n'est cependant pas exploitée pour réaliser une véritable segmentation, mais principalement une visualisation.

Notons enfin la remarque de [FKHG96] qui constatent que la meilleure amélioration des résultats que l'on puisse attendre dans le domaine de la segmentation des tumeurs et des vaisseaux, viendra de l'amélioration des images. De toutes ces méthodes, seuls [ISF92] proposent un filtrage des images tendant à réduire le bruit. Pourtant, il existe de nombreuses techniques de prétraitement des images, permettant d'éliminer le bruit et d'augmenter le contraste : filtrage des images par des opérateurs morphologiques [TCC90, CGCR94], ou bien par un lissage avec un filtre passe-bas classique [DSD94, OE94] ou orienté [SLC95]. Ces filtrages précèdent en général les méthodes de seuillage afin de les optimiser. Mais dans nos images, ces filtres lisseraient les plus petits vaisseaux de façon trop importante, les déconnectant ainsi des plus gros. Pour résoudre ce problème, Perona et Malik proposent une méthode appelée «diffusion anisotrope» [PSM94, PM90]. Cette méthode itérative fait partie de la classe des opérateurs de lissage adaptatif. L'idée générale est de lisser les régions de l'image où le gradient local est faible et à l'inverse, de réduire le lissage dans les régions où le gradient est élevé (caractéristique de frontières entre les régions). Cette méthode a été adaptée pour la première fois à l'imagerie médicale et plus particulièrement dans l'imagerie par résonance magnétique (IRM), par [GMKK92, GKKJ92]. C'est aujourd'hui une des techniques les plus utilisées pour retirer le bruit en conservant le plus de détails possibles, comme le montrent de nombreux articles [KMA97, AM96, LMSM96, WGKJ95].

1.2 Contributions

Nous proposons une nouvelle méthode de classification des tissus du foie et plus particulièrement une méthode de segmentation automatique de la veine porte à partir d'angioscanners 3D du foie. Cette segmentation est décomposée en trois étapes principales réalisant ainsi une analyse globale et locale de l'image afin de tirer partie des avantages de chacune de ces analyses :

- la première étape a pour but de réduire l'image à la région d'intérêt, c'est-à-dire le foie, et d'améliorer l'image par un filtrage qui augmente le contraste entre les vaisseaux et le parenchyme ;
- la seconde étape réalise une segmentation des réseaux vasculaires par un seuillage global suivi d'une analyse locale ;
- la troisième étape extrait le réseau porte dans le résultat de la segmentation précédente. Pour cela, les connaissances a priori que nous avons du réseau porte, sont traduites en contraintes topologiques et géométriques. Ces contraintes permettent de supprimer les voxels ou les branches connectées par erreur.

L'apport principal de cette méthode est la résolution des problèmes de segmentation dus à l'anisotropie et à l'aspect texturé des images. Nous nous intéresserons principalement dans cet article, au problème de la segmentation de la veine porte à partir d'angioscanners 3D. Nous définirons tout d'abord dans le paragraphe 2 la méthode d'acquisition et la première étape de notre méthode, représentant un prétraitement de l'image. Les étapes suivantes seront ensuite détaillées dans les paragraphes 3 et 4. Puis dans le paragraphe 5, nous analyserons les résultats obtenus en appliquant cette méthode sur les images de 12 patients. En utilisant ces résultats, nous présenterons quelques résultats de délimitation des segments anatomiques. Enfin nous conclurons dans le paragraphe 6, en définissant nos perspectives de recherches futures.

2 Acquisition et prétraitement des images

2.1 Acquisition

Dans la pratique, les radiologues utilisent plusieurs techniques d'imagerie pour visualiser le foie et ses structures internes. L'échographie sert d'examen de référence pour une première visualisation. Si une image suspecte est repérée, une technique plus précise est alors employée. Généralement le scanner X est préféré à l'IRM, car il est moins coûteux et tout aussi efficace [TDTM92]. Nous avons donc limité notre étude aux images scanner X, qui semblent être aujourd'hui les plus fréquentes.

Dans les images scanner, l'échelle d'intensité utilisée est définie à partir de l'unité Hounsfield (H.U.), du nom de l'inventeur du scanner. Elle représente la densité des tissus traversés par un rayon X. Dans ces images, la visualisation des vaisseaux et des lésions du foie nécessite l'injection d'un produit de contraste. Cette injection est basée sur le fait que les métastases hépatiques ne reçoivent pas le même apport vasculaire que le parenchyme hépatique sain. En effet, le foie sain est vascularisé à 75% par la veine porte et à 25% par l'artère hépatique. Les métastases reçoivent, quant à elles, pratiquement 100% de leur apport sanguin par l'artère hépatique [TDTM92]. Une injection d'un produit de contraste dans la veine porte permettra de visualiser :

– la veine porte très claire, où le produit de contraste est le plus concentré,

– le parenchyme hépatique sain moins clair, le produit de contraste étant moins concentré,

– les lésions sombres, que le produit de contraste n'atteint pas.

L'injection dans la veine porte est réalisée par deux procédés différents qui définissent deux modalités. La première consiste à injecter le produit en intraveineuse. La difficulté réside alors dans le calcul du temps porte, temps nécessaire au produit de contraste pour atteindre le foie et envahir la veine porte. Ce temps est estimé en moyenne à 50 secondes, mais cette valeur ne tient pas compte des variations morphologiques entre les patients. Lorsque le temps est sous-évalué le réseau porte apparaît peu ou non contrasté. Lorsqu'il est surévalué, le produit de contraste passe au travers des cellules hépatiques et atteint les réseaux veineux sus et sous hépatique. Le foie devient plus clair et l'écart des intensités entre les vaisseaux et le parenchyme moins important.

La seconde modalité appelée portoscanner, permet une injection dans la veine porte plus précise, mais également plus invasive. Pour réaliser cette injection, un cathéter est introduit depuis l'artère fémorale (situé dans la partie supérieure de la jambe) dans l'artère mésentérique supérieure qui est une des principales branches artérielles de l'aorte abdominale. A partir de cette artère, le sang passe au niveau de l'intestin dans la veine mésentérique supérieure, une des deux branches alimentant la veine porte. Le temps portal évalué en moyenne à 20 secondes, est ici mieux estimé puisque le trajet est plus court et plus rapide. Les variations morphométriques entre les patients auront donc moins d'influence. Les images obtenues sont de meilleure qualité mais la technique présente l'inconvénient d'être très invasive et désagréable pour le patient.

Il est important de noter que le foie étant un organe volumineux, il est nécessaire d'utiliser un scanner rapide. En effet, une respiration du patient pendant l'acquisition perturberait l'image de façon très importante. Elle est donc réalisée en apnée, ce qui interdit une acquisition longue. Plus l'appareil sera rapide et plus l'on aura de coupes, c'est-à-dire que la résolution suivant l'axe des z sera meilleure. Un scanner incrémental ne pouvant pas répondre à cette exigence, il sera nécessaire d'utiliser un scanner hélicoïdal pour obtenir une image volumique du foie complet avec une résolution de bonne qualité.

Nous avons utilisé une base de données de 12 patients, offrant une variabilité importante (tableau 1). Sur cette base de données sont présents des patients possédant des lésions (kystes ou tumeurs), des patients sains ou encore des patients ayant subi une exérèse partielle du foie. Enfin, la morphométrie des patients de cette base est très variable, ce qui explique les différences de qualité d'images, dues à une mauvaise évaluation du temps portal. Nous avons noté cette variation dans la colonne remarque du tableau. La lettre P signifie que la veine porte apparaît normalement contrastée alors que p signifie qu'elle apparaît peu contrastée, ce qui correspond à une sous-évaluation du temps porte. La lettre S signifie que les veines sus-hépatiques apparaissent contrastées, ce qui correspond à une surévaluation du temps porte. La lettre s indique que seules quelques branches du réseau sus-hépatique apparaissent contrastées. La lettre A signifie que l'artère hépatique apparaît contrastée. Nous avons enfin placé ces lettres du plus contrasté au moins contrasté des réseaux, lorsqu'ils apparaissaient, et aucune lettre lorsqu'aucun réseau ne pouvait être distingué.

TAB. 1 – *Définition des protocoles d'acquisition des images.*

Numéro de l'image	Type de scanner	Type d'injection	Nombre de coupes	Épaisseur des coupes	Résolution des pixels	Remarques
1	Incrémental	Intraveineuse	19	10 mm	0,67 mm	P-S
2	Hélicoïdal	Portoscanner	48	4 mm	0,67 mm	P-S
3	Hélicoïdal	Portoscanner	43	4 mm	0,63 mm	P-S
4	Hélicoïdal	Intraveineuse	90	1,66 mm	0,58 mm	P
5	Hélicoïdal	Intraveineuse	63	2 mm	0,65 mm	P-s
6	Hélicoïdal	Intraveineuse	74	2 mm	0,65 mm	p
7	Hélicoïdal	Intraveineuse	76	2 mm	0,59 mm	A-P
8	Hélicoïdal	Intraveineuse	109	2 mm	0,61 mm	P-S
9	Hélicoïdal	Intraveineuse	61	2 mm	0,53 mm	
10	Hélicoïdal	Intraveineuse	43	3 mm	0,54 mm	P-S
11	Hélicoïdal	Intraveineuse	58	3 mm	0,66 mm	P-s
12	Hélicoïdal	Intraveineuse	32	5 mm	0,66 mm	P

2.2 Prétraitement

Cette première étape de notre segmentation, a pour but d'améliorer au maximum l'image de façon à ce que le traitement qui suivra soit optimal en temps de calcul et en qualité. Elle se décompose en deux étapes : la première réduit l'image à la région d'intérêt et la seconde réalise un filtrage anisotrope.

La réduction de l'image à la région d'intérêt, a pour but de limiter l'analyse que nous ferons ultérieurement à la région de l'image contenant l'information utile que nous souhaitons segmenter. Dans notre cas, cette région correspond au foie qu'il est donc nécessaire de délimiter. Pour cela, nous avons utilisé les résultats d'une segmentation de l'enveloppe du foie développée par Montagnat et Delingette [MD97]. Cette méthode utilise un modèle de référence calculé sur les données du *Visible Man* de la National Library of Medicine[4]. En utilisant les propriétés des maillages simplexes volumiques [Del94], le maillage de référence est déformé en utilisant des contraintes de déformation hybrides, locales et globales. Le résultat de cette segmentation est utilisé comme un masque qui limite ainsi l'image à la zone du foie, ce qui réduit également l'histogramme d'intensité (figure 1).

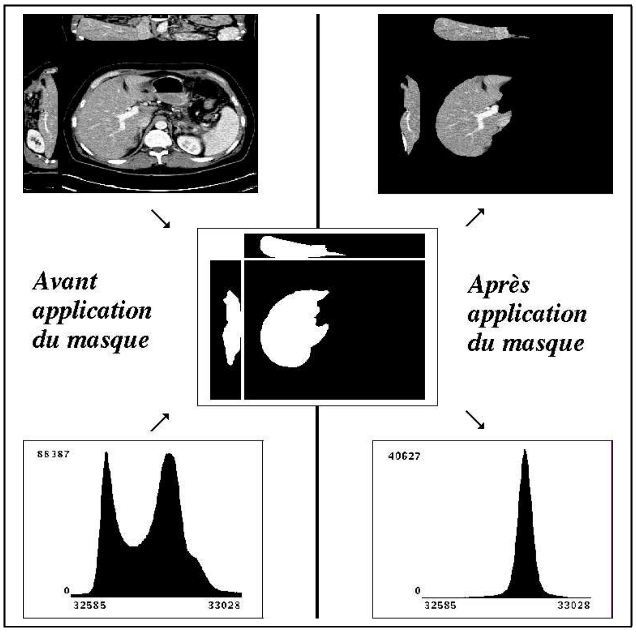


FIG. 1 – *Application du masque du foie (au centre) sur l'image (en haut à gauche) donnant l'image réduite (en haut à droite) et effet sur l'histogramme d'intensité avant (en bas à gauche) et après (en bas à droite) application.*

4. adresse web : http://www.nlm.nih.gov/ .

La seconde étape a pour but de réduire l'aspect texturé du parenchyme que l'on peut remarquer dans nos images. Cet aspect vient de la structure même du parenchyme et il ne s'agit pas d'une texture uniforme ou régulière. Si l'on observe l'histogramme des intensités de l'image réduite à la zone du foie (figure 1), on se rend compte qu'il a la forme générale d'une gaussienne. Nous le voyons, la répartition des intensités du parenchyme due à la texture est comparable à celle résultant d'un bruit. La solution que nous proposons est de traiter la texture comme tel, en appliquant un algorithme développé pour réduire les bruits gaussiens. Ce traitement aura pour effet de réduire la dispersion des intensités du parenchyme et ainsi d'améliorer l'image.

Pour ce faire, nous avons employé un filtrage anisotrope (voir chapitre 1.1), dont l'algorithme détaillé par [KMA96] possédait une complexité linéaire par rapport au nombre de voxels de l'image. Le résultat de ce filtrage est illustré par un exemple sur la figure 2. Il apparaît que l'aspect texturé initial a fait place à une zone d'intensité homogène, tandis que les frontières entre le parenchyme et les vaisseaux ou les zones sombres ont été conservées. On remarque également l'effet de la diffusion anisotrope sur l'histogramme des intensités. Elle réduit nettement la largeur du pic principal, c'est-à-dire la dispersion des intensités, et dégage ainsi plus clairement ce pic des autres valeurs.

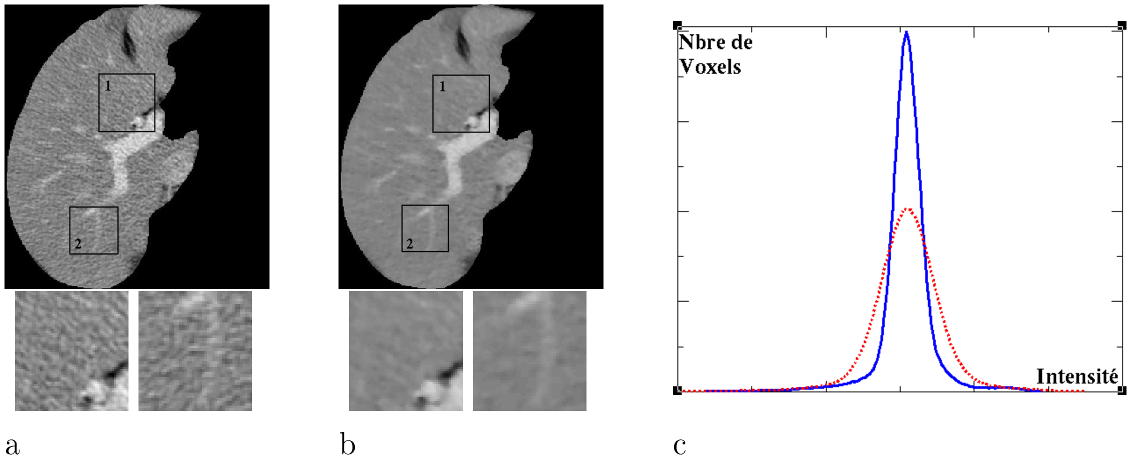


Fig. 2 – *Une coupe d'une image scanner X du foie, avant (a) et après (b) filtrage anisotrope : gros plan sur deux zones d'une même coupe, zone 1 à gauche et zone 2 à droite. (c) : histogramme de la même image avant (en pointillé) et après le filtrage anisotrope.*

Ce sont ces images ainsi réduites et filtrées que nous utiliserons par la suite. Comme le montre la figure 3, les tissus les plus sombres seront les tissus non vascularisés comme les lésions (tumeurs, kystes) ou non injectés par le produit de contraste (parfois les veines sus-hépatiques). Les tissus les plus clairs seront, à l'opposé, les tissus fortement vascularisés et atteints par le produit de contraste (veine porte et parfois à nouveau les veines sus-hépatiques). Entre ces deux niveaux, restent le tissu même du foie et les tissus peu vascularisés.

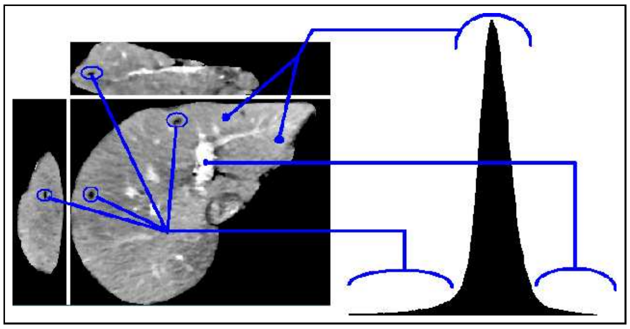


FIG. 3 – *Correspondance entre intensité et type de tissus. De gauche à droite sur l'histogramme : lésions, foie, vaisseaux.*

3 Segmentation par seuillage global et analyse locale

3.1 Détermination des premiers seuils

En regardant l'histogramme des intensités de nos images (figure 3), on remarque que sa forme est proche d'une gaussienne. Nous avons supposé que la distribution des intensités des trois classes de tissus décrites précédemment suivait une loi normale. Cette hypothèse fréquente [Sch96, LMSM96, GO94, JRvdH93] reprend les analyses de [GHKF96] qui définissaient la répartitions des intensités du parenchyme, des lésions et des vaisseaux à partir d'une valeur moyenne et d'un écart-type. Notre idée consiste à approximer l'histogramme par une somme de trois gaussiennes, chacune d'elles représentant la distribution des voxels d'une des classes. Avec cette information, nous définirons les seuils aux intersections de deux gaussiennes voisines.

3.1.1 Méthode d'ajustement des gaussiennes

Nous souhaitons ajuster des gaussiennes sur l'histogramme des intensités de l'image, c'est-à-dire faire en sorte que la somme de K gaussiennes donne une courbe la plus proche possible de l'histogramme. Soit un ensemble de M points (x_j, y_j) de l'histogramme. Ces points sont pris pour des valeurs d'intensités discrétisées entre $x_1 = min$ et $x_M = max$, avec $y_j = h(x_j)$ le nombre de voxels de l'image ayant pour intensité x_j. Soit f_k une gaussienne d'amplitude A_k, de moyenne μ_k et d'écart type σ_k. En considérant que h est une estimation de la somme F de K gaussiennes f_k, calculer le meilleur ajustement aux moindres carrés est équivalent à minimiser le terme suivant :

$$\chi^2(a) = \sum_{j=1}^{M} \left[h(x_j) - \sum_{k=1}^{K} f_k(x_j) \right]^2 \quad \text{avec} \quad f_k(x) = \frac{A_k}{\sqrt{2\pi}\sigma_k} e^{-\frac{1}{2}\frac{(x-\mu_k)^2}{\sigma_k^2}} \tag{1}$$

Pour cela, nous utilisons la méthode de Levenberg-Marquardt [PFTV88]. C'est une méthode itérative qui modifie la solution précédente de façon à faire décroître la valeur du χ^2. Comme la solution dépend d'une initialisation, nous ne sommes pas assurés d'obtenir la solution globale, des minimums locaux pouvant être atteints. Pour cette raison, nous avons développé une méthode d'ajustement en deux temps permettant une initialisation plus efficace de l'algorithme.

3.1.2 Application au cas du foie.

Compte tenu de la forme générale de l'histogramme, il est assez simple d'évaluer les valeurs initiales de la gaussienne correspondant au tissu hépatique, puisque celle-ci occupe pratiquement tout l'histogramme. Par contre, les pics des deux autres gaussiennes n'apparaissent pas dans cet histogramme, ce qui rend plus difficile leur évaluation initiale. Afin de combler cet handicap, l'idée que nous avons appliquée est de réaliser un premier ajustement de la gaussienne principale. La soustraction du résultat obtenu à l'histogramme, nous fournit alors la répartition des points n'appartenant pas au foie (aux quelques erreurs près du premier ajustement). Cette nouvelle répartition, nous permet d'initialiser les paramètres des deux autres gaussiennes puis d'ajuster les trois gaussiennes sur l'histogramme initial.

Pour initialiser les paramètres de la gaussienne principale f, nous prenons l'intensité qui a le plus grand nombre de points comme valeur de la moyenne μ. Sachant que $f(\mu \pm \sigma) = f(\mu).e^{\frac{-1}{2}}$, on cherche dans l'histogramme h les deux valeurs x_{sup} et x_{inf} telles que :

$$h(\lceil x_{sup} \rceil) \;\le\; h(\mu+\sigma) < \; h(\lfloor x_{sup} \rfloor) \qquad \text{et} \qquad h(\lfloor x_{inf} \rfloor) \;\le\; h(\mu-\sigma) < \; h(\lceil x_{inf} \rceil)$$

en rappellant que : $\lfloor x \rfloor = E(x)$ et $\lceil x \rceil = E(x) + 1$.

La valeur initiale de σ est alors la moyenne de ces deux écarts c'est-à-dire $\frac{x_{sup}-x_{inf}}{2}$ (figure 4). Enfin, l'amplitude A est donnée à partir de nos deux premiers paramètres par $h(\mu).\sqrt{2\pi}.\sigma$ puisque $f(\mu) = \frac{A}{\sqrt{2\pi}.\sigma}$. Une fois ces valeurs initiales déterminées, nous procédons à l'ajustement de la gaussienne par la méthode de Levenberg-Marquardt. On obtient le résultat montré dans la figure 4. La différence entre l'histogramme et la gaussienne laisse alors apparaître plusieurs zones dues à l'imperfection de l'ajustement d'une unique gaussienne sur un histogramme représentant le cumul de plusieurs répartitions d'intensités.

Les deux zones situées de part et d'autre du centre de la gaussienne principale, correspondent de ce fait aux niveaux d'intensités des lésions, pour les valeurs les plus faibles, et des

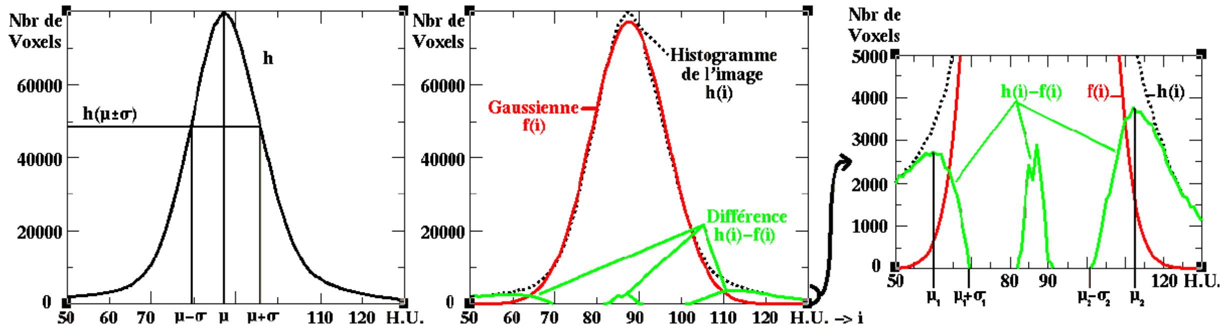


FIG. 4 – *A gauche, initialisation de σ : moyenne des deux écarts $x_{sup} - \mu$ et $\mu - x_{inf}$. Au centre, résultat de l'ajustement d'une gaussienne sur l'histogramme des intensités. On remarque que la différence entre l'histogramme et la gaussienne laisse apparaître deux zones de part et d'autre du centre de la gaussienne principale et une zone centrale. On utilise les deux zones extérieures pour initialiser les deux autres gaussiennes (à droite).*

vaisseaux pour les valeurs les plus élevées. Nous avons donc là une information approximative mais suffisante pour initialiser les paramètres des deux autres gaussiennes. En utilisant la courbe $h(i) - f(i)$, nous initialisons alors les moyennes μ des deux gaussiennes, à l'intensité i qui a la plus grande valeur $h(i) - f(i)$ pour i pris dans chacune des deux zones. Le choix des écart-types σ est plus complexe, puisque les deux zones de $h(i) - f(i)$ n'ont pas la forme d'une gaussienne. Nous devons choisir ces valeurs de façon à ce que les gaussiennes ne soient pas trop étendues à l'initialisation (faible écart-type). En effet, un trop grand écart type d'une des deux gaussiennes, pourrait entraîner, lors de l'ajustement, un débordement de l'une sur l'autre, les points d'une zone étant alors recouvert par la gaussienne de l'autre zone. Dans ce cas de figure, une des deux gaussiennes disparaîtrait. Pour assurer que les écart-types conservent les gaussiennes dans chacune de leur zone, nous avons choisi de les initialiser aux valeurs $min(|\mu - x|)$ telle que $h(x) - f(x) = 0$ (figure 4). L'amplitude est enfin calculée à partir de ces valeurs par $\left\{[h(\mu) - f(\mu)].\sqrt{2\pi}.\sigma\right\}$. Si l'on reprend le même exemple d'histogramme, on obtient l'ajustement montré sur la figure 5.

3.1.3 Premier seuillage

L'ajustement de 3 gaussiennes nous a permis de repérer, dans l'histogramme d'intensité, les densités de voxels appartenant aux différents tissus suivant le niveau d'intensité dans l'image. Notre but est de définir des seuils permettant de séparer ces différentes zones. Pour que le résultat du seuillage soit optimal, il faut qu'il fournisse le maximum de voxels d'un tissu et le minimum du tissu voisin. Nous définissons donc ces seuils comme étant les intensités pour lesquelles deux gaussiennes voisines se croisent. On définit ainsi S_{LF} le seuil séparant les voxels des lésions des voxels du foie, et S_{FV} le seuil séparant les voxels du foie des voxels des vaisseaux. Il est évident que ce seuillage ne pourra pas fournir une segmentation parfaite

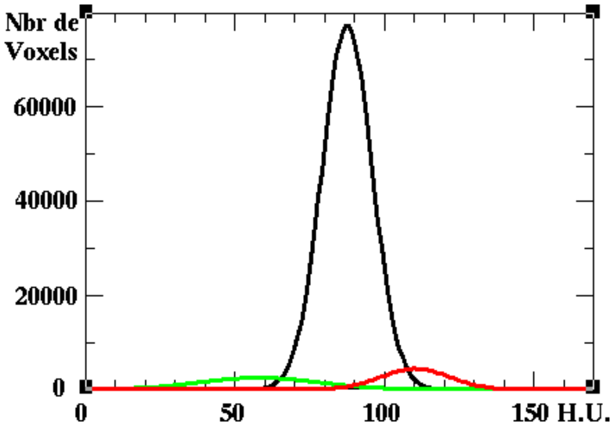


FIG. 5 – *Résultat de l'ajustement de 3 gaussiennes sur l'histogramme des intensités.*

puisque tous les voxels d'un tissu ne seront pas récupérés alors que certains voxels du tissu voisin le seront par erreur. Cependant, comme le montrent les exemples de la figure 6, ce seuillage permet d'obtenir un premier résultat qui nous servira de base pour la suite de notre étude.

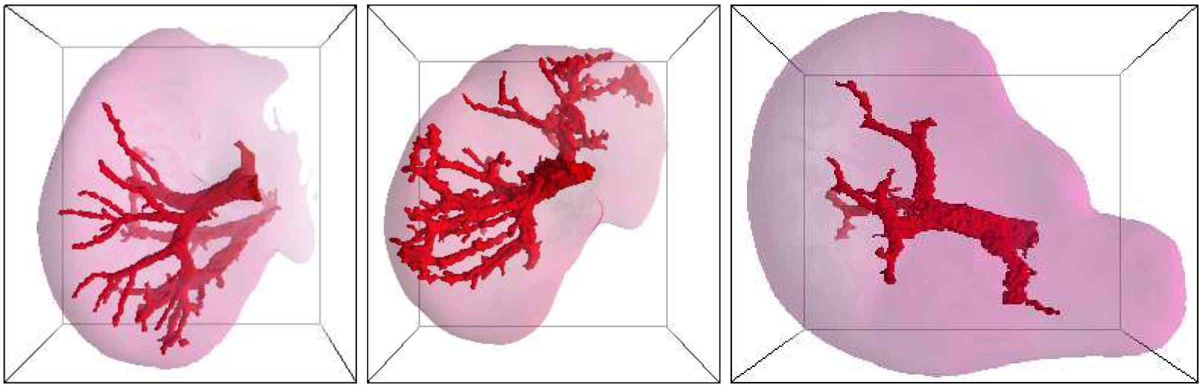


FIG. 6 – *Partie connexe principale obtenue après un simple seuillage automatique des vaisseaux sur trois images différentes, en vue inférieure (à gauche et au centre) et supérieure (à droite). Le réseau vasculaire obtenu correspond à la veine porte (au centre et à droite) auquel s'ajoute des branches sus-hépatique (à gauche uniquement).*

3.2 Amélioration de la segmentation par une analyse locale

La correction des réseaux vasculaires nécessite deux étapes. La première, que nous allons étudier dans ce paragraphe, a pour but de récupérer des branches perdues lors du seuillage. En effet, comme le remarque [GHKF96], les intensités des vaisseaux sont parfois semblables aux intensités du tissu hépatique. De ce fait, le seuillage entre ces deux tissus entraîne souvent des erreurs de classification qui se traduisent par l'absence de voxels appartenant aux vaisseaux, c'est-à-dire par la présence de faux négatifs. La forme des réseaux vasculaires, allongée et fine, cumulé à un espace inter-coupes élevé (2 mm dans les meilleures images) explique que la présence de ces faux négatifs implique souvent la déconnexion de certaines branches.

3.2.1 Solution proposée

Comme nous cherchons à ajouter des voxels mal classés par le seuillage, une première solution simple serait de réduire le seuil S_{FV}, mais comme nous le voyons sur la figure 7 (b et c), ceci aurait pour effet d'ajouter plus de voxels appartenant au tissus hépatique qu'aux vaisseaux. La seconde solution possible serait de réaliser une fermeture morphologique [SM94] sur l'image seuillée. Cette solution illustrée sur la figure 7 (d), permet de reconnecter les branches séparées, mais en contrepartie elle connecte également des branches qui ne devraient pas l'être.

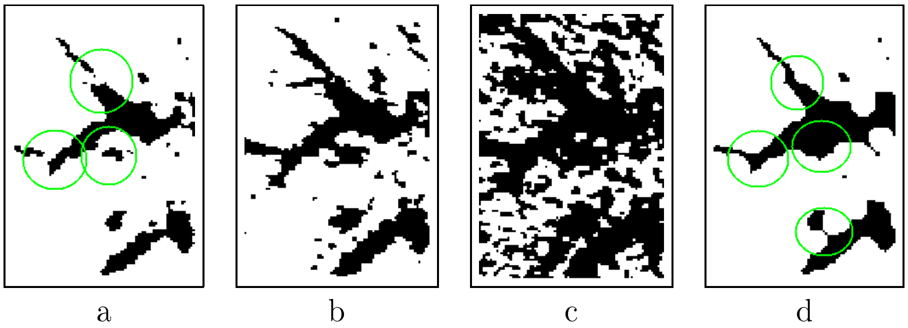


FIG. 7 – *Zoom sur une coupe du résultat de la segmentation des vaisseaux (en noir) par simple seuillage, avec le seuil calculé dans le paragraphe 3.1 (a), avec un seuil inférieur de 10 HU (b) et 20 HU (c). Les connexions que l'on cherche à récupérer sont encerclées sur l'image (a). (d) : résultat d'une fermeture morphologique de l'image (a), les connexions réalisées étant encerclées.*

Afin de limiter ces erreurs, nous proposons de combiner ces deux premières solutions en ajoutant dans l'image segmentée, les voxels résultants d'une fermeture morphologique et dont l'intensité est supérieure à un seuil donné. Cette méthode hybride a pour but de limiter les effets indésirables de chacune des solutions prises indépendamment. Il est alors important de bien définir les paramètres que sont l'élément structurant et le seuil utilisé.

Dans le foie, les branches les plus petites ont un diamètre inférieur à 0.1 mm et sont très nombreuses. Cependant, les plus petites branches repérées visuellement sur les scanners X ont un diamètre avoisinant les 2 mm, c'est-à-dire la distance inter-coupes minimale de nos images. Nous avons fixé le rayon de l'élément structurant à cette dernière dimension. Nos images étant fortement anisotropes et la distance inter-coupes arrivant à la limite de ces 2 mm dans les meilleurs cas, nous avons choisi de limiter cette fermeture à une analyse 2D. Compte tenu de la taille des pixels des images scanners (inférieure à 0,7 mm), nous avons défini l'élément structurant par le cercle de rayon 2 mm illustré sur la figure 8.

De plus, nous avons choisi le seuil en fonction de la distance aux voxels issus du seuillage initial. En effet, plus l'on est proche de ces voxels, plus on a de chance d'appartenir aux vaisseaux et plus le seuil peut être éloigné du seuil initial. A l'inverse, plus on s'éloigne de ces voxels, plus on a de chance d'appartenir au parenchyme et plus le seuil doit être choisi proche du seuil initial. En utilisant le calcul de la fermeture morphologique réalisée en 2D, nous avons choisi d'utiliser 4 distances 2D différentes, définies sur la figure 8. A ces quatre distances, nous avons joint 4 seuils s_1 à s_4 qu'il reste à définir.

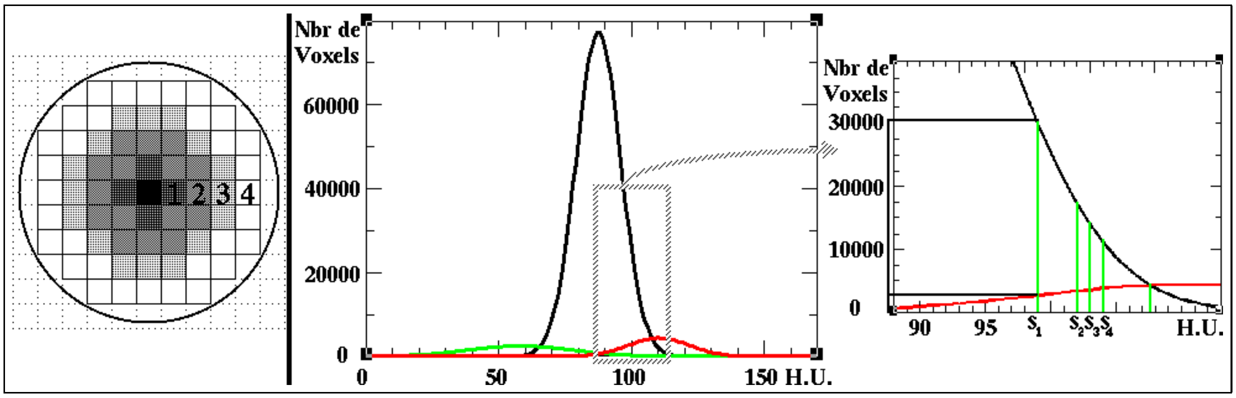


FIG. 8 – *A gauche, définition de l'élément structurant. Les niveaux de gris allant de 1 à 4, indiquent les 4 distances définies sur l'élément structurant. A droite, visualisation des seuils s_1 à s_4 sur le zoom (à droite) des 3 répartitions d'intensités estimées (au centre). On notera au niveau du seuil s_1, le rapport 12 entre les deux répartitions.*

Nous avons évalué les seuils en tenant compte des répartitions des intensités des vaisseaux et du parenchyme. Pour être efficaces, les seuils que nous recherchons doivent répondre à deux propriétés :

- le seuil s_d est d'autant plus éloigné du seuil S_{FV} initial, que la distance d est faible ;
- le taux d'erreur ajouté par ce seuil doit rester assez faible.

Le seuil initial S_{FV} avait été évalué au croisement des deux distributions. On peut traduire cela sous la forme d'un rapport $f_F(i)/f_V(i)$ évalué à une intensité i donnée. Ce rapport égal à 1 pour $i = S_{FV}$ indique le taux de voxels du parenchyme par rapport aux voxels des vaisseaux ayant cette intensité i. Il indique également une proportion d'erreur de classement au seuil donné. En acceptant un taux d'erreur maximal de 12 pour 1, nous avons défini les seuils s_d pour $d \in [1,4]$, illustrés sur la figure 8, par l'équation :

$$\frac{f_F(s_d)}{f_V(s_d)} = \frac{12}{d} \tag{2}$$

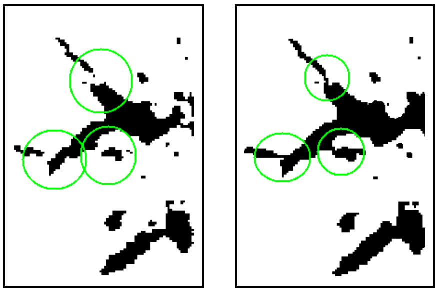
En résumé, notre méthode consiste à ajouter au résultat du seuillage initial, tout voxel de l'image vérifiant les propriétés suivantes :

– le voxel appartient à la fermeture morphologique réalisée sur l'image résultant du seuillage initial, à partir de l'élément structurant,

– le voxel a une intensité supérieure au seuil s_d défini par la distance 2D $d \in [1,4]$ évaluée à partir de l'élément structurant et vérifiant l'équation 2.

3.2.2 Résultats

La figure 9 illustre l'avantage de cette méthode par rapport aux deux méthodes précédantes. Les connexions réalisées permettent ainsi de récupérer plusieurs branches extrêmement importantes pour la délimitation des segments. En effet, comme nous le verrons dans le paragraphe 5, l'absence d'une branche peut suffire à ne pas permettre la délimitation d'un segment entier. Cette étape est donc clairement capitale pour la suite de notre étude.



a b

FIG. 9 – *Comparaison entre le seuillage initial (a), et le résultat de notre méthode (b), sur une coupe de l'image. On remarque que les zones entourées que l'on souhaitait récupérer, ont été connectés par notre méthode (b) sans ajout d'erreur de connexion.*

Bien qu'améliorant nettement le résultat, les connexions réalisées par cette analyse locale ne sont malheureusement pas toujours correctes, comme le montre l'exemple de la figure 10. Sur cet exemple, notre correction a permis de reconnecter une branche très importante du réseau porte (encerclé sur la figure 10). En effet, cette branche est la branche principale du segment VI de ce foie et sans sa présence, la délimitation du segment devient impossible. On remarque qu'en contrepartie, une connexion entre les réseaux veineux sus-hépatique et porte a été réalisée. On peut expliquer cette erreur par la forte anisotropie de l'image (voxels de dimension 0,54 x 0,54 x 3 mm^3).

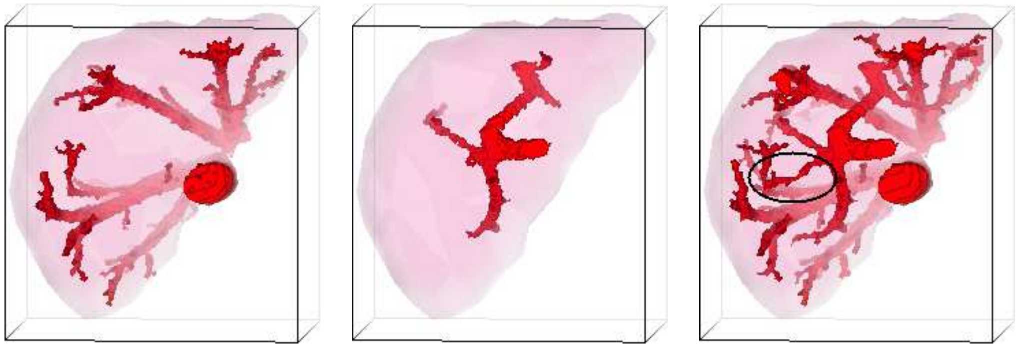


FIG. 10 – *En vue 3D, composante connexe de taille maximale obtenue par simple seuillage (à gauche), seconde composante connexe obtenue par simple seuillage (au centre) et composante connexe de taille maximale obtenue après correction par notre méthode (à droite). On remarque qu'une grosse branche du réseau porte (entourée à droite) a été reconnectée, mais que, par ailleurs, le réseau sus-hépatique a également été connecté.*

La connexion indésirée du réseau sus-hépatique, présente dans le dernier exemple, est en fait fréquente après un simple seuillage, lorsque les images sont fortement anisotropes. Ce sont ces faux positifs que nous allons tenter de retirer de nos images dans le paragraphe suivant.

4 Traduction des connaissances a priori en contraintes topologiques et géométriques

Cette ultime étape de notre segmentation a pour but de retirer de l'image segmentée les erreurs de segmentation des vaisseaux. Compte tenu de la modalité d'acquisition que nous avons utilisé, seul le réseau porte apparaît présent dans toutes nos images. Nous avons choisi de restreindre nos travaux à ce réseau précis, de façon à le séparer de l'ensemble des réseaux vasculaires segmentés. Pour atteindre cet objectif, nous utiliserons les connaissances que nous avons des réseaux vasculaires du foie, mais également des erreurs de segmentation que notre méthode a apportées.

4.1 Connaissances a priori

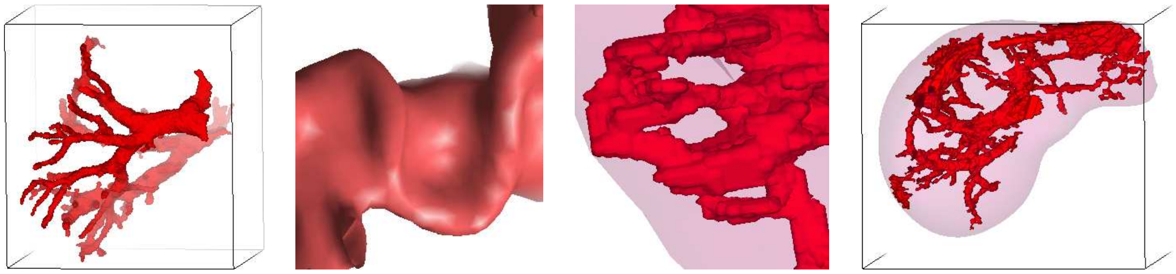
Nous l'avons vu, les réseaux vasculaires présents dans le foie sont multiples. On distingue deux réseaux veineux : le réseau porte, accompagné de l'artère hépatique et du canal biliaire, et le réseau sus-hépatique et sous-hépatique. Le réseau porte a la forme d'un arbre, c'est-à-dire qu'il part d'un tronc, le tronc porte, localisé dans la partie inférieure du foie, et se termine en branches dont le diamètre diminue en profondeur sans jamais boucler. Le sang circule à l'intérieur de ce réseau depuis le tronc vers les branches. Il est accompagné dans son trajet par l'artère hépatique et le canal biliaire. Sur les scanners X, il est très difficile de distinguer ces deux réseaux juxtaposés lorsque l'artère hépatique apparaît contrastée. Après segmentation, une visualisation 3D permet cependant de les distinguer, car l'artère est visible sur la surface de la veine porte (figure 11, b).

Le réseau sus-hépatique a une forme plus complexe due à sa fonction, puisqu'il collecte le sang provenant de la veine porte et filtré par les cellules du foie. Il est de ce fait comparable aux affluents d'une rivière, le nid de celle-ci étant la veine cave, et les affluents les branches provenant du foie s'y jetant. Le sens de circulation est donc inverse de celui de la veine porte, c'est-à-dire partant des plus petites branches vers les plus grosses. Le réseau sus-hépatique, nous l'avons vu, est proche du réseau porte, mais non connecté à celui-ci. Pourtant, après la première étape de segmentation, on a pu remarquer que ces réseaux étaient parfois connectés. Cette erreur est généralement due à l'épaisseur trop grande des coupes.

On peut repérer dans nos images seuillées d'autres erreurs de connections indésirées, mais également des erreurs provenant d'un seuillage trop faible. Nous avons ainsi dégagé quatre erreurs différentes représentées sur la figure 11:

- (a) connexion entre le réseau de la veine porte et le réseau sus-hépatique,
- (b) connexion entre le réseau porte et le réseau artériel,
- (c) double connexion d'une branche de la veine porte sur le réseau porte, créant ainsi une boucle,
- (d) connexion entre le réseau vasculaire et des portions de parenchyme ayant une intensité comparable à celle des vaisseaux.

Pour les retirer du résultat final, nous allons traduire en contraintes topologiques et géométriques, l'ensemble des connaissances permettant de distinguer le réseau porte des autres réseaux vasculaires. Avant tout traitement, il est important de noter que l'anisotropie des images binaires issues de la segmentation, est un problème pour tout les calculs 3D. Nous l'avons donc résolue en employant une méthode d'interpolation à base de forme, décrite dans [HZB92]. Cette interpolation consiste à ajouter des coupes intermédiaires et ne modifie en rien les coupes initiales. Elle ne résout donc pas les problèmes de connexions dues à l'anisotropie, mais elle transforme simplement les images binaires issues de la segmentation en images isotropes.



a b c d

Fig. 11 – *4 types d'erreurs rencontrées : (a) connexion entre le réseau porte (au premier plan) et le réseau sus-hépatique à l'arrière plan), (b) connexion entre l'artère hépatique (en u) et le réseau porte, (c) boucle dans le réseau porte et (d) erreur de seuillage du parenchyme.*

4.2 Traduction en contraintes topologiques et géométriques

Nous l'avons vu, le réseau vasculaire de la veine porte a la forme d'un arbre. Cela signifie que, si l'on parcourt ce réseau depuis le tronc jusqu'aux branches, le diamètre des branches diminuera, et aucune boucle ne sera trouvée. Nous proposons de réaliser ce parcours dans les images segmentées et de distinguer dans le réseau, les branches respectant les propriétés du réseau veineux et celles ne les respectant pas. Par cette étude, nous pourrons de fait séparer la veine porte des autres réseaux.

4.2.1 Méthode de parcours

Le parcours du réseau peut se réaliser de plusieurs façons. [ZJP95, ZJEL95, SCHP94, SPH93] par exemple, proposent des méthodes de propagation dites par croissance de région, qui permettent de réaliser ce parcours tout en segmentant le réseau vasculaire. Elles partent d'un voxel donné de l'image qui forme la vague initiale, puis le dilate de façon sélective, c'est-à-dire que l'on ne conserve que les voxels dont l'intensité est supérieure au seuil bas des vaisseaux. Le seuil peut être fixe [ZJP95] ou variable [SCHP94]. On peut ainsi obtenir le réseau vasculaire, mais également calculer les voxels de bifurcations, simplement en analysant le nombre de composantes connexes obtenues à chaque pas (voir figure 12). Bien qu'imparfaites géométriquement, les informations fournies par ces méthodes sont une approximation intéressante.

Plutôt que de réaliser une croissance de région sur nos images déjà segmentées, nous avons choisi de développer une méthode de propagation utilisant le squelette du réseau segmenté. En utilisant ce dernier, nous sommes assurés d'avoir une position des voxels de bifurcations bien plus précise que par la méthode précédente comme on peut le voir sur la figure 12. Contrairement à la méthode précédente où le centre était calculé uniquement sur la vague, le centre est ici évalué sur l'image 3D entière. De plus, le parcours du réseau vas-

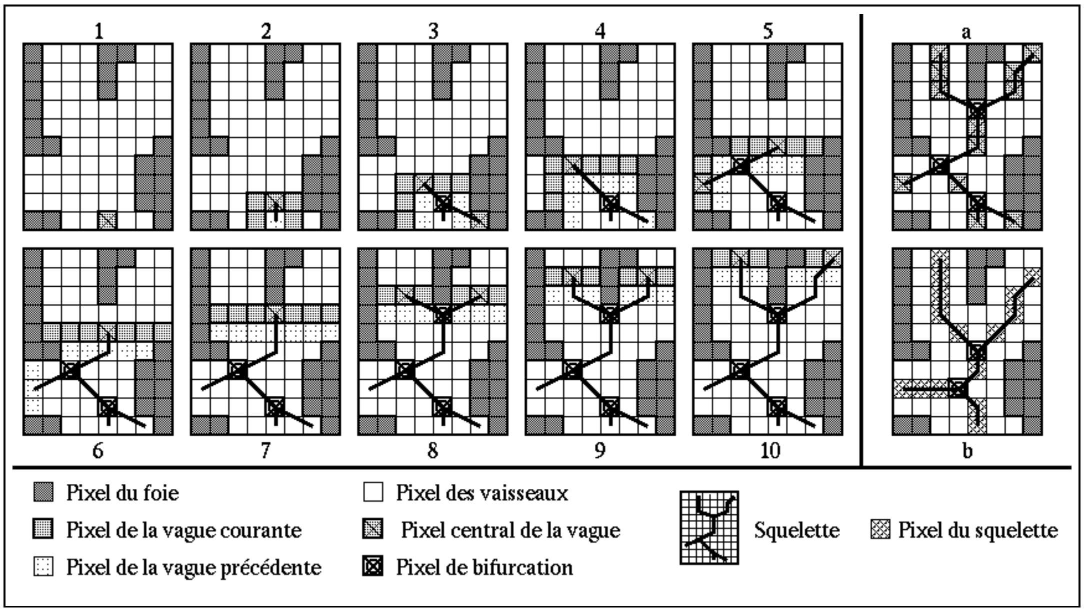


FIG. 12 – *A gauche, méthode par croissance de région sur une image 2D. Chaque schéma représente une itération de la méthode. A droite, comparaison entre le résultat obtenu (a) à celui d'une squelettisation (b). On remarque que la détection des points de bifurcation est imprécise ou erronée.*

culaire devient un simple parcours de graphe, plus facile à traiter qu'une image 3D complète.

En étudiant la topologie du graphe, mais également en utilisant les informations géométriques, on peut plus facilement repérer les erreurs que nous avons notées précédemment. Par exemple, d'un point de vue topologique, le graphe ne doit pas contenir de boucle. De plus, le diamètre des branches doit globalement diminuer. Le calcul du squelette que nous allons réaliser doit donc nous fournir plusieurs informations : le centre des vaisseaux, les points de bifurcations et la distance au bord.

4.2.2 Méthode de squelettisation et étiquetage topologique

Pour réaliser notre squelettisation, nous avons utilisé une méthode développé par Malandain et Bertrand qui utilise une nouvelle caractérisation des points simples 3D [BM94, MBA93]. L'avantage de cette méthode est qu'elle nécessite uniquement le calcul de deux nombres de composantes connexes dans le voisinage du point.

Soit un point x d'un objet X dans une image et $N_n(x)$ son n-voisinage (N_n contient le point x). Soit $N_n^*(x)$ défini par $N_n^*(x) = N_n(x)\backslash\{x\}$. On définit alors C^* comme le nombre de composantes 26-connexes de l'objet X limité au voisinage $N_{26}^*(x)$ et 26-adjacentes à x. De plus on définit $\bar{C}$ comme le nombre de composantes 6-connexes, du fond de l'objet $\bar{X}$ limité

au voisinage $N^*_{18}(x)$ et 6-adjacentes à x. On a alors :
Proposition : Un point x est dit simple si et seulement si

$$C^* = 1 \quad \text{et} \quad \bar{C} = 1 \tag{3}$$

La preuve de cette proposition peut-être trouvée dans [BM94].

L'algorithme de squelettisation consiste à supprimer à chaque itération $t \in [1, N]$ les voxels de l'objet situés à une distance $d \in [t-1, t]$ du bord et définis comme points simples. La distance calculée au début du processus, permet d'assurer une bonne localisation du squelette. Avec la nouvelle définition du point simple proposée, le calcul est très simplifié, ce qui rend l'algorithme plus rapide que les précédents.

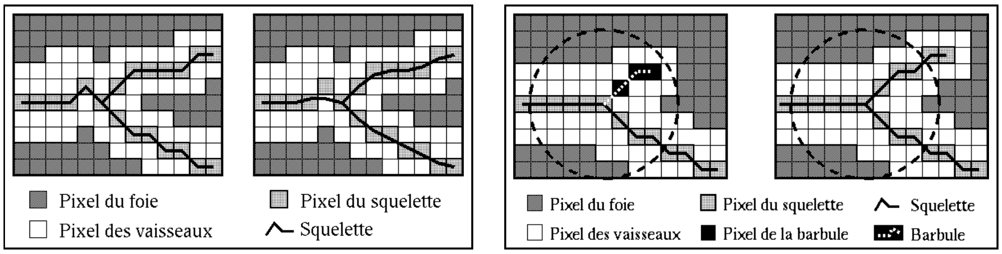
Ce processus permet également de caractériser topologiquement chaque point du squelette. Pour cela, on définit à partir du 26-voisinage, trois types de points. Les points qui n'ont qu'un voisin sont appelés points terminaux, les points avec deux voisins sont appelés points intermédiaires et enfin, les points avec plus de deux voisins sont appelés points de jonction. Ces derniers seront situés aux bifurcations des branches.

4.2.3 Analyse du squelette

Quoique topologiquement correct, le squelette obtenu présente trois défauts que nous devons retirer pour faciliter l'analyse du réseau vasculaire. Ces défauts sont l'irrégularité des lignes, la présence de barbules et la non équivalence possible entre point de jonction et point de bifurcation.

Le premier défaut est un simple effet de l'échantillonnage de l'image en voxels. L'utilisation directe d'un tel squelette pour calculer des angles entre les lignes, entraînerait des valeurs sans véritable signification. Nous avons donc choisi de lisser les lignes par un simple lissage gaussien. Cette modification transforme les coordonnées des sommets du squelette, initialement entières, en cordonnées réelles. La figure 13 (a), illustre le résultat de ce lissage des lignes et son effet sur l'angle entre les lignes au niveau du point de jonction.

Le second défaut provient de la méthode même de squelettisation. En effet, la présence d'une petite saillie ou un bruit de contour, ajoute généralement une nouvelle branche au squelette (appelée barbule [Mey79]). Le réseau artériel peut lui aussi créer des barbules, car il représente sur la veine porte une saillie qui sera traduite dans la squelettisation par de multiple barbules. Pour retirer cette information du squelette, nous allons donc les définir précisément. Une barbule est tout d'abord une branche terminale, c'est-à-dire qu'une de ses extrémités est un point terminal et l'autre un point de jonction. De plus, le retrait d'une barbule d'un squelette, modifie de façon négligeable l'enveloppe de la structure reconstruite à partir du squelette. En d'autre terme, la longueur d'une barbule est comparable au rayon du vaisseau dont elle est issue. Nous avons de ce fait défini comme barbule, toute branche terminale dont la longueur était supérieure à deux fois la distance au bord de son point de jonction. La figure 13 (b), illustre cette définition.



a b

FIG. 13 – *(a) : effet du lissage sur le squelette du vaisseau sur un exemple 2D. (b) : définition d'une barbule (à gauche) et comparaison avec une petite branche (à droite). Le cercle indique la limite sous laquelle les branches partant du point de jonction sont considérées comme des barbules (rayon = 2 fois sa distance du bord).*

Le dernier défaut, tout comme le premier, vient de l'échantillonnage de l'image en voxels. Comme le montre les trois exemples de la figure 14, on ne peut pas assurer l'unicité des points de jonction au niveau des bifurcations. Plusieurs points de jonctions peuvent être voisins ce qui complique nettement le graphe lié au squelette. Nous avons résolu ce problème en fusionnant les points de jonctions voisins. Le nouveau point de jonction, qui ne correspond plus à un voxel de l'image, est ainsi l'isobarycentre des anciens points de jonction. Il est également le point de bifurcation des branches du squelette.

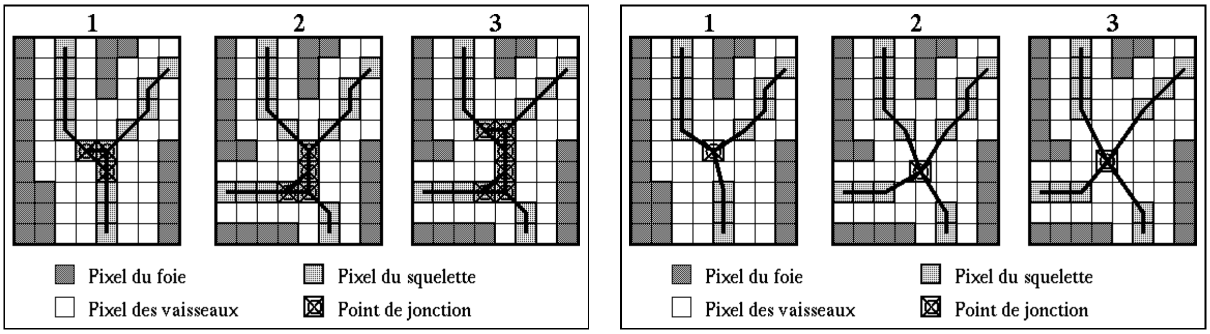


FIG. 14 – *A gauche, 3 exemples de bifurcations localisées sur 3 points de jonction (cas 1), 4 points de jonction (cas 2) et 5 points de jonction (cas 3). A droite, fusion de ces points de jonction voisins en un unique point, leur isobarycentre.*

Ces trois défauts seront traités successivement, en commençant par la fusion des points de jonction, suivi du retrait des barbules, en terminant par le lissage des lignes. Le premier effet de ce traitement est le retrait de l'artère hépatique. En effet, comme le montre la figure 15, l'artère étant tangente à la veine porte, son squelette est composé de multiples barbules. Le retrait des barbules implique de ce fait le retrait de l'artère.

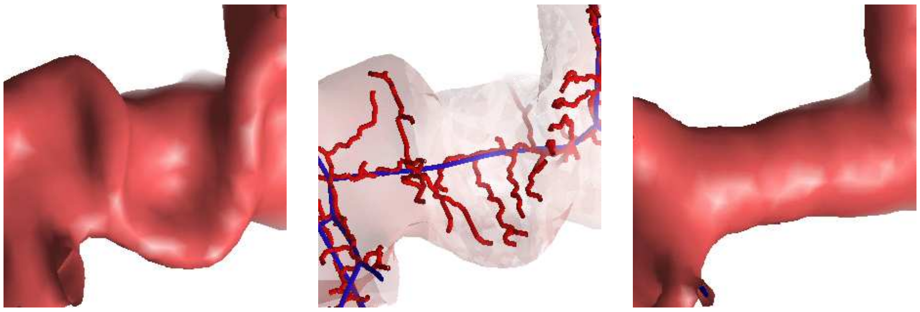


FIG. 15 – *Résultat de l'algorithme de correction topologique et géométrique du réseau sur la déconnexion entre le réseau artérielle (à gauche en forme de u) et le réseau porte (à droite). Au centre, on peut voir le squelette avant et après traitement (lignes sombres au centre). Après traitement, le réseau artériel a été déconnecté.*

L'analyse du squelette nous a permis d'obtenir un réseau lisse avec des points de bifurcation clairement délimités. Il nous a également permis de retirer une des quatre erreurs de connexions constatées, c'est-à-dire la connexion entre le réseau porte et le réseau artériel. Il reste maintenant à utiliser les connaissances topologiques et géométriques que nous avons du réseau porte, pour corriger les autres erreurs et retrouver dans le graphe, les branches appartenant à ce réseau.

4.2.4 Algorithme de parcours du graphe

L'analyse du graphe doit permettre de ne conserver que les branches de la veine porte. La notion principale que nous allons utiliser, est la forme du réseau porte. Puisqu'il s'agit d'un arbre sans boucle, nous avons choisi de réaliser un parcours du graphe depuis le tronc porte jusqu'à l'extrémité de l'arbre. Il faut donc définir le point de départ, mais également le mode de parcours (en profondeur ou en largeur).

La première difficulté consiste à repérer dans le graphe, la branche correspondant au tronc porte. Elle doit normalement correspondre à la plus grosse branche du réseau, mais il arrive que cela ne soit pas suffisant, la veine cave connectée au réseau sus-hépatique ayant un diamètre supérieur. Plutôt que de définir cette branche manuellement [ZJP95], nous avons utilisé la définition d'une constante, l'indice antéro-postérieur, définie par [Cou57] comme étant une des variables biométriques les plus stables chez l'être humain. Comme on le voit sur la figure 16, elle détermine l'entrée de la veine porte dans le foie par rapport à ses extrémités, et est égale à $\frac{Av}{Ar} \approx 0.5$. On peut approcher sa valeur à partir de la taille de l'image réduite au contour du masque de l'objet. En effet, comme on le voit sur la figure 16 : $Av \simeq \sqrt{(Ar_1^2 + Ar_2^2)}$ et $Ar \simeq (dy - Ar_1) + (dz - Ar_2)$.

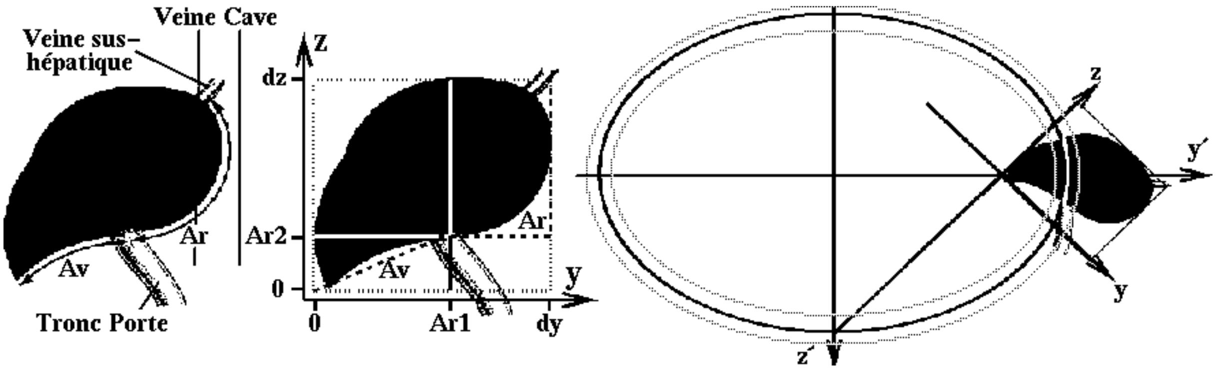


FIG. 16 – *A gauche, définition de l'indice antéro-postérieur sur une coupe sagittale du foie. Au centre approximation des variables Av et Ar par rapport aux contours de l'image. A droite, signification graphique de l'encadrement des valeurs.*

En définissant β comme l'inverse de l'indice antéro-postérieur et en utilisant cette approximation, on a :

$$Ar = \beta.Av \quad \approx \quad [(dy - Ar_1) + (dz - Ar_2)]^2 = \beta^2.(Ar_1^2 + Ar_2^2)$$

La solution de cette équation est une ellipse de rayon d_1 et d_2 située dans un nouveau repère (figure 16). Un encadrement de β fournit donc deux ellipses permettant de délimiter l'entrée de la veine porte. On remarque bien sur la figure 16, que la veine cave n'est pas située dans cette région. La plus grosse branche située dans la région de l'image délimitée par ces deux ellipses sera donc nécessairement le tronc porte.

Le second point important définissant le parcours est le mode de propagation. Il peut être en profondeur ou en largeur. Comme le montre la figure 17, un parcours en profondeur ne permet pas d'avoir une bonne idée de la profondeur réelle des branches lorsqu'il y a une boucle repérée. Il serait donc plus difficile avec ce type de propagation de les retirer. Nous avons donc choisi un parcours en largeur.

L'algorithme que nous avons développé utilise une structure de données permettant de recréer le graphe. Cette structure représente les sommets du graphe. On donne à chacun d'eux une valeur : 0 s'il n'a pas été rencontré par la propagation, 1 si le point a été rencontré et 2 s'il a été entièrement traité. On fournit également à chacun des sommets, son nombre

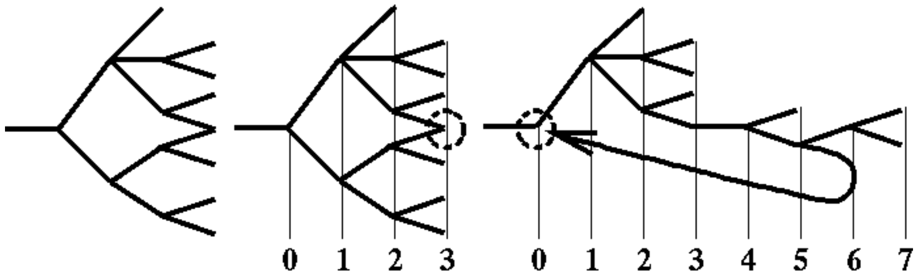


FIG. 17 – *Exemple de parcours dans un arbre (à gauche). Au centre parcours en largeur et à droite parcours en profondeur. On remarque que la boucle est repérée de façon différente dans un cas et dans l'autre, le parcours en profondeur ne reproduisant pas la forme générale de l'arbre initial.*

de voisins, c'est-à-dire le nombre de branches partant de ce sommet. Comme il s'agit d'un arbre, chaque sommet (excepté le tronc) a un père, sommet précédant dans le sens de la propagation, et des fils, sommets suivant dans le sens de la propagation.

La propagation utilise ensuite une liste FIFO (puisque le parcours est en largeur), dans laquelle chaque sommet est analysé. A l'itération t, on analyse donc le point du graphe S_t. On ajoute ensuite à la pile chacun de ses voisins différents du père, s'ils n'ont pas encore été rencontrés, c'est-à-dire si leur valeur est égale à 0. Dans le cas contraire, on se trouve en présence d'une boucle. Soit S_1 le sommet voisin de S_t qui a une valeur égale à 1. Nous souhaitons retirer les boucles du réseau, il est donc nécessaire de retirer une des deux branches créant cette boucle, c'est-à-dire la branche allant de S_1 à S_t ou celle allant de S_1 à son autre père (voir figures 18 et 19). Pour cela, nous recherchons dans l'arbre le point de départ de la boucle, c'est-à-dire l'ascendant commun que nous appelons S_p. Nous gardons pour terminer, la branche qui fait partie du chemin le plus court entre S_p et S_1. La longueur du chemin est calculée en ajoutant les longueurs de chacune des branches intermédiaires. Les figures 18 et 19 illustrent les 4 cas de figure que l'on peut rencontrer lorsque l'on observe une boucle. On remarquera plus particulièrement l'exemple de la figure 19, où le retrait de la branche liant S_1 à son père implique également un changement de profondeur dans le graphe. Ce cas de figure arrive lorsque le sommet S_1 est au même niveau de profondeur que le sommet S_t et que la branche reliant S_t à S_1 est conservée.

Cet algorithme de parcours permet d'analyser l'ensemble du réseau, en retirant les boucles à partir de contraintes topologiques. Il nous reste à y ajouter les contraintes géométriques.

4.2.5 Contraintes géométriques

Les contraintes géométriques touchent deux aspects du réseau. Tous d'abord le diamètre des branches du réseau doit globalement diminuer à chaque bifurcation. Il arrive cependant

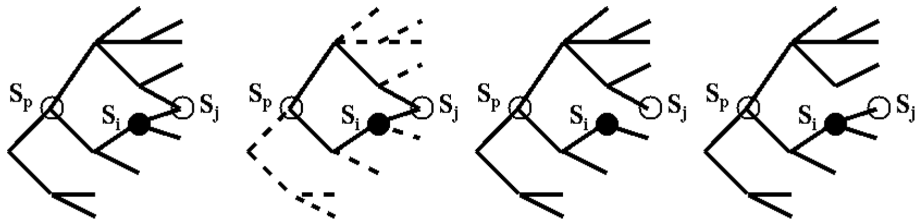


FIG. 18 – *Exemple de boucle repérée dans le graphe (à gauche). On note l'origine de la boucle au niveau du sommet S_p et on retire la dernière branche créant le plus long chemin (deux schémas de droite).*

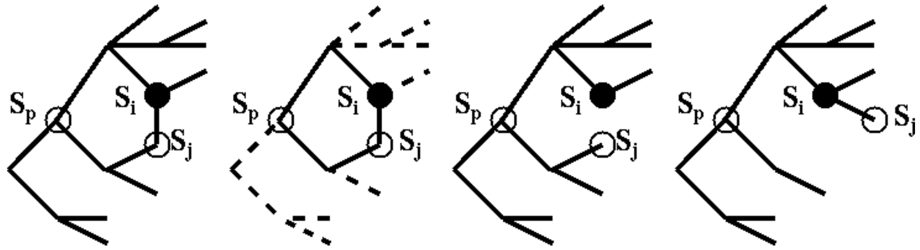


FIG. 19 – *Exemple de boucle repérée dans le graphe (à gauche). On note l'origine de la boucle au niveau du sommet S_p et on retire la dernière branche créant le plus long chemin (deux schémas de droite). On notera dans ce cas de figure que la profondeur d'un des sommet du graphe peut être modifiée.*

que cette hypothèse ne soit pas rencontrée dans la pratique. Dans un premier cas, il peut s'agir d'une anomalie anatomique limitée à une branche dont le diamètre augmente légèrement. Dans un second cas, cette erreur peut être due au seuillage, laissant apparaître une branche plus grosse qu'elle ne l'est réellement. Enfin, dans un dernier cas, la variation peut être due à un changement de réseau, un point de connexion artificiel ayant été franchi entre le réseau porte et le réseau sus-hépatique. C'est ce dernier cas que nous souhaitons retirer. Cette contrainte, on le voit, peut entraîner le retrait de branches que nous aurions souhaitées garder. Pour cette raison nous l'avons limité au cas extrême d'une augmentation de diamètre de la branche de 2 mm. De façon à repérer une augmentation plus progressive du diamètre (cas de figure envisageable s'il y a eu changement de réseau), nous avons assigné à chacun des sommets S du graphe une valeur $DIAMIN_S$, correspondant au diamètre minimum de ses branches ascendantes. Enfin, pour rendre le processus plus robuste aux variations de diamètre à l'intérieure d'une branche (dues au seuillage par exemple), nous avons utilisé la valeur médiane du diamètre des branches. La contrainte supplémentaire est la suivante : soit S_t le point du graphe analysé, on ajoute son voisin S_i si sa valeur est à 0 **et si le diamètre médian de la branche liant S_t à S_i est inférieur à** $DIAMIN_{S_t} + 2$.

La seconde contrainte géométrique concerne les angles de bifurcation des branches au niveau des points de bifurcation. En effet, une bifurcation n'est jamais brutale, mais progressive, même si les directions des branches issues de cette bifurcation divergent de façon importante. Les angles au départ des branches, entre la branche arrivante et les branches partantes, doivent donc être obtus. La difficulté réside dans la définition du terme "obtus". Analysons les cas de figure présents dans nos images, qui nous permettront de dégager une règle simple.

La règle d'angle que nous allons définir doit nous permettre de résoudre les problèmes de connexion artificielle entre le réseau porte et le réseau sus-hépatique. Nous avons analysé le type de connexions que nous avions dans nos images. On peut ainsi définir trois types de connexion : la tangence, le croisement, le point de rassemblement.

La tangence est généralement une erreur due à l'anisotropie des images. Au niveau du graphe, elle se caractérise par une connexion en forme de T entre le réseau porte et le réseau sus hépatique (figure 20, a). En suivant le sens de propagation, il est assez simple de caractériser ces branches. Supposons que nous analysions le point S_t et la branche reliant S_t à S_1, un de ses fils dans le graphe. S'il s'agit d'une branche de tangence, il y aura continuité entre les deux branches partant de S_1. L'angle entre ces deux branches sera donc fortement obtus. Nous avons fixé cet angle à un minimum de 150 degrés. La contrainte supplémentaire pour qu'un point S_i, voisin de S_t soit ajouté dans la liste des sommets du graphe est donc que l'angle entre les deux branches partant de ce points (et donc différentes de la branche (S_t, S_i)) soit inférieure à 150 degrés.

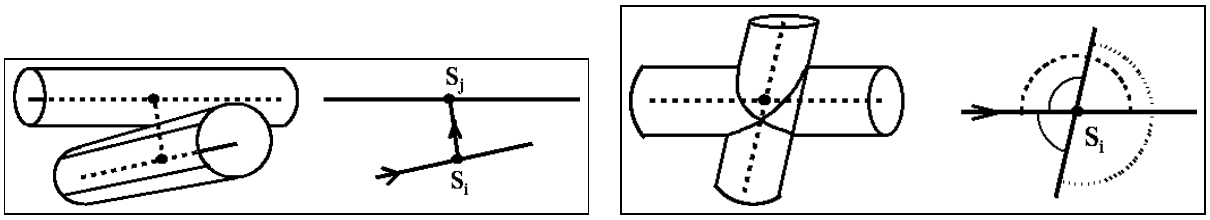


FIG. 20 – *(a) : exemple de tangence de réseau. Le sens de propagation est indiqué sur le squelette (à droite) des deux vaisseaux (à gauche). On note la forme en T de la tangence. (b) : exemple de croisement de réseau. Le sens de propagation est indiquée sur le squelette (à droite) des deux vaisseaux (à gauche).*

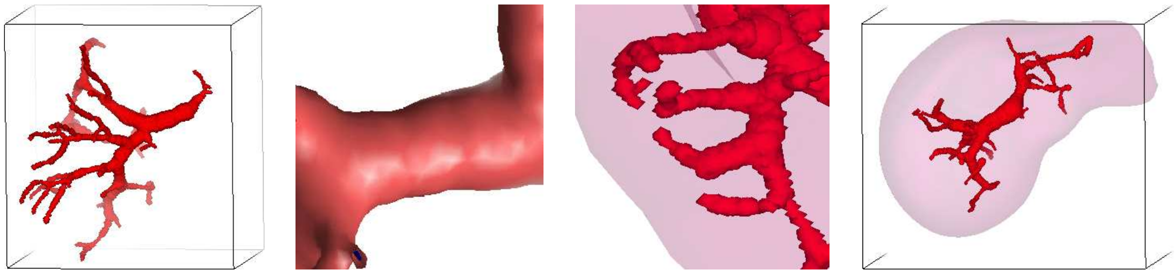
Contrairement à la tangence, le croisement n'ajoute pas de branches supplémentaires au squelette. De ce fait, il est plus dur à traiter que le précédent. La figure 20 (b) illustre l'exemple d'un croisement entre deux branches, mais des croisements plus complexes en nombre de branches peuvent apparaître. Dans tous les cas, il y a une branche arrivante (symbolisée par la flèche) et un point S_t traité. On remarque au niveau d'un croisement, que les angles entre la branche arrivante et les branches partantes appartenant au même réseau, sont obtus, alors que les branches du réseau secondaire forment des angles plus aigus. En utilisant cette constatation, nous avons définit comme branche d'un réseau secondaire, toute branche faisant un angle inférieur à 90 degrés avec la branche arrivante. Les branches faisant un angle de plus de 105 degrés, quant à elles, sont considérées comme appartenant au même réseau. Entre ces deux valeurs, trop d'imprécisions sont présentes pour ne se fier qu'à l'angle arrivant.

Sachant que le réseau secondaire vérifie les mêmes propriétés d'angle, il suffit de retrouver dans ce réseau la branche arrivante et de calculer à partir de celle-ci, les angles des autres branches. Si une branche incertaine fait un angle obtus avec la branche du réseau secondaire, nous pouvons considérer qu'elle appartient à ce réseau. Sinon, nous la considérons comme appartenant au réseau principal. Nous avons choisi la branche arrivante du réseau secondaire, simplement en prenant la plus grosse des branches de ce réseau.

4.3 Résultats de l'analyse topologique et géométrique

Avant tout, il est nécessaire de reconstruire le réseau porte à partir des branches conservées lors du parcours du graphe. Cette reconstruction est assez simple puisque nous possédons l'information de rayon des vaisseaux en chaque point du squelette. La méthode que nous avons employée, est de recréer autour de chacun des sommets du réseau restant, une sphère ayant le rayon du vaisseau. Le squelette ayant été lissé et les bruits de surface ayant été retirés, on obtient ainsi une image 3D plus lisse que l'image initiale.

Comme on peut le voir sur la figure 21, les erreurs de segmentation illustrées sur la figure 11 ont toutes été corrigées.



a b c d

FIG. 21 – *Résultat de l'analyse topologique et géométrique sur les 4 erreurs de la figure 11 : (a) connexion des réseaux porte et sus-hépatique, (b) déconnexion de l'artère hépatique, (c) retrait des boucles dans le réseau porte et (d) retrait des erreurs de seuillage du parenchyme.*

5 Résultats

5.1 Analyse quantitative des résultats de la segmentation automatique

Chacun de nos résultats a été étudié en identifiant les ramifications principales de la veine porte utilisées pour repérer les différents segments suivant Couinaud. Cette identification a été validée par des experts chirurgiens ou radiologues (voir le paragraphe "remerciements"). Les croix dans le tableau 2 indiquent les segments que l'arborescence extraite automatiquement a permis de repérer (le protocole d'acquisition des images est détaillé dans le tableau 1 du paragraphe 2.1). Si au moins une branche d'un segment est repérée dans l'image, la case est cochée.

On remarque immédiatement que la segmentation a échoué sur les images 1 et 9. La distance inter-coupes explique dans le premier cas l'échec de notre méthode. En effet, la composante connexe obtenue par simple seuillage contenait bien toute les branches visibles des deux réseaux, mais avec des connexions sans aucun sens dues à l'anisotropie excessive de l'image (10 mm de distance inter-coupes). L'image 9, quant à elle, avait une distance inter-coupes relativement faible, mais dans son cas le problème provenait d'un retard de l'acquisition. Comme nous l'avions déjà remarqué, le temps moyen de 50 secondes ne tient pas compte de la morphologie du patient c'est-à-dire de la taille, de l'âge ou encore du rythme cardiaque qui influent plus ou moins directement sur le temps de trajet du produit dans le corps. Dans cet exemple, ce temps était sous-évalué, c'est-à-dire que le véritable temps portal était supérieur à 50 secondes et la veine porte n'apparaissait pas contrastée. Ce problème nous a amené à entreprendre une étude clinique afin de mieux maîtriser ce facteur. Cette étude devrait permettre une meilleure évaluation du temps portal et donc de meilleures acquisitions.

TAB. 2 – *Segments repérables après segmentation sur chacune des images.*

Segment	1	2	3	4	5	6	7	8
Image 1	.	.	.	.	.	.	.	.
Image 2	X	X	.	X	X	X	X	X
Image 3	.	X	X	.	X	X	X	X
Image 4	X	X	X	X	X	X	X	X
Image 5	X	X	X	X	X	X	X	X
Image 6	.	X	X	.	X	X	X	X
Image 7	.	X	X	X	X	X	X	X
Image 8	.	X	X	X	X	X	X	X
Image 9	.	.	.	.	.	.	.	.
Image 10	.	X	X	.	X	X	X	X
Image 11	.	X	.	X	X	X	X	X
Image 12	.	X	X	X	X	X	X	X

Une autre remarque concerne l'image 2. En effet, dans celle-ci nous avons pu repérer les vaisseaux permettant de délimiter les segments du lobe droit (segments 5 à 8), mais aucun des vaisseaux des segments 2 à 4. Ceci est simplement dû au fait que ce patient avait préalablement subi une ablation de ces segments, qui étaient alors en cours de reconstitution.

On notera que dans de nombreuses images, les branches du segments I sont absentes, et parfois également celles du segment III ou IV. Le segment I est faiblement irrigué par la veine porte, et le diamètre des branches entrant dans ce segment est très souvent inférieur au millimètre. Ce fait explique que le départ de ces branches, pouvant se situer entre deux coupes, n'est pas toujours visible sur les coupes. Les branches du segment III ou VI, quant à elles, rencontrent un problème comparable. En effet, la bifurcation entre les branches de ces deux segments se situe au niveau du récessus de rex, à l'extrémité de la branche paramédiane gauche de la veine porte. Ces bifurcations sont très souvent parallèles au plan de coupe. Selon les patients, la ramification partant du récessus de rex vers ces segments est plus ou moins importante. Lorsque cette ramification est importante en nombre, l'épaisseur des vaisseaux est plus faible et souvent inférieure ou égale au millimètre. On retrouve alors le problème rencontré avec le segment I.

L'analyse de ces résultats nous montre l'importance du protocole d'acquisition. Nous avons donc déterminé un protocole standard défini par une injection du produit opaque au rayon X par intraveineuse, suivie d'une acquisition par un scanner hélicoïdal au temps portal avec une distance inter-coupes optimale de 2 mm et maximale de 3 mm à la reconstruction pour une taille de pixel approximative de 0,6 mm. Ce protocole nous a permis d'obtenir de bons résultats (images 4, 5, 6, 7, 8, 10 et 11), bien que le temps portal moyen de 50 secondes était souvent sur-évalué (images 5, 8, 10 et 11). Il conviendra donc d'ajuster ce temps en fonction de la morphologie du patient afin d'améliorer les résultats.

5.2 Apport de la méthode

Un autre point important dans l'analyse des résultats est l'apport de chacune des étapes développées dans notre nouvelle méthode. La comparaison des figures 11 et 21 illustrent les améliorations apportées sur le résultat par rapport à un simple seuillage automatique.

Parmi ces différentes corrections, la plus importante concerne la déconnexion des différents réseaux vasculaires. En effet, l'anisotropie des images cumulée à un temps portal sur-évalué, entraînent souvent des connexions 3D artificielles entre les réseaux porte et sus-hépatique. Notre méthode permet de séparer ces deux réseaux, grâce à une traduction des connaissances a priori, en contraintes topologiques et géométriques. L'apport de notre méthode dans ce cas de connexion, est donc une plus grande robustesse à l'évaluation imparfaite du temps portal. Le résultat de cette déconnexion est alors spectaculaire lorsque les deux réseaux sont nettement apparents (temps porte sur-évalué). L'exemple de la figure 22 illustre ce type de déconnexion. Il est d'autant plus intéressant qu'il correspond à l'image 10 du chapitre 3.2.2, pour laquelle l'analyse locale avait permis de récupérer la branche du segment VI, mais avait en contrepartie connecté les deux réseaux. On voit ici que la branche du segment VI (indiquée par la flèche) a été conservée, alors que le réseau sus-hépatique a été déconnecté.

La déconnexion du réseau artérielle est peut-être plus importante encore, car quelle que soit l'épaisseur des coupes, ces deux réseaux sont toujours tangents (figure 15). Si une amélioration future de la qualité des images permettrait de déconnecter les réseaux porte et sus-hépatique, il n'en est donc pas de même pour ce réseau. Notre méthode assure donc une segmentation plus exacte de la veine porte, pour des images anisotropes, mais également pour de futures images isotropes, aujourd'hui non réalisables.

5.3 Délimitation des segments anatomique de Couinaud

A partir des résultats obtenus, nous avons commencé la construction des segments anatomiques du foie. Cette délimitation est réalisée par le calcul des régions d'influence des

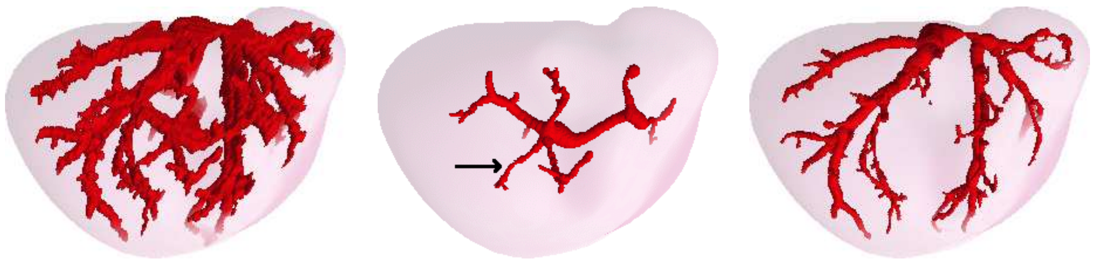


FIG. 22 – *Résultat de l'algorithme de correction topologique et géométrique du réseau sur la déconnexion entre le réseau sus-hépatique et le réseau porte en vue antéro-supérieure. A gauche vue 3D de la segmentation initiale correspondant à l'image de la figure 10. Au centre vue 3D du réseau porte après traitement : la flèche indique la branche du segment VI récupéré par l'analyse locale et encerclée sur la figure 10. Le réseau sus-hépatique (à droite) a été déconnecté.*

branches de la veine porte. Les travaux de [FSET98] montrent en effet que le découpage du foie par des plans de coupe, n'est qu'une approximation de la réalité anatomique sous-jacente. Dans cet article, les auteurs calculent les segments à partir de l'arborescence complète de la veine porte solidifiée par une résine acrylique. La limite exacte des segments est plus difficile à délimiter sur la périphérie, les branches plus petites formant une bande où il est difficile de reconnaître l'origine veineuse. De façon naturelle, les auteurs ont placé ces limites au centre des bandes séparant les segments.

Dans la pratique, l'arborescence que nous avons modélisée à partir des images scanner X, n'est pas aussi précise que la véritable arborescence, les plus petites branches n'étant pas présentes. Nous ne pouvons donc pas reproduire exactement cette segmentation. De ce fait, la solution que nous proposons ne peut être qu'une approximation de ce résultat à partir des branches que nous avons segmentées. Notre délimitation consiste à étiqueter les voxels du masque du foie en fonction de la distance aux branches étiquetées manuellement, par le numéro du segment auxquelles elles appartiennent. On fournit alors à chaque voxel la même étiquette que la branche la plus proche. Notre proposition revient donc à traduire le problème anatomique en un calcul de squelette par région d'influence ou SKIZ[5][Ser82], dans un espace non convexe [PG87].

Il est intéressant de comparer la définition générale des segments de Couinaud, aux résultats que nous avons obtenus à partir de la segmentation automatique de la veine porte [figure 23]. On remarque sur les résultats quelques variations par rapport au modèle de référence, variation dues à l'anatomie même des patients. Ces exemples illustrent l'avantage de

5. SKIZ = SKeleton by Zones of Influence.

notre méthode qui tient compte des spécificités du patient.

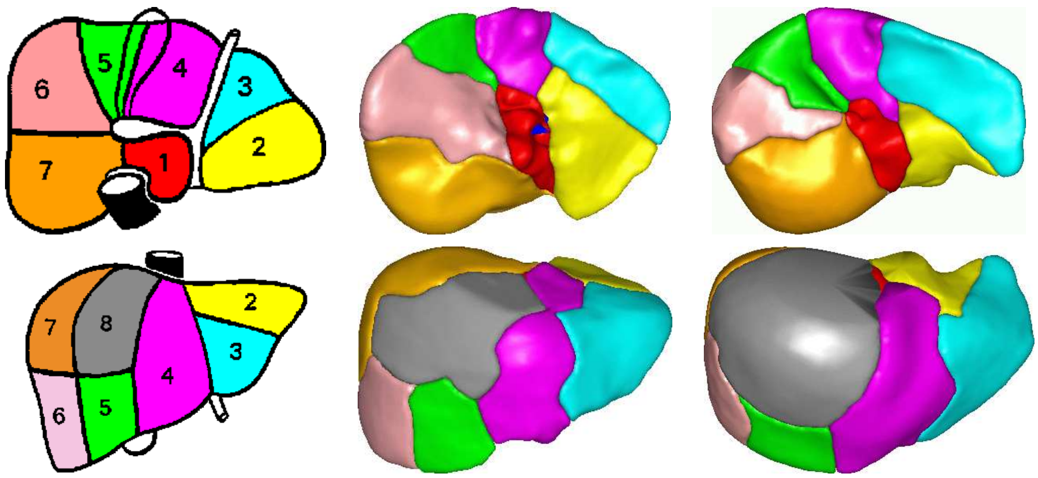


FIG. 23 – *Comparaison entre la définition anatomique des segments de Couinaud (à gauche) et deux exemples de délimitation automatique des segments après étiquetage manuel des branches de la veine porte. Première ligne en vue inférieure et seconde ligne en vue antérieure.*

6 Conclusions et perspectives

Les recherches que nous avons menés, ont permis de développer une segmentation automatique originale de la veine porte dans les images obtenues par scanner X. Cette méthode résout les problèmes dus à l'anisotropie des images en déconnectant le réseau porte des autres réseaux. Pour cela, nous avons traduit en contraintes l'ensemble des connaissances anatomiques que nous avions des réseaux vasculaires du foie. On pourrait donc appliquer cette méthode à d'autres réseaux vasculaires, simplement en modifiant les contraintes pour les adapter au nouveau problème.

Cette segmentation automatique est la première étape permettant d'aboutir au calcul automatique des segments anatomiques du foie. De plus, elle permet de fournir les propriétés topologiques du réseau, c'est-à-dire calculer les points de bifurcations des branches qui caractérisent la position des différents segments anatomiques définis par Couinaud [Cou57]. En utilisant ces résultats, il reste à construire de manière automatique, le modèle tridimensionnel de ces segments, ce qui correspond à l'étape suivante de la construction automatique du modèle anatomique du foie. Nous envisageons pour cette étape, la mise en correspondance des points caractéristiques entre un modèle de référence étiqueté et le modèle analysé. En parallèle une étude développée des temps veineux (porte et cave) en fonction de la morphologie du patient permettra d'améliorer les résultats de la segmentation en améliorant les images.

La dernière étape de nos travaux est enfin l'extraction automatique des lésions. Nous envisageons de réaliser une segmentation comparable à celle de la veine porte, en utilisant le seuil calculé par la seconde étape de notre segmentation et en ajoutant des contraintes traduisant les connaissances que nous avons des lésions.

Remerciements

Ces travaux ont été réalisés grâce aux contributions du Pr. Nicholas Ayache[6], de Johan Montagnat et de Karl Krissian du projet EPIDAURE. Ils ont également fait l'objet d'une collaboration médicale étroite avec Jean-Marie Clément ingénieur de recherche ainsi que plusieurs chirurgiens et radiologues de l'IRCAD[7]. Les interactions avec le Dr. Olivier Dourthe, radiologue à Sophia Antipolis, mais également avec le Pr. Jacques Marescaux[9], le Dr. Yves Russier[9], et le Dr. Vincent Tassetti[10], ont permis la validation des résultats que nous avons obtenus, en particulier dans le domaine de l'étiquetage des vaisseaux suivant le modèle anatomique de Couinaud. Le Pr. Roy, radiologue à l'IRCAD, nous a fourni pour sa part, l'ensemble des images sur lesquelles nous avons testé notre algorithme, permettant ainsi l'élaboration d'un protocole d'acquisition plus efficace.

Références

[AM96] M.S. Atkins and B.T. Mackiewich. Automatic segmentation of the brain in MRI. In K.H. Höhne and R. Kikinis, editors, *Visualization in Biomedical Computing*, pages 241–246, Springer Verlag, 1996. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 1131.

[BFMVH97] E. Bellon, M. Feron, F. Maes, L. Van Hoe, D. Delaere, F. Haven, S. Sunaert, A.L. Baert, G. Marchal, and P. Suetens. Evaluation of manual vs semi-automated delineation of liver lesions on CT images. *European Radiology*, 7(3):432–438, 1997.

[BGCK93] K.T. Bae, M.L. Giger, C.-T. Chen, and C.E. Kahn. Automatic segmentation of liver structure in CT images. *Medical Physics*, 20(1):71–78, January 1993.

[BM94] G. Bertrand and G. Malandain. A new characterization of three-dimensional simple points. *Pattern Recognition Letters*, 15(2):169–175, February 1994.

6. Responsable du projet EPIDAURE et directeur de recherche à l'INRIA Sophia Antipolis
7. Institut de Recherche en Cancérologie de l'Appareil Digestif, 1 place de l'Hôpital, 67 091 Strasbourg.
10. Chirurgien et chef de clinique à Mulhouse

[BMEL93] M.E. Brummer, R.M. Mersereau, R.L. Eisner, and R.J. Lewine. Automatic detection of brain contours in MRI data sets. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 12(2):153–166, June 1993.

[CCPP95] M.J. Carreira, D. Cabello, M.G. Penedo, and J.M. Pardo. Computer-aided lung nodule detection in chest radiography. In R. Chin, H. Ip, A. Naiman, and T.-C. Pong, editors, *Image Analysis Applications and Computer Graphics*, pages 331–338, Springer Verlag, 1995. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 1024.

[CCSH95] J.-S. Chou, S.-Y. j. Chen, G.S. Sudakoff, K.R. Hoffmann, C.-T. Chen, and A.H. Dachman. Image fusion for visualization of hepatic vasculature and tumors. In M.H. Loew, editor, *Medical Imaging 1995: Image Processing*, pages 157–163, SPIE, May 1995. Proceedings Vol. 2434.

[CGCR94] J.L. Coatrieux, M. Garreau, R. Collorec, and C. Roux. Computer vision approaches for the three-dimensional reconstruction of coronary arteries: Review and prospects. *Critical Reviews in Biomedical Engineering*, 22(1):1–38, 1994.

[Cou57] Couinaud. *Le foie, études anatomiques et chirurgicales.* Masson, 1957.

[Del94] H. Delingette. *Modélisation, déformation et reconnaissance d'objets tridimensionnels à l'aide de maillages simplexes.* Ph.D. dissertation, École Centrale de Paris, July 1994.

[DSD94] T.E. Dufresne, A. Sarwal, and A.P. Dhawan. A grey-level thinning method for delineation and representation of arteries. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 18(5):343–355, 1994.

[ECNL94] J.J. Everhart, T.M. Cannon, J. Newell, and D. Linch. Image segmentation applied to CT examination of lymphangioleiomyomatosis. In M.H. Loew, editor, *Medical Imaging 1994: Image Processing*, pages 87–95, SPIE, May 1994. Proceedings Vol. 2167.

[FKHG96] E.K. Fishman, B.S. Kuszyk, D.G. Heath, and L. Gao. Surgical planning for liver resection. *IEEE Computer, Innovative Technology for Computer Professionals*, 29(1):64–72, January 1996.

[FSET98] J. Fasel, D. Selle, C.J.G. Evertsz, F. Terrier, H.O. Peitgen, and P. Gailloud. Segmental anatomy of the liver: Poor correlation with CT. *Radiology*, 206(3):151–156, 1998.

[GHKF96] L. Gao, D.G. Heath, B.S. Kuszyk, and E.K. Fishman. Automatic liver segmentation techniques for three-dimensional visualization of CT data. *Radiology*, 201(2):359–364, November 1996.

[GKKJ92] G. Gerig, O. Kübler, R. Kikinis, and F.A. Jolesz. Nonlinear anisotropic filtering of MRI data. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 11(2):221–232, June 1992.

[GMKK92] G. Gerig, J. Martin, R. Kikinis, O. Kübler, M. Shenton, and F.A. Jolesz. Unsupervised tissue type segmentation of 3D dual-echo MR head data. *Image and Vision Computing*, 10(6):349–360, August 1992.

[GO94] A. Goshtasby and W.D. O'Neill. Curve fitting by a sum of gaussians. *CVGIP: Graphical Models and Image Processing*, 56(4):281–288, July 1994.

[HCK93] K.R. Hoffmann, S.-Y. j. Chen, and Kormano. Segmentation and display of hepatic vessels and metastases. In M.H. Loew, editor, *Medical Imaging 1993: Image Processing*, pages 263–270, SPIE, September 1993. Proceedings Vol. 1898.

[HSKB95] D.G. Heath, P.A. Soyer, B.S. Kuszyk, D.F. Bliss, P.S. Calboun, D.A. Bluemke, M.A. Choti, and E.K. Fishman. Three-dimensional spiral CT during arterial portography: Comparison of three rendering techniques. *Radiographics*, 15(4):1001–1011, July 1995.

[HZB92] G.T. Herman, J. Zheng, and C.A. Bucholtz. Shape-based interpolation. *IEEE Computer Graphics and Applications*, 12(1):69–79, May 1992.

[ISF92] N. Inaoka, H. Suzuki, and M. Fukuda. Hepatic blood vessels recognition using anatomical knowledge. In M.H. Loew, editor, *Medical Imaging VI: Image Processing*, pages 509–513, SPIE, June 1992. Proceedings Vol. 1652.

[JRvdH93] R.C. Jansen, K. Reinink, and G.W.A.M. van der Heijden. Analysis of grey level histograms by using statistical methods for mixtures of distribution. *Pattern Recognition Letters*, 14(7):585–590, 1993.

[KMA96] K. Krissian, G. Malandain, and N. Ayache. *Directional Anisotropic Diffusion Applied to Segmentation of Vessels in 3D Images*. Thème 3, RR-3064, INRIA, December 1996.

[KMA97] K. Krissian, G. Malandain, and N. Ayache. Directional anisotropic diffusion applied to segmentation of vessels in 3D images. In B. Haar Romeny, L. Florack, J. Koenderink, and M. Viergever, editors, *Scale-Space Theory in Computer Vision*, pages 345–348, Springer Verlag, July 1997. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 1252.

[Kov95] V.A. Kovalev. Rule-based method for tumor recognition in liver ultrasonic images. In C. Braccini, L. DeFloriani, and G. Vernazza, editors, *Image Analysis and Processing*, pages 217–222, Springer Verlag, September 1995. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 974.

[LMSM96] T. Langenberger, R.A. Meuli, P. Schroeter, P. Maeder, J.M. Vesin, and P. Schnyder. Automatic segmentation and volume measuring of brain with MRI. In H.U. Lemke and al., editors, *Computer Assisted Radiology*, pages 219–224, Elsevier Science B.V., 1996.

[MBA93] G. Malandain, G. Bertrand, and N. Ayache. Topological segmentation of discrete surfaces. *International Journal of Computer Vision*, 10(2):183–197, February 1993.

[MD97] J. Montagnat and H. Delingette. Volumetric medical images segmentation using shape constrained deformable models. In J. Troccaz, E. Grimson, and R. Mösges, editors, *CVRMed-MRCAS*, pages 13–22, Springer Verlag, March 1997. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 1205.

[Mey79] F. Meyer. *Cytologie quantitative et morphologie mathématique.* Ph.D. dissertation, École des mines, May 1979.

[MOKS93] S. Matsushita, H. Oyamada, M. Kusakabe, and N. Suzuki. Attempt to extract 3-D image of liver automatically out of abdominal MRI. In M.H. Loew, editor, *Medical Imaging 1993: Image Processing*, pages 803–808, SPIE, September 1993. Proceedings Vol. 1898.

[MYSO95] Y. Masutani, Y. Yamauchi, M. Suzuki, Y. Ohta, T. Dohi, M. Tsuzuki, and D. Hashimoto. Development of interactive vessel modelling system for hepatic vasculature from MR images. *Medical and Biomedical Engineering and Computing*, 33(1):97–101, January 1995.

[OE94] J.F. O'Brien and N.F. Ezquerra. Automated segmentation of coronary vessels in angiographic image sequences utilizing temporal, spatial and structural constraints. In R.A. Robb, editor, *Visualization in Biomedical Computing*, pages 25–37, SPIE, September 1994. Proceeding Vol. 2359.

[PFTV88] W.H. Press, B.P. Flannery, S.A. Teukolsky, and W.T. Vetterling. *Numerical Recipes in C.* Cambridge University Press, 1988.

[PG87] J. Piper and E. Granum. Computing distance transformations in convex and non-convex domains. *Pattern Recognition*, 20(6):599–615, 1987.

[PM90] P. Perona and J. Malik. Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(7):629–639, July 1990.

[PSM94] P. Perona, T. Shiota, and J. Malik. Anisotropic diffusion. In B.M. ter Haar Romeny, editor, *Geometry-Driven Diffusion in Computer Vision*, pages 73–92, Kluwer academic, 1994.

[Sch96] P. Schroeter. *Unsupervised 2-D and 3-D Image Segmentation.* Ph.D. dissertation, École Polytechnique Fédérale de Lausanne, 1996.

[SCHP94] A.R. Sanderson, E. Cohen, T.C. Henderson, and D.L. Parker. Vascular models: From raw data to geometric models. In *AAAI '94, Applications of Computer Vision in Medical Image Processing*, pages 141–144, Stanford, CA, March 1994. Spring Symposium series.

[Ser82] J. Serra. *Image analysis and mathematical morphology.* Academic Press, 1982.

[SHBC96] P. Soyer, D. Heath, D.A. Bluemke, M.A. Choti, J.E. Kuhlman, R. Reichle, and E.K. Fishman. Three-dimensionnal helical CT of intrahepatic venous structures: Comparison of three rendering techniques. *Journal of Computer Assisted Radiography*, 20(1):122–127, 1996.

[SLC95] Ying Sun, Richard J. Lucariello, and Salvatore A. Chiaramida. Directional low-pass filtering for improved accuracy and reproducibility of stenosis quantification in coronary arteriograms. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 14(2):242–248, June 1995.

[SM94] M. Schmitt and J. Mattioli. *Morphologie mathématique.* Masson, 1994.

[SPH93] A.R. Sanderson, D.L. Parker, and T.C. Henderson. Simultaneous segmentation of MR and X-ray angiograms for visualization of cerebral vascular anatomy. In M.A. Viergever, editor, *International Conference on Volume Image Processing*, pages 11–14, Utrecht, The Netherlands, June 1993.

[SSH94] M. Sonka, G. Sundaramoorthy, and E.A. Hoffman. Knowledge-based segmentation of intrathoracic airways from multidimensional high resolution CT images. In E.A. Hoffman and R.S. Acharya, editors, *Medical Imaging 1994: Physiology and Function from Multidimensional Images*, pages 73–85, SPIE, May 1994. Proceedings Vol. 2168.

[TCC90] C. Toumoulin, R. Collorec, and J.L. Coatrieux. Vascular network segmentation in subtraction angiograms: a comparative study. *Medical Information*, 15(4):333–341, 1990.

[TDTM92] J.M. Tubiana, J.P. Deutsch, J. Taboury, and B. Martin. Imagerie des métastases hépatiques des cancers colorectaux. Diagnostic et résécabilité. In B. Nordlinger and D. Jaeck, editors, *Traitement des métastases hépatiques des cancers colorectaux*, pages 61–75, Springer-Verlag, September 1992.

[WGKJ95] W.M. Wells, W.E.L. Grimson, R. Kikinis, and F.A. Jolesz. Adaptative segmentation of MRI data. In N. Ayache, editor, *Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medecine*, pages 59–69, Springer Verlag, 1995. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 905.

[ZJEL95] C. Zahlten, H. Jürgens, C.J.G. Evertsz, R. Leppek, H.-O. Peithen, and K.J. Klose. Portal vein reconstruction based on topology. *European Journal of Radiology*, 19(2):96–100, January 1995.

[ZJP95] C. Zahlten, H. Jürgens, and H.-O. Peitgen. Reconstruction of branching blood vessels from CT-data. In R. Scateni, J.J. van Wijk, and P. Zanarini, editors, *Workshop of Visualization in Scientific Computing*, pages 41–52, Springer Verlag, 1995. Eurographics.

Unité de recherche INRIA Lorraine, Technopôle de Nancy-Brabois, Campus scientifique,
615 rue du Jardin Botanique, BP 101, 54600 VILLERS LÈS NANCY
Unité de recherche INRIA Rennes, Irisa, Campus universitaire de Beaulieu, 35042 RENNES Cedex
Unité de recherche INRIA Rhône-Alpes, 655, avenue de l'Europe, 38330 MONTBONNOT ST MARTIN
Unité de recherche INRIA Rocquencourt, Domaine de Voluceau, Rocquencourt, BP 105, 78153 LE CHESNAY Cedex
Unité de recherche INRIA Sophia Antipolis, 2004 route des Lucioles, BP 93, 06902 SOPHIA ANTIPOLIS Cedex

Éditeur
INRIA, Domaine de Voluceau, Rocquencourt, BP 105, 78153 LE CHESNAY Cedex (France)
ISSN 0249-6399