

Table des matières

Introduction	1
1 Motivations	2
2 Présentation du problème médical	4
3 Quels sont les problèmes à résoudre?	6
3.1 Construction d'un modèle de référence	6
3.2 Extraction des structures anatomiques du foie	6
3.3 Construction des segments du foie	7
4 Contributions	8
I Modèle du foie	11
1 Définitions médicales	13
1.1 A quoi sert le foie?	14
1.2 L'anatomie du foie	15
1.2.1 Anatomie et voisinage du foie	15
1.2.2 Anatomie interne	17
1.3 La segmentation anatomique de Couinaud	18
1.3.1 Délimitation usuelle des segments	19
1.3.2 Différence entre la définition usuelle et la réalité anatomique	20
1.4 Les pathologies visibles du foie	22
1.4.1 Les calculs biliaires	22
1.4.2 L'hépatite virale	23
1.4.3 La cirrhose	23
1.4.4 Le cancer du foie	23
1.5 Conclusions	24
2 Construction d'un modèle	25
2.1 Méthodologie	26
2.1.1 Un patient de référence : le ' <i>visible man</i> '	26

2.1.2	Méthodes de segmentation	28
2.1.3	Modèle géométrique	31
2.2	Résultats	35
2.3	Conclusions	36
II	Extraction des structures anatomiques du foie	39
3	Imagerie du foie	41
3.1	L'imagerie médicale	42
3.1.1	Radiographie et scanner X	42
3.1.2	Échographie 2D et 3D	45
3.1.3	Imagerie par rayonnement magnétique	47
3.1.4	Imagerie nucléaire ou scintigraphique	48
3.2	Imagerie utilisée dans le cas du foie	50
3.3	Modalités retenues	53
3.4	Conclusions	54
4	Segmentation par seuillage	57
4.1	État de l'art	58
4.1.1	Introduction	58
4.1.2	Méthodes de seuillage	59
4.1.3	Approche Statistique	67
4.1.4	Méthodes par croissance de région	67
4.1.5	Modèles déformables	67
4.2	Cas du foie	67
4.2.1	Introduction	67
4.2.2	Méthode retenue	69
4.2.3	Première étape : réduction de l'image à la zone d'intérêt	70
4.2.4	Seconde étape : amélioration de l'image	75
4.2.5	Troisième étape : seuillage global	79
5	Correction de la segmentation	95
5.1	Principe général	96
5.2	Cas des lésions	97
5.2.1	Connaissances a priori	97
5.2.2	Traduction en contraintes topologiques et géométriques	101
5.2.3	Résultats	109
5.3	Cas des réseaux vasculaires : correction des faux négatifs	111
5.3.1	Connaissance a priori	112
5.3.2	Solution proposée	112

5.3.3	Résultats	115
5.4	Cas des réseaux vasculaires : correction des faux positifs	117
5.4.1	Traduction en contraintes topologiques et géométriques	120
5.5	Conclusions	139
6	Validation Médicale	141
6.1	Méthodes de validation	142
6.1.1	Comparaison par rapport aux résultats d'un expert	142
6.2	Résultats	143
6.3	Conclusions et perspectives	143
III	Construction des segments du foie	145
7	Création des segments anatomiques par régions d'influences	147
7.1	Connaissances anatomiques	148
7.2	Étiquetage des vaisseaux	148
7.3	Calcul des régions d'influences	148
7.4	Application au foie	148
7.5	Résultats	148
8	Étiquetage automatique	149
8.1	Principe	150
8.2	Méthode retenue	150
8.3	Résultats	150
8.4	Conclusions	150
9	Validation Médicale	151
9.1	Mode de validation	152
9.2	Résultats	152
9.3	Conclusion	152
Conclusion	153
1	Principales contributions	155
2	Perspectives	155
Bibliographie	155

Introduction

Ce chapitre d'introduction présente une vue d'ensemble des travaux menés durant cette thèse. Nous développerons ainsi le cadre de nos recherches, en précisant l'objectif de nos travaux et en

détaillant l'intérêt qu'ils représentent pour la communauté médicale. Après avoir énumérés les problèmes que nous nous proposons de résoudre, nous terminerons par une présentation de nos principales contributions.



1 Motivations

La médecine est une des plus anciennes sciences développées par l'homme. De progrès en progrès, elle a permis de mieux prévenir, mais également de reconnaître et de guérir des maladies autrefois incurables. Ces progrès, qui améliorent la vie du patient, rendent cependant plus complexes les techniques de soins. De ce fait, elles sont plus dures à enseigner et donc parfois plus difficiles à mettre en pratique.

La chirurgie est une parfaite illustration de ces difficultés croissantes. Par exemple, prenons le cas d'une appendicite. Autrefois mortelle, elle est aujourd'hui une opération classique en chirurgie ouverte. Cependant, nous le savons, une appendicite est une opération très douloureuse pour le patient au niveau abdominal. L'utilisation des techniques plus récentes de chirurgie mini-invasive (CMI), ou vidéo-chirurgie, permet de réduire considérablement cette douleur. Son principe général est de ne plus réaliser de large incision, mais de tout petits orifices, voire d'utiliser les orifices naturels pour atteindre la région à opérer. Les domaines d'application sont multiples et augmentent chaque jour. Les plus courants sont aujourd'hui l'arthroscopie¹ et la laparoscopie. La laparoscopie est une technique opératoire où le chirurgien opère le patient par l'intermédiaire d'instruments longs. Ils sont introduits par de petits orifices de 1 cm de diamètre maximum, à l'intérieur de la cavité abdominale préalablement distendue par un pneumopéritoine². Le chirurgien visualise ses gestes ainsi que le champ opératoire (partie opérée), à l'aide d'un endoscope (fibre optique reliée à une caméra), introduit dans la cavité abdominale du patient et relié à un écran (voir figure 1).

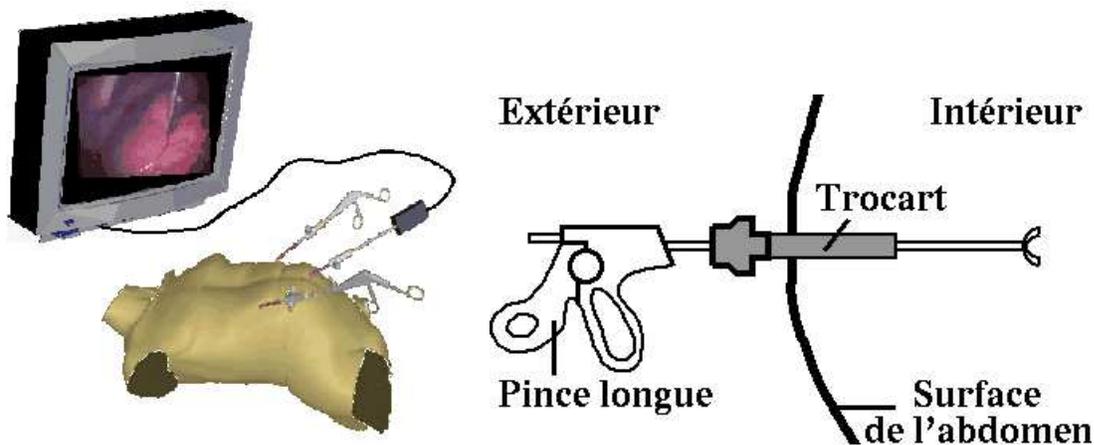


FIG. 1: *Illustration d'une laparoscopie. Les instruments longs et l'optique sont introduits à l'intérieur de l'abdomen par l'intermédiaire de trocars. La caméra restée à l'extérieur, reliant l'optique à un écran, permet de visualiser l'intérieur du corps.*

1. Exploration visuelle de la cavité d'une articulation au moyen d'un arthroscope. Elle permet de pratiquer des biopsie et certaines manœuvres thérapeutique.

2. Introduction d'un gaz à l'intérieur de la cavité péritonéale.

Ce type d'opération a plusieurs avantages. Outre le confort physique et esthétique pour le patient, elle réduit la morbidité postopératoire (risque d'infections limité). Du point de vue économique, l'agrément du patient se traduit par une hospitalisation moins longue et donc moins coûteuse. Pour le chirurgien, cette technique nécessite un enseignement entièrement nouveau, que ce soit sur le plan des instruments utilisés, de la gestuelle, des sensations ou encore de la vision du champ opératoire. Seule l'expérience permet d'acquérir l'ensemble des qualités nécessaires à ces opérations. La formation passe donc par un entraînement qui ne pourra pas être réalisé sur l'homme et qui sera donc incomplet.

On retrouve là, une problématique de formation rencontrée dans le passé pour la formation des pilotes. L'évolution de l'aviation avait rendu plus difficile la maîtrise des techniques de vol, que seule l'expérience peut garantir. La solution fut apportée par la création de simulateurs de vol, reproduisant progressivement de façon de plus en plus réelle, toutes les caractéristiques d'un véritable vol. Aujourd'hui, l'avion virtuel que l'élève pilote réellement, peut être modifié en fonction du modèle d'avion qu'il souhaitera piloter par la suite.

La transcription de cette solution au domaine de la chirurgie semble donc être une solution, mais la complexité de la tâche est bien plus grande. Cette différence de complexité est principalement due au fait que, contrairement à l'être humain, l'avion est une machine créée par l'homme. Toutes ses caractéristiques techniques sont donc connues et modélisables. Celles de l'être humain ne sont malheureusement pas aussi faciles à déterminer. De plus, s'il n'existe qu'un nombre limité de modèles d'avions, il y a par contre autant de modèles de patients que d'être humains sur la terre. Un des points essentiels d'un simulateur d'opération chirurgicale, est donc la modélisation de patients virtuels spécifiques.

La modélisation d'un patient passe obligatoirement par une connaissance exacte de son anatomie plastique et fonctionnelle. Les progrès réalisés dans le domaine de l'imagerie médicale, permettent d'accéder à un grand nombre de ces connaissances. Aujourd'hui tridimensionnelle (IRM, Scanner X, ultra-sons 3D, ...), l'image décrit les propriétés physiques et chimiques en chaque point du volume étudié. L'information numérique, stockée sous forme de matrice tridimensionnelle $I(i, j, k)$ de voxels³, peut ensuite être exploitée. L'interprétation de ces informations doit permettre de recréer un modèle virtuel, possédant les mêmes caractéristiques que le véritable patient. De ce fait, elle peut être considérée comme une aide à la planification préopératoire et être utilisée comme telle. La difficulté réside dans le traitement des données, d'autant plus que les images ne sont pas toujours de bonne qualité.

Nos travaux s'inscrivent dans le cadre du projet européen MASTER⁴ qui regroupe aujourd'hui

3. Volume élémentaire.

4. MASTER : Minimal Access Surgery by Telecommunications and Robotics.

12 partenaires sur 5 pays membres de Eurêka (Allemagne, Finlande, France, Italie et Royaume-Uni). Sur une période de 5 ans (1994 à 1999), ce partenariat regroupe des industriels (Alcatel Business Systems, Dornier Medizintechnik, GEC Marconi, Immi Medical Robots, Lasermatic OY), des instituts de recherches (INRIA, IRCAD, Fraunhofer Gesellschaft IAO & IPA et le centre de recherche de Karlsruhe FZK), des centres cliniques (Dundee, Rome et Tübingen) ainsi qu'un CHU (CHU de Strasbourg représenté par l'IRCAD).

Initié par le professeur J. Marescaux, directeur de l'IRCAD⁵, ce projet réuni plusieurs thèmes de recherche, dont un des principaux concerne la création d'un simulateur de vidéo-chirurgie permettant l'apprentissage des gestes opératoires élémentaires, la planification d'opérations, ainsi que l'entraînement des chirurgiens sur des patients virtuels. Nous avons orienté nos travaux sur un organe précis : le foie. A partir d'images scanners X conventionnelles, nous souhaitons créer un modèle du foie du patient, contenant les informations essentielles à son opération. A terme, le but est d'offrir aux chirurgiens un outil de planification préopératoire permettant une répétition des gestes à réaliser, sur un patient virtuel ayant la même anatomie et les mêmes pathologies que le véritable patient.

2 Présentation du problème médical

Le problème médical concerne, nous venons de le voir, l'opération du foie. Cet organe, que nous détaillerons plus précisément dans le chapitre 1, est un des plus importants de l'organisme. Il remplit un très grand nombre de fonctions, ce qui explique qu'il existe une multitude de pathologies liées à cet organe. Parmi ces pathologies, certaines nécessitent une intervention chirurgicale, comme l'ablation de la vésicule biliaire lors de calculs, ou l'exérèse⁶ d'une partie du foie dans le cas de lésions tumorales (voir figure 2).

Très volumineux, il possède une anatomie interne complexe, composée de cellules hépatiques encadrées par des réseaux vasculaires très denses. Un de ces réseaux veineux, la veine porte, permet de définir un découpage du foie en 8 parties ou segments, représentant la distribution de cette veine dans le foie (voir figure 3). Ces segments permettent de repérer le découpage du foie lors des interventions, et sont utilisés comme unités d'exérèse des lésions internes.

La planification et la simulation d'une opération sur le foie, nécessite, nous le voyons, la modélisation de l'anatomie interne du foie, c'est-à-dire celle des réseaux vasculaires et des lésions éventuellement présentes chez certains patients. Pour que ce modèle soit utilisable dans un simulateur, il sera nécessaire d'y ajouter de propriétés reproduisant les contraintes physiques des organes du patient. Par la suite, nous ne nous intéresserons qu'au premier aspect, le second qui

5. IRCAD : Institut de Recherche contre les Cancers de l'Appareil Digestif.

6. Ablation chirurgicale d'une partie inutile ou nuisible à l'organisme, ou d'un corps étranger.

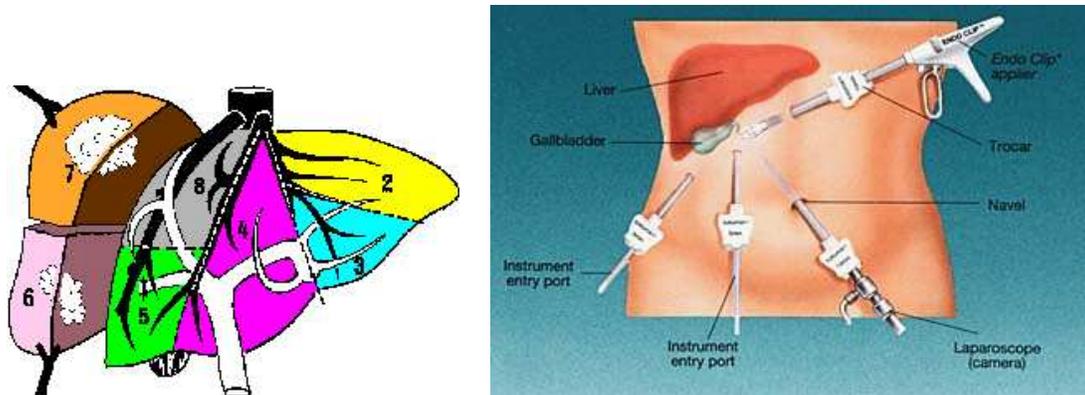


FIG. 2: Illustration d'intervention chirurgicale sur le foie. A gauche, schéma illustrant une exérèse sur foie. A droite, emplacement des différents instruments sur l'abdomen, permettant l'exérèse de la vésicule biliaire.

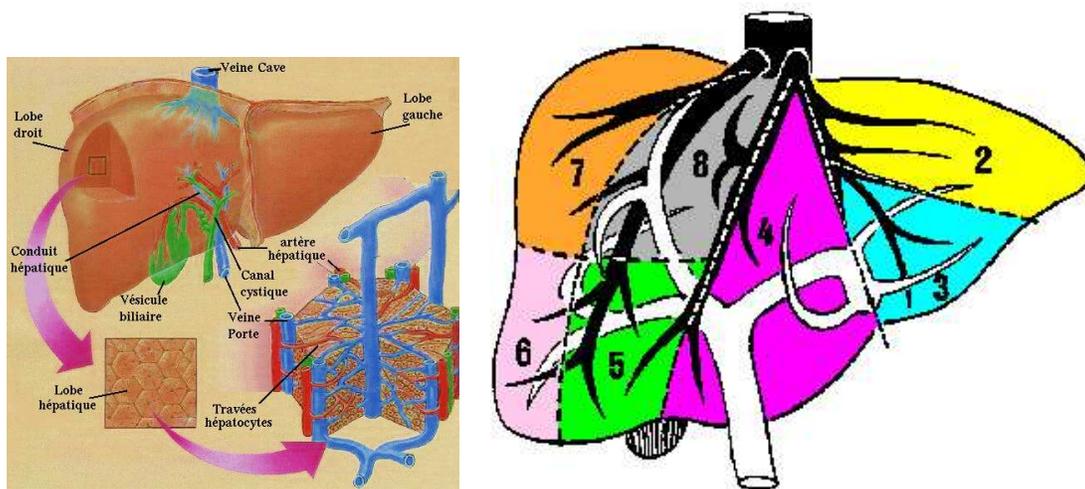


FIG. 3: Anatomie du foie. A gauche, détails de la vascularisation encadrant les différentes cellules hépatiques. A droite, définition des 8 segments anatomiques selon (Couinaud, 1957), basée sur les branches de la veine porte (en blanc).

dépasse le cadre de cette thèse, ayant été développé par (Cotin, 1997).

3 Quels sont les problèmes à résoudre ?

La création de modèles utilisables dans un outil de planification et de simulation d'opérations laparoscopiques du foie, fait apparaître trois problèmes différents. Le premier concerne la création d'un modèle de référence, utilisable dans un entraînement au geste opératoire ou dans une simulation d'opérations élémentaires. Il pourra être élaboré à partir de données très précises, puisqu'il ne correspond pas à un patient vivant. Ce modèle devra être le plus détaillé possible.

Le second consiste à réaliser une modèle fidèle et réaliste du patient vivant que l'on souhaite opérer. Ce cas, plus difficile, nécessite l'interprétation des images acquises sur le patient vivant. Cette interprétation que l'on peut traduire par une segmentation, doit conduire à la modélisation du foie, des vaisseaux et des éventuelles lésions présentes dans le foie. Il servira non seulement lors d'une simulation, mais également dans la phase préopératoire de planification.

Le dernier problème consiste à ajouter au modèle précédent, l'information fonctionnelle utilisée pour réaliser les opérations, mais non visible dans la pratique. Cette information, définie par une délimitation du foie en 8 segments anatomiques, permet une aide au diagnostic ainsi qu'une aide à la planification préopératoire.

3.1 Construction d'un modèle de référence

Le modèle de référence est destiné à l'entraînement du geste opératoire et à la simulation d'opérations élémentaires. Afin d'être le plus proche possible d'un patient réel, nous avons choisi d'utiliser les données du *Visible Man* de la National Library of Medicine⁷. Le problème est de reconstruire à partir des coupes cryogéniques de son corps, le foie et les différents réseaux vasculaires présents à l'intérieur de celui-ci. La figure 4 illustre cette première étape de nos travaux, traitées dans la première partie.

3.2 Extraction des structures anatomiques du foie

Les images des patients seront acquises par l'imagerie médicale conventionnelle, c'est-à-dire par un scanner X, après injection d'un produit de contraste dans la veine porte. Les difficultés rencontrées seront multiples. Tous d'abord, les qualités d'images sont très variables et dépendent très nettement du protocole d'acquisition employé. Il est donc nécessaire de l'étudier et de l'optimiser par rapport à deux aspects : le confort du patient et la qualité de l'image. La seconde difficulté est apportée par l'aspect texturé des images, lié à la structure même du parenchyme, et les contrastes parfois très

7. adresse web : <http://www.nlm.nih.gov/>.

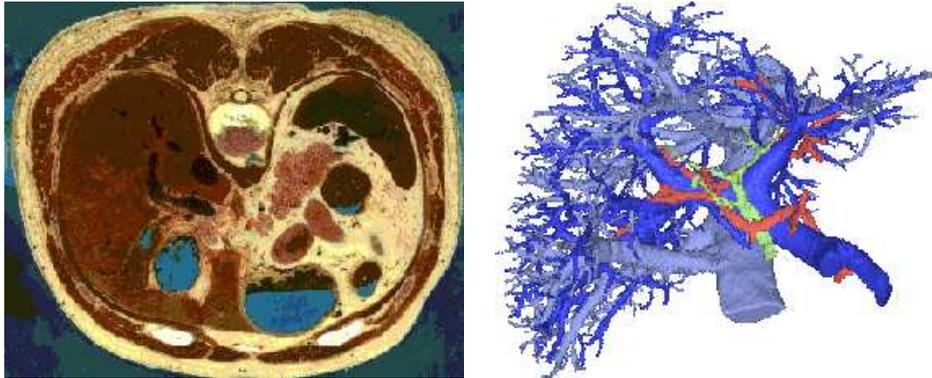


FIG. 4: *Création du modèle de référence. A gauche, photographie d'une coupe cryogénique du visible man, à droite ses différents réseaux vasculaires et biliaires (en bleu clair les veines sus et sous hépatiques, en bleu foncé la veine porte, en rouge l'artère hépatique et en vert les canaux biliaires).*

faible entre les vaisseaux et le tissu hépatique. La dernière difficulté provient de la forte anisotropie des images en comparaison de la faible dimension des vaisseaux. Elle implique généralement une reconstruction 3D des structures. La figure 5 illustre la résolution de l'ensemble de ces problèmes, traitées dans la première partie.

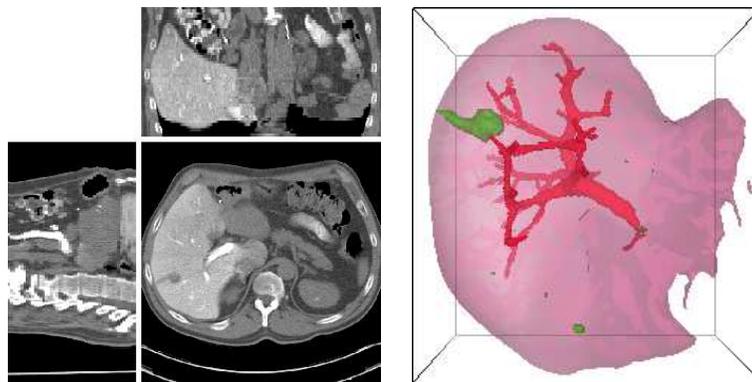


FIG. 5: *A partir d'un scanner X (à gauche) extraction du contour du foie, de la veine porte et des lésions (à droite).*

3.3 Construction des segments du foie

La construction des segments anatomiques, fait intervenir deux problématiques. La première réside dans la définition même des segments. En effet, la littérature montre que de nombreux travaux ont été menés pour délimiter ces segments, mais que la définition anatomique basée sur le réseau veineux porte, est souvent éloignée de la réalisation pratique utilisant des repères extérieurs et par ce fait imparfaite (voir figure 6). Compte tenu du fait que notre modélisation du foie inclut la délimitation de la veine porte, il faudra chercher à délimiter les segments de la façon la plus précise possible, c'est-à-dire à partir de la veine porte. Le second point, réside dans la dénomination

automatique des différents segments. Étant donné que ceux-ci sont définis à partir des branches de la veine porte, ce problème peut se traduire par l'étiquetage automatique de cette veine. La figure 7 illustre la résolution de l'ensemble de ces problèmes, traitées dans la troisième partie.

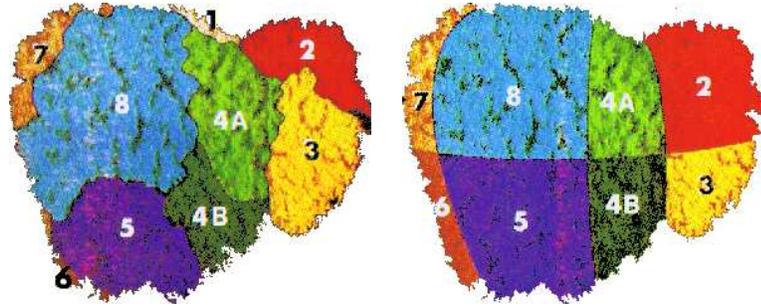


FIG. 6: *Définition des segments anatomiques suivant Couinaud. A gauche, délimitation anatomique des segments basée sur la veine porte, après injection d'un produit plastique dans la veine et dissolution du parenchyme. A droite, délimitation des segments à partir des repères conventionnel. On remarque que la méthode classique (à droite) ne reproduit pas la réalité anatomique (à gauche).*

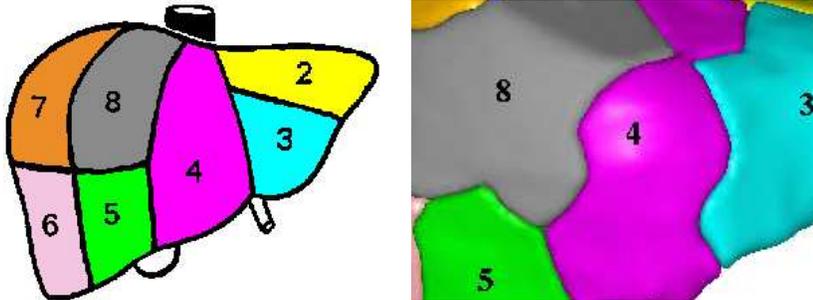


FIG. 7: *Définition des segments anatomiques suivant Couinaud. A gauche, délimitation à partir des repères conventionnel. A droite délimitation des segments sur le modèle du foie d'un patient quelconque basée sur la veine porte.*

4 Contributions

Nos travaux ont consisté, dans un premier temps à créer un modèle de référence du foie, des vaisseaux, des canaux et de la vésicule biliaire, à partir des images du *visible man* de la NLM. Après une analyse des différents méthodes d'acquisition utilisées dans l'imagerie du foie, nous avons défini un protocole d'acquisition standards, devant permettre d'obtenir une image plus précise avec un minimum de désagrément pour le patient.

Nous avons ensuite réalisé un état de l'art des techniques de segmentation couramment utilisées, en détaillant plus particulièrement les méthodes de seuillage. Puis nous avons proposé une méthode

de segmentation complexe des différentes structures internes du foie (vaisseaux et éventuelles lésions). La première étape de cette méthode réalise une segmentation par seuillage après un prétraitement de l'image. La seconde étape est le fruit d'une analyse détaillée des propriétés topologiques et géométriques des lésions et des vaisseaux. Cette analyse nous a permis d'aboutir à un algorithme permettant d'améliorer de façon très nette le résultat initial de la segmentation, en traduisant les propriétés des structures en contraintes. Ces dernières permettent de retirer la quasi-totalité des erreurs dans le cas des lésions, et de séparer le réseau porte des autres réseaux vasculaires dans le cas des vaisseaux.

Cette méthode de segmentation, apparemment spécifique, peut être appliquée à d'autres organes, voire à d'autres problèmes. Un exemple d'application pour la segmentation d'ischémie est ainsi présenté, illustrant un caractère plus général de la méthode.

Nos derniers travaux ont consisté à analyser la définition de la segmentation anatomique de Couinaud. Cette analyse a permis d'aboutir à la construction de segments plus proche de la réalité anatomique, sur le modèle du foie reconstruit d'un patient. Définie à partir des branches de la veine porte, cette segmentation nécessitait une étape supplémentaire d'étiquetage de cette veine. Initialement manuelle, nous avons proposé une méthode d'étiquetage automatique.

L'ensemble de nos travaux a donc permis la réalisation d'un outil d'aide aux chirurgiens, offrant la possibilité de reconstruire un modèle virtuel du patient avant son opération. Il permet de plus une aide au diagnostic en segmentant l'ensemble des lésions visibles dans l'image et en délimitant automatiquement les segments anatomiques atteints.

Première partie

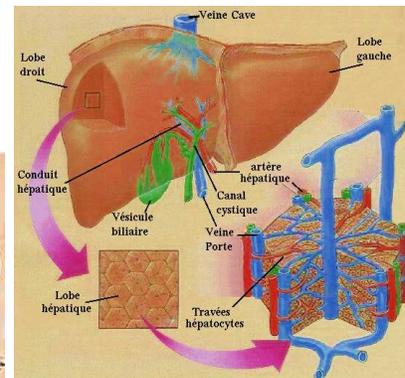
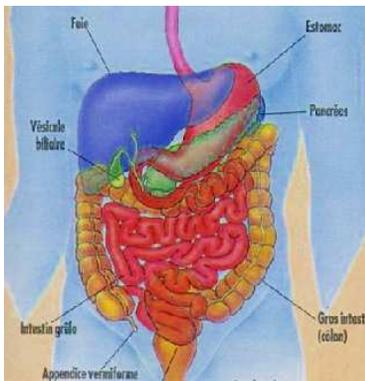
MODÈLE DU FOIE

Chapitre 1

Définitions médicales

Nous allons détailler dans ce chapitre l'anatomie complexe du foie. Nous verrons ainsi ses fonctions dans l'organisme, les différentes structures anatomiques qui le composent, la définition

des différents segments, et une analyse de certaines pathologies du foie. Cette exploration de l'organe nous permettra de mieux comprendre les besoins du monde médical.



1.1 A quoi sert le foie ?

Le foie est un des plus importants organes de l'organisme, autant par sa taille que par la nature et la diversité des fonctions physiologiques vitales qu'il remplit. De fait, tout le sang allant de l'appareil digestif vers le cœur, passe à travers le foie. Il joue ainsi un rôle de filtre actif permettant de nettoyer le sang, mais également de réguler tout l'apport alimentaire en stockant ou en synthétisant les éléments nutritifs vitaux. De façon plus détaillée, énumérons les fonctions principales du foie.

- Il **produit la bile** qui élimine les substances toxiques de l'organisme et facilite la digestion.
- Il **assainit le sang** :
 - en métabolisant l'alcool, certaines drogues ou produits chimiques,
 - en neutralisant ou en détruisant les substances toxiques comme les poisons ou certaines hormones,
 - en détruisant les globules rouges âgés, ce qui aboutit à la formation de la bilirubine (un des composants de la bile).
- Il **régularise l'apport énergétique** :
 - en produisant, en stockant et en libérant l'énergie sous forme de glucose. Il maintient constant le taux de glucose dans le sang fournissant ainsi à l'organisme un courant incessant de matériaux susceptibles d'être transformés en énergie.
 - en produisant, en entreposant et en répartissant les graisses (lipides).
- Il **produit de nombreuses protéines essentielles** qui interviennent dans :
 - le transport de certaines substances dans le sang,
 - la coagulation du sang,
 - la résistance aux infections.
- Il **régularise l'équilibre de nombreuses hormones** :
 - les hormones sexuelles,
 - les hormones thyroïdiennes,
 - la cortisone et autres hormones surrénaliennes.
- Il **régularise le cholestérol** de l'organisme :
 - en le produisant et en l'excrétant,
 - en le convertissant en d'autres substances essentielles.
- Il **régularise l'apport des vitamines et minéraux essentiels**, comme le fer et le cuivre.
- Il **participe à plus d'une centaine d'autres fonctions spécifiques**.

1.2 L'anatomie du foie

Le foie est l'organe le plus volumineux de l'organisme. Son parenchyme pèse plus de 1500 grammes et il peut contenir près d'un kilo supplémentaire de sang. Il mesure en moyenne 28 cm dans le sens transversal, 16 cm de haut et 8 cm d'épaisseur dans la région la plus volumineuse. Sa couleur est rouge brun et sa consistance est assez ferme. Il est cependant fragile voire friable, et se laisse facilement déformer par les organes voisins. De ce fait, sa forme dans le corps humain est principalement due à son voisinage et aux ligaments qui le maintiennent.

De plus, le foie est capable d'un pouvoir de régénération très élevé. En effet, les cellules hépatiques ont une durée de vie limitée (de 300 à 500 jours). La division cellulaire, s'effectuant dans la normale au rythme de 1 pour 10000 cellules, permet son renouvellement permanent. Cette fréquence de renouvellement augmente de façon considérable dans le cas d'une ablation partielle du foie. Chez l'homme, le retrait de 75% de la masse cellulaire du foie est ainsi comblée en 4 mois. Au terme de sa régénération, le foie aura non seulement retrouvé son poids initial, mais également ses fonctions. Ce pouvoir de régénération est en fait le plus important de l'organisme et dépasse même celui des cancers de malignités extrêmes. Il offre ainsi la possibilité d'exérèse massive avec un véritable espoir de rémission, dans le cas de maladies graves que nous verrons plus loin.

1.2.1 Anatomie et voisinage du foie

Le foie est un organe thoraco-abdominal. Il est localisé dans le quadrant supérieur droit de l'abdomen, directement sous la coupole diaphragmatique, à droite de l'estomac et au dessus des viscères abdominaux (voir figure 1.1). On peut représenter son anatomie de multiples façons, dont la plus générale est une décomposition en deux lobes. Le lobe droit, partie la plus volumineuse du foie, est séparé du lobe gauche par le ligament falciforme et le ligament rond. Ce dernier lobe, plus plat et plus allongé, peut recouvrir entièrement la rate située à gauche de l'abdomen (voir figure 1.1).

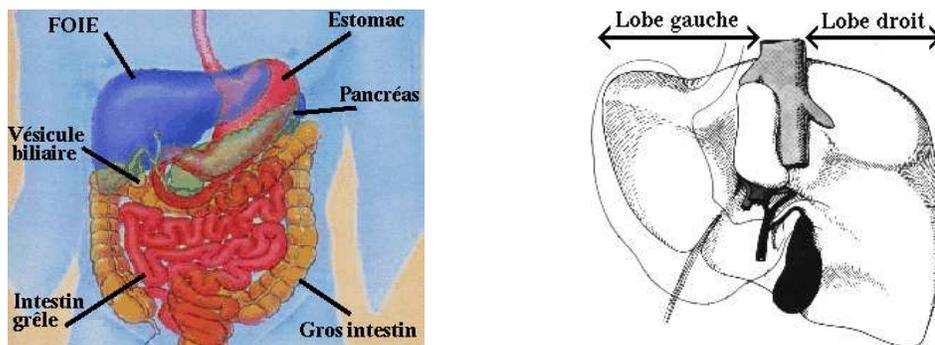


FIG. 1.1: Localisation du foie en vue antérieure. À gauche ses principaux voisins dans l'environnement abdominal. À droite la localisation des deux lobes du foie.

Comme on peut le voir sur la figure 1.1, ses voisins abdominaux sont l'estomac, les intestins, le pancréas, la rate et la vésicule biliaire qui lui est directement rattachée. On peut ajouter à cette liste, le rein droit, divers vaisseaux et les structures osseuses comme les côtes ou la colonne vertébrale (voir figure 1.2). Ses voisins thoraciques sont le poumon droit (pour le lobe droit), le cœur et le poumon gauche (pour le lobe gauche) séparés du foie par la coupole du diaphragme (voir figure 1.3).

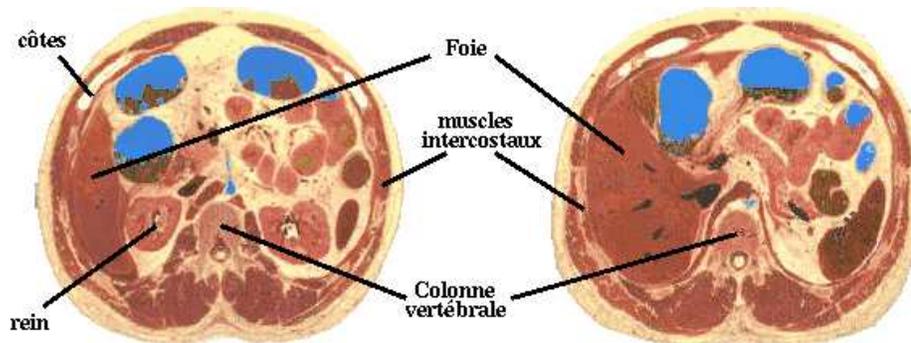


FIG. 1.2: Vue de 2 coupes axiales du foie. On peut noter le voisinage du rein droit, des vertèbres et des côtes.

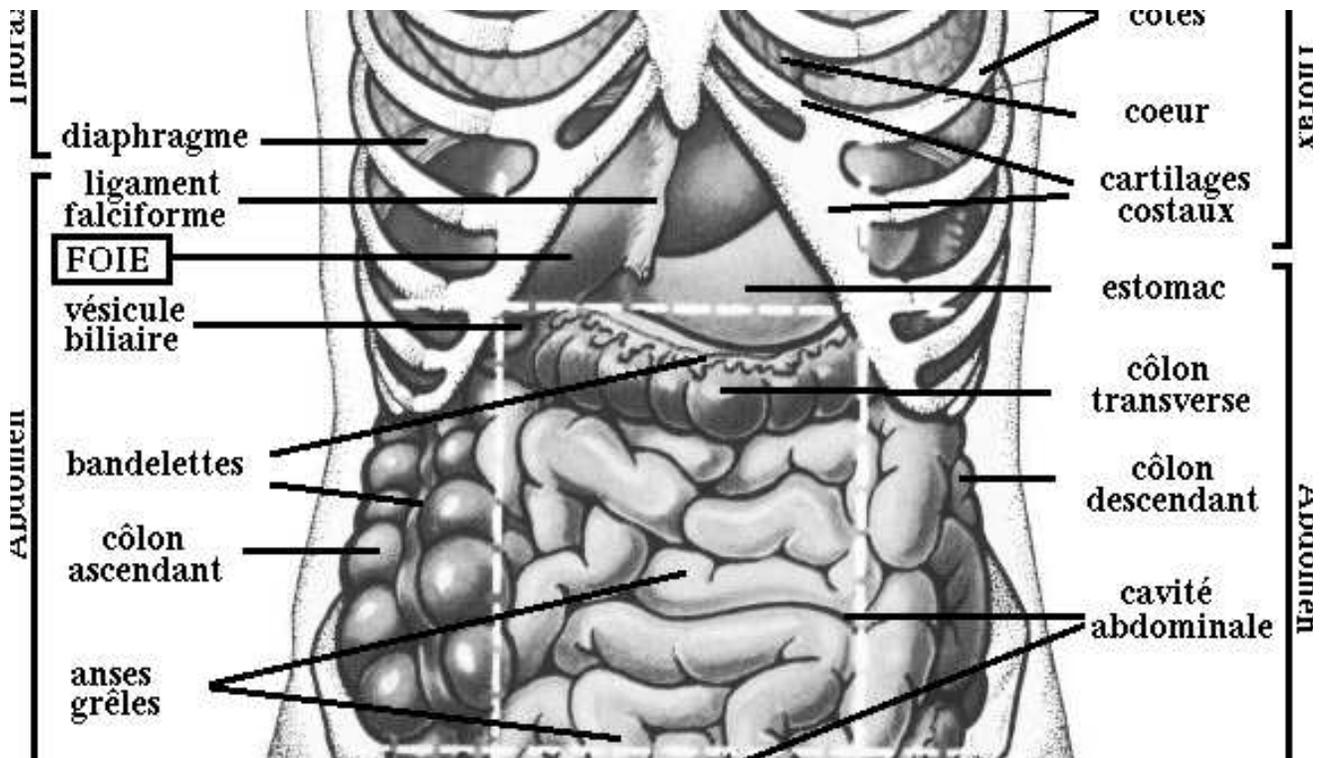


FIG. 1.3: Projections et surfaces de contacts des viscères abdominaux et thoraciques en vue antérieure.

1.2.2 Anatomie interne

Nous avons vu précédemment que le foie était un filtre actif placé sur le trajet sanguin entre l'intestin et le cœur. Cette fonction explique qu'il soit un des organes les plus vascularisés de l'organisme. On notera que le foie est alimenté par l'artère hépatique, qui suit le trajet de la veine porte. Le sang passe ensuite dans les cellules pour ressortir dans les veines sus et sous hépatique qui partent se jeter dans le tronc cave (voir figure 1.4).

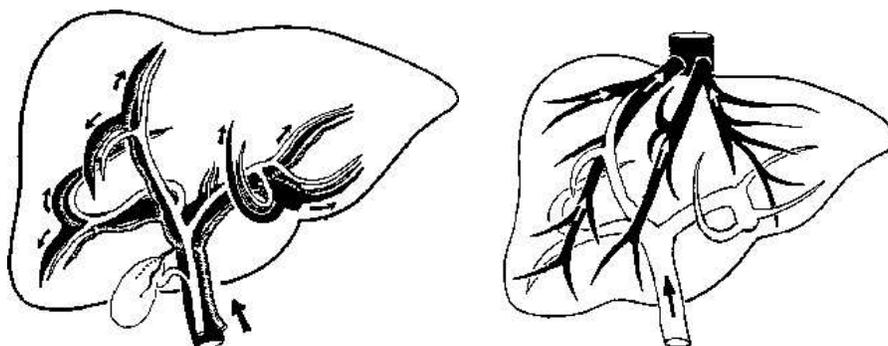


FIG. 1.4: *Différents réseaux vasculaires du foie (les flèches indiquent le sens de circulation du sang). A gauche, la veine porte (en noire), l'artère hépatique (en gris) et les canaux biliaires (en blanc). A droite, passage de la veine porte (en blanc) à la veine sus-hépatique (en noir).*

La veine porte a été très étudiée dans la littérature médicale, car elle permet de définir l'anatomie fonctionnelle du foie que nous verrons plus loin. Ces études ont montré une grande variation de sa topologie d'un patient à l'autre, même si globalement, les régions atteintes par la veine restent semblables. Les travaux de (Couinaud, 1957) par exemple, montrent clairement l'étendu de ces variations sur un ensemble de 140 foies étudiés. Pour illustration, nous pouvons nous contenter de décrire la première division de la veine porte. Dans la majorité des cas (72%), il s'agit d'une bifurcation. Sur ces 72%, on peut retrouver 3 types de bifurcations très différentes, représentant un y dans 36% des cas, un V dans 22% des cas et un T dans 14% des cas (voir figure 1.5). Sur les 28% restant, on compte 7% de trifurcations, 5% de quadrifurcations et 16% de divisions spéciales non classables dans les catégories précédentes. Les variations sont toutes aussi importantes dans les divisions suivantes de la veine porte.

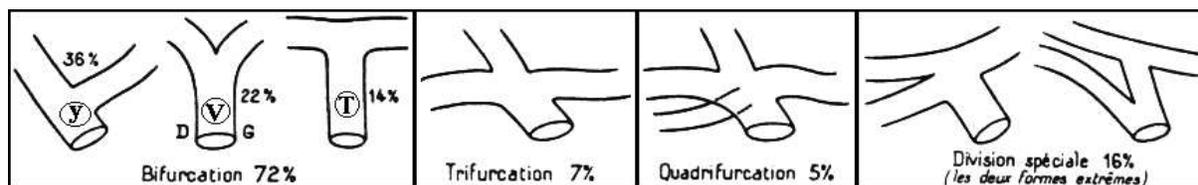


FIG. 1.5: *Différentes configurations de la première division de la veine porte.*

Sur le plan microscopique, le foie est composé d'une multitude de lobules hépatiques, dont le diamètre moyen est de 1 à 2 mm et dont la section transversale est hexagonale (voir figure 1.6). Aux angles se trouvent des branches de la veine porte, de l'artère hépatique et des canaux biliaires. Le sang atteint les veines hépatiques en passant par les veines centrolobulaires, situées au centre des lobules, et après avoir été filtrées par les cellules hépatiques placées dans les lobules. La bile, dont le sens circulatoire est inverse du flux sanguin, est sécrétée dans les capillaires biliaires situés entre les cellules hépatiques, et rejoint les canalicules biliaires.

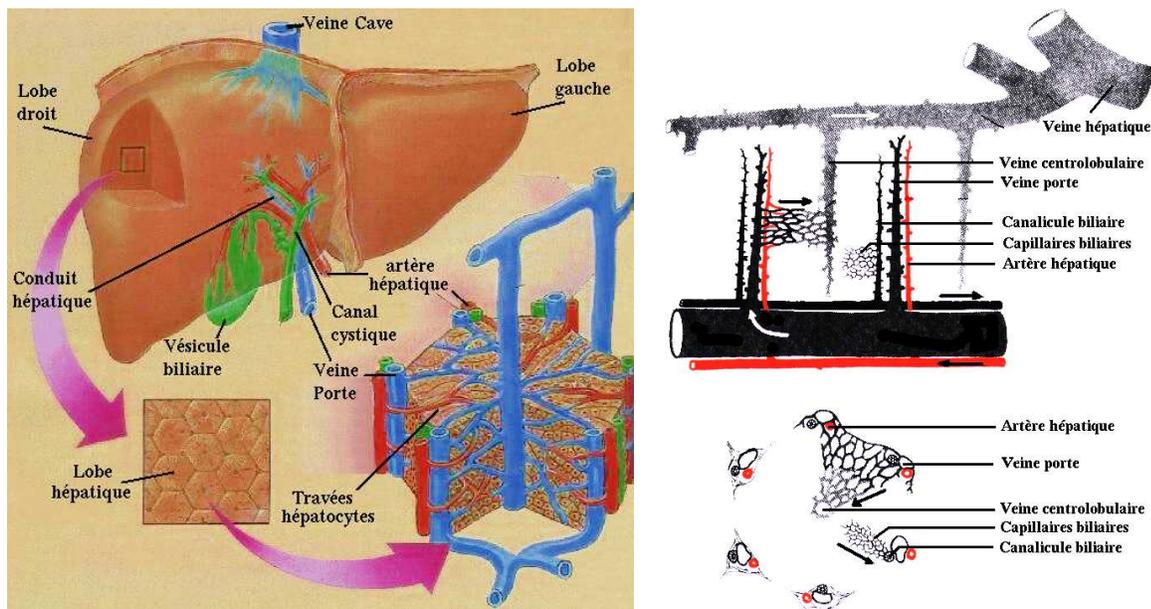


FIG. 1.6: *Vue microscopique du parenchyme hépatique. A gauche, grossissement d'un morceau de parenchyme. On remarque la position des différents réseaux vasculaires. A droite, schémas illustrant le sens du parcours du sang (en haut) et la position des différents réseaux.*

1.3 La segmentation anatomique de Couinaud

Les chirurgiens utilisent une description anatomique fonctionnelle du foie. Cette dernière, qui décrit la segmentation hépatique, repose sur la vascularisation intrahépatique. Il existe plusieurs définitions parfois proches, de cette segmentation, mais seule la nomenclature de (Couinaud, 1957) a su s'imposer en France comme référence. Nous n'utiliserons donc par la suite que cette définition que nous illustrerons par des schémas issus de plusieurs ouvrages ou travaux d'anatomie (Faller et Sprumont, 1988; Champetier, 1985; Monod et Duhamel, 1983; Couinaud, 1957).

1.3.1 Délimitation usuelle des segments

Selon Couinaud, le foie est composé de 8 segments indépendants qui représentent la dispersion des branches de la veine porte. Schématiquement, les veines sus-hépatiques délimitent le foie en secteurs. On distingue ainsi la veine sus-hépatique gauche qui sépare le secteur latéral gauche (LG) du secteur paramédian gauche (PG) (figure 1.7 a), la veine sus-hépatique médiane qui sépare le secteur paramédian gauche du secteur paramédian droit (PD) (figure 1.7 b) et la veine sus-hépatique droite qui sépare le secteur paramédian droit du secteur latéral droit (LD) (voir figure 1.7 c).

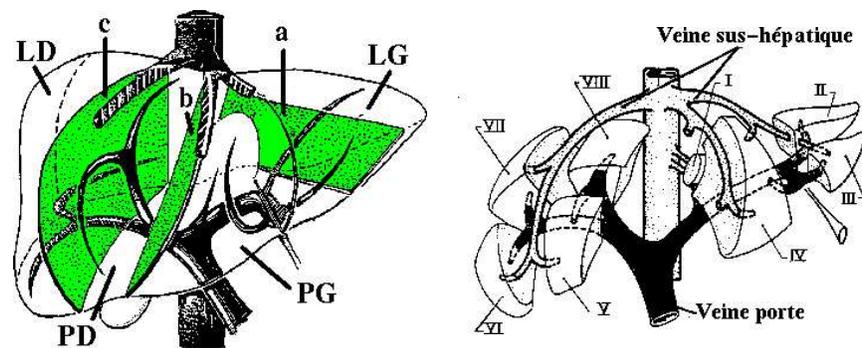


FIG. 1.7: Définition des 8 segments anatomiques du foie, selon Couinaud. A gauche, séparation du foie en 3 secteurs, à partir des branches de la veine sus-hépatique. A droite, délimitation des 8 segments à partir de la veine porte.

A l'intérieur de ces secteurs, les branches de division de la veine porte vont délimiter les segments. Chaque secteur se divise en deux segments, sauf le secteur latéral gauche qui forme le segment II. Le secteur dit paramédian gauche est formé du segment III qui est situé à gauche de la branche gauche de la veine porte et du segment IV à droite de la branche gauche de la veine porte. On peut repérer de l'extérieur cette séparation, par la fissure ombilicale, qui permet de délimiter un plan séparant le segment IV du segment III. Les secteurs du foie droit sont divisés en segments de façon horizontale par un plan représentant schématiquement l'axe de la branche droite de la veine porte. On distingue dans le secteur paramédian droit, le segment VIII qui est supérieur et le segment V qui est inférieur. De même, dans le secteur latéral droit on distingue le segment VII qui est supérieur et le segment VI qui est inférieur. S'ajoute à l'ensemble de ces segments, le segment I ou lobe de Spiegel, qui est limité en avant par la bifurcation portale, en arrière par la veine cave inférieure et à gauche par le sillon d'Arantius.

Par rapport à la définition en lobe vue initialement, on remarque que les V, VI, VII et VIII constituent le lobe droit du foie, le plus volumineux, alors que les segments II, III et IV, constituent le lobe gauche plus allongé.

On notera de cette définition, que la majeure partie des plans de séparation, peut être définie à partir de repères externes. L'entrée des veines sus hépatique, la fissure ombilicale et la vésicule biliaire sont généralement les points de repère qu'utilisent les chirurgiens lorsqu'ils définissent les segments avant une intervention. L'utilisation de l'imagerie médicale (scanner X ou échographe) permet de fournir une information supplémentaire qui sera également utilisée. Le résultat de cette segmentation est illustrée sur la figure 1.8.

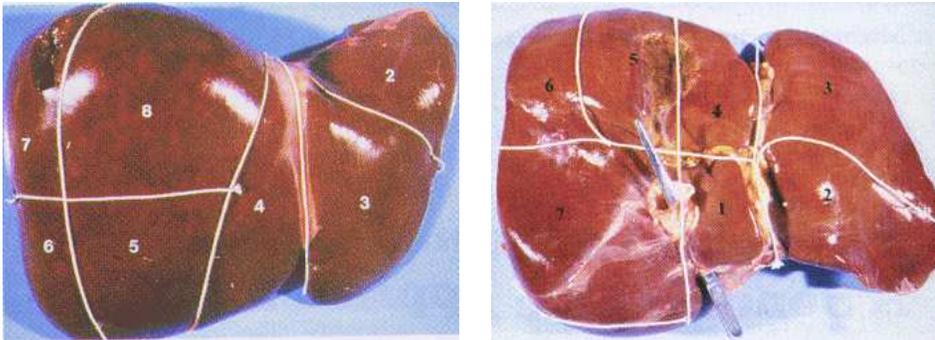


FIG. 1.8: Définition des 8 segments anatomiques du foie, selon Couinaud, sur un véritable foie. A gauche, vue antérieur du foie. A droite, vue postérieur du foie.

1.3.2 Différence entre la définition usuelle et la réalité anatomique

Nous venons de voir une délimitation pratique des segments du foie. Pour séparer les segments, cette méthode utilise des plans définis à partir de repères visibles à l'extérieur du foie et d'informations issues de l'imagerie médicale. Ceci ne traduit que très approximativement la réalité anatomique sous-jacente. Un segment anatomique doit en effet représenter la dispersion des branches de la veine porte à l'intérieur du foie. Ces branches sont très tortueuses et donnent à la veine porte la forme d'un corail. De ce fait, les séparations réelles ne sont pas des plans, mais des régions planes très irrégulières (voir figure 1.9).

Les travaux de (Fasel et al., 1998b) montrent de façon très nette, l'écart très important existant entre la segmentation classique et la véritable segmentation fonctionnelle. Ils constatent ainsi que le pourcentage de tissus hépatiques d'un segment attribué à un autre segment, peut atteindre 50%. On peut traduire ce chiffre par une distance d par rapport au plan correct, comme l'indique la figure 1.10. Cette distance peut atteindre près de 4 cm, ce qui est considérable en chirurgie.

Cette étude nous montre qu'il est important de remettre en question les techniques conventionnelles de délimitation des segments. Pour être la plus correcte possible, une véritable segmentation doit se baser sur la distribution des branches de la veine porte. Cette distribution n'est visible que par les techniques d'imagerie médicale. La délimitation des segments nécessite une analyse détaillée de ces images, qui permettra d'obtenir un découpage précis du foie en segments.

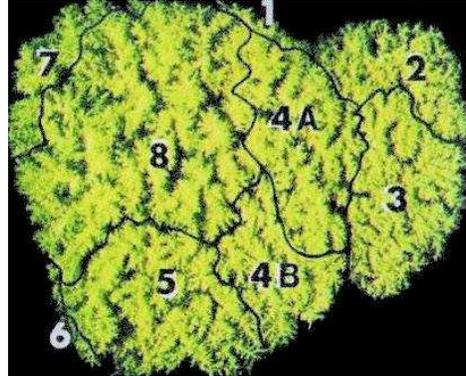


FIG. 1.9: Délimitation réelle des 8 segments anatomiques du foie, basée sur la distribution des branches de la veine porte. L'image a été obtenue après injection d'un produit plastique dans la veine porte et dissolution du parenchyme. On remarque la forme de l'arbre porte, comparable à un corail très dense.

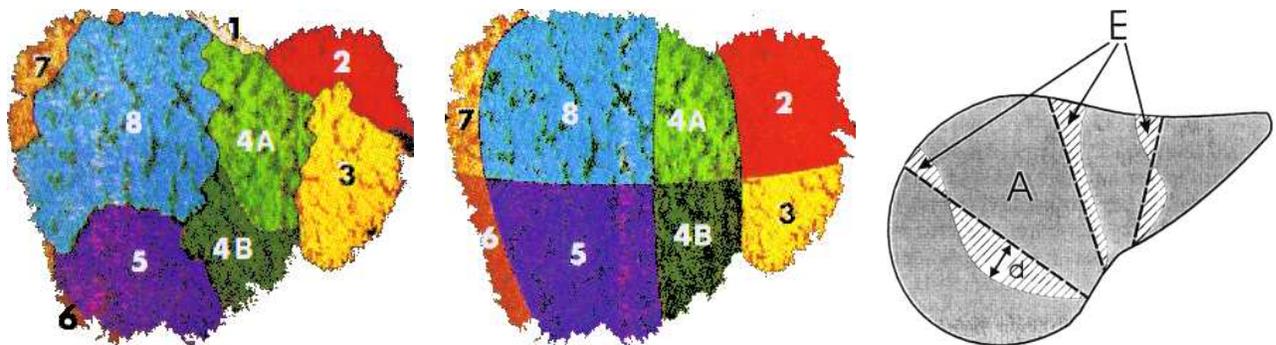


FIG. 1.10: Définition des 8 segments anatomiques du foie selon Couinaud. A gauche, délimitation réelle basée sur la dispersion des branches de la veine porte. Au centre, délimitation classique. A droite, écart entre ces deux délimitations. A est la surface total du foie, E représente la surface de tissu mal segmenté et d la distance maximale entre les frontières des segments issus de deux méthodes.

1.4 Les pathologies visibles du foie

Le nombre de fonctions du foie étant très important, ses pathologies seront elles aussi très nombreuses. On compte ainsi plus de 100 maladies du foie. Nous ne parlerons ici que des plus fréquentes pathologies que sont les calculs biliaires, l'hépatite virale, la cirrhose et les cancers du foie.

1.4.1 Les calculs biliaires

Les calculs biliaires se forment dans la vésicule biliaire quand du cholestérol ou des pigments biliaires se séparent de la bile et se cristallisent. Ces calculs peuvent être aussi petits que des grains de sable ou aussi gros que des balles de golf. Ils bloquent parfois les canaux biliaires, ce qui entraîne des douleurs abdominales intenses. C'est une maladie qui se rencontre surtout chez les personnes âgées, mais il arrive qu'elle atteigne des sujets plus jeunes. La tendance à former des calculs biliaires est en partie une question d'hérédité et elle s'observe plus fréquemment chez les sujets obèses, ceux qui mangent trop ou ceux qui perdent du poids rapidement en suivant des régimes trop stricts.

Le mode de guérison préconisé généralement, est l'ablation de la vésicule biliaire. C'est une opération aujourd'hui réalisée par laparoscopie qui consiste à détacher la vésicule du foie après avoir sectionné le canal cystique préalablement fermé par un clip (voir figure 1.11). L'ablation de la vésicule n'entraîne pas de désagrément particulier au patient. Son rôle dans le processus de digestion qui consiste à stocker et envoyer la bile dans l'intestin, est facilement suppléé par des médicaments facilitant la digestion. Au cours du temps, on peut même noter la formation d'une poche de réserve correspondant à la déformation du canal cystique. Cette poche jouera alors le même rôle que la vésicule.

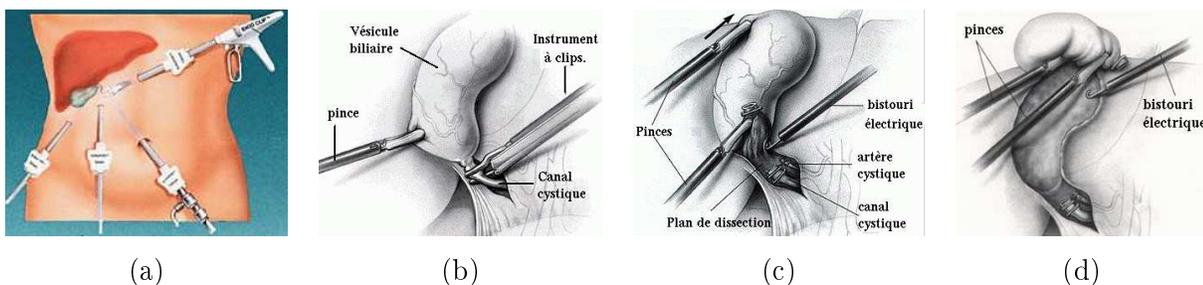


FIG. 1.11: Ablation de la vésicule biliaire par laparoscopie. (a) emplacement des instruments. (b) clippage du canal cystique. (c) section du canal et détachement de la vésicule. (d) retrait complet de la vésicule.

1.4.2 L'hépatite virale

L'hépatite virale est une inflammation du foie causée par l'un de ces virus : le virus de l'hépatite A, B, C (anciennement appelé non-A, non-B), D ou E. La plupart des personnes infectées par un virus d'hépatite restent en bonne santé et ne développent pas de symptômes ; la maladie peut donc passer inaperçue. D'autres personnes développent des symptômes mineurs, comme la fatigue, la faiblesse et des nausées, alors que 25 % développent de la fièvre, une perte d'appétit, des urines foncées, des selles couleur d'argile, des douleurs abdominales et une jaunisse (une décoloration jaune de la peau et des yeux). Dans la plupart des cas, les mécanismes de défense de l'organisme élimineront le virus, mais certaines personnes développeront une hépatite chronique qui peut entraîner la cirrhose et le cancer du foie. Bien que les recherches se poursuivent sur divers médicaments destinés aux traitements de l'hépatite virale chronique, jusqu'ici aucun traitement ne s'est révélé complètement efficace. Des vaccins permettent toutefois de prévenir l'hépatite A et l'hépatite B.

1.4.3 La cirrhose

Chaque année, des milliers de français sont atteints de cirrhose. Laissée sans traitement, toute maladie du foie peut entraîner une cirrhose (formation de fibrose et de nodules dans le foie). En France, la majorité des décès due à la cirrhose du foie sont liés à l'alcoolisme. Mais certains virus (en particulier, ceux de l'hépatite B, C et D), certains produits chimiques ou certains métaux peuvent également causer la cirrhose.

1.4.4 Le cancer du foie

Il reste encore beaucoup de choses à découvrir sur le cancer qui se développe dans le foie. Le cancer du foie peut être dû à l'hépatite B, probablement la principale cause du cancer du foie à l'échelle mondiale. Il est souvent associé à la cirrhose et peut être causé par des parasites, des médicaments et des toxines présentes dans l'environnement. Il peut enfin être la conséquence du déclenchement d'un cancer dans une autre région du corps, ce qui explique que 42% des patients décédés de cancer, présentent des métastases hépatiques.

(Poupon, 1992) remarque que parmi les voies de dissémination métastatique, le système veineux porte est une des principales. Il note également que la quasi-totalité des cellules tumorales est arrêtée au niveau des réseaux capillaires trop petits. Si l'on observe enfin le mode de prolifération des cellules cancéreuses dans le foie (figure 1.12), on remarquera qu'il suit le sens du courant sanguin. De ce fait, lorsque l'on observe une lésion dans un segment du foie, on sait que, par la prolifération tumorale, le reste du segment pourra être atteint puisqu'elle suit le flux sanguin dans la veine porte.

Compte tenu de ces observations, les chirurgiens préfèrent retirer l'ensemble d'un segment infecté de façon à éviter tout risque de résurgence tumorale. Plusieurs travaux ((Jaeck et al., 1992;

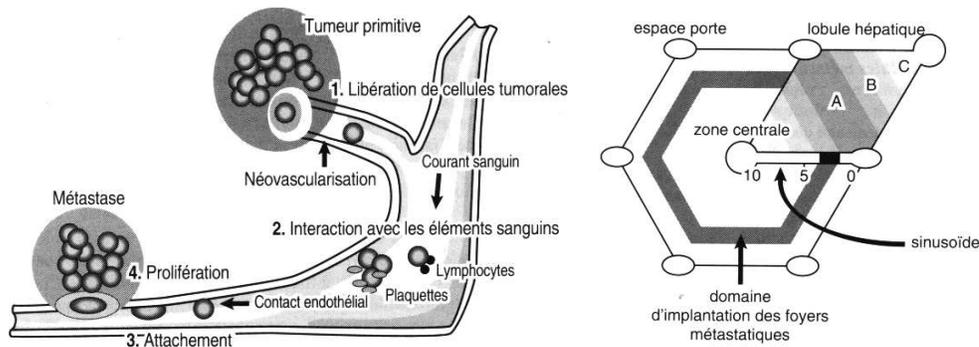


FIG. 1.12: Mode de prolifération des métastases hépatiques. A gauche, schéma représentant une prolifération classique à partir d'une tumeur primitive. A droite, domaine d'implantation des métastases. On remarque que cette implantation n'atteint pas les veines centrolobulaires.

de Riberolles et Bismuth, 1989)) montrent que ces exérèses ou segmentectomies, peuvent être réalisées sur plusieurs segments anatomiques simultanément. On comprend alors l'importance d'une délimitation précise des segments anatomiques, car ils deviennent dans le cas d'infection tumorale, l'unité d'intervention chirurgicale (voir figure 1.13).

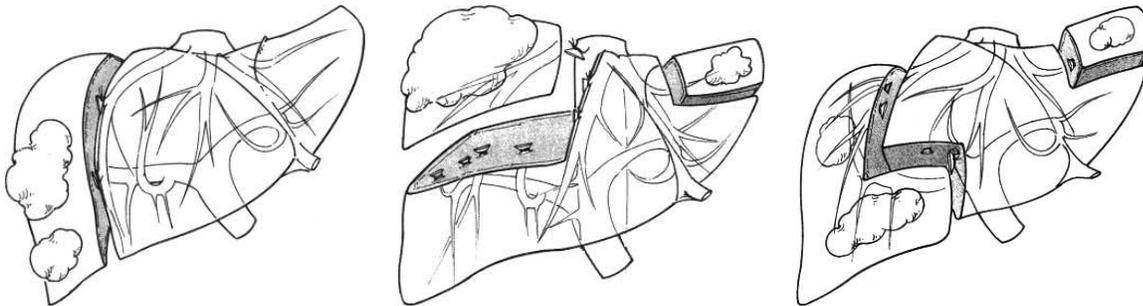


FIG. 1.13: Trois exemples d'exérèse. A gauche, exérèse des segments VI et VII. Au centre et à droite, segmentectomies bilobulaires. Au centre, exérèse des segments II, VII et VIII. A droite, exérèse des segments II, V, VI et VII.

1.5 Conclusions

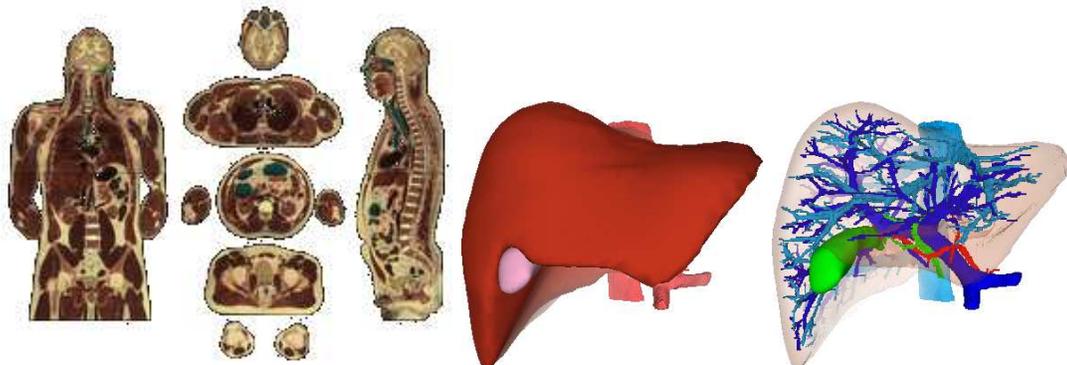
Le foie est donc un organe très complexe qui est responsable d'un très grand nombre de fonctions vitales à l'organisme. Une intervention chirurgicale nécessite une connaissance détaillée de son anatomie. Dans le cas d'infections tumorales par exemple, la délimitation en segments est une information nécessaire à son opération. Cette segmentation ne peut être précise que si elle est réalisée à partir de la veine porte. L'imagerie médicale est la seule à pouvoir fournir cette information, mais il est parfois difficile de l'interpréter. Nous nous proposons donc par la suite, de récupérer automatiquement cette information contenue dans l'image, afin de fournir une segmentation précise du foie.

Chapitre 2

Construction d'un modèle

Nous allons construire dans ce chapitre, un modèle de foie qui servira de référence par la suite. Ce modèle est fondé sur les données du visible man de la National Library of Medicine. Nous étudierons tout d'abord ces données, puis les méthodes que

nous avons employées pour en retirer les informations qui concernent l'anatomie du foie. Nous verrons ensuite le modèle géométrique que nous avons utilisé pour stocker ces informations. Nous terminerons enfin par une présentation des résultats de cette construction.



2.1 Méthodologie

Nous devons créer un modèle de référence du foie, de ses vaisseaux, des canaux biliaires et de la vésicule biliaire. Il sera utilisé pour l'entraînement au geste opératoire et doit de ce fait être le plus précis possible. Nous souhaitons que ce modèle soit réaliste et proche d'un véritable patient. Il est donc nécessaire de choisir les données que nous allons utiliser, la méthode de traitement permettant d'en retirer l'information utile, mais également le modèle géométrique qui nous permettra de modéliser les structures anatomiques.

2.1.1 Un patient de référence : le '*visible man*'

La 'National Library of Medecine'¹, ou NLM, est la plus grande banque de données médicales du monde. Un des plus important projet initié par la NLM, est le "Visible Human Project"². Il a pour but de générer une collection d'images digitalisées du corps humain à usage didactique et de recherche. A l'époque de notre étude, la base de données du projet était constituée depuis 1993, du corps entier d'un homme âgé de 39 ans, appelé le '*visible man*' (voir figure 2.1). Elle a été complétée, depuis 1996, par le corps d'une femme, la '*visible woman*' (voir figure 2.2).

Les données de cette base, sont constituées d'images scanographiques, de photographies et d'IRMs (voir figure 2.3). Les images scanographiques représentent un ensemble de coupes axiales du corps entier, espacées de 1 mm. Les photographies, quant à elles, ont été réalisées après cryogénéisation puis découpage du corps en coupes axiales de 1 mm d'épaisseur. La résolution de ces images sur chaque coupe est de 2048x1216 pixels. Les 1878 coupes obtenues dans ces deux modalités, ont l'avantage de coïncider, ce qui offre une possibilité de comparaison très intéressante. Le foie de l'homme est présent sur 183 de ces coupes, et a donc une hauteur de 18,3 centimètres.

Nous avons choisi d'utiliser ces données pour créer le modèle de référence. Notre choix a été principalement motivé par la qualité et la diversité des images permettant de visualiser l'anatomie interne d'un corps humain. Le visible man était de plus, un patient physiquement sain. Ces images nous permettent donc de vérifier les deux contraintes de précision et de réalisme que nous nous sommes imposés. Les données de la femme n'étaient pas disponible à l'époque de notre choix, mais il est évident qu'il serait utile de réaliser le même travail à partir de ces données, de façon à avoir un modèle de référence féminin. Enfin, il est important de noter que depuis la création de nos modèles, plusieurs travaux similaires ont été réalisés. Notons principalement les travaux de la compagnie américaine 'Visible Production'³ qui offre certainement le modèle les plus précis aujourd'hui.

1. NLM : www.nlm.nih.gov .

2. VHP : www.nlm.nih.gov/research/visible .

3. <http://visiblep.com/> .

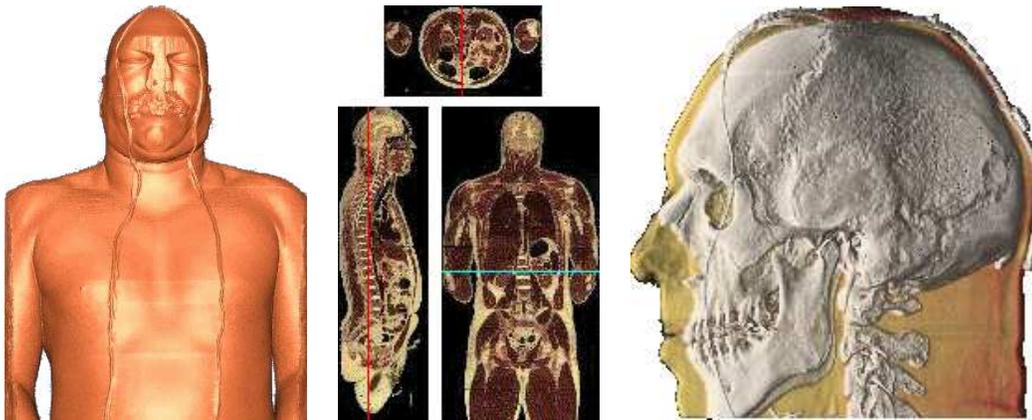


FIG. 2.1: La 'visible man': vue du buste (à gauche), vue d'une coupe axiale, sagittale et coronale (au centre) et vue de son crâne par transparence (à droite).

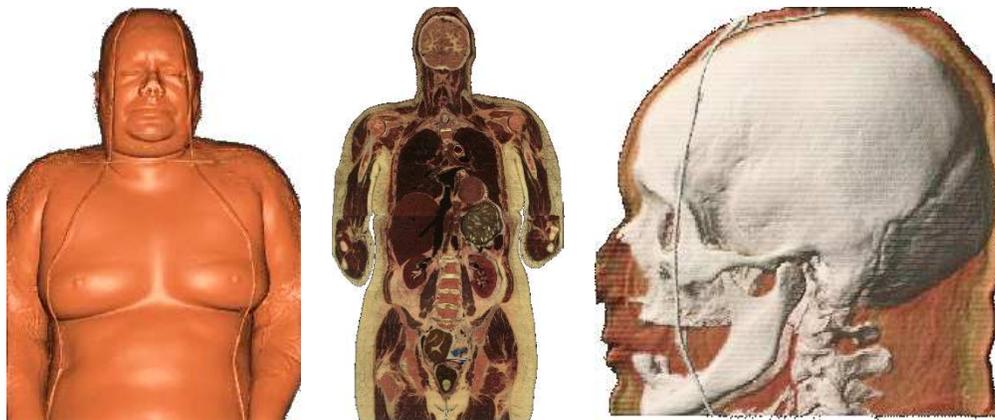


FIG. 2.2: La 'visible woman': vue du buste (à gauche), vue d'une coupe coronale (au centre) et vue de son crâne par transparence (à droite).

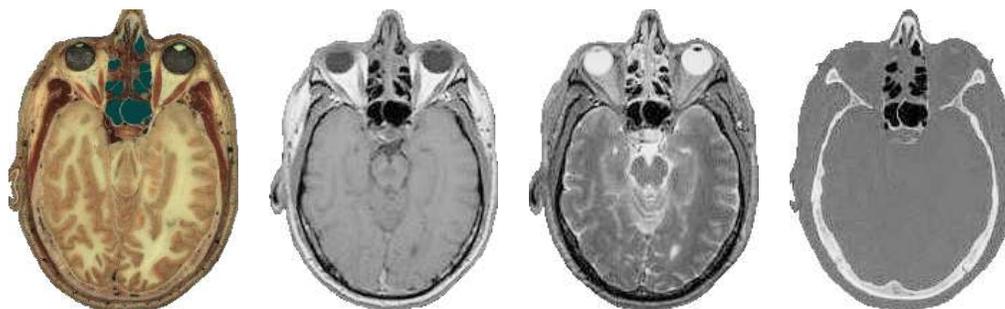


FIG. 2.3: De gauche à droite vue d'une coupe cryogénique, IRM T1, IRM T2 et scanner X du cerveau du 'visible man'.

2.1.2 Méthodes de segmentation

Retirer l'information utile des données signifie segmenter et classifier les différentes structures de l'image, que nous souhaitons modéliser. Nous verrons dans le chapitre 4, qu'il existe un grand nombre de méthodes automatiques permettant de segmenter et de classifier les images. Nous avons cependant choisi d'utiliser des méthodes semi-automatiques ou manuelles, de façon à ce que le résultat soit le plus précis possible et ne contienne aucune erreur. De plus, parmi les images en coupes que nous avons, nous avons préféré les photographies couleurs, en raison de leur résolution exceptionnelle et du contraste important entre le foie et les organes voisins (voir figure 2.4). Ce travail réalisé en collaboration étroite avec l'IRCAD, et en grande partie par Jean-Marie Clément⁴, a été progressivement validé par les chirurgiens, assurant ainsi l'absence d'erreur. Nous allons maintenant voir les méthodes que nous avons employées pour chacune des structures anatomiques que nous souhaitons retirer, c'est-à-dire le foie et la vésicule biliaire, en terminant par les différentes arborescences.

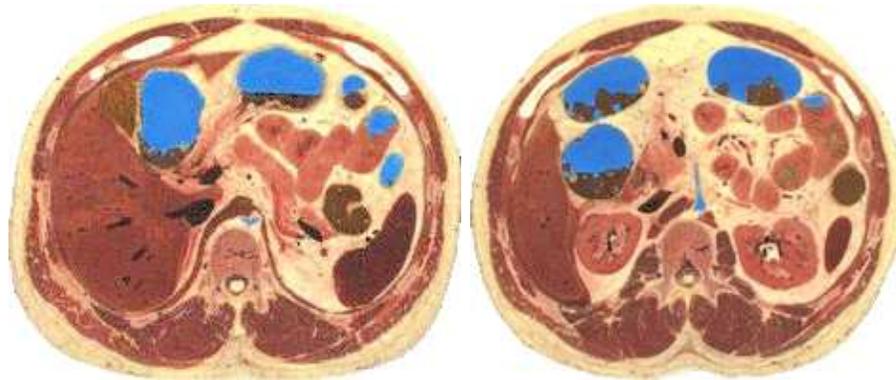


FIG. 2.4: Photographies de deux coupes axiales du 'visible man' au niveau du foie. On remarque le contraste important existant entre le foie (à gauche sur les images) et les tissus voisins.

2.1.2.1 Segmentation de l'enveloppe du foie et de la vésicule biliaire

Le foie est la structure anatomique la plus volumineuse que nous souhaitons segmenter. Nous l'avons vu précédemment, son parenchyme est fortement contrasté sur les images photographiques, par rapport aux tissus voisins. Ces propriétés nous ont poussé à ne pas réaliser une méthode de segmentation entièrement manuelle qui serait très coûteuse en temps, mais plutôt semi-automatique. En premier lieu, nous avons réduit l'image initiale à une région d'intérêt contenant le foie, puis imité le nombre de coupes initiales en ne conservant qu'une coupe sur 5 (voir figure 2.5). Cette opération a permis de passer d'une résolution de 2048x1216x180 à une résolution de 640x640x38, plus facile à traiter mais suffisamment détaillée pour permettre une extraction précise du contour du foie.

4. Ingénieur de recherche à l'IRCAD.



FIG. 2.5: Réduction de l'image initiale (à gauche), à la région d'intérêt contenant le foie (à droite).

Cette réduction de l'image une fois effectuée, nous avons utilisé une technique à base de “snake” (Kass et al., 1987), sur chacune des coupes de l'image. Cette opération semi-automatique nous a permis de récupérer le contour du foie plus rapidement qu'une opération entièrement manuelle et plus précisément qu'une méthode entièrement automatique (des corrections locales pouvant être réalisées manuellement). A partir de ce contour, on peut créer une image binaire en donnant à chaque pixel à l'intérieur du foie la valeur 1, et à chacun des pixels à l'extérieur du foie la valeur 0 (voir figure 2.6).

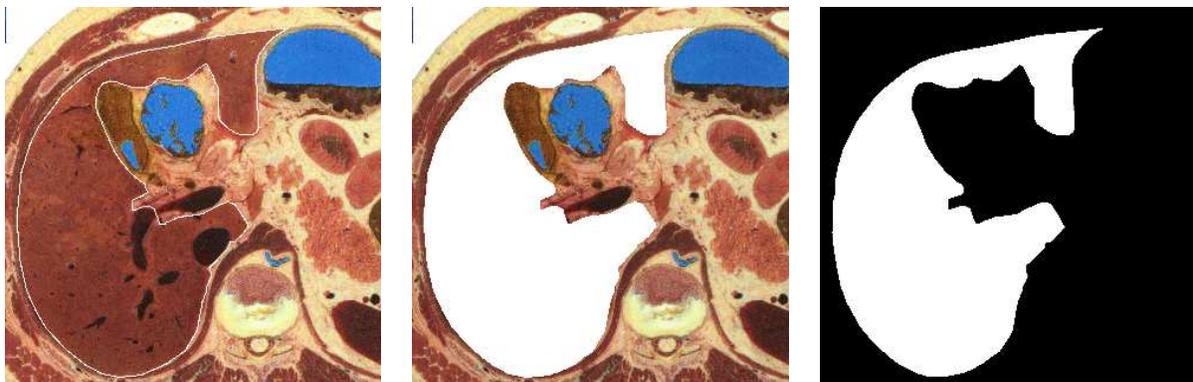


FIG. 2.6: Segmentation du foie vue sur une coupe. A gauche, résultat de l'extraction du contour du foie. Au centre remplissage de l'intérieur du foie. A droite, image binaire obtenue.

La forme de la vésicule et son contraste important avec les tissus avoisinant, permettent d'utiliser la même méthode de segmentation que nous avons utilisée pour le foie. La réduction de l'image est réalisée sur la même fenêtre de 640x640, en conservant toutes les coupes qui contiennent la vésicule biliaire. La segmentation réalisée permet d'obtenir un contour très précis (voir figure 2.7).

2.1.2.2 Segmentation des arborescences

Les arborescences nécessitent une segmentation d'un autre type. En effet, leurs formes allongées et fines ainsi que leur topologie complexe, rendent difficile l'usage de 'snake'. Nous allons étudier



FIG. 2.7: *Segmentation de la vésicule biliaire vue sur une coupe. A gauche, résultat de l'extraction du contour de la vésicule biliaire. Au centre, remplissage de l'intérieur de la vésicule. A droite, image binaire obtenue.*

les différentes étapes de cette segmentation.

Tout comme pour le foie, nous avons tout d'abord réduit l'image à la région d'intérêt (zone de 640x640 pixels). Par contre, la dimension relativement faible des arborescences, pouvant descendre au millimètre d'épaisseur, nécessite une précision maximale et interdit le retrait de coupes. L'image une fois réduite, a une dimension de 640x640x183. Nous avons ensuite gardé de l'image que la composante rouge. Cette opération permet d'augmenter le contraste entre les vaisseaux apparaissant en sombre et le parenchyme plus clair (voir figure 2.8).

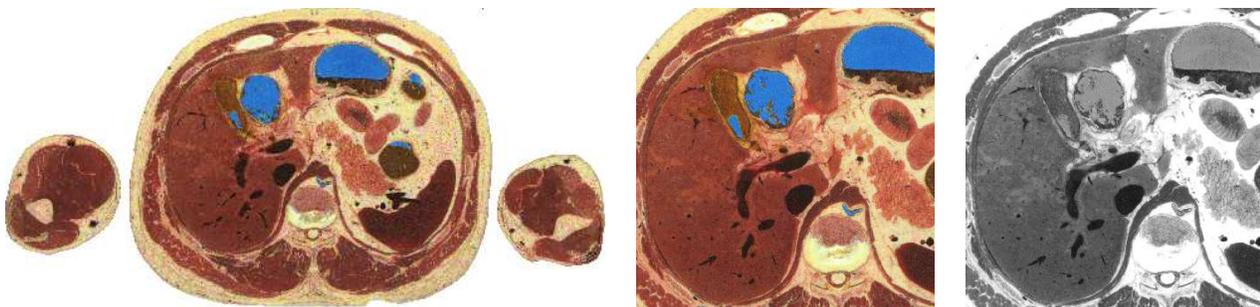


FIG. 2.8: *Réduction de l'image initiale (à gauche) à la région d'intérêt (au centre) et conservation de la composante rouge uniquement (à droite).*

La méthode de segmentation employée à partir de cette image 3D, est un seuillage global, où les seuils sont choisis manuellement. Le résultat de ce seuillage est cependant imparfait et irrégulier suivant les coupes. Ceci est du à une variation des intensités des différents tissus d'une coupe à l'autre. Pour corriger ces variations, nous avons homogénéisé les intensités à partir de l'analyse des intensités du parenchyme. Il est possible d'extraire les voxels du parenchyme, en utilisant le résultat de la segmentation du foie et en retirant à l'intérieur de celui-ci les arborescences résultant

du seuillage. L'homogénéisation est obtenue en égalisant les moyennes et les variances des intensités d'une coupe à l'autre. Cette opération permet d'améliorer l'image et également le résultat du seuillage.

Après seuillage, plusieurs réseaux sont présents dans l'image binaire : le réseau porte, le réseau sus-hépatique, le réseau sous-hépatique, le réseau artériel et les canaux biliaires (voir figure 2.9). Les réseaux veineux plus volumineux sont les plus faciles à repérer visuellement. Les réseaux artériels et biliaires quant à eux, sont souvent trop petits et peuvent de ce fait être confondu avec le réseau porte voisin. Nous avons opté pour un étiquetage manuel des branches, coupe par coupe, avec correction manuelle de la segmentation lorsque cela était nécessaire. Cette méthode semi-automatique quelque peu complexe, nous a permis d'obtenir les réseaux veineux avec une très forte précision. Ce n'est pas le cas de l'artère hépatique que nous avons due segmenter entièrement manuellement. Nous avons également ajouté manuellement les plus petites branches du réseau biliaire.

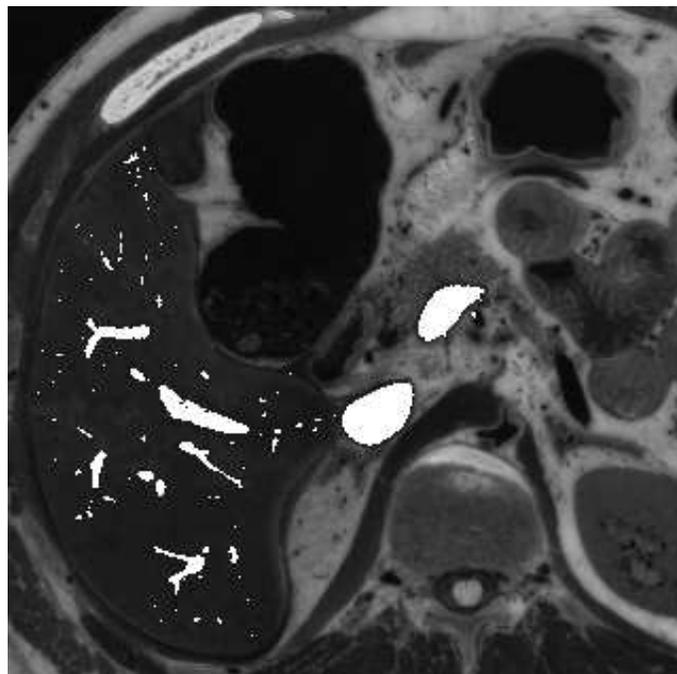


FIG. 2.9: Résultat du seuillage de l'image donnant les différentes arborescences du foie (en blanc en surimpression).

2.1.3 Modèle géométrique

A partir des images binaires issues de la segmentation des différentes structures anatomiques, nous souhaitons créer des modèles géométriques représentant ces structures. La solution la plus courante et la plus économique en espace mémoire, consiste à modéliser leur surface, car cela permet de réduire considérablement la taille des données. Il existe plusieurs méthodes permettant de

calculer la surface des structures ainsi que plusieurs représentations géométriques de ces structures (maillage à base de triangles, de polygones, etc).

L'extraction de la surface d'un objet à partir d'une image volumique, peut être réalisée par différentes techniques. Parmi les méthodes existantes, nous n'en retiendrons que deux : la première est basée sur l'algorithme des *marching cubes* (Lorenson et Cline, 1987), la seconde consiste à utiliser un modèle déformable de type *snake* (McInerney et Terzopoulos, 1993; Kass et al., 1987) mais en trois dimensions. L'objectif est de trouver un maillage modélisant la frontière définie par rapport à un seuil I , entre le fond de l'image (intensité $< I$) et la structure (intensité $\geq I$). On appelle cette frontière l'iso-surface, ou surface d'iso-intensité.

La méthode des *marching cubes* tout d'abord, calcule l'iso-surface en considérant les voxels comme les sommets d'une grille tridimensionnelle, composée de cellules parallélépipédiques. Ces sommets sont alors étiquetés à 1, s'ils appartiennent à la structure (intensité du voxel $\geq I$) ou à 0, s'ils appartiennent au fond (intensité du voxel $< I$). Les cellules de la grille composées de sommets ayant des étiquettes différentes, sont donc situés, par définition, à l'interface entre le fond de l'image et la structure. Les sommets des iso-polygones sont obtenus à partir de ces cellules, par une interpolation tri-linéaire permettant d'obtenir une précision sub-voxel (Thirion et Gourdon, 1995). Une telle précision présente deux inconvénients. Le premier est l'effet "marches d'escaliers" sur les images possédant une forte anisotropie (voir figure 2.10, a). Le second est le trop grand nombre de polygones générés par cette méthode, alors qu'un nombre réduit serait suffisant (voir figure 2.10, b).

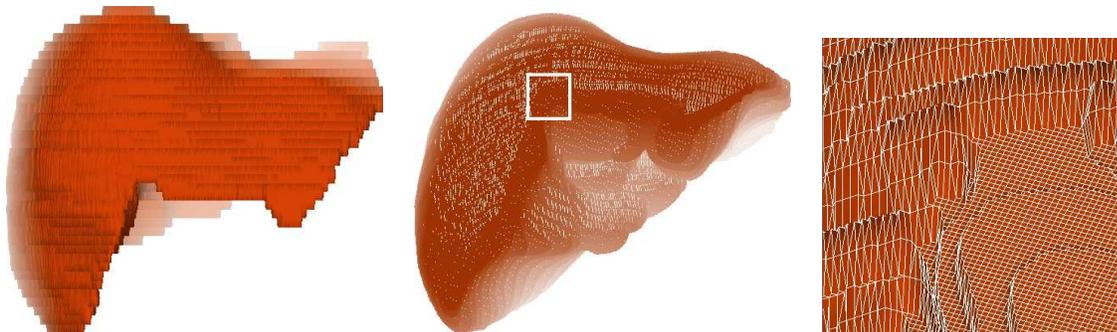


FIG. 2.10: Résultat de l'extraction de l'iso-surface du foie. A gauche, effet "marches d'escalier" visible sur une visualisation en surface pleine. Au centre, visualisation en fil de fer et à droite, zoom sur la région encadré au centre. On peut remarquer la précision extrême du maillage.

Les méthodes à base de modèles déformables, partent d'un maillage prédéfini et le déforment au contour de l'objet. Parmi l'ensemble des modèles utilisés pour la représentation de surfaces, les triangulations et les grilles régulières sont les plus courantes. Si les triangulations offrent un raffinement ou une décimation plus facile, la connexité variable de leurs sommets rend le formalisme de déformation ou les processus de régularisation plus complexes que pour les grilles

régulières. En effet, ces dernières peuvent être représentées par des B-splines et leurs déformations facilement calculées. Par contre leur connexité ne peut pas être localement modifiée contrairement au triangulation. Enfin, elles ne permettent pas de représenter certaines surfaces dont la topologie entraîne la présence de pôles sur le maillage.

Le maillage simplexe, introduit par (Delingette, 1994), représente une alternative aux deux modèles précédents. Défini comme dual d'une triangulation, sa principale propriété sera la connexité constante entre les sommets (chaque sommet a exactement trois voisins). La dualité est définie précisément par l'échange des triangles en sommets, des arêtes en arêtes et des sommets en cellules de forme polygonale (cf. figure 2.11). Il est important de noter que, si les maillages simplexes et les triangulations sont topologiquement duaux, il ne le sont pas au niveau géométrique. Par conséquent, on ne peut pas définir d'isomorphisme transformant un maillage simplexe en une triangulation.

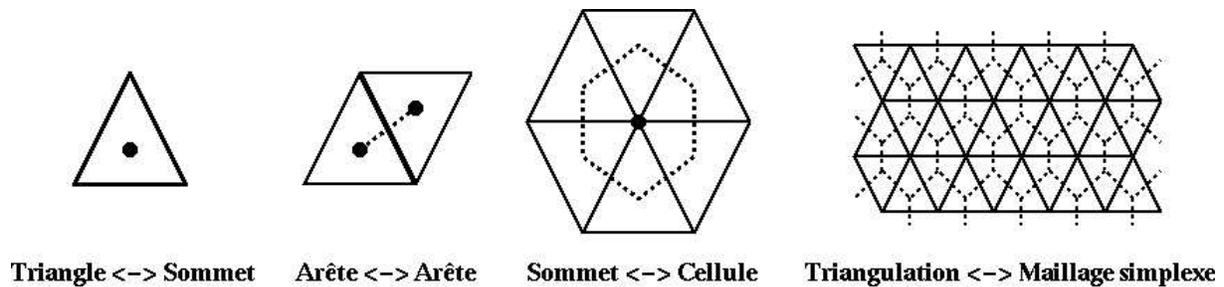


FIG. 2.11: Définition de la dualité entre une triangulation (lignes pleines) et un maillage simplexe (lignes pointillées).

De plus, le maillage simplexe est un modèle déformable que l'on peut considérer comme une extension tridimensionnelle du *snake*. Ainsi, il peut être déformé sous l'action de forces de régularisation et de forces externes. Il est également un maillage adaptatif, permettant, par exemple, d'avoir une densité de sommets plus importante aux endroits de forte courbure. Il peut enfin être décimé ou raffiné, en fonction de la distance des sommets aux données. L'ensemble de ces caractéristiques en font un modèle très utile pour la segmentation à base de modèles déformables (Delingette, 1998; Delingette, 1997).

La modélisation de la surface pourra alors être réalisée de deux façons. La première consiste à déformer un maillage de référence, que nous avons choisi initialement sphérique, aux contours de la structure. Sans traitement supplémentaire, le nombre de sommets du maillage final est connu puisqu'égal à celui du maillage initial. Il est intéressant de comparer le résultat obtenu entre une iso-surface et un maillage simplexe. Sur le foie par exemple, le premier fournit une image de 94000 polygones avec un effet de 'marches d'escaliers'. Le second à partir de seulement 14000 polygones, fournit une image très détaillée et plus lisse (voir figure 2.12). L'adaptation automatique en fonction

de la courbure permet de plus une augmentation des sommets dans les zones où une précision plus importante est utile.

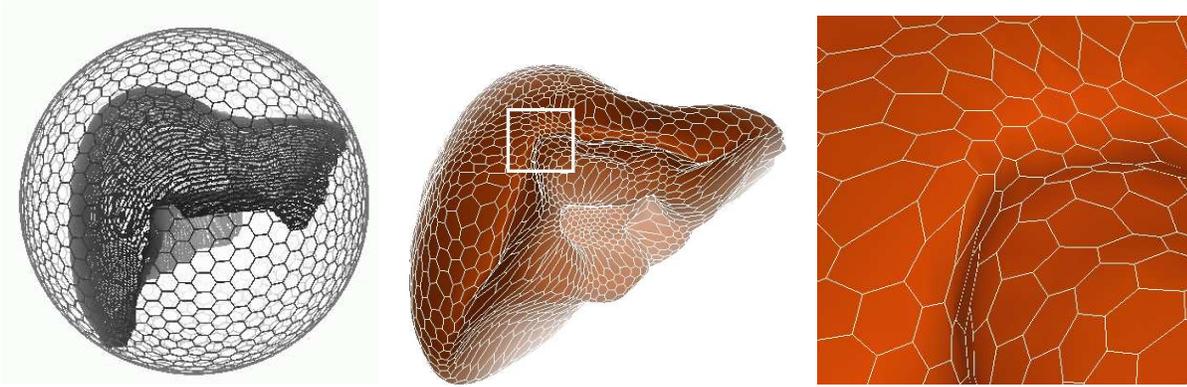


FIG. 2.12: *Calcul de la surface du foie par déformation d'un maillage simplexe sphérique aux contours du foie (à gauche). Au centre, après déformation résultat de la modélisation et à droite, zoom sur la région encadrée au centre. On remarque que le nombre de polygones est bien moindre que par une iso-surface.*

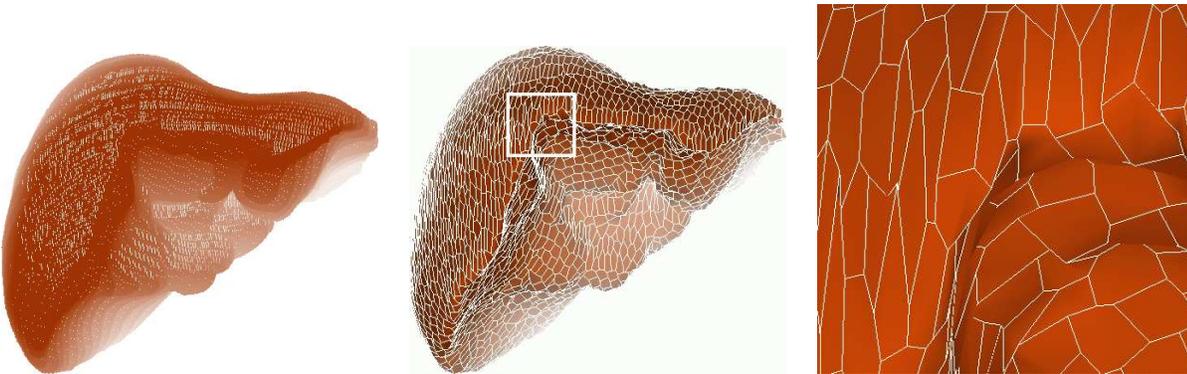


FIG. 2.13: *Résultat du calcul de la surface du foie par une iso-surface (à gauche) transformée en maillage simplexe puis décimé (au centre). A droite, zoom sur la région encadrée au centre. On remarque la différence de répartition des cellules du maillage par rapport à la méthode précédente (voir figure 2.12).*

La seconde méthode consiste à transformer par dualité le maillage triangulaire issu du calcul de l'iso-surface, puis de décimer ce maillage en utilisant ses propriétés (Delingette, 1998; Delingette, 1997). Après adaptation, le maillage obtenu sera plus lisse que le maillage initial et ses sommets seront mieux répartis (voir figure 2.13). Contrairement à la sphère, cette méthode permet de partir d'un maillage ayant une forme proche de l'objet. Elle est par contre plus longue puisqu'elle part d'une iso-surface pour ensuite décimer le maillage. On l'utilisera donc principalement dans le cas de formes complexes, comme les vaisseaux par exemple.

2.2 Résultats

La segmentation suivi d'une modélisation à base de maillages simplex que nous avons réalisée, permet une visualisation très précise de l'ensemble des structures du foie (voir figure 2.14).

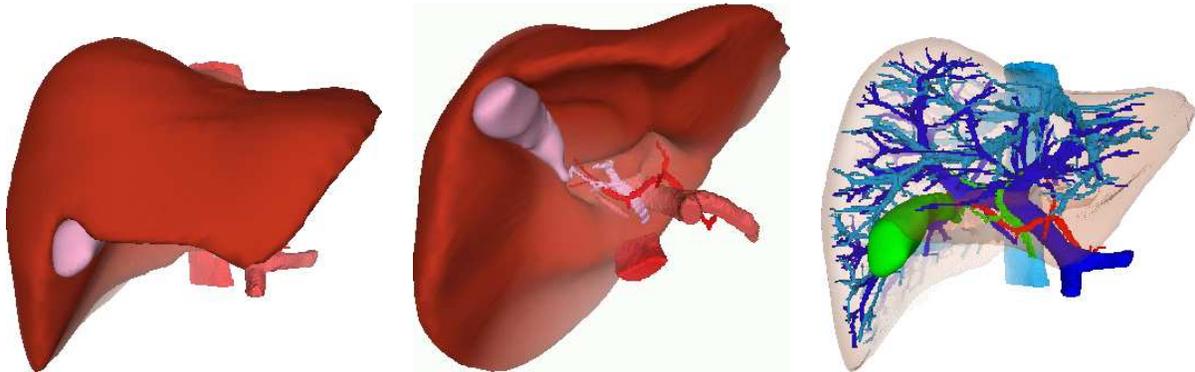


FIG. 2.14: *Visualisation en surface pleine des différentes structures du foie en vue antérieure (à gauche), en vue antéro-inférieure (au centre) et en vue antérieure avec le foie en transparence (à droite). On remarque la vésicule biliaire et les différentes arborescences.*

En ce qui concerne le foie et la vésicule biliaire, on peut augmenter le réalisme des images fournies en ajoutant une texture récupérée sur des images réelles provenant d'interventions par laparoscopie (voir figure 2.15 et 2.16). Ces textures offrent un plus grand réalisme mais sont, en contre partie, coûteuses en temps de calcul.

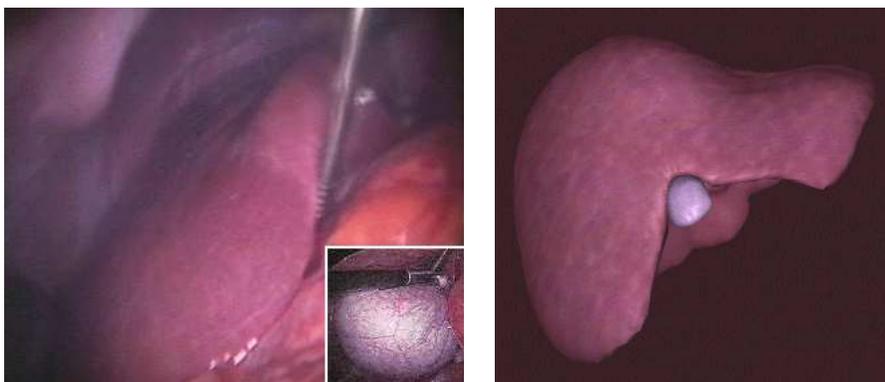


FIG. 2.15: *Utilisation de la texture issue des images d'opération laparoscopique (à gauche), sur le modèle du foie (à droite).*

La segmentation des arborescences permet une visualisation précise des réseaux veineux (voir figure 2.17), mais également les réseaux voisins de la veine porte, c'est-à-dire l'artère hépatique et les canaux biliaires (voir figure 2.18). Depuis l'élaboration de notre modèle, d'autres travaux

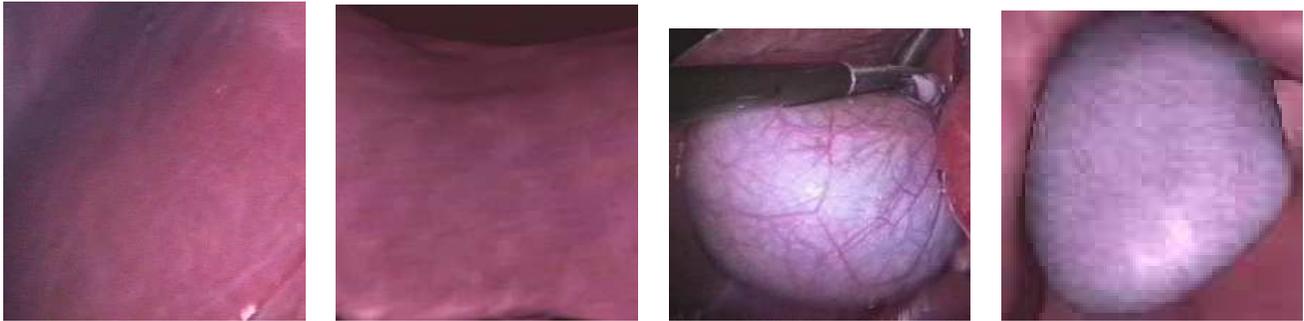


FIG. 2.16: *Comparaison entre des images réelles d'opération par laparoscopie et des images de nos modèles texturés, pour le foie (deux images de gauche) et la vésicule biliaire (deux images de droite).*

similaires ont été réalisés. A l'époque de sa création notre modèle était le plus détaillé que l'on pouvait rencontrer. Il est aujourd'hui devancé en précision par le modèle de la 'Visible Production'⁵, mais reste supérieur à celui résultant des récents travaux de (Fasel et al., 1998a) par exemple (voir figure 2.19).



FIG. 2.17: *Les différents réseaux veineux segmentés : en vue antérieure, le réseau porte (à gauche) et le réseau sus-hépatique (au centre); en vue postérieure le réseau sous-hépatique (à droite).*

La qualité de ces résultats permet de réaliser un découpage de l'enveloppe du foie en 8 segments selon la définition de (Couinaud, 1957), en utilisant les repères définis à partir des veines porte et sus-hépatiques (voir figure 2.20). Nous verrons dans le chapitre 7 comment mieux utiliser les informations issues de notre modélisation pour obtenir une segmentation encore plus précise et répondant aux remarques que nous avons faites dans le paragraphe 1.3.2.

2.3 Conclusions

Nous avons donc réalisé une modélisation d'un foie qui peut être utilisé pour l'entraînement au geste opératoire (Cotin, 1997). Nous verrons par la suite, que ce modèle servira également à la

5. <http://visiblep.com/> .

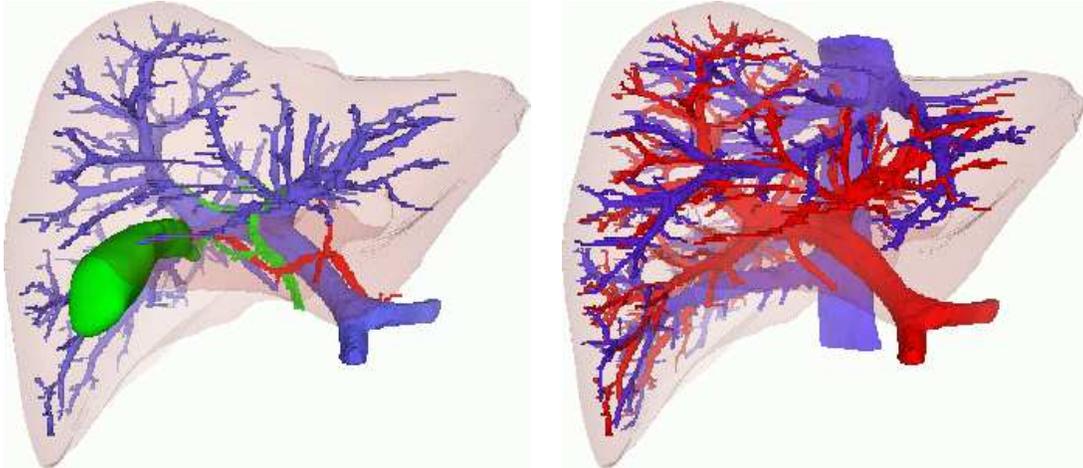


FIG. 2.18: *Les différentes arborescences voisines de la veine porte. A gauche, l'artère hépatique (en rouge) et les canaux biliaires (en vert). A droite, le voisinage sus-hépatique (en bleu) de la veine porte (en rouge).*



FIG. 2.19: *Comparaison entre notre résultat (à gauche) et deux autres résultats de modélisation plus récents. Au centre, le modèle de la Visible Production. A droite, veine porte résultant des travaux de segmentation de ???. Notre modèle reste un des plus précis disponibles aujourd'hui.*

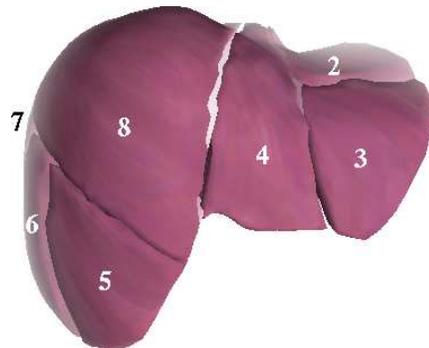


FIG. 2.20: *Découpage du foie selon la définition usuelle des 8 segments de Couinaud.*

segmentation à partir d'image scanner X. C'est cette segmentation, plus complexe, que nous allons maintenant aborder dans la seconde partie de cette thèse.

Deuxième partie

EXTRACTION DES STRUCTURES
ANATOMIQUES DU FOIE

Chapitre 3

Imagerie du foie

Dans ce chapitre, nous allons donner un aperçu des différentes techniques d'imagerie médicale. Nous détaillerons plus particulièrement les méthodes de visualisation du foie et de son anatomie

interne. Nous décrivons ensuite les modalités des images des deux bases de données que nous avons utilisées au cours de nos travaux, avant de conclure par une analyse de la modalité optimale.



3.1 L'imagerie médicale

Donnant des images du corps rendu transparent, l'imagerie médicale permet d'analyser les tissus par des média extrêmement divers. La signification physique de l'image varie énormément suivant la méthode utilisée :

- la radiographie et le scanner fournissent une image dépendant de l'épaisseur des différents tissus et de la valeur des numéros atomiques des atomes les constituant,
- l'échographie visualise les différences d'impédance acoustique des tissus traversés,
- l'IRM visualise les temps de relaxation des atomes d'hydrogène,
- l'imagerie nucléaire visualise le rayonnement gamma émis par un traceur radioactif injecté dans l'organisme.

Dans ces différentes modalités, on comprend bien que les lignes et les différentes nuances de gris auront des significations très différentes et ne refléteront qu'un aspect très partiel de la réalité anatomique. Pour mieux appréhender ces différentes méthodes, nous avons réalisé une synthèse de différents rapports concernant l'imagerie médicale dans son ensemble (Duvaufferrier, 1996; Le Bas, 1995; Ramee et al., 1995; Solacroup et Grenier, 1995) et plus particulièrement au niveau du foie (Gandon et Marcorelles, 1996; Mathieu, 1995; Vilgrain, 1995; Tubiana et al., 1992). Cette synthèse nous permet de décrire les principes essentiels de ces techniques. De plus, elle permet de comprendre le choix de la modalité utilisée pour visualiser le foie, ses vaisseaux et ses éventuelles lésions. Les illustrations utilisées dans ce chapitre proviennent principalement du serveur multimédia du CERF¹, mais également de notre propre base de données médicales fournie par nos collaborateurs de l'IRCAD² et de l'hôpital de Mulhouse. S'ajoutent à ces sources les serveurs Gyneweb³ d'échographie 3D et "Liver Tutorial" (LT)⁴.

3.1.1 Radiographie et scanner X

L'image radiologique est obtenue par atténuation d'un faisceau de rayons X qui traverse les différents tissus. Cette atténuation dépend de l'épaisseur des tissus traversés et de leur composition :

- plus l'épaisseur est importante, moins les rayons traversent et plus l'image est blanche.
- plus les tissus contiennent des atomes de numéros atomiques importants, moins les rayons traversent et plus l'image est blanche.

1. CERF : Collège des Enseignants de Radiologie de France (<http://www.med.univ-rennes1.fr/cerf/>).

2. IRCAD : Institut de Recherche contre les Cancers de l'Appareil Digestif.

3. <http://www.gyneweb.fr:80/benoit/Echo3D.html> .

4. <http://cs.sungshin.ac.kr/~med/MEDICINE/Liver/livertoc.html> .

D'un point de vue radiologique, la composition des tissus est assez simple et on reconnaît comme corps élémentaires l'air, la graisse, l'eau et l'os. Ces corps, du fait de leur composition atomique, atténuent différemment le faisceau de rayons X : l'air moins que l'os et l'eau plus que la graisse.

L'épaisseur des organes traversés et leur composition en air, en graisse, en eau et en os feront que l'on aura sur l'image des zones plus ou moins grises (voir exemples sur la figure 3.1). Ces corps fondamentaux induisant une atténuation particulière sont donc peu nombreux. Afin de ne pas être trop limité par ce nombre, on peut utiliser des produits de contraste que l'on injecte alors dans le corps.

Les produits de contraste radiologiques sont à base de métaux lourds (baryum ou iode). On ne retiendra que les hydrosolubles iodés qui sont en règle générale, injectés en intravasculaire. A peu près iso-osmolaires, leur séjour intravasculaire est très bref. Très rapidement, ils se diffusent dans le secteur interstitiel puis sont sécrétés par les reins et excrétés dans l'urine. On les utilise pour opacifier les vaisseaux (angiographie), artères (artériographie) ou veines (phlébographie), mais aussi pour opacifier les cavités urinaires (urographie intraveineuse). Ces produits hydrosolubles peuvent aussi servir à opacifier d'autres cavités comme les cavités articulaires (arthrographie), la cavité utérine (hystérosalpingographie) ou les espaces intraméningés (myélographie et sacroradiculographie).

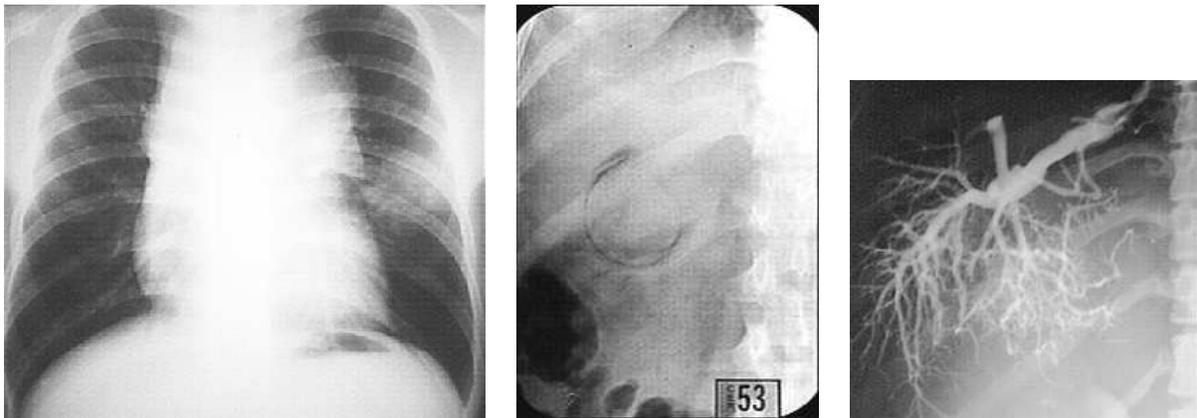


FIG. 3.1: Trois exemples d'images radiographiques. A gauche, radiographie des poumons permettant de repérer une tumeur (tache claire à droite de l'image). Au centre, radiographie abdominale en vue dorsal. On remarque le contour de la vésicule biliaire (de la forme d'un C en sombre) révélant une cholécystite gangréneuse. A droite, radiographie avec produit de contraste injecté dans les veines sus-hépatique du foie. (CERF)

En avril 1972, fut présentée une nouvelle méthode d'imagerie "computerized axial transverse scanning" par Hounsfield (société EMI, éditeur phonographique des Beatles). Dès les premières images, elle constituait un progrès considérable. Son développement fut extrêmement rapide et vers

1976 les principes techniques définitifs étaient fixés. Elle est aujourd'hui la technique d'imagerie 3D la plus utilisée.

L'image scanographique est obtenue à partir des mêmes contrastes fondamentaux que la radiologie conventionnelle (rayons X, air, graisse, eau, os ou produits de contraste). Le mode d'acquisition des images est cependant extrêmement différent : un faisceau de rayons et une couronne de détecteurs tournent autour du corps du patient. Les détecteurs enregistrent une série d'histogrammes correspondant aux profils d'atténuations des tissus de la coupe examinée suivant plusieurs projections. L'ordinateur à partir de ces histogrammes reconstitue les densités élémentaires ayant participé aux atténuations (voir exemples sur la figure 3.2). Ces densités élémentaires dépendent de la composition des tissus et de l'épaisseur des coupes qui peuvent inclure plusieurs tissus de composition différente (appelé effet de volume partiel).

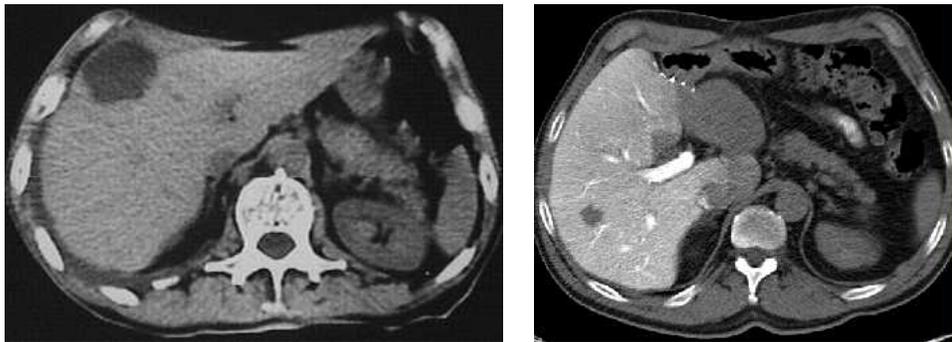


FIG. 3.2: Deux exemples d'images scanners. A gauche une coupe d'un scanner du foie sans produit de contraste. A droite, une coupe d'un scanner du foie avec produit de contraste injecté dans la veine porte. On remarque dans les deux cas la présence de la lésion apparaissant en sombre. (CERF et IRCAD)

Il existe de plus plusieurs types de scanners, résultats de l'évolution progressive des appareils vers une acquisition de plus en plus rapide. On distingue principalement le scanner incrémental du scanner hélicoïdal. Dans le premier cas, la table du scanographe se déplace de manière discontinue entre coupes (mode incrémentiel). Dans le second cas, le déplacement du lit est continu, ce qui entraîne une acquisition continue hélicoïdale permettant une reconstruction en volume (mode hélicoïdal). Ce dernier mode aboutit à la constitution d'une base de données en trois dimensions d'où l'on pourra extraire des coupes dans toutes les directions de l'espace et d'une épaisseur différente du déplacement de table pendant un tour de rotation.

Pour comprendre l'image scanographique, il est essentiel de comprendre la représentation des densités constituant l'image. Ces densités sont en général des valeurs numériques réparties sur une échelle allant de -1000 à +1000, où -1000 correspond à la densité de l'air et où 0 correspond à la

densité de l'eau. Cette échelle est définie à partir de l'unité Hounsfield ou HU, du nom de l'inventeur du scanner. On admet que les densités scanographiques sont au nombre de 2000 niveaux, mais on sait que l'oeil n'est capable de voir que 16 à 32 niveaux de gris. Pour exploiter complètement les informations de l'image, il est donc indispensable de visualiser cette image en segments restreints en choisissant dans les 2000 niveaux d'ouvrir des fenêtres de visualisation de largeur limitée. Enfin, les produits de contraste sont utilisés de la même façon qu'en radiologie conventionnelle ou vasculaire.

3.1.2 Échographie 2D et 3D

C'est Spallanzani qui le premier en 1794 soupçonna l'existence des ultrasons en observant le vol des chauves-souris. En 1880, Curie découvre le principe de la piézo-électricité et le moyen de produire des ondes ultrasonores. Il faut attendre la première guerre mondiale avec Langevin pour que l'homme les utilise à la détection des sous-marins en plongée. La première application médicale quant à elle, est due à Dussik en 1942, pour la recherche d'une déviation des structures médianes intracrâniennes.

L'image échographique est de nature très différente de l'image radiologique ou scanographique, puisqu'il s'agit d'une image par réflexion et non d'une image par transmission. La réflexion du faisceau ultrasonore se fait sur des interfaces constitués par des tissus ayant des impédances acoustiques différentes.

Pour comprendre ce qu'est l'impédance acoustique, le plus simple est de savoir que la vitesse du son dans un milieu est en rapport avec son impédance. En règle générale, la vitesse des sons dans les tissus biologiques est d'environ 1600 mètres par seconde. Cette vitesse est très différente dans l'air (300 m/s) et dans l'os (7000 m/s) ce qui fait que l'interface constitué par ces milieux et les tissus mous constitue une barrière infranchissable aux ultrasons.

Pour qu'une interface soit visible sur l'image, il faut en plus que cette interface soit perpendiculaire au faisceau ultrasonore. C'est dans cette condition que se définira la notion de ligne en imagerie ultrasonore.

En échographie, une zone noire sera une zone sans interface ultrasonore ou zone anéchogène. Généralement en arrière de cette zone on observera un renforcement postérieur correspondant à l'absence d'atténuation du faisceau ayant traversé cette zone alors que le faisceau ayant traversé les zones voisines aura été atténué. L'importance des échos (points blancs) dans les tissus permettra de décrire des tissus hypoéchogènes (peu d'écho), échogènes (avec écho) et hyperéchogènes (réfléchissant la quasi-totalité du signal). La répartition inégale de cette échogénicité dans un même tissu permettra de le décrire comme échographiquement hétérogène. Une structure hyperéchogène peut absorber complètement les ultrasons et générer en arrière d'elle un cône d'ombre, c'est le cas des structures cristallines comme les calculs biliaires par exemple. Par contre, les interfaces

majeurs comme l'air ou l'os créeront une réflexion totale du faisceau qui rebondira entre la sonde et l'interface créant en arrière de l'interface des échos fantômes appelés échos de répétition (voir exemples sur la figure 3.4).

Cette technique d'imagerie présente l'avantage d'être utilisable aussi bien en pré-opératoire qu'en per-opératoire. Elle ne modifie en rien les structures cellulaires et ne présente aucun danger pour le patient comme pour le praticien. Par contre, elle ne fournit qu'une image 2D sur un écran, et seul le mouvement de l'appareil permet une appréhension du volume des objets (voir figure 3.3 a). L'échographie 3D ou volumique, est une technique actuellement bien au point et utilisée sur certains appareils depuis 1994 qui a permis de résoudre ce problème. Elle consiste à visualiser non pas un plan de coupe comme en échographie 2D classique, mais un volume. Ce volume est obtenu à partir d'un échographe externe ou bien à partir d'une sonde échographique interne. Le volume correspond dans le premier cas à un balayage de plans de coupe jointifs, lui donnant une forme de pyramide (voir figure 3.3 b). Dans le second cas, on peut retrouver cette même forme (voir figure 3.3 c), ou bien la forme d'un cône, obtenue par rotation autour de l'axe de la sonde (voir figure 3.3 d). Le temps de balayage varie de 3 à 10 secondes suivant l'importance du volume et la qualité recherchée.

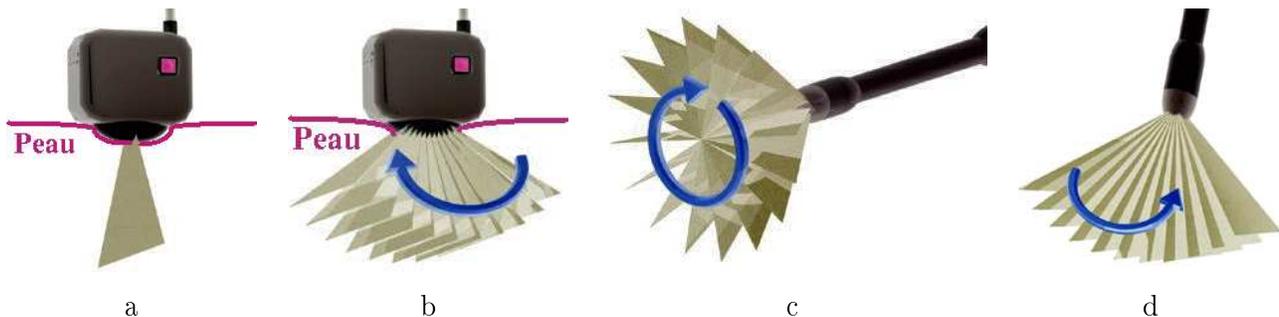


FIG. 3.3: Quatre modes d'échographie. (a) échographe 2D, (b), échographe 3D externe, (c) sonde échographique à balayage angulaire et (d) sonde échographique à balayage rotatif. (Gyneweb)



FIG. 3.4: Trois exemples d'images échographiques. A gauche échographie 2D du foie au niveau de la veine porte (RPV: Right Portal Vein) permettant de repérer les segments V à VIII. Au centre, échographie 2D du foie au niveau des veine sus-hépatique. A droite, échographie 3D externe du foie. (LT, CERF et Gyneweb)

3.1.3 Imagerie par rayonnement magnétique

La résonance magnétique est une technique en développement depuis une cinquantaine d'années. Le phénomène physique a été conceptualisé en 1946 parallèlement par Bloch et Purcell. Ils ont obtenu le prix Nobel en 1952. Cette technique a été largement utilisée par les chimistes, puis les biologistes.

Les premiers développements en imagerie datent des années 1973. Les premières images chez l'homme ont été réalisées en 1979. Aujourd'hui, après 15 ans d'évolution, l'IRM est devenue une technique majeure de l'imagerie médicale moderne, malgré son coût relativement élevé. Potentiellement, elle est appelée encore à des développements importants. En dehors de l'image morphologique avec son intérêt démontré en ce qui concerne le diagnostic, l'IRM permet aujourd'hui d'autres approches : angiographiques, métaboliques (spectrométrie ^1H et spectrométrie phosphore), et fonctionnelles (perfusion tissulaire, volume sanguin cérébral).

La constitution de l'image IRM repose sur l'interaction d'un champ magnétique et d'une radiofréquence sur l'orientation des atomes d'hydrogènes (protons)(voir figure 3.5). L'aimant permet d'orienter tous les protons dans une même direction. Ceux-ci sont ensuite écartés de cette direction grâce à l'énergie donnée par une radiofréquence générée par une antenne. L'émission de l'antenne s'interrompt, les protons reprennent leur position d'équilibre dans le champ magnétique (relaxation) en redonnant de l'énergie qui peut être lue par une même antenne. L'énergie redistribuée peut être décomposée suivant un axe parallèle au champ magnétique (relaxation longitudinale ou T1) ou un axe perpendiculaire au champ magnétique (relaxation transversale ou T2). Les relaxations T1 et T2 des protons dépendent des tissus, ce qui permet d'obtenir deux images de contraste différent. Ces images sont appelées images pondérées T1 et T2 (voir exemples sur la figure 3.6).

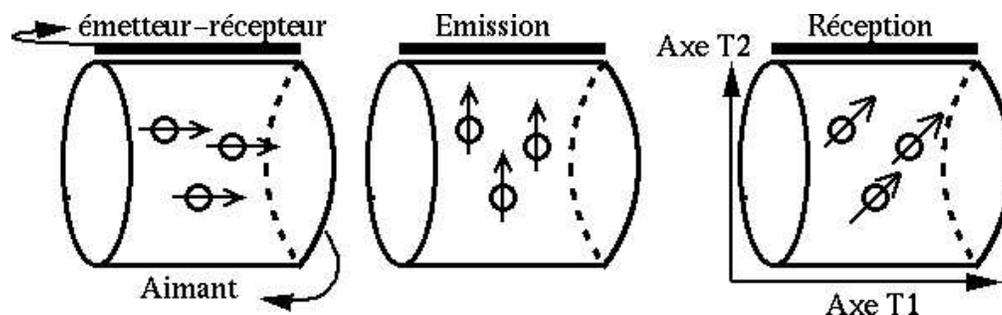


FIG. 3.5: De gauche à droite, les trois étapes successives de la formation d'une image IRM.

Bien que deux visions différentes d'une même structure soient possibles, il peut là encore être intéressant d'utiliser des produits de contraste. Le gadolinium a une biodistribution identique aux contrastes iodés hydrosolubles utilisés en radiologie. On peut donc l'utiliser dans les mêmes condi-

tions en sachant qu'il entraînera une hyperdensité sur les images pondérées en T1 lorsque la structure fixera ce contraste.

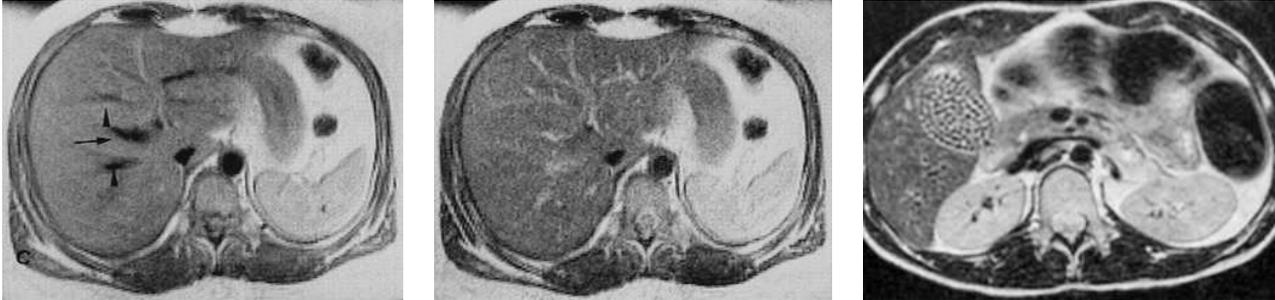


FIG. 3.6: *Trois exemples d'IRM abdominaux. A gauche, IRM T1 du foie et au centre IRM T2 du même foie au même niveau. On peut remarquer la différence des contrastes. A droite, IRM montrant des calculs biliaires multiples dans la vésicule (en haut à gauche). (CERF)*

3.1.4 Imagerie nucléaire ou scintigraphique

Alors que la radiologie cherche surtout à reconnaître l'anatomie, la médecine nucléaire s'intéresse au fonctionnement des organes. Pour réaliser ces images, on injecte un traceur radioactif dans le patient. L'exploration scintigraphique vise alors à déterminer la distribution de ce traceur dans l'organisme. Toute la diversité de la médecine nucléaire provient du large panel de molécules radioactives disponibles. Pour chacune d'entre elles, on connaît la biodistribution et plus particulièrement, les principaux sites de concentration (organes cibles), ainsi que le mode d'élimination (urinaire, digestive, etc...). On choisit alors le traceur en fonction de l'organe et éventuellement de la pathologie que l'on désire explorer. L'iode radioactif émet un rayonnement gamma qui traverse les tissus et peut donc être détecté à l'extérieur de l'organisme. La gamma caméra permet de mesurer ce rayonnement externe et d'obtenir ainsi des informations sur la distribution de la radioactivité interne de l'organisme. Cette distribution (cartographie) est représentée sous forme d'une image appelée scintigraphie ou image SPECT (voir exemple sur la figure 3.7).

La fixation peut ne pas être homogène et on parlera alors d'hyper ou d'hypofixation. Généralement une hypofixation traduit une dévascularisation et une hyperfixation un processus tumoral ou inflammatoire. Les images scintigraphiques ont une résolution plus faible que les scanners ou IRM, et sont visuellement plus flous. L'intérêt de la scintigraphie dans ce contexte est surtout sa grande sensibilité. Certains marqueurs isotopiques sont maintenant capables de se fixer non pas sur un organe mais sur une lésion. Ces scintigraphies sont alors très spécifiques d'une affection.

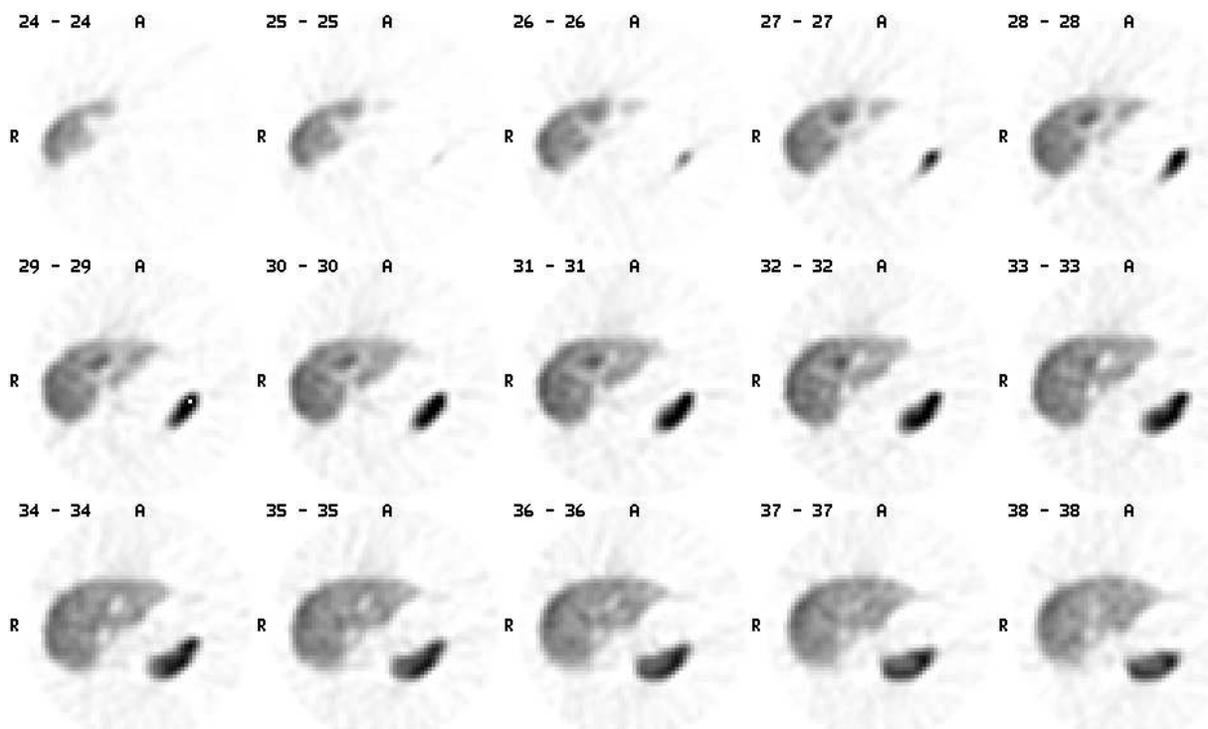


FIG. 3.7: Exemples d'une image SPECT du foie sur plusieurs coupes en négatif. On remarque la tache sombre dans le foie sur les coupes 32 à 37. Il s'agit d'une lésion sur laquelle l'isotope radioactif s'est fixé.

3.2 Imagerie utilisée dans le cas du foie

Toutes les techniques que nous venons de voir sont utilisées dans la pratique pour visualiser le foie, ses vaisseaux ou ses lésions. Elles fourniront cependant des images de qualités très différentes suivant la méthode choisie et suivant ce que l'on cherche à visualiser. Parmi ces techniques, l'IRM et le scanner X sont les deux modes d'imagerie offrant la meilleure résolution tridimensionnelle, tout en permettant la visualisation de l'ensemble des structures (foie, vaisseaux et lésions).

Dans la pratique, l'échographie sert d'examen de référence, permettant une première visualisation du foie. Si l'on repère une image suspecte, on utilise alors une méthode plus précise et généralement le scanner X moins coûteux qu'une IRM et aussi efficace d'après (Tubiana et al., 1992). Nous allons donc limiter notre étude de l'imagerie utilisée sur le foie, au scanner X, qui semblent être aujourd'hui la méthode la plus utilisée, la plus efficace et la moins coûteuse.

Dans le cas du scanner X, 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, 100% de leur apport sanguin par l'artère hépatique. Une injection d'un produit de contraste dans la veine porte permettra de visualiser :

- la veine porte, où le produit de contraste est le plus concentré et donc apparaissant très clair,
- le parenchyme hépatique sain, où le produit de contraste sera moins concentré et apparaissant donc moins clair,
- les lésions, que le produit de contraste n'atteint pas et apparaissant donc sombre.

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 sur-évalué, 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 (a) (dans la figure 3.8) dans l'artère mésentérique supérieure (b), qui est une des

principales branches artérielles de l'aorte abdominale (c). Comme le montre la figure 3.8, à partir de cette artère (b), le sang passe au niveau de l'intestin (d) dans la veine mésentérique supérieure (e), une des deux branches alimentant la veine porte (f). 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 donc de meilleure qualité (voir figure 3.9), mais la technique présente l'inconvénient d'être très invasive et désagréable pour le patient.

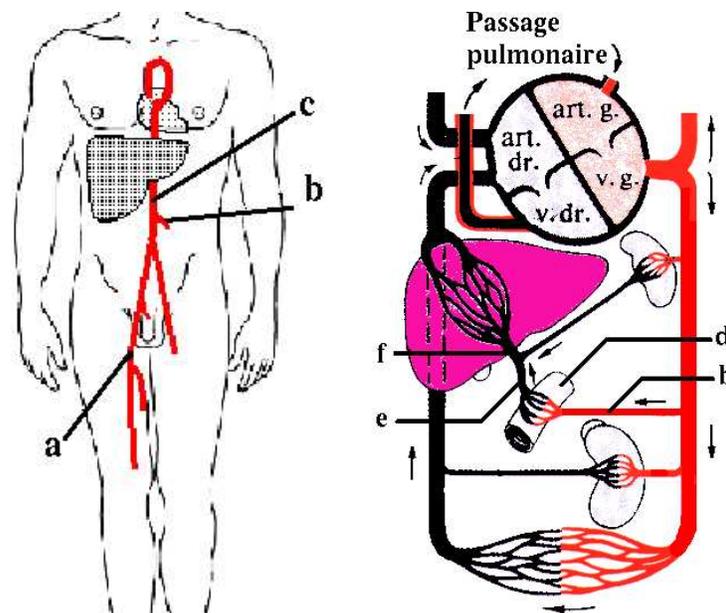


FIG. 3.8: A droite, le circuit emprunté par le cathéter pour réaliser un portoscaner, à gauche le circuit sanguin au niveau du foie. (a) artère fémorale, (b) artère mésentérique supérieure, (c) aorte abdominale, (d) intestin, (e) veine mésentérique supérieure, (f) veine porte.

Pour terminer, 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 (figure 3.10). 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.

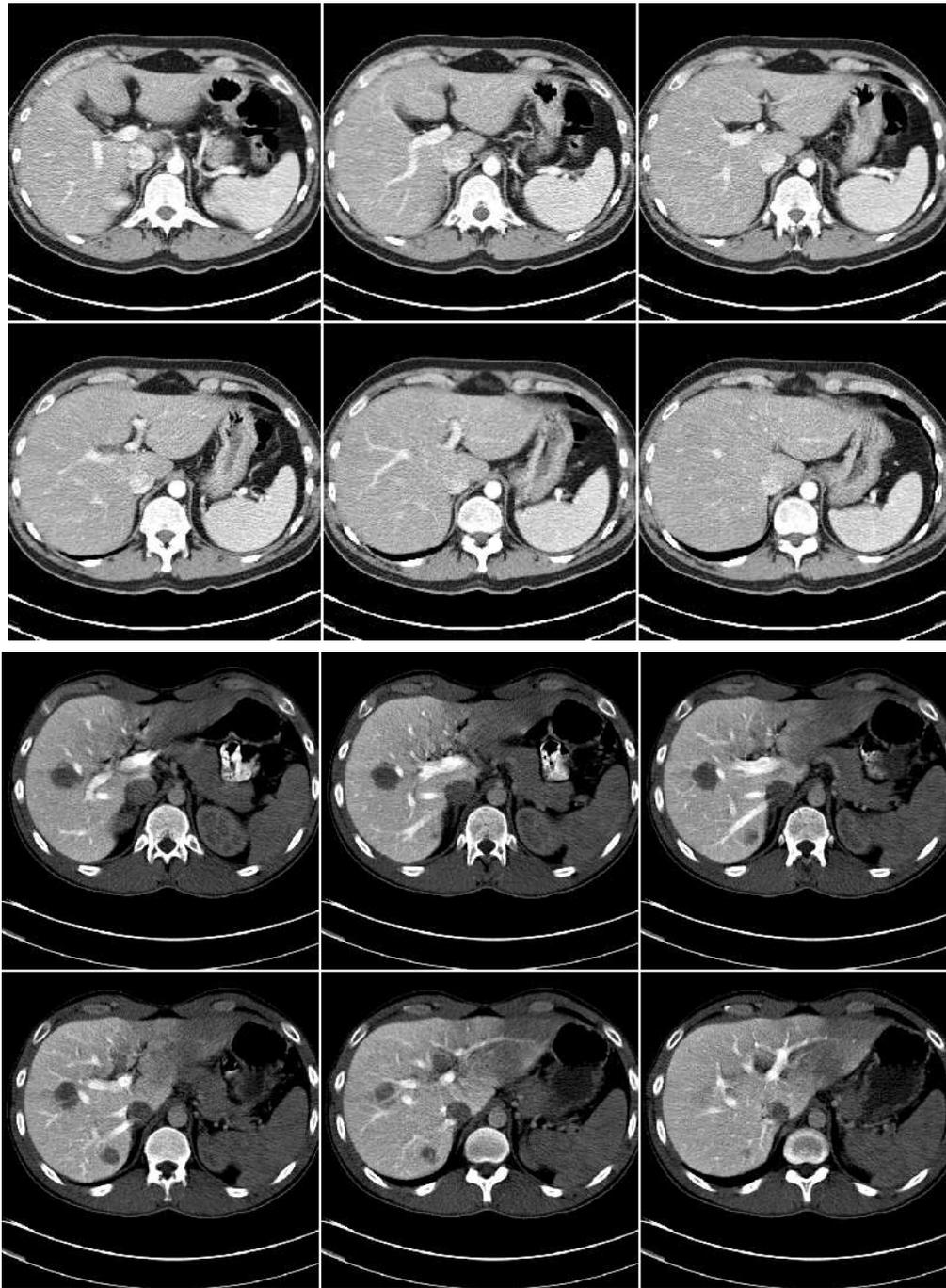


FIG. 3.9: Comparaison entre une angiographie par intraveineuse (en haut) et un portoscanner (en bas) sur 6 coupes successives permettant de visualiser l'entrée de la veine porte dans le foie. On remarque que le contraste dans le cas du portoscanner est plus important que dans le cas d'une angiographie par intraveineuse. De plus, le portoscanner permet la visualisation des branches sus-hépatiques. Images de l'IRCAD.

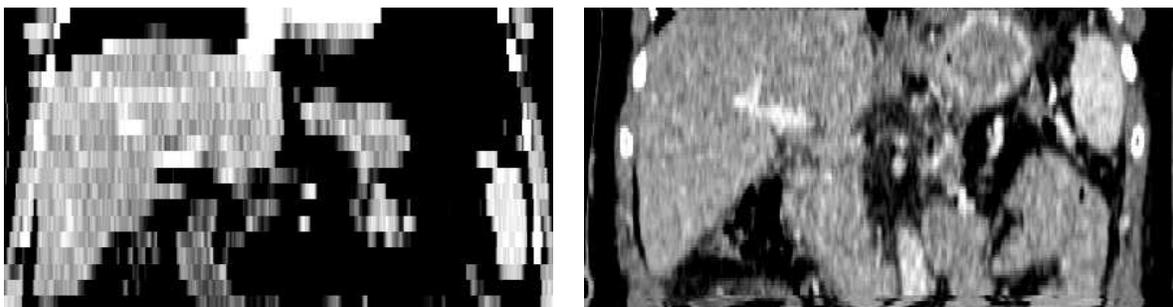


FIG. 3.10: *Comparaison d'une image acquise avec un scanner incrémental (à droite) et un scanner hélicoïdal (à gauche), 50 secondes après injection d'un produit de contraste en intraveineuse. Vue d'une coupe coronaire correspondant dans les deux cas à l'entrée de la veine porte dans le foie. On remarque immédiatement l'impossible lecture de l'image incrémentale. (IRCAD)*

3.3 Modalités retenues

Nous avons traités deux séries d'images différentes. La première, constituée de 15 scanners, a été élaborée à l'IRCAD⁵ par le professeur Catherine Roy. Elle avait pour but la mise au point et le test de nos méthodes algorithmiques sur des images de qualités et de modalités différentes. La seconde a été élaborée à l'hôpital de Mulhouse grâce à la collaboration du docteur Vincent Tasseti⁶ sur plus de 20 patients. Elle avait pour but, l'évaluation de nos algorithmes sur des cas cliniques courants. Compte tenu de cette différence, nous allons détailler ces deux bases de données séparément.

La première base doit permettre une mise au point de nos algorithmes. Elle offre une variabilité importante des morphologies des patients, de leurs pathologies, mais également des modalités d'acquisition utilisées. Cette base est composée uniquement de scanners X. Elle contient 1 image acquise par portographie avec un scanner incrémentale, 2 images acquises par portographie avec un scanner hélicoïdal et 12 images acquises avec un scanner hélicoïdal, après injection d'un produit de contraste par intraveineuse, au temps porte approximatif de 50 secondes (voir tableau 3.1). Parmi les 12 images, acquises à 5 mm d'espacement intercoupe, on compte 5 scanners avec reconstruction tous les 2 mm, 5 scanners avec reconstruction tous les 3 mm et 2 scanners avec reconstruction tous les 5 mm.

Sur cette base de données de 15 patients, 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

5. Institut de Recherche contre les Cancers de l'Appareil Digestif

6. Chirurgien hépatique, chef de clinique

une sous-évaluation du temps porte. La lettre *S* signifie que les veines sus-hépatiques apparaissent contrastées, ce qui correspond à une sur-évaluation 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.

TAB. 3.1: Définition des protocoles d'acquisition des images d'entraînement

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	Portoscaner	43	4 mm	0.63 mm	P-S
3	Hélicoïdal	Portoscaner	48	4 mm	0.67 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	76	2 mm	0.59 mm	A-P
7	Hélicoïdal	Intraveineuse	109	2 mm	0.61 mm	P-S
8	Hélicoïdal	Intraveineuse	74	2 mm	0.65 mm	p
9	Hélicoïdal	Intraveineuse	51	3 mm	0.58 mm	p
10	Hélicoïdal	Intraveineuse	53	3 mm	0.58 mm	p
11	Hélicoïdal	Intraveineuse	43	3 mm	0.54 mm	P-S
12	Hélicoïdal	Intraveineuse	63	3 mm	0.69 mm	p
13	Hélicoïdal	Intraveineuse	58	3 mm	0.66 mm	P
14	Hélicoïdal	Intraveineuse	32	5 mm	0.66 mm	P
15	Hélicoïdal	Intraveineuse	34	5 mm	0.61 mm	A-P

La seconde base est plus homogène, la modalité d'acquisition étant dans les 22 images, un scanner X après injection d'un produit de contraste par intraveineuse. Seule la résolution finale de l'image varie dans cette base, offrant ainsi 10 images avec une épaisseur de coupe de 5 mm, 2 images avec une épaisseur de coupe de 4 mm et les 10 images restantes ayant une épaisseur de coupe de 3 mm. L'ensemble de ces modalités est résumé dans le tableau 3.2.

3.4 Conclusions

L'analyse des images montre que les scanner X acquis après injection d'un produit de contraste en intraveineuse peuvent fournir des images de qualité comparable aux portoscanners. Les différences entre ces deux modalités, nous l'avons vu, sont dues à la différence de trajet du produit de contraste. Pour améliorer ces images, nous avons proposé une étude du temps porte en fonction de la morphologie du patient. Cette étude, réalisée par l'IRCAD, est actuellement en cours de réalisation. Elle devra permettre une meilleure approximation du temps porte pour chaque patient et, par conséquent, une amélioration des images.

TAB. 3.2: Définition des protocoles d'acquisition des images provenant de la base de tests cliniques

Numéro de l'image	Nombre de coupes	Épaisseur des coupes	Résolution des pixels	Remarques
1	33	5 mm	0.67 mm	P-S
2	30	5 mm	0.61 mm	P-S
3	27	5 mm	0.62 mm	P-s
4	29	5 mm	0.7 mm	P-s
5	35	5 mm	0.53 mm	P-S
6	33	5 mm	0.7 mm	P-S
7	35	5 mm	0.58 mm	P-S
8	32	5 mm	0.68 mm	P-S
9	52	5 mm	0.64 mm	P-S
10	50	5 mm	0.53 mm	P-S
11	43	4 mm	0.5 mm	P-s
12	41	4 mm	0.63 mm	P-S
13	52	3 mm	0.73 mm	P-S
14	50	3 mm	0.64 mm	P-S
15	52	3 mm	0.56 mm	P-S
16	55	3 mm	0.55 mm	P-S
17	59	3 mm	0.75 mm	P-S
18	50	3 mm	0.62 mm	P-S
19	56	3 mm	0.65 mm	P-S
20	19	3 mm	0.6 mm	P-S
21	18	3 mm	0.67 mm	P-S
22	62	3 mm	0.61 mm	P-S

Autre point important, l'épaisseur des coupes doit être la plus faible possible. Actuellement, la plus faible épaisseur que nous ayons obtenue est de 1.66 mm. Aux vues des images que nous avons étudiées, une épaisseur de 2 mm est cependant suffisante pour fournir une bonne visualisation volumique du foie et de son anatomie interne. Nous avons de ce fait défini cette dimension comme épaisseur de référence pour l'élaboration d'images de qualité optimale.

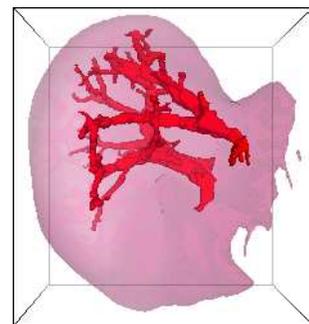
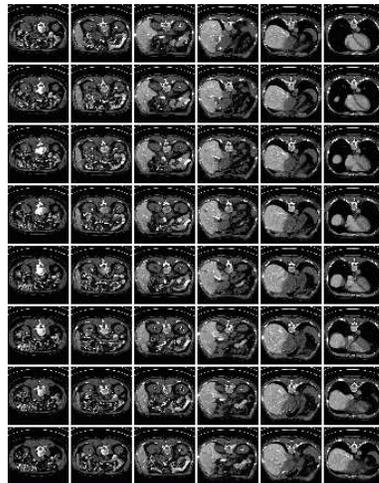
Nous avons donc choisi d'utiliser une modalité d'acquisition moins honéreuse que l'IRM et moins invasive que le portoscaner. A partir de ces images numérisées, nous souhaitons extraire automatiquement les informations décrivant l'anatomie du foie. La qualité moindre des images, bien que pouvant être augmentée par une étude approprié du temps porte, est un problème qui nécessitera une plus grande robustesse de nos algorithmes. Si le problème est de ce fait plus complexe à résoudre, sa résolution représente par contre un véritable avantage aussi bien en coût d'imagerie qu'en confort pour le patient. C'est ce problème que nous nous proposons de résoudre maintenant.

Chapitre 4

Segmentation par seuillage

Dans ce chapitre, nous souhaitons réaliser une première segmentation par seuillage des différentes structures internes du foie. Après un état de l'art des méthodes de segmentations existantes et plus particulièrement des méthodes de seuillage, nous développerons notre méthode. Com-

posée de trois étapes successives, notre méthode réduit l'image à la région d'intérêt, puis l'améliore par un filtrage pour enfin estimer les répartitions des intensités des différentes structures anatomiques du foie. En utilisant cette information, deux seuils sont calculés, permettant d'obtenir une première segmentation des vaisseaux et des lésions.



4.1 État de l'art

4.1.1 Introduction

La segmentation est la première étape essentielle de la vision (Cocquerez et Philipp, 1995; Gonzalez et Woods, 1992). C'est un traitement de bas niveau qui consiste à créer une partition de l'image I en sous-ensembles R_i de voxels, appelés régions, telle que :

- une région est un ensemble connexe de voxels,
- une région est composée d'au moins un voxel,
- un voxel n'appartient qu'à une seule région,
- la somme des régions est égale à l'image.

En général, chaque région est définie par rapport à une ou plusieurs propriétés communes (comme par exemple l'intensité, ou la texture) qui la différencie de régions voisines. Comme nous le voyons, la segmentation fait appel aux notions de similarité à l'intérieur des régions et de différence entre les régions. Il en résulte deux approches duales : l'approche "région" et l'approche "frontière". La première recherche les propriétés communes qui définissent les régions tandis que la seconde recherche les discontinuités ou différences qui définissent les limites entre les régions.

Il n'existe aujourd'hui aucune méthode universelle. Les différentes techniques de segmentation existantes sont plus ou moins efficaces selon l'imagerie utilisée (IRM, Scanner X, échographie,...), le protocole d'acquisition (durée, type de produit de contraste employé, type d'injection,...), ou encore la région étudiée (cerveau, cœur, foie, ...).

Comme nous l'avons vu précédemment, la segmentation est un traitement de bas niveau, c'est-à-dire qu'il fait appel à des traitements bruts de l'image, sans intervention de connaissances a priori sur ces structures. De ce fait, la segmentation n'est pas une reconnaissance dans l'image des structures connues, mais une étape de traitement préalable permettant d'aboutir à cette reconnaissance. Proche de la segmentation, la classification est un traitement de haut niveau qui consiste à donner à chacune des régions une étiquette, c'est-à-dire à reconnaître les différentes structures de l'image.

Dans notre problème, nous cherchons à reconnaître dans l'image, le foie, les réseaux vasculaires et les éventuelles lésions. Il s'agit donc d'une opération complexe de reconnaissance qui nécessitera une étape de segmentation mais également de classification des régions de l'image.

Pour mieux comprendre le choix de la méthode que nous avons employée, nous allons détailler les techniques existantes en précisant plus particulièrement les méthodes de seuillage. Cet état de

l'art ne se veut pas exhaustif, mais entend plutôt compléter par des références récentes, les travaux bibliographiques réalisés précédemment (Zhang, 1997; Ayache et al., 1996; Wang et al., 1996; Hayat et al., 1996; Schroeter, 1996; Clarke et al., 1995; Pal et Pal, 1993; Glasbey, 1993).

4.1.2 Méthodes de seuillage

4.1.2.1 Définition

Le seuillage est certainement la méthode de segmentation la plus courante et dont le principe est le plus simple à comprendre. Cette méthode part de l'hypothèse raisonnable que dans une image, les voxels d'une même structure ont des intensités égales ou voisines. Il est donc possible théoriquement, de retrouver ces structures en classant simplement les voxels en fonction de leur intensité. Cela revient à partitionner l'échelle des intensités de l'image en sous-groupes représentant chacun une structure. La reconnaissance ou la classification consistera alors à donner une étiquette à chacun de ces sous-groupes.

Le seuillage peut être de deux ordres. Soit il est global et appliqué à toute l'image, soit il est local ou adaptatif et appliqué à un sous-ensemble de voxels de l'image.

Pour être efficace, cette méthode nécessite que les différentes structures voisines dans l'image, aient des intensités différentes et nettement séparées ce qui est rarement le cas. La difficulté du seuillage résidera donc dans le calcul automatique de seuils partageant correctement les intensités des structures.

4.1.2.2 Seuillage global à partir de l'histogramme des intensités

L'histogramme des intensités fournit le nombre de voxels de l'image en fonction des intensités. Il peut également être considéré comme la somme des répartitions des intensités de chaque structure.

Lorsque les différents éléments d'une image ont des intensités éloignées, leurs répartitions apparaissent dans l'histogramme sous forme de 'pics' séparés par des 'vallées' (Monga, 1990; Sahasrabudhe et Das Gupta, 1992). Les méthodes de seuillage utilisent cette propriété pour évaluer les seuils. Lorsque les pics et les vallées sont nettement détachés, les seuils peuvent être choisis aux intensités moyennes ou aux minima de l'histogramme entre les pics (Glasbey, 1993). En fait, les images sont souvent mal contrastées ou bruitées et il est difficile voire impossible de distinguer ces pics. Pour les retrouver, plusieurs solutions ont été proposées.

La première consiste à modifier l'image par un filtrage réduisant le bruit ou rehaussant le contraste de l'image. On trouve un grand nombre de ces filtres dans (Cocquerez et Philipp,

1995; Gonzalez et Woods, 1992). L'effet sur l'histogramme des intensités dépend du filtre utilisé. La réduction du bruit par exemple, fournit un histogramme des intensités plus lisse mais tend à fusionner les pics. À l'inverse, le rehaussement de contraste permet de mieux séparer les pics de l'histogramme, mais peut faire apparaître des pics supplémentaires. On peut cependant obtenir un bon compromis entre ces deux méthodes en utilisant par exemple un filtrage anisotrope, qui lisse l'image tout en conservant le contraste. Nous le verrons plus en détail dans le chapitre 4.2.4.

Une seconde solution consiste à transformer l'histogramme sans modifier l'image. Dans un premier cas, on cherche à retrouver parmi plusieurs pics et vallées, ceux qui correspondent aux structures. On réduit généralement ce problème en lissant l'histogramme. Les méthodes les plus simples utilisent un lissage gaussien (Iñesta et al., 1997; Hayat et al., 1996; Glasbey, 1993). On peut trouver des méthodes de transformation plus complexe. La méthode de (Sahasrabudhe et Das Gupta, 1992) par exemple, consiste à évaluer chacune des vallées de l'image par une fonction de mérite. Le seuil est calculé dans la vallées qui a la plus forte valeur. Un grand nombre de méthodes utilise les propriétés de l'histogramme qui caractérisent les pics ou les vallées. On peut trouver un comparatif de ces méthodes dans plusieurs travaux (Hayat et al., 1996; Glasbey, 1993; Lee et al., 1990; Sahoo et al., 1988; Weszka, 1978). Notons parmi celles-ci les techniques utilisant la concavité de l'histogramme (Rosenfeld et De la Terre, 1983), son entropie (Fleury et al., 1996; Kapur et al., 1985), ou encore sa variance (Kittler et al., 1985; Otsu, 1979).

Dans un second cas, on cherche à recréer les pics s'ils ne sont pas apparents. L'absence de pic significatif pour chacune des structures peut être due à la proximité des intensités moyennes de ces structures. (Weszka, 1978) décrit plusieurs méthodes qui proposent de modifier l'histogramme en fonction de la position des voxels dans l'image. L'utilisation du gradient ou du laplacien par exemple (Gonzalez et Woods, 1992, pages 452-455), permet de limiter l'histogramme aux voxels de part et d'autres des frontières et ainsi de mieux séparer les pics correspondant aux intensités des différentes régions. Les seuils sont alors calculés dans les vallées mieux définies. Les travaux de (Gupta et Sortrakul, 1998) reprenant cette transformation, montrent les limites de cette méthode, puisque l'histogramme reste difficile à analyser. C'est pourquoi, ils proposent de retrouver à l'intérieur de celui-ci, les véritables distributions d'intensités de chacune des structures, dont la somme est égale à l'histogramme.

Formulons mathématiquement cette dernière solution. L'histogramme h fournit le nombre de voxels en fonction de l'intensité. Pour une intensité i donnée de l'image, on a $h(i)$ voxels ayant cette intensité. La probabilité p que l'intensité i_v d'un voxel v de l'image soit égale à i , est fournie par l'histogramme normalisé h_n de l'image composée de M voxels par :

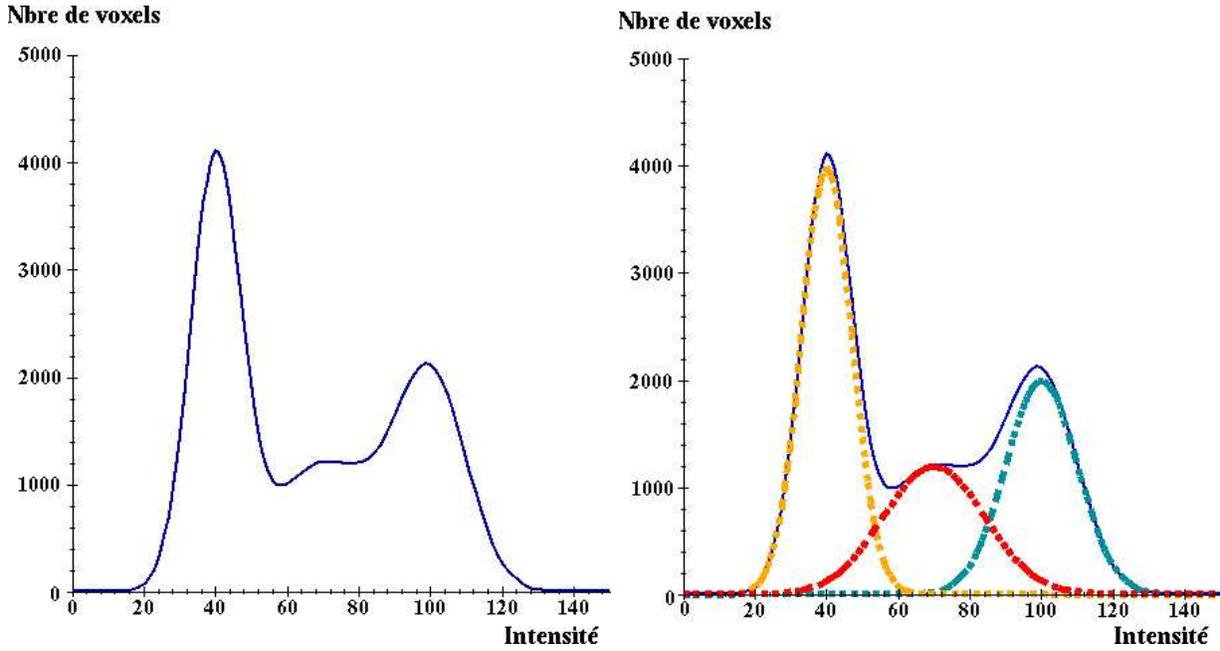


FIG. 4.1: Exemple d'histogramme (à droite) composé de 3 distributions différentes (à gauche).

$$p(i_v = i) = h_n(i) = \frac{h(i)}{M}$$

Dans l'imagerie médicale tridimensionnelle, les images sont souvent bruitées, et possèdent un effet de volume partiel lié à l'imagerie 3D (Zijdenbos et Dawant, 1994). De ce fait, les $h(i)$ voxels ayant une intensité i donnée, appartiendront à K structures différentes. Si l'on connaît chaque répartition d'intensités p_k , définie à partir d'un ensemble de paramètres C_k et le pourcentage de voxels ω_k des K structures de l'image, on peut redéfinir la probabilité $p(i_v = i)$ par :

$$p(i_v = i) = p(i|C) = \sum_{k=1}^K \omega_k p_k(i|C_k) \quad (4.1)$$

$$\text{avec } \sum_{k=1}^K \omega_k = 1 \quad \text{et } C \cup_k C_k | k \in [1, K] \quad (4.2)$$

L'objectif est d'estimer l'ensemble des paramètres C des répartitions d'intensités, ainsi que les ω_k . Graphiquement, cela revient à calculer les fonctions $M \cdot \omega_k \cdot p_k(C_k)$, dont la somme est égale à l'histogramme des intensités. On peut voir un exemple d'une telle somme sur la figure 4.1.

Pour résoudre le problème de la segmentation ainsi posé, il faut alors répondre aux quatre questions suivantes :

- combien y a-t-il de structures dans l'image et par conséquent, de distributions associées ?

- quel est le type de chacune des distributions d'intensités?
- comment calculer les paramètres de ces distributions?
- quels seuils utiliser une fois les distributions estimées?

Combien y a-t-il de structures dans l'image et donc de distributions associées?

Le plus souvent, le nombre de distributions est un paramètre connu qui dépend du problème et qui, par conséquent, entre dans la catégorie des connaissances a priori. Par exemple, (Fishman et al., 1996) recherchent trois distributions correspondant à trois structures anatomiques différentes dans le foie. Dans les images d'angiographie, (Wilson et Noble, 1997) recherchent également trois distributions, une pour le fond, une pour les vaisseaux et une pour le bruit. Dans les images du cerveau, le nombre de distribution varie en fonction des méthodes. (Brummer et al., 1993) utilisent deux distributions, une pour le fond et une pour le cerveau, tandis que (Langenberger et al., 1996) en utilisent 4, dont deux correspondent aux distributions de la matière grise et de la matière blanche. Ces derniers exemples montrent que le nombre exact de distributions n'est pas toujours facile à déterminer, ce qui explique que plusieurs méthodes tentent de le calculer automatiquement. Ce problème généralement appelé 'le problème de validation', a fait l'objet d'une analyse détaillée par (Langan et al., 1998). Ils recensent plusieurs méthodes permettant d'évaluer le nombre K de structures. La majorité de ces méthodes cherche la valeur K qui optimise une fonction de critère (Merhav, 1989; Rissanen, 1978; Akaike, 1974). Dans ce cas, elles sont intégrées à la méthode de segmentation. Il existe d'autres techniques permettant de calculer le nombre de distributions de l'image comme par exemple (Goshtasby et O'Neill, 1994; Carlotto, 1987) qui utilisent l'image multi-échelle (Babaud et al., 1986).

De ces méthodes, retenons qu'elles sont utilisées en fonction de l'image, de la méthode de segmentation choisie, mais également du type de distributions d'intensités des structures que nous allons voir maintenant.

Quel est le type de chacune des distributions d'intensités?

Les distributions p_k couramment utilisées sont de la famille exponentielle telle que l'a définie (Redner et Walker, 1984). La majorité des techniques part de l'hypothèse que chaque répartition d'intensités suit une loi normale (Gupta et Sortrakul, 1998; Zhuang et al., 1996; Schroeter, 1996; Langenberger et al., 1996; Goshtasby et O'Neill, 1994; Jansen et al., 1993; Cho et al., 1989; Derin, 1987; Carlotto, 1987). Cette hypothèse n'est pourtant pas toujours respectée dans la réalité, ce qui explique que l'on trouve parfois d'autres distributions comme la fonction de Rayleigh (Mignotte et al., 1997; Bammer et al., 1997; Atkins et Mackiewicz, 1996; Brummer et al., 1993), la distribution de Poisson (Pal et Bhandari, 1993; Pal et Pal, 1991), voire des fonctions exponentielles (Delignon et al., 1997; Ezquerro et Mullick, 1996). Enfin, (Henstock et

Chelberg, 1996) proposent une distribution gamma dont on peut avoir une définition précise dans (Saporta, 1990). En général, on utilisera la loi normale ou de Poisson pour représenter les répartitions d'intensités des tissus ou d'un bruit. La fonction de Rayleigh quant à elle, est habituellement utilisée pour caractériser la répartition des intensités correspondant au fond de l'image.

Comment calculer les paramètres de ces distributions?

Pour évaluer les paramètres de chaque distribution, plusieurs méthodes ont été développées. Le principe de ces méthodes est de minimiser ou maximiser un critère qui se traduira par le calcul de la meilleure estimation de la somme des distributions.

La méthode la plus utilisée est celle de la vraisemblance maximale (Maximum Likelihood). Soit $\{i_v\}_{v=1,\dots,M}$ un échantillon indépendant des intensités $i \in [0, I]$ des M voxels de l'image, c'est-à-dire un ensemble de M variables aléatoires indépendantes uniformément distribuées suivant $p(i_v = i) = p(i|C)$ définie par l'équation 4.1. La vraisemblance de cet ensemble est égale à la fonction de densité de probabilité de l'ensemble, c'est-à-dire au produit des densités $\prod_{v=1}^M p(i_v|C)$. On utilise plus fréquemment le logarithme de façon à obtenir une somme, ce qui revient à maximiser le terme :

$$L(C) = \sum_{v=1}^M \ln(p(i_v|C)) = \sum_{v=1}^M \ln \left[\sum_{k=1}^K \omega_k p_k(i_v|C_k) \right] \quad (4.3)$$

L'algorithme de maximisation le plus utilisé est l'algorithme EM de (Dempster et al., 1977), que l'on retrouve dans de nombreux articles (Wilson et Noble, 1997; Schroeter, 1996; Henstock et Chelberg, 1996; Wells et al., 1995; Jansen et al., 1993; Redner et Walker, 1984). Son nom vient des deux étapes de l'algorithme. La première, 'Estimation', réalise une estimation de la densité de probabilité p^t à l'étape t ; la seconde, 'Maximisation', maximise cette probabilité en recalculant les paramètres C^t en C^{t+1} . Il s'agit d'un algorithme en boucle, qui s'arrête lorsque p est maximale, ce qui est communément traduit par une évolution négligeable entre p^t et p^{t+1} . Plusieurs variantes de cet algorithme existent, comme la méthode de (Celeux et Govaert, 1991) appelée CEM (pour Classification EM), ajoutant à l'algorithme EM une étape de classification, ou encore l'algorithme SEM (pour stochastique EM) (Delignon et al., 1997; Peng et Pieczynski, 1995) qui facilite les calculs de l'algorithme EM et améliore ses performances. On trouve d'autres formes de résolution, comme les algorithmes ICE (Mignotte et al., 1997; Delignon et al., 1997; Caillol et al., 1997; Peng et Pieczynski, 1995) (pour Iterative Conditional Estimation), ou encore les méthodes de (Langenberger et al., 1996; Schroeter, 1996) qui maximisent la probabilité à l'aide d'un algorithme génétique.

La seconde méthode très utilisée pour évaluer les paramètres de chacune des distributions, est de minimiser la différence entre l'histogramme et la somme des distributions. Le critère de minimisation est alors un critère aux moindres carrées défini par :

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^I \left[h(i) - \sum_{k=1}^K p_k(i|C_k) \right]^2 \quad (4.4)$$

L'algorithme de minimisation le plus courant est celui développé par Lenverberg et Marquardt (Press et al., 1988; Marquardt, 1963) utilisé dans plusieurs articles (Bammer et al., 1997; Atkins et Mackiewicz, 1996; Goshtasby et O'Neill, 1994; Brummer et al., 1993) et qui sera développé dans le paragraphe 4.2.5.2.

Une méthode voisine des méthodes précédentes est celle de l'erreur minimale développée par (Kittler et Illinworth, 1986), qui a été déclinée sous diverses formes (Pal et Bhandari, 1993; Cho et al., 1989; Ye et Danielsson, 1988). Le principe de l'algorithme est de minimiser un critère qui correspond à une transformation de l'histogramme en fonction des répartitions d'intensités supposées présentes dans l'image. On retrouve ici un filtrage de l'histogramme qui permet d'améliorer sa lecture. Comme dans l'algorithme EM, le processus de résolution est en deux étapes. La première étape calcule les paramètres des distributions en fonction d'un seuil estimé. La seconde recalcule le seuil en fonction des distributions. On arrête cette boucle lorsque le seuil n'évolue plus. On peut noter que dans cette méthode, le calcul du seuil est intégré à l'estimation des paramètres des distributions.

Quels seuils utiliser une fois les distributions estimées?

Nous l'avons vu, le calcul du seuil est parfois intégré à la méthode d'estimation des paramètres des distributions, comme par exemple dans les méthodes de l'erreur minimale (Kittler et Illinworth, 1986). Ce n'est pas toujours le cas. En fait, les méthodes d'estimation des paramètres des distributions sont habituellement traitées indépendamment de la segmentation, même si elle reste l'objectif à atteindre. C'est pourquoi on trouve plusieurs articles traitant du premier problème sans parler du second (Goshtasby et O'Neill, 1994; Redner et Walker, 1984; Dempster et al., 1977). Nous verrons par la suite, d'autres méthodes qui résolvent le premier problème pour utiliser ensuite une méthode de segmentation différente du seuillage global.

L'estimation des distributions fournit une très bonne information pour calculer les seuils. Supposons que l'on cherche le seuil T parmi les intensités $i \in [0, I]$, permettant de séparer deux structures de distributions d'intensité p_1 et p_2 . p_1 et p_2 sont définies par l'ensemble de leur paramètres respectifs C_1 et C_2 telles que p_1 soit centré à gauche de p_2 . Ce seuil signifie que tout voxel d'intensité v sera considéré comme appartenant à la première structure si $v < T$, et comme appartenant à la seconde structure si $v \geq T$. Le meilleur seuil sera celui qui fournira le moins d'erreur, c'est-à-dire tel que la somme des faux positifs et des faux négatifs soit minimale. Nous rappelons que pour une structure A donnée, un faux positif est un voxel d'une structure $B \neq A$, considéré comme appartenant à A , tandis qu'un faux négatif est un voxel de A considéré comme appartenant à une structure $C \neq A$. Formulé de façon mathématique, nous avons dans le cas de notre exemple :

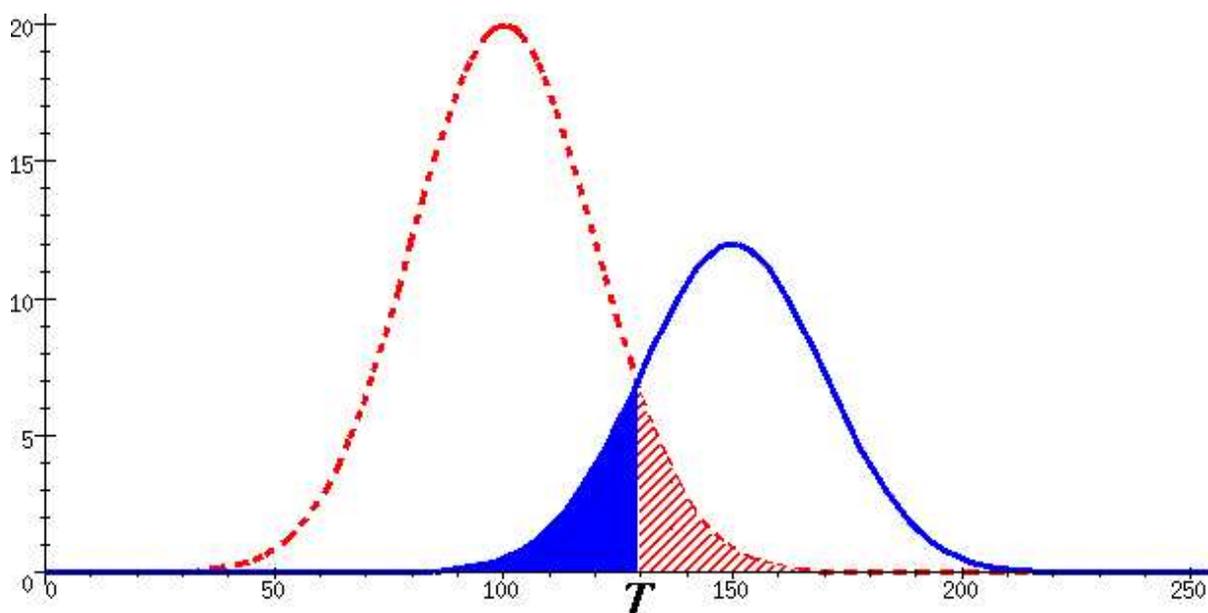


FIG. 4.2: Illustration graphique du résultat d'un seuillage sur l'histogramme des intensités d'une image bimodale. La zone hachurée représente les erreurs de classification des voxels dont la répartition des intensités est définie par la courbe en pointillée centrée à gauche. La zone pleine représente les erreurs de classification des voxels dont la répartition des intensités est définie par la courbe pleine centrée à droite.

$$\begin{aligned} \text{Taux de faux positifs} &= \sum_{i=T}^I \omega_1 p_1(i|C_1) \\ \text{Taux de faux négatifs} &= \sum_{i=0}^{T-1} \omega_2 p_2(i|C_2) \end{aligned}$$

Graphiquement, cela revient à calculer l'intensité à laquelle les deux distributions se croisent, comme le montre la figure 4.2.

De façon générale, pour K distributions, on choisit les seuils des K structures ou classes de façon à ce que pour un voxel donné, son intensité i soit incluse dans la classe k , si la probabilité d'appartenir à cette classe est supérieure à toute les autres probabilités, ce qui se traduit donc par :

$$\begin{aligned} Pr(i \in \text{Classe}_k) &= \omega_k p_k(i|C_k) \\ i \in \text{Classe}_k \text{ si } \forall j \in [1..K], j \neq k \quad \text{on a : } & Pr(i \in \text{Classe}_k) > Pr(i \in \text{Classe}_j) \\ \text{avec : } \text{Classe}_k &\subset [0, I], \text{ l'ensemble des intensités de l'image} \\ \text{et : } \text{Classe}_k &= [\min_k, \max_k] \end{aligned}$$

On redéfinit les taux d'erreur dans une classe k par :

$$\begin{aligned} \text{Taux de faux positifs} &= \sum_{j \neq k} \sum_{i=\min_k}^{\max_k} \omega_j p_j(i|C_j) \\ \text{Taux de faux négatifs} &= \sum_{i \notin [\min_k, \max_k]} \omega_k p_k(i|C_k) \end{aligned}$$

On retrouve ce calcul du seuil dans la majorité des méthodes (Gupta et Sortrakul, 1998; Wilson et Noble, 1997; Bammer et al., 1997; Henstock et Chelberg, 1996; Jansen et al., 1993; Brummer et al., 1993). On peut traduire très simplement ce seuil pour deux structures par l'intensité à laquelle leur densité de probabilité se croisent. Un calcul du seuil moins précis lui est parfois préféré. Le seuillage n'est alors qu'approximatif et sera affiné par d'autres méthodes. C'est le cas des travaux de (Atkins et Mackiewicz, 1996; Gao et al., 1996) qui se contentent de fixer les seuils à une certaine distance d des moyennes des distributions. Cette distance, généralement proportionnelle à l'écart type de la distribution, est fixée en fonction des connaissances que l'on peut avoir sur les intensités des structures.

4.1.2.3 Seuillage local ou adaptatif

Le seuillage local ou adaptatif tend à répondre aux problèmes liés à des variations d'intensités d'une même structure dans l'image. On rencontre ce genre de problèmes dans certaines images médicales possédant un biais, mais également dans les angiographies 3D. En effet, dans ce dernier cas, l'acquisition n'est pas instantanée et tout le réseau sanguin n'est pas contrasté. Les variations d'intensité à l'intérieur de celui-ci peuvent donc être très importantes.

Dans la majorité de ces méthodes, l'image est découpée en sous-images. Pour chacune d'elles, l'histogramme des intensités est calculé et utilisé pour évaluer le seuil (Nakagawa et Rosenfeld, 1979; Chow et Kaneko, 1972). La limitation de l'analyse à une sous image permet de prendre en compte de façon plus locale, les valeurs des intensités. Dans ce même esprit, (Weszka et al., 1974) propose de ne tenir compte dans l'image, que des pixels dont le gradient d'intensité est faible, c'est-à-dire les régions homogènes de l'image. Ces techniques sont toujours d'actualité comme le montre les récents travaux de (Gupta et Sortrakul, 1998). Dans ce dernier exemple, l'analyse des intensités est limitée aux voxels situés de chaque côté du bord des structures de l'image. Ils utilisent ensuite une méthode de seuillage globalement comparable à la méthode de l'erreur minimale.

4.1.2.4 Conclusion sur les méthodes de seuillage

En conclusion, notons que les méthodes de seuillage global ont été très largement développées et restent fréquemment utilisées comme le démontre de récentes publications (Gupta et Sortrakul,

1998; Wilson et Noble, 1997; Bammer et al., 1997; Iñesta et al., 1997; Henstock et Chelberg, 1996; Atkins et Mackiewich, 1996; Gao et al., 1996). Cependant, pour être pleinement efficaces, elles nécessitent des images bien contrastées, avec des structures ayant des intensités nettement séparées. Dans le cas contraire, un simple seuillage global n'est plus suffisant.

Une première alternative consiste à améliorer l'image par des filtres. Nous les étudierons plus en détail dans le paragraphe 4.2.4. Ceci ne reste efficace que si l'image possède des structures d'intensités suffisamment éloignées pour être distinguées, comme par exemple les images d'angiographies. Une seconde alternative consiste à utiliser un seuillage local ou adaptatif qui permet de distinguer dans une même image des structures suffisamment éloignées, possédant des intensités approchées. La dernière alternative est d'utiliser d'autres approches de segmentation, souvent plus complexes, mais donnant de meilleurs résultats si l'image est trop altérée. Nous allons brièvement rappeler ces méthodes.

4.1.3 Approche Statistique

Nous avons déjà vu une première approche statistique de la segmentation dans le paragraphe 4.1.2.2. Elle consistait à retrouver les meilleures répartitions des intensités par la méthode de la vraisemblance maximale. Ces répartitions étaient ensuite utilisées pour calculer les meilleurs seuils séparant les structures. On peut trouver des variations de ces méthodes utilisant l'algorithme EM pour évaluer directement la classe de chaque voxel, sans passer par un calcul de seuil.

4.1.4 Méthodes par croissance de région

4.1.5 Modèles déformables

4.2 Cas du foie

4.2.1 Introduction

Comme nous l'avons vu, 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 anatomiques que sont les côtes, les vertèbres, les muscles intercostaux, le diaphragme, les intestins, les reins, les tissus adipeux, les réseaux vasculaires abdominaux, le foie, la vésicule biliaire et tous les tissus avoisinants (voir figure 4.3). Parmi toutes 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

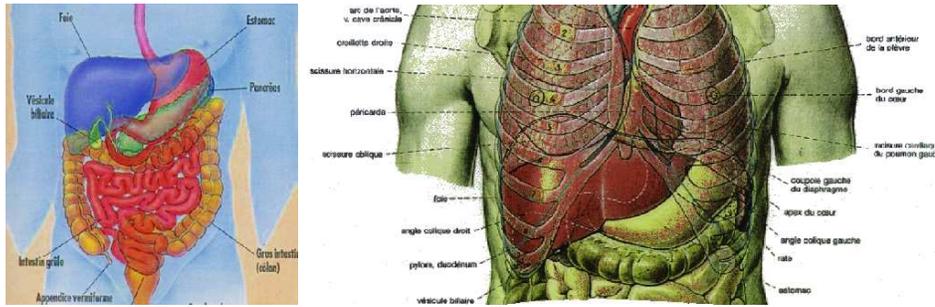


FIG. 4.3: *Différents structures anatomiques avoisinant le foie.*

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. 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 (Carreira et al., 1995; Sonka et al., 1994; Everhart et al., 1994; Préteux et al., 1993). On retrouve cette segmentation séquentielle dans les images du cerveau. Dans (Atkins et Mackiewicz, 1996; Brummer et al., 1993) 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 (Chou et al., 1995; Hoffmann et al., 1993). 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 numérique 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 (Montagnat et Delingette, 1997; Gao et al., 1996; Chou et al., 1995; Bae et al., 1993; Matsushita et al., 1993; Hoffmann et al., 1993; Chen et al., 1991) ou semi automatique (Inaoka et al., 1992). Certains ont portés sur la segmentation des réseaux vasculaires du foie (Masutani

et al., 1995; Zahlten et al., 1995a; Zahlten et al., 1995b; Inaoka et al., 1992) indépendamment de l'extraction de l'enveloppe du foie. Enfin, les lésions du foie font très rarement l'objet de méthodes de segmentation spécifiques comme dans (Bellon et al., 1997; Kovalev, 1995). Elles peuvent parfois être réalisées par des méthodes de segmentation utilisées pour d'autres structures. Par exemple, (Chou et al., 1995) segmentent avec la même technique le foie et ses tumeurs.

De toutes ces techniques, seuls les travaux de (Gao et al., 1996; Soyer et al., 1996) 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, repérée 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 (Fishman et al., 1996; Heath et al., 1995). 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 (Fishman et al., 1996) 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 (Inaoka et al., 1992) proposent un filtrage des images tendant à réduire le bruit. Pourtant, un grand nombre de filtres existent que ce soit pour enlever du bruit ou augmenter le contraste (Cocquerez et Philipp, 1995; Gonzalez et Woods, 1992). L'amélioration des images est un point qu'il semble donc important de ne pas négliger pour de telles méthodes de segmentation.

4.2.2 Méthode retenue

Partant de cette analyse, nous avons choisi de réaliser une méthode en plusieurs étapes, optimisée pour le problème précis du foie :

- la première étape a pour but de réduire l'image à la région d'intérêt, c'est-à-dire le foie. Elle réalise donc la segmentation de l'enveloppe du foie qui servira par la suite de masque.
- la seconde étape a pour but d'améliorer l'image par un filtrage qui augmente le contraste entre les vaisseaux et le parenchyme.
- la dernière étape segmente les différents tissus présents dans le foie, c'est-à-dire le parenchyme, les vaisseaux et les éventuelles lésions.

4.2.3 Première étape : réduction de l'image à la zone d'intérêt

4.2.3.1 Segmentation de l'enveloppe du foie

Comme nous l'avons vu précédemment, la segmentation de l'enveloppe du foie a fait l'objet de nombreux travaux. 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 (Gao et al., 1996), soit pour segmenter directement (Montagnat et Delingette, 1997; Chou et al., 1995).

Nous avons choisi d'utiliser les résultats d'une segmentation de l'enveloppe du foie développée par (Montagnat et Delingette, 1997), basée sur la déformation d'un modèle de référence au contour de l'objet que l'on souhaite segmenter.

Il existe deux approches classiques, complémentaires, utilisées pour la reconstruction d'objets et la segmentation à base de modèles. Les modèles déformables ou snakes tout d'abord, utilisent des forces de déformations calculées localement en chaque sommet d'un maillage du contour ou de la surface (McInerney et Terzopoulos, 1993; Kass et al., 1987). Ces méthodes offrent une grande souplesse au modèle qui peut représenter des formes très variées et donc parfois éloignées de la forme initiale. Cet avantage devient un inconvénient lorsque les données sont bruitées ou de mauvaise qualité (faible contraste, ...). Il est alors nécessaire d'appliquer localement en chaque sommet du modèle, des contraintes régularisantes. Cet aspect local ne permet donc pas un contrôle global de la forme.

La seconde approche, le recalage (Brown, 1994), consiste à appliquer itérativement des transformations globales à l'aide d'un schéma d'ICP (Iterative Closest Point) (Zhang, 1994; Besl et McKay, 1992). Le but est d'estimer dans un espace de transformations donné G (transformations rigides, affines, ...) une transformation g qui approche au mieux les déformations locales en chaque sommet. Le recalage permet de contrôler les déformations applicables en réduisant considérablement le nombre de degrés de liberté du modèle. Cependant, lorsque l'objet à reconstruire est susceptible de varier de façon importante (variabilité des organes humains par exemple) il est parfois impossible d'exprimer ces variations avec un nombre réduit de degrés de liberté.

La méthode de (Montagnat et Delingette, 1997) propose un processus hybride de déformation, qui tend à profiter des avantages des deux approches précédentes. Pour cela, (Montagnat et Delingette, 1997) démontrent que le recalage peut s'exprimer dans le même cadre que les déformations locales, comme un champ de déformation sans contrainte régularisante. En combinant les champs de déformation locaux et globaux, ils appliquent en chaque sommet $S(i)$ du modèle une force de la forme $f(i) = (1-l)*ForceGlobale(i)+l*ForceLocale(i)$ où l est un coefficient de localité.

Ce modèle permet donc d'exprimer dans le même schéma, des déformations purement locales ($l = 1$), purement globales ($l = 0$) ou n'importe quels comportements intermédiaires. La valeur de l permet de pondérer l'importance de la contrainte globale. Grâce à ce processus hybride, la déformation est plus robuste : le modèle est moins sensible aux bruits et aux points aberrants. De plus, les qualités géométriques des modèles sont mieux préservées au cours des déformations.

Notons enfin que le modèle volumique déformable utilisé dans cette méthode est le maillage simplexe défini par (Delingette, 1994). Ce modèle permet de définir la courbure (angle simplexe) en chaque sommet du maillage et de décrire de manière locale la forme du modèle.

L'application de cette méthode à la segmentation du foie nécessite tout d'abord de placer un modèle de référence dans l'image que nous souhaitons traiter. Ce modèle initial est celui du foie calculé sur les données du *Visible Man* de la National Library of Medicine¹ (voir figure 4.4). L'idée est que, pour obtenir par déformation la forme d'un objet, il est plus simple de partir d'un objet de forme proche plutôt qu'éloignée.

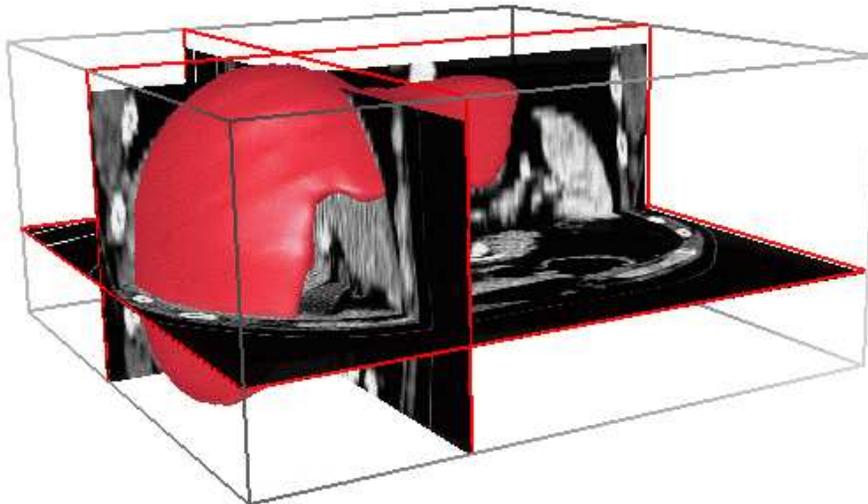


FIG. 4.4: *Modèle du foie de la NLM plongé dans une image scanner X d'un patient.*

La segmentation est alors décomposable en plusieurs étapes. Les figures 4.5 et 4.6 représentent respectivement le modèle se déformant au long des étapes et sa trace sur l'une des coupes de l'image scanner. Le modèle de référence est tout d'abord grossièrement initialisé dans l'image puis déformé vers les points de contour détectés par une étape préalable d'extraction de gradient (étape **a**). En raison de la très grande variabilité de la forme du foie entre différents individus, l'initialisation à partir d'un modèle provenant d'un patient différent est nécessairement très approximative. La seconde étape a pour but d'améliorer cette initialisation par une étape de recalage rigide puis affine

1. adresse web : <http://www.nlm.nih.gov/> .

(étape **b**). Cette étape terminée, le modèle est déformé localement par le processus hybride. Au fur et à mesure que le modèle converge, il est plus proche des contours recherchés et donc moins sensible aux mauvais contours. Les contraintes sont ainsi progressivement relâchées en augmentant le facteur de localité l (étapes **c** pour l petit à **d** pour l grand).

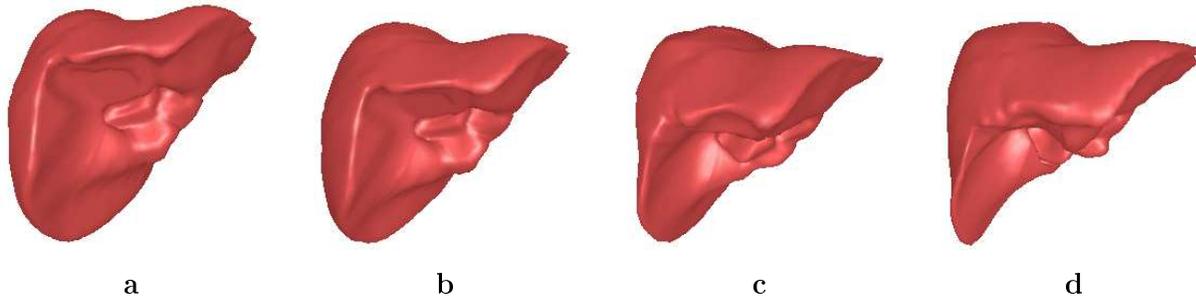


FIG. 4.5: *Évolution du modèle de référence suivant les étapes.*

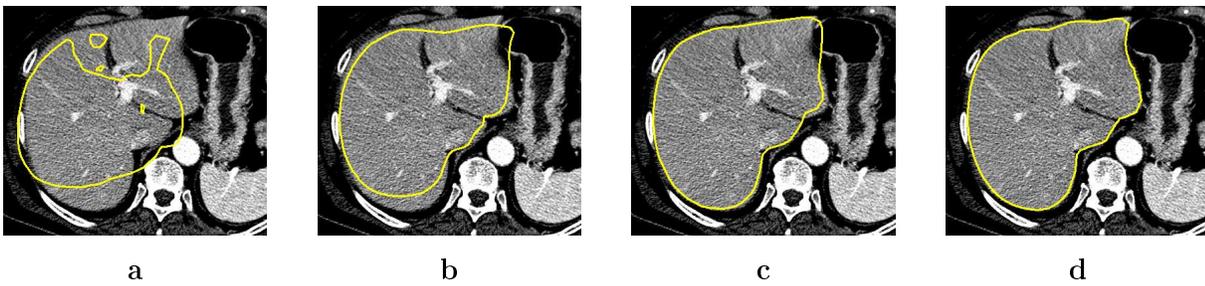


FIG. 4.6: *Évolution de la trace du modèle 3D sur l'une des coupes scanner.*

4.2.3.2 Réduction à la région d'intérêt

La segmentation du foie, permet de réduire l'image initiale à la région d'intérêt qu'il représente. Nous avons choisi d'utiliser le résultat de cette segmentation comme un masque, ce qui permettra non seulement de réduire l'image au contour de ce masque et donc d'accélérer les processus de segmentation, mais également de réduire l'histogramme d'intensités comme le montre la figure 4.7.

Cette réduction retire souvent de l'image l'entrée de la veine porte dans le foie, c'est-à-dire le tronc porte (voir figure 4.8). La bifurcation veine porte gauche, veine porte droite (72% des cas selon (Couinaud, 1957)), n'est alors plus visible puisque non présente dans le masque. De ce fait, nous avons choisi de modifier le masque initial de façon à y ajouter la partie correspondant à l'entrée de la veine porte dans le foie. En tenant compte de la forme du foie, on peut remarquer que le tronc porte entre dans celui-ci depuis sa partie inférieure gauche (voir figure 4.9, à droite sur nos images en vue inférieure).

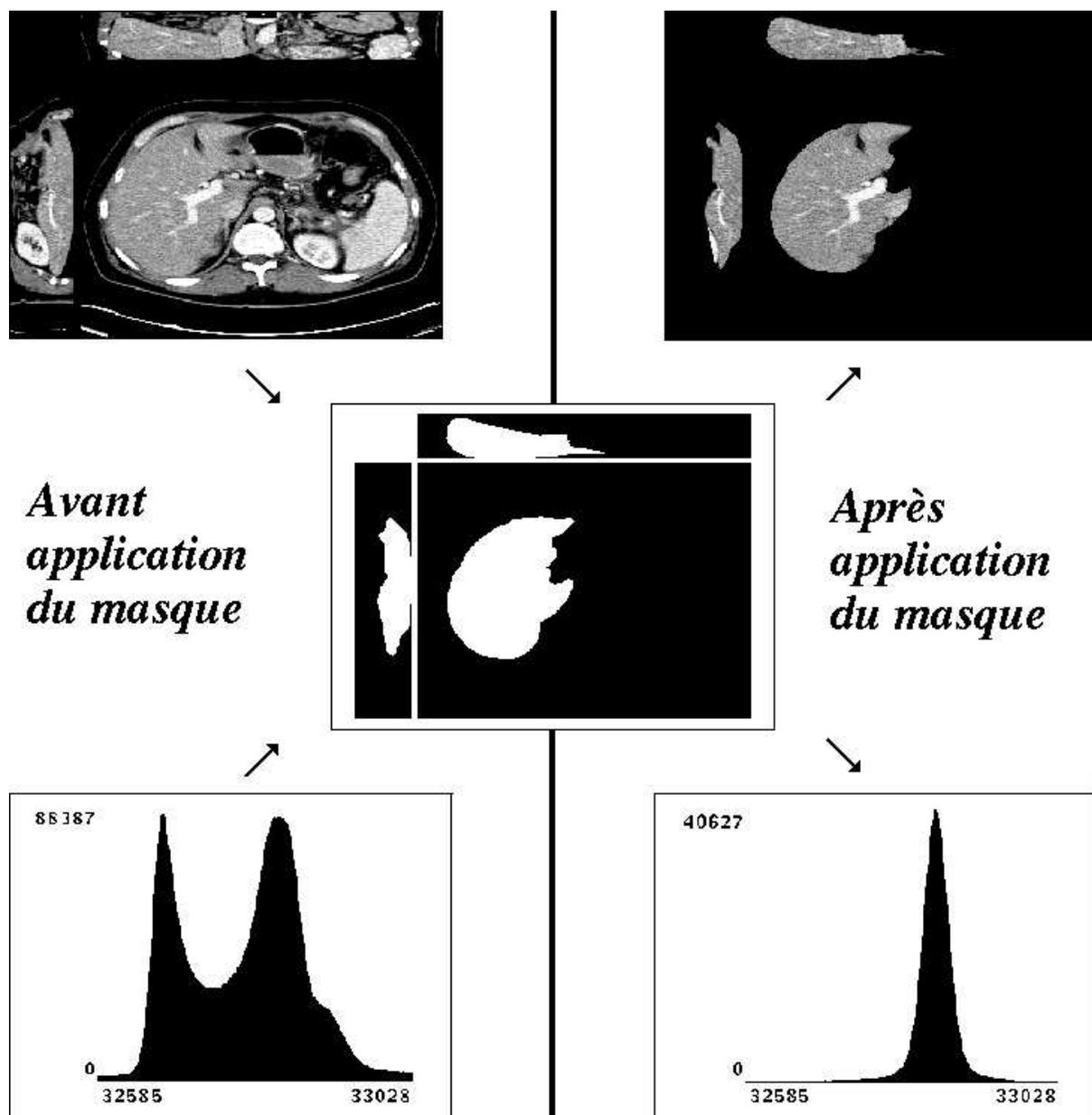


FIG. 4.7: Application du masque du foie (au centre) sur l'image (en haut à gauche) donnant l'image réduite (en haut à droite) et effet sur l'histogramme d'intensités avant (en bas à gauche) et après (en bas à droite) application.

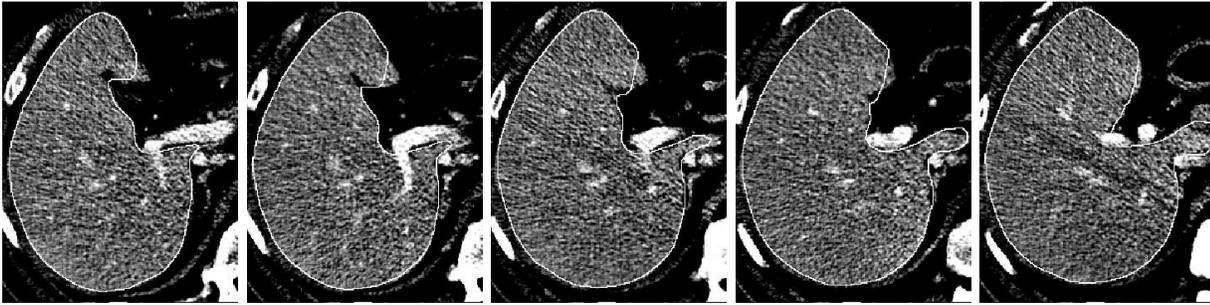


FIG. 4.8: *Exemple de bifurcation de la veine porte à l'extérieur du foie (5 coupes successives en vue inférieure).*

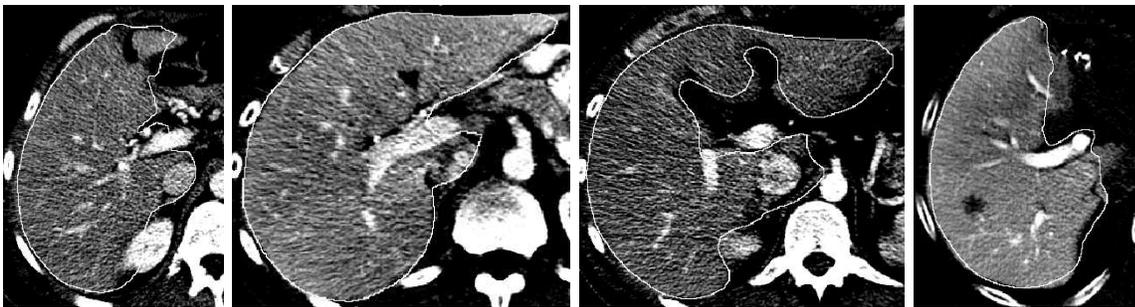


FIG. 4.9: *Localisation du tronc porte sur 4 différentes images scanner X en vue inférieure.*

En utilisant une fermeture morphologique sur le masque du foie, avec un élément structurant suffisamment grand (Schmitt et Mattioli, 1994; Serra, 1982), on peut combler l'espace laissé à gauche du foie (à droite en vue inférieure). La figure 4.10 montre le résultat de l'application du nouveau masque issue de cette fermeture sur l'image de la figure 4.8.

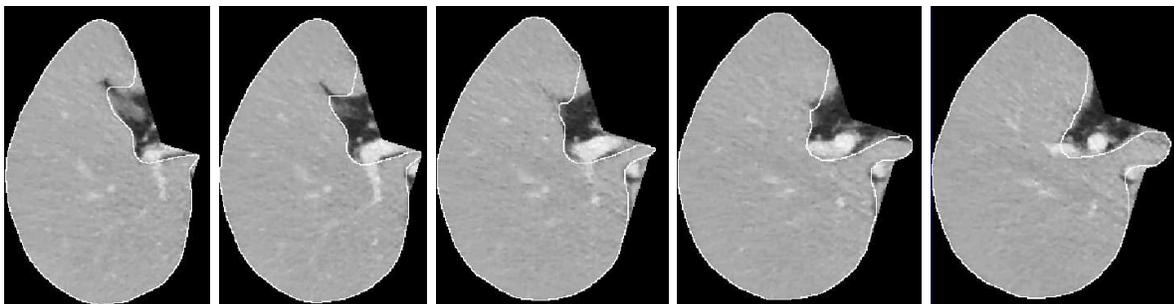


FIG. 4.10: *Résultat de la fermeture du masque (ancien masque en surimpression) sur les 5 coupes successives de la figure 4.8.*

Cette dernière image sera utilisée uniquement dans le but de récupérer le tronc porte. En effet, les zones ajoutées possèdent des voxels sombres qui ont des intensités comparables aux intensités

des lésions, mais qui ne sont pas dans le foie. C'est pourquoi, de façon à ne pas perturber le calcul des seuils nécessaires à la segmentation, nous n'utiliserons ce masque élargi que pour le seuillage des vaisseaux.

4.2.4 Seconde étape : amélioration de l'image

4.2.4.1 Introduction

La segmentation d'une image est souvent précédée d'un prétraitement, surtout dans le cas d'images bruitées ou peu contrastées. De nombreux travaux ont été réalisés pour réduire les bruits et augmenter le contraste des images (Cocquerez et Philipp, 1995; Gonzalez et Woods, 1992). Dans le cadre de l'imagerie médicale, on observe habituellement ces prétraitements dans l'imagerie par résonance magnétique ou IRM (Krissian et al., 1996; Orkisz et al., 1996; Yang et al., 1995; Gerig et al., 1992b; Inaoka et al., 1992) mais très rarement dans l'imagerie scanner X. Cela s'explique par le fait que les IRM possèdent un bruit créé par différents facteurs incluant les systèmes électroniques, la séquence d'acquisition et l'environnement extérieur (Zijdenbos et Dawant, 1994). Dans la tomographie par rayon X, ce bruit n'est pas aussi nettement apparent.

Dans nos images, on remarque que le foie apparaît texturé. Cet aspect vient de la structure même du parenchyme et il ne s'agit pas d'une texture uniforme ou régulière comme le montre l'exemple de la figure 4.11.

Si l'on observe l'histogramme des intensités de l'image réduite à la zone du foie (figure 4.7), 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.

Habituellement les bruits sont retirés par des lissages qui entraînent une perte des frontières. Pour résoudre ce problème, Perona et Malik proposent une méthode appelée "diffusion anisotrope" (Perona et al., 1994; Perona et Malik, 1990). 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 (Gerig et al., 1992b; Gerig et al., 1992a). C'est aujourd'hui une des techniques les plus utilisées pour retirer le bruit en conservant le plus

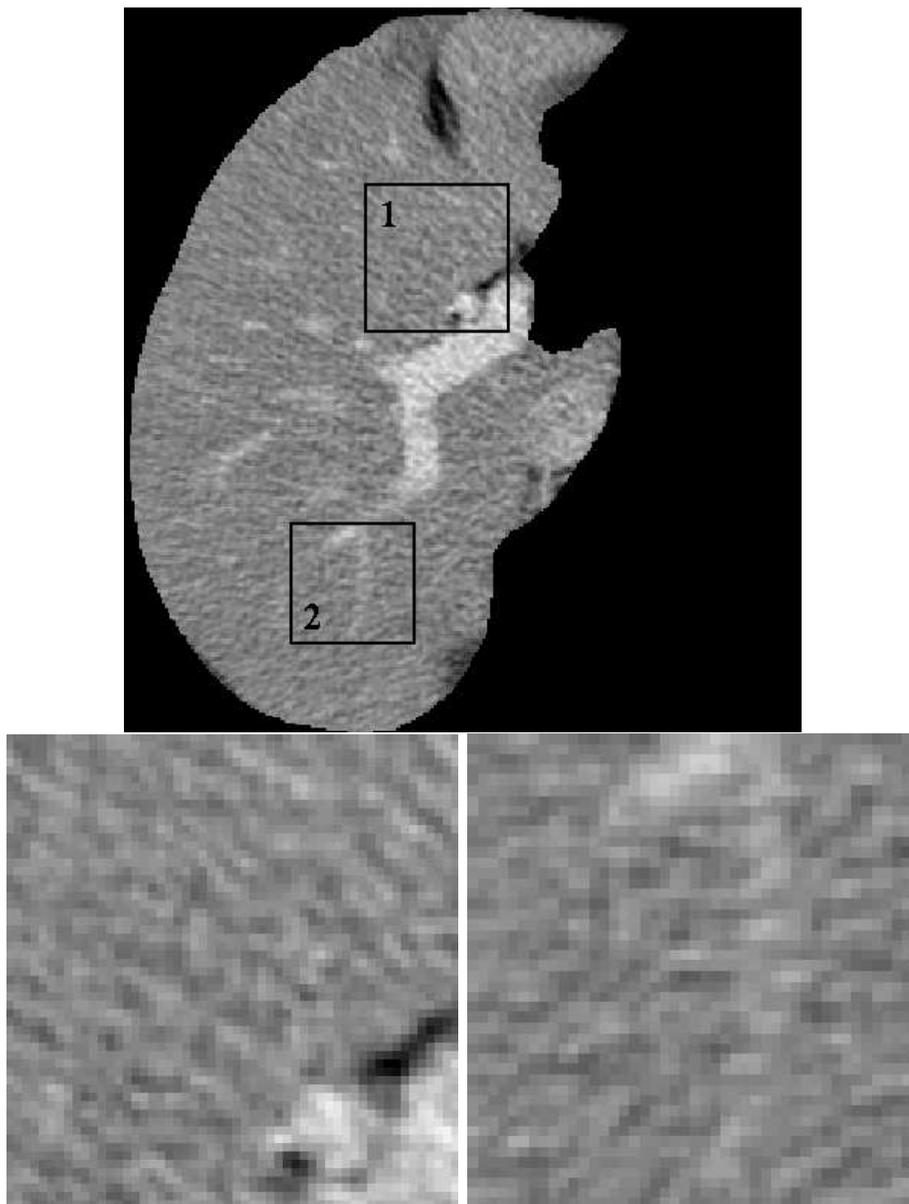


FIG. 4.11: Aspect texturé du foie : gros plan sur deux zones d'une même coupe, zone 1 à gauche et zone 2 à droite.

de détails possibles, comme le montre de nombreux articles (Krissian et al., 1997; Atkins et Mackiewicz, 1996; Langenberger et al., 1996; Wells et al., 1995; Zijdenbos et Dawant, 1994). Nous avons décidé d'utiliser cette méthode dans le cas particulier des angiographies par scanner X du foie, afin de lisser les images, tout en conservant les frontières des vaisseaux et des lésions.

4.2.4.2 La diffusion anisotrope

La méthode de lissage la plus utilisée est certainement le lissage gaussien. Il consiste à réaliser le produit de convolution de l'image et d'une gaussienne de moyenne nulle et d'écart-type σ . Effectuer un tel produit revient en fait à résoudre l'équation de la chaleur définie à une échelle $t = \frac{\sigma^2}{2}$ par l'équation 4.5 :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = \operatorname{div}(\nabla(u)) \quad (4.5)$$

Cette équation 4.5 définit également la diffusion isotrope. Le filtrage anisotrope s'inspire de cette définition en faisant intervenir une fonction de diffusion de \mathbb{R} dans \mathbb{R} qui dépend de la norme du gradient de l'image. Sa définition mathématique est donnée par l'équation 4.6 :

$$\text{Diffusion anisotrope : } \frac{\partial u}{\partial t} = \operatorname{div}(g(|\nabla u|) \cdot \nabla(u)) \quad (4.6)$$

avec u la fonction d'intensité de l'image et g la fonction de diffusion. Nous rappelons les définitions dans \mathbb{R}^3 des opérateurs Laplacien (Δu) et divergence ($\operatorname{div}(\vec{v})$), ainsi que du vecteur gradient ($\nabla(u)$), avec $(\vec{i}, \vec{j}, \vec{k})$ une base orthonormée de \mathbb{R}^3 :

$$\begin{aligned} \Delta u &= \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 u}{\partial y^2} + \frac{\partial^2 u}{\partial z^2} = \operatorname{div}(\nabla(u)) \\ \nabla(u) &= \frac{\partial u}{\partial x} \vec{i} + \frac{\partial u}{\partial y} \vec{j} + \frac{\partial u}{\partial z} \vec{k} \\ \operatorname{div}(\vec{v}) &= \frac{\partial v_x}{\partial x} + \frac{\partial v_y}{\partial y} + \frac{\partial v_z}{\partial z} \end{aligned}$$

Une approche variationnelle du problème a été proposée par (Deriche et Faugeras, 1995). Elle consiste à interpréter l'équation 4.6 comme une descente de gradient afin de minimiser une énergie $E(u)$. Pour cela, on définit g à partir d'une autre fonction Φ par :

$$g(|\nabla u|) = \frac{\Phi'(|\nabla u|)}{|\nabla u|}.$$

et l'énergie $E(u)$ par :

$$E(u) = \int_{\Omega} \Phi(|\nabla u|) d\Omega$$

L'équation 4.6 devient alors :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = -\nabla E \quad (4.7)$$

Il ne reste plus qu'à définir la fonction g et donc par définition la fonction Φ . Cette fonction doit répondre à plusieurs critères. Les deux premiers assurent la stabilité du processus en rendant $E(u)$ convexe, c'est-à-dire avec un minimum global. Les deux critères suivants permettent de contraindre le lissage suivant la région. Le premier assure que la diffusion s'effectuera de manière isotrope dans les régions homogènes, c'est-à-dire lorsque le gradient est inférieur à un seuil k donné. A l'inverse, le dernier critère assure que dans les zones à fort gradient, la diffusion s'effectuera uniquement dans la direction η orthogonale au gradient, de façon à conserver le contraste et renforcer les contours. On trouve dans (Krissian et al., 1996) une définition précise de ces critères et une liste des fonctions couramment utilisées dans la diffusion anisotrope. Parmi ces fonctions, (Krissian et al., 1996) n'en référencent que trois vérifiant la totalité des critères, dont la fonction de Green (Green, 1990) définit par :

$$\Phi(s) = \log \cosh(s/k)$$

C'est cette fonction que nous utiliserons pour réaliser un filtrage anisotrope sur nos images.

4.2.4.3 Application

La formulation 4.6 nous permet de réaliser la diffusion de façon itérative par une descente de gradient. On définit l'intensité d'un voxel V de l'image, localisé par ses coordonnées 3D $\bar{x} \in \Omega$, à l'itération t par $u(\bar{x}, t)$. Le filtrage anisotrope revient alors à calculer la nouvelle image par :

$$\forall \bar{x} \in \Omega, u(\bar{x}, t+1) = u(\bar{x}, t) - \alpha \nabla E = u(\bar{x}, t) + \alpha \frac{\partial u}{\partial t} \quad (4.8)$$

Nous avons utilisé un algorithme détaillé dans (Krissian et al., 1996), qui possédait une complexité linéaire par rapport au nombre de voxels de l'image. Cet algorithme itératif est décomposé en deux étapes. La première calcule les valeurs de la fonction de diffusion pour tous les voxels de l'image. La seconde calcule la nouvelle image à partir de l'équation 4.8.

Il reste à définir les paramètres de la procédure, c'est-à-dire le nombre d'itérations, la constante α et le seuil k utilisé dans l'évaluation de la fonction de diffusion.

En pratique, la valeur du seuil k dépend directement de l'écart-type du bruit dans l'image. La diffusion anisotrope sera efficace uniquement si les variations du gradient introduites par le bruit restent inférieures aux valeurs du gradient qui caractérisent les frontières des différents tissus. Dans notre cas, nous considérons l'aspect texturé du foie. La difficulté est d'évaluer le seuil de façon à retirer au maximum les variations d'intensités dans le parenchyme, sans les confondre avec les

variations d'intensités entre le parenchyme et les vaisseaux ou les lésions.

L'analyse de nos images nous a permis d'évaluer une valeur de k à 10 HU². Elle correspond à l'écart-type approximatif de la distribution des intensités du parenchyme dans nos images réduite au contour du foie. Dans (Gao et al., 1996), ce même écart-type était estimé à 13 HU, mais il était calculé sur les images entières, sans limitation à la région d'intérêt, ce qui explique la légère réduction constatée.

Nous avons fixé le nombre d'itérations du filtrage et la constante α en fonction d'un compromis entre la vitesse d'exécution du filtrage et sa qualité. 15 itérations, avec un α de 0.3, nous ont paru suffisantes pour que le processus donne de bons résultats sans pour autant être trop long (environ 10 minutes sur une station Dec Alpha).

Le résultat de la diffusion sur l'image 4.11 est montré sur la figure 4.12. 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 sur la figure 4.13. 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.

Nous verrons par la suite que cette diffusion, qui améliore nettement l'image, permet d'améliorer le résultat de la segmentation.

4.2.5 Troisième étape : seuillage global

4.2.5.1 Principe

La méthode de segmentation que nous avons choisie d'utiliser dépend principalement du type d'image que nous traitons et de l'information que nous souhaitons en tirer. En effet, il faut tout d'abord noter que le produit de contraste injecté dans les veines, permet de caractériser les différents tissus en fonction de l'intensité.

Comme le montre la figure 4.14, 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 parenchyme et les tissus peu vascularisés.

Cette première distinction entre les différents types de tissus est accentuée par une différence

2. HU = Hounsfield Unit, unité de mesure standard dans l'imagerie par scanner X

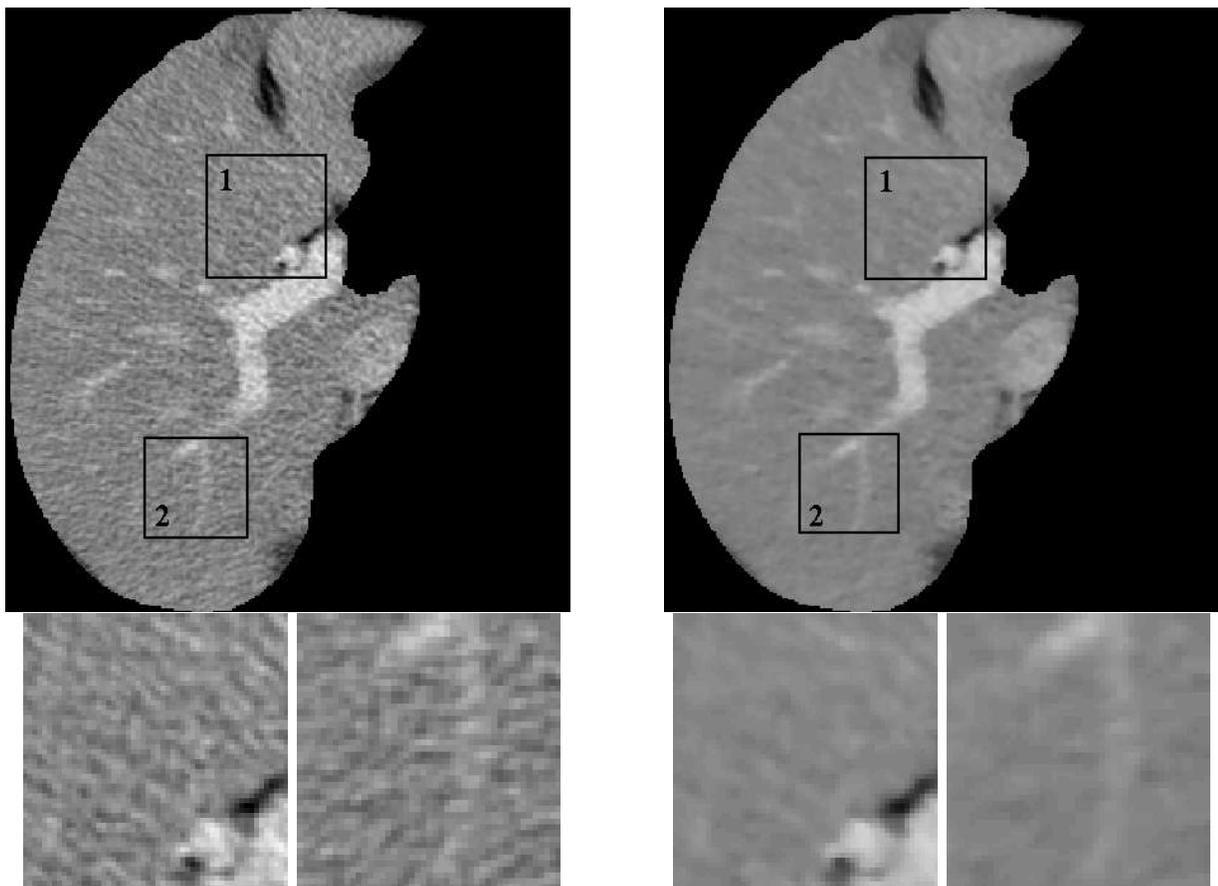


FIG. 4.12: Image 4.11 avant (à droite) et après (à gauche) la diffusion anisotrope : gros plan sur deux zones d'une même coupe, zone 1 à gauche et zone 2 à droite.

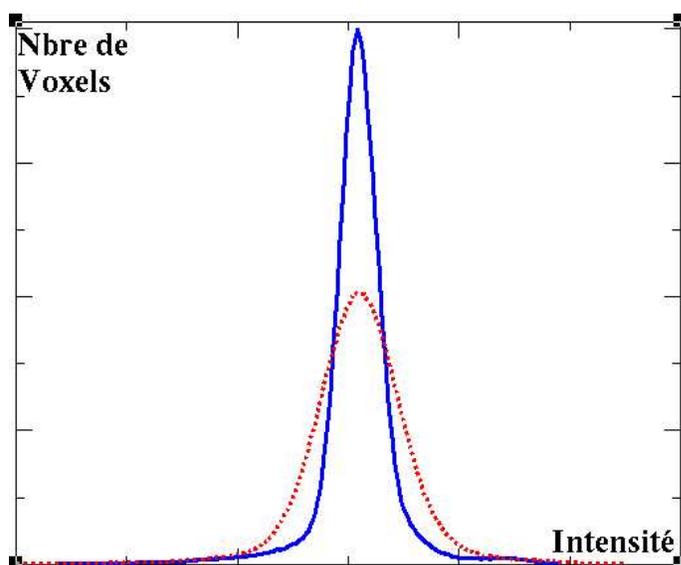


FIG. 4.13: Histogramme de l'image 4.12, avant (en pointillé) et après diffusion anisotrope.

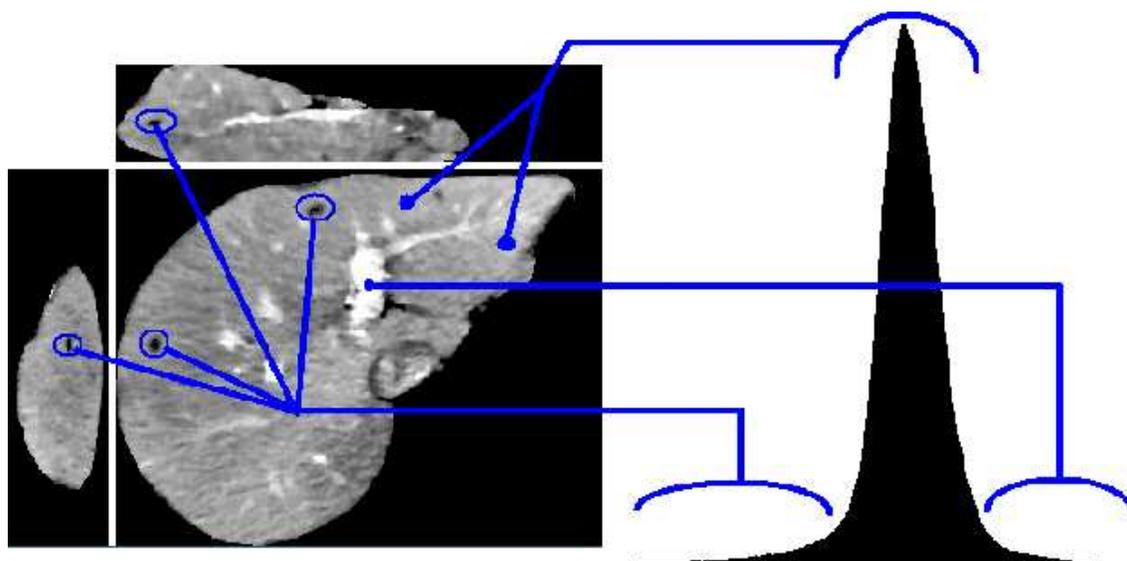


FIG. 4.14: *Correspondance entre intensités et type de tissus. De gauche à droite sur l'histogramme : lésions, foie, vaisseaux.*

très nette de topologie et de géométrie. En effet, les lésions sont des structures de forme nodulaire souvent multiples et non connectées entre elles, dont la localisation varie très nettement d'un patient à l'autre. Les réseaux vasculaires quant à eux sont de forme tubulaire avec de multiples arborescences, dont la topologie présente une très grande variation entre les patients (Couinaud, 1957).

Cette seconde différence interdit l'utilisation directe de modèles déformables car il faudrait préalablement repérer le nombre d'éléments que l'on souhaiterait segmenter. Elle élimine également toutes les méthodes par croissance de région (Zahlten et al., 1995a; Zahlten et al., 1995b) qui nécessiteraient un point de départ fixé manuellement pour chacune des structures que l'on souhaite segmenter. Dans ces deux cas, on pourrait évidemment tenter de fixer ces paramètres automatiquement, mais les variations entre les patients rendent cette tâche impossible directement, et nécessiterait une première étape de segmentation. Ces deux méthodes ne peuvent donc être utilisées que de façon interactive ou bien pour optimiser une première méthode de segmentation.

Dans le domaine restreint du foie nous l'avons vu, (Fishman et al., 1996) proposent une méthode de classification de l'ensemble des structures internes du foie. Nous avons choisi de repartir de cette idée en utilisant une méthode de calcul des seuils plus précise que la méthode des pourcentages. Notre méthode se base sur l'analyse de l'histogramme des intensités de l'image réduite. Nous avons tous d'abord remarqué que sa forme générale est celle d'une distribution normale. En analysant la segmentation semi-automatique réalisée sur les images de la NLM (voir chapitre 2), on peut calculer les différents pourcentages de voxels de chacune des structures dans le foie. On obtient ainsi pour la NLM, 2% de voxels appartenant à la veine porte, 3.5% de voxels appartenant à la veine cave

et enfin 94.5% de voxels restant, c'est-à-dire au moins 94% de tissus hépatiques. L'histogramme représente donc très largement la distribution des intensités du tissu hépatique lorsque le patient n'a pas de lésions. Évidemment, ce pourcentage varie lorsqu'il y a des lésions dans le foie. En général, les lésions ne dépassent pas 8% de l'image réduite, ce qui donne un pourcentage de plus de 80% de tissu hépatique. Cependant, deux des images que nous avons traités, présentaient un kyste très volumineux, dont le plus gros atteignait 32% des voxels de l'image réduite. L'histogramme était alors bimodal, le pic le plus important, celui correspondant au tissu hépatique, ayant toujours une forme de distribution normale.

Partant de cette analyse, nous avons supposé que la distribution des intensités de chacune des trois classes de tissus décrites par (Fishman et al., 1996), suivait une loi normale, hypothèse présente dans de nombreux articles (voir paragraphe 4.1). Plutôt que d'évaluer pour chaque intensité le pourcentage de voxels appartenant aux différents tissus (Fishman et al., 1996), nous avons préféré retrouver chacune des répartitions de ces tissus, dont la somme est égale à l'histogramme des intensités. Avec cette information, nous pourrions facilement définir les seuils séparant au mieux les intensités de ces tissus.

4.2.5.2 Méthode d'ajustement des gaussiennes

Nous avons vu précédemment qu'il existait plusieurs méthodes permettant de retrouver une somme de distributions. Nous avons choisi de réaliser cet ajustement en minimisant un critère aux moindres carrés, reprenant ainsi la méthode développée dans plusieurs articles (Bammer et al., 1997; Atkins et Mackiewich, 1996; Goshtasby et O'Neill, 1994; Brummer et al., 1993). Voyons plus en détail cette méthode.

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 :

$$\chi^2(a) = \sum_{j=1}^M \left[h(x_j) - \sum_{k=1}^K f_k(x_j) \right]^2 \quad \text{avec} \quad f_k(x) = \frac{A_k}{\sqrt{2\pi}\sigma_k} e^{-\frac{1}{2} \frac{(x-\mu_k)^2}{\sigma_k^2}} \quad (4.9)$$

en définissant le vecteur des paramètres a par :

$$\begin{aligned} a_{3k} &= A_k &= \text{amplitude de la } k^{\text{ième}} \text{ gaussienne} \\ a_{3k+1} &= \mu_k &= \text{moyenne de la } k^{\text{ième}} \text{ gaussienne} \\ a_{3k+2} &= \sigma_k &= \text{écart type de la } k^{\text{ième}} \text{ gaussienne} \end{aligned}$$

Pour obtenir la valeur minimale, il faut transformer cette formulation statique en une formulation dynamique. Pour cela, nous utilisons le développement limité à l'ordre 2 de l'équation 4.9, défini par :

$$\chi^2(a + \delta a) = \chi^2(a) + \sum_k \frac{\partial \chi^2}{\partial a_k} \cdot \delta a_k + \frac{1}{2} \sum_{k,l} \frac{\partial^2 \chi^2}{\partial a_k \partial a_l} \cdot \delta a_k \cdot \delta a_l + o(\|\delta a\|^2) \quad (4.10)$$

En utilisant le vecteur b et le hessien H tels que $b_k = \frac{\partial \chi^2}{\partial a_k}$ et $[H]_{kl} = \frac{\partial^2 \chi^2}{\partial a_k \partial a_l}$, on définit l'approximation quadratique de l'équation 4.10 par :

$$\chi^2(a + \delta a) \approx \chi^2(a) + b|_a \cdot \delta a + \frac{1}{2} \delta a^T \cdot H|_a \cdot \delta a$$

Notre but est de trouver le vecteur des paramètres a' pour lequel le χ^2 est minimal, c'est-à-dire tel que $\nabla \chi^2(a') = 0$. On peut écrire une approximation de $\nabla \chi^2$ à partir de la forme quadratique par :

$$\nabla \chi^2(a + \delta a) \approx b|_a + H|_a \cdot \delta a \quad (4.11)$$

Si l'approximation est exacte, on peut trouver $a' = a + \delta a$, en une itération puisque l'on obtient à partir de l'équation 4.11 :

$$H|_a \cdot \delta a = -b|_a \quad (4.12)$$

L'approximation n'est jamais exacte, ce qui explique qu'on itère ce processus :

$$a_{i+1} = a_i + \delta a_i \quad \text{avec} \quad \delta a_i = -H^{(-1)}|_{a_i} \cdot b|_{a_i} \quad (4.13)$$

Si l'approximation est mauvaise, une solution est de réaliser une descente au premier ordre :

$$a_{i+1} = a_i + \delta a_i \quad \text{avec} \quad \delta a_i = -\alpha \cdot b|_{a_i} \quad (4.14)$$

La difficulté réside alors dans le choix du terme constant α . La solution proposée par (Marquardt, 1963) est une combinaison de ces deux solutions. Réécrivons pour cela les équations 4.13 et 4.14 pour chacun des paramètres a_l que l'on cherche, $l \in [1, 3K]$. En utilisant les définitions du vecteur b et du hessien h , on obtient :

$$\sum_{l=1}^{3K} [H]_{kl} \delta a_l = -b_k \quad (4.15)$$

$$\delta a_l = -\alpha_l \cdot b_l \quad (4.16)$$

(Marquardt, 1963) remarque tout d'abord que l'équation 4.16 permet de définir la dimension de la constante α_l . En effet, b_l ayant par définition la dimension de $1/a_l$ et δa_l la dimension a_l , on en

déduit que la constante α_l doit avoir une dimension de a_l^2 , c'est-à-dire celle de $1/[H]_{ll}$. Il remplace donc la constante de l'équation 4.16 par $1/\lambda H_{ll}$, le terme lambda étant un terme pondérateur sans dimension. L'équation 4.16 prend la nouvelle forme :

$$\delta a_l = -\frac{1}{\lambda[H]_{ll}}.b_l \quad (4.17)$$

Il combine ensuite les deux équations 4.15 et 4.17 en définissant une nouvelle matrice H' par :

$$\begin{aligned} [H']_{kk} &= [H]_{kk}(1 + \lambda) \\ [H']_{kl} &= [H]_{kl} \quad (k \neq l) \end{aligned}$$

En utilisant ces définitions, la résolution du problème par un processus itératif devient alors :

$$a_{i+1} = a_i + \delta a_i \quad \text{avec} \quad \delta a_i = -H'^{-1}|_{a_i}.b|_{a_i} \quad (4.18)$$

Notons que lorsque λ tend vers zéro la matrice H' tend vers H , la solution 4.18 devient proche de la solution 4.13 utilisée pour une bonne approximation. A l'inverse un λ élevé transforme la matrice H et la solution 4.18 devient proche de la solution 4.14. L'algorithme de Levenberg-Marquardt utilise cette propriété pour obtenir de façon itérative la solution finale, en faisant varier le terme λ en fonction du χ^2 . Si la variation du χ^2 entre l'itération i et $i + 1$ est faible, l'approximation est bonne et l'on utilise alors un λ faible. Si cette variation est élevée, l'approximation n'est pas bonne et l'on utilise un λ élevé. Traduit en algorithme, on obtient :

1. Initialisation des paramètres.
2. Calcul du $\chi^2(a)$.
3. Résolution du système linéaire (4.18) et calcul de $\chi^2(a + \delta a)$.
4. Si $\chi^2(a + \delta a) \geq \chi^2(a)$, accroître λ d'un facteur 10 et reprendre au point 3.
5. Si $\chi^2(a + \delta a) < \chi^2(a)$, décroître λ d'un facteur 10 et prendre comme nouvelle solution $a = a + \delta a$. Reprendre au point 3 si la condition d'arrêt n'est pas atteinte.

La condition d'arrêt de l'algorithme est couramment définie lorsque le χ^2 varie de façon négligeable entre deux itérations. L'initialisation influera de façon évidente sur le résultat et permettra de faire converger le χ^2 vers la solution optimale d'autant plus rapidement qu'elle aura été bien réalisée. À l'inverse, une solution initiale mal choisie peut entraîner une solution erronée si le χ^2 possède plusieurs minima locaux. Il sera donc essentiel de bien définir l'initialisation des paramètres.

Nous allons illustrer l'utilisation de cette méthode, par un exemple de segmentation d'images IRM acquises sur des cerveaux ischémiés de rat. Cette exemple nous permettra de comprendre l'importance de l'initialisation dans la méthode utilisée.

4.2.5.3 Un exemple d'application : segmentation d'ischémie

Dans le cadre d'une collaboration avec SANOFI Recherche, nous avons étudié des images IRM de cerveaux ischémiés de rats. L'ischémie désigne une anémie locale, c'est-à-dire l'état de l'organisme privé de sang dans une région limitée. Elle peut résulter par exemple, de l'obstruction d'une artère par un caillot de sang. On comprend aisément qu'il est essentiel de pouvoir les repérer rapidement, mais également de pouvoir définir précisément la région ischémisée.

Pour illustrer l'utilisation de l'algorithme d'ajustement vu précédemment, nous allons traiter des IRM de cerveaux de rats, acquises à 24 heures d'intervalle, après injection d'un caillot de sang dans une artère cérébrale. Elles permettent de suivre le développement de l'ischémie au cours du temps (voir figure 4.15).

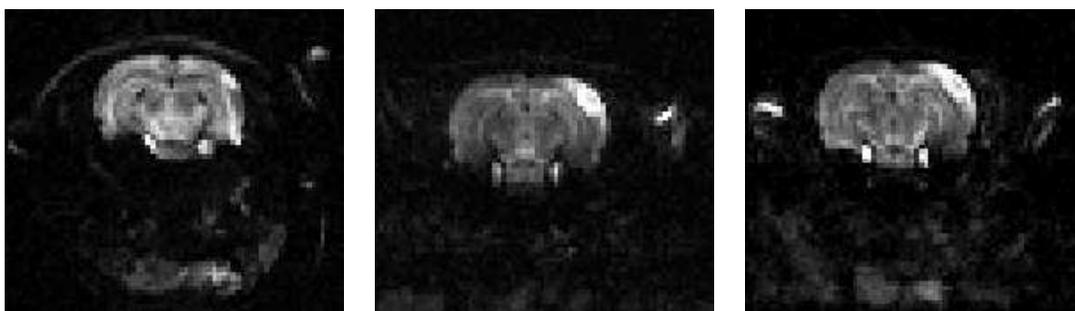


FIG. 4.15: . IRM du cerveau d'un même rat, acquise à 24 heures d'intervalle, après injection d'un caillot dans une artère cérébrale. Vue d'une même coupe au temps t (à gauche), $t+24h$ (au centre) et $t+48h$ (à droite).

Ces images sont anisotropes, la taille des voxels étant de 0,46 mm x 0,46 mm x 1 mm. L'ischémie apparaît fortement contrastée dans les images IRM, c'est-à-dire avec des intensités claires. Comme nous l'avons fait pour le foie (figure 4.14), on peut repérer sur l'histogramme des intensités, les zones correspondant aux différentes structures de l'image. Dans le cas des ischémies ces structures seront le fond de l'image en sombre, le cerveau dans les niveaux d'intensités intermédiaires et l'ischémie en claire (voir figure 4.16).

Tout comme les images du foie, nous supposons que les répartitions d'intensités suivent une loi normale. Le but est de retrouver ces trois répartitions dont la somme est égale à l'histogramme des intensités. Nous utilisons pour cela l'algorithme de Levenberg-Marquardt que nous venons de

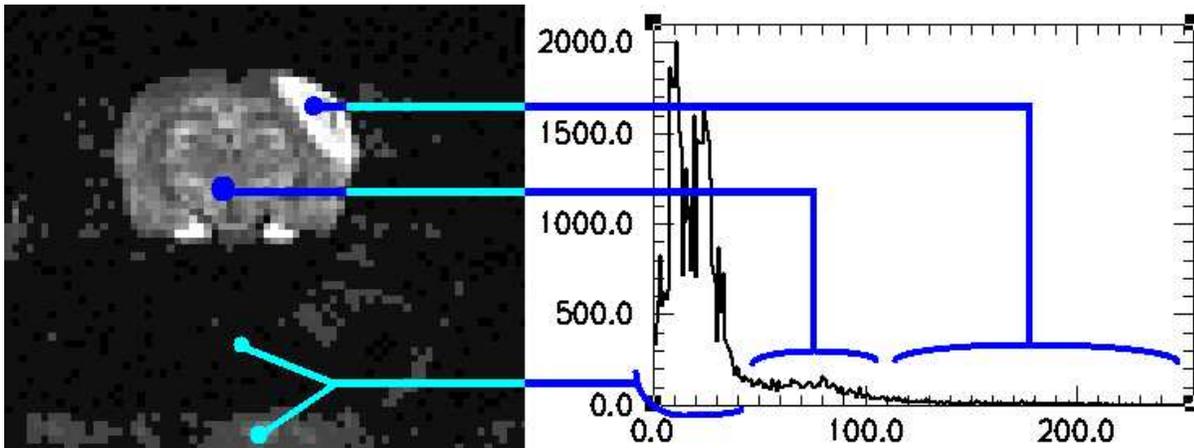


FIG. 4.16: *Correspondance entre intensités et structures de l'image. De gauche à droite sur l'histogramme : le fond, le cerveau et l'ischémie.*

décrire. La difficulté réside maintenant dans l'initialisation des paramètres.

Nous cherchons les paramètres des trois gaussiennes, c'est-à-dire leur moyenne μ_i , leur écart type σ_i et leur amplitude A_i . Dans les meilleurs cas, on peut facilement initialiser ces valeurs en retrouvant le pic de chacune des répartitions dans l'histogramme. Malheureusement, dans la pratique les pics sont difficilement repérables. Ils sont soit multiples (comme c'est le cas pour le fond), soit non apparents (comme c'est le cas pour l'ischémie). Dans le premier cas, un lissage de l'histogramme permettrait de les retrouver, mais le second cas nécessite un traitement plus complexe. L'utilisation de connaissances a priori n'est pas une solution dans nos images. En effet, ces valeurs sont très variables comme le montre l'analyse comparée des histogrammes, illustrée par la figure 4.17. On voit clairement sur cet exemple, que le pic du fond, tout comme celui du cerveau, varie de façon importante sur un même rat d'une acquisition à l'autre.

La solution que nous proposons à ce problème, reprend l'idée développée par (Brummer et al., 1993). Dans ces travaux, un premier ajustement calcule la distribution des intensités correspondant au fond de l'image. Les paramètres de la distribution sont initialisés en utilisant l'intensité du premier pic prédominant de l'histogramme lissé. Une fois ces voxels retirés de l'image, l'histogramme a une nouvelle forme et un nouveau pic prédominant correspondant aux voxels de la tête. Ce nouveau pic est ensuite utilisé pour initialiser la distribution ajustée sur l'histogramme de cette nouvelle image.

Nous avons généralisé cette méthode à K distributions, par un processus itératif défini pour

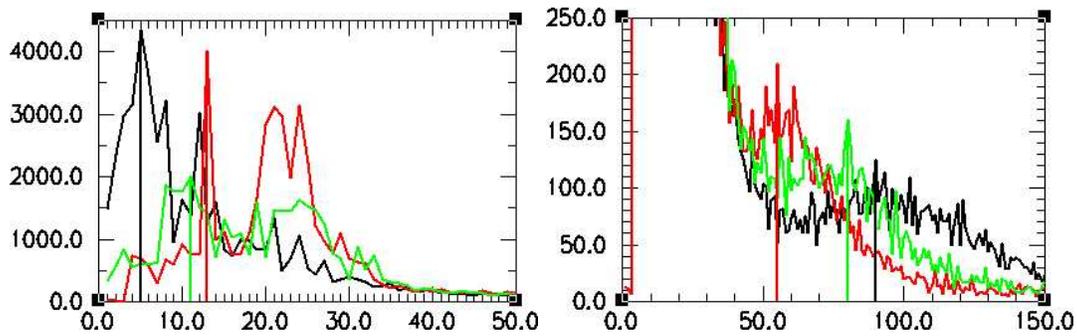


FIG. 4.17: . Comparaison de 3 histogrammes des IRM du cerveau d'un même rat, acquises à 24 heures d'intervalle : en noir au temps t , en gris foncé au temps $t+24h$ et en gris clair au temps $t+48h$. A gauche entre les intensités 0 et 50, intensités maximales repérées pour le fond. A droite entre les intensités 0 et 150, intensités maximales repérées pour le cerveau.

l'histogramme h d'une image de M voxels ayant des intensités comprises entre i_{min} et i_{max} :

- Pour $k \in [1, K]$ ($K =$ nombre de distributions recherchées)
 1. Calcul de h' = histogramme h lissé entre i_{inf} et i_{sup} .
 2. Repérage du premier maximum local de h' en i_{max} .
 3. Initialisation des paramètres sachant que $f_k(i) = \frac{A_k}{\sqrt{2\pi}\sigma_k} e^{-\frac{1}{2} \frac{(i-\mu_k)^2}{\sigma_k^2}}$:
 - $\mu_k = i_{max}$
 - σ_k définit par $h(\mu_k \pm \sigma_k) = h(\mu_k) \cdot e^{-\frac{1}{2}}$
 - $A_k = h(\mu_k) \cdot \sqrt{2\pi} \cdot \sigma_k$
 4. Ajustement par minimisation de $\chi^2 = \sum_{j=1}^M [h(x_j) - f_k(x_j)]^2$
 5. Réévaluation de h : $h(i) = h(i) - f(i)$ avec $i \in [i_{min}, i_{max}]$
 6. Nouvelle intensité minimale i_{min} telle que $h(i_{min}) = f(i_{min})$, c'est-à-dire intensité de croisement entre la gaussienne k et l'histogramme restant.
- h réinitialisé sur l'image initiale.
- Ajustement des K gaussiennes par minimisation de $\chi^2 = \sum_{j=1}^M [h(x_j) - \sum_{k=1}^K f_k(x_j)]^2$

Dans le cas de l'ischémie, nous recherchons 3 gaussiennes. L'algorithme réalise donc trois itérations pour initialiser les paramètres des gaussiennes, puis ajustera la somme de ces trois distributions sur l'histogramme de l'image initiale. Le résultat des ajustements réalisés par les trois itérations est illustré sur la figure 4.18 et celui de l'ajustement final est présenté sur la figure 4.19.

Les seuils sont ensuite évalués à l'intersection de deux distributions voisines. Ils permettent de segmenter l'ischémie et le cerveau du rat. Le résultat de cette segmentation automatique permet de

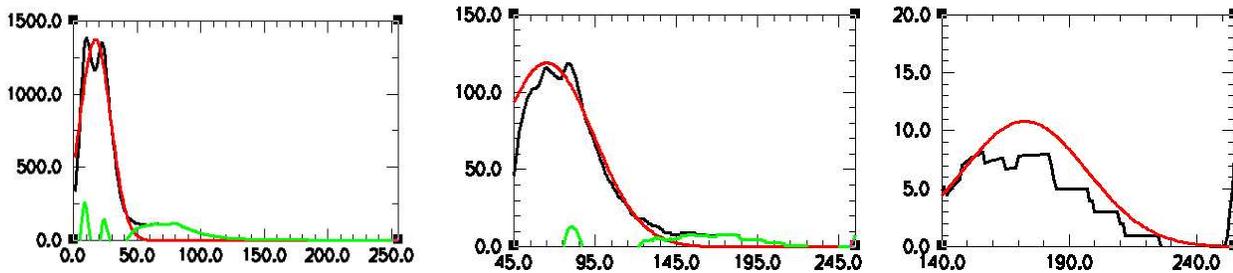


FIG. 4.18: De gauche à droite, résultat des 3 itérations de l'algorithme d'ajustement itératif sur l'histogramme d'une image IRM du cerveau ischémié d'un rat. Les gaussiennes ajustées (en gris foncé) sur l'histogramme (en noir) permettent de calculer le nouvel histogramme par simple soustraction (en gris clair).

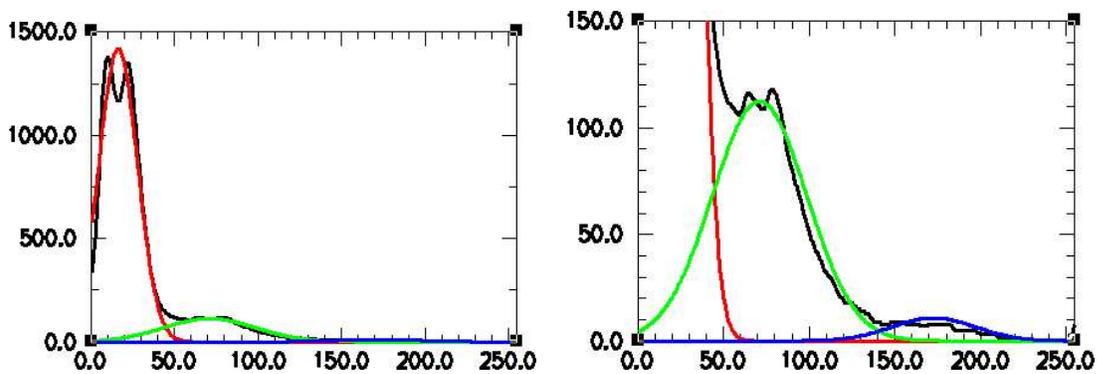


FIG. 4.19: Résultat de l'ajustement de trois gaussiennes sur l'histogramme d'une image IRM du cerveau ischémié d'un rat. L'image de droite correspond à l'image de gauche avec une échelle inférieure permettant de mieux voir la troisième gaussienne.

visualiser et de quantifier l'évolution de l'ischémie au cours du temps, comme le montre l'exemple des figures 4.20. Le même exemple est visualisé en 3D sur la figure 4.21, la surface du cerveau et de l'ischémie ayant été obtenue après extraction de la composante connexe 3D de taille maximale dans l'image seuillée du cerveau et de l'ischémie.



FIG. 4.20: Comparaison de 3 résultat de segmentation automatique du cerveau et d'une ischémie sur des IRM du cerveau ischémié d'un même rat, acquises à 24 heures d'intervalle : en claire l'ischémie, en sombre le cerveau. Vue d'une même coupe au temps t (à gauche) $t+24h$ (au centre) et $t+48h$ (à droite).

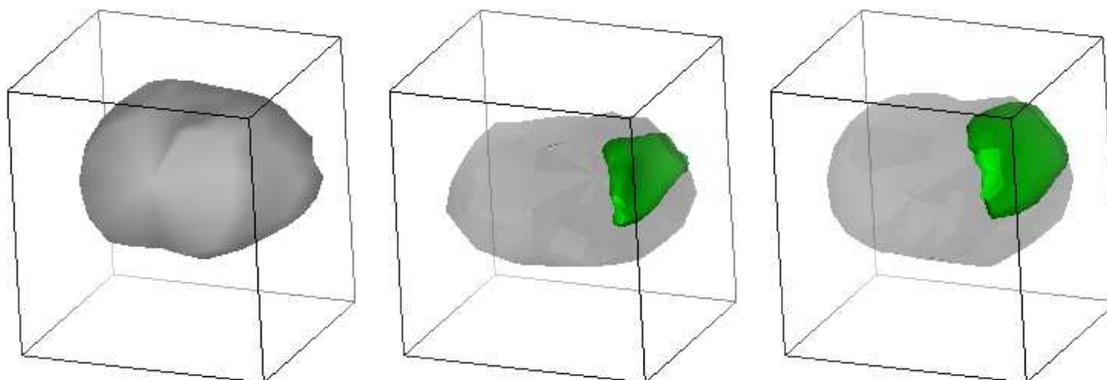


FIG. 4.21: Comparaison de 3 résultat de segmentation automatique du cerveau et d'une ischémie sur des IRM du cerveau ischémié d'un même rat, acquises à 24 heures d'intervalle. Visualisation 3D de la surface du cerveau (en transparence) et de l'ischémie dans une même orientation, au temps t (à gauche) $t+24h$ (au centre) et $t+48h$ (à droite).

Cette illustration de l'application de la méthode de Levenberg et Marquardt, nous a permis d'approcher le problème de l'initialisation des paramètres sur un exemple d'ajustement de trois gaussiennes. Nous allons voir maintenant son application dans le cas du foie.

4.2.5.4 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). En utilisant cette nouvelle répartition, on peut initialiser les paramètres des deux autres gaussiennes puis lancer un ajustement des trois gaussiennes sur l'histogramme.

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 $f(\mu \pm \sigma) = f(\mu) \cdot e^{-\frac{1}{2}}$, on cherche dans l'histogramme h les deux valeurs x_{sup} et x_{inf} telles que :

$$\begin{aligned} h(\lceil x_{sup} \rceil) &\leq h(\mu + \sigma) < h(\lfloor x_{sup} \rfloor) \\ h(\lfloor x_{inf} \rfloor) &\leq h(\mu - \sigma) < h(\lceil x_{inf} \rceil) \end{aligned}$$

en rappelant que :

$$\lfloor x \rfloor = E(x) \quad \lceil x \rceil = E(x) + 1$$

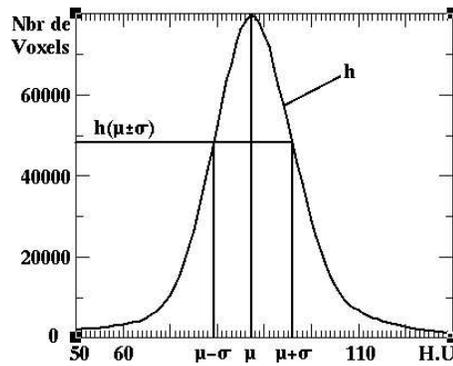


FIG. 4.22: Initialisation de σ : moyenne des deux écarts $x_{sup} - \mu$ et $\mu - x_{inf}$.

La valeur initiale de σ est alors la moyenne de ces deux écarts c'est-à-dire $\frac{x_{sup} - x_{inf}}{2}$ (figure 4.22). Enfin, l'amplitude A est donnée à partir de nos deux premiers paramètres par $h(\mu) \cdot \sqrt{2\pi} \cdot \sigma$ puisque $f(\mu) = \frac{A}{\sqrt{2\pi} \cdot \sigma}$. Une fois ces valeurs initiales déterminées, nous procédons à l'ajustement de la

gaussienne. On obtient le résultat montré dans la figure 4.23. La différence entre l'histogramme et la gaussienne laisse apparaître deux zones de part et d'autre du centre de la gaussienne principale.

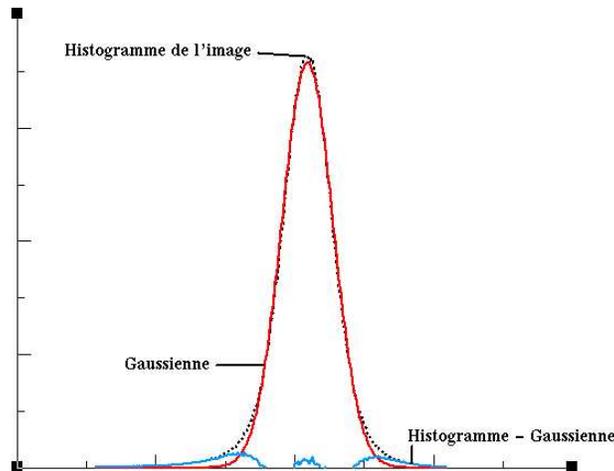


FIG. 4.23: Résultat de l'ajustement d'une gaussienne sur l'histogramme des intensités.

Ces deux zones correspondent aux niveaux d'intensités des lésions, pour les valeurs les plus faibles, et des vaisseaux pour les valeurs les plus élevées. En utilisant la courbe $h(i) - f(i)$, on peut initialiser deux nouvelles gaussiennes et ajuster les trois distributions avec la même méthode de Levenberg-Marquardt. Pour l'initialisation des paramètres, on garde pour la gaussienne principale, les paramètres ajustés dans l'étape précédente. Pour les deux nouvelles gaussiennes, on initialise la moyenne μ à l'intensité i qui a la plus grande valeur $h(i) - f(i)$ pour i pris dans chacune des deux zones. L'écart type σ est initialisé à la valeur $\min(|\mu - x|)$ tel que $h(x) - f(x) = 0$. L'amplitude est ensuite calculée à partir de ces valeurs par $\{[h(\mu) - f(\mu)] \cdot \sqrt{2\pi} \cdot \sigma\}$. Si l'on reprend le même exemple d'histogramme, on obtient l'ajustement montré sur la figure 4.24.

4.2.5.5 Seuillage

L'ajustement de 3 gaussiennes nous a permis de repérer, dans l'histogramme d'intensités, 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 ces seuils comme étant les intensités pour lesquels 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 puisque tous les voxels d'un tissu ne seront pas récupérés alors que certains voxels du tissu voisin le seront par erreur.

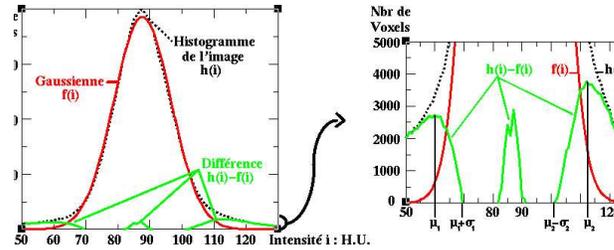


FIG. 4.24: Résultat de l'ajustement de 3 gaussiennes sur l'histogramme des intensités.

La figure 4.25 nous montre le résultat, sous forme de projection MIP, du seuillage des vaisseaux sur l'image réduite, avant et après application du filtrage anisotrope.

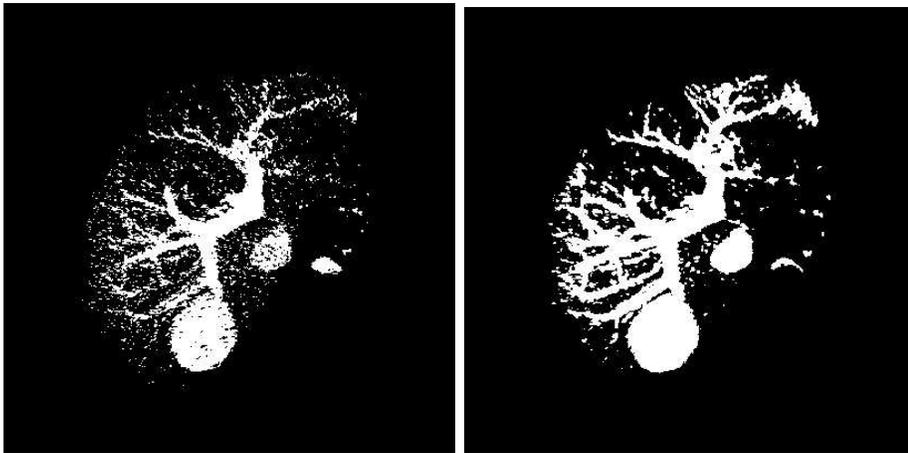


FIG. 4.25: En projection MIP, résultat du seuillage de l'image sans (à gauche) et avec (à droite) filtrage anisotrope.

Dans cet exemple, on remarque au moins deux structures différentes: le réseau vasculaire et une boule dans le bas de l'image, correspondant à une partie du rein droit du patient. La présence de ce rein fait apparaître une imperfection du masque du foie. On peut séparer le réseau vasculaire dans ces images, en ne conservant que la composante connexe 3D de taille maximale. C'est ce que montre la figure 4.26. On voit plus clairement que sans la diffusion anisotrope, un grand nombre de branches du réseau vasculaire sont perdues.

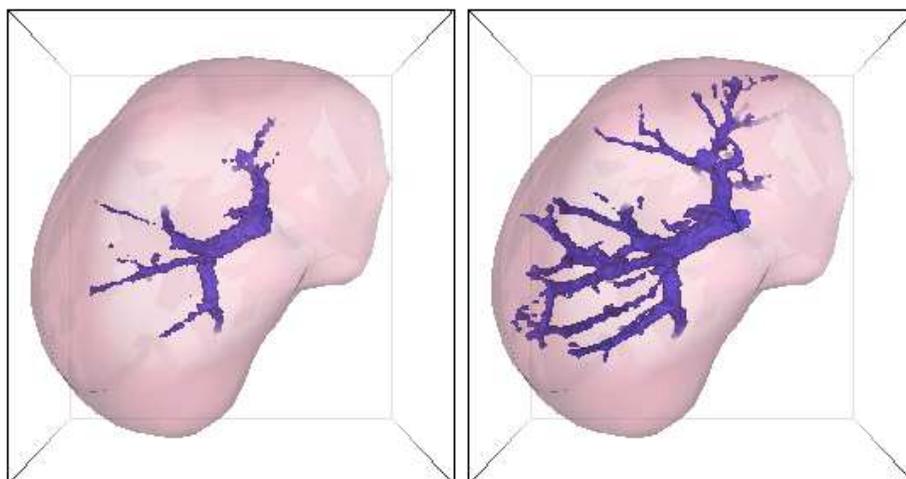


FIG. 4.26: *Vue inférieure du foie en transparence et de la composante connexe 3D de taille maximale résultant du seuillage de l'image sans (à gauche) et avec (à droite) filtrage anisotrope.*

La figure 4.27 nous montre le résultat obtenu sur un autre patient qui possédait un grand nombre de tumeurs. On peut remarquer là aussi l'apparition de voxels supplémentaires, faux positifs, représentant des erreurs du masque du foie. La diffusion anisotrope dans ce cas, permet de réduire considérablement le nombre de faux positifs.

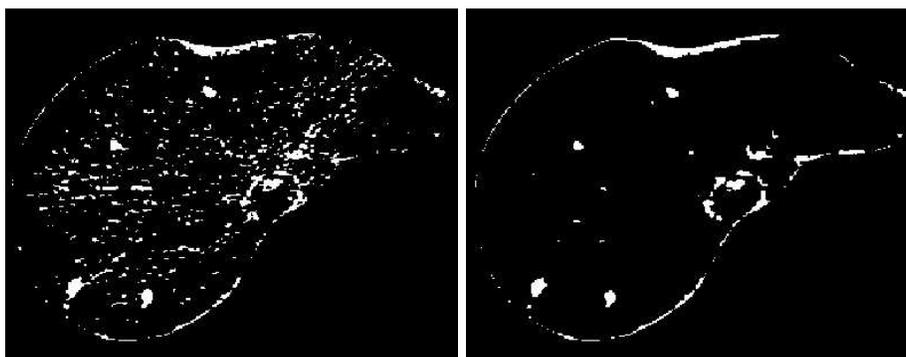


FIG. 4.27: *Vue d'une coupe de l'image seuillée pour obtenir les lésions, sans (à gauche) et avec (à droite) filtrage anisotrope.*

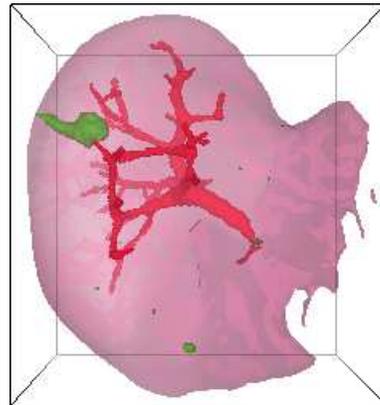
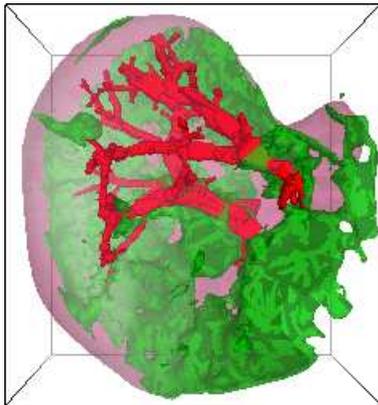
Cette première étape permet donc d'obtenir un premier résultat satisfaisant, mais qui n'est pas suffisant. Afin de l'améliorer, nous pouvons utiliser la spécificité des structures que nous souhaitons segmenter, c'est-à-dire mettre à profit les connaissances a priori que nous avons sur les lésions et les vaisseaux du foie. Ces connaissances peuvent être traduites en critères de classification que nous allons voir dans le chapitre suivant.

Chapitre 5

Correction de la segmentation

Nous allons développer plusieurs méthodes ayant pour objectif d'améliorer le résultat initial de la segmentation obtenue par simple seuillage. Toutes sont basées sur l'utilisation des connaissances que nous avons des structures que nous souhaitons segmenter. Ce chapitre contient

principalement deux analyses distinctes, une première concernant les lésions et une seconde concernant les vaisseaux du foie. Nous verrons que l'utilisation de connaissances a priori, traduites en contraintes, permet une très nette amélioration du résultat de la segmentation.



5.1 Principe général

Pour être pleinement efficace, une segmentation par simple seuillage nécessite une qualité d'image rarement rencontrée dans la pratique. Elle induit en général un certain nombre d'erreurs qu'il faudra corriger. Ces erreurs, faux positifs ou faux négatifs étant différents d'une classe à l'autre, il est nécessaire de les analyser pour chacune des classes.

La classe des lésions tout d'abord, nous l'avons vu, regroupe l'ensemble des voxels de l'image ayant une intensité faible. Elle réunit toutes les lésions, mais également les zones sombres correspondant aux erreurs du masque du foie et, dans certaines images, les réseaux sus et sous hépatiques non contrastés. Compte tenu du contraste relativement important entre le parenchyme et les lésions, nous avons supposé que les erreurs étaient limitées à un ensemble de faux positifs. La correction doit consister à distinguer dans l'image seuillée, les lésions des autres structures.

Ensuite, la classe des vaisseaux regroupe les voxels de l'image ayant une intensité élevée. Elle réunit les tissus contrastés à l'intérieur du masque, c'est-à-dire essentiellement les vaisseaux, et parfois une partie du rein droit, lorsque le masque est imparfait. Contrairement aux lésions, le contraste entre le parenchyme et les vaisseaux peut être très faible. Il en résulte des erreurs importantes de classification. Certains voxels du parenchyme peuvent être inclus dans la classe des vaisseaux, ou à l'inverse, certains voxels des vaisseaux peuvent être oubliés. Parmi les vaisseaux, on distingue trois réseaux vasculaires. Celui que l'on cherche à segmenter est le réseau porte. Il est souvent accompagné de branches des réseaux sus et sous hépatique, et dans quelques images du réseau artériel. La correction des erreurs doit viser deux objectifs : ajouter les voxels des vaisseaux manquants (faux négatifs) et retirer les voxels n'appartenant pas à la veine porte.

Dans ce problème, les structures que nous souhaitons segmenter sont clairement définies et connues. Cette connaissance a été utilisée lors de la première segmentation pour définir trois classes qui dépendaient du niveau d'intensité des structures. Nous venons de le voir, l'information d'intensité utilisée seule, ne permet pas toujours de distinguer toutes les structures. On trouve parfois dans la même classe des lésions et des vaisseaux alors que leur forme est très nettement différente. Les connaissances que nous avons sur la géométrie et la topologie des structures n'ont donc pas été exploitées. Ce sont ces informations supplémentaires que nous nous proposons d'utiliser maintenant, en les traduisant en contraintes qui permettront de retirer les erreurs constatées précédemment.

5.2 Cas des lésions

5.2.1 Connaissances a priori

On peut décrire les lésions du foie selon plusieurs critères que sont leur localisation, leur aspect, leur nombre et leur taille. Nous avons pour cela repris les analyses médicales de (Nordlinger et Jaeck, 1992), regroupant un grand nombre d'études chiffrées concernant les tumeurs. Nous avons ajouté à ces analyses les observations de (Gao et al., 1996) et notre propre étude des scanners X que nous avons traités.

Localisation

On peut distinguer les lésions suivant leur position par rapport à l'enveloppe du foie. Les travaux de (Bellocq et al., 1992) montrent que les métastases hépatiques se distinguent en fonction de leur localisation suivant 4 types : les métastases sous-capsulaire (44%), principalement localisées dans une bande superficielle de 5 mm d'épaisseur; les métastases profondes (36%), principalement localisées dans le reste du foie, les métastases uniquement profondes (15%) et les métastases uniquement superficielles (5%). Ces dernières sont situées à la surface du foie, avec une partie centrale plus importante dans la bande du parenchyme sous-capsulaire de 5 mm d'épaisseur. Cette localisation périphérique entraîne une variation de leur forme en comparaison des autres lésions. Ajoutons à cette analyse, un autre type de lésions que sont les kystes hépatiques situés à l'intérieur de l'enveloppe. Afin de simplifier l'analyse, nous appellerons par la suite lésions périphériques, les lésions uniquement superficielles (5%), et lésions internes les autres lésions (95%).

Forme

Les métastases internes sont nodulaires, c'est-à-dire qu'elles ont une forme grossièrement arrondies. Quand leur taille augmente, les contours perdent de leur régularité et donne à l'ensemble une forme multilobée. Les kystes ont également une forme nodulaire, mais généralement plus régulière que les métastases. La forme des lésions internes est modélisé dans les travaux de (Gao et al., 1996), par un ellipsoïde. Cette modélisation ne peut pas tenir compte de cas particuliers, comme par exemple la confluence de plusieurs métastases, pouvant aboutir à des formes très complexes.

Les lésions périphériques sont également des métastases, mais leurs formes varient en fonction de leur localisation. En effet, la partie superficielle pressée entre les tissus avoisinants et le foie, peut parfois s'aplatir. La partie sous-capsulaire aura une forme nodulaire mais peut entraîner une ombilication de la capsule¹. La forme d'une lésion périphérique varie donc de façon très importante, tandis que leur fréquence d'apparition est faible. Notre propre étude confirme cette analyse. Sur les

1. formation d'une dépression sur la surface du foie, au niveau de la lésion

images que nous avons traités, deux seulement présentaient de telles lésions. Dans le premier cas il s’agissait de petites lésions sous-capsulaires de forme nodulaire. Dans le second il s’agissait d’une unique lésion périphérique de forme aplatie sur la surface avec une partie centrale interne au foie plus volumineuse, donnant à l’ensemble une forme “d’œuf sur le plat”.

Nombre et taille

Les travaux de (Bellocq et al., 1992) révèlent une très grande variation du nombre et de la taille des lésions, variation que nous avons pu nous-mêmes constater. D’après (Bellocq et al., 1992), lors d’une analyse autopsique, on compte en moyenne 62 métastases par foie, avec des tailles variant entre 0.2 et 9 cm de diamètre. Ce nombre moyen, calculé sur des individus décédés des suites d’un cancer du foie, cache des disparités importantes, puisque 15% de ceux-ci présentaient une unique lésions d’une taille allant de 0.5 à 2.5 cm de diamètre. Dans nos images réalisées lors d’examens cliniques, 5 patients sur 15 ne possédaient pas de lésions, 6 en possédaient une unique (3 kystes, 2 métastases internes et 1 périphérique), un patient en possédait 3 et enfin 2 plus de 20. Nos images confirment donc la disparité, mais réduisent la moyenne de l’étude précédente dans le cas d’examens cliniques à 3 lésions. Les exemples des figures 5.1, 5.2, 5.3 et 5.4 illustrent les variations que nous avons observées.

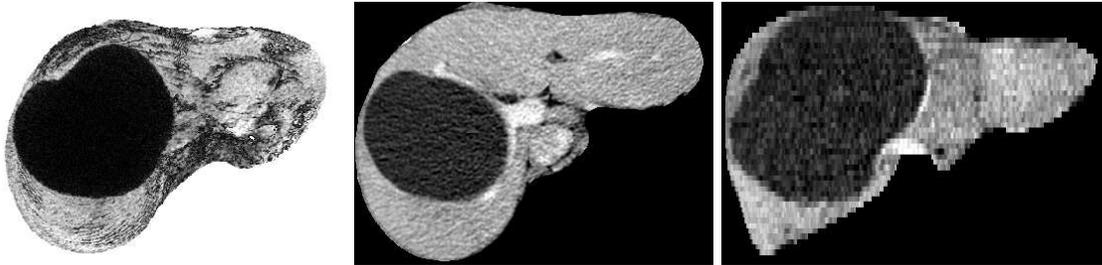


FIG. 5.1: *Kyste hépatique : vue MIP inversée (à gauche), coupe horizontale (au centre), coupe verticale (à droite).*

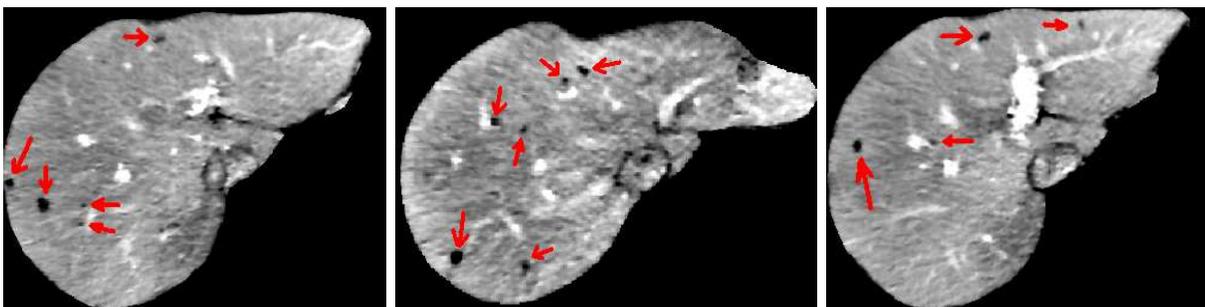


FIG. 5.2: *Multiplés métastases indiquées par les flèches : 3 coupes horizontales d’une même image.*

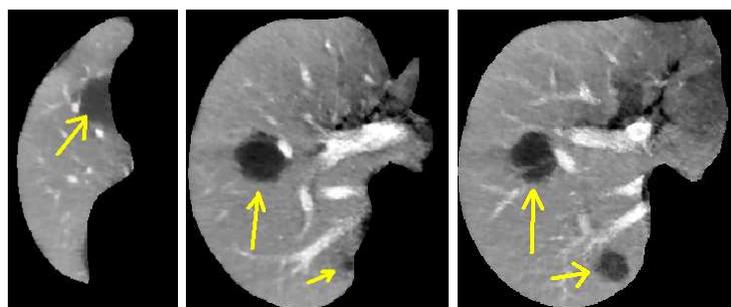


FIG. 5.3: 3 tumeurs internes : 3 coupes horizontales d'une même image.

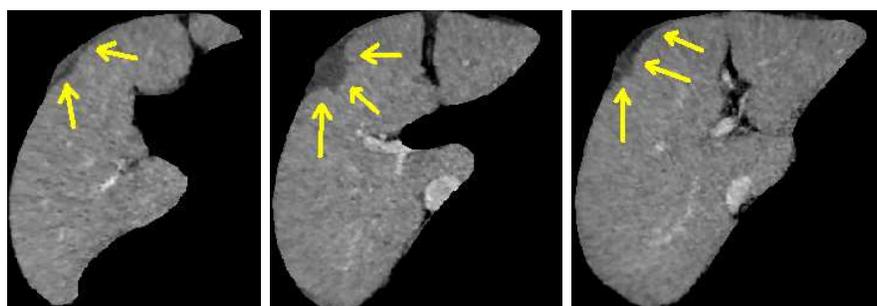


FIG. 5.4: 1 Tumeur périphérique : 3 coupes horizontales d'une même image.

Les caractéristiques des lésions ayant été étudiées, il nous est apparu important d'ajouter à notre analyse des connaissances, une étude des erreurs dues au seuillage. Cette étude a pour but de permettre de distinguer dans l'image seuillée, les faux positifs des lésions.

Les erreurs peuvent être de quatre types différents. Il s'agit tout d'abord et essentiellement d'erreurs sur le contour du foie, le masque débordant sur des zones sombres. Dans ce premier cas, les structures obtenues par seuillage ont une forme plane et fine, résultat logique d'un léger décalage entre le masque calculé et le véritable bord du foie (voir figure 5.5). La seconde erreur fréquente provient de l'anatomie même du foie. En effet, celui-ci possède une séparation entre son lobe latéral gauche et médian, qui suit le ligament falciforme et la fissure ombilicale. A leur niveau, tout comme au niveau de l'entrée dans le foie du pédicule afférent (composé de la veine porte, de l'artère hépatique et des canaux biliaires), les voxels ont une intensité faible, mais sont inclus dans le masque du foie (voir figure 5.6). N'étant pas situées uniquement sur la surface du foie comme c'était le cas des erreurs précédentes, ces structures auront des formes différentes, généralement très allongées dans le cas du ligament falciforme, mais également complexes et multilobées dans le cas de l'entrée du pédicule. La troisième erreur apparaît plus rarement dans nos images, mais suffisamment pour être notée. Il s'agit des veines sus-hépatiques et sous-hépatiques qui sont parfois présentes dans nos résultats. La forme est alors celle d'un réseau tubulaire assez caractéristique des réseaux veineux (voir figure 5.7). Enfin, il reste les erreurs plus importantes englobant de larges zones sans formes véritablement descriptibles. Elles proviennent générale-

ment d'une erreur du masque du foie qui déborde sur le zone du cœur comme le montre la figure 5.8.

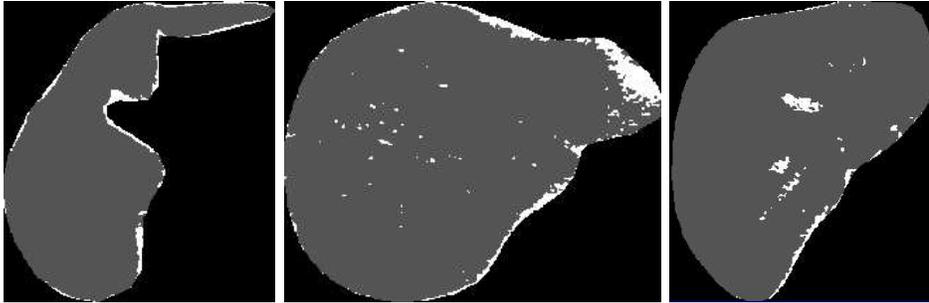


FIG. 5.5: 3 exemples d'erreurs de segmentation des lésions dues à un contour du foie imparfait (en blanc sur la périphérie sur les 3 coupes verticales).

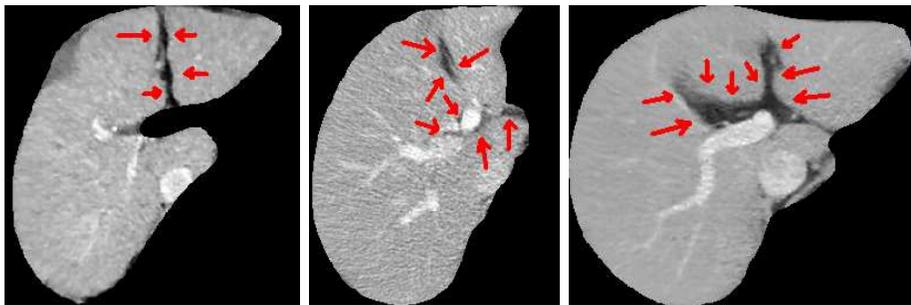


FIG. 5.6: Zones sombres à l'intérieur du masque indiquées par les flèches, représentant la fissure ombilicale et le ligament falciforme (à gauche et en haut au centre), ou bien l'entrée du pédicule afférent (en bas au centre et à droite).

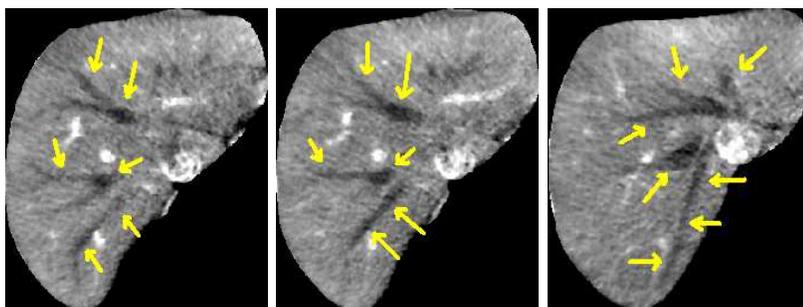


FIG. 5.7: Zones sombres à l'intérieur du masque indiquées par les flèches, représentant les veines sus-hépatiques, sur 3 coupes verticales d'une même image.

Nous le voyons, ces structures présentes dans l'image issue du seuillage mais ne correspondant pas à des lésions, ont des formes différentes des lésions. Notons cependant une similitude de forme entre les erreurs du masque sur le bord du foie et les lésions périphériques, toutes deux globalement

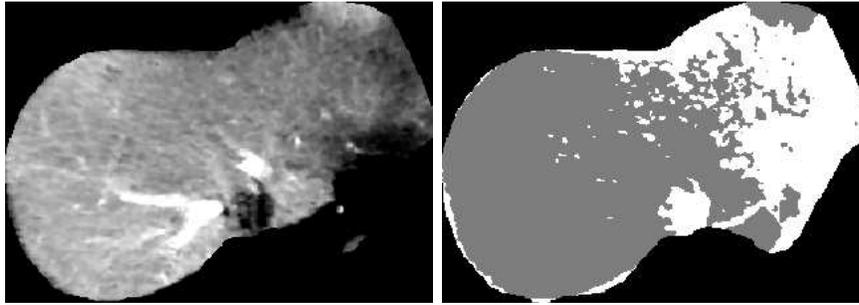


FIG. 5.8: *Exemple de débordement du masque du foie sur la zone du cœur avant seuillage (à droite) et après seuillage (à gauche), vue sur une coupe verticale.*

planes et assez fines. Il sera donc plus difficile de les différencier.

5.2.2 Traduction en contraintes topologiques et géométriques

Les différentes propriétés que nous venons de voir, permettent de différencier deux types de lésions, les lésions internes et les lésions périphériques. Il est nécessaire d'étudier séparément ces deux classes pour traduire en contraintes les connaissances que nous en avons. Le but est de différencier les lésions des autres structures dans l'image issue du seuillage.

Mais avant tout traitement, il est important de rappeler que les voxels de nos images sont fortement anisotropes. Le calcul de l'épaisseur des lésions, mais également les caractéristiques de forme, doivent tenir compte de cette anisotropie. Nous avons choisi de résoudre ce problème en ajoutant des coupes intermédiaires. En effet, si deux coupes sont espacées de 2 mm dans l'image initiale, l'ajout d'une coupe supplémentaire entre ces deux coupes réduit l'espace intercoupe à 1 mm. Le problème consiste donc à calculer les coupes intermédiaires permettant une continuité 3D des structures de l'image. Le plus simple est évidemment de dupliquer les coupes initiales, mais le résultat laisse apparaître des discontinuités sur la surface (voir figure 5.9). Une autre solution est de baser l'interpolation sur la forme des structures de l'image en utilisant la distance des voxels de l'image au bord de la structure. Cette interpolation appelée 'Shape-Based Interpolation' a été adaptée aux images médicales tridimensionnelles par (Raya et Herman, 1990). Nous avons préféré une amélioration de cette méthode développée par (Herman et al., 1992), qui utilise un calcul de distance plus précis issu des travaux de (Borgefors, 1986) et appelé distance du chanfrein. Le résultat de cette interpolation est illustré sur la figure 5.9.

5.2.2.1 Épaisseur minimale

La première propriété que nous allons traduire est la propriété d'épaisseur minimale commune aux deux types de lésions. En effet, nous avons vu que dans les études réalisées, les plus petites

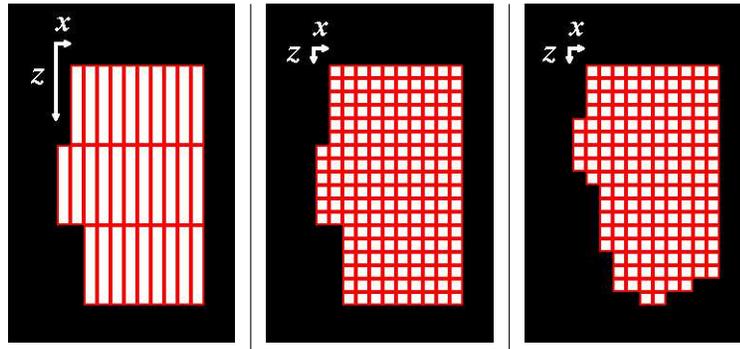


FIG. 5.9: *Vue d'une coupe verticale d'une lésion avant interpolation (à gauche), après une simple interpolation par duplication (au centre) et après une interpolation basée sur la forme (à droite).*

lésions avaient un diamètre de 2 mm. On peut facilement évaluer l'épaisseur d'une structure de l'image en calculant la profondeur des voxels la composant, c'est-à-dire leur distance au bord de cette structure. Le problème consiste alors à délimiter chacune des structures, puis à calculer la profondeur de chacun de leur voxel. La délimitation des structures est un problème de topologie qui correspond à extraire dans l'image les différentes composantes connexes, la connexité des voxels étant définie par leur adjacence (voir (Schmitt et Mattioli, 1994)). Nous avons choisi un 18-voisinage, c'est-à-dire que l'on définit comme connexes ou voisins, deux voxels de même intensité ayant au moins une arête en commun. Le 18-voisinage est à comparer au 26-voisinage (un sommet commun) et au 6-voisinage (une face commune) illustrées sur la figure 5.10.

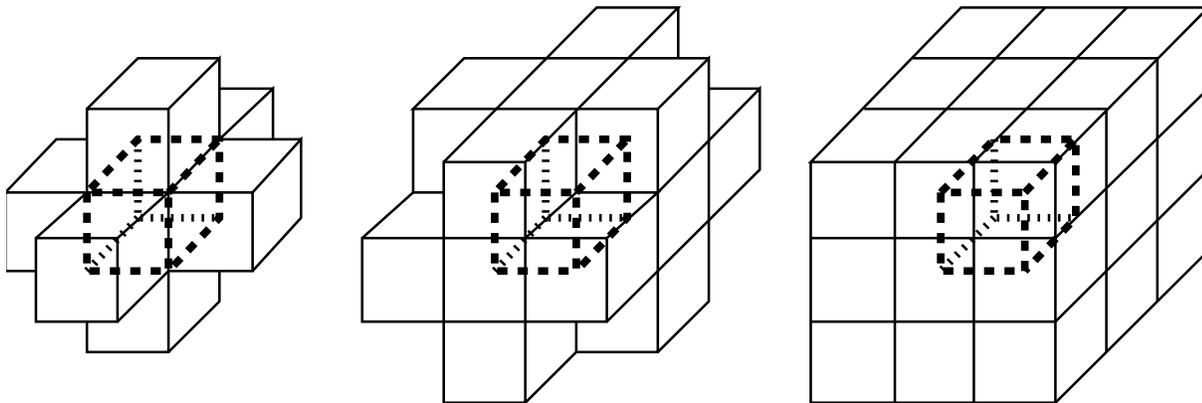


FIG. 5.10: *3 définitions différentes de voisinage 3D: 6-voisinage (à gauche), 18-voisinage (au centre) et 26-voisinage (à droite).*

On peut noter que la dimension des voxels de nos images, variait entre 0.5 mm et 0.7 mm. Compte tenu du voisinage que nous avons choisi, on remarque qu'une structure qui serait composée d'un voxel central entouré de 18 voisins serait à une distance euclidienne du bord égale à $\sqrt{3}$ fois la dimension du voxel. Dans nos images, l'épaisseur d'une telle composante varierait entre 1.7 mm et 2.4 mm c'est-à-dire autour de l'épaisseur minimale acceptable des lésions. Ainsi, toute structure

contenant un voxel entouré de 18 voisins (suivant la définition du voisinage précédente), sera assurée d'avoir l'épaisseur minimale requise.

Nous traduisons simplement la contrainte géométrique d'épaisseur minimale en une contrainte topologique sur les composantes connexes de l'image. Notre algorithme de définition des composantes à traiter, ne retient de l'image initiale que les voxels internes (entourés de 18 voisins) et leur voisins de surface (ayant moins de 18 voisins). Ce faisant, nous réalisons plusieurs opérations simultanément. Tout d'abord, nous étiquetons les voxels en fonction de leur position dans la structure (interne ou en surface). Ensuite, comme le montre la figure 5.11, nous réalisons par cette opération, une sorte d'ouverture morphologique. En effet, on peut retrouver l'ensemble des voxels internes par une simple érosion (l'élément structurant ayant la forme de la structure définissant le 18 voisinage). Ajouter les voxels de surface revient alors à une dilatation limitée aux voxels de l'image initiale. Il s'agit donc bien d'une ouverture morphologique.

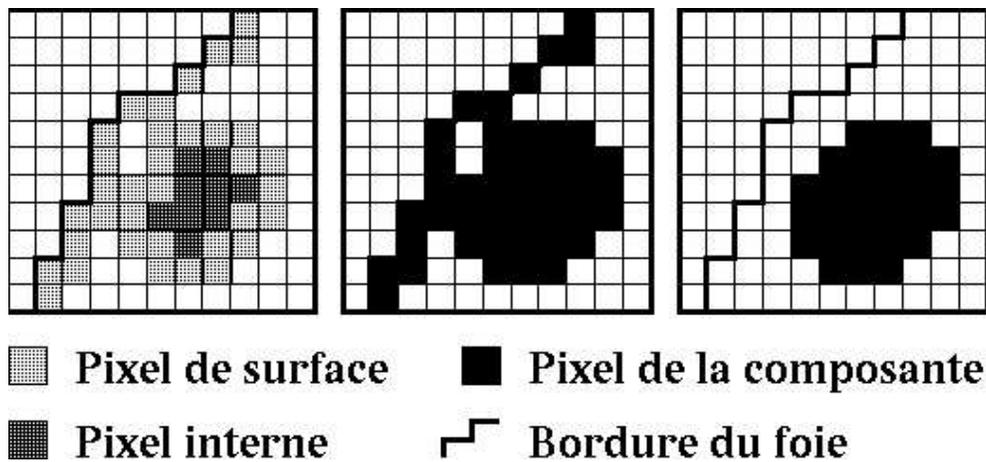


FIG. 5.11: *A gauche vue d'une coupe de l'image au niveau d'une lésion proche de la surface du foie. Au centre, composante connexe issue de l'image de gauche. A droite, résultat de notre délimitation des structures. On remarque que la composante est détachée du bord.*

La figure 5.12 illustre le résultat de l'opération de réduction de l'image initiale aux composantes connexes d'épaisseur suffisante.

5.2.2.2 Distinction lésions internes - lésions périphériques

Sachant que les lésions internes et périphériques ont des propriétés de forme différentes, il convient de les distinguer avant toute caractérisation de l'une et l'autre sous forme de contraintes.

La définition d'une lésion périphérique fait intervenir deux propriétés. Tout d'abord, tout ou



FIG. 5.12: *Retrait de l'image des composantes connexes d'épaisseur trop faible. Vue MIP des structures issues du seuillage avant traitement (en noir à gauche), et après traitement (à droite).*

partie de sa structure est à la surface du foie. Ensuite, elle est entièrement localisée dans la bande sous-capsulaire de 5 mm d'épaisseur.

La première de ces propriétés peut être vérifiée en caractérisant les voxels des lésions par rapport à leur position dans le masque du foie. Un voxel de la lésion situé sur le bord du masque peut en effet être considéré sur la surface du foie. Ainsi, en utilisant le 18-voisinage vu précédemment, nous définissons un voxel périphérique comme étant un voxel ayant moins de 18 voisins dans le masque du foie. Cette définition peut cependant entraîner un problème sur les coupes extrêmes de nos images. En effet, il est fréquent que le haut ou le bas du foie n'apparaissent pas lors de l'acquisition scanner. Cette absence implique que tous les voxels du masque présents sur la première ou dernière coupe de ces images, seraient de fait considérés sur la surface du foie. Pour éviter cette erreur, nous avons remplacé la définition du voisinage sur ces coupes par deux 13-voisinages différents (suivant que l'on est sur la première ou dernière coupe), illustrés sur la figure 5.13. Ces deux voisinages sont une réduction du 18-voisinage, tenant compte du fait qu'il n'y a pas de coupe en $z - 1$ pour la première coupe, et en $z + 1$ pour la dernière coupe.

En utilisant cette définition du voisinage on peut donc traduire la première propriété en une contrainte topologique simple : toute structure n'ayant aucun voxel périphérique est considéré comme interne. La seconde propriété quant à elle, peut être facilement vérifiée en calculant la distance séparant l'enveloppe du foie, des voxels de la lésion. Toute structure de l'image seuillée ayant un voxel à une distance supérieure à 5 mm du bord du masque, ne pourra pas être considérée comme périphérique.

A partir de ces deux contraintes, on différencie les lésions internes des lésions périphériques. On ne tient cependant pas compte du cas particulier que représente les petites lésions sous-capsulaires qui ont une forme nodulaire comparable aux lésions internes, et qui devraient de ce fait être traitées comme telles. La différence majeur entre ces lésions et les lésions périphériques est le taux de voxels

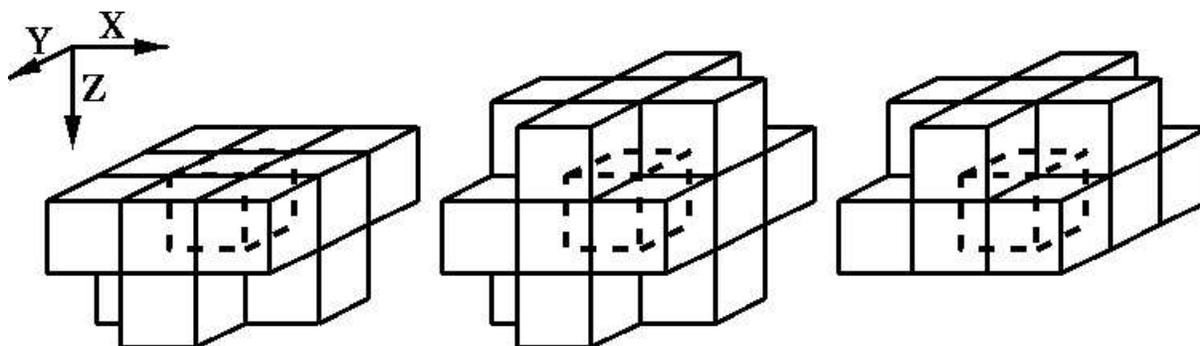


FIG. 5.13: 3 définitions différentes du voisinage suivant que l'on analyse la première coupe (à gauche), les coupes intermédiaires (au centre) ou la dernière coupe (à droite).

périphériques, faible dans le premier cas et élevé dans le second.

Afin de traiter les petites lésions sous-capsulaires de la même façon que les lésions internes, nous avons choisi de modifier la première contrainte trop restrictive. Pour cela, nous considérons le rapport entre le nombre de voxels périphériques et le nombre total de voxels de chaque structure. Lorsque ce rapport est inférieur à 15% nous considérons que la structure est interne.

Nous avons différencié les structures internes des structures périphériques, il reste à distinguer parmi celle-ci les lésions des erreurs.

5.2.2.3 Propriétés de formes des lésions internes

Nous l'avons vu, les lésions internes ont une forme généralement modélisable par un ellipsoïde (voir figure 5.14). On peut choisir de traduire cette propriété de deux façons, soit par une analyse 2D de l'image c'est-à-dire coupe par coupe comme dans (Gao et al., 1996), soit par une analyse 3D.

L'analyse 2D consiste à noter que sur chacune des coupes, les lésions ont la forme d'une ellipse. (Gao et al., 1996) proposent de ne conserver dans l'image que les composantes dont le rapport grand axe sur petit axe est inférieur à un seuil donné. Cette méthode assure que toute composante de forme ellipsoïdale est conservée, mais elle ne permet pas d'assurer que toutes les structures restantes sont de cette forme, puisque le calcul est réalisé en 2D. En effet, les structures tubulaires par exemple, auront sur chaque coupe une forme elliptique mais en 3D la forme sera différente d'un ellipsoïde. Nous avons donc préféré une approche tridimensionnelle facilitée par le fait que, suite au prétraitement, nos images sont isotropes.

Le rapport petit axe sur grand axe peut être étendu en 3D en considérant non plus les axes d'une ellipse, mais ceux d'un ellipsoïde. La définition d'un ellipsoïde centré à l'origine et de rayon

a , b et c est donné par l'équation suivante :

$$\frac{x^2}{a^2} + \frac{y^2}{b^2} + \frac{z^2}{c^2} = 1$$

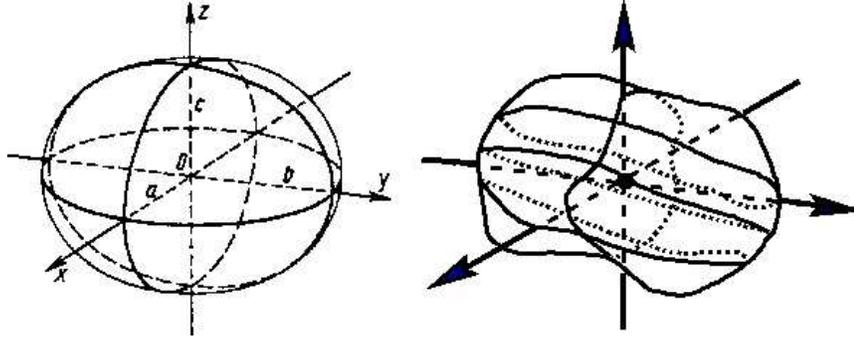


FIG. 5.14: Modélisation d'une lésion par un ellipsoïde. À gauche, définition des axes de l'ellipsoïde, à droite, report de ces axes sur la véritable lésion.

Pour chacune des structures de l'image, il faudra calculer son centre, ses 3 axes définissant son orientation et enfin ses trois rayons. Une solution classique est l'utilisation des moments centrés (voir (Gonzalez et Woods, 1992), pages 514-518). Pour une image 3D $I(x, y, z)$, on définit les moments centrés μ_{pqr} , en $G(\bar{x}, \bar{y}, \bar{z})$ à l'ordre $(p + q + r)$, avec $(p, q, r) \in \mathbb{N}^3$ par :

$$\mu_{pqr} = \sum_x \sum_y \sum_z [(x - \bar{x})^p (y - \bar{y})^q (z - \bar{z})^r I(x, y, z)]$$

Notre image I est une image binaire issue du seuillage, et aura ses voxels auront pour intensité 0 ou 1. On peut calculer les moments centrés de chacune des structures de notre image en limitant la somme aux voxels les composant. On obtient de ce fait pour chaque structure $k \in [1, K]$ de l'image seuillée les moments centrés μ_{pqr} en G_k son centre d'inertie :

$$\text{Ordre 0: } \mu_{000} = \text{Nombre de voxels de la structure} = N$$

$$\text{Ordre 1: } \mu_{100} = 0 \quad \mu_{010} = 0 \quad \mu_{001} = 0$$

$$\text{Ordre 2: } \mu_{200} = \sum_x \sum_y \sum_z (x - \bar{x})^2 I(x, y, z)$$

$$\mu_{020} = \sum_x \sum_y \sum_z (y - \bar{y})^2 I(x, y, z)$$

$$\mu_{002} = \sum_x \sum_y \sum_z (z - \bar{z})^2 I(x, y, z)$$

$$\mu_{110} = \sum_x \sum_y \sum_z (x - \bar{x})(y - \bar{y}) I(x, y, z)$$

$$\mu_{101} = \sum_x \sum_y \sum_z (x - \bar{x})(z - \bar{z}) I(x, y, z)$$

$$\mu_{011} = \sum_x \sum_y \sum_z (y - \bar{y})(z - \bar{z}) I(x, y, z)$$

L'ordre 2 est souvent utilisé en physique, car il permet de déterminer l'orientation des structures en mouvement. Outre les moments d'inertie, (μ_{200} , μ_{020} et μ_{002}), on utilise parfois la matrice d'inertie

définie par :

$$M_I = \begin{bmatrix} \mu_{200} & \mu_{110} & \mu_{101} \\ \mu_{110} & \mu_{020} & \mu_{011} \\ \mu_{101} & \mu_{011} & \mu_{002} \end{bmatrix} = R^T \cdot \begin{bmatrix} \lambda_1 & 0 & 0 \\ 0 & \lambda_2 & 0 \\ 0 & 0 & \lambda_3 \end{bmatrix} \cdot R$$

Cette matrice est symétrique et donc diagonalisable. C'est cette dernière forme qui est utilisée dans la pratique. En effet, elle fournit non seulement les trois axes d'inertie de la structure par la matrice R des vecteurs propres, mais également une information sur le rayon de ces axes par λ_1 , λ_2 et λ_3 , les moments d'inertie par rapport aux trois axes d'inertie.

Dans le cas d'un ellipsoïde de rayon a , b et c , le calcul de la matrice d'inertie permet de calculer ses trois axes directeurs mais également les valeurs des rayons définis par :

$$a = \sqrt{\frac{\lambda_1}{\mu_{000}}} \quad b = \sqrt{\frac{\lambda_2}{\mu_{000}}} \quad c = \sqrt{\frac{\lambda_3}{\mu_{000}}}$$

On voit par cette méthode que l'on peut calculer les trois rayons. Il reste à définir les contraintes que nous allons utiliser pour caractériser une lésion de forme ellipsoïdale. La généralisation 3D de la solution proposée en 2D par (Gao et al., 1996), consisterait à étudier le rapport R_1 du plus grand rayon sur le plus petit. Ce rapport fournit une information d'allongement de l'ellipsoïde. Nous avons choisi R_1 de façon à ce que la hauteur de la structure soit au maximum 2.5 fois plus importante que son épaisseur, c'est-à-dire telle que $R_1 \leq 2.5$. Cette première contrainte permet un contrôle des proportions, mais comme le montre les exemples de la figure 5.15 qui vérifient ce rapport, elle n'assure pas que la forme finale soit nodulaire. Il est donc nécessaire d'ajouter une contrainte supplémentaire à cette analyse.

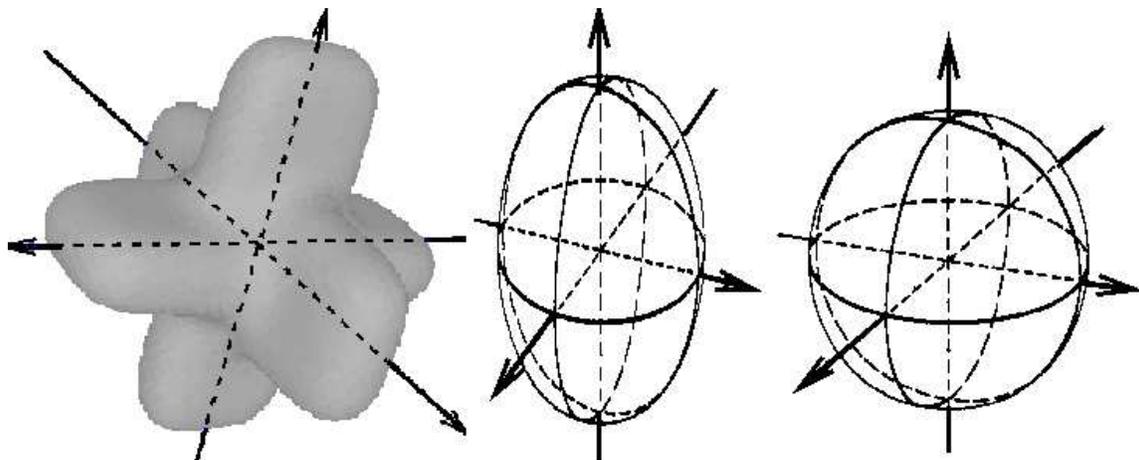


FIG. 5.15: 3 exemples de structures vérifiant $R_1 \leq 2.5$. A gauche une croix 3D, au centre un ellipsoïde tel que $R_1 = 2$ et à droite une sphère.

La forme dite nodulaire des lésions, détermine un développement plus ou moins sphérique et compact autour d'un point central. Si le rapport R_1 permet de vérifier que les proportions de ce développement sont corrects, il ne permet pas en revanche de vérifier sa répartition autour du point central. C'est donc la notion de compacité des lésions qu'il nous reste à vérifier.

Nous proposons pour cela de calculer le nouveau rapport R_2 entre le volume de la structure inscrite dans l'ellipsoïde calculé à partir des moments, et celui de l'ellipsoïde lui-même. Si la structure étudiée a la forme d'un ellipsoïde, ce rapport devrait tendre vers 1, par contre si elle est éloignée de la forme d'un ellipsoïde, cette valeur devrait plutôt se rapprocher de 0. Nous avons choisi de contraindre ce rapport à une valeur minimale de 80%. Nous sommes de ce fait assuré que la structure a non seulement de bonnes proportions, mais encore qu'elle est compacte, c'est-à-dire nodulaire.

5.2.2.4 Propriétés de formes des lésions périphériques.

L'analyse des lésions périphériques est plus complexe, tout d'abord parce qu'elles sont rares et ensuite parce qu'elles ont une forme proche des erreurs dues au masque du foie. On retiendra principalement de leur forme une partie centrale plus importante de forme nodulaire, et une partie superficielle aplatie. Nous l'avons vu précédemment, on peut compter plusieurs types d'erreurs dues à l'imperfection du masque. Elles ont des formes variées, parfois aplaties, parfois nodulaires ou multilobées. La forme nodulaire est caractéristique des petites erreurs, de diamètre relativement faible. A l'inverse, dès que la taille est importante la forme est aplatie ou multilobée.

Nous avons choisi d'augmenter le rayon minimal de 1 mm à 1.5 mm. Toute structure d'une épaisseur inférieure à 3 mm sera donc considérée comme une erreur de surface. Nous reprenons ensuite les contraintes sur R_1 et R_2 vue dans le paragraphe précédant, caractérisant une forme nodulaire. Ainsi, toute structure vérifiant $R_1 \leq 2.5$ et $R_2 \leq 80\%$, d'épaisseur supérieure à 3mm, sera considérée comme lésion périphérique.

Il nous reste à étudier les structures aplaties. La seule véritable distinction réalisable entre ces lésions et les erreurs du masque, est la présence d'un noyau centrale dans les lésions périphériques. Si visuellement cette propriété semble assez simple à constater, elle reste difficile à caractériser par des paramètres.

Nous avons choisi de retrouver ce noyau en réalisant une érosion morphologique. L'élément structurant utilisé doit être assez grand pour éliminer les voxels présents en surface et ne conserver que les voxels du noyau. Le but est d'éliminer les structures qui n'ont pas de noyau. L'élément structurant que nous proposons d'utiliser, approche le rayon minimum de 1.5 mm et est illustré sur la figure 5.16. Le voxel central de cet élément à une distance au bord de $\sqrt{8}$ fois la dimension du voxel. Dans nos images ou cette dimension est comprise entre 0.5 mm et 0.7 mm, le rayon de

l'élément structurant est compris entre 1.4 mm et 1.9 mm.

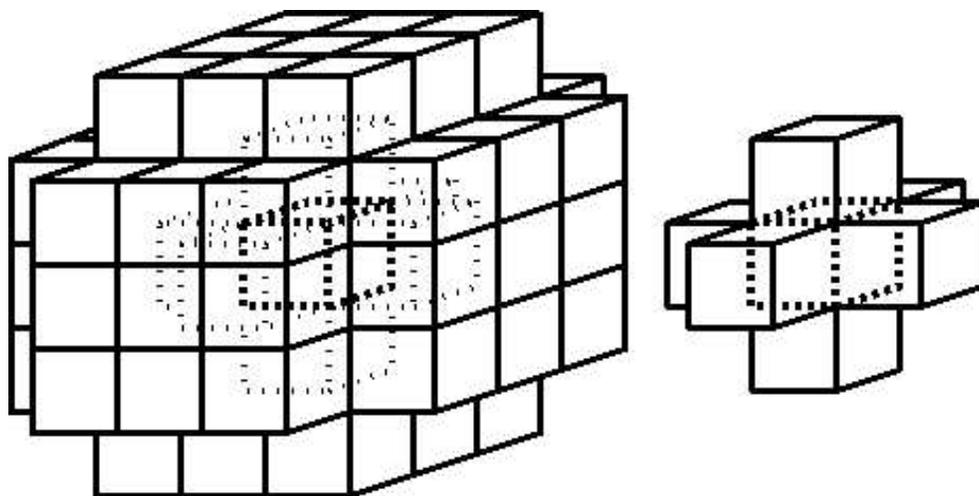


FIG. 5.16: Définition de l'élément structurant (à gauche) utilisé pour réaliser une érosion sur les structures périphériques. La distance au bord du voxel central de cet élément est égale à : $\sqrt{8}$ fois la dimension du voxel. A droite, visualisation des voxels internes de l'élément structurant.

Si la structure est une lésion périphérique, les voxels restant après érosion formeront un noyau compact. Nous avons utilisé à nouveau le rapport R_2 , mais cette fois-ci calculé sur les voxels restant après érosion. Pour restreindre de façon plus importante cette propriété, nous avons fixé sa limite inférieure à 90%. Notons que ce faisant, nous n'assurons pas une forme nodulaire du noyau telle que nous l'avions définie, mais simplement la présence d'une noyau compact. En effet, suivant le taux d'aplatissement de la structure, la forme du noyau peut varier d'une lésion périphérique à l'autre et n'être pas nodulaire mais plus aplatie.

5.2.3 Résultats

Les résultats montrent l'efficacité de notre méthode sur des lésions de forme très variées. Le plus important était de retirer le maximum d'erreurs en retirant un minimum de lésions. L'exemple de l'image 5.17, illustre de façon très convaincante ce résultat. En effet, ce patient présentait de multiples petites lésions réparties sur l'ensemble du foie. Suite au seuillage, toutes les lésions avaient été récupérées, mais également un très grand nombre d'erreurs du masque. Après traitement, la quasi totalité des lésions a été conservée, mais la très grande majorité des erreurs a été supprimée. En fait, seules quatre lésions de rayon très faible ont été effacées. Deux d'entre elles étaient situées sur la plus haute coupe de l'image. Après interpolation, ces deux lésions apparaissaient plates et n'avaient donc pas la forme de lésion. Les deux autres avaient un rayon trop faible.

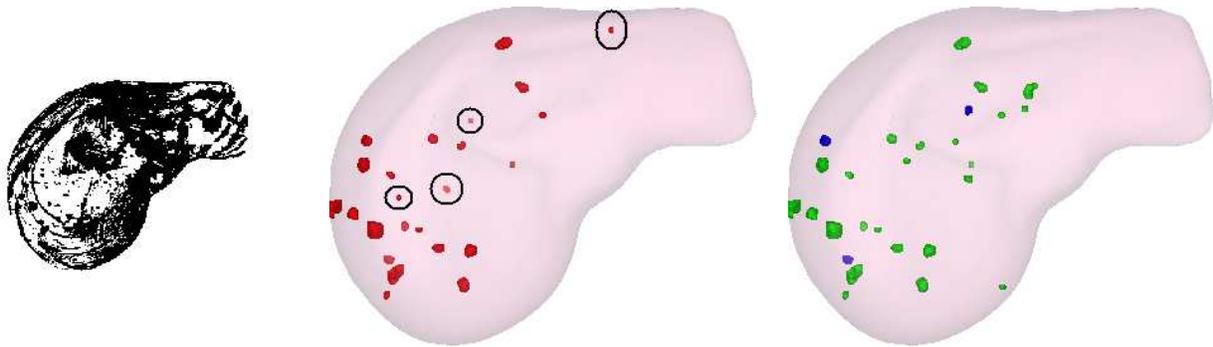


FIG. 5.17: *Vue MIP du résultat du seuillage des lésions (à gauche) et comparaison du résultat de la segmentation des lésions obtenues manuellement (au centre) et par notre méthode (à droite) en vue 3D. Les lésions sont en sombre et le foie est vue en transparence. On remarque que seule 4 lésions de très petite dimension sont manquantes.*

Le second exemple (figure 5.18), illustre la segmentation d'une lésion périphérique de forme aplatie. On voit là encore que la majorité des erreurs a été retirée, mais que l'on a réussi à conserver l'ensemble des lésions.



FIG. 5.18: *Vue MIP du résultat du seuillage des lésions (à gauche) et comparaison du résultat de la segmentation des lésions obtenues manuellement (au centre) et par notre méthode (à droite) en vue 3D. Les lésions sont en sombre et le foie est vue en transparence. Toutes les lésions ont été conservées.*

L'exemple suivant (figure 5.19), permet de constater que l'ouverture morphologique spéciale que nous avons utilisée dans notre méthode, permet de conserver une bonne précision de segmentation. Dans cet exemple issu d'une image fortement anisotrope (rapport 6), une lésion aux contours irréguliers était présente. Comme le montre le résultat, la segmentation retrouve précisément les contours. On peut également noter que cette forme, qui n'était pas très nettement nodulaire puisqu'elle possédait un appendice, a tout de même été conservée après évaluation des rapports. Cet exemple nous montre que les contraintes que nous avons fixées sont suffisamment souples pour permettre des irrégularités de forme des lésions.

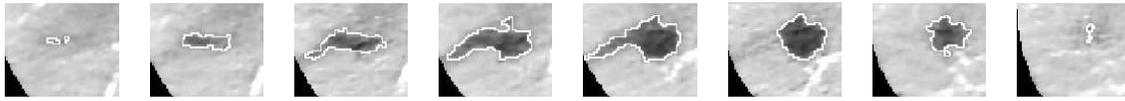


FIG. 5.19: Vue de 8 coupes successives d'une région d'un scanner X, sur lequel a été ajouté en surimpression les contours d'une lésion extraite par notre méthode.

Pour finir, le dernier exemple (figure 5.20) montre les limites de notre méthode. Dans cet exemple, le masque était trop imprécis, ce qui entraînait un grand nombre d'erreur de masque. Par le fait de l'anisotropie très importante (rapport de 6), une de ces erreurs a été connectée à une lésion de forme nodulaire, donnant à l'ensemble de cette structure une forme n'ayant aucun rapport avec la forme d'une lésion. Nous voyons ici que notre méthode peut être mise en défaut pour les lésions sous-capsulaires lorsque l'image est fortement anisotrope et lorsque la segmentation de l'enveloppe du foie est trop imprécise.

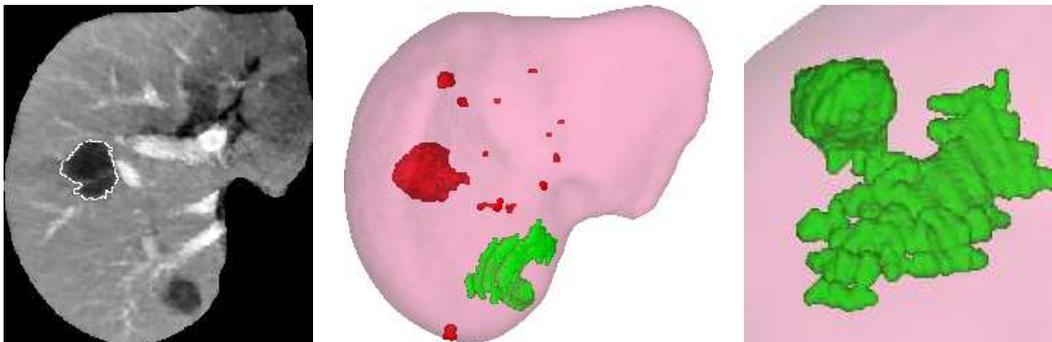


FIG. 5.20: Résultat d'une segmentation sur une image fortement anisotrope qui possédait un masque imprécis. A droite, vue d'une coupe du scanner X avec en surimpression le bord de la lésion segmentée. On remarque que la lésion du bas n'a pas été récupérée. Au centre, vue 3D inférieure du résultat de la segmentation des lésions. En sombre, les lésions que nous avons récupérées, en clair, la lésion perdue. On se rend compte en vue postérieure (à droite) sur un gros plan de la lésion perdue, qu'elle est connectée à une erreur du masque importante en taille, donnant à la structure une forme refusée.

5.3 Cas des réseaux vasculaires : correction des faux négatifs

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 (Gao et al., 1996), 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.

5.3.1 Connaissance a priori

La connaissance que nous pouvons utiliser est celle qui caractérise la forme des réseaux vasculaires et le résultat du seuillage. Les réseaux vasculaires sont de forme tubulaire en arbre (voir figure 5.21, a). Normalement ils ne sont pas connectés entre eux, mais compte tenu de l'anisotropie de nos images et de la proximité de certaines veines ou artères, il est fréquent de voir apparaître des connexions entre les différents réseaux (voir figure 5.21, b). Les branches les plus petites ont un diamètre inférieur à 0.1 mm et sont très nombreuses comme le montre la figure 5.21 c. Cependant, les plus petites branches repérées visuellement sur les scanners X ont un diamètre avoisinant les 2 mm, c'est-à-dire l'épaisseur minimale que nous avons retenue pour les lésions mais également la distance intercoupe minimale de nos images.

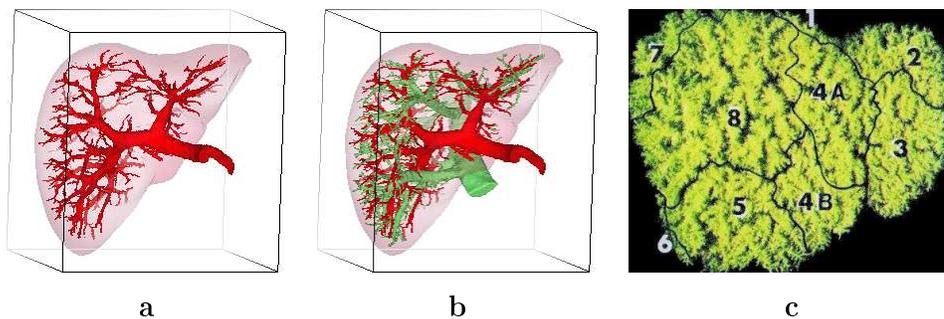


FIG. 5.21: Réseau veineux porte (a), sus-hépatique et sous-hépatique (en clair sur le b) issue de la NLM en vue 3D. (c) Vue réelle de l'ensemble du réseau porte, solidifié par un produit plastique.

Le seuillage que nous avons réalisé dans le chapitre précédent entraîne des faux positifs. Compte tenu de la forme des réseaux vasculaires, ces erreurs déconnectent souvent les branches d'un même réseau comme le montre l'exemple de la figure 5.22. Cela sera d'autant plus fréquent que les branches seront fines. Les erreurs que nous recherchons sont donc souvent localisées à proximité du réseau seuillé.

5.3.2 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 5.23, ceci aurait pour effet d'ajouter plus de voxels appartenant aux tissus hépatiques qu'aux vaisseaux. La seconde solution possible serait de réaliser une fermeture morphologique (Schmitt et Mattioli, 1994) sur l'image seuillée. Cette solution illustrée sur la figure 5.24, permet de reconnecter les branches séparées, mais en contrepartie elle connecte également des branches qui ne devraient pas l'être.

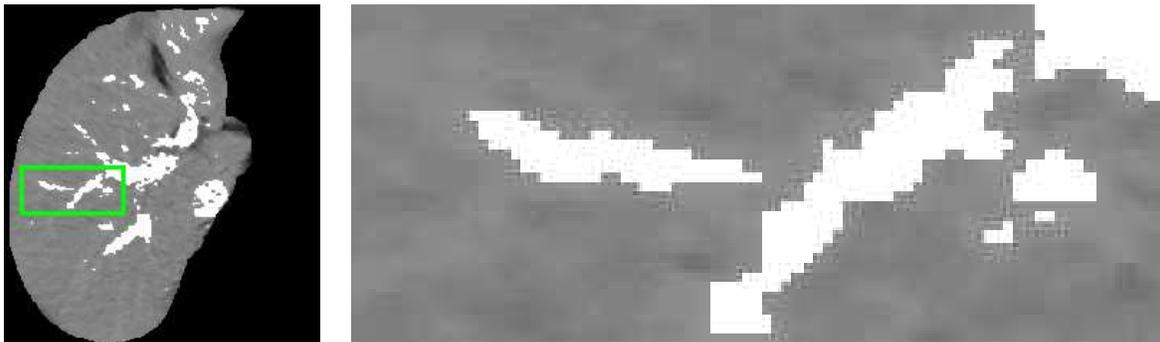


FIG. 5.22: Vue en coupe du résultat du seuillage des vaisseaux, plongée dans l'image scanner initiale (à gauche) et gros plan sur la zone entourée (à droite).

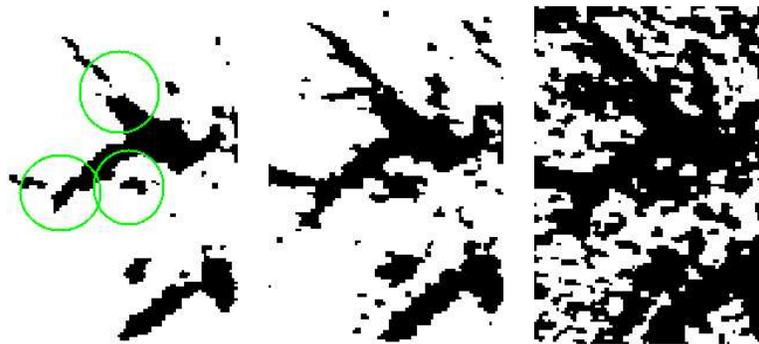


FIG. 5.23: Zoom sur une coupe du résultat de la segmentation des vaisseaux (en noir) par seuillage avec le seuil calculé dans le paragraphe 4.2.5.4 (à gauche), avec un seuil inférieur de 10 HU (au centre) et 20 HU (à droite). Les connexions que l'on cherche à récupérer sont encerclées (à gauche).

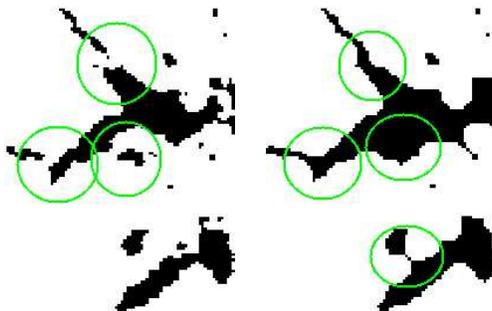


FIG. 5.24: Sur le même exemple que la figure 5.23, résultat d'une fermeture morphologique (à droite) sur l'image seuillée initiale (à gauche). Encerclées à gauche les branches que l'on souhaite connecter. Encerclées à droite les connexions réalisées.

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 méthodes prise indépendamment. Il est important de bien définir les paramètres que sont l'élément structurant et le seuil utilisé.

Nous avons fixé la dimension de l'élément structurant à la dimension minimale recherchée pour les vaisseaux, c'est-à-dire 2 mm. Nos images étant fortement anisotropes et la distance intercoupe arrivant à la limite de ces 2 mm dans les meilleurs cas, nous avons choisi de limiter cette fermeture à une analyse 2D. L'élément structurant sera donc un cercle de rayon 2 mm illustré sur la figure 5.25.

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 5.25. A ces quatre distances, nous avons joint 4 seuils s_1 à s_4 qu'il reste à définir.

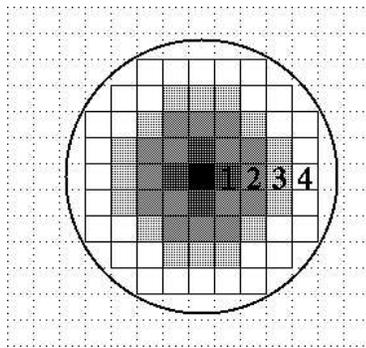


FIG. 5.25: Définition de l'élément structurant par rapport aux pixels de l'image, et des distances 1 à 4 par rapport au pixel central.

Pour une gaussienne f_k , on sait que l'intervalle $[\mu_k - 2\sigma_k, +\infty]$ représente 97,7% de son aire. Dans l'image initiale réduite à la région d'intérêt, 97,7% des voxels des vaisseaux ont donc des intensités présentes dans cet intervalle. C'est pourquoi fixer s_1 à cette valeur $\mu_k - 2\sigma_k$ semblerait un choix avantageux. Mais ce choix ne tiendrait pas compte de la répartition des intensités des voxels du parenchyme. En effet, si ce seuil était trop faible, il engloberait les intensités des voxels du parenchyme ce qui ne limiterait en rien la fermeture morphologique.

Nous avons préféré évaluer les seuils en tenant compte des répartitions des intensités des vais-

seaux 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 resté 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 5.26, par l'équation :

$$\frac{f_F(s_d)}{f_V(s_d)} = \frac{12}{d} \quad (5.1)$$

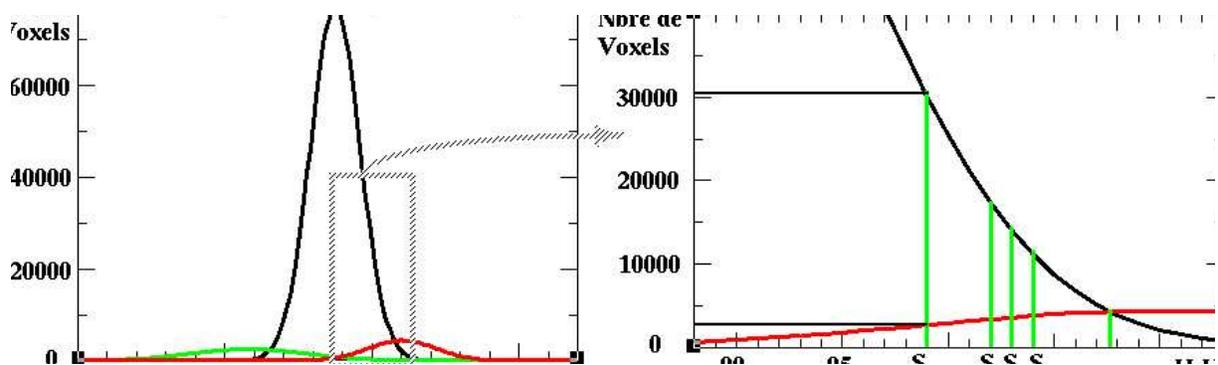


FIG. 5.26: Visualisation des seuils s_1 à s_4 sur zoom (à droite) des 3 répartitions d'intensités estimées (à gauche). On notera à droite, au niveau du seuil s_1 , le rapport 12 entre la courbe en noire (répartition des intensités du parenchyme) et la courbe en sombre (répartition des intensités des vaisseaux).

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 de la figure 5.25,
- le voxel a un 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 5.1.

5.3.3 Résultats

Les résultats de la correction sont illustrés par plusieurs exemples. Ils montrent clairement que l'opération permet de reconnecter des branches du réseau vasculaire sans pour autant ajouter

d'erreurs supplémentaires importantes. La figure 5.27 illustre clairement l'avantage de cette méthode en comparaison d'une simple fermeture, ou d'une simple réduction du seuil.

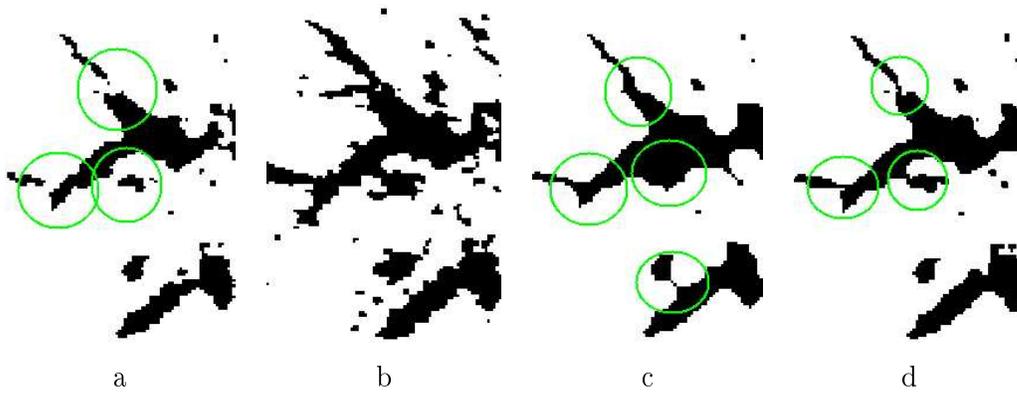


FIG. 5.27: Comparaison entre le seuillage initial (a), le résultat d'une réduction du seuil (b), d'une fermeture (c) et de notre méthode (d), sur une coupe de l'image. On remarque que les zones entourées que l'on souhaitait récupérer, ont été connectés par notre méthode (d) sans ajout d'erreur de connexion, contrairement aux cas (b) et (c).

L'exemple suivant (figure 5.28) nous permet de bien visualiser sur plusieurs coupes, la connexion effective d'une branche. Cet exemple est d'autant plus intéressant que la branche était de taille importante.



FIG. 5.28: Comparaison sur 6 coupes successives (de gauche à droite) entre le seuillage initial sur la première ligne, et notre méthode sur la seconde ligne. On remarque clairement la connexion effective de la branche.

Pour terminer, le dernier exemple de la figure 5.29, permet de visualiser sur une vue 3D et après extraction de la composante connexe de taille maximale, l'apport de notre méthode en comparaison d'un simple seuillage. Sur cet exemple, notre correction a permis de reconnecter une branche très importante du réseau porte. On remarque qu'en contrepartie, une connexion entre le réseau veineux sus-hépatique et porte a été réalisée. On peut expliquer ceci par la forte anisotropie de cette image

(voxels de dimension 0.54 x 0.54 x 3 mm).

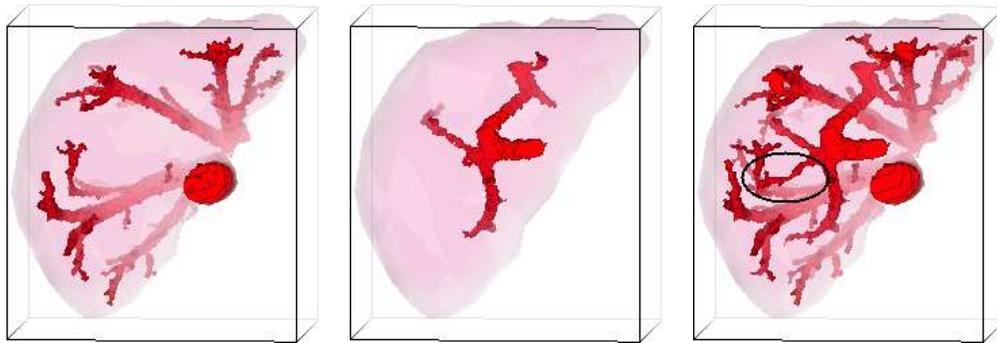


FIG. 5.29: *En vue 3D, composante connexe de taille maximale obtenue par simple seuillage (à gauche), seconde composante connexe obtenue par simple seuillage (au centre) et composante connexe de taille maximale obtenue après correction par notre méthode (à droite). On remarque qu'une grosse branche du réseau porte (entourée à droite) a été reconnectée.*

Cette connexion indésirée, 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.

5.4 Cas des réseaux vasculaires : correction des faux positifs

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 veineux du foie, mais également des erreurs de segmentations que notre méthode a apportées.

5.4.0.1 Connaissances a priori

Nous avons déjà vu en partie les connaissances que nous possédions sur les réseaux vasculaires du foie dans le paragraphe 5.3.1. Nous allons ici détailler certains points que nous allons plus particulièrement utiliser. Nous allons ainsi les distinguer par rapport à leur localisation dans le foie, mais également à leur topologie et géométrie.

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 tout d'abord, 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 (figure 5.30). 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 5.30).

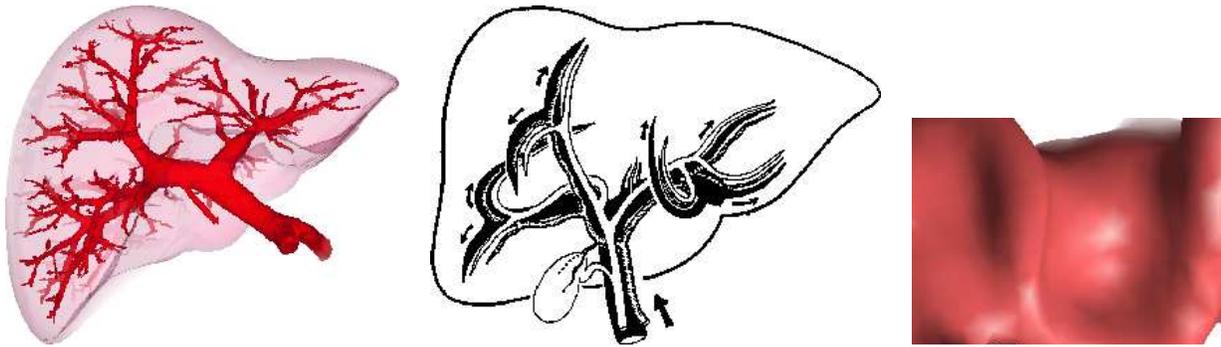


FIG. 5.30: *A gauche, visualisation 3D des branches de la veine porte du visible humain (le foie étant en transparence). Au centre, schéma représentant la veine porte (en noire), l'artère hépatique (en gris) et les réseaux biliaires (en blanc) dans le foie. Les flèches indiquent le sens de circulation du sang. A droite, visualisation 3D de l'artère hépatique (en S) localisée sur la veine porte.*

Le réseau sus-hépatique et sous-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 (voir figure 5.31). 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 est connecté à la veine cave dans la partie supérieure du foie, alors que le réseau sous-hépatique est connecté à la veine cave dans la partie inférieure du foie.

Le réseau sus-hépatique, nous l'avons vu, est proche du réseau porte (voir figure 5.21 et 5.31), 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. En effet, comme le montre la figure 5.32, illustrant deux vaisseaux voisins mais non connectés, l'anisotropie (représenté le plus à droite) peut suffire à rendre connexe des voxels qui dans une image isotrope (au centre) ne l'auraient pas été.

On peut ainsi 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

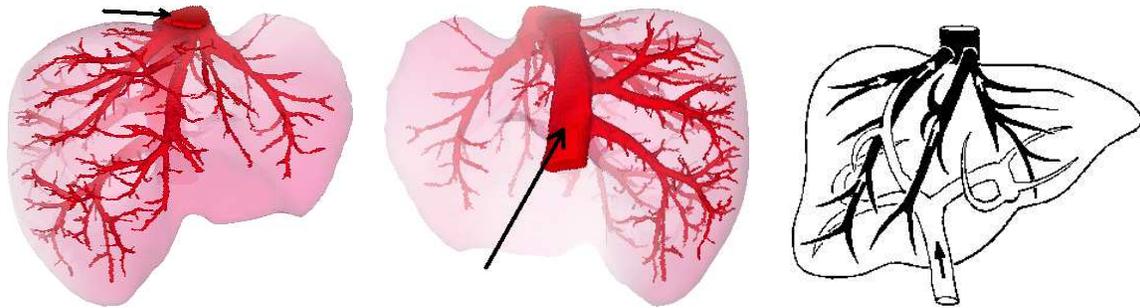


FIG. 5.31: Visualisation 3D des branches du réseau sus-hépatique (à gauche) et sous-hépatique (au centre) du visible human. A droite, schémas représentant la veine porte (en blanc), et le réseau sus-hépatique (en noir). Les flèches indiquent le sens de circulation du sang.

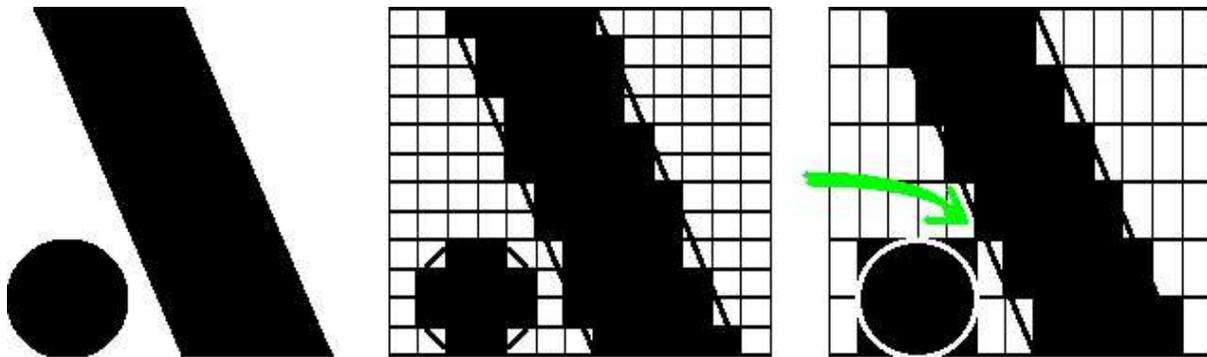


FIG. 5.32: Échantillonnage d'une image (à gauche) de deux vaisseaux non connexes vus sur une coupe coronale. Au centre pixel isotrope, à droite pixel anisotrope. On remarque que l'anisotropie entraîne une connexion (suivre flèche) entre les vaisseaux.

différentes représentées sur la figure 5.33:

- (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.

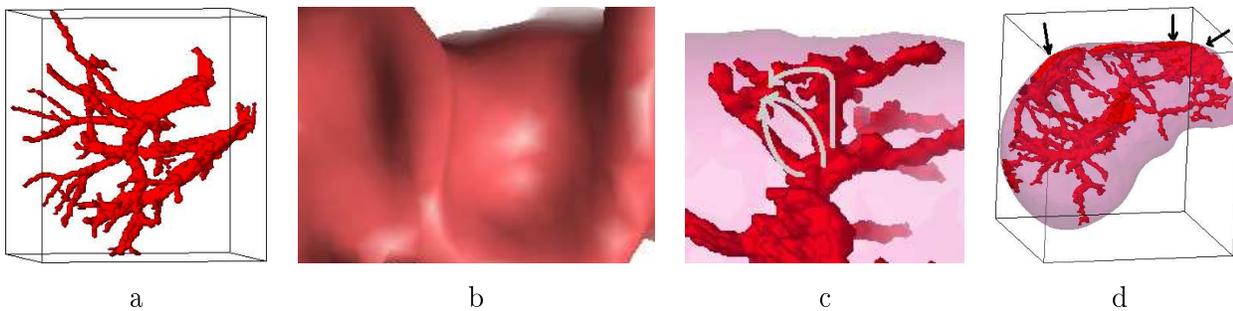


FIG. 5.33: 4 types d'erreurs rencontrées : (a) connexion réseau porte - réseau sus-hépatique, (b) connexion artère hépatique (en S) - réseau porte, (c) boucle dans le réseau porte et (d) erreur de seuillage du parenchyme.

Pour les retirer du résultat final, nous allons traduire en contraintes topologiques et géométriques, l'ensemble des connaissances permettant de caractériser le réseau porte des autres réseaux vasculaires.

5.4.1 Traduction en contraintes topologiques et géométriques

Tout comme les lésions, l'anisotropie des images binaires issues de la segmentation, est un problème pour tout les calculs 3D. Nous l'avons donc résolue en employant la même méthode d'interpolation à base de forme, décrite dans le paragraphe 5.2.2. Le résultat de l'interpolation est illustré sur la figure 5.34.

Revenons maintenant sur les diverses propriétés du réseau porte. 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.

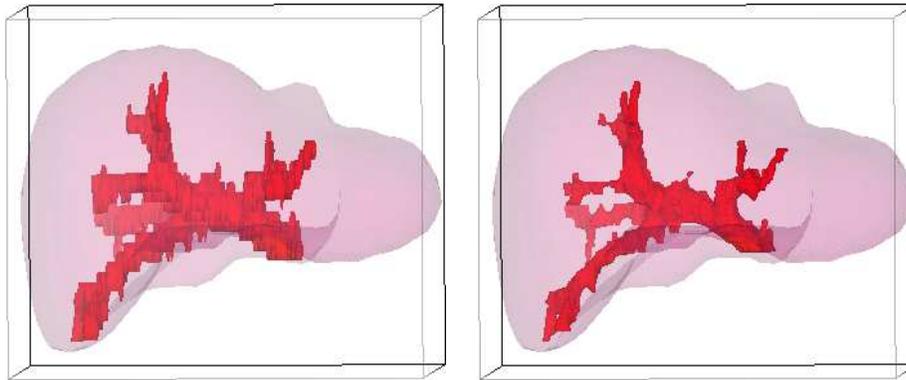


FIG. 5.34: *Résultat de l'interpolation à base de forme sur l'image segmentée des vaisseaux.*

5.4.1.1 Méthode de parcours

Le parcours du réseau peut se réaliser de plusieurs façons. (Zahlten et al., 1995b; Zahlten et al., 1995a; Sanderson et al., 1994; Sanderson et al., 1993) 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 (Zahlten et al., 1995b) ou variable (Sanderson et al., 1994). 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 5.35). Ce parcours permet de calculer le centre du vaisseau mais également la position des voxels de bifurcations. 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 5.36. 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 vasculaire 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.

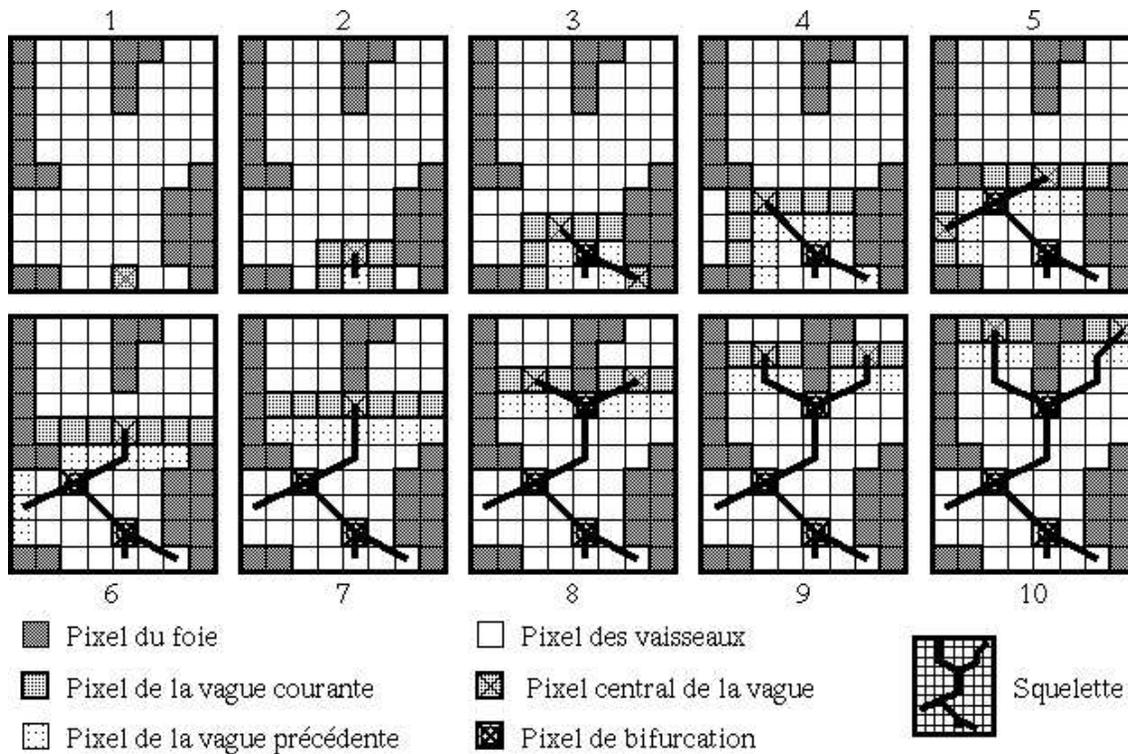


FIG. 5.35: Méthode par croissance de région sur une image 2D. Chaque schéma représente une itération de la méthode. Détection imprécise ou erronée des bifurcations.

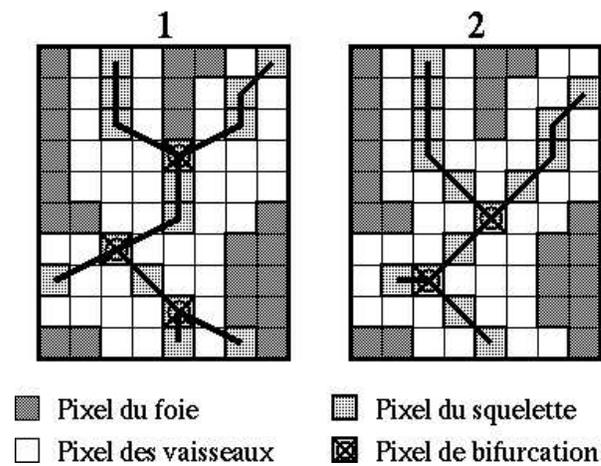


FIG. 5.36: Comparaison entre le squelette calculé par une méthode de croissance de région (à gauche) et le squelette réel (à droite). Les points de bifurcation sont différents en nombre et en localisation.

5.4.1.2 Méthode de squelettisation et étiquetage topologique

Le squelette est un sous-ensemble de voxels de l'objet, très fin et placé au centre de l'objet. On peut trouver des définitions plus précises comme celle de (Blum, 1967) définissant le squelette au point d'extinction d'un feu de prairie partant du contour de l'objet et se propageant à l'intérieur de celui-ci. Démontrée équivalente à cette définition, celle de (Calabi, 1965) traduit le squelette par l'ensemble des centres des boules maximales d'un objet.

A partir de ces définitions, un processus de squelettisation efficace doit satisfaire plusieurs conditions, assurant que le squelette représente bien l'objet dont il est issu. Ces conditions sont l'homotopie, ce qui signifie que la topologie de l'objet doit être préservée, la bonne localisation du squelette et la réversibilité de la méthode. On notera qu'un processus complet ajoutera également une robustesse aux variations minimales du contour. En effet, la présence d'une petite saillie ou un bruit de contour, ajoute généralement une nouvelle branche au squelette (appelée barbule (Meyer, 1979)).

Nos images étant le résultat d'une segmentation, on ne s'intéressera ici qu'aux méthodes développées pour les images binaires. On peut dégager plusieurs grandes classes de méthodes calculant le squelette : à partir d'une carte de distance (Arcelli et Sanniti di Baja, 1993; Niblack et al., 1992; Shih et Pu, 1991; Chuang et Ahuja, 1991; Meyer, 1989), à partir du diagramme de Voronoï (Attali, 1995; Attali et Montanvert, 1994; Brandt, 1992; Ogniewicz et Ilg, 1992), par simulation de la propagation d'un feu de prairie (Talbot et Vincent, 1992; Xia, 1989; Meyer, 1979) et enfin par amincissements successifs (Malandain et al., 1993; Gong et Bertrand, 1990; Kong et Rosenfield, 1989; Tsao et Fu, 1981). On peut trouver un état de l'art détaillé de l'ensemble des méthodes existantes dans (Fernández Vidal, 1996).

Les méthodes utilisant les cartes de distances partent d'un ensemble de points appartenant au squelette, généralement les maxima locaux de la carte de distances. Puis elles tentent de rendre connexes cet ensemble en cherchant des configurations de voisinage dans la carte de distance qui permettent de retrouver des lignes de crêtes ou des arêtes de la surface associée. De manière générale, ces méthodes sont difficilement généralisables au cas tridimensionnel.

Les méthodes utilisant le diagramme de Voronoï partent de la constatation de (Kirkpatrick, 1979), qui avait remarqué que le squelette d'une forme polygonale est un sous-ensemble du diagramme de Voronoï. Leur mise en œuvre est très complexe, car le calcul du diagramme de Voronoï est souvent difficile, long et produit un grand nombre de barbules. Ceci explique que les approches actuelles calculent ce diagramme sur un échantillonnage discret du contour, la difficulté étant de trouver celui qui approche le mieux la forme de l'objet. Les travaux de (Brandt et Algazi, 1992) proposent un bon échantillonnage du contour repris dans (Ogniewicz et Ilg, 1992), la difficulté étant alors la suppression des branches n'appartenant pas au squelette. Cette dernière difficulté est

encore plus grande lorsque l'on traite le cas tridimensionnel (Attali, 1995; Brandt, 1992; Székely et al., 1992).

Les approches simulant la propagation du feu de prairie, calculent le squelette à partir des points d'extinctions, c'est-à-dire aux intersections des fronts de chacun des feux partant des contours de l'objet. Ces méthodes itératives, calculent à chaque étape le nouveau front réduisant ainsi progressivement la structure initiale à son squelette.

Les méthodes d'amincissements reprennent ce principe en retirant de façon itérative, les voxels de la surface de l'objet dont l'absence ne modifie pas la topologie (on les appelle les points simples). Les amincissements sont donc nécessairement homotopique. Par contre, n'étant pas basés sur les définitions du squelette, la localisation obtenue est souvent incorrecte.

Pour notre problème précis, nous souhaitons avoir l'assurance de l'homotopie et un calcul 3D rapide et efficace. Nous avons donc choisi d'utiliser une méthode d'amincissement. La précision de la localisation même imparfaite est suffisante, car la squelettisation est réalisée sur des structures fines. L'erreur inférieure aux dimensions d'un voxels, est de ce fait non perceptible.

Nous avons utilisé une méthode développée par Malandain et Bertrand qui utilise une nouvelle caractérisation des points simples 3D (Bertrand et Malandain, 1994; Malandain et al., 1993). 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 son n -voisinage (dans le sens topologique, N_n contient le point x). Soit N_n^* défini par $N_n^* = N_n \setminus \{x\}$. On définit alors C^* par le nombre de composantes connexes dans une 26-adjacence, de l'objet X limité au voisinage $N_{26}^*(x)$. De plus on définit \bar{C}^* par le nombre de composantes connexes dans une 6-adjacence de l'objet X limité au voisinage $N_{18}^*(x)$. Enfin en notant NC_a , le nombre de composantes connexes adjacentes on a :

Proposition : Un point x est dit simple si et seulement si

$$C^* = NC_a[X \cap N_{26}^*(x)] = 1 \quad \text{et} \quad \bar{C}^* = NC_a[\bar{X} \cap N_{18}(x)] = 1 \quad (5.2)$$

La preuve de cette proposition peut-être trouvée dans (Bertrand et Malandain, 1994).

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. On peut voir un résultat de cette squelettisation sur la figure 5.37.

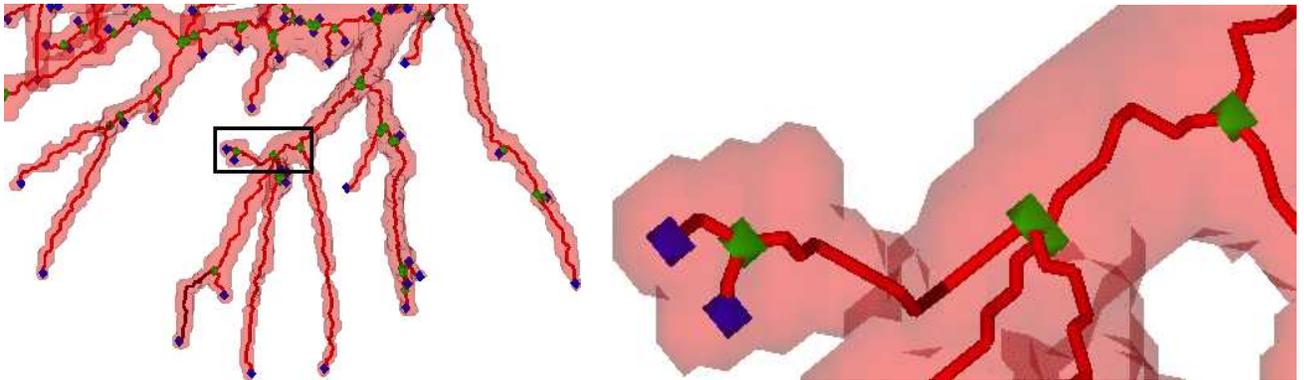


FIG. 5.37: Résultat de la squelettisation des vaisseaux (en transparence). À droite, gros plan sur la partie encadrée (à gauche). On remarque les points terminaux (2 points en sombre) et les points de jonction (points claires).

5.4.1.3 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, représentés sur la figure 5.38, sont l'irrégularité des lignes, la présence de barbules et la non équivalence 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 coordonnées réelles. La figure 5.39 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. Nous l'avons vu, une saillie ou un bruit de surface peut suffire à créer des barbules. Cette information supplémentaire, correspondant à une squelettisation trop détaillée, est en fait inutile. Pour les retirer du squelette, nous allons donc les définir précisément. Une barbule est tous d'abord une branche terminale,

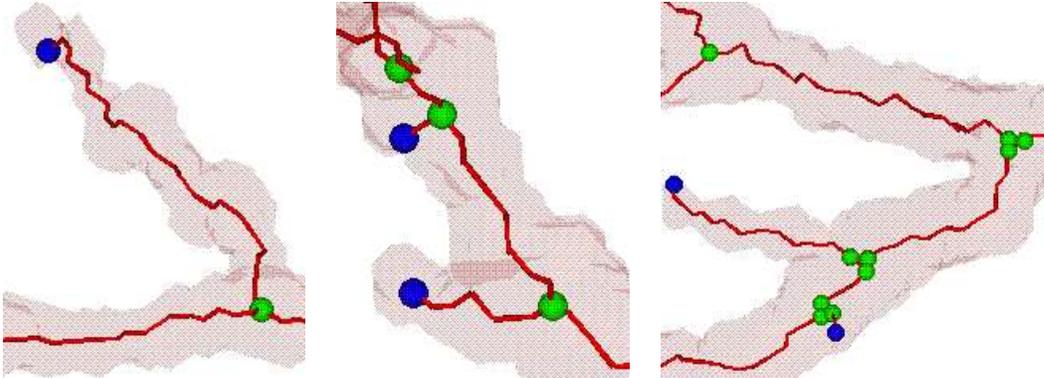


FIG. 5.38: 3 défauts constatés sur le squelette : à gauche l'irrégularité des lignes, au centre la présence de barbules et à droite la non équivalence entre points de jonction et points de bifurcation. Dans ce dernier cas, plusieurs points de jonction sont localisés autour d'un point de bifurcation.

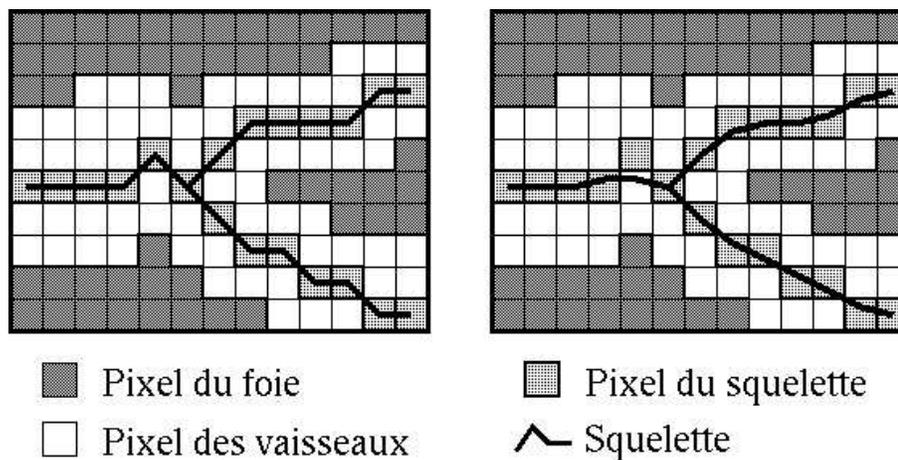


FIG. 5.39: Effet du lissage sur le squelette du vaisseau sur un exemple 2D. On remarque au niveau du point de jonction, que l'angle entre les différentes lignes avant lissage (à gauche) et après lissage (à droite) est très différent.

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 5.40 illustre cette définition.

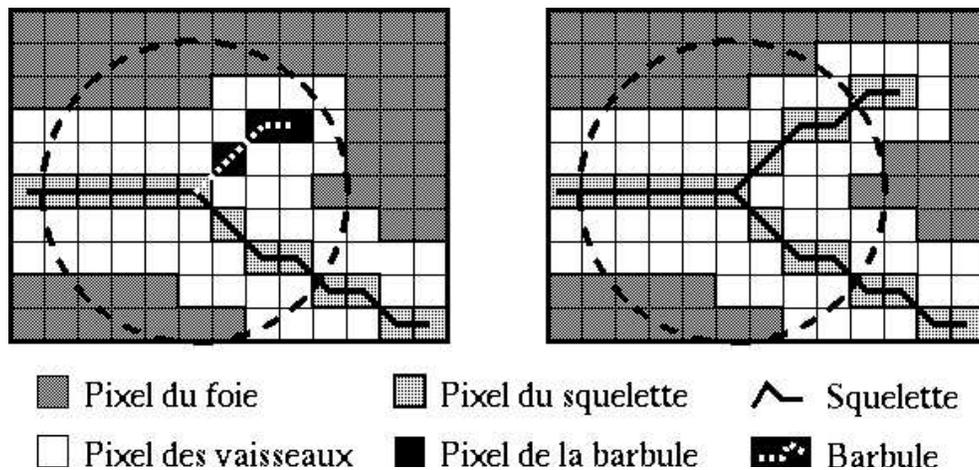


FIG. 5.40: Définition d'une barbule (à gauche) et comparaison avec une petite branche (à droite). Le cercle indique la limite sous laquelle les branches partant du point de jonction sont considérées comme des barbules (rayon = 2 fois sa distance du bord).

Le dernier défaut, tout comme le premier, vient de l'échantillonnage de l'image en voxels. Comme le montre les 3 exemples de la figure 5.41, on ne peut pas assurer l'unicité des points de jonction au niveau des bifurcations. Plusieurs points de jonctions peuvent ainsi 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 voxels de l'image, est ainsi l'isobarycentre des anciens points de jonction. Il est également le point de bifurcation des branches du squelette. Le résultat de cette opération sur les 3 exemples de la figure 5.41 est montré sur la figure 5.42.

Ces 3 défauts seront traités successivement, en commençant par la fusion des points de jonction, puisqu'elle réduit le nombre de ligne du squelette, suivi du retrait des barbules pour terminer par le lissage des lignes. Ces opérations une fois effectuées, les points du squelette ne sont plus exactement égaux aux voxels de l'image, leur coordonnées étant réelles. Le résultat de ce traitement sur les trois mêmes exemples de la figure 5.38, est illustré sur la figure 5.43.

L'analyse du squelette nous a permis d'obtenir un réseau lisse avec des points de bifurcation

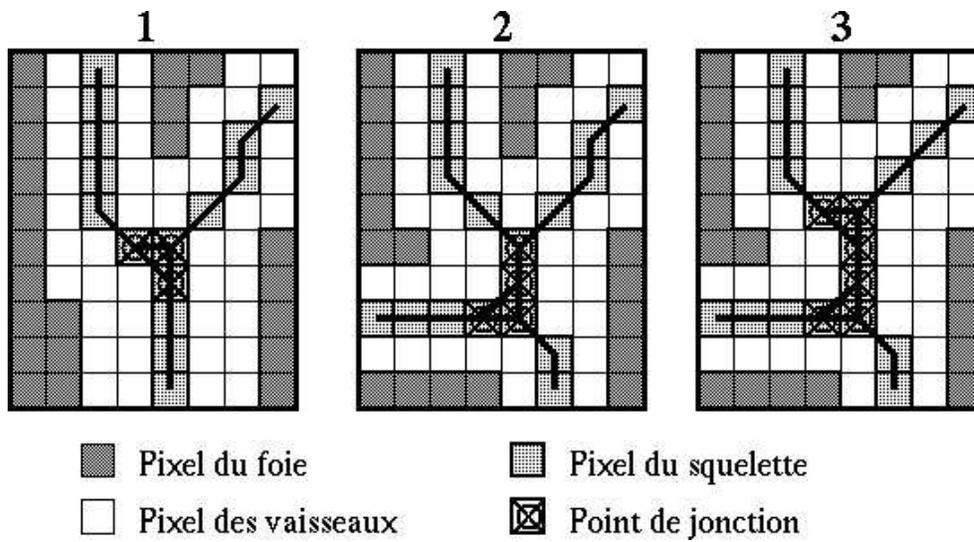


FIG. 5.41: 3 exemples de bifurcation localisée sur 3 points de jonction (à gauche), 4 points de jonction (au centre) et 5 points de jonction (à droite).

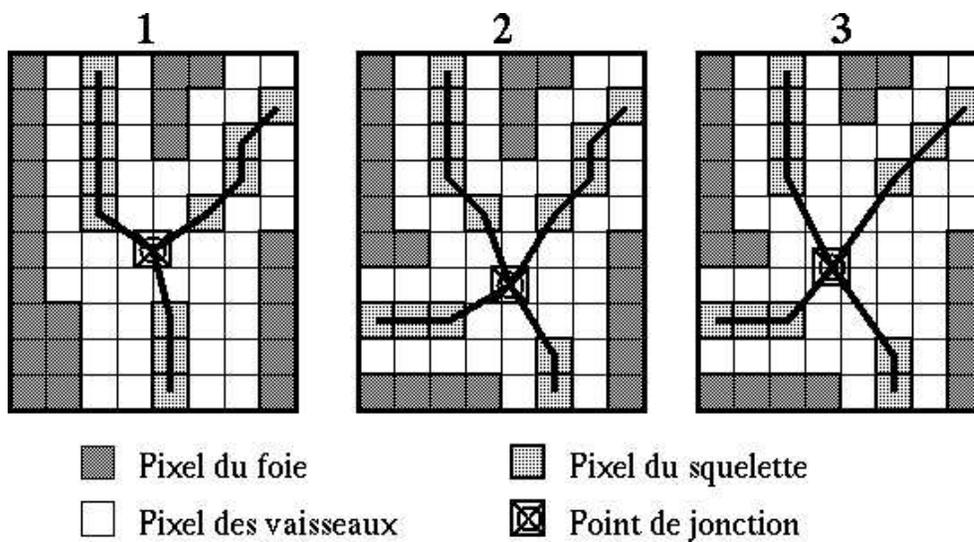


FIG. 5.42: Fusion des points de jonction voisin en un unique point, leur isobarycentre. Résultat de la fusion sur les 3 exemples de la figure 5.41.

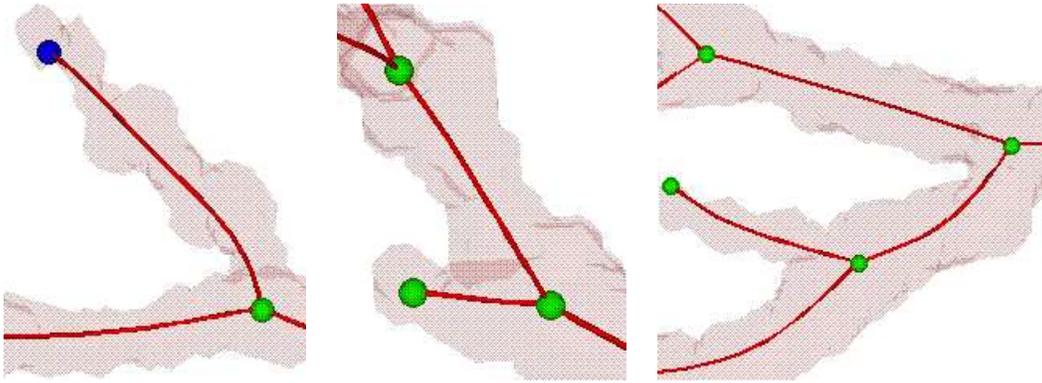


FIG. 5.43: Résultat de l'analyse du squelette retirant les défauts, sur les 3 exemples de la figure 5.38.

clairement délimités. Il reste maintenant à utiliser les connaissances topologiques et géométriques que nous avons du réseau porte, pour retrouver dans le graphe, les branches appartenant à ce réseau.

5.4.1.4 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. Pour cela, nous avons repris l'étude que nous avons faite dans le paragraphe 4.2.3.2. Nous savons que le tronc porte entre dans le foie dans une région limitée et peu variable d'un patient à l'autre. (Couinaud, 1957) définit dans ses travaux une constante relative à cette position. L'indice antéro-postérieur déterminé par $\frac{Av}{Ar} \approx 0.5$ est d'après Couinaud une des variables biométriques les plus stables chez l'être humain (voir fig 5.44). 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 5.44, $Av \simeq \sqrt{(Ar_1^2 + Ar_2^2)}$ et $Ar \simeq (dy - Ar_1) + (dz - Ar_2)$.

En utilisant cette propriété, nous pouvons définir une zone dans laquelle doit se trouver le tronc porte. En effet, à partir de notre approximation, on a :

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

On peut transformer cette équation en changeant de repère. On obtient alors l'équation d'une

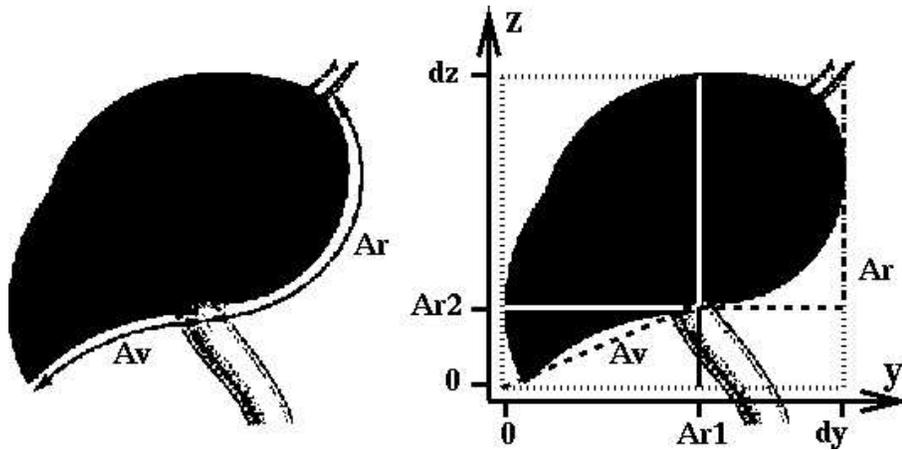


FIG. 5.44: Définition de l'indice antéro-postérieur.

ellipse (voir figure 5.45):

$$\begin{aligned}
 \text{avec :} & \quad \alpha = dy + dz \\
 \text{nouveau repère :} & \quad y' = Ar_1 + Ar_2 + (dy + dz) \\
 & \quad z' = Ar_1 - Ar_2 \\
 Ar = \beta \cdot Av & \quad \approx \quad \frac{y'^2}{d_1^2} + \frac{z'^2}{d_2^2} = 1 \\
 \text{avec :} & \quad d_1^2 = \frac{4\alpha^2}{\beta^2 - 2} \\
 \text{et} & \quad d_2^2 = \frac{4\alpha^2}{\beta^2}
 \end{aligned}$$

d_1 et d_2 sont les diamètres de l'ellipse (voir figure 5.45). On définit alors une zone dans laquelle l'indice antéro-postérieur sera proche de 0.5, simplement en encadrant la valeur de $\beta = \frac{Ar}{Av}$. Nous avons choisi d'encadrer sa valeur par : $\frac{10}{3} < \beta^2 < \frac{30}{7}$. Avec ces valeurs on a : $\frac{7}{4}\alpha^2 < d_1^2 < 3\alpha^2$ et $\frac{14}{15}\alpha^2 < d_2^2 < \frac{6}{5}\alpha^2$. On obtient ainsi une région de l'image dans laquelle les voxels vérifient l'approximation de l'indice antéro-postérieur. La branche du graphe représentant le tronc porte, sera la plus grosse branche située dans la région que nous venons de définir.

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 5.46, 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 développer 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 :

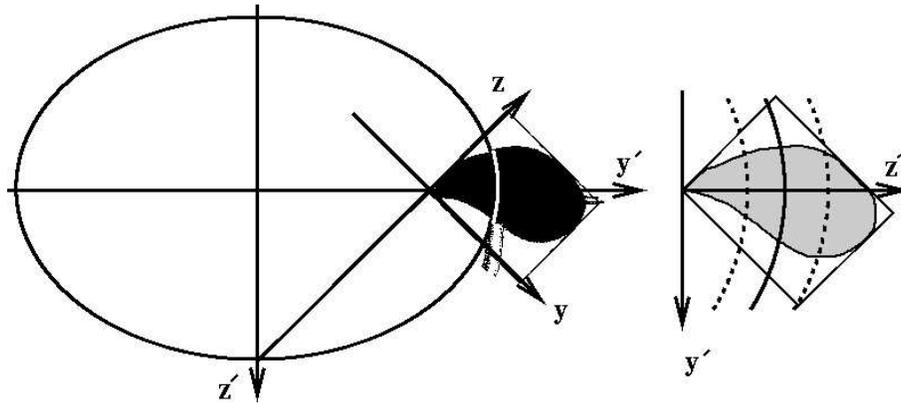


FIG. 5.45: *Calcul des points vérifiant l'équation. Le résultat est une ellipse passant par le tronc porte (à gauche). A droite, encadrement du premier résultat par deux ellipses.*

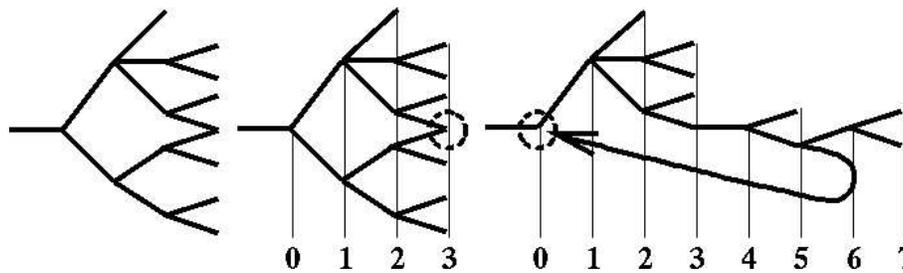


FIG. 5.46: *Exemple de parcours dans un arbre (à gauche). Au centre parcours en largeur et à droite parcours en profondeur. On remarque que la boucle est repérée de façon différente dans un cas et dans l'autre, le parcours en profondeur ne reproduisant pas la forme générale de l'arbre initial.*

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 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 parcours 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_t à S_1 ou celle allant de S_1 à son père (voir figures 5.47 et 5.48). 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 5.47 et 5.48 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 5.48, 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.

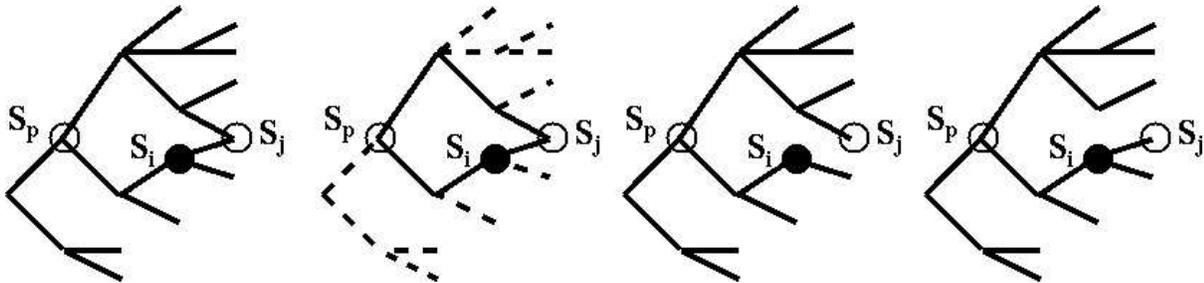


FIG. 5.47: Exemple de boucle repérée dans le graphe (à gauche). On note l'origine de la boucle au niveau du sommet S_p et on retire la dernière branche créant le plus long chemin (deux schémas de droite).

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

5.4.1.5 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 que cette

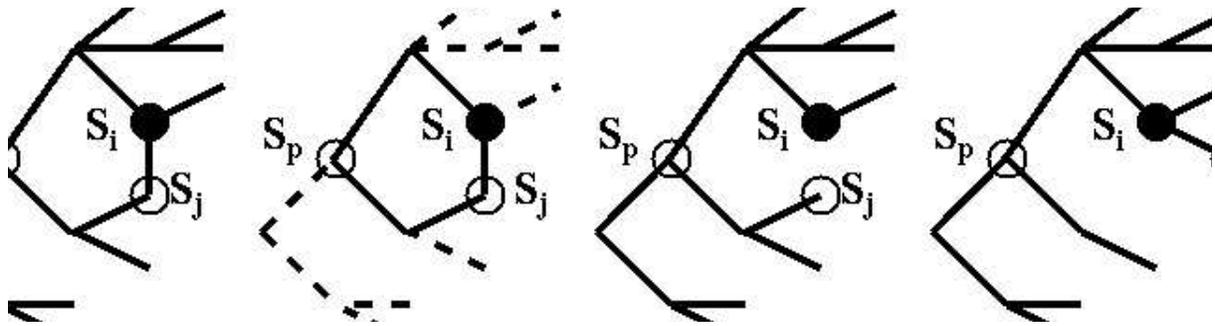


FIG. 5.48: Exemple de boucle repérée dans le graphe (à gauche). On note l'origine de la boucle au niveau du sommet S_p et on retire la dernière branche créant le plus long chemin (deux schémas de droite). On notera dans ce cas de figure que la profondeur d'un des sommet du graphe peut être modifiée.

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 (du 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 avons 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 (voir figure 5.49). 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 minimal 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 degré.

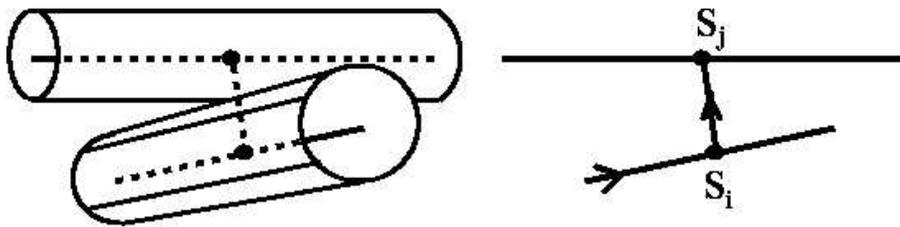


FIG. 5.49: Exemple de tangence de réseau. Le sens de propagation est indiquée sur le squelette (à droite) des deux vaisseaux (à gauche). On note la forme en T de la tangence.

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 5.50 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 aigus. En utilisant cette constatation, nous avons défini comme branche d'un réseau secondaire, toute branche faisant un angle supérieur 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 a un angle plus obtus avec la branche du réseau secondaire, nous pouvons considérer qu'elle appartient plutôt au réseau secondaire. 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.

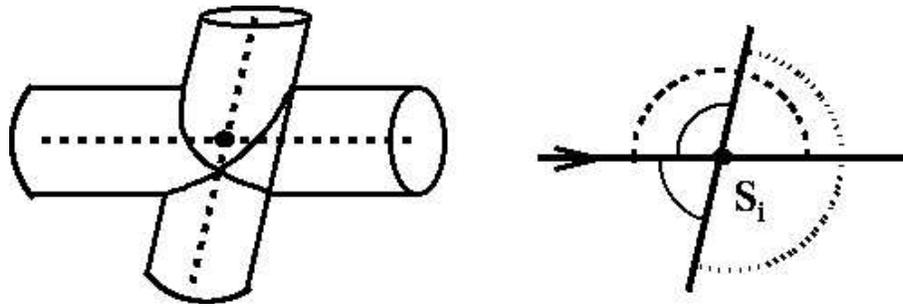


FIG. 5.50: *Exemple de croisement de réseau. Le sens de propagation est indiquée sur le squelette (à droite) des deux vaisseaux (à gauche).*

5.4.1.6 Algorithme complet

On peut résumer maintenant l'algorithme que nous utilisons pour réaliser les corrections utilisant les connaissances topologiques et géométriques que nous avons des réseaux vasculaires.

1. Calcul du squelette du réseau segmenté.
2. Calcul de la distance des points du squelette au bord des vaisseaux.
3. Correction du squelette :
 - fusion des points de jonction voisins,
 - retrait des barbules,
 - lissage des lignes.
4. Calcul du point de départ de l'analyse : tronc porte.
5. On place le point de départ dans la pile.
6. Tant que la pile n'est pas vide :
 - (a) prendre le dernier sommet de la pile S_t (pile FIFO).
 - (b) retirer les branches partant de S_t ne vérifiant pas les conditions d'angle.
 - (c) Pour les branches restantes :
 - si le sommet voisin S_i n'a pas été analysé, vérifier qu'il ne forme pas une branche de tangence et l'ajouter à la pile.
 - si le sommet voisin S_i a déjà été analysé, retirer la boucle et ajouter S_i si nécessaire.

Le résultat de cette analyse nous fournit deux listes. La première correspond au réseau porte, la seconde correspond aux branches ayant été retirées, ou non analysées. Il s'agira généralement du réseau sus-hépatique, parfois du réseau artériel, ou encore d'erreurs de segmentation.

5.4.1.7 Reconstruction du réseau et résultats

La reconstruction du réseau final 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 boule 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.

Le résultat du dernier traitement est très net. Les différents problèmes initiaux ont pu être éliminés. Les exemples suivants illustrent ainsi : la déconnexion du réseau porte et du réseau sus-hépatique (figure 5.51), la déconnexion du porte et du réseau artériel (figure 5.52), le retrait des boucles dans le réseau (figure 5.53) et le retrait des erreurs dues à un seuillage trop faible (figure 5.54).

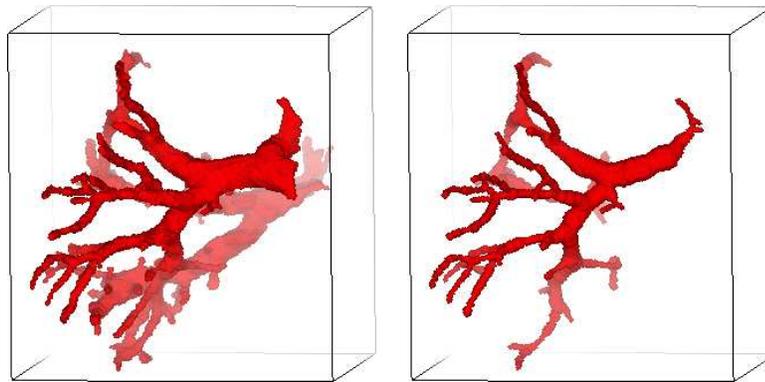


FIG. 5.51: *Résultat de l'algorithme de correction topologique et géométrique du réseau sur la déconnexion entre le réseau sus-hépatique et le réseau porte. A gauche, vue 3D de la segmentation initiale. A droite, vue 3D du réseau porte après traitement, le réseau sus-hépatique a été déconnecté.*

Autre exemple, l'application de notre méthode sur l'image de la figure 5.29. Il était intéressant de voir le résultat sur cette image qui, rappelons-le, possédait plusieurs points de connections entre le réseau porte et sus-hépatique, créés par notre correction des faux négatifs. Le résultat de la figure 5.55 montre que, non seulement la connexion entre les deux réseaux a été retirée, mais encore que les branches ajoutées par la correction des faux négatifs ont été préservées.

Pour terminer cette analyse des résultats, notons les problèmes restants. On remarque dans certain cas, que certaines branches du réseau sus-hépatique, n'ont pas été déconnectées. Ce sont toujours des branches de faible diamètre, qu'il serait assez facile de confondre avec les branches du réseau porte (voir figure 5.56). On pourrait, en modifiant les angles acceptés, déconnecter ces branches, mais en déconnectant aussi des branches du réseau porte. Nous atteignons là les limites de notre méthode, qui ne peut pas, dans certain cas extrêmes, reconnaître un changement de réseau.

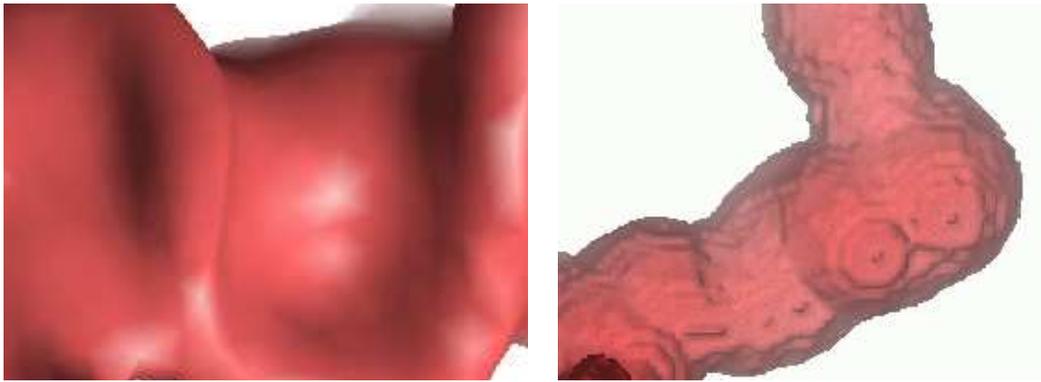


FIG. 5.52: Résultat de l'algorithme de correction topologique et géométrique du réseau sur la déconnexion entre le réseau artérielle (à gauche en forme de S) et le réseau porte (à droite). Après traitement, le réseau artériel a été déconnecté.

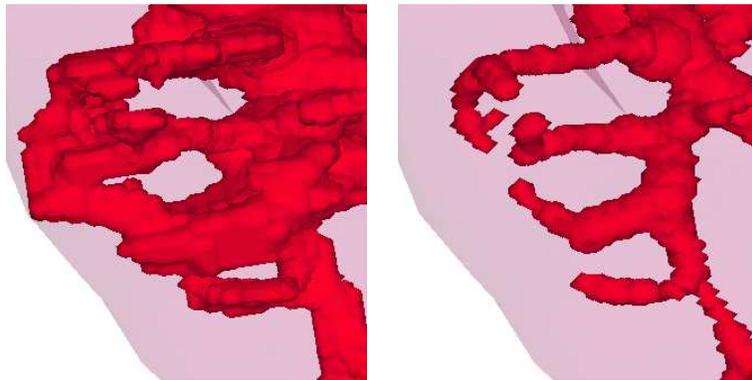


FIG. 5.53: Résultat de l'algorithme de correction topologique et géométrique du réseau sur le retrait des boucles dans le réseau. A gauche, vue 3D de la segmentation initiale. A droite, vue 3D du réseau porte après traitement, les boucles ont été retirées.

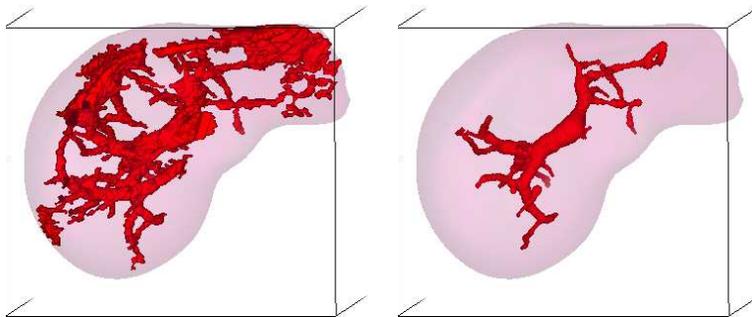


FIG. 5.54: Résultat de l'algorithme de correction topologique et géométrique du réseau sur le retrait des erreurs de seuillage. A gauche, vue 3D de la segmentation initiale. A droite, vue 3D du réseau porte après traitement, les régions du foie ont été retirées.

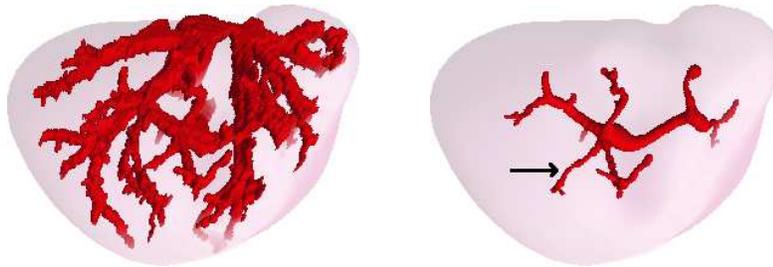


FIG. 5.55: Résultat de l'algorithme de correction topologique et géométrique du réseau sur la déconnexion entre le réseau sus-hépatique et le réseau porte. A gauche vue 3D de la segmentation initiale. A droite vue 3D du réseau porte après traitement, le réseau sus-hépatique a été déconnecté.

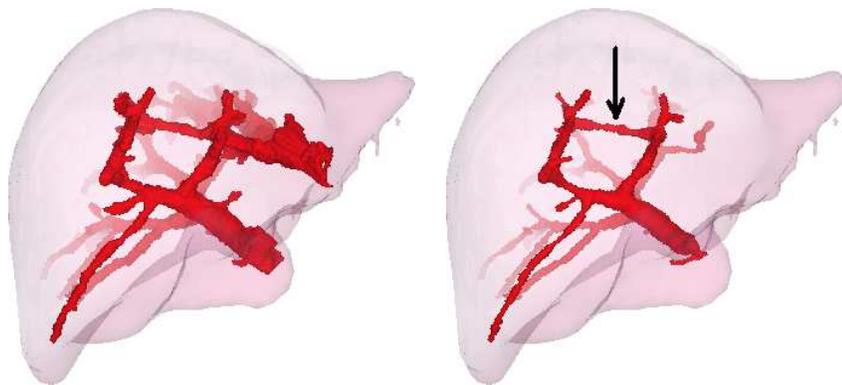


FIG. 5.56: Résultat de l'algorithme de correction topologique et géométrique du réseau sur la déconnexion entre le réseau sus-hépatique et le réseau porte. A gauche vue 3D de la segmentation initiale (vue latérale droite, le réseau sus-hépatique est au dessus du réseau porte). A droite vue 3D du réseau porte après traitement. On remarque qu'une branche du réseau sus-hépatique (indiquée par la flèche) n'a pas pu être déconnectée.

5.5 Conclusions

Nous avons développé une méthode de segmentation des lésions et des vaisseaux du foie, tenant compte des propriétés topologiques et géométriques des structures anatomiques. Cette méthode permet une segmentation plus précise, possédant plus de vaisseaux qu'un simple seuillage, et moins de faux positifs. Elle fournit également des informations topologiques et géométriques sur le réseau vasculaire porte, informations nécessaires pour reconstruire les segments anatomiques définis par (Couinaud, 1957).

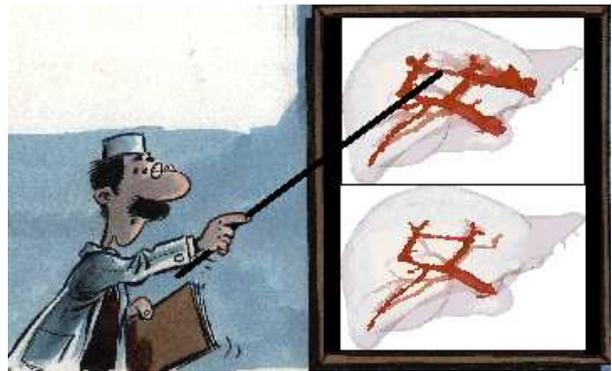
Notons également que cette méthode, bien que spécifique au foie, pourrait être adaptée pour d'autres organes. Les lésions par exemples, ont des caractéristiques comparables à un très grand nombre de lésions de l'organisme (poumons, cerveau). On peut également retrouver les propriétés de l'arbre vasculaire porte dans d'autres réseaux vasculaires, comme celui des bronches par exemple. On peut enfin adapter les contraintes à d'autres types de réseaux, en modifiant les angles limites, en retirant l'interdiction de boucle ou encore en modifiant les limites d'augmentation d'épaisseur.

Chapitre 6

Validation Médicale

Ce chapitre présente les validations que nous avons réalisées sur notre méthode. Pour cela, nous commencerons par présenter les différents modes de validation dont nous disposons en fonction du pro-

blème posé. Nous analyserons ensuite les résultats de ces valitations et nous concluerons en fixant des perspectives de recherche visant à améliorer les résultats.



6.1 Méthodes de validation

La validation dans le domaine du médicale, est un point essentiel qui permet d'assurer qu'une technique est suffisamment efficace pour être utilisée couramment. Dans le cas précis que nous étudions, nous souhaitons calculer l'efficacité de notre méthode de segmentation sur des cas cliniques. Nous proposons de réaliser deux procédés de validation. Le premier consiste à comparer le résultat de notre segmentation à celui d'une segmentation manuelle réalisée par un expert. Cette comparaison permet de noter les avantages et inconvénients d'une méthode automatique par rapport à une méthode manuelle. Elle permet également de calculer quantitativement les écarts entre ces deux méthodes. Le second consiste en une évaluation par un expert du résultat de notre segmentation. Cela se traduit par le repérage des erreurs présentes dans nos résultats, c'est-à-dire les faux positifs et les faux négatifs, mais également par des remarques qualitatives sur les résultats. Ce dernier procédé a l'avantage d'être plus rapide que le premier. De plus, il offre des informations quantitatives et qualitatives significatives.

6.1.1 Comparaison par rapport aux résultats d'un expert

La méthode de validation par comparaison, nécessite un travail long et difficile de segmentation manuelle des images scanners. De ce fait, nous avons entrepris cette validation sur un nombre limité de 3 images provenant de la base d'entraînement (voir 3.3, tableau 3.1). Nous avons choisi dans cette base, l'image 3, acquise par portographie, et les images 4 et 5 acquises par angiographie par intraveineuse avec une épaisseur de coupe de 2 mm. La segmentation pour ces trois images, de l'enveloppe du foie et des réseaux veineux, a été réalisée par le Docteur Olivier Dourthe, radiologue collaborateur du projet EPIDAURE. Elle a demandé plus de 90 heures de travail, ce temps s'expliquant principalement par la difficulté que représente la segmentation manuelle des arborescences.

Avant toute comparaison, il est à noter que la segmentation manuelle ayant été réalisée coupe par coupe, il apparaît deux types de discontinuités dans le résultat 3D. La première est celle de surface que l'on observe principalement sur le contour du foie (voir figure 6.1, a). La seconde concerne les problèmes de connections 3D, visibles principalement sur les réseaux. Ces problèmes, dues à l'anisotropie des images, se traduisent par des déconnexions de branches (voir figure 6.1, b), ou par des connections non désirées entre deux réseaux différents (voir figure 6.1, c).

La comparaison, pour être riche en informations, doit comporter une analyse quantitative et qualitative. Elle est différente selon la structure segmentée (foie ou réseaux veineux). Dans le cas du foie, l'analyse quantitative consiste à calculer l'écart entre les deux segmentations. Dans le cas des réseaux, elle consiste à calculer le nombre de branches manquantes ou éronées. L'analyse qualitative, plus abstraite, permettra de compléter la validation. Une segmentation qui aurait



FIG. 6.1: *Discontinuités dans le résultat de la segmentation manuelle. (a) coupe coronale de l'enveloppe du foie illustrant une irrégularité de la surface. (b) vue MIP du réseau porte illustrant une déconnection d'une branche (entourée). (c) coupe coronale du réseau porte (en noir) et du réseau sus-hépatique (en gris) illustrant une connection entre les réseaux.*

un nombre important de branches non récupérées, peut être une bonne segmentation si les plus importantes et les plus visibles sont présentes dans le résultat final et si seules les plus petites branches sont absentes. Le contour du foie, résultant d'une segmentation automatique, peut être meilleur que celui d'une segmentation manuelle s'il ne possède pas d'erreur significative, car il sera nécessairement plus lisse et plus régulier. Cet aspect qualitatif est donc essentiel et sera là encore réalisée par un expert.

6.2 Résultats

6.3 Conclusions et perspectives

Troisième partie

CONSTRUCTION DES SEGMENTS DU FOIE

Chapitre 7

Création des segments anatomiques par régions d'influences



- 7.1 **Connaissances anatomiques**
- 7.2 **Étiquetage des vaisseaux**
- 7.3 **Calcul des régions d'influences**
- 7.4 **Application au foie**
- 7.5 **Résultats**

Chapitre 8

Étiquetage automatique



8.1 Principe

8.2 Méthode retenue

8.3 Résultats

8.4 Conclusions

Chapitre 9

Validation Médicale



9.1 Mode de validation

9.2 Résultats

9.3 Conclusion

CONCLUSION

Conclusion

L

- 1 Principales contributions
- 2 Perspectives

Bibliographie

- AKAIKE, H. (1974). « A New Look at the Statistical Model Identification ». *IEEE Trans. on Automatic Control*, 19(6):716–723.
- ARCELLI, C. et SANNITI DI BAJA, G. (1993). « Euclidean skeleton via centre-of-maximal-disc extraction ». *Image and Vision Computing*, 11(3):163–173.
- ATKINS, M. et MACKIEWICH, B. (1996). « Automatic Segmentation of the Brain in MRI ». Dans HÖHNE, K. et KIKINIS, R., éditeurs, *Visualization in Biomedical Computing*, pages 241–246. Springer Verlag. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 1131.
- ATTALI, D. (1995). « *Squelettes et graphes de Voronoï 2D et 3D* ». PhD thesis, Université Joseph Fourier.
- ATTALI, D. and Bertolino, P. et MONTANVERT, A. (1994). « Using polyballs to approximate shapes and skeletons ». Dans *12th IAPR International Conference on Pattern Recognition*, pages 626–628, Jérusalem, Israël. IEEE Computer Society Press.
- AYACHE, N., CINQUIN, P., COHEN, I., COHEN, L., LEITENER, F., et MONGA, O. (1996). Segmentation of Complex Three-Dimensional Medical Objects: A Challenge and a Requirement for Computer-Assisted Surgery Planning and Performance. Dans TAYLOR, R., LAVALLE, S., BURDEA, G., et MÖSGES, R., éditeurs, *Computer Integrated Surgery*, pages 59–74. MIT Press, Cambrig, MA.
- BABAUD, J., WITKIN, A., BAUDIN, M., et DUDA, R. (1986). « Uniqueness of the Gaussian Kernel for Scale-Space filtering ». *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, PAMI-8(1):26–33.
- BAE, K., GIGER, M., CHEN, C.-T., et KAHN, C. (1993). « Automatic segmentation of liver structure in CT images ». *Medical Physics*, 20(1):71–78.
- BAMMER, R., STOLLBERGER, R., PEDEVILLA, M., ROPELE, S., EBNER, F., et WACH, P. (1997). « Automated Tissue Classification of Extremities Using Knowledge-Based Segmentation of MR Images ». Dans LEMKE, H., VANNIER, M., et INAMURA, K., éditeurs, *Computer Assisted Radiology and Surgery*, pages 252–258. Elsevier Science B.V.
- BELLOCQ, J., MARCELLIN, L., et CHENARD-NEU, M. (1992). Anatomie pathologique des métastases hépatiques des adénocarcinomes colorectaux. Dans NORDLINGER, B. et JAECK, D., éditeurs, *Traitement des métastases hépatiques des cancers colorectaux*, pages 11–25. Spinger-Verlag.
- BELLON, E., FERON, M., MAES, F., VAN HOE, L., DELAERE, D., HAVEN, F., SUNAERT, S., BAERT, A., MARCHAL, G., et SUETENS, P. (1997). « Evaluation of manual vs semi-automated delineation of liver lesions on CT images ». *European Radiology*, 7:432–438.

- BERTRAND, G. et MALANDAIN, G. (1994). « A new characterization of three-dimensional simple points ». *Pattern Recognition Letters*, 15(2):169–175.
- BESL, P. et MCKAY, N. (1992). « A method for Registration of 3D shapes ». *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(2):239–256.
- BLUM, H. (1967). « A Transformation for Extracting New Descriptors of Shape ». Dans WATHEN-DUNN, W., éditeur, *Models for the Perception of Speech and Visual Form*, pages 362–380, Cambridge, Mass. MIT Press.
- BORGEFORS, G. (1986). « Distances Transformations in Digital Images ». *Computer Vision, Graphics, and Image processing*, 34(3):344–371.
- BRANDT, J. (1992). « Describing a solid with the three-dimensional skeleton ». Dans WARREN, J., éditeur, *Curves and Surfaces in Computer Vision and Graphics III*, pages 258–269. SPIE. Proceedings Vol.1830.
- BRANDT, J. et ALGAZI, V. (1992). « Continuous skeleton computation by Voronoï diagram ». *CGVIP: Image Understanding*, 3(3):329–338.
- BROWN, L. (1994). « A Survey of Image Registration Techniques ». *ACM Computing Surveys*, 24(4):325–376.
- BRUMMER, M., MERSERAU, R., EISNER, R., et LEWINE, R. (1993). « Automatic Detection of Brain Contours in MRI Data Sets ». *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 12(2):153–166.
- CAILLOL, H., PIECZYNSKI, W., et HILLION, A. (1997). « Estimation of Fuzzy Gaussian Mixture and Unsupervised Statistical Image Segmentation ». *IEEE Trans. on Image Processing*, 6(3):425–440.
- CALABI, L. (1965). « A study of skeleton of plane figures ». sr-2, 60429, Parke Mathematical Laboratories.
- CARLOTTO, M. (1987). « Histogram Analysis Using a Scale-Space Approach ». *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 9(1):121–129.
- CARREIRA, M., CABELLO, D., PENEDO, M., et PARDO, J. (1995). « Computer-aided Lung Nodule Detection in Chest Radiography ». Dans CHIN, R., IP, H., NAIMAN, A., et PONG, T.-C., éditeurs, *Image Analysis Applications and Computer Graphics*, pages 331–338. Springer Verlag. Lecture Notes in Computer Science, Vol.1024.
- CELEUX, G. et GOVAERT, G. (1991). « Comparison of the Mixture and the Classification Maximum Likelihood in Cluster Analysis ». Programme 5, RR-1517, INRIA.
- CHAMPETIER, J. (1985). « La segmentation hépatique ». Rapport Technique, C.H.U. de Grenoble.
- CHEN, C.-T., CHOU, J.-T., GIGER, M., KAHN, C., BAE, K., et LIN, W.-C. (1991). « Visualisation of liver in 3-D ». Dans YONGMIN, K., éditeur, *Medical Imaging V: Image Capture, Formatting, and Display*, pages 75–77. SPIE. Proceedings Vol.1444.
- CHO, S., HARALICK, R., et YI, S. (1989). « Improvement of Kittler and Illingworth's Minimum Error Thresholding ». *Pattern Recognition*, 22(5):609–617.
- CHOU, J.-S., CHEN, S.-Y. j., SUDAKOFF, G., HOFFMANN, K., CHEN, C.-T., et DACHMAN, A. (1995). « Image fusion for visualization of hepatic vasculature and tumors ». Dans LOEW, M., éditeur, *Medical Imaging 1995: Image Processing*, pages 157–163. SPIE. Proceedings Vol. 2434.
- CHOW, C. et KANEKO, T. (1972). Boundary detection of radiographic images by a thresholding method. Dans WATANEBE, S., éditeur, *Frontiers of Pattern Recognition*, pages 61–82. New York: Academic.

- CHUANG, J.-H. et AHUJA, N. (1991). « Skeletonization using a generalized potential field model ». Dans *AICV*, pages 223–237.
- CLARKE, L., VELTHUIZEN, R., CAMACHO, M., HEINE, J., VAIDYANATHAN, M. a Hall, L., TATCHER, R., et SILBINGER, M. (1995). « MRI Segmentation: Methods and Applications ». *Magnetic Resonance Imaging*, 13(3):343–368.
- COCQUEREZ, J.-P. et PHILIPP, S. (1995). *Analyse d'images : filtrage et segmentation*. Masson.
- COTIN, S. (1997). « Modèles anatomiques déformables en temps-réel : application à la simulation de chirurgie avec retour d'effort ». Master's thesis, Université de Nice Sophia Antipolis.
- COUINAUD (1957). *Le foie, études anatomiques et chirurgicales*. Masson.
- de RIBEROLLES, C. et BISMUTH, H. (1989). « Anatomie Chirurgicale du foie ». technique chirurgicale 40760, Hôpitaux de Paris.
- DELIGNON, Y., MARZOUKI, A., et PIECZYNSKI, W. (1997). « Estimation of Generalized Mixtures and its application in Image Segmentation ». *IEEE Trans. on Image Processing*, 6(10):1364–1375.
- DELINGETTE, H. (1994). « Modélisation, déformation et reconnaissance d'objets tridimensionnels à l'aide de maillages simples ». PhD thesis, École Centrale de Paris.
- DELINGETTE, H. (1997). « General Object Reconstruction based on Simplex Meshes ». Rapport Technique 3111, INRIA.
- DELINGETTE, H. (1998). « Initialization of Deformable Models from 3D Data ». Dans *Proceedings of the Sixth International Conference on Computer Vision (ICCV'98)*, Bombay, India.
- DEMPSTER, A., LAIRD, N., et RUBIN, D. (1977). « Maximum Likelihood from Incomplete Data via the EM Algorithm ». *J. Royal Statistical Society Ser. B*, 39:1–38.
- DERICHE, R. et FAUGERAS, O. (1995). « Les EDP en traitement des images et vision par ordinateur ». Programme 4, 2697, INRIA.
- DERIN, H. (1987). « Estimating of Univariate Gaussian Mixtures Using Prony's Method ». *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 9(1):142–148.
- DUVAUFERRIER, R. (1996). « Bases de l'analyse d'images dans les différentes modalités ». Université médicale de Rennes, www.med.univ-rennes1.fr/cerf/edicerf, edicerf-web edition.
- EVERHART, J., CANNON, T., NEWELL, J., et LINCH, D. (1994). « Image Segmentation applied to CT examination of lymphangioliomyomatosis ». Dans LOEW, M., éditeur, *Medical Imaging 1994: Image Processing*, pages 87–95. SPIE. Proceedings Vol. 2167.
- EZQUERRA, N. et MULLICK, R. (1996). « Knowledge-Guided Segmentation of 3D Imagery ». *Graphical models and Image Processing*, 58(6):510–523.
- FALLER, A. et SPRUMONT, P. (1988). *Le corps humain*. DOIN, 3ème édition edition.
- FASEL, J., GINGINS, P., KALRA, P., MAGNENAT-THALMANN, N., BAUR, C., CUTTAT, J., MUSTER, M., et GAILLOUD, P. (1998a). « The Liver of Visible Man ». *Journal of Clinical Anatomy*. to be published.
- FASEL, J., SELLE, D., EVERTSZ, C., TERRIER, F., PEITGEN, H., et GAILLOUD, P. (1998b). « Segmental Anatomy of the Liver: Poor correlation with CT ». *Radiology*, 206:151–156.

- FERNÁNDEZ VIDAL, S. (1996). « *Squelettes et outils de topologie discrète. Application à l'imagerie médicales 3D* ». PhD thesis, Université de Nice-Sophia Antipolis.
- FISHMAN, E., KUSZYK, B., HEATH, D., et GAO, L. (1996). « Surgical planning for liver resection ». *IEEE Computer, Innovative Technology for Computer Professionals*, 29(1):64–72.
- FLEURY, M., HAYAT, L., et CLARK, A. (1996). « Parallel entropic auto-thresholding ». *Image and Vision Computing*, 14(4):247–264.
- GANDON, Y. et MARCORELLES, L. (1996). « *Sémiologie radiologique de l'appareil digestif et des glandes annexes* ». Université médicale de Rennes, www.med.univ-rennes1.fr/cerf/edicerf, edicerf-web edition.
- GAO, L., HEATH, D., KUSZYK, B., et FISHMAN, E. (1996). « Automatic Liver Segmentation Techniques for Three-Dimensional Visualization of CT Data ». *Radiology*, 201(2):359–364.
- GERIG, G., KÜBLER, O., KIKINIS, R., et JOLESZ, F. (1992a). « Nonlinear Anisotropic Filtering of MRI Data ». *IEEE Trans. on medical Imaging*, 11(2):221–232.
- GERIG, G., MARTIN, J., KIKINIS, R., KUBLER, O., SHENTON, M., et JOLESZ, F. (1992b). « Unsupervised tissue type segmentation of 3D dual-echo MR head data ». *Image and Vision Computing*, 10(6):349–360.
- GLASBEY, C. (1993). « An Analysis of Histogram-Based Thresholding Algorithms ». *Graphical Models and Image Processing*, 55(6):532–537.
- GONG, W. et BERTRAND, G. (1990). « A simple parallel 3D thinning algorithm ». Dans *10th International Conference on Pattern Recognition*, pages 188–190, Atlantic City, NJ. IEEE Computer Society Press.
- GONZALEZ, R. et WOODS, R. (1992). *Digital Image Processing*. Addison Wesley.
- GOSHTASBY, A. et O'NEILL, W. (1994). « Curve Fitting by a Sum of Gaussians ». *CVGIP: Graphical Models and Image Processing*, 56(4):281–288.
- GREEN, P. (1990). « Bayesian Reconstruction from emission tomography data using a modified EM Algorithm ». *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 9(1):84–93.
- GUPTA, L. et SORTRAKUL, T. (1998). « A Gaussian-Mixture-Based Image Segmentation Algorithm ». *Pattern Recognition*, 31(3):315–325.
- HAYAT, L., FLEURY, M., et CLARK, A. F. (1996). « Candidate Functions for a Parallel Multi-level Thresholding Technique ». *Graphical Models and Image Processing*, 58(4):360–381.
- HEATH, D., SOYER, P., KUSZYK, B., BLISS, D., CALBOUN, P., BLUEMKE, D., CHOTI, M., et FISHMAN, E. (1995). « Three-dimentionnal Spiral CT during Arterial Portography: Comparison of three rendering techniques ». *Radiographics*, 15(4):1001–1011.
- HENSTOCK, P. et CHELBERG, D. (1996). « Automatic Gradient Threshold Determination for Edge Detection ». *IEEE Trans. on Image Processing*, 5(5):784–787.
- HERMAN, G., ZHENG, J., et BUCHOLTZ, C. (1992). « Shape-Based Interpolation ». *IEEE Computer Graphics and Applications*, 12:69–79.
- HOFFMANN, K., CHEN, S.-Y. j., et KORMANO (1993). « Segmentation and display of hepatic vessels and metastases ». Dans LOEW, M., éditeur, *Medical Imaging 1993: Image Processing*, pages 263–270. SPIE. Proceedings Vol. 1898.

- IÑESTA, J., SANZ, P., et del POBIL, A. (1997). « An automatic transformation from bimodal to Pseudo-Binary Images ». Dans DEL BIMBO, A., éditeur, *Image Analysis and Processing*, pages 231–238. Springer Verlag. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 1310.
- INAOKA, N., SUZUKI, H., et FUKUDA, M. (1992). « Hepatic Blood Vessels Recognition using Anatomical Knowledge ». Dans LOEW, M., éditeur, *Medical Imaging VI: Image Processing*, pages 509–513. SPIE. Proceedings Vol. 1652.
- JAECK, D., NORDLINGER, B., SCHAAL, J., et BALLADUR, P. (1992). Méthodes d'exérèse chirurgicale. Dans NORDLINGER, B. et JAECK, D., éditeurs, *Traitement des métastases hépatiques des cancers colorectaux*, pages 93–110. Springer-Verlag.
- JANSEN, R., REININK, K., et van der HEIJDEN, G. (1993). « Analysis of Grey Level histograms by using statistical methods for mixtures of distribution ». *Pattern Recognition Letters*, 14:585–590.
- KAPUR, J., SAHOO, P., et WONG, A. (1985). « A new method for grey-level picture thresholding using the entropy of the histogram. ». *Computer Vision Graphics Image Process.*, 29:273–285.
- KASS, M., WITKIN, A., et TERZOPOULOS, D. (1987). « Snakes: Active Shape Models ». *International Journal of Computer Vision*, 1:321–331.
- KIRKPATRICK, D. (1979). « Efficient computation of continuous skeletons ». Dans *IEEE 20th Annual Symposium on Foundations of Computer Science*, pages 217–222.
- KITTLER, J., ILLINGWORTH, J., et FÖGLEIN, J. (1985). « Threshold selection based on a simple image statistic ». *Computer Vision Graphics Image Process.*, 30:125–147.
- KITTLER, J. et ILLINWORTH, J. (1986). « Minimum Error Thresholding ». *Pattern Recognition*, 19(1):41–47.
- KONG, T. et ROSENFELD, A. (1989). « Digital topology: Introduction and Survey ». *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 48:357–393.
- KOVALEV, V. (1995). « Rule-Based Method for tumor Recognition in Liver Ultrasonic Images ». Dans BRACCINI, C., DEFLORIANI, L., et VERNAZZA, G., éditeurs, *Image Analysis and Processing*, pages 217–222. Springer Verlag. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 974.
- KRISSIAN, K., MALANDAIN, G., et AYACHE, N. (1996). « Directional Anisotropic Diffusion Applied to Segmentation of Vessels in 3D Images ». Thème 3, 3064, INRIA.
- KRISSIAN, K., MALANDAIN, G., et AYACHE, N. (1997). « Directional Anisotropic Diffusion Applied to Segmentation of Vessels in 3D Images ». Dans HAAR ROMENY, B., FLORACK, L., KOENDERINK, J., et VIERGEVER, M., éditeurs, *Scale-Space Theory in Computer Vision*, pages 345–348. Springer Verlag. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 1252.
- LANGAN, D., MODESTINO, J., et ZHANG, J. (1998). « Cluster Validation for Unsupervised Stochastic Model-based Image Segmentation ». *IEEE Trans. on Image Processing*, 7(2):180–195.
- LANGENBERGER, T., MEULI, R., SCHROETER, P., MAEDER, P., VESIN, J., et SCHNYDER, P. (1996). « Automatic Segmentation and Volume measureing of brain with MRI ». Dans LEMKE, H. et AL., éditeurs, *Computer Assisted Radiology*, pages 219–224. Elsevier Science B.V.
- LE BAS, J. (1995). « Imagerie par rayonnement magnétique ». CHU de Grenoble, www.med.univ-rennes1.fr/cerf/edicerf, edicerf-web edition.

- LEE, S., CHUNG, S., et PARK, R. (1990). « A Comparative Performance study of Several Global Thresholding Techniques for Segmentation ». *Computer Vision, Graphics and Image processing*, 52:171–190.
- LORENSEN, W. et CLINE, H. (1987). « Marching cubes: A high resolution 3D Surface Reconstruction Algorithm ». *Computer Graphics*, 21(4).
- MALANDAIN, G., BERTRAND, G., et AYACHE, N. (1993). « Topological Segmentation of Discrete Surfaces ». *International Journal of Computer Vision*, 10(2):183–197.
- MARQUARDT, D. (1963). « An Algorithm for Least-Squares Estimation of Nonlinear Parameters ». *J. Soc. Indust. Appl. Math.*, 11(2):431–441.
- MASUTANI, Y., YAMAUCHI, Y., SUZUKI, M., OHTA, Y., DOHI, T., TSUZUKI, M., et HASHIMOTO, D. (1995). « Development of interactive vessel modelling system for hepatic vasculature from MR images ». *Medical and Biomedical Engineering and Computing*, 33:97–101.
- MATHIEU, D. (1995). « *Les tumeurs bénignes et les cancers primitifs du foie* ». Hôpital Henri Mondor - Cétéil, www.med.univ-rennes1.fr/cerf/edicerf, edicerf-web edition.
- MATSUSHITA, S., OYAMADA, H., KUSAKABE, M., et SUZUKI, N. (1993). « Attempt to extract 3-D image of liver automatically out of Abdominal MRI ». Dans LOEW, M., éditeur, *Medical Imaging 1993: Image Processing*, pages 803–808. SPIE. Proceedings Vol. 1898.
- MCINERNEY, T. et TERZOPOULOS, D. (1993). « A Finite Element Model for 3D Shape Reconstruction and Nonrigid Motion Tracking ». Dans *International Conference on Computer Vision*, pages 518–523.
- MERHAV, N. (1989). « The estimation of the model order in Exponential Families ». *IEEE Trans. on Information Theory*, 35(5):1109–1114.
- MEYER, F. (1979). « *Cytologie quantitative et morphologie mathématique* ». PhD thesis, École des mines.
- MEYER, F. (1989). « Skeletons and perceptual graphs ». *Signal Processing*, 16:335–363.
- MIGNOTTE, M., COLLET, C., PÉREZ, P., et BOUTHEMY, P. (1997). « Unsupervised Segmentation applied on Sonar Images ». Dans PELILLO, M. et HANCOCK, E., éditeurs, *Energy Minimization Method in Computer Vision and Pattern Recognition*. Springer Verlag. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 1223.
- MONGA, O. (1990). « Segmentation d’images : où en sommes-nous ? ». Programme 6, 1216, INRIA.
- MONOD, C. et DUHAMEL, B. (1983). *Schémas d’anatomie*. Vigot.
- MONTAGNAT, J. et DELINGETTE, J. (1997). « Volumetric Medical Images Segmentation using Shape Constrained Deformable Models ». Dans TROCCAZ, J., GRIMSON, E., et MÖSGES, R., éditeurs, *CVRMed-MRCAS*, pages 13–22. Springer Verlag. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 1205.
- NAKAGAWA, Y. et ROSENFELD, A. (1979). « Some experiments on variable thresholding ». *Pattern Recognition*, 11:191–204.
- NIBLACK, C., GIBBONS, P., et CAPSON, D. (1992). « Generating skeletons and centerlines from the distance transform ». *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 54(5):420–437.
- NORDLINGER, B. et JAECK, D. (1992). *Traitement des métastases hépatiques des cancers colorectaux*. Springer-Verlag.

- OGNIEWICZ, R. et ILG, M. (1992). « Voronoï skeletons: Theory and applications ». Dans *Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 63–69, Champaign, Illinois. IEEE Computer Society Press.
- ORKISZ, M., DOUEK, P., MAGNIN, I., et CHAMPIN, O. (1996). « Anisotropic Non-linear Filtering for Image Improvement in MR Angiography ». Dans LEMKE, H. et AL., éditeurs, *Computer Assisted Radiology*, pages 260–265. Elsevier Science B.V.
- OTSU, N. (1979). « A Threshold Selection Method from Grey-Level Histograms ». *IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics*, 9(1):62–66.
- PAL, N. et BHANDARI, D. (1993). « Image Thresholding: Some new techniques ». *Signal processing*, 33(2):139–158.
- PAL, N. et PAL, S. (1991). « Poisson distribution and Object extraction ». *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 5(3):459–483.
- PAL, N. et PAL, S. (1993). « A Review on Image Segmentation Techniques ». *Pattern Recognition*, 26(9):1277–1294.
- PENG, A. et PIECZYNSKI, W. (1995). « Adaptative Mixture Estimation and Unsupervised Local Bayesian Image Segmentation ». *Graphical Models and Image Processing*, 57(5):389–399.
- PERONA, P. et MALIK, J. (1990). « Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion ». *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(7):629–639.
- PERONA, P., SHIOTA, T., et MALIK, J. (1994). Anisotropic Diffusion. Dans ter HAAR ROMENY, B., éditeur, *Geometry-Driven Diffusion in Computer Vision*, pages 73–92. Kluwer academic.
- POUPON, M. (1992). Biologie de l’invasion cancéreuse et des métastases hépatiques. Dans NORDLINGER, B. et JAECK, D., éditeurs, *Traitement des métastases hépatiques des cancers colorectaux*, pages 29–45. Springer-Verlag.
- PRESS, W., FLANNERY, B., TEUKOLSKY, S., et VETTERLING, W. (1988). *Numerical Recipes in C*. Cambridge University Press.
- PRÉTEUX, F., GRENIER, P., et VANIER, P. (1993). « Advances in automated lungs segmentation in CT studies ». Dans LOEW, M., éditeur, *Medical Imaging 1993: Image Processing*, pages 330–341. SPIE. Proceedings Vol. 1898.
- RAMEE, A., PHILIPPE, C., et BOURGUET, P. (1995). « Imagerie par les rayons X et radioprotection ». Université médicale de Rennes, www.med.univ-rennes1.fr/cerf/edicerf, edicerf-web edition.
- RAYA, S. et HERMAN, G. (1990). « Shape-based interpolation of Multidimensional Objects ». *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 9(1):33–42.
- REDNER, R. et WALKER, H. (1984). « Mixture Densities, Maximum Likelihood and the EM Algorithm ». *SIAM Review*, 26(2):195–239.
- RISSANEN, J. (1978). « Modeling by Shortest Data Description ». *Automatica*, 14:465–471.
- ROSENFELD, A. et De la TERRE, P. (1983). « Histogram concavity analysis as an aid in threshold selection ». *IEEE Trans. in Systems Man Cybernetic*, 13:231–235.
- SAHASRABUDHE, S. et DAS GUPTA, K. (1992). A Valley-Seeking Threshold Selection Technique. Dans SHAPIRO, L. et ROSENFELD, A., éditeurs, *Computer Vision and Image Processing*. Academic press.

- SAHOO, P. K., SOLTANI, S., et WONG, A. K. C. (1988). « A Survey of Thresholding Techniques ». *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, 41:233–260.
- SANDERSON, A., COHEN, E., HENDERSON, T., et PARKER, D. (1994). « Vascular Models: From Raw Data to geometric Models ». Dans *AAAI '94, Applications of Computer Vision in Medical Image Processing*, pages 141–144, Stanford, CA. Spring Symposium series.
- SANDERSON, A., PARKER, D., et HENDERSON, T. (1993). « Simultaneous Segmentation of MR and X-ray Angiograms for Visualization of Cerebral Vascular Anatomy ». Dans *VIERGEVER, M., éditeur, International Conference on Volume Image Processing*, pages 11–14, Utrecht, The Netherlands.
- SAPORTA, G. (1990). *Probabilités, analyse des données et statistique*. Technip.
- SCHMITT, M. et MATTIOLI, J. (1994). *Morphologie mathématique*. Masson.
- SCHROETER, P. (1996). « *Unsupervised 2-D and 3-D Image Segmentation* ». PhD thesis, École polytechnique fédérale de Lausanne.
- SERRA, J. (1982). *Image analysis and mathematical morphology*. Academic press.
- SHIH, F. et PU, C. (1991). « A maxima-tracking method for skeletonization from euclidean distance function ». Dans *IEEE int. Conf. On Tools for Artificial Intelligence*, pages 246–253. vol. 4.
- SOLACROUP, J. et GRENIER, N. (1995). « *Imagerie Ultrasonore* ». HIA Ste Anne de Toulon, www.med.univ-rennes1.fr/cerf/edicerf, edicerf-web edition.
- SONKA, M., SUNDARAMOORTHY, G., et HOFFMAN, E. (1994). « Knowledge-Based Segmentation of Intrathoracic Airways from Multidimensional High Resolution CT Images ». Dans *HOFFMAN, E. et ACHARYA, R., éditeurs, Medical Imaging 1994: Physiology and Function from Multidimensional Images*, pages 73–85. SPIE. Proceedings Vol. 2168.
- SOYER, P., HEATH, D., BLUEMKE, D., CHOTI, M., KUHLMAN, J., REICHLER, R., et FISHMAN, E. (1996). « Three-Dimensionnal Helical CT of intrahepatic Venous structures: Comparison of three rendering techniques ». *Journal of Computer Assisted Radiography*, 20(1):122–127.
- SZÉKELY, G., BRECHBUHLER, C., OGNIWICZ, R., et BUDINGER, T. (1992). « Mapping the human cerebral cortex using medial manifolds ». Dans *ROBB, R., éditeur, Visualization in Biomedical Computing*, pages 130–144. SPIE. Proceedings Vol. 1808.
- TALBOT, H. et VINCENT, L. (1992). « Euclidean skeletons and conditionnal bisectors ». Dans *MARAGOS, P., éditeur, Visual Communications and Image Processing*, pages 862–876. SPIE. Proceeding Vol. 1818.
- THIRION, J. et GOURDON, A. (1995). « Computing the differential characteristics of iso-intensity surfaces ». *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, pages 190–202.
- TSAO, Y.-F. et FU, K. (1981). « A parallel thinning algorithm for 3D pictures ». *Computer Graphics and Image Processing*, 17:315–331.
- TUBIANA, J., DEUTSCH, J., TABOURY, J., et MARTIN, B. (1992). Imagerie des métastases hépatiques des cancers colorectaux. Diagnostic et résécabilité. Dans *SPRINGER-VERLAG, éditeur, Traitement des métastases hépatiques des cancers colorectaux*, pages 61–75. Nordlinger, B. and Jaeck, D.
- VILGRAIN, V. (1995). « *Radioanatomie du foie et des voies biliaires* ». Hôpital Beaujon - Clichy, www.med.univ-rennes1.fr/cerf/edicerf, edicerf-web edition.

- WANG, Z., GUERRIERO, A., et DE SARIO, M. (1996). « Comparison of Several Approaches for the Segmentation of Texture Images ». *Pattern Recognition Letters*, 17:509–521.
- WELLS, W., GRIMSON, W., KIKINIS, R., et JOLESZ, F. (1995). « Adaptative Segmentation of MRI Data ». Dans AYACHE, N., éditeur, *Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medecine*, pages 59–69. Springer Verlag. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 905.
- WESZKA, J. (1978). « A Survey of Threshold Selection Techniques ». *Computer Graphics and Image Processing*, 7(2):259–265.
- WESZKA, J., NAGEL, R., et ROSENFELD, A. (1974). « A threshold selection technique ». *IEEE Trans. on Computer*, C-23:1322–1326.
- WILSON, D. et NOBLE, A. (1997). « Segmentation of Cerebral Vessels and Aneurysms from MR Angiography data ». Dans DUNCAN, J. et GINDI, G., éditeurs, *Information Processing in Medical Imaging*, pages 423–428. Springer Verlag. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 1230.
- XIA, I. (1989). « Skeletonization via the realisation of the fire front's propagation and extinction in digital binary shapes ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 11(10):1076–1086.
- YANG, G., BURGER, P., FIRMIN, D., et UNDERWOOD, S. (1995). « Structure adaptative Anisotropic Filtering for Magnetic Resonance Image Enhancement ». Dans HLAVAC, V. et SARA, R., éditeurs, *Computer Analysis of Images and Patterns*, pages 384–391. Springer Verlag. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 870.
- YE, Q.-Z. et DANIELSSON, P.-E. (1988). « On minimum error thresholding and its implementations ». *Pattern Recognition Letters*, 7:201–206.
- ZAHLTEN, C., JÜRGENS, H., EVERTSZ, C., LEPPEK, R., PEITHEN, H.-O., et KLOSE, K. (1995a). « Portal Vein Reconstruction Based on Topology ». *European Journal of Radiology*, 19:96–100.
- ZAHLTEN, C., JÜRGENS, H., et PEITGEN, H.-O. (1995b). « Reconstruction of branching blood vessels from CT-data ». Dans SCATENI, R., van WIJK, J., et ZANARINI, P., éditeurs, *Eurographics Workshop of Visualization in Scientific Computing*, pages 41–52. Springer Verlag. Eurographics.
- ZHANG, Y. (1997). « Evaluation and Comparison of Different Segmentation Algorithms ». *Pattern Recognition Letters*, 18:963–974.
- ZHANG, Z. (1994). « Iterative point matching for registration of free-form curves and surfaces ». *International Journal of Computer Vision*, 13(2):119–152.
- ZHUANG, X., HUANG, Y., PALANIAPPAN, K., et ZHAO, Y. (1996). « Gaussian Mixture Density Modeling, Decomposition, and Applications ». *IEEE Trans. on Image Processing*, 5(9):1293–1302.
- ZIJDENBOS, A. et DAWANT, B. (1994). « Brain Segmentation and White matter Lesion Detection in MR Images ». *Critical Reviews in Biomedical Engineering*, 22(5/6):401–465.