



Segmentation par coupes de graphe avec a priori de forme Application à l'IRM cardiaque

Damien Grosgeorge

► To cite this version:

Damien Grosgeorge. Segmentation par coupes de graphe avec a priori de forme Application à l'IRM cardiaque. Traitement des images [eess.IV]. Université de Rouen, 2014. Français. NNT: . tel-01006467

HAL Id: tel-01006467

<https://theses.hal.science/tel-01006467>

Submitted on 16 Jun 2014

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

THÈSE

En vue de l'obtention du grade de

DOCTEUR DE NORMANDIE UNIVERSITÉ

Délivré par

L'UNIVERSITÉ DE ROUEN

LABORATOIRE D'INFORMATIQUE, DU TRAITEMENT DE L'INFORMATION ET
DES SYSTÈMES

École doctorale : SCIENCES PHYSIQUES, MATHÉMATIQUES ET DE L'INFORMATION
POUR L'INGÉNIEUR

Discipline : PHYSIQUE - TRAITEMENT DU SIGNAL

Présentée par

Damien GROSGEORGE

Segmentation par coupes de graphe avec *a priori* de forme Application à l'IRM cardiaque

Directrice de thèse : **Pr Su RUAN**

Co-encadrant : **Mme Caroline PETITJEAN**

Soutenue le 27 mai 2014

JURY

Pr Laurent NAJMAN	Université Paris-Est	Président du jury
Pr Fabrice MERIAUDEAU	Université de Bourgogne	Rapporteur
Pr Abderrahim ELMOATAZ-BILLAH	Université de Caen	Rapporteur
Pr Jean-Nicolas DACHER	Université de Rouen	Examineur
Pr Su RUAN	Université de Rouen	Directrice
Mme Caroline PETITJEAN	Université de Rouen	Encadrant

Remerciement

Je souhaite tout d'abord remercier les membres du jury de cette thèse pour l'intérêt porté à mes travaux. Je remercie tout particulièrement Monsieur Fabrice Meriaudeau, Professeur à l'Université de Bourgogne, et Monsieur Abderrahim Elmoataz-Billah, Professeur à l'Université de Caen, d'avoir accepté de rapporter ma thèse. Je remercie également Monsieur Laurent Najman, Professeur à l'Université Paris-Est, de m'avoir fait l'honneur de présider le jury. Je suis particulièrement reconnaissant pour l'ensemble des remarques formulées, critiques et conseils très enrichissants qui m'ont été prodigués.

Je tiens tout particulièrement à exprimer ma reconnaissance à Madame Su Ruan, Professeur à l'Université de Rouen et directeur de cette thèse, pour m'avoir fait bénéficier de ses nombreuses connaissances et de son expertise. Sa disponibilité ainsi que ses précieux conseils ont été d'une grande aide à la réalisation de cette thèse. Je tiens également à adresser toute ma reconnaissance et mes remerciements à Madame Caroline Petitjean, Maître de Conférence à l'Université de Rouen et encadrant de cette thèse, qui m'a formé et donné goût au traitement d'images lors de mon Master. Ses compétences, sa disponibilité et ses qualités humaines ont permis à cette thèse de se dérouler dans les meilleures conditions. Je souhaite à tout thésard un encadrement de cette qualité.

Ma reconnaissance va également à Monsieur Jean-Nicolas Dacher, Professeur des Universités et Praticien Hospitalier au CHU de Rouen, pour son expertise médicale en imagerie cardiaque, sa gentillesse et sa disponibilité malgré un emploi du temps chargé. Ses conseils et suggestions ont été d'une grande aide à l'appréhension de la problématique de segmentation cardiaque.

Remerciements

Je remercie également tous les membres de l'équipe QuantIF, en particulier Benoît Lelandais, Pierre Buyssens et Maxime Guinin qui ont rendu ces années de thèse agréables et sympathiques, et les membres de l'équipe DocApp, en particulier David Hébert, pour nos nombreux échanges qui m'ont permis d'élargir mon horizon.

C'est également l'occasion de remercier ma famille et mes amis dont le soutien a été précieux. En particulier, le soutien du sinpou, Elsa Vavasseur, a été primordial à l'accomplissement de cette thèse. Sa compréhension lors de mes nuits de travail, son soutien à tout épreuve et son Amour ont permis à cette thèse d'en arriver là aujourd'hui.

Table des matières

Introduction générale	1
I Contexte médical et problématiques de segmentation	5
1 - 1 Le cœur : anatomie et imagerie	5
1 - 1.1 Structure et vascularisation du cœur	5
1 - 1.2 Imagerie cardiaque	8
1 - 2 Evaluation de la fonction contractile cardiaque	11
1 - 2.1 Pourquoi recourir à l'IRM ?	12
1 - 2.2 Méthodes de mesure de la fonction contractile du VG	14
1 - 2.3 Méthodes de mesure de la fonction contractile du VD	17
1 - 3 Problématiques de segmentation	22
1 - 3.1 Difficultés liées à l'acquisition	23
1 - 3.2 Difficultés inhérentes aux images	24
1 - 4 Conclusion	26
II Etat de l'art des méthodes de segmentation des ventricules cardiaques en IRM	29
2 - 1 Segmentation du VG et du VD : état de l'art	30
2 - 1.1 Méthodes sans <i>a priori</i> ou avec un <i>a priori</i> faible de forme	30
2 - 1.2 Méthodes avec un <i>a priori</i> fort de forme	34
2 - 1.3 Comparaison des méthodes, résultats et étude des erreurs	38
2 - 1.4 Choix d'une méthodologie	42
2 - 2 Méthode des coupes de graphe	43

2 - 2.1	Modèle d'énergie d'une coupe	44
2 - 2.2	Segmentation binaire	47
2 - 2.3	Segmentation multi-labels	50
2 - 2.4	Algorithmes de recherche de coupe minimum	54
2 - 2.5	Intégration d' <i>a priori</i>	56
2 - 3	Conclusion	59

III Segmentation binaire par coupes de graphe avec un modèle de forme statistique 61

3 - 1	Représentation d'un modèle statistique de forme	62
3 - 1.1	Représentation des formes basée sur la fonction distance	63
3 - 1.2	Comparaison des modèles de forme	65
3 - 1.3	Conclusion	67
3 - 2	Méthode de segmentation binaire par coupes de graphe avec <i>a priori</i> de forme .	68
3 - 2.1	Création d'un <i>a priori</i> de forme	69
3 - 2.2	Intégration au graphe	71
3 - 3	Resultats expérimentaux	73
3 - 3.1	IRM cardiaques	73
3 - 3.2	Construction du modèle de forme et paramétrisation	74
3 - 3.3	Résultats de segmentation	75
3 - 4	Conclusion	77

IV Segmentation par GC multi-labels intégrant des *a priori* de forme 81

4 - 1	Segmentation avec atlas multi-labels	82
4 - 1.1	Recalage des atlas par coupes de graphe	82
4 - 1.2	Création du modèle de forme	85
4 - 1.3	Segmentation multi-labels par coupes de graphe	86
4 - 2	Résultats expérimentaux	88
4 - 2.1	Sélection automatique d'une région d'intérêt	88
4 - 2.2	Base d'atlas et sélection	91
4 - 2.3	Paramétrisation et implémentation de la méthode	92
4 - 2.4	Résultats	94
4 - 3	Conclusion	101

V Comparaison des méthodes : challenge MICCAI 2012	103
5 - 1 Données et mesures d'évaluation du challenge	104
5 - 1.1 Base segmentée d'IRM cardiaques	104
5 - 1.2 Méthodologie d'évaluation	105
5 - 2 Challenge et méthodes participantes	106
5 - 2.1 Préparation des données	106
5 - 2.2 Méthodes participantes	108
5 - 3 Résultats et comparaisons	111
5 - 3.1 Performances techniques	111
5 - 3.2 Performances cliniques	114
5 - 3.3 Comparaisons	115
5 - 4 Conclusion	117
Conclusion générale et perspectives	125
Liste des publications	129
Annexe	131
A.1 Volumétrie du VG : compléments	131
A.1.1 Appréciation semi-quantitative du VG	131
A.1.2 Méthode planaire 2D grand-axe	131
Références bibliographiques	135

Introduction générale

Les maladies cardiovasculaires sont la principale cause de décès dans les pays occidentaux [1]. Parmi les troubles cardiaques les plus fréquents, il est possible de citer l'hypertension pulmonaire, les maladies coronaires, les dysplasies ou encore les cardiomyopathies. Afin de détecter ces pathologies ou réaliser leur suivi, il est nécessaire d'évaluer la fonction cardiaque. Or l'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) est l'outil standard dans l'évaluation de la fonction contractile cardiaque gauche et droite [2, 3]. Afin de déterminer ses différents paramètres cliniques, tels que les volumes ventriculaires ou la fraction d'éjection, la segmentation des cavités ventriculaires gauche (VG) et droite (VD) est nécessaire. Bien que des solutions existent pour la segmentation du VG, la segmentation du VD est plus difficile et est actuellement effectuée manuellement en routine clinique. Cette tâche, longue et fastidieuse, nécessite en moyenne 20 minutes pour un expert et est sujette à la variabilité intra et inter-expert. Parmi les difficultés principales de cette application, on peut noter (i) le flou aux frontières des cavités ventriculaires du fait de la circulation sanguine, (ii) des artefacts d'acquisition et de l'effet de volume partiel, ainsi que la présence de trabéculations (irrégularités) dans le VD, qui ont le même niveau de gris que le myocarde environnant, (iii) la forme en croissant du VD, complexe et qui varie fortement en fonction du patient et du niveau de coupe d'imagerie. L'objectif est ainsi de réaliser la segmentation des ventricules cardiaques en IRM.

En segmentation d'images, les méthodes fondées sur les coupes de graphe (GC, *Graph Cut*) ont suscité un fort intérêt depuis l'article de Boykov et Jolly [4]. En s'appuyant sur des algorithmes issus de la communauté combinatoire, elles permettent d'optimiser des fonctions de coût de manière globale, et ainsi d'éviter les minima locaux. Or dans notre application, la forme à segmenter est connue *a priori*. Le processus de segmentation peut ainsi être guidé par

un modèle de forme ou des contraintes sur celle-ci. Pour des images ayant un contraste faible ou un taux de bruit élevé, une telle contrainte permet d'améliorer la précision de la segmentation. Les modèles de formes basés sur une analyse en composantes principales ou sur des atlas ont été largement étudiés. Ces modèles ont montré leur capacité à capturer la variabilité des formes. Bien que la méthode des coupes de graphe ait la capacité de donner efficacement une solution optimale pour l'utilisation conjointe de différentes informations sur l'image, à ce jour, les travaux de segmentation par coupe de graphe en prenant en compte des formes *a priori* sont encore peu nombreux dans la littérature. Deux problèmes se posent en effet : la modélisation de la forme de l'objet à segmenter et son intégration dans l'algorithme de coupe de graphe.

L'objectif de cette thèse est de concevoir et développer des méthodes de segmentation à base de coupes de graphe, graphe dans lequel est intégré un *a priori* de forme statistique, afin de l'appliquer à la segmentation des ventricules en IRM cardiaque. Les méthodes que nous proposons peuvent bien sûr être utilisées afin de segmenter d'autres objets, dans le cas où des connaissances *a priori* sont disponibles.

Afin d'utiliser ces connaissances *a priori* à travers la construction d'un modèle statistique de forme, le choix d'un espace de représentation des formes est nécessaire. Le modèle de distribution de points (PDM, *Point Distribution Model*) [5] est la représentation la plus largement utilisée dans la littérature. Cette représentation explicite consiste à représenter les objets par un nombre fini de points de correspondance. Nous avons cependant fait le choix d'utiliser une représentation implicite, la distance minimale au contour de l'objet (SDF, *Signed Distance Function*). Nous montrerons que cette représentation permet de modéliser correctement les variabilités des formes, sans nécessiter la mise en place de points de correspondance et de leur alignement, tout en étant plus robuste que le PDM à un désalignement initial des formes. Notre première contribution consiste en une méthode de segmentation : (i) un modèle de forme sera défini à partir d'une Analyse en Composantes Principales (ACP) permettant de représenter les variabilités du VD par rapport à la moyenne de l'ensemble d'apprentissage, (ii) une carte d'*a priori* de forme sera créée à partir de ce modèle, afin de l'intégrer au graphe des GC binaires, à partir de l'ajout de termes originaux d'*a priori* de forme dans la fonctionnelle d'énergie du graphe. Nous montrerons que cette première méthode permet d'obtenir une bonne efficacité de segmentation du VD sur IRM cardiaques.

Cependant, certaines applications nécessitent la segmentation conjointe de plusieurs objets au sein d'une même image. Par exemple sur IRM cardiaques, le ventricule droit et le ventricule

gauche sont tous les deux visibles et proches, et leurs contours présentent un contraste faible et peuvent être bruités. Une segmentation du VD peut déborder vers le VG (et vice-versa), l'intégration d'un modèle de l'ensemble de ces objets à la méthode de segmentation permet de résoudre ce problème. Notre méthode précédente n'est pas adaptée à ce type de situation pour plusieurs raisons : (i) la représentation par SDF ne permet pas de différencier plusieurs objets, auquel cas il faudrait construire un modèle par objet, rendant laborieux le traitement des conflits entre les différentes modélisations, (ii) les GC binaires doivent être remplacés par les GC multi-labels, nécessitant des modifications à l'intégration de termes d'*a priori* de forme au graphe. Afin de représenter judicieusement les formes des différents objets, nous constituerons un ensemble d'images labellisées par un expert, appelé également un ensemble d'atlas. Un recalage non-rigide de cet ensemble d'atlas sur l'image à segmenter sera réalisé à partir de la méthode des GC multi-labels, une technique récente qui n'a pas encore été très étudiée. A la suite de ce recalage, des cartes d'*a priori* de forme pour chaque objet seront créées à partir de la fusion des atlas recalés. Nous intégrerons dans le graphe un terme déduit des cartes précédemment construites, ainsi qu'une contrainte topologique de position des objets entre eux. Nos contributions principales quant à cette méthode reposent sur l'intégration d'*a priori* de forme à la méthode des GC multi-labels, ce qui à notre connaissance n'a pas été réalisée dans la littérature dans le cas multi-objets. Nous montrerons que cette seconde méthode permet d'obtenir une bonne efficacité de segmentation d'un ensemble d'objets.

La suite de ce mémoire est ainsi articulée autour de 5 chapitres :

- Le chapitre [I](#) présente le contexte médical. Nous verrons tout d'abord quelques notions sur l'anatomie du cœur ainsi que les différentes modalités permettant sa visualisation par imagerie. Nous montrerons que l'IRM est l'outil standard dans la détermination de la fonction contractile cardiaque, malgré un besoin de contourage manuel ou semi-automatique du contour des ventricules. Ce chapitre montre également que cette tâche de contourage n'est pas aisée, due à un certain nombre de difficultés inhérentes aux images, posant la problématique de nos travaux.
- Le chapitre [II](#) présente un état de l'art des méthodes de segmentation des ventricules gauche et droit. Les méthodes sont catégorisées selon l'ajout ou non d'un *a priori* de forme. Les méthodes sans *a priori* ou avec un *a priori* faible sont globalement basées sur les intensités de l'image, sur la classification de pixels ou sur les approches variationnelles, et les méthodes utilisant un *a priori* fort utilisent généralement les modèles déformables, les modèles actifs de forme et d'apparence, ou les méthodes à base d'atlas. Une comparaison des résultats obtenus par ces méthodes justifiera le choix de l'utilisation d'un *a priori* de

forme statistique, et son intégration à la méthode des coupes de graphe. Le cadre général de la méthode des GC sera alors présenté, à la fois dans le cas binaire et dans le cas multi-labels. Nous présenterons également l'état de l'art actuel quant à l'intégration d'*a priori* de forme à cette méthode.

- Le chapitre III présente notre première contribution, permettant la segmentation d'un unique objet. Cette première méthode est dédiée à la segmentation du VD, cette tâche étant la plus difficile et la moins traitée dans la littérature. Une première partie est consacrée à la comparaison de deux représentations des formes pour la modélisation : une représentation explicite par correspondance de points et une représentation implicite par carte de distances signées. Issue de cette comparaison, nous avons défini un modèle de forme basé sur la carte des distances. Notre but est alors d'intégrer ce modèle à la méthode des coupes de graphe, sans la nécessité d'un procédé itératif. Or il est difficile d'intégrer directement le modèle dans le graphe. C'est pourquoi une carte *a priori* est créée à partir de ce modèle et intégrée directement dans les pondérations du graphe. Nous montrerons que cette méthode permet d'obtenir une bonne efficacité de segmentation du VD sur IRM cardiaque.
- Le chapitre IV présente notre seconde contribution, permettant la segmentation conjointe de plusieurs objets. En effet, sachant que les deux ventricules sont visibles sur les images et que leurs contours peuvent présenter un contraste faible et être bruités, l'intégration d'un modèle de l'ensemble de ces objets à la méthode de segmentation permet de résoudre ce problème. Plus précisément, un ensemble d'atlas est créé avec la labellisation par un expert du VD, du VG et du myocarde. Les atlas sont tout d'abord recalés sur l'image à segmenter et combinés afin de construire un modèle probabiliste de forme à 4 labels (VG, VD, myocarde et fond). Ce modèle est alors intégré à la méthode des coupes de graphe multi-labels afin de réaliser la segmentation du VD, du VG et du myocarde de manière totalement automatique. Cette méthode permet également l'obtention de bons résultats pour les différents objets considérés.
- Nos deux contributions sont comparées aux méthodes de l'état de l'art à partir du challenge de segmentation MICCAI'12 au chapitre V. Ce challenge que nous avons organisé propose une importante base labellisée d'IRM cardiaques composée de 48 patients, ainsi que des mesures d'évaluation technique et clinique permettant une comparaison honnête des méthodes sur cette application difficile. Nous montrerons l'efficacité de nos méthodes, à la fois à travers l'évaluation technique et clinique des résultats.

Enfin, la conclusion générale synthétisera les résultats obtenus ainsi que les perspectives envisageables à ces travaux.

Chapitre I

Contexte médical et problématiques de segmentation

Ce chapitre est consacré à l'anatomie du cœur ainsi qu'à sa visualisation par imagerie. Dans une première partie sont présentées les caractéristiques physiques du cœur, ainsi que les modalités principales de l'imagerie cardiaque. Dans une seconde partie, nous verrons l'importance de l'IRM dans la détermination de la fonction contractile cardiaque, malgré un besoin de contourage manuel ou semi-automatique. Dans une dernière partie, nous montrerons que cette tâche de contourage n'est pas aisée, due à un certain nombre de difficultés inhérentes aux images, posant la problématique de nos travaux.

1 - 1 Le cœur : anatomie et imagerie

Le cœur est un organe creux et musculaire servant de pompe au système circulatoire, *i.e.* permettant la circulation du sang vers les vaisseaux sanguins et les divers organes du corps à partir de contractions rythmiques. Le cœur est ainsi un système complexe que nous allons aborder dans cette partie.

1 - 1.1 Structure et vascularisation du cœur

Le cœur est un muscle qui a pour fonction de faire circuler le sang dans l'organisme en agissant comme une pompe par des contractions rythmiques. Il est situé dans le médiastin antéro-inférieur, 2/3 à gauche et 1/3 à droite de la ligne médiane. Légèrement plus petit pour une femme que pour un homme, il mesure en moyenne chez ce dernier 105 mm de largeur, 98 mm de hauteur, 205 mm de circonférence et pèse en moyenne chez l'adulte de 300 à 350 grammes. Ces dimensions sont sujettes à des augmentations en cas de pathologies cardiaques. Le cœur est composé de quatre chambres appelées cavités cardiaques (Figure [I.1](#)) : deux cavités

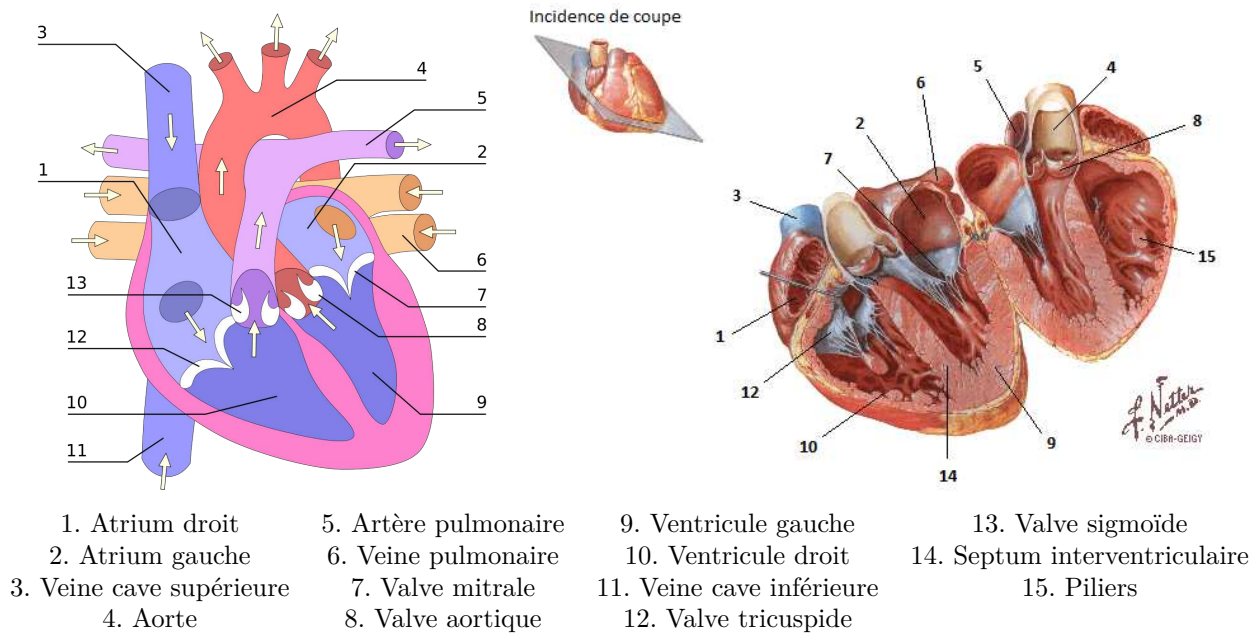


Figure I.1 – Schématique (à gauche, sous licence GFDL) et anatomie du cœur (à droite, d'après [6]).

droites, l'atrium (ou oreillette) droite (AD) et le ventricule droit (VD) et deux cavités gauches, l'atrium gauche (AG) et le ventricule gauche (VG). Les cavités droite et gauche sont séparées par une cloison musculaire épaisse, le septum atrio-ventriculaire. Celui-ci permet d'éviter le passage du sang entre les deux moitiés du cœur. Les atria sont reliés aux ventricules par l'intermédiaire de valves qui assurent un passage unidirectionnel et coordonné du sang des atria vers les ventricules : la valve mitrale à gauche et la valve tricuspide à droite. Un muscle, appelé myocarde, entoure ces quatre cavités. Il est lui-même entouré d'une membrane, le péricarde. La paroi interne du myocarde est appelé endocarde, la paroi externe l'épicaire. La partie haute du cœur est appelée base, sa pointe est appelée apex. Deux axes sont souvent utilisés pour sa représentation : l'axe apex-base, appelé grand axe, et le plan lui étant perpendiculaire, appelé petit axe (Figure I.2).

Les deux parties gauche et droite du cœur fonctionnent en parallèle durant le cycle cardiaque. Au repos, ce dernier dure environ 800 ms (75 battements par minute). La contraction des ventricules vide dans les artères un débit de sang de l'ordre de 5 à 6 litres par minute. Chaque battement entraîne une succession d'événements appelée révolution cardiaque, consistant en trois étapes majeures : la systole auriculaire, la systole ventriculaire et la diastole. Voici leurs définitions :

- (i) Pendant la systole auriculaire, la contraction des atria entraîne l'éjection du sang vers les

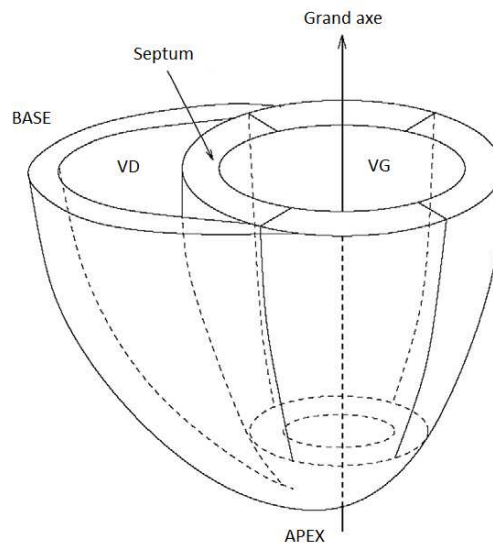


Figure I.2 – Géométrie du ventricule gauche (VG) et du ventricule droit (VD) (d’après [7]).

ventricules : on parle de remplissage actif des ventricules. A la suite de ce remplissage, les valves auriculo-ventriculaires se ferment, ce qui produit le son familier du battement du cœur. Le sang continue d’affluer vers les atria bien que les valves soient fermées, ce qui permet d’éviter tout reflux de sang (Figure I.3-(a)).

- (ii) Pendant la systole ventriculaire, les ventricules se contractent afin d’expulser le sang vers le système circulatoire. Tout d’abord, les valves sigmoïdes sont fermées brièvement, puis s’ouvrent dès que la pression à l’intérieur des ventricules est supérieure à la pression artérielle. Après l’expulsion du sang, les valves sigmoïdes (valve aortique à gauche et valve pulmonaire à droite) se ferment afin de l’empêcher de refluer vers les ventricules. Cette action provoque un deuxième son cardiaque, plus aigu que le premier. La pression sanguine augmente à la suite de cette étape (Figure I.3-(b)).
- (iii) Enfin, la diastole est l’étape où toutes les parties du cœur sont totalement relaxées, ce qui permet le remplissage passif des ventricules à partir des veines cave et pulmonaire en passant par les atria gauche et droit : ces derniers se remplissent doucement et le sang s’écoule alors dans les ventricules. Ce remplissage concerne plus de 80% de la capacité totale dans les conditions usuelles (Figure I.3-(a)).

Au repos, la diastole dure environ 60% du cycle cardiaque et la systole 40% du cycle cardiaque. Les termes protosystole et télésystole (respectivement protodiastole et télédiastole) désignent le début et la fin de la systole (respectivement diastole).

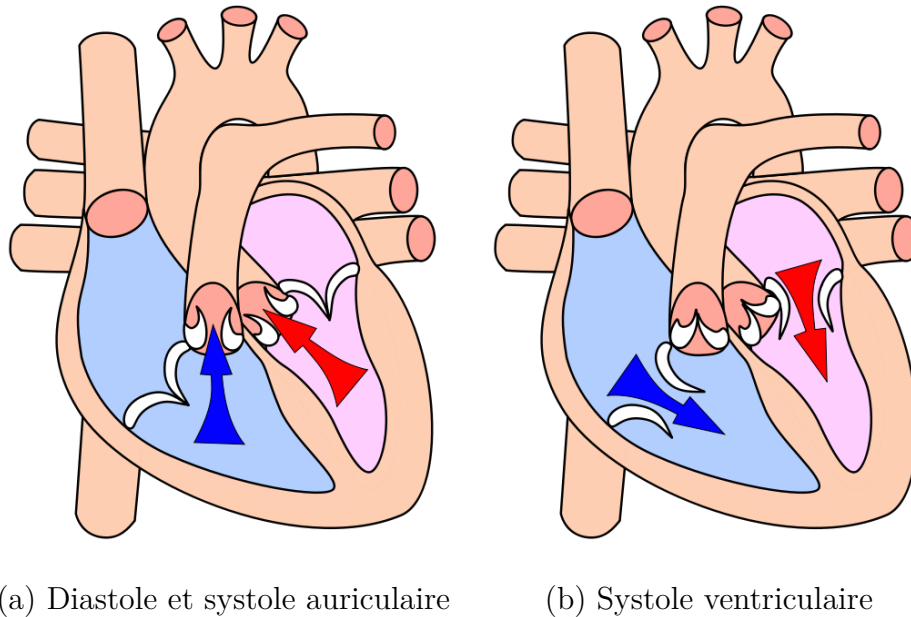


Figure I.3 – Illustration de la diastole, systole auriculaire et ventriculaire (sous licence GFDL).

Les ventricules cardiaques ont ainsi pour fonction de pomper le sang vers le corps (VG) ou vers les poumons (VD). Par conséquent, leurs parois sont plus épaisses que celles des atria, et leur rôle de distribution du sang leur confère une contraction bien plus importante. Le VG est également plus développé (muscle plus important, paroi plus épaisse) que le VD. En effet, le VG est considéré comme la chambre pompante principale puisqu'il doit être capable d'envoyer le sang à l'organisme entier, lorsque le VD ne dessert que les poumons : la pression sanguine dans l'aorte est environ quatre fois plus importante que dans l'artère pulmonaire. D'autres éléments d'anatomie cardiaque peuvent être retrouvés dans les annexes de [8].

Le cœur repose sur différents mécanismes intercorrélés, qui doivent être pris en compte lors de son exploration et sa visualisation. La section suivante 1 - 1.2 va présenter différentes modalités d'imagerie cardiaque utilisées en routine clinique et en recherche.

1 - 1.2 Imagerie cardiaque

Le diagnostic, les soins, la thérapeutique sont autant de nécessités à l'imagerie cardiaque. Le cœur étant un organe complexe, il est nécessaire de déterminer des plans de coupe permettant une bonne visualisation de cet organe. Pour l'imagerie en coupe en radiologie, les incidences orthogonales, *i.e.* transverses (ou axial), sagittales et frontales (ou coronales) sont habituellement utilisées. Par définition, les coupes transverses sont des vues par dessous (avec

le côté droit du patient à gauche de l'image et la face antérieure en haut), les coupes frontales sont des vues par devant (côté droit du patient à gauche de l'image, direction craniale en haut) et les coupes sagittales sont des vues de côté (direction craniale en haut mais face antérieure à gauche ou à droite). Cependant, ces coupes ne sont pas les plus pertinentes pour l'étude du cœur. Les orientations spécifiques indispensables à la visualisation du cœur sont les plans de coupe obliques, orientés selon la direction du ventricule gauche. Cet ensemble de plan de coupe standard a été défini en 2002 par la Société Américaine de Cardiologie (AHA) [9]. En effet, le choix de l'orientation ou même encore l'épaisseur des plans de coupe restaient jusqu'alors sujettes au choix du radiologue, ce qui pouvait résulter en des difficultés de comparaison entre les différentes modalités d'imagerie, et même pour une même modalité. Les trois incidences fondamentales définies consistent en un système de plans orthogonaux deux à deux : l'incidence sagittale oblique ou grand axe vertical, l'incidence transverse oblique appelé grand axe horizontal ou encore 4 cavités, et l'incidence petit axe. Ces différents plans sont illustrés à la Figure I.4. Selon cette même standardisation, l'épaisseur de coupe ne doit pas excéder 1 cm.

Différentes modalités d'imagerie permettent d'obtenir ces différents plans de coupe. Nous allons présenter dans cette partie les plus couramment utilisées en routine clinique.

L'**échocardiographie** est une échographie du cœur. Cet examen est le plus communément utilisé en cardiologie. Il consiste en l'application d'une sonde d'échographie recouverte d'un gel (qui permet un meilleur passage des ultrasons à travers la peau) sur la peau du patient en des zones précises constituant les fenêtres d'échographie. Cet examen est totalement indolore et dure de dix minutes à une demi-heure. Il permet de déterminer les volumes ventriculaires, le volume des atria, de diagnostiquer des anomalies ou épaississement du septum, de visualiser et vérifier la mobilité et l'épaisseur des quatre valves cardiaques, de même pour les parois cardiaques [10]. Cependant, l'échocardiographie souffre de certaines limitations : (i) l'air et les os ne transmettant pas les ultrasons, les fenêtres de visualisation peuvent être très réduites, voire inexistantes, et se limiter à certaines incidences (en particuliers chez les sujets obèses, très maigres ou souffrant d'une maladie pulmonaire), (ii) la résolution des images est médiocre, (iii) les résultats peuvent varier en fonction du plan de coupe choisi, l'examen dépend donc de l'expérience de l'expert. Des images de meilleures qualités peuvent être obtenues à partir d'une échographie trans-œsophagienne, qui consiste à introduire par l'œsophage une sonde ultrasonore. Les structures postérieures du cœur (valves et atria en particulier) sont mieux définies sur les images. Cependant, cet examen invasif est difficile à supporter pour le patient et demande plus de temps (préparation et examen).

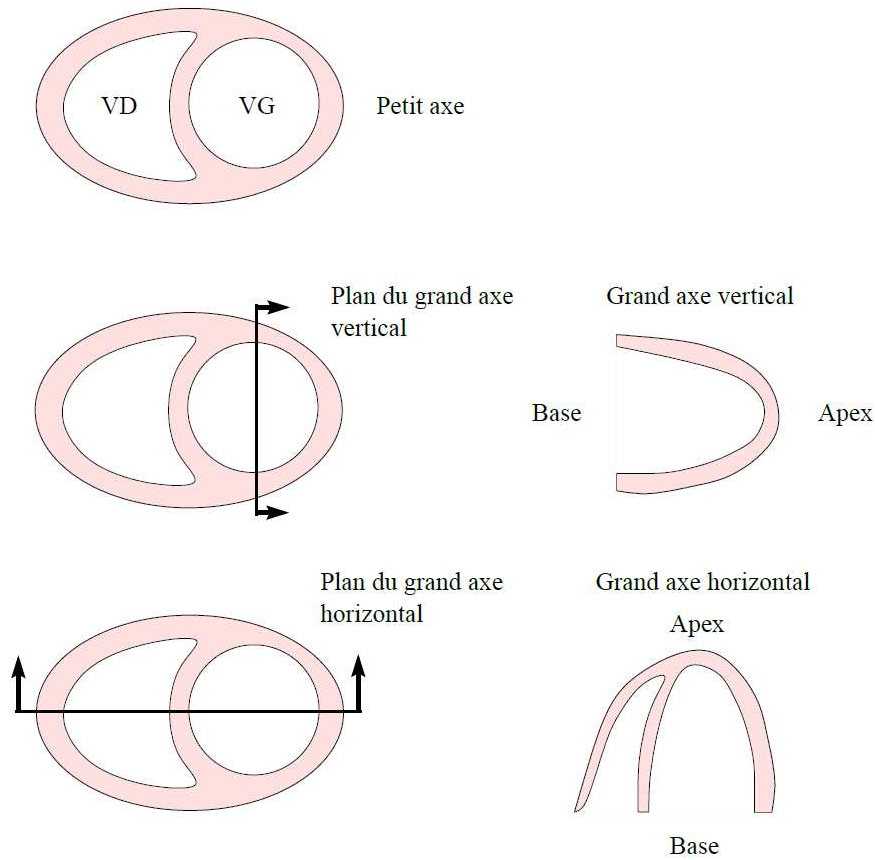


Figure I.4 – Illustration des plans de coupe petit axe, grand axe vertical et grand axe horizontal (d'après [7]).

Le **scanner cardiaque** est un scanner thoracique avec injection de produit de contraste [11]. Il consiste en un tube délivrant des rayons X et effectuant une rotation continue permettant l'exploration d'un volume. Les données recueillies permettent la reconstruction de ce volume en une image en deux ou trois dimensions. L'acquisition des images par le scanner dure 10 à 15 secondes, pendant laquelle le patient doit réaliser une apnée. La qualité des images est corrélée au rythme cardiaque qui doit être lent et régulier pour une qualité optimale. Cet examen permet l'obtention des différents plans de coupe cardiaques et d'accéder à la fonction contractile cardiaque. Cependant, dans la plupart des cas, il est utilisé pour diagnostiquer les maladies coronaires, bien que l'examen de référence soit la **coronarographie**, un examen médical invasif (introduction d'une sonde) et utilisant la technique de radiographie aux rayons X avec injection d'un produit de contraste iodé. Le scanner cardiaque permet une bonne visualisation des gros troncs coronaires mais sa qualité de visualisation des artères distales reste médiocre. De plus, il

n'est pas complètement non invasif : il délivre des radiations ionisantes nettement supérieures à celles d'une coronarographie et nécessite l'utilisation de produit de contraste allergisant et toxique pour le rein de patients présentant une insuffisance rénale. Enfin, cet examen ne permet pas de traiter directement les artères malades.

L'**Imagerie par Résonance Magnétique (IRM)** cardiaque est l'examen radiologique de référence pour l'exploration du muscle cardiaque [11]. C'est un examen non invasif permettant d'obtenir des vues 2D ou 3D avec une résolution en contraste relativement élevée. Elle a l'avantage de ne pas délivrer de radiations mais nécessite l'injection d'un produit de contraste au patient, celle-ci étant peu risquée mais coûteuse et contraignante, et requérant une voie veineuse. L'IRM anatomique (ciné-IRM) permet d'avoir accès à des informations sur la cinématique des parois endo- et épicaudiques. Des variantes de l'IRM conventionnelle permettent également une étude précise de la fonction segmentaire transmurale (en particulier l'IRM de marquage et l'IRM à contraste de phase), ce qui n'est réalisable par aucun autre examen [12]. Des précisions sur l'imagerie par résonance magnétique, son principe ainsi que ses spécificités dans le cas de l'IRM cardiaque, peuvent être trouvées en [7].

Ainsi, l'apport de l'IRM conventionnelle en diagnostic cardiaque est intéressant (Figure I.5) : celle-ci permet par exemple de préciser la sévérité et la localisation de pathologies en cas d'échec de l'échocardiographie chez les patients peu échogènes. De plus, elle permet de mesurer directement et précisément des paramètres de la fonction contractile cardiaque (fraction d'éjection à partir des volumes, voir Section 1 - 2). Nous verrons dans la section suivante comment obtenir ces paramètres à partir des séquences ciné-IRM. Enfin, cet examen est totalement non invasif.

1 - 2 Evaluation de la fonction contractile cardiaque

Les maladies cardiovasculaires sont la principale cause de décès dans les pays occidentaux [1, 13]. L'étude de la fonction contractile cardiaque permet l'évaluation de la fonction du cœur (sain ou pathologique), et est ainsi nécessaire à la prévention d'accidents cardiaques. L'Imagerie par Résonance Magnétique permet d'obtenir des informations anatomiques et fonctionnelles précises et est une modalité de plus en plus utilisée comme un outil standard dans l'évaluation du ventricule gauche [14] et du ventricule droit [2, 3]. Cette section va ainsi s'intéresser à la segmentation du cœur en IRM cardiaque, et plus précisément accéder à la volumétrie et donc

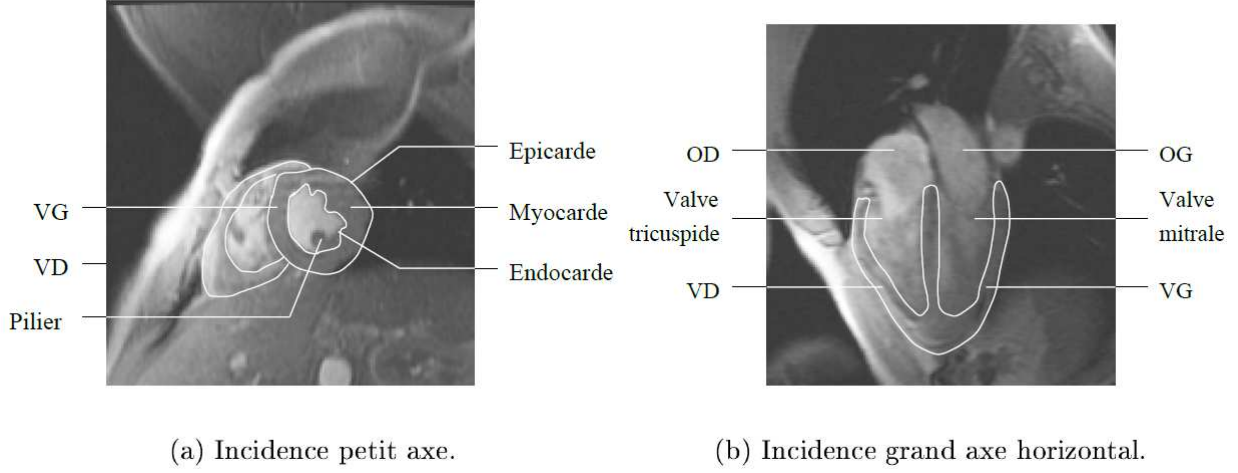


Figure I.5 – Images RM cardiaques (d’après Petitjean [7]).

aux indices de la fonction contractile cardiaque du VG et du VD dans un but de diagnostic. Les différents indicateurs classiques de la fonction contractile cardiaque sont l’index de volume télédiastolique (IVTD) en ml/m^2 , l’index de masse ventriculaire (IMV) en g/m^2 , le volume éjecté et la fraction d’éjection FE définie par :

$$FE = \frac{V_{diastole} - V_{systole}}{V_{diastole}} \quad (\text{I.1})$$

Les volumes absolus des ventricules peuvent également être intéressants dans le suivi longitudinal de certains patients, en particulier pour le VD, dans le cas de pathologies congénitales peu stéréotypées comme la tétralogie de Fallot. Différentes techniques d’évaluation de la fonction contractile cardiaque gauche et droite vont être abordées, basées sur [15]¹.

1 - 2.1 Pourquoi recourir à l’IRM ?

L’échocardiographie est l’examen de référence pour l’étude de la fonction cardiaque. En effet, cet examen est aisé à réaliser, peu coûteux, sans contre-indication, indolore, non invasif et permet de choisir immédiatement la mesure thérapeutique adaptée. Cependant, pour l’étude du VG, et plus encore pour le VD, cette modalité souffre de deux limitations principales : (i) le champ d’exploration peut être restreint selon l’échogénicité des patients, (ii) la capacité de quantification est limitée, surtout en cas de déformation des ventricules par une pathologie (par exemple infarctus). En effet, l’estimation du volume du VG en échocardiographie 2D repose sur

1. www.irmcardiaque.com

une modélisation, soit ellipsoïde de révolution pour la méthode surface-longueur, soit comme une pile de disques de diamètres définis par le petit axe depuis la base jusqu'à l'apex pour la méthode Simpson. Ces modélisations impliquent une forte variabilité dans les résultats du fait des imprécisions inhérentes. L'échocardiographie 3D n'a pas besoin de ces modélisations mais n'est pas d'utilisation courante.

Ainsi, l'IRM est une bonne solution car elle permet de résoudre ces deux problèmes : il n'y a pas de limitation du champ de vue, et d'autre part la possibilité d'acquisition de l'ensemble des données 3D rend inutile l'utilisation d'un modèle géométrique. Cependant, la technique d'acquisition ainsi que les post-traitements nécessaires à la réalisation de la volumétrie 3D est beaucoup plus fastidieuse, et dépend du médecin. Avant même l'étude quantitative, la qualité des ciné obtenus dans les 3 plans permet déjà une analyse qualitative de la contraction globale et segmentaire, et permet une description systématisée des anomalies : selon le territoire anatomique considéré (antérieur, septal, inférieur, latéral, apical), selon la zone le long du grand axe (basale, médiane, apicale) et avec des qualificatifs du plus normal au plus pathologique (normo, hypo, akinétique, dyskinétique), ce dernier évoquant un mouvement paradoxal d'expansion du segment pendant la contraction segmentaire. De plus, une nomenclature standardisée permet une appréciation semi-quantitative de la contraction du VG et l'obtention de résultats comparables quelque soit le lieu d'examen (voir Section [A.1.1](#) de l'Annexe). Des outils de quantification plus précis existent cependant, comme nous le verrons partie [1 - 2.2](#) et [1 - 2.3](#).

Afin de réaliser l'étude quantitative de la fonction du VG et du VD, il est nécessaire de sélectionner la séquence ciné. Depuis le début des années 2000, les séquences ciné SSFP (TE 1.1/TR 2.5) sont utilisées car elles sont plus rapides, ont un meilleur RSB et un meilleur contraste entre parois et cavités cardiaques que sur les anciennes séquences en Echo de Gradient (FL2D). Les normes doivent ainsi être établies en fonction de la séquence utilisée. De plus, une acquisition optimale d'une pile de coupes des volumes ventriculaires est fait de compromis entre deux exigences contradictoires : la résolution et le temps d'acquisition. La résolution spatiale utilisée typiquement est une largeur de pixel de 1.5 à 2 mm et une épaisseur de coupe entre 6 et 9 mm (cette épaisseur conditionne le nombre de coupes nécessaires). Concernant la résolution temporelle, plus celle-ci est résolue, plus on obtient d'images pour un cycle cardiaque et plus on risque d'observer le plus petit volume réel en systole. Seule la systole peut poser problème, le temps diastolique étant long une résolution temporelle médiocre permet d'obtenir un volume proche de la réalité. La résolution temporelle typique est de 50 ms, celle-ci permettant d'obtenir les instants où le cœur est totalement dilaté (fin de diastole, ED) et totalement contracté (fin de systole, ES). Concernant le temps d'acquisition, sur les meilleurs appareils utilisés actuellement,

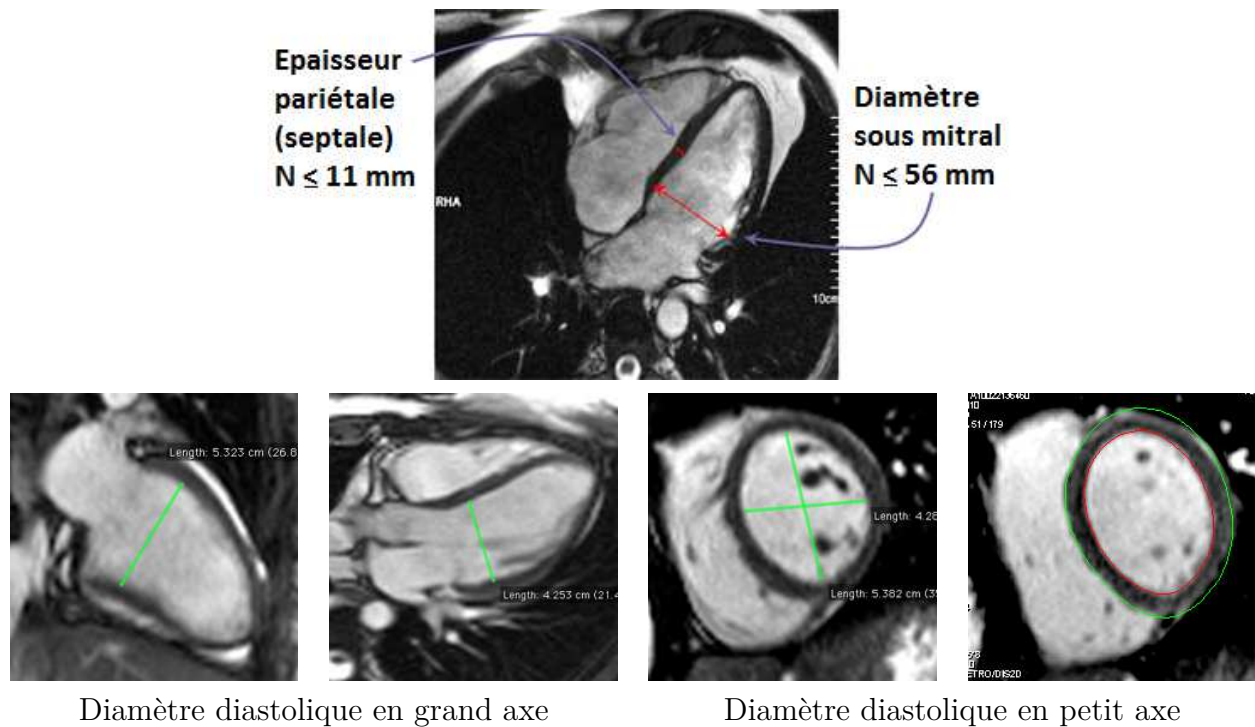


Figure I.7 – Illustration de l’obtention des dimensions de base du VG (en haut), exemple du diamètre du VG en grand axe et petit axe (en bas) avec un diamètre vertical de 53 mm et horizontal de 42 mm (d’après [15]).

différentes sont disponibles :

Méthode planaire 2D grand axe : Deux principes de quantification peuvent être utilisés sur les coupes grand axe, la méthode ‘surface-longueur’ et la méthode Simpson. La Section A.1.2 de l’Annexe présente ces deux techniques. Ces méthodes sont beaucoup moins précises que la méthode 3D que nous allons détailler dans la suite, puisqu’elles reposent sur une modélisation du ventricule.

Volumétrie 3D petit axe : L’incidence petit axe est l’incidence privilégiée pour l’étude du VG, et nécessite en moyenne 8 à 10 coupes jointives de 8 mm d’épaisseur pour obtenir la cavité ventriculaire de la base à l’apex (Figure I.8). Le principe de calcul du volume sur cette incidence est similaire à celui de la méthode de Simpson illustrée à la Figure A.2 (Annexe, Section A.1.2), à la différence que les contours de chaque disque sont tracés sur des coupes petit axe réellement acquises et ne repose plus sur un modèle géométrique : la méthode 3D offre une volumétrie vraie. Les contours endocardique et épicaudique (Figure I.9) peuvent être tracés manuellement ou à l’aide d’un logiciel semi-automatique, avec par convention les piliers

exclus du contournage myocardique (donc inclus dans le volume ventriculaire), ce qui entraîne une sous-estimation de la masse du VG d'environ 9% par rapport à la masse effective [16], mais une meilleure reproductibilité des tracés. L'opération de tracé, fastidieuse, peut se limiter au volume diastolique et systolique afin d'accéder à la fraction d'éjection. Il est également possible à l'aide de tracés semi-automatisés de réaliser la segmentation sur l'ensemble des images de la série et disposer de la courbe temps-volume (Figure I.9). Cette dernière permet d'accéder aux vitesses maximales d'éjection et de remplissage par sa dérivée. Une difficulté réside dans l'exclusion des coupes extrêmes en systole : le plan valvulaire mitral et tricuspideen se déplace vers l'apex du ventricule pendant la systole, alors que l'apex ne bouge pas. Des problèmes de reproductibilité des mesures peuvent se poser si deux observateurs ne choisissent pas le même plan de coupe comme plan basal. Concernant le plan apical, les observateurs sont en général concordants. Le plan mitral donnant la première coupe basale de la cavité du VG en diastole peut ainsi contenir une portion de l'oreillette gauche en systole (Figure I.10). Un problème similaire peut également intervenir à l'apex bien que les observateurs soient en général concordants sur le plan apical. Ces coupes problématiques doivent être exclues du calcul volumique, car elles peuvent entraîner de fortes erreurs de calcul. Leur détection est cependant relativement aisée, car la couronne myocardique est de l'ordre de 1 cm dans le myocarde VG alors qu'elle n'est que de l'ordre de 3 mm pour l'oreillette gauche. Il peut également arriver que le tracé du myocarde ne soit pas elliptique mais en croissant latéro-basal lorsque la racine aortique apparaît sur la coupe basale.

A partir des tracés précédemment effectués, il est possible de réaliser une volumétrie du VG permettant d'accéder aux différents indicateurs de la fonction contractile cardiaque : IVTD, IMV, volume éjecté et fraction d'éjection FE_{VG} . Ceux-ci doivent alors être comparés aux valeurs dites normales. Ces valeurs sont variables dans la littérature, car elles dépendent de facteurs physiologiques : taille et surface corporelle (d'où l'utilisation de valeurs indexées), sexe (valeurs supérieures chez l'homme), âge (supérieures entre 20 et 45 ans qu'après 45 ans), l'ethnie (africains > hispaniques > caucasiens > asiatiques), l'entraînement physique (chez les athlètes : IVTD supérieure de 21%, IMVG supérieure de 42% [17, 18]), mais également de facteurs méthodologiques : mesures sur coupes grand axe ou petit axe (IVTD beaucoup plus grand avec l'approche 'surface-longueur' qu'avec la volumétrie 3D petit axe, qui est beaucoup plus précise), le type d'Echo (IVTD et IMVG : Echo de Spin en sang noir (BB) > Echo de Gradient classique > SSFP), selon le type d'apnée et si elle est réalisée, selon l'exclusion des piliers ou non (9.6% de différence [16]). Des valeurs normales peuvent être trouvées dans la littérature pour l'IVTD et l'IMVG en volumétrie 3D petit axe selon le type d'Echo : ciné EG

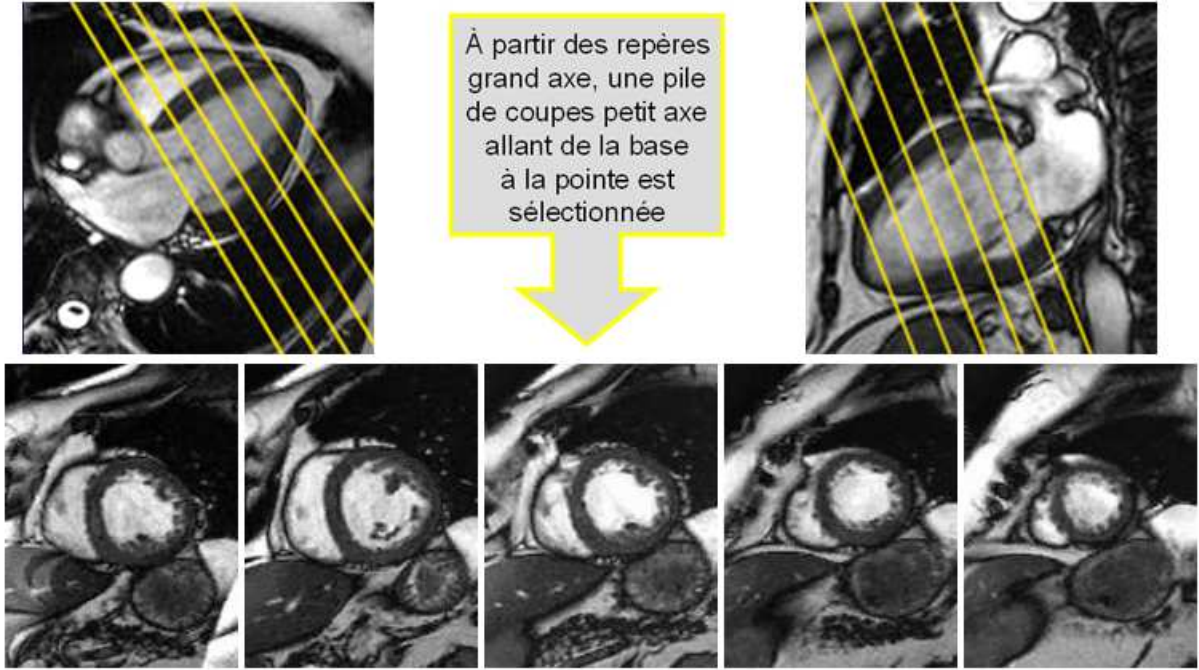


Figure I.8 – Exemple de 5 coupes petit axes où seront tracés les contours endocardiques (d'après [15]).

non SSFP [19], ciné EG SSFP [17] ou encore Turbo spin-écho [20]. Pour ces mêmes auteurs, le volume d'éjection systolique est de l'ordre de 50 à 60 ml/m² pour l'homme et 40 à 50 ml/m² chez la femme, et les normes de fraction d'éjection FE_{VG} sont uniformes : $N_{FE} = 56$ à 75%. On observe des variations très importantes selon la méthode IRM utilisée mais également entre les normes échographique et IRM (l'IMVG normal en échographie TM est de 120 g/m² alors qu'elle est de 90 g/m² en IRM SSFP). Des études sur la variabilité des mesures montrent des écarts moyens sur l'IMVG de ± 8 g en IRM contre ± 49 g en échographie TM [21], et des écarts types de différences intra-observateur de 9.2g en IRM contre 24g en échographie 2D [22].

1 - 2.3 Méthodes de mesure de la fonction contractile du VD

L'état fonctionnel du VD peut être mesuré à l'aide d'indices fonctionnels, tel que l'indice TAPSE (*Tricuspid Annular Plane Systolic Excursion*) quantifiant l'excursion de l'anneau tricuspide. Celui-ci se mesure facilement sur des coupes axiales en ciné-IRM (Figure I.11) et détermine une dysfonction du VD si ce déplacement est inférieur à 15 - 20 mm. Certains indices du VD ne sont pas accessibles en IRM : c'est le cas par exemple de l'indice TEI correspondant à la somme des périodes de relaxation et de contraction isovolumique sur la durée de l'éjection

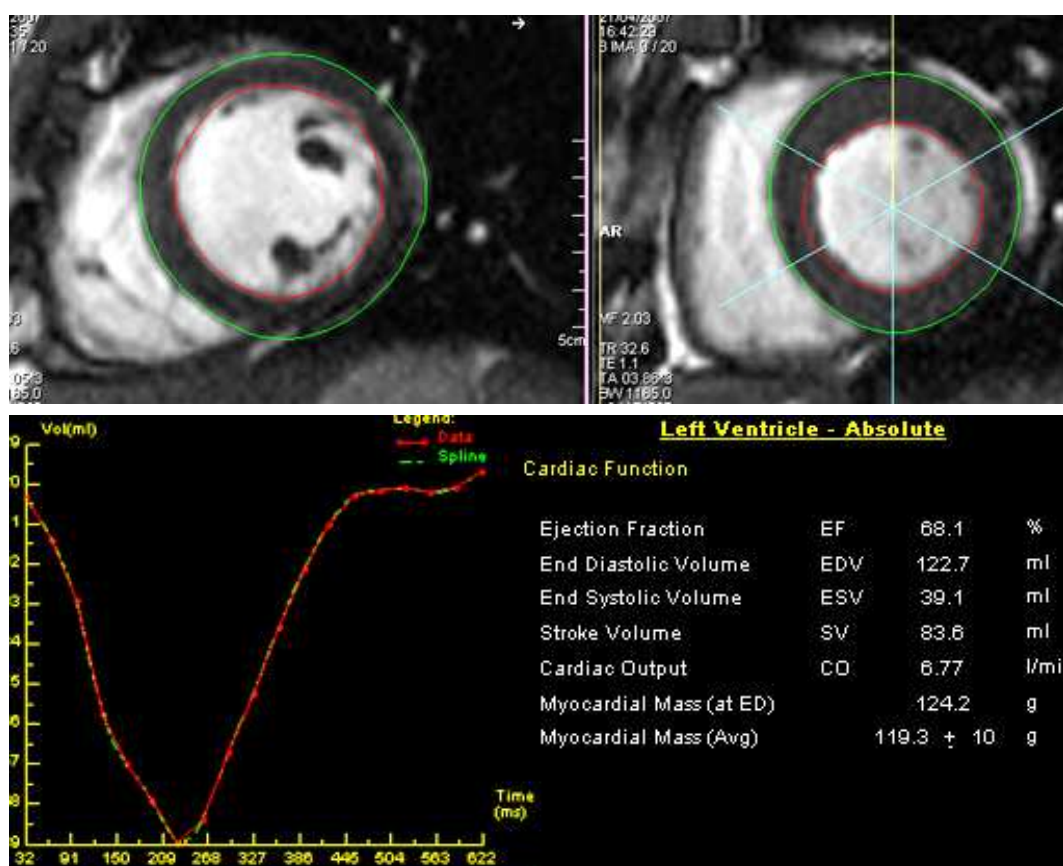


Figure I.9 – Exemple de tracé endocardique en rouge et épicaudique en vert du VG (en haut, diastole à gauche, systole à droite) et de la courbe du volume du VG et de ses indicateurs de fonction (en bas) (d'après [15]).

ventriculaire, dont le seuil maximal de normalité est $N < 30$ à 40% , calculé à partir des courbes de flux mitral et de flux aortique sur échocardiographie doppler. De nombreux autres indices fonctionnels sont également accessibles à partir des nouvelles méthodes écho-doppler basées sur le *speckle tracking* notamment pour l'étude du synchronisme du VD, alors que sa réalisation en IRM reste du domaine de la recherche.

Cependant, l'évaluation de la fonction systolique du VD est difficile en échographie. La fraction d'éjection réelle du VD ne peut être atteinte facilement et seule l'étude de la variation de surface en coupe 4-cavités médio-ventriculaire permet de réaliser une approche quantitative de la fonction contractile (avec des valeurs de normalité de 40 à 75%). Cette étude ne prend pourtant pas en compte toutes les parties du VD, dont l'*infundibulum* comptant pour 25% du volume. L'IRM reste le meilleur outil d'analyse du VD afin de quantifier le volume 3D puisqu'elle n'a aucune limitation de champ de vue et ne nécessite aucune modélisation géométrique ou mathématique. Deux incidences différentes sont utilisées pour la quantification du VD, pré-

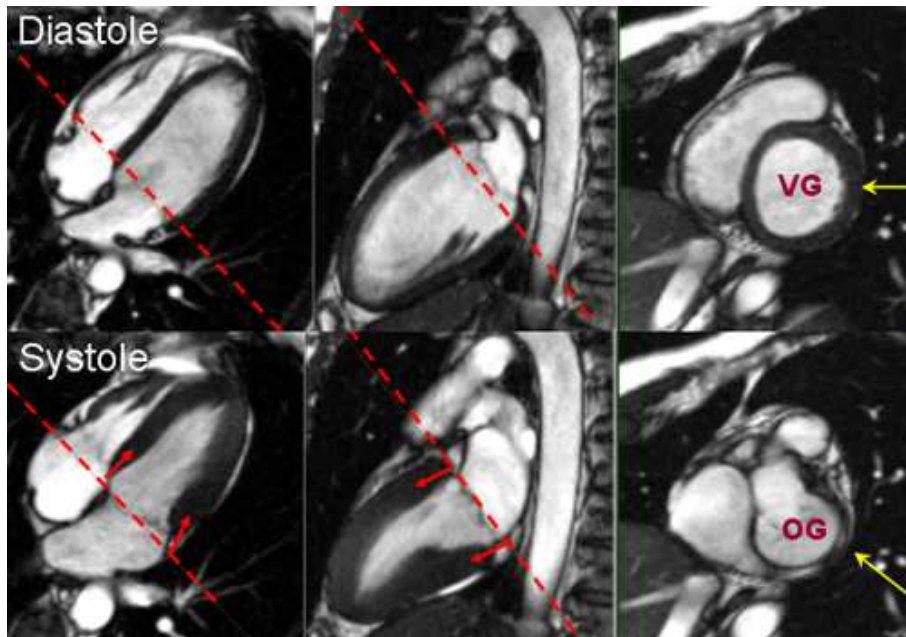


Figure I.10 – Illustration de l'exclusion de la coupe basale en systole : alors qu'en diastole la rondelle myocardique est bien définie (en haut), le mouvement du cœur défini par les flèches implique que le myocarde sort du plan de coupe et on observe alors l'oreillette gauche (OG, en bas) qui doit être exclu du volume (d'après [15]).

sentant chacune des avantages et des faiblesses, que nous allons détailler :

Approche avec une pile de coupes axiales : Cette approche consiste à réaliser la volumétrie sur l'ensemble des coupes axiales du cœur. Son avantage repose sur une excellente identification du plan tricuspideen, ce qui permet de bien définir la cavité ventriculaire pour ces niveaux de coupe, en diastole comme en systole. Cependant, un fort effet de volume partiel affecte les coupes extrêmes en haut et en bas. En haut, la valve pulmonaire peut généralement être identifiée mais également rendre plus difficile le tracé, ce qui n'est objectivement pas critique, la contribution à la volumétrie du VD étant marginale. Le problème est plus critique à la partie basse où le plancher du VD peut entrer et sortir du plan de coupe et où, du fait de l'effet de volume partiel, un mélange des intensités avec la paroi inférieure atténue le signal sanguin. Le VD est alors plus difficile à segmenter à ce niveau de coupe alors que sa contribution est significative dans la volumétrie totale du VD. La Figure I.12 présente un exemple de volumétrie du VD chez un patient présentant un infarctus du VD.

Approche petit axe : Cette approche consiste à réaliser la volumétrie sur l'ensemble des coupes petit axe du cœur. Sa difficulté réside dans la détection de la coupe basale extrême

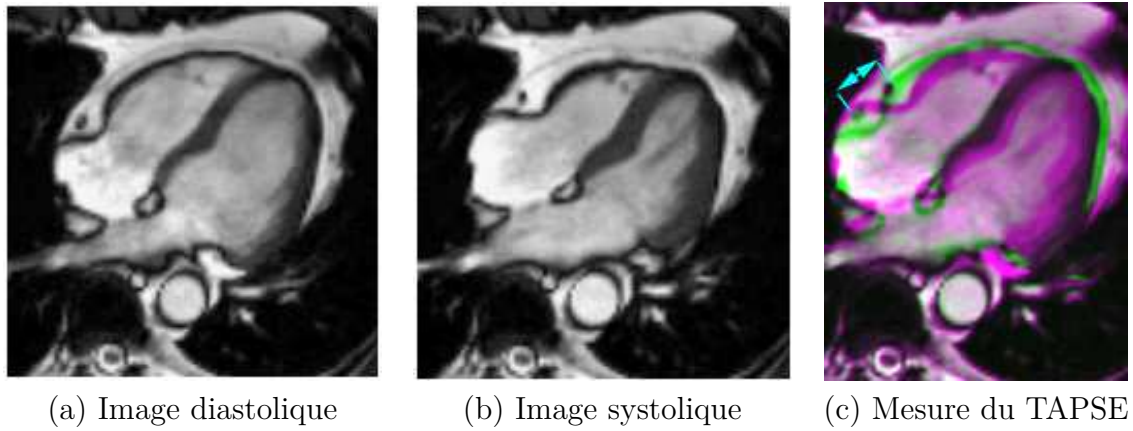


Figure I.11 – Illustration de mesure de l'indice TAPSE à partir de la superposition de l'image diastolique (a) et systolique (b) donnée par la double flèche bleue (c) (d'après [15]).

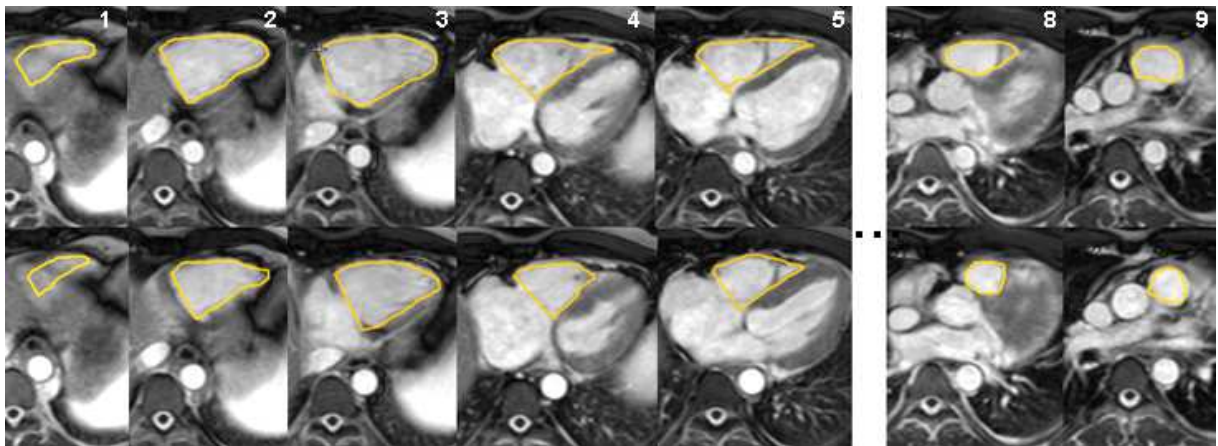


Figure I.12 – Tracé endocardique manuel du VD (diastole en haut, systole en bas) chez un patient atteint d'un infarctus du VD, dont la coupe la plus basse (coupe numéro 1, à gauche) pose problème au contourage du fait de l'effet de volume partiel au niveau du plancher ventriculaire (d'après [15]).

du VD, au niveau du plan tricuspide, qui peut être confondue avec une coupe de l'oreillette droite. Le même type de problème avait été rencontré pour la coupe basale du VG, mais dans le cas du VD l'épaisseur de la paroi myocardique ne permet pas de distinguer le VD de l'OD aussi facilement (si la coupe passe devant ou derrière l'anneau tricuspide), comme le montrent les Figures I.13 et I.14. Le choix de la première coupe basale en systole par l'expert doit donc être l'objet d'une attention toute particulière car le déplacement de l'anneau tricuspide est de l'ordre de 20 mm (indice TAPSE présenté précédemment), soit jusqu'à 3 niveaux de coupe. Puisqu'il n'est pas possible de considérer le même plan basal en systole et en diastole, il faut donc choisir le plan basal de la systole et le plan basal de la diastole sur les coupes orthogonales (Figure I.13). Une autre solution consiste à pointer les 2 extrémités de la valve tricuspide et

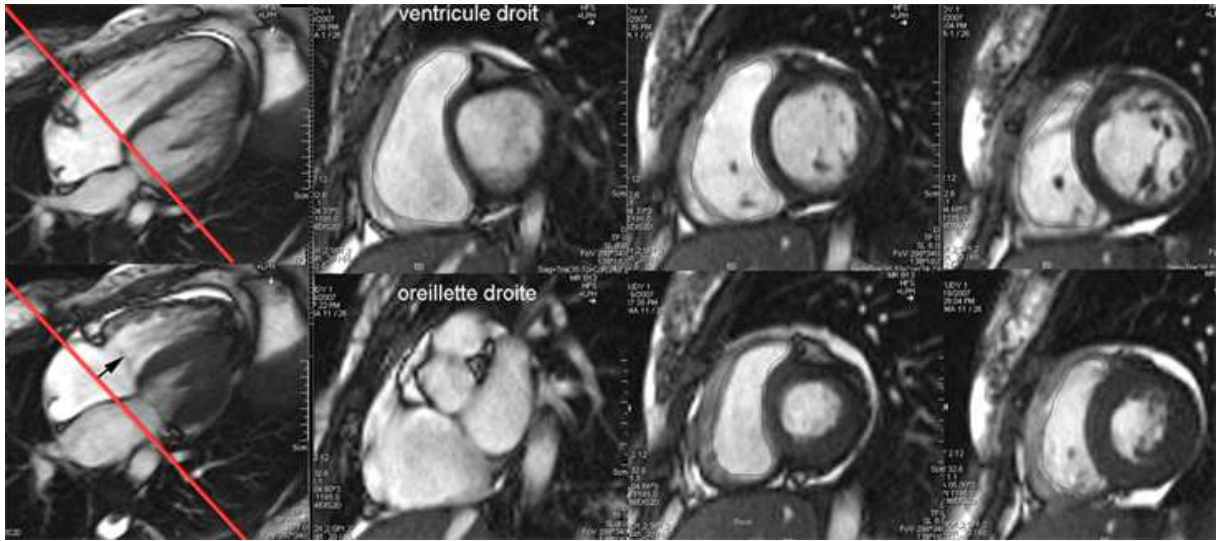


Figure I.13 – Illustration du déplacement de l’anneau tricuspïdien selon le cycle cardiaque entre la diastole (en haut) et la systole (en bas). La coupe basale est indiquée par la ligne rouge oblique sur l’incidence 4-cavités (à gauche) et montre que la coupe passe dans le VD en diastole alors qu’elle est localisée dans l’OD en systole (d’après [15]).

mitral à tout instant de la révolution cardiaque afin de ne conserver que les volumes de sang qui sont réellement dans le ventricule (système *syngo via* de *siemens*). Malgré ces difficultés, cette incidence a le grand avantage de permettre l’analyse simultanée des ventricules droit et gauche et un contourage des ventricules plus aisé que sur l’approche avec une pile de coupes axiales. Elle reste ainsi l’approche la plus employée en routine clinique pour la mesure de la fonction contractile cardiaque : dans la suite, nous ne considérerons donc que l’approche petit axe dans un but de segmentation du VG et du VD. Un exemple de segmentation manuelle des contours endo- et épicaudique du VG, et endocaudique du VD est donné à la Figure I.15 sur l’incidence petit axe en diastole et en systole.

Comme pour le VG, il existe des valeurs normales de volume (IVTD) et de masse ventriculaire (IMV) droite, qui dépendent des méthodes de mesure. Ces valeurs sont déterminées par [23] dans le cas de séquence Ciné SSFP (pour des adultes, des normes spécifiques pour les enfants existent [24]). Par convention, les trabéculations sont exclus du contour, ils sont donc inclus dans la cavité ventriculaire. On peut noter que les volumes et masses ventriculaires sont plus élevés chez l’homme que chez la femme, que le volume ventriculaire droit est légèrement supérieur au gauche mais que sa fraction d’éjection est plus faible. Enfin, la masse ventriculaire du VD est beaucoup plus faible que celle du VG, d’un facteur 2 à 3.

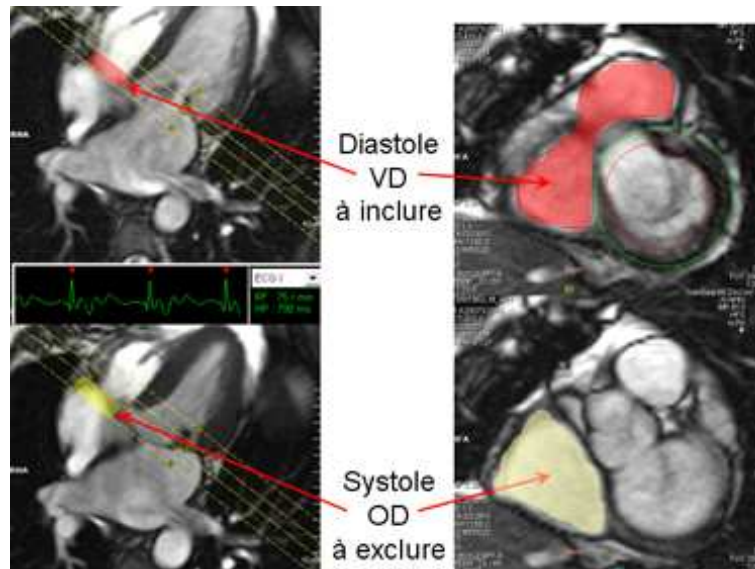


Figure I.14 – Exemple de cavité ventriculaire droite à inclure dans la mesure en diastole (en rouge, en haut) et à exclure en systole car dans la cavité de l'OD (en jaune, en bas) (d'après [15]).

L'IRM est un excellent outil d'étude et de quantification du VG et du VD. Elle permet d'accéder à la fonction contractile cardiaque à partir d'une volumétrie 3D précise puisque chaque niveau de coupe est disponible sur cette modalité. De plus, l'utilisation de l'incidence petit axe a le grand avantage de permettre l'analyse simultanée des deux ventricules cardiaques et est la plus utilisée en routine clinique. Cependant, cette analyse précise a un coût : elle requiert le contourage par un expert du VG et du VD sur chaque coupe. Cette tâche n'est pas aisée, due à certaines caractéristiques des données d'acquisition, ainsi qu'à la qualité des images, et est coûteuse en temps pour un expert. Compte tenu de la méthode clinique de contourage (semi-automatique pour le VG et manuel pour le VD), la réalisation de méthodes de segmentation des ventricules pose une véritable problématique.

1 - 3 Problématiques de segmentation

L'objectif est d'aider à la mesure de la fonction contractile cardiaque en réalisant la segmentation des ventricules sur les coupes de l'incidence petit axe en IRM. Cette segmentation est effectuée en 2D sur chaque coupe du fait de la résolution anisotrope de la séquence, comme nous le verrons dans la suite. Elle doit faire face à un certain nombre de difficultés. Certaines sont liées aux données d'acquisition, lorsque d'autres sont liées à la nature des images. Cette partie va présenter les différents problèmes rencontrés à la réalisation de cette tâche.

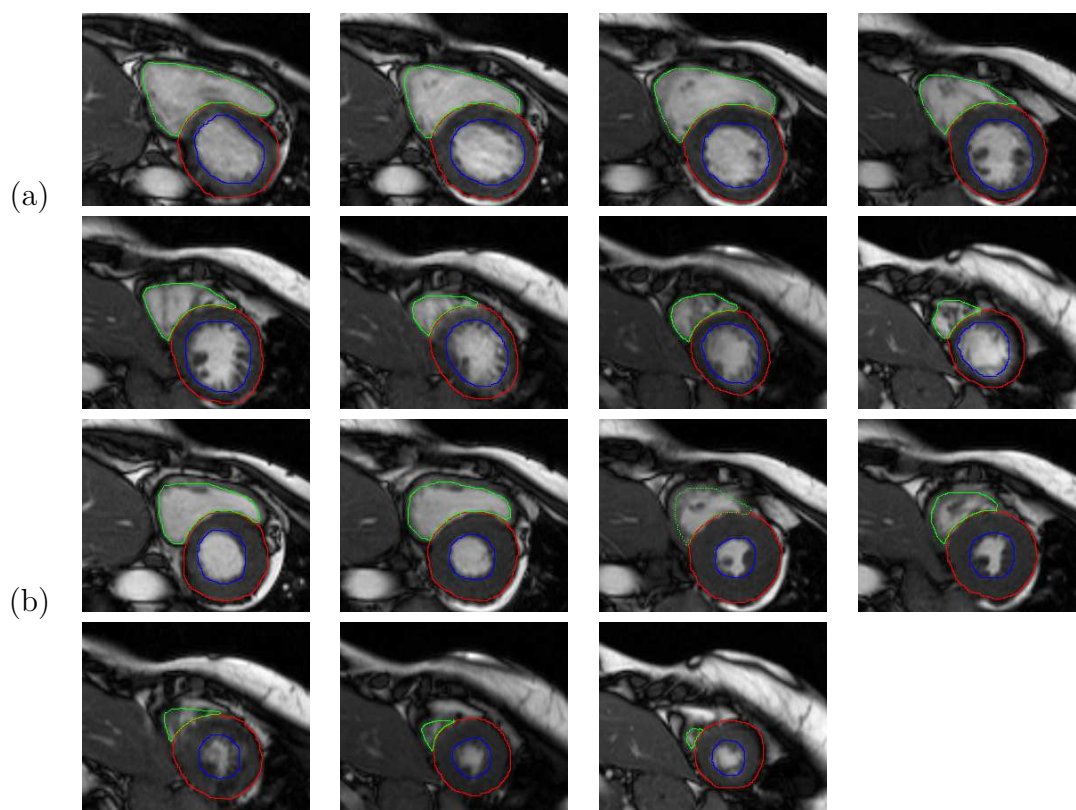


Figure I.15 – Segmentation manuelle du VD (en vert) et du VG (endocarde en bleu, épicarde en rouge) en diastole (a) et systole (b) sur incidence petit axe. Patient 2 de la base du challenge MICCAI'12 (voir Chapitre V).

1 - 3.1 Difficultés liées à l'acquisition

Grandes variations des formes : Bien que la résolution spatiale des plans de coupe soit bonne (de l'ordre du millimètre pour un pixel), l'épaisseur des coupes et la distance entre deux coupes successives sont assez importantes (de 6 à 9 millimètres chacune) : la résolution d'un volume cardiaque est ainsi anisotropique. Ceci implique de grandes variations des formes entre deux coupes successives, comme l'illustre la Figure I.16 présentant les différentes coupes d'un volume cardiaque en fin de systole. Cet écart entre les coupes peut poser problème à un traitement 3D pour la segmentation. En effet, il est difficile de recréer un volume 3D correct sans une étape d'interpolation des coupes manquantes. Cependant, les variations très importantes rendent cette interpolation malaisée et sujette aux erreurs. De plus, le nombre de coupes varie en fonction de la taille du cœur, et donc du patient. Ces différentes considérations doivent être prises en compte pour la réalisation de la segmentation, et il semble ainsi plus pertinent d'effectuer la segmentation en 2D.

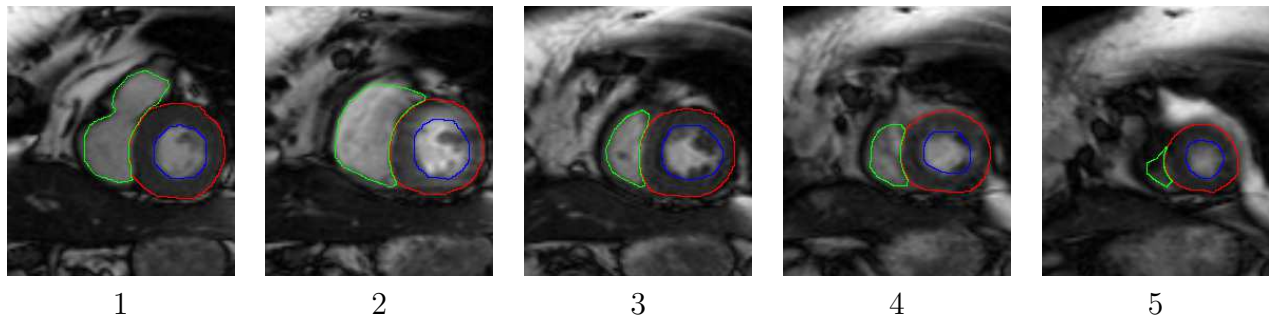


Figure I.16 – Visualisation des variations entre les coupes successives d'un volume ES (1 : coupe basale à 5 : coupe apicale). La segmentation a été tracée par un expert : VD (en vert) et VG (endocarde en bleu, épicaire en rouge).

Effet de volume partiel : Cette épaisseur de coupe a également une autre conséquence lors de l'acquisition : des erreurs sur les mesures du signal d'IRM, dénommées artefacts de volume partiel. Ce dernier se produit lorsque le diamètre de l'objet examiné est inférieur à l'épaisseur de la coupe. Deux phénomènes peuvent alors se produire : le phénomène de coupe tangentielle et le phénomène de masquage. Le premier provient du signal des structures étroites et orientées selon l'axe vertical qui sont représentées dans le signal moyen d'un voxel donné par rapport à celles des structures obliques (ou horizontales) qui sont moins aisément identifiables. La résolution axiale dans le plan vertical sera ainsi d'autant moins bonne que l'épaisseur de coupe est élevée. Le second provient des structures fines et situées dans le plan axial transverse qui ne peuvent être identifiées que si leurs intensités ne diffèrent que très nettement de celles des structures avoisinantes. Dans le cas contraire, un phénomène de masquage de ces structures fines se traduit visuellement par un effet optique de flou visuel. Ce phénomène de masquage est souvent observé pour les coupes apicales [25], comme l'illustre la Figure I.17.

Autres artefacts : Enfin, d'autres artefacts d'acquisition peuvent apparaître, se traduisant sur les images par des irrégularités dans les intensités ou un flou aux frontières. On peut noter en particulier les artefacts dus au mouvement : un flou aux frontières des cavités en raison de la circulation sanguine, ou encore un léger flou global dû au mouvement du patient. Des artefacts apparaissent également en cas d'arythmie.

1 - 3.2 Difficultés inhérentes aux images

Irrégularités dans les cavités : En amont de toute segmentation, le traitement des muscles papillaires, piliers et trabéculations peut poser problème. Ces derniers devraient être exclus du calcul des volumes ventriculaires. En effet, afin de calculer le volume exact des cavités

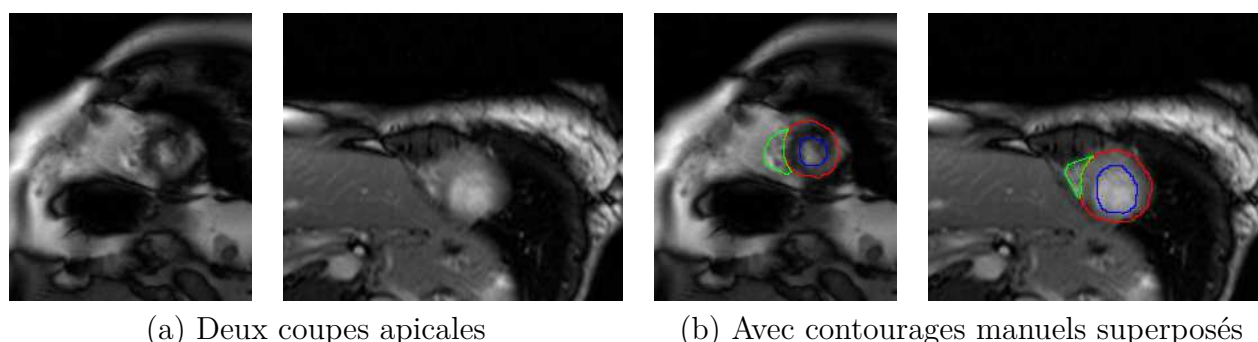


Figure I.17 – Illustration de l’effet de volume partiel, créant un flou aux frontières des cavités sur les coupes apicales. La segmentation a été tracée par un expert : VD (en vert) et VG (endocarde en bleu, épicaire en rouge).

ventriculaires, il serait nécessaire de les contourer indépendamment afin d’exclure leur volume de celui des cavités. Cependant, les conventions de segmentation recommandent de les considérer comme partie intégrante des cavités ventriculaires. De ce fait, les segmentations manuelles sont plus reproductibles. Les muscles papillaires ayant les mêmes intensités que le myocarde, cette intégration à la cavité peut ne pas être aisée. La Figure I.15 présente des exemples de segmentation du VG et du VD avec cette convention.

Contraste faible : La segmentation de l’épicaire du VG est également une difficulté majeure : elle forme la frontière entre le myocarde et les tissus voisins (en particulier graisse et poumon). Ces derniers ont des profils d’intensité tous différents et présentent un contraste faible avec le myocarde, d’où la difficulté à le déterminer. Cette difficulté est encore plus importante pour le VD du fait de l’épaisseur très faible de la paroi ventriculaire droite.

Complexités anatomiques : La complexité de la segmentation dépend également du niveau de coupe de l’image. Les coupes basales et apicales sont plus difficiles à segmenter que les coupes mi-ventriculaires. En effet, la forme des ventricules peut être fortement modifiée par la présence des atria sur les coupes basales, et nous avons vu précédemment que les coupes apicales souffraient d’un effet de volume partiel créant un flou aux frontières des cavités. Bien que la forme du VG (en forme d’anneau) ne varie que peu en fonction du niveau de coupe, le VD a une forme complexe en croissant, qui varie fortement selon le niveau de coupe d’imagerie (Figure I.18) et selon le patient (Figure I.19). De plus, de nombreuses pathologies peuvent affecter la forme déjà complexe du VD. D’un point de vue morphologique, on peut considérer les surcharges VD barométriques (augmentation de la pression) entraînant une hypertrophie des parois myocardiques, causées par un obstacle sur la voie d’éjection droite (sténose pulmo-

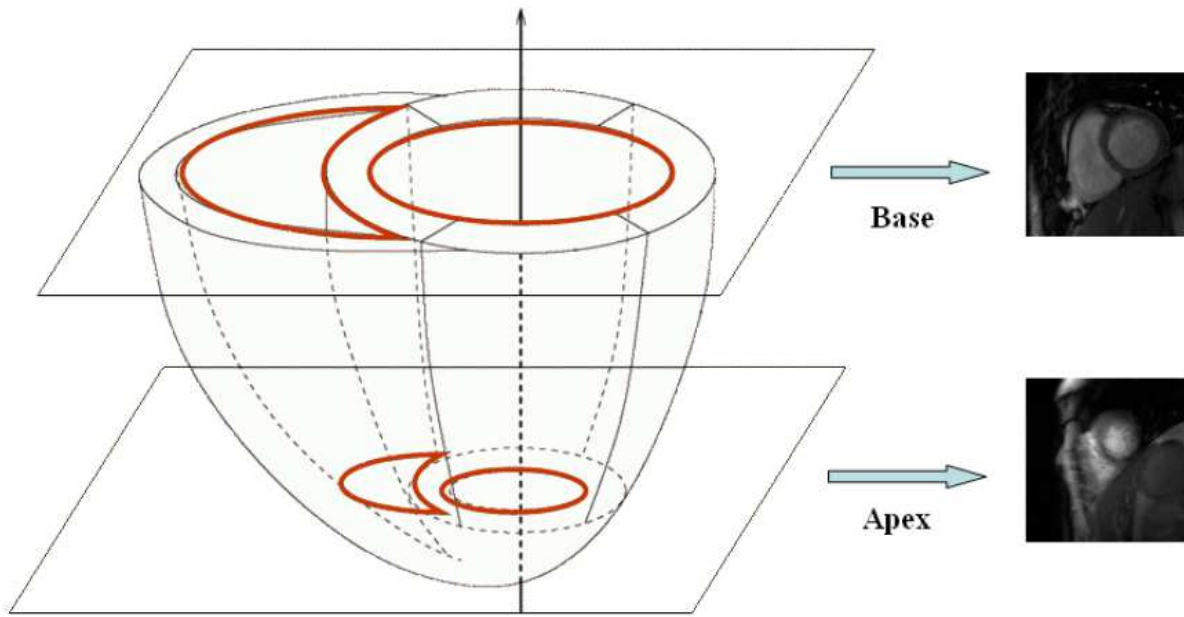


Figure I.18 – Représentation schématique des volumes ventriculaires et leurs images MR obtenues à la coupe basale et apicale.

naire, hypertension artérielle pulmonaire ou HTAP, embolie pulmonaire). Cette augmentation de pression dans le VD va inverser la courbure septale et le VD va alors prendre la forme d'un VG et inversement. Cette inversion sera plus prononcée en passant du cœur pulmonaire aigü à l'HTAP constituée. On peut observer dans un premier temps une dilatation de la cavité ventriculaire droite, puis le septum qui bombe vers le VG, et enfin le VD peut devenir sphérique et l'oreillette droite se dilater. On peut également considérer les surcharges volumétriques, la plus commune étant la distension de la cavité ventriculaire droite. Ces surcharges proviennent essentiellement de cardiopathies congénitales, telles que l'insuffisance pulmonaire, le shunt de communications inter-auriculaires (CIA), un retour veineux pulmonaire anormal et les suites de chirurgie réparatrice de tétralogie de Fallot [15, 26]. Ces différentes pathologies ajoutent encore en complexité à cette difficile tâche de segmentation.

1 - 4 Conclusion

La segmentation des cavités ventriculaires gauche et droite en IRM cardiaques est une tâche difficile, et pourtant nécessaire afin d'accéder à la fonction contractile cardiaque. Certaines méthodes commerciales relativement efficaces sont disponibles en routine clinique pour la segmentation du VG sur les images IRM : QMASS MR (Medis, Leiden, Pays-Bas) [27], syngo

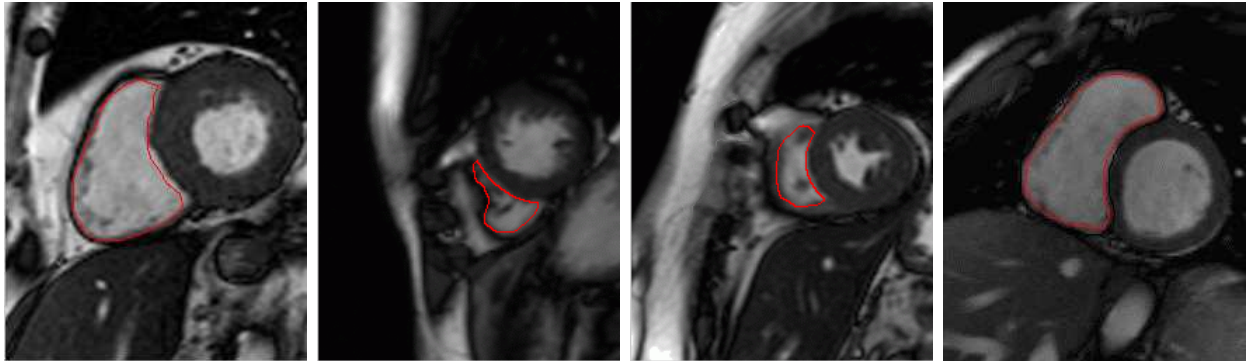


Figure I.19 — Images MR typiques afin d'illustrer la variabilité de la forme du VD (en rouge) chez différents patients.

ARGUS 4D VF (Siemens Medical Systems, Allemagne) [28], CMR42 (Circle CVI, Canada) ou encore CAAS (PIE Medical Imaging, Pays-Bas) [29]. Cependant, ces méthodes commerciales ne permettent pas d'obtenir de bons résultats pour le VD, du fait de sa difficulté à segmenter. La segmentation du VD est actuellement effectuée manuellement en routine clinique. Cette tâche, longue et fastidieuse, nécessite environ 20 minutes pour un expert et est aussi sujette à la variabilité intra et inter-expert. Une méthode de segmentation permettrait d'éviter ces inconvénients, mais doit faire face à un certain nombre de difficultés : le flou aux frontières des cavités en raison de la circulation sanguine, des artefacts d'acquisition et des effets de volume partiel, la présence de trabéculations (irrégularités) dans le VD, qui ont le même niveau de gris que la myocarde environnant, la forme complexe en croissant, qui varie selon le niveau de coupe d'imagerie et selon le patient. Ces difficultés sont probablement l'une des raisons pour lesquelles l'évaluation fonctionnelle du VD a longtemps été considérée comme secondaire par rapport à celle du VG, laissant le problème de segmentation du VD grand ouvert [30]. Le chapitre suivant (II) va ainsi s'intéresser à l'état de l'art concernant la segmentation du VG et du VD sur IRM cardiaques dans la littérature, afin de définir une méthodologie efficace pour cette tâche difficile de segmentation.

Chapitre II

Etat de l'art des méthodes de segmentation des ventricules cardiaques en IRM

Ce chapitre va d'abord s'intéresser aux publications présentant des méthodes de segmentation du VG et/ou du VD en séquence ciné IRM incidence petit-axe, ayant une validation qualitative ou quantitative et des illustrations sur des images MR cardiaques. Cette étude est basée sur la review de Petitjean et Dacher [30] augmentée des dernières publications. La catégorisation proposée par [30] a été reprise : l'ajout d'un *a priori* ou pas à la méthode. Cet *a priori*, s'il existe, peut être faible si la relation est géométrique (VD à gauche du VG, forme circulaire du VG) ou encore biomécanique (mouvement du cœur selon la phase considérée), ou fort par la construction d'un *a priori* de forme statistique. La suite de ce chapitre va d'abord être divisée en 4 parties :

- La section 2 - 1.1 présente les méthodes sans *a priori* ou avec un *a priori* faible. Cette section concerne essentiellement les méthodes basées uniquement sur les intensités de l'image, sur la classification de pixels et sur les modèles déformables.
- La section 2 - 1.2 présente les méthodes utilisant un *a priori* fort et concerne également les modèles déformables mais aussi les modèles actifs de forme et d'apparence, et les méthodes à base d'atlas.
- La section 2 - 1.3 présente et compare les résultats fournis par ces méthodes de la littérature, ainsi qu'une étude des erreurs obtenues.
- Enfin, la section 2 - 1.4 définit la méthodologie de la suite de nos travaux, intégrer un *a priori* fort à une méthode de segmentation.

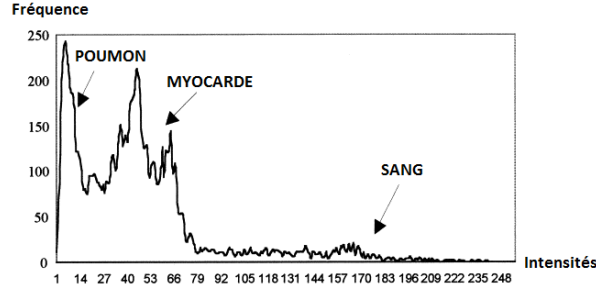
Nous verrons que la méthode des coupes de graphe est particulièrement adaptée à notre problématique de segmentation. Les travaux de segmentation par coupe de graphe en prenant en compte des formes *a priori* sont cependant peu nombreux dans la littérature. Cette technique sera détaillée à la section 2 - 2 .

2 - 1 Segmentation du VG et du VD : état de l'art

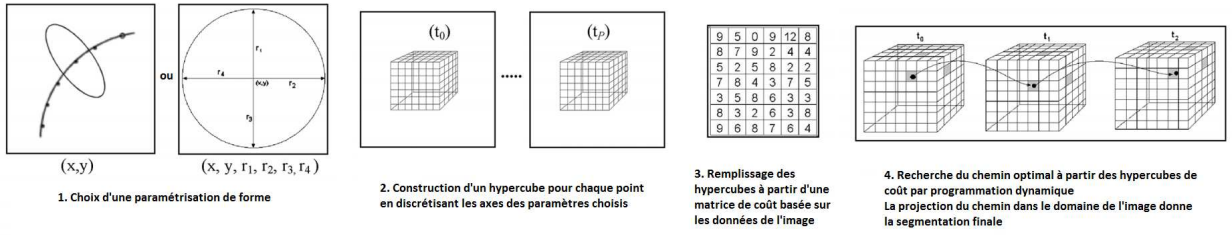
2 - 1.1 Méthodes sans *a priori* ou avec un *a priori* faible de forme

Méthodes basées sur les intensités : Concernant les méthodes reposant uniquement sur les intensités des images, deux techniques ont été principalement utilisées. La première consiste en un seuillage des intensités, permettant de séparer la cavité ventriculaire du reste de l'image [31–34]. Il s'agit de séparer l'histogramme des intensités de l'image en différents modes correspondant aux différents tissus, comme l'illustre la Figure II.1-(a). La seconde consiste à déterminer le chemin optimal dans une matrice de coût (chemin 1D par une transformation en coordonnées polaires du fait de la forme circulaire du VG) assignant un coût faible aux frontières de la cavité par programmation dynamique [35–37]. Cette matrice peut être construite par seuillage [27, 38], par logique floue [39], en utilisant les intensités améliorées par ondelettes [40] ou lignes radiales [41], ou encore les valeurs de gradient pour pondérer un graphe spatio-temporel [42]. Le schéma général multi-dimensionnel de ce type de méthode est donné à la Figure II.1-(b). Un algorithme du plus court chemin a également été proposé [43], sur une image moyenne formée par toutes les phases du cycle cardiaque. Ces méthodes permettent d'obtenir le contour endocardique du VG, qui peut être affiné par certains post-traitements : le calcul de l'enveloppe convexe du contour obtenu [27, 44], l'application d'opérateurs de morphologie mathématique [33, 42] ou encore l'ajustement d'une courbe paramétrique au contour afin de le lisser [45]. Le contour épicaudique lorsqu'il est recherché est déduit du contour endocardique par des opérations de morphologie mathématique ou un modèle spatial incorporant l'épaisseur du myocarde. Ces méthodes nécessitent une interaction utilisateur assez faible pour l'initialisation, allant d'un point au centre du VG au placement d'un cercle aux alentours du contour myocardique. Une interaction plus importante est requise lorsque les contours endocardique et épicaudique sont recherchés simultanément : le tracé manuel des contours sur la première coupe [37, 46, 47]. Ce tracé est alors propagé sur les coupes restantes par des méthodes de *split-and-merge* [46] ou un recalage non-rigide [47].

Méthodes basées sur la classification : Une autre famille de méthodes est particulièrement utilisée dans le domaine de la segmentation d'images médicales : la classification de pixels. Le principe consiste à décrire chaque pixel par un ensemble de caractéristiques, afin de lui attribuer une classe parmi plusieurs. L'attribution de différentes classes aux différents pixels permet de partitionner l'image en régions, et ainsi d'obtenir une segmentation. Deux techniques de partitionnement existent : les méthodes supervisées et les méthodes non-supervisées.



(a) Histogramme d'une image cardiaque et ses modes (d'après [33])



(b) Schéma général de la programmation dynamique multi-dimensionnel (d'après [37])

Figure II.1 – Illustrations concernant les méthodes reposant uniquement sur les intensités des images. (a) pour le seuillage, (b) pour la programmation dynamique.

Les approches supervisées nécessitent une phase d'apprentissage à partir de pixels labellisés, ce qui peut être une tâche fastidieuse, et sont moins nombreuses dans la littérature pour cette application. Un réseau de neurone est généré par [48] à partir de clics manuels sur des pixels du myocarde, de la cavité ventriculaire et du poumon. Un masque spatial peut également être utilisé pour un apprentissage automatique [49], associé à l'algorithme des k plus proches voisins pour la classification, comme par [50]. Des forêts de classification ont également été proposées [51]. Mais les méthodes non supervisées sont les plus utilisées, et plus particulièrement deux techniques classiques : l'ajustement d'un modèle de mélange de gaussiennes (GMM, *Gaussian Mixture Model*), et le *clustering*. Le GMM est un modèle statistique dépendant d'une densité de mélange de K gaussiennes, $p(x|\theta) = \sum_{k=1}^K \omega_k g(x|\mu_k, \Sigma_k)$, où x est un individu sur l'espace vectoriel $\mathbb{R}^D$, ω_k les poids du mélange et $g(x|\mu_k, \Sigma_k)$ les densités des composantes gaussiennes définies par :

$$g(x|\mu_k, \Sigma_k) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{D}{2}} |\Sigma_k|^{\frac{1}{2}}} \exp \left(-\frac{1}{2} (x - \mu_k)^T \Sigma_k^{-1} (x - \mu_k) \right) \quad (\text{II.1})$$

avec μ_k et Σ_k la moyenne et la matrice de covariance de la k -ème composante. Les poids du mélange doivent satisfaire la contrainte $\sum_{k=1}^K \omega_k = 1$. La paramétrisation du GMM est réalisée sur les moyennes, les matrices de covariance et les poids du mélange pour chaque densité, notés $\theta_k = \{\omega_k, \mu_k, \Sigma_k\}$. Pour maximiser la vraisemblance de cette quantité, l'algorithme espérance-

maximisation (EM) [52], qui est une méthode générale de données manquantes, peut être appliqué à l'ajustement du mélange de gaussiennes et permettre l'obtention d'un maximum local. Pour l'application cardiaque, le nombre de gaussiennes correspond au nombre de modes de l'histogramme de l'image : de deux à cinq modes selon les tissus considérés (par exemple : myocarde, gras, fond, cavité ventriculaire), mais des gaussiennes peuvent être ajoutées pour prendre en compte l'effet de volume partiel [53] ou les muscles papillaires [54]. Pour compenser le manque d'informations spatiales, l'ajustement d'un GMM peut précéder une étape basée sur les champs de Markov [55] ou de programmation dynamique [53]. Des techniques de *clustering* ont également été utilisées, consistant à construire une collection d'objets, similaires au sein d'un même groupe, dissimilaires quand ils appartiennent à des groupes différents. La méthode la plus connue est l'algorithme *k-means*, qui tend à réduire :

$$E = \sum_{i=1}^k \sum_{p \in C_i} |p - M_i|^2 \quad (\text{II.2})$$

avec C_i un regroupement correspondant à une classe parmi les k objets, et M_i son barycentre. L'algorithme *k-means* a été appliqué par [56], et une généralisation de cet algorithme permettant une adhésion partielle à un regroupement, nommée *fuzzy C-means*, a été proposée par [57]. Après l'obtention des regroupements, la cavité ventriculaire gauche est identifiée en calculant la distance de chaque regroupement à un cercle [56]. Cependant, les regroupements sont construits à partir du barycentre des objets, ce qui peut poser problème en cas de classes non-convexes (le barycentre pouvant ne pas appartenir à l'objet).

Méthodes basées sur les modèles déformables : Enfin, une dernière famille de méthodes a été particulièrement utilisée : les modèles déformables. Deux grandes familles de modèles déformables ont ainsi été proposées : les modèles paramétriques [58] et les modèles géométriques [59]. Dans le premier cas, la courbe est représentée explicitement pendant la déformation, ce qui permet des implémentations rapides et même du temps réel. Cependant, le changement de topologie est très difficile à gérer. Dans le second cas, la représentation du contour est implicite, ce dernier étant vu comme le niveau 0 d'une fonction scalaire de dimension supérieure. La paramétrisation est donnée après la déformation mais cette méthode permet une adaptation naturelle de la topologie des contours, pour une dimension de l'espace de calculs supérieure. Les deux modèles sont sensibles à l'initialisation. Plus précisément dans le cas des modèles paramétriques, le contour déformable est une courbe $v(s) = [x(s), y(s)]$, avec $s \in [0, 1]$ l'abscisse curviligne, qui se déforme vers une position qui minimise la fonctionnelle d'énergie

$E_{totale} = E_{interne}(v(s)) + E_{externe}(v(s))$. L'énergie interne classique est définie par :

$$E_{interne}(v(s)) = \int_0^1 \alpha(s) \left(\frac{\partial v(s)}{\partial s} \right)^2 + \beta(s) \left(\frac{\partial^2 v(s)}{\partial s^2} \right)^2 ds \quad (\text{II.3})$$

avec $\alpha(s)$ le coefficient d'élasticité sur la longueur du contour et $\beta(s)$ le coefficient de rigidité sur la courbure du contour. Le terme $E_{externe}(v(s))$ est classiquement défini par une intégrale d'un potentiel de force $E_{externe}(v(s)) = \int_0^1 P(v(s)) ds$, c'est-à-dire avec une valeur basse sur les contours des objets de l'image. Par exemple, avec les informations de gradient :

$$P(x, y) = -w|\nabla I(x, y)|^2 \quad (\text{II.4})$$

Le contour $v(s)$ minimisant l'énergie totale, c'est-à-dire proche des contours des objets de l'image en évitant les étirements et fléchissements, peut alors se poser comme un problème variationnel. Dans la plupart des travaux de la littérature, le terme classique de régularisation basé sur la courbure est utilisé. La force externe quant à elle peut être basée sur le gradient [35, 36, 60] ou encore sur une mesure d'homogénéité de région [61–64]. Des termes ont été ajoutés pour améliorer la robustesse de la méthode, comme le flux de vecteur gradient [65–70], des termes de recouvrement des distributions d'intensité [71] ou des modèles paramétriques de forme pour contraindre le contour à être lisse [63, 72, 73]. Les modèles déformables ont également été étendus en 3D [66, 74–76], en utilisant des modèles de maillage 3D. Le but est d'obtenir les contours ventriculaires sur le cycle cardiaque complet, à partir de contraintes temporelles d'évolution. Ces dernières peuvent être des trajectoires moyennes de points [75, 77], une approche couplée recalage/segmentation [78] ou des modèles biomécaniques [66, 79–83]. Pour ces derniers, le myocarde est modélisé par un tissu élastique linéaire à partir d'un ensemble de paramètres (par exemple le rapport de Poisson ou le module de Young), intégré à la matrice de rigidité [66, 79]. Le maillage est ensuite déformé en utilisant une force dépendant de l'image et une force interne dépendant du modèle biomécanique, utilisé en tant que terme de régularisation. Le but est alors de minimiser l'énergie globale, couplant les données de l'image avec les déformations du modèle.

Discussion : De nombreuses méthodes utilisant peu ou pas d'*a priori* dans un but de segmentation des ventricules sur IRM cardiaques ont été développées. Ces méthodes nécessitent pour la plupart une interaction utilisateur, qu'elle soit faible ou importante. Bien que les méthodes basées uniquement sur les intensités ou sur la classification de pixels ne permettent pas facilement l'intégration d'*a priori* de forme fort, les modèles déformables ont été très étudiés dans ce sens.

2 - 1.2 Méthodes avec un *a priori* fort de forme

D'une façon générale, la segmentation d'organe en imagerie médicale peut être guidée par l'utilisation de modèles de formes et/ou d'intensités, afin d'augmenter sa robustesse et sa précision [84]. Ceci est particulièrement vrai si la forme considérée ne varie pas fortement d'un individu à un autre. L'utilisation d'un *a priori* de forme dans un but de segmentation requiert trois étapes :

- (i) L'alignement des formes de l'ensemble d'apprentissage, afin de compenser les différences de position et de taille des objets à segmenter. Cette tâche peut être particulièrement difficile en 3D. Une forme quelconque de l'ensemble est classiquement choisie en tant que référence. Un recalage affine de chaque forme est alors réalisé sur cette référence. Ces opérations peuvent être itérativement recommencées en calculant la forme moyenne de la base et en l'utilisant comme référence. De nombreuses méthodes ont été proposées pour réaliser cette étape [85–89].
- (ii) La définition mathématique d'une représentation et d'une modélisation des formes. Dans la littérature, les formes sont représentées soit par un modèle explicite tel que le modèle de distribution de points (PDM, *Point Distribution Model*) [5], soit par un modèle implicite tel que la fonction distance signée (SDF, *Signed Distance Function*) [90], ou encore par leurs intensités. Le principe est de calculer la forme ou image moyenne puis de modéliser les variabilités présentes dans la base d'apprentissage. Une alternative est l'analyse en composantes principales (ACP), qui consiste en une décomposition en valeurs propres de la matrice de covariance de l'ensemble des formes. Cette dernière permet l'obtention des vecteurs propres représentant les variabilités par rapport à la moyenne de l'ensemble d'apprentissage. Il est alors possible de décrire toute nouvelle forme par une combinaison linéaire de la moyenne et de ses vecteurs propres pondérés. Les détails de cette technique sont données au chapitre III.
- (iii) Le choix d'une méthode de segmentation intégrant ce modèle de forme. Initialement proposée dans le cadre des modèles déformables, la modélisation PDM a par exemple été utilisée essentiellement avec les modèles actifs de forme (ASM, *Active Shape Model*) et d'apparence (AAM, *Active Appearance Model*) [5]. Il s'agit ainsi d'intégrer le modèle à une méthode afin de guider la segmentation en prenant en compte les variabilités définies par la base d'apprentissage. Ce choix doit être fait en fonction du modèle de formes réalisé.

Les méthodes de segmentation et les modèles de forme sont considérés ensembles, et généralement adaptés conjointement. Trois catégories sont habituellement utilisées afin de classer les méthodes basées sur les modèles statistiques : la segmentation par *a priori* de formes [84],

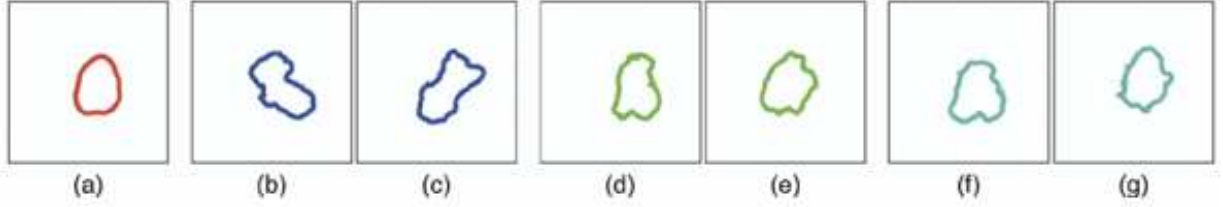


Figure II.2 – Variabilité de forme du VG obtenue par ACP. (a) forme moyenne, (b)-(c) déformations selon le premier axe de variation, (d)-(e) selon le second axe de variation, (f)-(g) selon le troisième axe de variation (d'après [85]).

les ASM et AAM [91] et les méthodes basées atlas [92]. La principale différence entre ces méthodes réside dans la réalisation de l'étape (iii), i.e. l'utilisation du modèle dans la méthode de segmentation.

Modèles de formes : L'utilisation d'un *a priori* fort dans le cadre des modèles déformables que nous avons vu précédemment consiste à introduire un nouveau terme à la fonctionnelle d'énergie, qui va prendre en compte une contrainte anatomique. Cette dernière peut être une carte des distances signées à une référence, dont le critère à minimiser intègre des paramètres d'alignement à cette référence [78]. Cet alignement permet de déduire une fonction de probabilité de densités, qui peut être intégrée à l'équation d'évolution [93] ou intégrée à la fonctionnelle d'énergie de la méthode des coupes de graphe [94]. La contrainte anatomique peut également être basée sur la réalisation préliminaire d'une ACP sur une base d'apprentissage [85, 95], dont les paramètres d'alignement et les poids des formes propres sont mis à jour itérativement en minimisant les termes d'énergie basés région. Un exemple de cette modélisation du VG est présenté à la Figure II.2. Ces approches permettent une propagation couplée de l'endocarde et de l'épicarde du VG selon un modèle de distances [78, 93, 95]. Enfin, d'autres approches reposent sur une formulation bayésienne afin de considérer l'aspect temporel dans la segmentation. Le modèle de forme est formé à partir d'une ACP [96] ou à partir d'une représentation de Fourier dont les paramètres sont appris sur une base d'apprentissage étiquetée [54]. La méthode de segmentation repose sur une estimation du maximum *a posteriori* selon le modèle statistique de l'image. Le terme de régularisation est basé sur l'*a priori*, composé d'un modèle de forme et d'un modèle de mouvement, permettant le suivi des contours ventriculaires selon le temps.

PDM : Une autre famille de méthodes a été très utilisée depuis leur définition par [5] : les modèles actifs de forme. Ils consistent en un modèle de distribution de points, appris sur une base de données contenant de nombreux exemples alignés. Une analyse en composantes

principales est réalisée afin de diminuer l'espace de représentation et permet de commander le modèle en réglant un nombre limité de paramètres, la seule limitation à la flexibilité du modèle étant les variations données par la base d'apprentissage (les détails de l'ACP sont données au chapitre III). La segmentation est réalisée en estimant itérativement les paramètres de translation, rotation et échelle par la méthode des moindres carrés sur l'image à segmenter. Le principe des ASM a été étendu à la modélisation des intensités des images, donnant les modèles actifs d'apparence [97]. La méthode des AAM a été appliquée à la segmentation de l'endocarde et de l'épicarde du VG [98, 99], puis des approches hybrides ASM/AAM ont été proposées [100–102]. Ces approches permettent de combiner les avantages des deux techniques : les AAM sont optimisés sur l'apparence globale et proposent donc une solution avec des bords imprécis, alors que les ASM permettent une bonne définition des structures locales selon [100]. L'apport de cette approche hybride sur les erreurs de segmentation est donné à la Figure II.3. Pour [101], des AAM 2D permettent de déterminer les contours sur chaque image, pendant que l'ASM 3D permet l'obtention d'une cohérence globale du modèle. Des variantes ont été proposées au cadre général : l'utilisation d'une analyse en composantes indépendantes au lieu de l'ACP pour la modélisation [103], l'introduction de caractéristiques invariantes aux ASM [104], ces deux derniers travaux se limitant cependant aux coupes mi-ventriculaires sur des images ED. On peut noter que trois méthodes spécifiques à la segmentation du VD ont été proposées dans ce cadre de segmentation : dans [105], la recherche locale des points de correspondance pendant la phase de segmentation de l'ASM est améliorée par un estimateur robuste dénommé *Robust Matching Point* ; dans [106], un modèle d'apparence est construit sur des noyaux de produits de probabilités à partir d'un seul patient, les contraintes se basant alors sur des fonctionnelles non-linéaires, résolues par partie par relaxation convexe ; enfin, dans [107], un ASM est appliqué en utilisant des relations sur les variations inter-profil. La dimension temporelle a également été prise en compte avec cette famille de segmentation, avec les modèles actifs d'apparence et de mouvement en 2D + temps (AAMM), en considérant directement une séquence d'images sur un cycle complet [108]. Ce modèle permet d'obtenir rapidement l'ensemble des segmentations sur un cycle cardiaque, bien que limité aux coupes mi-ventriculaires. Enfin, l'extension en 3D des ASM et des AAM a également été étudiée [109–111]. Celle-ci n'est cependant pas aisée puisqu'elle nécessite des points de correspondance entre les formes en 3D, et une augmentation du temps de calcul en considérant la taille des données.

Atlas : Dernière famille de méthodes particulièrement utilisée, les atlas, décrivant les différentes structures présentes dans un type donné d'image. Un atlas est composé d'une image des intensités et d'une carte de labels associée. Il peut être généré à partir d'une segmentation

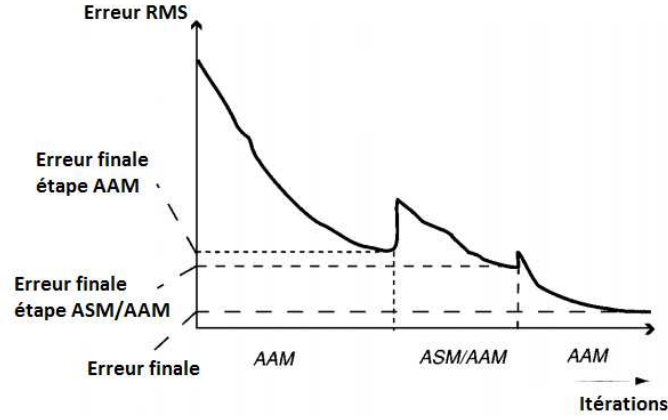


Figure II.3 – Erreurs RMS de segmentation selon les différentes étapes d'une approche hybride ASM/AAM [100].

manuelle ou en intégrant les informations provenant d'images segmentées sur plusieurs individus. Le principe de cette technique est de recaler l'atlas labellisé sur l'image à segmenter, puis d'appliquer la transformation T obtenue à l'atlas afin d'obtenir la segmentation finale, comme l'illustre la Figure II.4. Très utilisée pour la segmentation du cerveau [112], les atlas ont également été appliqués à la segmentation du cœur, à travers plusieurs méthodologies pour sa construction : à partir d'une seule image segmentée [113], d'un résultat moyen de segmentation à partir d'un ensemble d'images [114, 115] ou d'un ensemble d'atlas [116]. Un recalage non rigide (NRR) est alors réalisé afin de cartographier l'atlas sur un nouvel individu. Ce type de transformation prend en compte les déformations élastiques, et consiste à maximiser une mesure de similarité entre une image source (l'atlas) et une image cible ou référence (l'image à segmenter). De nombreux critères ont été proposés : la différence absolue des intensités (SAD), la différence des intensités au carré (SSD), l'information mutuelle (MI) et normalisée (NMI) [117] basée sur les distributions individuelles et jointes des intensités. Cependant, la maximisation seule d'un critère de similarité donne lieu à des équations sous-contraintes. Le recalage non-rigide nécessite ainsi l'utilisation de contraintes additionnelles. Ainsi, l'espace de transformation peut être restreint aux transformations paramétriques, telles que les splines cubiques [113], ou basée sur les formes propres déterminées par une ACP [115]. Une autre possibilité est d'ajouter un terme de régularisation au critère de similarité, tel que le modèle des fluides visqueux classique [116] ou un modèle statistique [115]. Les atlas probabilistes ont également été utilisés pour initialiser les paramètres d'un algorithme EM [114]. La segmentation obtenue après convergence de l'algorithme EM est alors affinée en utilisant des informations contextuelles modélisées à partir de champs de Markov.

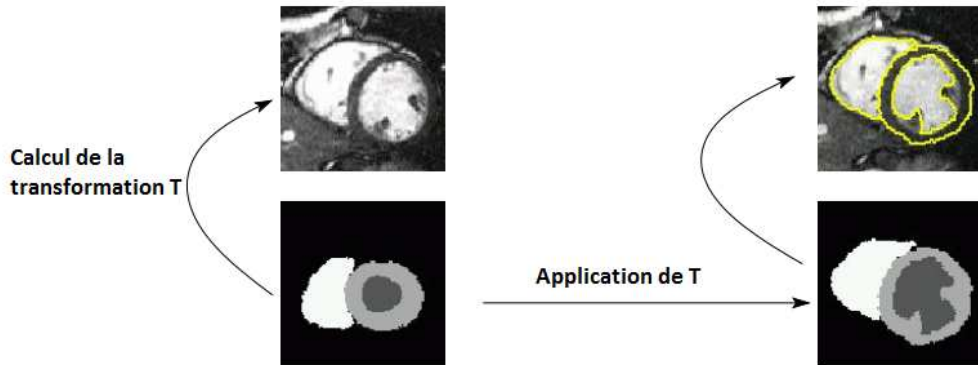


Figure II.4 – Illustration du recalage d'un atlas sur une image à segmenter, selon une transformation T (d'après [113]).

Discussion : Le choix d'une modélisation particulière impose certaines contraintes. Par exemple, les ASM ne peuvent pas modéliser des variations non présentes dans l'ensemble d'apprentissage. Certains auteurs tentent de s'affranchir de ce problème en introduisant une autre source d'information, par exemple une segmentation manuelle de la première coupe [102]. La méthode est alors plus robuste mais perd l'avantage d'être indépendante de l'utilisateur. Le cadre du recalage non-rigide est beaucoup plus flexible puisqu'il permet la modélisation de formes inconnues de l'ensemble d'apprentissage, mais n'impose aucune contrainte anatomique à la transformation. De ce fait, la composition de l'atlas n'a que peu d'influence sur le résultat de segmentation finale puisqu'il ne sert que de point de départ au recalage [116].

2 - 1.3 Comparaison des méthodes, résultats et étude des erreurs

Toutes les méthodes présentées précédemment ne traitent pas les différentes difficultés de segmentation de la même manière. Très peu de méthodes sont dédiées à la segmentation du VD, la plupart étant dédiée au VG. Certaines proposent cependant une segmentation conjointe des deux ventricules. Comme mentionné précédemment, les caractéristiques physiques du VD ainsi que son rôle moins vital que le VG ont restreint les efforts portés sur sa segmentation. Cependant, l'IRM devenant un outil standard et le plus précis dans l'évaluation de la fonction cardiaque du VD, l'intérêt de sa segmentation et du calcul de son volume a fortement augmenté [2, 3]. A cause de la forte variation de la forme du VD, les méthodes dédiées à sa segmentation reposent sur des *a priori* forts, et en particulier sur des méthodes basées atlas de par leur flexibilité. De plus, comme expliqué au chapitre I, la segmentation des images en ED et ES est suffisante à l'estimation de la fonction contractile cardiaque en routine clinique. C'est pourquoi peu de méthodes exploitent les informations fournies par le mouvement cardiaque (en fonction

du temps), en plus de la complexité et de la variabilité d'un modèle de mouvement. L'utilisation de la dimension temporelle peut cependant aider la segmentation à obtenir des solutions cohérentes. Le suivi des contours selon le temps peut être fait avec ou sans connaissance externe, et dans ce dernier cas, reposer sur les propriétés intrinsèques de la méthode de segmentation. Les approches variationnelles des modèles déformables sont ainsi des outils performants pour le suivi [66, 71, 73, 118]. Des améliorations de propagation des contours ont également été proposées, comme le suivi en avant et en arrière dans le temps [73] ou une contrainte de position sur le contour d'après des préférences de l'utilisateur à travers des profils d'intensité [118]. La propagation a également été réalisée par des techniques de recalage non-rigide, à partir de contours initialisés manuellement ou d'atlas du cœur [47, 113, 116]. Le problème de segmentation est alors vu comme un problème de recalage, ajuster une image segmentée sur une autre inconnue, et appliquer la transformation afin d'obtenir le nouveau contour déformé. La segmentation et le recalage peuvent également être couplés pour chercher conjointement les contours endocardique et épicaudique et une transformation d'alignement à une forme de référence [78]. Les contours endocardique et épicaudique peuvent être traités séparément (notamment avec les méthodes basées images ou classification de pixels) ou simultanément (notamment avec les méthodes basées sur des modèles). Le traitement des muscles papillaires a également fait l'objet de questionnement : bien qu'ils n'appartiennent pas à la cavité du VD (et devraient être exclus au calcul du volume), ils lui sont souvent intégrés pour des raisons de reproductibilité. Certaines méthodes proposent cependant leurs segmentations, afin de permettre au radiologiste de les intégrer ou pas à la cavité [53, 56]. On peut remarquer dans les travaux de la littérature que l'utilisation d'interaction avec l'utilisateur est corrélée à l'utilisation d'informations *a priori* : les méthodes sans ou avec un *a priori* faible nécessitent une interaction utilisateur de limité à avancé, lorsque l'utilisation d'un *a priori* fort permet une automatisation des méthodes. Les interactions peuvent être faites pendant la phase d'initialisation ou pendant le processus de segmentation.

Critères d'évaluation : L'évaluation de la qualité de segmentation varie grandement en fonction des différents travaux de la littérature. Certains ne présentent que des résultats visuels, lorsque d'autres utilisent différents indices entre le contour manuel par un expert et le contour (semi-)automatique (score de recouvrement, distance perpendiculaire moyenne entre les contours, volume et masse ventriculaire, fractions d'éjection). Néanmoins, lorsque des résultats quantitatifs sont fournis, la distance perpendiculaire moyenne (P2C, *point to curve*) est souvent utilisée dans la littérature. Les comparaisons entre les méthodes doivent cependant être l'objet d'une attention particulière. En effet, chaque étude propose sa propre base d'évaluation,

qui diffère sur le nombre d'images, le nombre et la nature des patients (sains ou pathologiques), la phase du cycle cardiaque (ED, ES, toutes les phases), les niveaux de coupe (que les coupes mi-ventriculaires ou tous les niveaux de coupe). Ces études ne présentent parfois pas toutes ces informations. Pourtant, ces conditions ont une influence sur les résultats de segmentation (par exemple les coupes apicales sont beaucoup plus difficiles à segmenter que les coupes basales et mi-ventriculaires). Le tableau II.1 présente un certain nombre de résultats de la littérature pour la segmentation du VG et/ou du VD sur IRM cardiaques, en présentant ces informations. Les dernières lignes de ce tableau présentent les résultats obtenus au challenge de segmentation du VG de MICCAI 2009, composé de deux bases (une pour l'apprentissage, une pour le test). Les résultats sont donnés sur une ou les deux bases selon le type de la méthode. Les méthodes de cette compétition sont représentatives de celles présentes dans la littérature : des techniques basées images [119, 120], basées ASM et AAM [121, 122], sur les modèles déformables [83, 123], les méthodes de montées des eaux 4D [124] ou du recalage [125].

Comparaison : Le choix de la distance perpendiculaire moyenne entre le résultat de la méthode et les contours tracés manuellement par un expert du tableau II.1 permet la comparaison avec la variabilité intra et inter-observateur du contourage manuel, qui est de l'ordre de 1 à 2 mm [115, 124, 126, 127]. Les résultats se comparent favorablement à cette valeur en moyenne. On peut remarquer que l'erreur de segmentation est supérieure pour l'épicaire que pour l'endocarde. Les résultats obtenus sur les images ED sont également meilleurs que ceux des autres phases. Il est à noter que certaines méthodes se restreignent à la segmentation d'un nombre réduit de coupes mi-ventriculaires (en particulier pour le VD), montrant la difficulté de segmentation des coupes extrêmes apicales et basales. De plus, les erreurs de segmentation sont plus importantes pour le VD que pour le VG. Certaines études confirment de plus grandes difficultés de segmentation pour les coupes apicales en présentant la distribution spatiale des erreurs [43, 44, 128]. Dans nos travaux [128], la distribution des erreurs du P2C pour le VG et le VD pour une méthode basée sur les contours actifs sans bords montre de fortes erreurs à l'apex et en particulier en ES (voir Figure II.5).

Conclusion : A cause des différentes conditions de test, il est difficile de tirer des conclusions définitives. Le challenge MICCAI'09 de segmentation du VG montre que les techniques basées images [119, 120] donnent les meilleurs résultats, mais ces méthodes ne traitent pas toutes les phases et nécessitent une interaction avec l'utilisateur. Certains résultats sont ainsi intéressants [119, 120, 123] mais sont spécifiques à la segmentation du VG et ne peuvent être appliqués au VD, contrairement aux méthodes proposées par [121, 122]. Le choix d'une méthode doit reposer

II.2 - 1 Segmentation du VG et du VD : état de l'art

Tableau II.1 — Résultats de segmentation pour le VG et le VD dans la littérature. N : nombre de patients, S/P : sain (S) et pathologique (P), Co : nombre de coupes (mi : mi-ventriculaire), épi : épicarde, endo : endocarde.

Auteurs	N	S/P	Co	Phases	Erreurs moyennes (mm)		
					VG épi	VG endo	VD endo
Sans ou avec un <i>a priori</i> faible							
Basé image							
[37]	20	2/18	8-12	Toutes	1.77 ± 0.57	1.86 ± 0.59	-
[43]	19	-	Toutes	ED, ES	2.91	2.48	-
[42]	18	0/18	9-14	ED, ES	1.42 ± 0.36	1.55 ± 0.23	-
Classification de pixels							
[56]	25	-	5-12	ED, ES	1.31 ± 1.86	0.69 ± 0.88	-
Modèles déformables							
[118]	69	-	9/14	ES	1.84 ± 1.04	2.23 ± 1.10	2.02 ± 1.21
[69]	13	-	3	ED	1.3 ± 0.7	0.6 ± 0.3	-
Avec un <i>a priori</i> fort							
<i>A priori</i> de forme							
[95]	121	0/121	7-10	ED	2.62 ± 0.75	2.28 ± 0.93	-
				ES	2.92 ± 1.38	2.76 ± 1.02	-
[54]	30	-	5	ED	1.98	1.34	-
				ES	2.74	2.62	-
[93]	4	-	-	Toutes	1.83 ± 1.85	0.76 ± 1.09	-
ASM / AAM							
[100]	20	11-9	3 mi	ED	1.75 ± 0.83	1.71 ± 0.82	2.46 ± 1.39
[108]	25	-	3 mi	Toutes	0.77 ± 0.74	0.63 ± 0.65	-
[109]	56	38/18	8-14	ED	2.63 ± 0.76	2.75 ± 0.86	-
[104]	74	13/61	3 mi	5	1.52 ± 2.01	1.80 ± 1.74	1.20 ± 1.47
[127]	15	15/0	10-12	ED	2.23 ± 0.46	1.97 ± 0.54	-
[105]	13	-	-	ED	-	-	1.1
[106]	20	-	Toutes	20	-	-	2.30 ± 0.12
[102]	25	25/0	-	Toutes	1.67 ± 0.3	1.81 ± 0.4	2.13 ± 0.39
	25	0/25	-	Toutes	1.71 ± 0.45	1.97 ± 0.58	2.92 ± 0.73
Atlas							
[114]	10	0/10	3 mi	Toutes	2.99 ± 2.65	2.21 ± 2.22	2.89 ± 2.56
				ED	2.75 ± 2.62	1.88 ± 2.00	2.26 ± 2.13
[115]	25	25/0	4-5	ED	2.77 ± 0.49	2.01 ± 0.31	2.37 ± 0.5
Challenge MICCAI 2009							
[83]	15	3/12	6-12	ED, ES	2.72	-	-
[122]	15	3/12	6-12	ED, ES	2.29	2.28	-
[120]	15	3/12	6-12	ED, ES	2.07 ± 0.61	1.91 ± 0.63	-
[124]	-	-	6-12	ED, ES	3 ± 0.59	2.6 ± 0.38	-
[123]	30	6/24	6-12	ED, ES	2.04 ± 0.47	2.35 ± 0.57	-
[125]	30	6/24	6-12	ED, ES	2.26 ± 0.59	1.97 ± 0.48	-
[119]	30	6/24	6-12	ED, ES	2.06 ± 0.39	2.11 ± 0.41	-
[121]	30	6/24	6-12	ED, ES	3.73	3.16	-

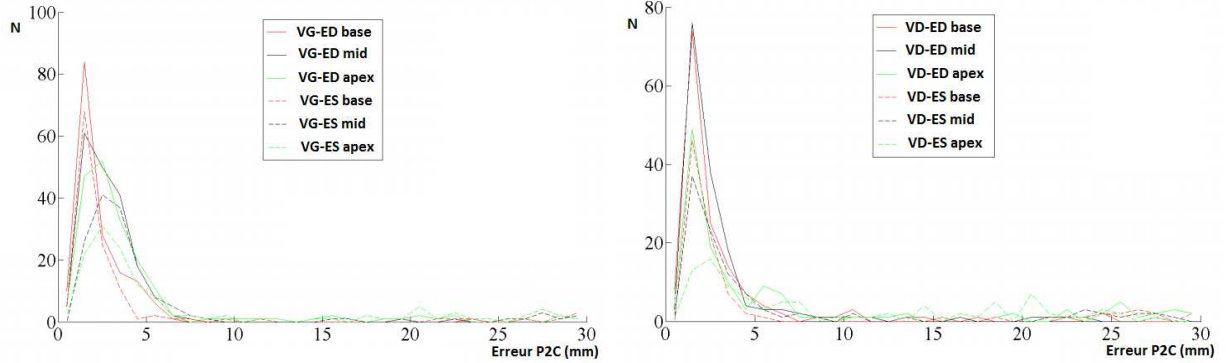


Figure II.5 – Distribution des erreurs de P2C selon les niveaux de coupes (base, mid, apex) et la phase (ED, ES) pour le VG (à gauche) et le VD (à droite). N est le nombre d'images. Issue de nos travaux [128].

sur un compromis entre performance et généricité et tenir compte des difficultés de segmentation de certaines coupes (apicales et phase ES en particulier). On peut remarquer que la méthode des coupes de graphe n'a été que peu exploitée dans ce but.

2 - 1.4 Choix d'une méthodologie

Nous avons observé qu'il est difficile de conclure sur la supériorité d'une méthodologie, puisque les expérimentations ont été réalisées sous diverses conditions et sur des bases différentes. On peut néanmoins remarquer que les résultats sont satisfaisants pour la segmentation du VG, en particulier sur les coupes mi-ventriculaires, puisque la précision est de l'ordre de la variabilité du tracé manuel. Les améliorations pour le VG sont ainsi limitées aux coupes extrêmes basales et apicales. Au contraire, on remarque qu'un nombre limité de travaux s'est attaqué à la segmentation du VD. En effet, cette tâche est toujours critique, due à la difficulté de délinéation du VD, dont la forme est très variable et dont les contours sont mal définis, en particulier sur les coupes apicales. De plus, il n'existe pas de base publique conséquente d'IRM cardiaques labellisées pour le VD. Si le problème de segmentation du VD est toujours actuel, il l'est en partie du fait d'un manque de données publiques et de protocoles d'évaluation permettant de comparer les performances des différentes méthodes proposées. Aujourd'hui, de telles bases de données pour le VG sont disponibles (en particulier les données du challenge MICCAI 2009), ce qui n'est pas le cas pour VD. Il est ainsi nécessaire de créer cette base étiquetée pour le VD, cette tâche de segmentation très difficile présentant un intérêt croissant pour la communauté. C'est pourquoi nous avons organisé un challenge de segmentation du VD MICCAI'12, comme nous le verrons au chapitre V. L'avantage est de permettre une comparaison

honnête entre les futures méthodes proposées. A partir de cette base, notre méthodologie de segmentation du VD en IRM cardiaques s'articule autour de deux axes :

- La définition d'un *a priori* de forme. La segmentation du VD est une tâche difficile et nécessite l'utilisation d'informations *a priori* fortes afin de guider la segmentation. L'analyse en composantes principales a été très utilisée dans la littérature, et a prouvé son efficacité. Cette piste doit être étudiée pour la modélisation de la forme du VD dans un but de segmentation.
- L'intégration de cet *a priori* de forme dans un cadre de segmentation. Dans la littérature, de nombreuses pistes ont été étudiées, mais la représentation de l'image par un graphe [4, 129], et plus particulièrement la méthode des coupes de graphe (relativement récente) n'a été que peu explorée, notamment quant à l'ajout d'un *a priori* fort à la méthode. La méthode des coupes de graphe est basée sur une optimisation globale d'une fonction de coût et est très efficace et rapide en 2D. De plus, la méthode est assez flexible pour prendre en compte assez facilement des informations de forme. Enfin, bien que notre objectif premier soit la segmentation du VD (segmentation binaire), cette méthode permet facilement une extension en multi-labels.

Notre objectif est ainsi d'utiliser la souplesse de la méthode des coupes de graphe et de son faible coût de calcul afin de proposer une approche de segmentation efficace basée sur un *a priori* de forme fort, afin de l'appliquer à la segmentation du VD en IRM cardiaques. La prochaine partie de ce chapitre présente ce cadre général de segmentation.

2 - 2 Méthode des coupes de graphe

La méthode des coupes de graphe, ou *graph cuts* (GC), est une technique polyvalente qui a suscité un fort intérêt depuis son introduction [4, 130]. Avant de définir plus formellement les GC dans la suite de cette partie, voyons le principe de cette méthode à travers la construction d'un graphe sur une image. Considérons un champ d'observation, telle que l'image de la Figure II.6-(a), composée de i pixels. Le but est de réaliser une segmentation binaire de cette image, les intensités claires formant l'objet et les intensités foncées le fond. Chaque pixel correspond à un nœud dans le graphe (Figure II.6-(b)). Afin de représenter l'objet et le fond, deux nœuds sont ajoutés, appelés nœuds terminaux : la source S (représentant l'objet) et le puits T (représentant le fond). Des liens sont créés entre les nœuds et les nœuds terminaux, appelés *t-links* (Figure II.6-(c)). Ces liens sont pondérés par un terme région $R_i(\omega)$ qui est un terme d'attache aux données (Figure II.6-(d)). En considérant notre définition initiale de l'objet et du fond, ce poids

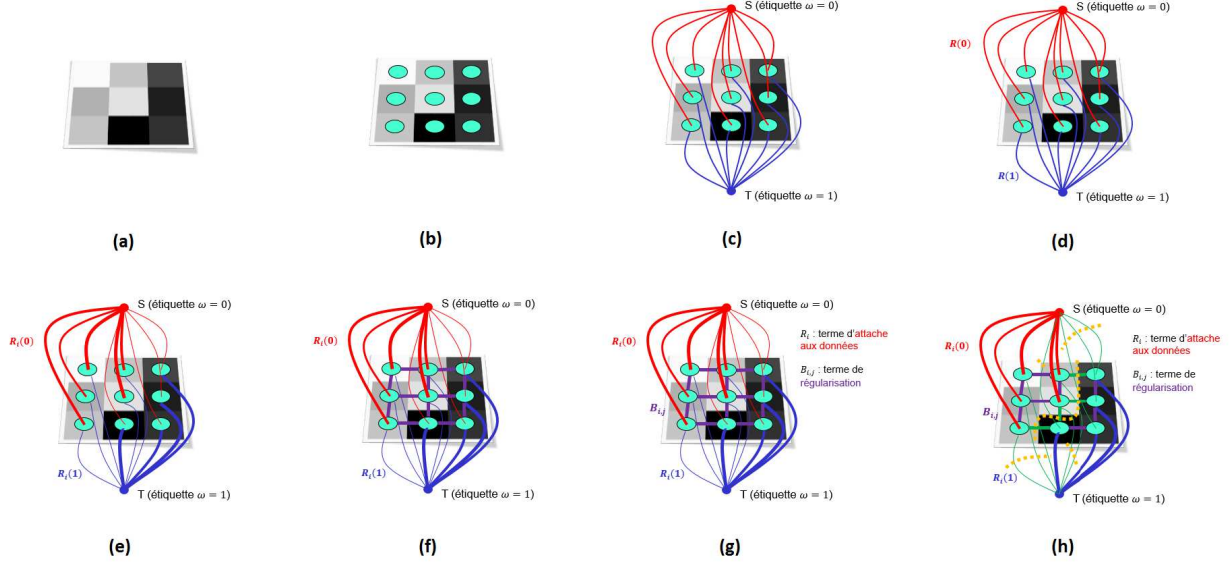


Figure II.6 – Principe de la méthode des GC à partir de la construction d'un graphe. Plus de détails dans le texte.

est fort entre les pixels clairs et la source S et entre les pixels foncés et le puits T , modélisé par un lien plus large (Figure II.6-(e)). Des liens sont également créés entre les pixels voisins, appelés *n-links* (Figure II.6-(f)). Ces liens sont pondérés par un terme de régularisation $B_{i,j}$ (Figure II.6-(g)). Le graphe est alors totalement défini. La méthode des GC permet de déterminer la coupe d'énergie minimale, modélisée par des lignes discontinues jaunes sur la Figure II.6-(h), définissant le partitionnement final et ainsi la segmentation.

2 - 2.1 Modèle d'énergie d'une coupe

Le modèle d'énergie classique utilisé avec les GC est composé de deux termes distincts : un terme région et un terme contour. Le terme région, noté $R_p(A_p)$, assigne un coût à un pixel $p \in \mathcal{P}$ (avec $\mathcal{P}$ l'ensemble des pixels de l'image) d'appartenir à A_p , où A représente une labellisation et $R_p(A_p)$ le coût tel que p appartienne à A . Ce coût est généralement déterminé à partir de l'intensité du pixel p par rapport à la distribution des intensités connue de la labellisation A_p . Le terme contours, noté $B_{p,q}(A_p, A_q)$, assigne un coût à chaque paire de pixels p et q voisins (noté alors $\{p, q\} \in \mathcal{N}$). Le voisinage d'un pixel p , noté $\mathcal{N}$, est défini comme un ensemble de pixels proche de p selon une distance qui reste au choix de l'utilisateur, avec comme seule condition la symétrie : si p est voisin de q , alors q est voisin de p . Les voisinages les plus utilisés sont les connexités 4 et 8. Ce terme prend en compte les interactions de paire de pixels et cherche à regrouper les pixels proches du point de vue de l'intensité dans un même objet, et au contraire

à séparer en plusieurs objets deux pixels ayant des intensités très différentes. Ce terme peut ainsi être vu comme un terme de régularisation. Le modèle d'énergie pour une image est alors donnée par :

$$E(A) = R(A) + \lambda B(A) \quad (\text{II.5})$$

où :

$$R(A) = \sum_{p \in \mathcal{P}} R_p(A_p) \quad (\text{II.6})$$

$$B(A) = \sum_{\{p,q\} \in \mathcal{N}} B_{p,q}(A_p, A_q) \quad (\text{II.7})$$

avec λ une constante déterminant le poids de la régularisation. Nous avons prétendu précédemment que la méthode des GC permet d'obtenir une optimisation exacte. Afin de le prouver, il est nécessaire de déterminer le *maximum a posteriori* (MAP) de ce modèle d'énergie, permettant une explication probabiliste de la définition de segmentation optimale. L'utilisation de ce modèle d'énergie est justifiée par le fait qu'il peut être utilisé pour optimiser une estimation du *maximum a posteriori* (MAP) d'un champ de Markov aléatoire (MRF). Le MAP détermine la segmentation A^* ayant la plus forte probabilité d'être en adéquation avec les données D contenues dans l'image, tel que :

$$A^* = \arg \max_A P(A|D) \quad (\text{II.8})$$

Afin de déterminer l'estimation du MAP, il est nécessaire de faire certaines hypothèses sur les données permettant de simplifier cette estimation. La première hypothèse concerne les labels L_p , indiquant l'objet auquel p appartient. Ces derniers doivent être des variables aléatoires et l'ensemble des labels $L = \{L_1, L_2, \dots, L_{|\mathcal{P}|}\}$ forment alors un MRF, *i.e.* un ensemble de variables aléatoires, ayant chacune un voisinage symétrique $\mathcal{N}$ formant un sous-ensemble de variables aléatoires. La propriété principale des MRF est l'hypothèse de Markov : la probabilité qu'une variable aléatoire prenne une valeur selon toutes les autres du champ est égale à celle donnée par son voisinage seul [131]. Cette hypothèse peut se traduire par $P(L_p = A_p|A) = P(L_p = A_p|A_{\mathcal{N}_p})$ où $A = \{A_1, A_2, \dots, A_{|\mathcal{P}|}\}$ est la labellisation de l'image et $A_{\mathcal{N}_p}$ la labellisation des pixels dans le voisinage $\mathcal{N}_p$. Pour définir un MRF, il faut également définir une taille de clique, ces derniers étant des groupes de pixels entièrement connectés. Cette taille dicte les hypothèses d'indépendance entre les pixels voisins de p lors du calcul de la probabilité de p à un label particulier. Pour des cliques de taille c , alors $P(L_p = A_p|A_{\mathcal{N}_p})$ est un produit de $P(L_p = A_p|C)$ pour chaque clique $C \in \mathcal{N}_p \cup p$ ayant la taille c . Cette taille de clique va dépendre du voisinage

considéré : une connexité 4 ne permet que des cliques de taille 2, alors qu'une connexité 8 permet des tailles de 2, 3 ou 4. Pour simplifier les calculs, la taille typique choisie est de 2 et donc $P(L_p = A_p | A_{\mathcal{N}_p}) = \prod_{q \in \mathcal{N}_p} P(L_p = A_p | A_q)$. Ainsi, le label d'un pixel p , en ne considérant qu'un unique voisin q , est indépendant de tout autre pixel voisin. Cette formulation permet d'utiliser la théorie associée aux MRF, et plus particulièrement le théorème Hammersly-Clifford (H-C) :

$$P(L = A) \propto \prod_{\{p,q\} \in \mathcal{N}} V_{p,q}(A_p, A_q) \quad (\text{II.9})$$

avec $V_{p,q}(A_p, A_q)$ la probabilité *a priori* d'un étiquetage donné pour une clique [130].

Une seconde hypothèse concerne la probabilité des caractéristiques observées pour un pixel p . Soit $D = \{D_1, D_2, \dots, D_{|\mathcal{P}|}\}$ les données de l'image tel que D_p soit par exemple l'intensité, la couleur ou encore la texture. On fait l'hypothèse que la probabilité du pixel p dont la caractéristique est d_p ne dépend que du label considéré au pixel p , et donc indépendant des autres, soit :

$$P(D|A) = \prod_p P(D_p = d_p | A_p) \quad (\text{II.10})$$

Ceci correspond à une distribution des données identiquement et indépendamment distribuées, ce qui est vrai par exemple pour les intensités d'un objet ne variant que d'un bruit Gaussien.

Il est alors possible de déterminer l'estimation du MAP A^* , en notant $\mathcal{H}$ l'ensemble des segmentations possibles A :

$$\begin{aligned} A^* &= \arg \max_{A \in \mathcal{H}} P(A | D_{\mathcal{P}}) \\ &= \arg \max_{A \in \mathcal{H}} \frac{P(D_{\mathcal{P}} | A) P(A)}{P(D_{\mathcal{P}})} \text{ par loi de Bayes} \\ &= \arg \max_{A \in \mathcal{H}} P(D_{\mathcal{P}} | A) P(A) \text{ puisque } P(D_{\mathcal{P}}) \text{ est une constante indépendante de } A \\ &= \arg \max_{A \in \mathcal{H}} \prod_{p \in \mathcal{P}} P(d_p | A_p) \prod_{\{p,q\} \in \mathcal{N}} V_{p,q}(A_p, A_q) \text{ par indép. de } d_p \text{ sachant } A_p \text{ et théorème de H-C} \\ &= \arg \min_{A \in \mathcal{H}} \sum_{p \in \mathcal{P}} -\ln P(d_p | A_p) + \sum_{\{p,q\} \in \mathcal{N}} -\ln V_{p,q}(A_p, A_q) \end{aligned} \quad (\text{II.11})$$

On remarque alors deux termes : le premier est une somme sur tous les pixels, fonction de $P(d_p | A_p)$, étant ainsi le terme région et donnant une estimation de l'adéquation entre l'étiquetage et les données de l'image ; le second est une somme sur tous les pixels, fonction de $V_{p,q}(A_p, A_q)$, étant ainsi le terme contours et donnant les probabilités d'un étiquetage spécifique

pour chaque paire de pixels voisins. La définition classique de ces deux termes est la suivante :

$$R_p = -\ln \Pr(I_p|A_p) \quad (\text{II.12})$$

$$B_{p,q} = \begin{cases} \exp\left(-\frac{(I_p-I_q)^2}{2\sigma^2}\right) \cdot \frac{1}{(X_p-X_q)^2} & \text{si } \{p,q\} \in \mathcal{N}, A_p \neq A_q \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (\text{II.13})$$

avec I_p l'intensité du pixel p et X_p sa position physique sur l'image. Le premier terme est le même que celui déterminé par le MAP MRF, avec comme caractéristique l'intensité de p . Cette probabilité est calculée à partir d'informations de l'utilisateur sur les intensités des objets. Le second terme dérive également du MAP MRF en considérant que la probabilité que deux pixels voisins aient différents labels est modélisée par une distribution Gaussienne selon les intensités des pixels. Ainsi, une approche probabiliste nous a permis d'obtenir la fonctionnelle d'énergie initiale, sous certaines hypothèses définies. Cette formalisation des hypothèses permet une meilleure compréhension de la précision des résultats en vérifiant si ces conditions sont réunies sur les images traitées.

2 - 2.2 Segmentation binaire

Nous avons défini à l'équation II.5 la fonctionnelle d'énergie à minimiser. Nous allons tout d'abord détailler un cas simplifié de la méthodes de GC, la segmentation binaire telle que présentée par [4, 132]. A partir de ce cas, la méthode sera généralisée à la segmentation multi-labels.

La segmentation binaire consiste à séparer un seul objet du reste de l'image, cet objet pouvant être composé de plusieurs parties distinctes. La première étape consiste en une interaction utilisateur afin d'identifier un certain nombre de pixels spécifiques appartenant à l'objet et au fond. Ces pixels sont appelés graines. Les pixels labellisés objet sont dans le sous-ensemble $\mathcal{O} \subset \mathcal{P}$ de l'ensemble des pixels $\mathcal{P}$, ceux pour le fond dans le sous-ensemble $\mathcal{B} \subset \mathcal{P}$. Ces graines permettent de bien définir le problème de segmentation binaire et de créer une distribution des intensités de l'objet et du fond pour le terme région de la fonctionnelle d'énergie. Le but est alors le suivant : à partir d'une image donnée composée d'un ensemble de pixels $\mathcal{P}$, déterminer

le vecteur $A = \{A_1, A_2, \dots, A_{|P|}\}$ tel que :

$$A_i = \begin{cases} \text{"objet"} & \text{ou } 1 \\ \text{"fond"} & \text{ou } 0 \end{cases} \quad (\text{II.14})$$

minimisant l'énergie d'une segmentation $E(A)$, définie par :

$$E(A) = \sum_{p \in \mathcal{P}} R_p(A_p) + \lambda \sum_{\{p,q\} \in \mathcal{N}} B_{p,q} \delta(A_p, A_q) \quad (\text{II.15})$$

où :

$$\delta(A_p, A_q) = \begin{cases} 1 & \text{si } A_p \neq A_q \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (\text{II.16})$$

Cette fonctionnelle est plus spécifique que celle vue précédemment puisqu'elle ajoute une condition : le coût entre deux pixels voisins de même label doit être nul. L'idée fondamentale de l'algorithme des GC est alors de définir un graphe sur la grille des pixels de l'image, les segments du graphe étant pondérés par des poids tels que la coupe minimum du graphe définisse une segmentation minimisant la fonctionnelle d'énergie. Considérons un graphe $G = (V, E)$, composé d'un ensemble de nœuds V et de segments E , et de deux nœuds supplémentaires appelés nœuds terminaux, l'un représentant l'objet appelé source S et l'autre le fond appelé puits T . Une coupe est alors définie comme un ensemble de segments $C \subset E$, tel que S et T soient dans des composantes séparées dans le sous graphe $G' = (V, E - C)$. Le coût d'une coupe C vaut alors la somme des poids des segments contenus dans C :

$$|C| = \sum_{e \in C} w_e \quad (\text{II.17})$$

où w_e est le poids du segment e . La coupe minimum d'un graphe est la coupe de coût minimum. Elle correspond à une partition des nœuds à la source S ou au puits T , ce qui est équivalent à une segmentation binaire. Il faut ainsi définir la construction du graphe telle que la coupe minimale du graphe soit la segmentation d'énergie minimale. Pour cela et pour rappel, nous considérons que les pixels de l'image sont les nœuds du graphe, auxquels on ajoute les deux nœuds terminaux S et T pour représenter l'objet et le fond. Les liens entre nœuds voisins sont appelés *n-links*, $\{p, q\}$ notant un *n-link* entre deux nœuds p et q . Les liens entre les nœuds terminaux S et T et les pixels de l'image sont quant à eux appelés *t-links*. La figure [II.7](#) présente

un exemple de construction d'un tel graphe à partir d'une image en niveau de gris et d'une graine objet et une graine fond, (II.7 (a) et (b)), afin de déterminer la coupe minimale et ainsi la segmentation (II.7 (c) et (d)), tel que proposé par [4]. Dans le graphe G' , il est naturel de considérer que les nœuds étant dans la même composante que S font partie de l'objet et ceux dans la même composante que T du fond. Ceci peut être formalisé en définissant une segmentation $A(C)$ déterminée par une coupe C telle que :

$$A_p(C) = \begin{cases} \text{"objet"} & \text{ou } 1, \text{ si } \{p, T\} \in C \\ \text{"fond"} & \text{ou } 0, \text{ si } \{p, S\} \in C \end{cases} \quad (\text{II.18})$$

La façon intuitive de définir les poids des segments du graphe est que le coût de la coupe soit égale à l'énergie de segmentation $A(C)$, soit $|C| = E(A(C))$. Ainsi, en minimisant $|C|$, l'énergie $E(A(C))$ est minimisée. On peut tout d'abord remarquer que le poids des n -links correspond au terme contours. Il faut juste s'assurer qu'une coupe de n -link n'est possible que si les deux pixels voisins ne sont pas dans la même composante, permettant l'ajout du coût contour approprié à la coupe. D'une façon similaire, il est possible d'assigner aux t -links le terme région. Si $\{p, T\}$ fait partie de la coupe (resp. $\{p, S\}$), alors $A_p(C) = 1$ (resp. 0) et le poids de $\{p, T\}$ doit être $R_p(1)$ (resp. $R_p(0)$ pour $\{p, S\}$). De plus, le coût des nœuds provenant des graines, dont on sait qu'ils appartiennent à $\mathcal{O}$ ou à $\mathcal{B}$, doit être nul ou infini afin de forcer ou interdire la coupe. Le tableau II.2 présente l'assignation des poids pour chaque segment dans la construction du graphe. Cette construction du graphe permet l'obtention d'une segmentation A où $E(A)$ est minimale pour toute segmentation A satisfaisant les contraintes fortes provenant des graines [132].

Tableau II.2 – Les différents poids assignés aux segments lors de la construction du graphe.

Segment	Poids	Cas d'assignation
$\{p, q\}$	$B_{p,q}$	$\{p, q\} \in \mathcal{N}$
$\{p, S\}$	$\lambda R_p(0)$	$p \in \mathcal{P}, p \notin \mathcal{O} \cup \mathcal{B}$
	∞	$p \in \mathcal{O}$
	0	$p \in \mathcal{B}$
$\{p, T\}$	$\lambda R_p(1)$	$p \in \mathcal{P}, p \notin \mathcal{O} \cup \mathcal{B}$
	0	$p \in \mathcal{O}$
	∞	$p \in \mathcal{B}$

La méthode des coupes de graphe que nous avons présentée possède certaines limitations mais également de bonnes propriétés. Une première limitation peut être la nécessité de placer les graines. Cette interaction peut être assez lourde pour des cas compliqués de segmentation,

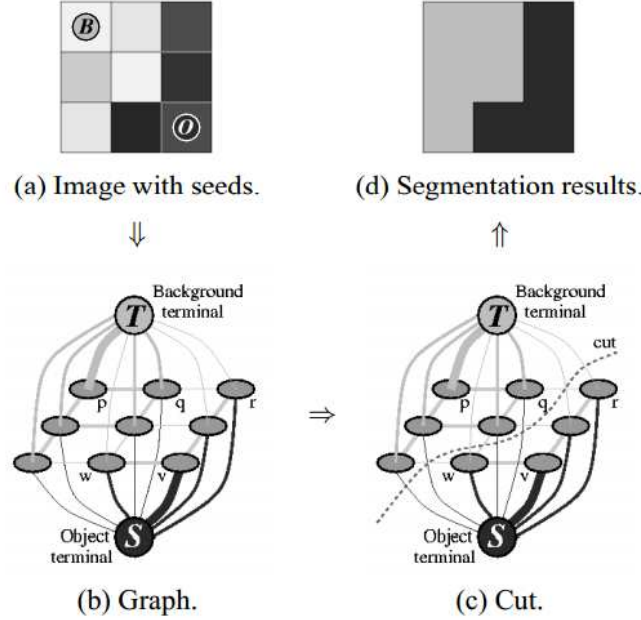


Figure II.7 – Illustration de la construction du graphe et de la segmentation par la méthode des coupes de graphe. A partir d'une image et de graines objet $\mathcal{O} = \{v\}$ et fond $\mathcal{B} = \{p\}$ (a), il est possible de créer le graphe dont l'épaisseur des segments représente les coûts (b). La détermination de la coupe minimale (c) permet d'obtenir la segmentation finale (d). Cette figure est tirée de [4].

et sujet à la variabilité. Ces graines sont pourtant importantes puisqu'elles permettent à la fois de limiter l'espace de recherche et déterminer les probabilités *a priori* permettant de calculer $R_p(A_p)$. La détermination automatique de graines est possible, mais n'est pas une tâche aisée.

Un avantage de la méthode des GC est sa gestion des différentes topologies sans aucun biais, contrairement à d'autres techniques favorisant les régions elliptiques ou nécessitant des régions connectées, comme une variante de l'algorithme *k-means* [133].

2 - 2.3 Segmentation multi-labels

L'algorithme des GC peut être étendu à la segmentation d'un nombre arbitraire de régions dans une image. La méthode des coupes de graphe multi-labels a été utilisée dans des cadres très différents. Tout d'abord la stéréo, pour du calcul de profondeur de scène [134], l'estimation de disparité [135] ou de la reconstruction [136]. La méthode a également été utilisée afin de réaliser du recalage non-rigide pour différentes mesures de similarités [137–141]. D'autres applications ont également été étudiées, tel que le suivi [142, 143] ou la restauration d'image [144, 145]. Cependant, dans ce cas, il n'est plus possible de déterminer la solution globale exacte

comme pour la méthode binaire, le problème étant NP-difficile [146]. Il est cependant possible de déterminer une approximation de la solution. Nous verrons dans la suite de cette partie une solution d'approximation au problème multi-labels appelée α -expansion [146, 147]. Il est à noter qu'il est nécessaire de connaître à l'avance le nombre de labels possibles. Cette limitation peut également être un avantage pour des problèmes de segmentation spécifiques où le nombre d'objets à segmenter est connu, comme en imagerie médicale. Ce problème peut être formulé d'une façon similaire à la segmentation binaire : un vecteur $A = (A_1, A_2, \dots, A_{|\mathcal{P}|})$ est recherché, avec $\mathcal{P}$ l'ensemble des pixels, tel que $A_i \in \mathcal{L}$ avec $\mathcal{L}$ l'ensemble des N labels. Le but est toujours de minimiser la fonctionnelle d'énergie de l'équation II.15, mais la minimisation n'est pas exacte. Les travaux originaux [146] ont proposé deux méthodes d'approximations reposant sur le même principe. A partir d'une labellisation arbitraire, l'assignation des labels est itérativement modifiée en résolvant un sous-problème binaire.

La première méthode, appelée α - β swap, ne considère que les sous-ensembles de pixels dans l'image ayant les labels courants $f_p = \alpha$ ou $f_p = \beta$, et permet l'échange de ces deux labels à chaque itération. Ce procédé est réalisé jusqu'à convergence pour chaque paire de labels. Cette méthode ne sera pas détaillée plus en détails car la seconde approximation, appelée α -expansion, est plus rapide et est plus proche de la solution optimale dans la plupart des applications [148]. Il est cependant important de noter que cette méthode permet l'utilisation de classes de fonctionnelles d'énergie plus importantes qu'avec l' α -expansion : une semi-métrique sur l'espace des labels pour le terme contours au lieu d'une métrique [147], ce qui limite le choix des énergies contours comme nous le verrons par la suite.

Le principe de la méthode α -expansion est de considérer un label α contre tous les autres, noté $\bar{\alpha}$. A chaque itération, la segmentation optimale binaire est réalisée, chaque pixel pouvant prendre le label α ou conserver son ancien label, permettant une expansion α . Cette étape est réitérée jusqu'à la convergence des labels. La construction du graphe est cependant plus difficile que précédemment puisqu'en considérant deux pixels initiaux de labels différents de α , $f_p \neq \alpha$ et $f_q \neq \alpha$, le coût de $B_{p,q}(\alpha, \bar{\alpha}) = B_{p,q}(\alpha, f_q)$ et $B_{p,q}(\bar{\alpha}, \alpha) = B_{p,q}(f_p, \alpha)$ ne sont généralement pas les mêmes, contrairement au cas binaire. Le coût de coupe d'un n -link est ainsi dépendant des assignations respectives de p et q . Pour résoudre ce problème, l'article original [146] propose l'ajout de nœuds supplémentaires aux pixels et nœuds terminaux pour la construction du graphe. Un article plus récent permet une construction du graphe plus simple [147], sans ajout de nœuds, mais en utilisant un graphe orienté. Nous appuierons la suite de cette description sur ce dernier article.

Afin de décrire la construction du graphe, il est nécessaire d'introduire certaines notations : soit un label α , notons $\mathcal{P}_\alpha$ l'ensemble des pixels ayant comme label courant α et $\mathcal{P}_{\bar{\alpha}}$ les autres

Chapitre II. Etat de l'art des méthodes de segmentation des ventricules cardiaques en IRM

pixels, tel que $\mathcal{P}_\alpha \cup \mathcal{P}_{\bar{\alpha}} = \mathcal{P}$. Un voisinage orienté doit alors être créé, qui consiste à ajouter une direction à chaque n -link. Ce voisinage orienté peut être arbitraire, mais par simplicité pour un pixel p et tout $q \in \mathcal{N}_p$, nous définissons comme voisin entrant tout pixel q à gauche ou au-dessus de p , noté $\vec{\mathcal{N}}_p$, et comme voisin sortant tout pixel q à droite ou en dessous de p , noté $\overleftarrow{\mathcal{N}}_p$. La construction du graphe peut alors débiter : soit $G = (V, E)$ un graphe où $V = \mathcal{P} \cup \{S\} \cup \{T\}$ et S et T sont les nœuds terminaux. Les segments de E sont orientés, les t -links de S à tout $p \in \mathcal{P}$ sont notés (S, p) et de tout $p \in \mathcal{P}$ à T sont notés (p, T) . E contient également les n -links (p, q) (orientés, $(p, q) \neq (q, p)$) entre toute paire de pixels $p \in \mathcal{P}$ et $q \in \vec{\mathcal{N}}_p$. Le but est alors d'assigner aux segments des coûts appropriés tels que la coupe minimale C minimise l'énergie et détermine la segmentation suivante :

$$A_p(C) = \begin{cases} \alpha & \text{si } \{S, p\} \in C \\ \bar{\alpha} = f_p & \text{si } \{p, T\} \in C \end{cases} \quad (\text{II.19})$$

où f_p est le label courant du pixel p . Comme pour le cas binaire, il semble naturel d'assigner les poids tel que le coût d'une coupe $|C|$ soit égale à $E(A(C))$. Nous considérerons séparément dans la suite les termes régions et contours $R(A)$ et $B(A)$ afin d'assigner les coûts appropriés à chaque segment. Ces coûts seront alors ajoutés, puisque $E(A)$ est une somme [147]. La prise en compte du terme $R(A)$ dans la construction du graphe est aisée : pour tout $p \in \mathcal{P}_{\bar{\alpha}}$, si p ne change pas de label le coût est de $R_p(f_p)$ (ce qui revient à couper le t -link (p, T)), et si p change son label en α le coût est alors de $R_p(\alpha)$ (ce qui revient à couper le t -link (S, p)). Dans le cas où $p \in \mathcal{P}_\alpha$, on ne peut assigner le label $\bar{\alpha}$ puisqu'il n'est pas unique. Dans ce cas, le t -link (S, p) doit être coupé et son coût de coupe doit être nul, alors que le t -link (p, T) doit avoir un coût de coupe infini. Le tableau II.3 présente cette affectation des poids pour le terme $R(A)$ dans la construction du graphe.

Tableau II.3 – Les différents poids assignés aux segments pour le terme région $R(A)$ lors de la construction du graphe.

Segment	Poids	Cas d'assignation
(S, p)	$\lambda R_p(\alpha)$	$p \in \mathcal{P}_{\bar{\alpha}}$
	0	$p \in \mathcal{P}_\alpha$
(p, T)	$\lambda R_p(f_p)$	$p \in \mathcal{P}_{\bar{\alpha}}$
	∞	$p \in \mathcal{P}_\alpha$

Concernant le terme contour $B(A)$, on peut considérer la somme des coûts pour chaque lien n -link coupé [147]. Pour chaque paire de pixels p et q , les coûts du terme contour sont basés

sur les assignations A_p et A_q :

$$\begin{aligned} (A_p, A_q) = (\bar{\alpha}, \bar{\alpha}) : B_{p,q}(f_p, f_q) &= V_{p,q}, & (A_p, A_q) = (\alpha, \bar{\alpha}) : B_{p,q}(\alpha, f_q) &= V_{\alpha,q}, \\ (A_p, A_q) = (\bar{\alpha}, \alpha) : B_{p,q}(f_p, \alpha) &= V_{p,\alpha}, & (A_p, A_q) = (\alpha, \alpha) : B_{p,q}(\alpha, \alpha) &= V_{\alpha,\alpha}. \end{aligned}$$

Ces différentes assignations de p et de q correspondent à une coupe spécifique du sous-graphe contenant p , q ainsi que S et T . Afin de définir le coût approprié à une assignation spécifique, il est nécessaire de sommer les coûts de chaque segment coupé de ce sous-graphe. Par exemple, si $A_p = \bar{\alpha}$ et $A_q = \alpha$, alors trois segments sont coupés : $w_{S,p} + w_{p,q} + w_{p,T} = V_{p,\alpha}$. Ce coût total peut être déterminé pour chaque coupe possible. Du fait que le graphe est orienté, si $A_p = \alpha$ et $A_q = \bar{\alpha}$ alors le lien (p, q) n'est pas considéré car le coût d'une coupe est la somme des coupes de la source S vers le puits T . L'orientation du graphe permet de résoudre l'ensemble des équations linéaires des assignations possible de p et de q . Les poids obtenus sont alors les suivants :

$$\begin{aligned} w_{S,p} &= V_{\alpha,q}, & w_{S,q} &= V_{\alpha,\alpha} - V_{\alpha,q}, & w_{p,T} &= V_{p,q}, \\ w_{q,T} &= 0, & w_{p,q} &= V_{\alpha,q} + V_{p,\alpha} - V_{\alpha,\alpha} - V_{p,q}. \end{aligned}$$

Certains de ces poids sont négatifs, alors que des poids positifs sont nécessaires à l'obtention de la coupe minimale. En effet, puisqu'un coût contour n'est affecté que si les assignations sont différentes alors $V(\alpha, \alpha) = 0$, ce qui implique que $w_{S,q} < 0$. De plus $w_{p,q}$ n'est positif que si $V_{\alpha,q} + V_{p,\alpha} \geq V_{p,q}$. Ce problème peut être résolu en ajoutant une constante aux segments (S, q) et (q, T) , un de ces deux liens apparaissant pour chaque coupe possible. Cette constante doit valoir au moins $V_{\alpha,q}$ afin que $w_{S,q} \geq 0$. On obtient finalement les poids suivants :

$$\begin{aligned} w_{S,p} &= V_{\alpha,q}, & w_{S,q} &= 0, & w_{p,T} &= V_{p,q}, \\ w_{q,T} &= V_{\alpha,q}, & w_{p,q} &= V_{\alpha,q} + V_{p,\alpha} - V_{p,q}. \end{aligned}$$

Finalement, la seule condition restante est : $V_{\alpha,q} + V_{p,\alpha} \geq V_{p,q}$. Comme montré par [147], la méthode des GC avec l' α -expansion permet ainsi de minimiser des classes d'énergie satisfaisant l'inégalité suivante : $B_{p,q}(\alpha, \alpha) + B_{p,q}(f_p, f_q) \geq B_{p,q}(\alpha, f_q) + B_{p,q}(f_p, \alpha)$. La classe d'énergie utilisée doit donc être une métrique sur l'espace des labels afin que $V_{p,q}$ soit sous-modulaire. Lors de la création d'un poids contour, il est donc important et nécessaire de vérifier ces conditions. Les poids finaux des segments du graphe peuvent alors être déterminés en combinant le terme région et le terme contour : ces poids sont donnés par le tableau II.4.

La preuve que la coupe minimum par cette construction du graphe pour un label α permet l'obtention de l'assignation optimale des α peut être trouvée en [147]. Afin de déterminer la segmentation multi-labels, il est nécessaire de répéter le processus d' α -expansion pour chaque

Tableau II.4 – Les différents poids assignés aux segments pour l'approximation α -expansion, pour un label α et un voisinage orienté $\mathcal{N}$.

Segment	Poids	Cas d'assignation
(p, q)	$B_{p,q}(\alpha, q) + B_{p,q}(p, \alpha) - B_{p,q}(p, q)$	$p \in \mathcal{P}, q \in \overleftarrow{\mathcal{N}}_p$
(S, p)	$\lambda R_p(\alpha) + \sum_{q \in \overleftarrow{\mathcal{N}}_p} B_{p,q}(\alpha, q)$	$p \in \mathcal{P}_\alpha$
	$\sum_{q \in \overleftarrow{\mathcal{N}}_p} B_{p,q}(\alpha, q)$	$p \in \mathcal{P}_\alpha$
(p, T)	$\lambda R_p(f_p) + \sum_{q \in \overleftarrow{\mathcal{N}}_p} B_{p,q}(p, q) + \sum_{q \in \overrightarrow{\mathcal{N}}_p} B_{p,q}(\alpha, q)$	$p \in \mathcal{P}_{\bar{\alpha}}$
	∞	$p \in \mathcal{P}_{\bar{\alpha}}$

label jusqu'à convergence. Ceci permet d'obtenir une approximation proche de la segmentation optimale [146] : si $\hat{f}$ est la segmentation obtenue par cette approximation et f^* la segmentation optimale, alors les auteurs ont prouvé que :

$$E(\hat{f}) \leq 2k.E(f^*) \quad (\text{II.20})$$

où k est une constante dépendant des valeurs de $B_{p,q}$ et valant $k = \frac{\max\{B_{p,q}(\alpha, \beta) : \alpha \neq \beta\}}{\min\{B_{p,q}(\alpha, \beta) : \alpha \neq \beta\}}$.

2 - 2.4 Algorithmes de recherche de coupe minimum

La détermination de la coupe minimale d'un graphe est un problème qui a été très étudié dans la littérature, et des solutions efficaces sont disponibles. Cette partie va brièvement exposer le principe d'un des algorithmes les plus connus de détermination de la coupe minimum, basé sur [146, 149]. La clé de ce principe est le théorème de Ford et Fulkerson (1956) [150] statuant que déterminer la coupe minimale dans un graphe orienté avec une source et un puits équivaut à déterminer le flot maximal. Le flot d'un graphe peut être vu comme une valeur assignée à chaque segment, telle que sa valeur soit inférieure au poids du segment, et que la somme du flot entrant dans un nœud équivaut à la somme du flot sortant de ce nœud. Le poids d'un segment peut alors être vu comme la capacité maximale de flot de ce segment. Plus formellement, le flot d'un graphe est une fonction f à valeurs réelles sur les segments tel que $\forall e \in E, f_e \leq w_e$, et $\forall v \in V \setminus \{S, T\}, \sum_{e \in (.,v)} f_e = \sum_{e \in (v,.)} f_e$. S'il est possible de déterminer une coupe dont la somme des poids des segments vaut c , alors c est l'unité maximale pour traverser cette coupe, et donc le flot vaut au plus c . De même, s'il existe un flot f de S à T , alors le coût de toute coupe séparant S et T vaut au minimum f . Ce théorème *min-cut max-flow* est intéressant puisqu'il affirme que si une coupe et un flot ont la même valeur, alors cette coupe est minimale et ce flot est maximal. La figure II.8 illustre cette équivalence entre coupe minimale et flot maximal.

L'équivalence entre coupe minimum et flot maximum a été utilisée afin de créer un algo-

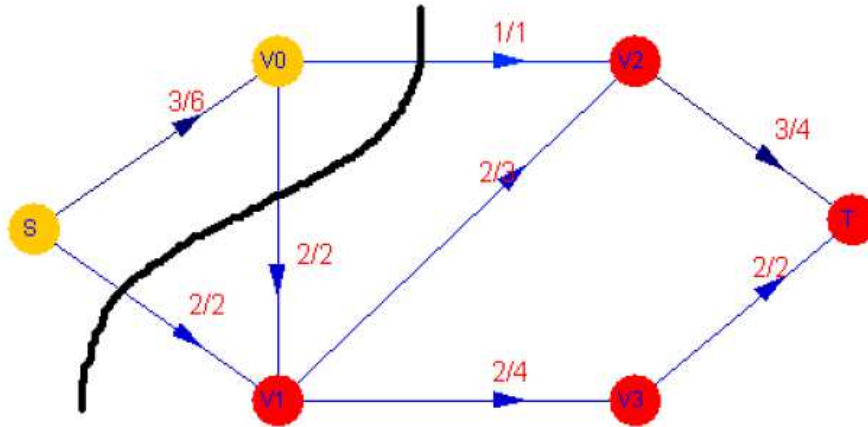


Figure II.8 – Illustration de l'égalité entre coupe minimale et flot maximal. Les segments sont pondérés par une fraction x/y où x est le flot et y le poids du segment. Le flot courant est de 5, déterminé en sommant le flot en sortie de S (ou d'une façon équivalente arrivant à T). La coupe est visualisée par la ligne noire, séparant le graphe en deux sous-ensembles S et T . En ajoutant les poids des segments, on remarque que le coût de la coupe est également de 5. Puisque le coût de coupe est égal au flot, alors la coupe est minimale et le flot maximal. Cette figure est issue de [151].

rithme de recherche de la coupe minimum, appelé algorithme *augmenting path* (chemin augmentant) et développé par Ford et Fulkerson. Le principe est de continuellement augmenter le flot dans le graphe. Lorsqu'il ne peut plus être augmenté, alors la coupe de même valeur a été déterminée et est la coupe minimale. En partant d'un flot nul, un chemin de S vers T est recherché, tel que $w_e - f_e > 0$ si le segment est orienté vers le puits et $f_e > 0$ si le segment e est dirigé vers la source. Ce chemin est appelé *augmenting path*. Le but est de rechercher tout chemin où un flot peut être ajouté, et d'augmenter le flot tel qu'au moins un segment soit saturé, c'est-à-dire $w_e = f_e$ si le segment est dirigé vers le puits, $f_e = 0$ sinon. Cette étape est réitérée jusqu'à ce qu'aucun *augmenting path* ne puisse être trouvé. Le flot maximum, et donc la coupe minimum, ont ainsi été déterminés. La figure II.9 illustre cet algorithme sur un exemple simple.

La variation Dinic de l'algorithme original propose la recherche de l'*augmenting path* le plus court à chaque étape. Cette recherche permet de déterminer la coupe minimum en un temps $\mathcal{O}(n^2m)$, avec n le nombre de nœuds du graphe et m son nombre de segments. En pratique, dans le cas où l'image est un graphe, l'algorithme le plus efficace est basé sur les *augmenting paths* et a été défini par [152]. C'est sur ce dernier algorithme que repose la minimisation de l'énergie de la méthode des coupes de graphe.

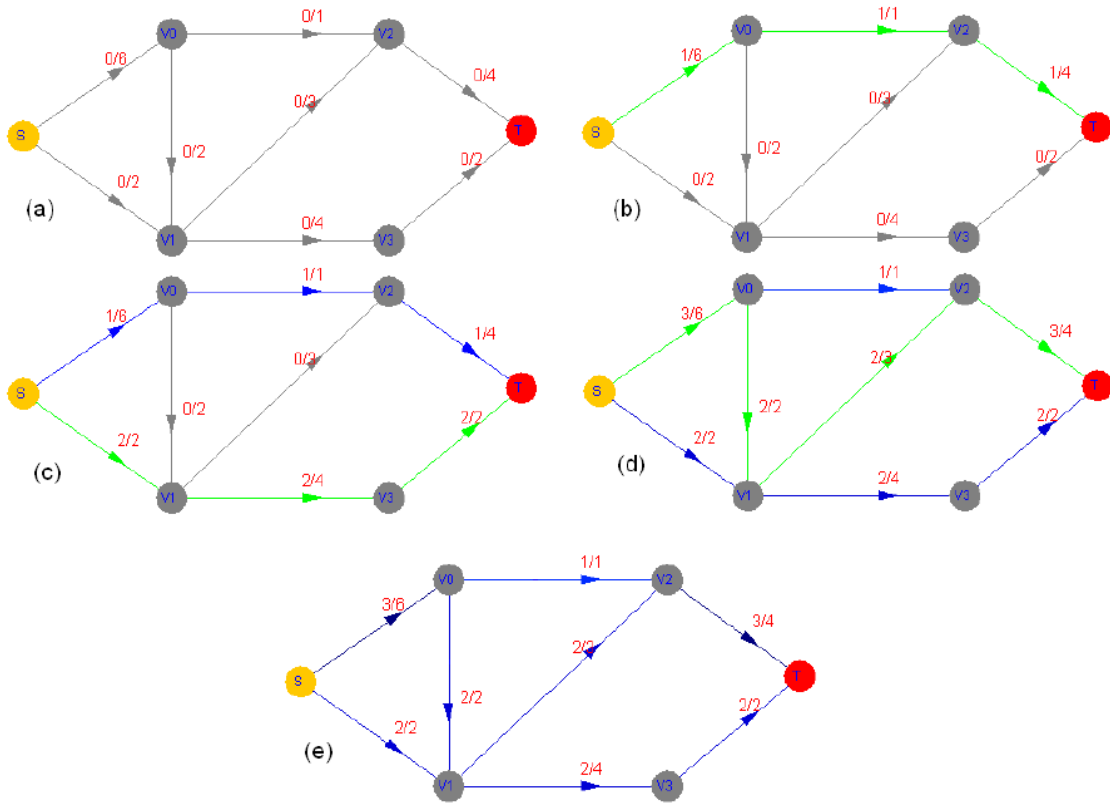


Figure II.9 – Illustration des différentes étapes de l'algorithme *augmenting path*. Les segments sont pondérés par une fraction x/y où x est le flot et y le poids du segment. (a) présente le graphe initiale, (b)-(d) les différentes étapes d'augmentation du flot, (e) le flot maximal. Cette figure est issue de [151].

2 - 2.5 Intégration d'*a priori*

La méthode des coupes de graphe binaire a donné lieu à de nombreux développements théoriques [153] et applicatifs [154–158]. Nous avons vu l'intérêt de l'utilisation d'informations *a priori* fortes afin de guider la segmentation à la section 2 - 1.3. La méthode des coupes de graphe permet de facilement prendre en compte des informations de forme. Ainsi, des contraintes ou des modèles concernant l'objet à segmenter peuvent être introduits, au travers d'un terme supplémentaire dans la formulation de l'énergie de l'équation II.15. La manière d'incorporer ces informations *a priori* dépend des informations disponibles : soit les contraintes sont faibles et sont de simples hypothèses sur la forme générale de l'objet (convexe par exemple), soit les contraintes sont fortes et concernent une forme précise à retrouver dans l'image.

Contraintes faibles : Dans la littérature, les contraintes sur la forme générale d'un objet sont généralement spécifiées au travers des *n-links*, modifiant l'étiquetage dans le voisinage des pixels selon l'hypothèse effectuée. Dans [159], les valeurs de l'énergie contours $B_{p,q}$ sont modifiées

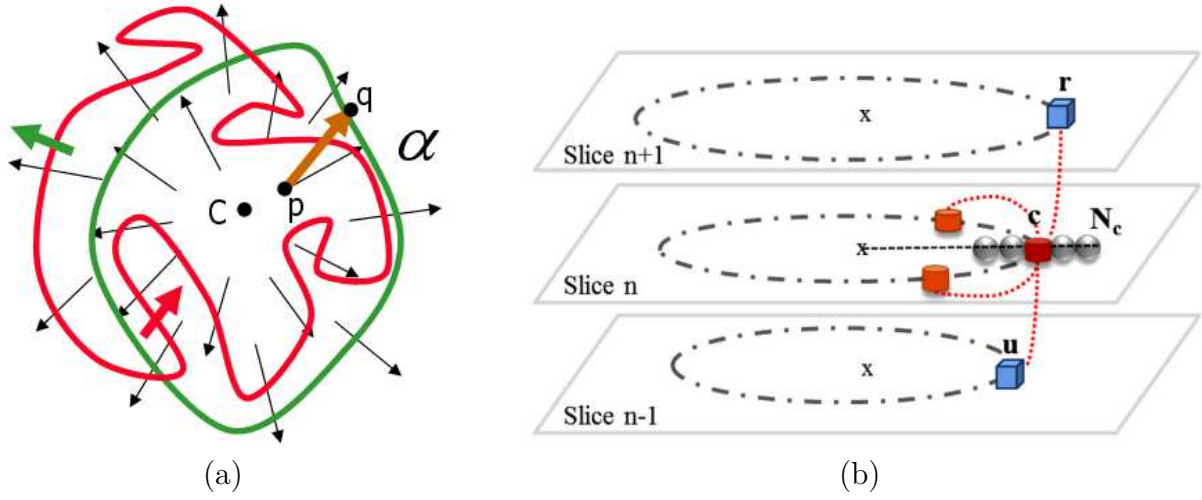


Figure II.10 – (a) Exemple de contrainte faible imposée à la segmentation par coupe de graphe selon [161] avec calcul de l'angle α , permettant au contour (rouge) d'évoluer vers une forme convexe (vert); (b) Schéma de connectivité permettant l'introduction de contraintes entre les coupes proposé par [162] pour un point de contrôle c (cylindre rouge) avec ses voisins N_c (sphères grises), ses points de contrôle voisins sur la même coupe, ou *slice* (cylindres oranges) et sur les coupes voisines u et r (cubes bleus).

en interdisant certaines positions relatives de p et q , favorisant ainsi les formes compactes. La même méthodologie est utilisée dans [160] pour des formes plus générales que des formes convexes, définies en imposant que si C est le centre de la forme et p un point dans la forme, tout point q situé sur la droite (C, p) après p soit également dans la forme. Notons que cette méthode présente un effet intéressant contrant le biais de rétrécissement généralement observé dans la segmentation par coupe de graphe, mais pose des problèmes importants de discrétisation. Imposer que le résultat de la segmentation soit convexe peut également être fait au travers d'un terme d'énergie supplémentaire de la forme $1 - \cos(\alpha)$ où α est l'angle entre (p, q) et (p, C) où C est le centre de l'objet, désigné par un clic de l'utilisateur [161]. On voit ainsi comment des angles importants sont pénalisés par de fortes valeurs de l'énergie, encourageant ainsi les coupes grossièrement convexes dans le graphe (Figure II.10-(a)). Plus récemment, des informations sur les intensités et des contraintes de régularisation entre les contours de différentes coupes ont été intégrées aux *n-links* du graphe pour la segmentation 3D du VG [162]. Cette méthode repose sur des règles contraignant les caractéristiques géométriques, de topologie et d'apparence du VG à partir de points de contrôle issus d'un modèle fixe placé lors d'une phase d'initialisation. La Figure II.10-(b) présente le schéma de connectivité du graphe pour cette méthode.

Contraintes fortes : Lorsqu'un modèle de l'objet à segmenter est disponible, il est en général imposé à la segmentation au travers des *t-links*, ce qui inclut, dans la formulation de

l'énergie du graphe, un terme supplémentaire qui peut être similaire au terme régional R_p . Les formulations classiques de R_p sont reprises en remplaçant les modèles d'intensités sur l'objet par les étiquettes du modèle, qui peut être une courbe paramétrique permettant de segmenter des structures circulaires [163], ou par une carte des probabilités [164, 165], et dans ce cas l'énergie liée à l'*a priori* prend la forme :

$$E_s(\omega_p) = -\ln(Pr_A(\omega_p)) \quad (\text{II.21})$$

où $(Pr_A(\omega_p))$ représente la probabilité du pixel p d'appartenir à la classe ω_p selon le modèle. Notons que l'utilisation d'un *a priori* de forme pose un problème difficile de mise en correspondance du modèle avec l'image. Le recalage peut être fait de façon itérative et donc coûteux en temps de calcul : les phases d'estimation des paramètres de pose et de calcul de la segmentation sont alternées [165–168]. Par exemple, la méthode proposée par [166] consiste à rechercher alternativement les paramètres de pose, de l'ACP et du GMM en utilisant une descente de gradient (étape de maximisation) et à segmenter par la méthode des coupes de graphe en utilisant la forme courante donnée par l'ACP (étape d'estimation), par une approche EM. Dans le cas où le recalage est préalable à la segmentation, le processus repose sur une intervention de l'utilisateur [164, 169]. Le modèle est défini dans ce cas par une carte des distances ou un atlas. Notons que ces modèles sont limités pour représenter judicieusement les variabilités de forme. Une particularité est à noter dans les travaux de Freedman and Zhang [169], une des premières méthodes intégrant un *a priori* de forme fort dans la méthode des GC : le terme d'*a priori* est intégré aux *n-links*. Leur méthode consiste en l'utilisation d'un modèle de forme unique, décrit par une carte des distances non signées aux contours de l'objet $\bar{\phi}$, recalé sur l'image à segmenter par une analyse Procruste réalisée grâce à des graines définies par l'utilisateur. L'*a priori* de forme est pris en compte dans l'énergie du graphe par un terme additionnel $\bar{\phi}\left(\frac{p+q}{2}\right)$ dans les *n-links* :

$$E(A) = \sum_{p \in \mathcal{P}} (1 - \lambda) \mu R_p(A_p) + \sum_{(p,q) \in \mathcal{N}: A_p \neq A_q} \left[(1 - \lambda) B_{p,q} + \lambda \bar{\phi}\left(\frac{p+q}{2}\right) \right] \quad (\text{II.22})$$

avec R_p et $B_{p,q}$ respectivement définis aux équations II.12 et II.13, et λ et μ des paramètres contrôlant respectivement la régularisation et l'influence de l'*a priori* de forme. Les graines de l'utilisateur sont nécessaires au recalage du modèle de forme, mais également à la modélisation des intensités de l'objet et du fond pour le terme R_p .

Concernant la méthode des coupes de graphe multi-labels, peu de travaux ont été proposés

dans un but de segmentation : une première étape par GC avant une méthode basée sur le *clustering* [170] ou pour la segmentation d'images naturelles [171, 172]. Et à notre connaissance, seules une méthode itérative basée sur un ASM par [173] et une méthode interactive basée sur un modèle d'apparence par [174], intègrent un *a priori* fort à la méthode des coupes de graphe multi-labels.

2 - 3 Conclusion

Dans les applications où la forme à segmenter est connue *a priori* (par exemple un organe en imagerie médicale), le processus de segmentation peut être guidé par un modèle de forme ou des contraintes sur celle-ci. Pour des images ayant un contraste faible ou un taux de bruit élevé, une telle contrainte permet d'améliorer la précision de la segmentation. Dans le cadre des modèles déformables par exemple, l'intégration de contraintes de forme a été largement étudiée, avec des modèles basés sur une analyse en composantes principales ou sur des atlas. L'avantage de la méthode des coupes de graphe est sa capacité à donner efficacement une solution optimale pour l'utilisation conjointe de différentes informations sur l'image. A ce jour, les travaux de segmentation par coupe de graphe en prenant en compte des formes *a priori* sont encore peu nombreux dans la littérature. Deux problèmes se posent en effet : la modélisation de la forme de l'objet à segmenter et son intégration dans l'algorithme de coupe de graphe.

L'objectif du prochain chapitre va être de concevoir et développer une méthode de segmentation à base de coupes de graphe, utilisant un *a priori* de forme statistique. L'intérêt va être d'intégrer un *a priori* de forme statistique fort à la méthode des coupes de graphe dans un but de segmentation, avec comme application la segmentation du VD en IRM cardiaques.

Chapitre III

Segmentation binaire par coupes de graphe avec un modèle de forme statistique

Le chapitre II a montré que l'intégration d'un modèle de forme statistique à une méthode permet de guider la segmentation, et d'augmenter la robustesse et la précision de la méthode [84]. Nous avons vu que de nombreux travaux ont été réalisés dans la littérature sur la construction et l'utilisation de modèles statistiques de forme dans le but d'aider à segmenter des images [175–182]. Ce modèle de forme peut être explicite, tel que le modèle de distribution de points (PDM) [5]. Ce dernier a été très utilisé, mais nécessite le placement de points de correspondance. Il peut également être implicite en utilisant la fonction distance signée (SDF) [90], ne nécessitant alors qu'un alignement grossier des données au préalable. Des modèles utilisant ces deux représentations (PDM vs. SDF) seront présentées et comparées dans la section 3 - 1 .

Issue de cette comparaison, nous avons proposé un modèle de forme basé sur la SDF. Notre objectif est d'utiliser la souplesse et le faible coût de calcul de la méthode des coupes de graphe afin de proposer une approche de segmentation efficace basée sur un *a priori* de forme statistique, sans la nécessité d'un procédé itératif. Or il est difficile d'intégrer directement le modèle dans le graphe. C'est pourquoi nous avons défini un *a priori* de forme à partir de ce modèle afin de l'intégrer directement dans les pondérations du graphe. Cette contribution sera présentée dans la section 3 - 2 . Enfin, la section 3 - 3 présentera les résultats expérimentaux obtenus sur IRM cardiaque.

3 - 1 Représentation d'un modèle statistique de forme

Avant de définir notre modèle de forme, nous allons présenter les deux modèles statistiques de forme : PDM et SDF. Le modèle de distribution de points est la représentation la plus largement utilisée, notamment dans le cadre des ASM. La représentation PDM est explicite : les objets sont représentés par un nombre fini de points de correspondance [97, 115, 183]. La correspondance entre les points est une condition nécessaire à la réalisation de l'analyse. En pratique, l'utilisation du PDM peut poser problème : le nombre de formes disponibles dans l'ensemble d'apprentissage doit être suffisant pour réaliser l'analyse, la labellisation manuelle des données médicales peut être une tâche très fastidieuse et l'établissement des correspondances peut aussi être très difficile. De plus, cette étape peut être sujette à la variabilité si elle est manuelle, et à l'erreur de détection si automatique.

Une autre représentation consiste à utiliser la distance minimale (généralement Euclidienne) au contour de l'objet, ou SDF [90, 184]. La SDF consiste à considérer les frontières de la forme comme une courbe de niveau zéro et la carte des distances est construite en calculant la distance minimale signée au contour de l'objet. Une analyse en composantes principales (ACP) permet alors de modéliser les variabilités présentes dans la base d'apprentissage par une décomposition en valeurs et vecteurs propres de la matrice de covariance de l'ensemble des formes. Les vecteurs propres, appelés également formes propres, représentent les variabilités des formes de l'ensemble d'apprentissage par rapport à la moyenne, ces variabilités étant représentées implicitement par la variabilité des distances. La décomposition en formes propres utilisant la représentation implicite par SDF tolère de légers désalignements des objets, puisque des pixels légèrement désalignés sont généralement fortement corrélés avec cette représentation. Néanmoins, la combinaison linéaire de la forme moyenne et de ses vecteurs propres pondérés pour décrire une nouvelle forme par la représentation SDF peut résulter en un espace invalide, puisque la combinaison linéaire de carte de distances ne résulte pas en une carte de vraies distances. En effet, une approximation est réalisée en considérant l'espace comme étant linéaire. De plus, cette décomposition ne permet pas d'obtenir l'espace des probabilités conditionnelles, d'où la proposition de certains auteurs de remplacer la SDF par le logarithme de la probabilité d'une structure d'être présente à l'emplacement considéré [185], ou *logOdds*. Cependant, comme cela est souligné dans [90], bien que les surfaces résultantes ne soient pas forcément de réelles cartes de distances avec la représentation SDF, elles ont généralement l'avantageuse propriété d'être lisse, de permettre des déformations locales des formes et d'avoir une courbe de niveau zéro cohérente avec la combinaison des courbes originales.

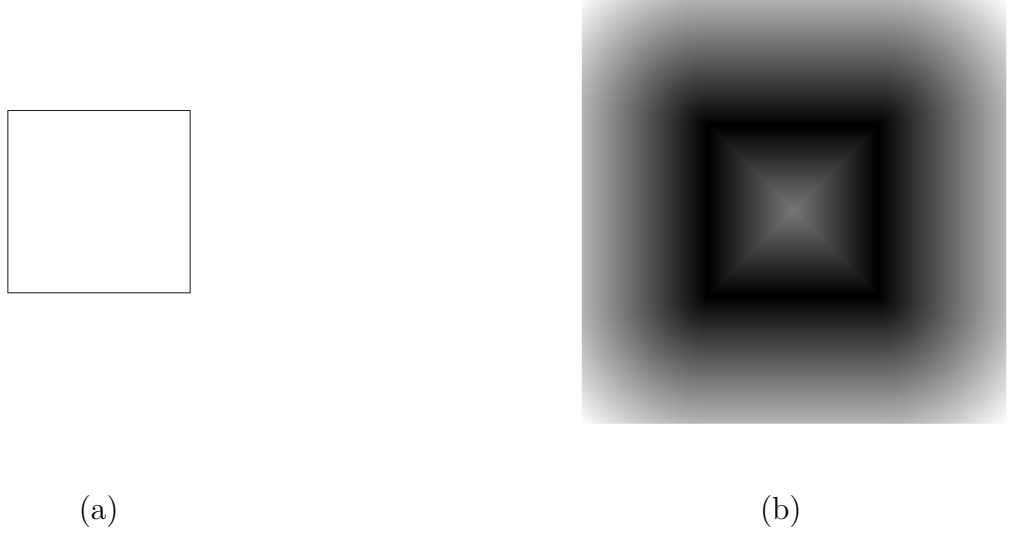


Figure III.1 – Illustration de la carte de distance sur une forme carrée : à partir du contour de ce carré (a), la carte de distance signée est créée (b), avec par exemple des valeurs négatives à l'intérieur du carré. Plus l'intensité est claire, plus la distance au contour de la forme est importante.

Dans la section suivante, un modèle de forme statistique basé sur la carte des distances est proposé, dérivé de la représentation SDF précédemment introduite par [90, 186], avec lequel nous réaliserons une comparaison avec la représentation PDM.

3 - 1.1 Représentation des formes basée sur la fonction distance

Soit un ensemble de n images binaires 2D alignées, de taille $H \times W$, composé de formes de la même classe d'objet. La carte signée SDF de chaque image/forme est définie comme $H \times W$ échantillons codant la distance au point le plus proche du contour, avec par convention des valeurs négatives à l'intérieur de l'objet. Un exemple de carte de distances est donné à la Figure III.1. Soit $\mathbf{Z}$ la matrice SDF, où chaque vecteur colonne est l'ensemble des $H \times W$ échantillons distance de chaque forme et où chaque ligne représente les distances pour un même pixel à chaque forme de l'ensemble d'apprentissage. L'objectif est d'extraire les variations des formes de la matrice $\mathbf{Z}$. La moyenne des cartes des distances est réalisée en moyennant chaque ligne de $\mathbf{Z}$:

$$\boldsymbol{\rho} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{Z}_{:,i} \quad (\text{III.1})$$

ρ est un vecteur de taille $H.W$. Pour capturer la variabilité, nous proposons une approche différente que celle proposée dans la littérature [85, 90] utilisant une représentation par la fonction distance. Généralement, la moyenne signée des cartes de distances est choisie en tant que référence, ce qui implique que l'analyse en composantes principales est effectuée dans l'espace des fonctions distances. Or, la moyenne de distances signées n'est pas une distance signée, nous réinitialisons donc cette carte avec sa vraie distance. Nous proposons ainsi de d'abord calculer la forme moyenne à partir de la carte moyenne des distances signées puis ensuite de calculer sa carte des distances signées. Soit p un point du domaine de l'image inclus dans $\mathbb{R}^2$. La forme moyenne binaire est définie par :

$$\chi_\rho(p) = \begin{cases} -1 & \text{if } \rho(p) \geq 0 \\ +1 & \text{if } \rho(p) < 0 \end{cases} \quad (\text{III.2})$$

Soit $\mathcal{C}$ l'ensemble des points du contour de la forme moyenne binaire $\chi_\rho(p)$. La référence μ est calculée en déterminant les distances au contour :

$$\mu(p) = \chi_\rho(p) \times \inf_{q \in \mathcal{C}} |p - q| \quad (\text{III.3})$$

Chaque forme est alors centrée :

$$\mathbf{M} = [(\mathbf{Z}_{.,1} - \mu) \quad \cdots \quad (\mathbf{Z}_{.,n} - \mu)] \quad (\text{III.4})$$

De cette façon, l'ACP est construite dans l'espace des variations des formes. La variabilité des formes est capturée par l'utilisation de l'ACP : en utilisant la méthode de décomposition en valeurs singulières (SVD), la matrice de covariance définie par $\frac{1}{n}\mathbf{M}\mathbf{M}^T$, est décomposée afin de déterminer les modes orthogonaux de variations de forme et leurs valeurs propres correspondantes :

$$\frac{1}{n}\mathbf{M}\mathbf{M}^T = \mathbf{U}\mathbf{\Sigma}\mathbf{U}^T \quad (\text{III.5})$$

où $\mathbf{U}$ est une matrice dont les vecteurs colonnes représentent l'ensemble des modes orthogonaux de variation de forme, nommés vecteurs propres, et $\mathbf{\Sigma}$ est une matrice diagonale de taille $n \times n$ des valeurs singulières correspondantes, ou valeurs propres. Il est à noter que la dimension de $\frac{1}{n}\mathbf{M}\mathbf{M}^T$ est très grande et dépend du nombre de pixels $H.W \times H.W$. Le calcul de valeurs et formes propres de cette matrice est très coûteuse. Une solution existe pour faire face à de grandes tailles d'échantillons pour l'ACP [187]. Soit $\mathbf{W}$ une matrice de plus petite taille $n \times n$

définie par :

$$\mathbf{W} = \frac{1}{n} \mathbf{M}^T \mathbf{M} \quad (\text{III.6})$$

Afin de déterminer les vecteurs propres de la matrice originale, si $\mathbf{e}$ est un vecteur propre de $\mathbf{W}$ dont la valeur propre correspondante est λ , alors $\mathbf{M}\mathbf{e}$ est un vecteur propre de $\frac{1}{n} \mathbf{M} \mathbf{M}^T$ de valeur propre λ :

$$\begin{aligned} \frac{1}{n} \mathbf{M} \mathbf{M}^T (\mathbf{M}\mathbf{e}) &= \mathbf{M} \left(\frac{1}{n} \mathbf{M}^T \mathbf{M} \right) \mathbf{e} \\ &= \mathbf{M} (\mathbf{W}\mathbf{e}) \\ &= \mathbf{M} \lambda \mathbf{e} \\ &= \lambda (\mathbf{M}\mathbf{e}) \end{aligned} \quad (\text{III.7})$$

Pour chaque forme propre $\mathbf{e}$ de $\mathbf{W}$, $\mathbf{M}\mathbf{e}$ est le vecteur propre de $\frac{1}{n} \mathbf{M} \mathbf{M}^T$. Ainsi, la taille de la matrice des vecteurs propres $\mathbf{U}$ est de $H.W \times n$.

Dans la suite, nous considérons que les vecteurs propres ont été triés en fonction de l'importance de leur valeur propre correspondante. Soit $k \leq n$ le nombre de modes à considérer, ces derniers définissant la quantité de variations de forme retenue. Soit $\mathbf{z}$ une forme inconnue de la même classe d'objet. Une estimation $\hat{\mathbf{z}}$ de $\mathbf{z}$ peut être calculée par :

$$\hat{\mathbf{z}} = \boldsymbol{\mu} + \sum_{i=1}^k \alpha_i \mathbf{U}_{\mathbf{k},i} \quad (\text{III.8})$$

où α_i est obtenue avec :

$$\boldsymbol{\alpha} = \mathbf{U}_{\mathbf{k}}^T (\mathbf{z} - \boldsymbol{\mu}) = \{\alpha_1 \dots \alpha_k\} \quad (\text{III.9})$$

avec $\mathbf{U}_{\mathbf{k}}^T$ la matrice des k premières colonnes de $\mathbf{U}$ utilisées pour projeter $\mathbf{z}$ dans le sous-espace.

3 - 1.2 Comparaison des modèles de forme

Afin d'illustrer les différences entre la modélisation PDM et la nôtre, une comparaison empirique a été effectuée sur une base de données de 12 images d'avions de taille 114×114 [85] (Figure III.2). L'ensemble des images a été préalablement aligné. Chaque modèle a été construit à partir des images alignées, le PDM a été calculé à partir de ℓ points de correspondances. La superposition des deux formes moyennes et de leurs modes de variation principaux est donnée par la figure III.3. Celle-ci illustre la similarité des deux formes moyennes et montre que bien que les deux modèles ne représentent pas la variabilité des formes dans le même espace, leurs

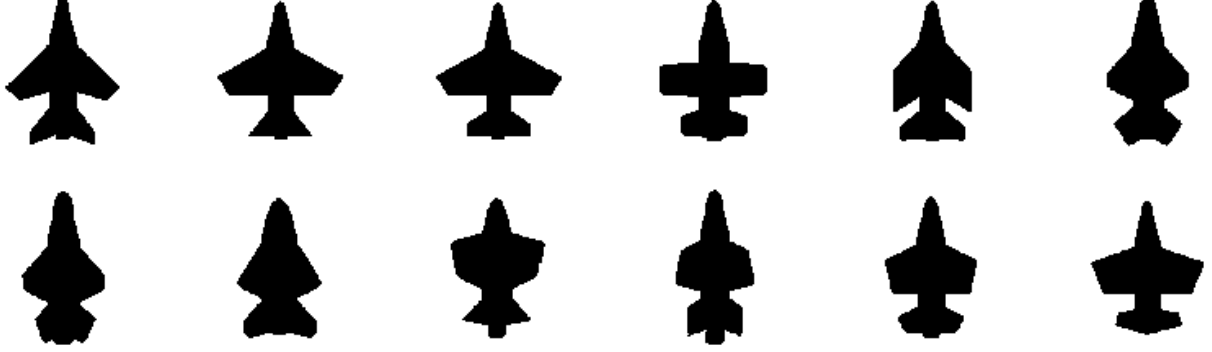


Figure III.2 – Base de données binaire de 12 images alignées d’avion (tiré de [85]).

axes de variations semblent similaires.

Dans la suite de cette partie, nous tâchons de quantifier la différence entre les deux modèles lors de son utilisation pour définir une forme nouvelle. Chaque forme de la base d’avions a été reconstruite en utilisant les deux représentations, SDF et PDM, avec une stratégie *leave-one-out* : $n - 1$ formes sont utilisées pour construire les modèles, et la dernière est utilisée pour l’estimation. Il est à noter que le PDM consiste en ℓ points de correspondances créés sur des points facilement identifiables. Deux métriques standard ont été calculées afin de comparer la forme estimée à la forme réelle : (i) le coefficient Dice $DM(A, B)$, une mesure de recouvrement entre deux formes A et B définie par :

$$DM(A, B) = \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|} \quad (\text{III.10})$$

et (ii) la distance perpendiculaire moyenne, ou *Point To Curve* ($P2C$) entre les deux contours définie par :

$$P2C(A, B) = \frac{1}{|A|} \sum_{a \in A} \min_{b \in B} d(a, b) \quad (\text{III.11})$$

où $|A|$ représente le nombre de points du contour A et $d(\cdot)$ la distance euclidienne. Les résultats, présentés à la table III.1, présentent le score de recouvrement et la distance perpendiculaire moyenne en pixels pour différents nombre de points ℓ (PDM) et différents choix du nombre de formes propres k utilisées pour la reconstruction. Sans surprise, l’erreur de reconstruction décroît lorsque k augmente. Il est à noter aussi que le PDM semble capturer les détails légèrement mieux que la représentation par SDF, et ce quelque soit le nombre de points. Cela peut également

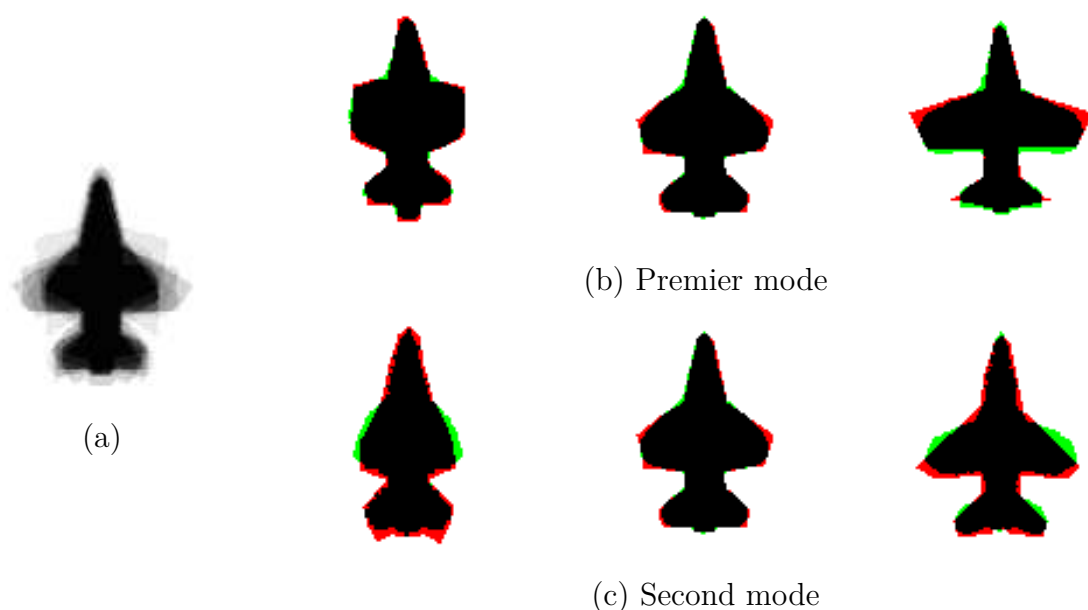


Figure III.3 – Variabilité des formes des avions en utilisant la représentation SDF et PDM. (a) la superposition des images de la base d'apprentissage, (b) les variations $\pm 2\sigma$ du mode principal de variation, (c) les variations $\pm 2\sigma$ du second mode principal de variation. La partie en noir est commune aux deux représentations, la partie rouge ne représente que le PDM (composé de $\ell = 37$ points), la partie verte que la SDF.

être observé à la figure III.4, où la reconstruction de deux formes par les deux représentations PDM et SDF est illustrée. Bien que légèrement moins précis en termes de reconstruction, les résultats obtenus par la représentation SDF montrent qu'une reconstruction correcte des formes peut être obtenue, sans la nécessité d'une coûteuse détection de points de correspondance et du processus d'appariement.

3 - 1.3 Conclusion

En conclusion, la représentation PDM et la représentation SDF permettent toutes deux de correctement représenter les variabilités des formes. Cependant, la représentation SDF présente des avantages que la représentation PDM n'offre pas :

- Elle ne nécessite pas la mise en place de points de correspondance, un processus sujet à la variabilité si manuel et à l'erreur de détection si automatique ;
- Elle ne nécessite pas l'alignement des points de correspondance, un pré-requis nécessaire avant l'analyse des formes, qui est difficile à établir.

Tableau III.1 – Moyenne du coefficient Dice (DM) et de la distance perpendiculaire (P2C, en pixels) entre la forme reconstruite et la forme réelle pour les deux représentations PDM et SDF. DM varie entre 0 (pas de recouvrement) à 1 (recouvrement parfait). ℓ est le nombre de points du PDM. k est le nombre de modes considérés pour la reconstruction.

		$k = 3$	$k = 6$	$k = 10$
DM	SDF	0.89 ± 0.04	0.91 ± 0.02	0.93 ± 0.02
	PDM $\ell = 16$	0.92 ± 0.03	0.94 ± 0.02	0.96 ± 0.01
	PDM $\ell = 28$	0.92 ± 0.03	0.94 ± 0.02	0.96 ± 0.01
	PDM $\ell = 38$	0.93 ± 0.03	0.94 ± 0.02	0.96 ± 0.01
P2C (pixels)	SDF	1.76 ± 0.49	1.35 ± 0.33	1.02 ± 0.26
	PDM $\ell = 16$	1.41 ± 0.57	1.06 ± 0.36	0.74 ± 0.23
	PDM $\ell = 28$	1.38 ± 0.56	1.10 ± 0.42	0.71 ± 0.19
	PDM $\ell = 38$	1.34 ± 0.51	1.08 ± 0.40	0.79 ± 0.19

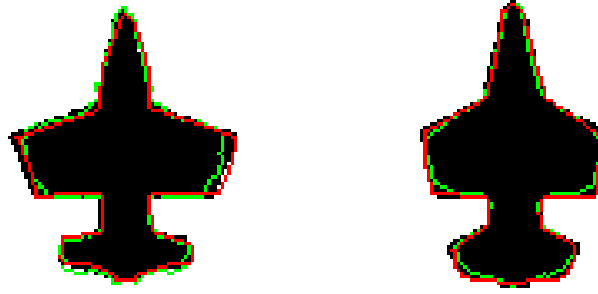


Figure III.4 – Deux formes reconstruites avec le PDM (courbe rouge) et SDF (courbe verte).

- Elle est plus robuste que le PDM à un désalignement initial des formes [90].

La représentation SDF est ainsi retenue dans notre méthode de segmentation, que nous allons décrire dans la partie suivante.

3 - 2 Méthode de segmentation binaire par coupes de graphe avec *a priori* de forme

Notre objectif est de proposer une approche de segmentation efficace basée sur un *a priori* de forme statistique intégré à la méthode des coupes de graphe, sans la nécessité d'un procédé itératif. La difficulté réside dans l'intégration du modèle au graphe. En effet, le modèle est composé d'une forme moyenne et de ses formes propres : son utilisation classique consiste à

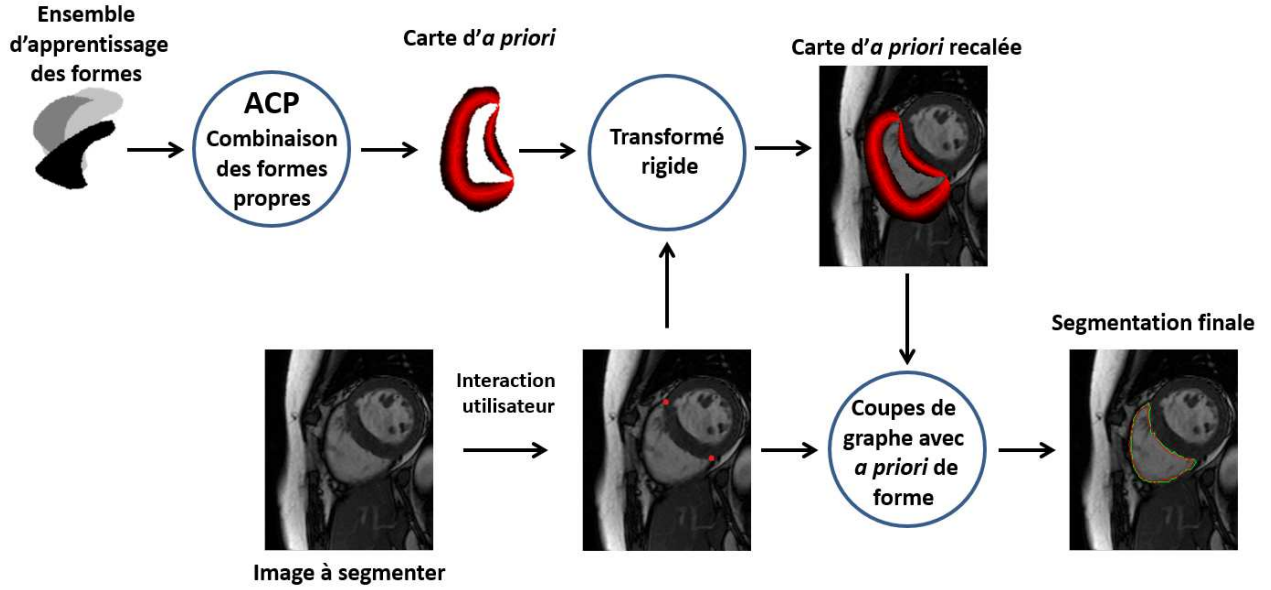


Figure III.5 – Vue d'ensemble de la méthode proposée avec *a priori* de forme. Pour la carte d'*a priori*, plus la couleur est sombre plus la distance est importante.

optimiser les poids des formes propres selon un critère basé sur l'image à segmenter, afin de lui faire correspondre au mieux le modèle. Ce procédé, itératif, peut être coûteux en temps de calcul et être sujet aux minima locaux. De plus, il semble difficile d'intégrer directement ce modèle dans le graphe. C'est pourquoi nous avons défini un *a priori* de forme à partir de ce modèle afin de l'intégrer directement dans les pondérations du graphe.

La méthode de segmentation que nous proposons repose ainsi sur deux étapes : (i) un modèle de forme est construit à partir d'une ACP et résumé dans une seule carte d'*a priori* (Section 3 - 2.1), (ii) cette carte est recalée sur l'image à partir d'une faible interaction avec l'utilisateur (deux points) et est incorporée dans la fonctionnelle d'énergie du graphe avant la segmentation finale (Section 3 - 2.2). Une vue d'ensemble de la méthode est donnée par la figure III.5.

3 - 2.1 Création d'un *a priori* de forme

Considérons un ensemble de N formes binaires de l'endocarde du ventricule droit, obtenue par une segmentation manuelle du VD sur N IRM cardiaques. Pour chaque forme binaire, une carte des distances ϕ_i au contour du VD est calculée. Les formes sont alignées rigide-ment sur

une référence arbitraire et moyennées créant la forme moyenne $\bar{\Phi}$ (Fig. III.7(a)) :

$$\bar{\Phi} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \phi_i \quad (\text{III.12})$$

Puisque moyenner ne garantit pas l'obtention d'une fonction distance, nous proposons de réinitialiser $\bar{\Phi}$ à une SDF du contour du VD, qui est la courbe de niveau zéro. Une ACP est alors réalisée sur l'ensemble des formes centrées, ce qui détermine les formes propres notées Φ_i , avec $i = 1..N$, et leurs valeurs propres associées, notées λ_i [85]. Un nombre de $k \leq N$ formes propres est retenu selon les pondérations des valeurs propres, avec une valeur k choisie assez large afin de prendre en compte les plus importantes variations des formes présentes dans l'ensemble d'apprentissage. La forme moyenne et les variations autour du premier axe données par l'ACP (i.e. associé à la plus grande valeur propre) sur des formes du VD sont illustrées à la Figure III.6.

Décrivons maintenant comment une carte unique d'*a priori* est calculée à partir de l'ACP. Notre objectif est d'isoler les zones de variation de la forme moyenne pour chaque axe principal. Nous générons ainsi des instances de déformation maximum pour chaque axe (Fig. III.7(b)-(c)) :

$$\gamma_i^{\pm} = \bar{\Phi} \pm 3\sqrt{\lambda_i}\Phi_i, \text{ pour tout } i = 1..k \quad (\text{III.13})$$

En effet, étant donné que la variance de la pondération de la forme propre Φ_i peut être vue comme valant λ_i et que la majeure partie de la population se situe dans trois écarts-types de la moyenne, les limites de déformations sont fixées à $\pm 3\sqrt{\lambda_i}$.

Les zones de variation de la forme moyenne pour le mode considéré i peuvent ensuite être obtenues par un OU exclusif entre la forme moyenne binaire et les déformations maximales binarisées $\gamma_i^{\pm}$:

$$\Gamma_i(p) = \mathcal{H}(\bar{\Phi}) \oplus \mathcal{H}(\gamma_i^+) + \mathcal{H}(\bar{\Phi}) \oplus \mathcal{H}(\gamma_i^-), \text{ pour tout } i = 1..k \quad (\text{III.14})$$

où $\mathcal{H}(\cdot)$ est la fonction de Heaviside. Γ_i est la carte binaire contenant les zones de variation de la forme moyenne, pour le mode propre i (Fig. III.7(d)). Cette carte est superposée aux valeurs des distances de la forme moyenne $\bar{\Phi}$ (Fig. III.7(e)-(g)) :

$$PM_i(p) = \Gamma_i(p) \cdot \bar{\Phi}, \text{ pour tout } i = 1..k \quad (\text{III.15})$$

Les k cartes de distances sont alors moyennées dans une seule carte de distances (Fig. III.7(h)) :

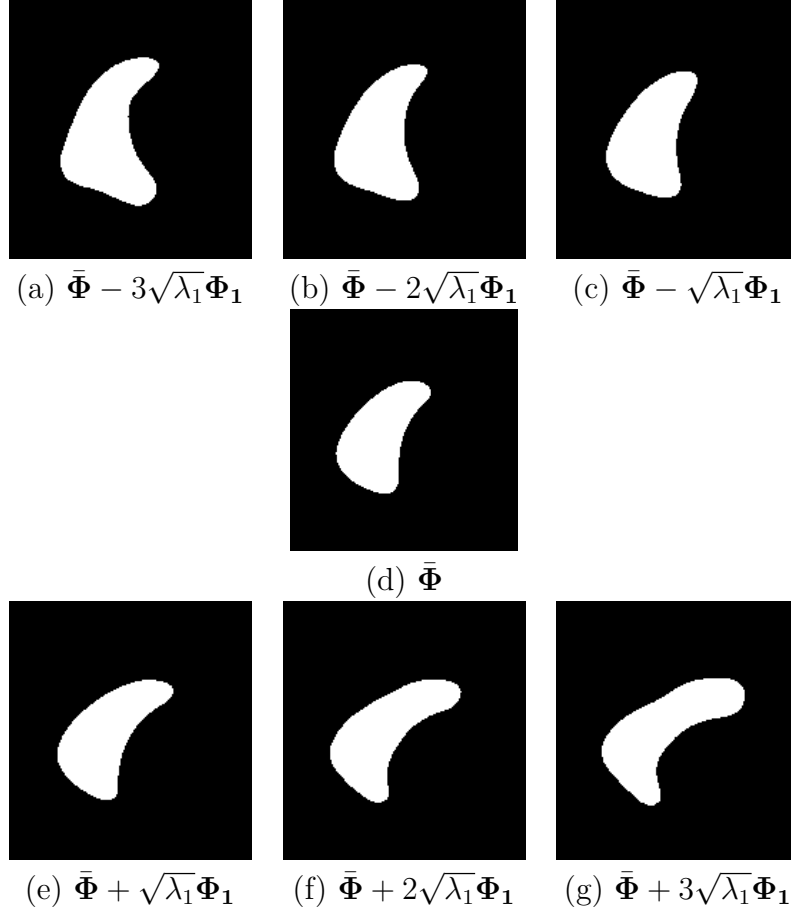


Figure III.6 – Premier axe de variation donné par l’ACP, à partir de la forme moyenne (d), les déformations opposées (a)-(c) et (e)-(g).

$$P_S(p) = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k PM_i(p) \quad (\text{III.16})$$

Ainsi, la carte finale d’*a priori* P_S comprend une région basée distance où le contour est censé se trouver, et sa région complémentaire remplie par des valeurs nulles.

3 - 2.2 Intégration au graphe

La carte d’*a priori* est créée, mais comment peut-elle être intégrée à la méthode des coupes de graphe ? Dans la littérature, des termes additionnels d’énergie sont ajoutés à la fonction de coût de la méthode des coupes de graphe. Certains auteurs intègrent ces termes aux pondérations des *t-links* [164, 165], lorsque d’autres les combinent aux *n-links* [169] (voir Section 2 - 2.5 du chapitre II). Nous proposons que l’*a priori* de forme contribue à pondérer à la fois les

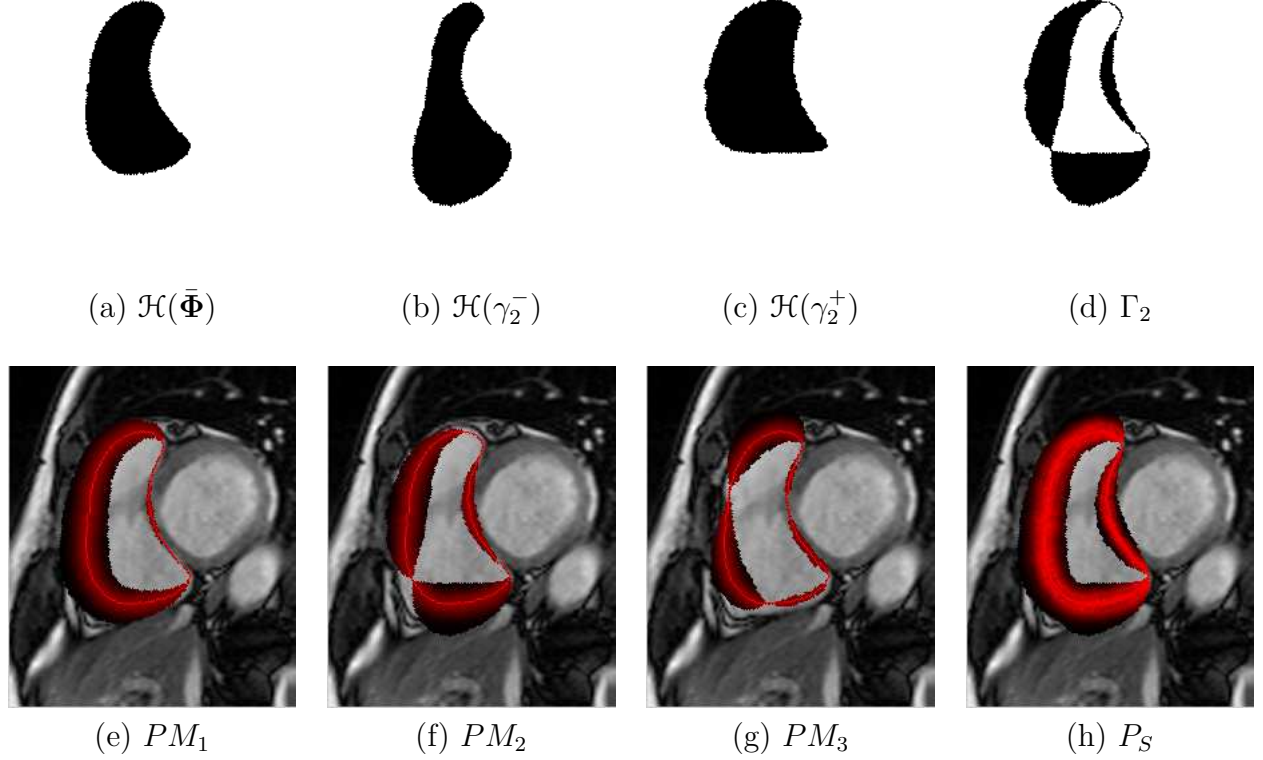


Figure III.7 – Les différentes étapes de calcul de la carte d'*a priori*. (a) La forme moyenne binaire, (b)-(c) déformations extrêmes de la forme moyenne pour le second axe, (d) masque final des zones de variation pour le second axe, (e)-(g) distances à la forme moyenne pour les trois premiers axes superposées à l'image, (h) carte finale d'*a priori* superposée à l'image, définie par les zones colorées (plus la couleur est sombre plus la distance est importante).

t-links et les *n-links*.

Préalablement, l'*a priori* de forme est recalé rigidement sur l'image à segmenter à partir de deux points (voir Section 3 - 3). Le terme région R_p peut alors être défini par :

$$R_p^S(\mathcal{O}) = \begin{cases} -\ln(Pr(\mathcal{O}|I_p)) & \text{si } P_S(p) \neq 0 \\ +\infty & \text{si } P_S(p) = 0 \text{ et } \mathcal{H}(\bar{\Phi}(p)) = 1 \text{ (Fond)} \\ 0 & \text{si } P_S(p) = 0 \text{ et } \mathcal{H}(\bar{\Phi}(p)) = 0 \text{ (Objet)} \end{cases} \quad (\text{III.17})$$

$$R_p^S(\mathcal{B}) = \begin{cases} -\ln(1 - Pr(\mathcal{O}|I_p)) & \text{si } P_S(p) \neq 0 \\ 0 & \text{si } P_S(p) = 0 \text{ et } \mathcal{H}(\bar{\Phi}(p)) = 1 \text{ (Fond)} \\ +\infty & \text{si } P_S(p) = 0 \text{ et } \mathcal{H}(\bar{\Phi}(p)) = 0 \text{ (Objet)} \end{cases} \quad (\text{III.18})$$

avec $Pr(\mathcal{O}|I_p)$ le modèle de probabilité *a posteriori* calculé à partir des intensités des pixels p de l'image selon notre *a priori* de forme, telles que $P_S(p) = 0$ and $\mathcal{H}(\bar{\Phi}(p)) = 0$.

L'*a priori* de forme que nous avons construit est basé contours et peut être ajouté en tant que terme d'*a priori* à la pondération des *n-links*. Nous proposons ainsi d'ajouter un nouveau terme frontière noté $B_{p,q}^S$ et défini par :

$$B_{p,q}^S = \frac{P_S(p) + P_S(q)}{2} \quad (\text{III.19})$$

L'énergie finale d'une coupe $\mathcal{C}$ pour le graphe intégrant un *a priori* de forme est alors donnée par :

$$E(\mathcal{C}) = \lambda \sum_{p,q \in \mathcal{N}} (B_{p,q} + \gamma B_{p,q}^S) \cdot \delta(\omega_p \neq \omega_q) + \sum_{p \in V} R_p^S(\omega_p) \quad (\text{III.20})$$

où $B_{p,q}$ est défini à l'équation II.13, λ pondère la contribution relative entre les termes *n-link* et *t-link* et γ pondère le terme frontière d'*a priori* de forme $B_{p,q}^S$ et le terme frontière classique $B_{p,q}$.

La prochaine partie va permettre d'évaluer notre méthode sur la segmentation du ventricule droit en IRM cardiaques. Nous montrerons l'apport de l'*a priori* par rapport à la méthode classique et comparerons les résultats obtenus avec une méthode de la littérature.

3 - 3 Resultats expérimentaux

3 - 3.1 IRM cardiaques

Notre méthode a été appliquée à notre base de données, issue de routine clinique et collectée au Centre Hospitalier Universitaire (CHU) de Rouen. Elle comprend 491 Images à Résonance Magnétique (IRM) petit axe, acquise sur 32 patients présentant diverses pathologies et ayant donné leur consentement écrit à leur utilisation. Pour chaque patient, deux volumes d'un total de 16 images (en moyenne) sont disponibles à deux instants d'intérêt particulier : 9 images (ou coupes) en fin de diastole ED et 7 images en fin de systole ES (instants définis au chapitre I). Les ensembles appelés *Training set* et *Test1* sont chacun composés de 16 patients. Les images cardiaques ont été zoomées et recadrées dans une région d'intérêt de taille 256×216 pixels (ou 216×256), laissant le ventricule gauche visible sur chaque image pour permettre une segmentation jointe des deux ventricules.

La segmentation manuelle de l'endocarde et de l'épicarde des ventricules droit et gauche a été réalisée par un radiologue cardiaque, avec la convention que les muscles papillaires et les trabéculations soient inclus dans la cavité ventriculaire. Plus d'informations sur les données sont données au chapitre V, lors de la présentation du challenge MICCAI 2012 de segmentation du ventricule droit en IRM cardiaque que nous avons organisé.

3 - 3.2 Construction du modèle de forme et paramétrisation

Les modèles de forme sont construits exclusivement avec la base d'apprentissage. Un modèle est créé pour chaque instant (ED ou ES), et plusieurs modèles décrivent les différents niveaux de coupe de la base à l'apex du cœur : 6 en ED, 5 en ES. Chacune de ces 11 ACP a été réalisée en utilisant entre 16 et 32 images. Puisque la taille de chaque valeur propre indique l'importance de son vecteur propre correspondant pour modéliser la forme, nous avons choisi empiriquement k pour conserver 99% des variations de la forme moyenne. Ceci correspond à 7-10 vecteurs propres selon le niveau de coupe. Le recalage préliminaire est réalisé en positionnant manuellement deux points anatomiques sur la cloison interventriculaire, ou septum (Fig. III.5). Ces points anatomiques ont été choisis à partir de deux critères, (i) une interaction utilisateur minimum, (ii) des points anatomiques facilement identifiable par un expert. Basé sur ces critères, le choix de deux points à la jonction du septum pour recaler le modèle sur les images 2D semble être cohérent.

Les différents paramètres de la méthode ont été définis empiriquement à partir de l'ensemble d'apprentissage de 16 patients : le paramètre gaussien pour la modélisation des intensités a été déterminé à $\sigma = 10$ et le terme de régularisation à $\lambda = 100$, à la fois pour ED et ES. Concernant la pondération de l'*a priori* de forme dans le terme des *n-links*, il a été fixé à $\gamma = 0.001$ pour ED et $\gamma = 0.005$ pour ES. On peut remarquer que pour les coupes plus difficiles (ES), la pondération de l'*a priori* est un peu plus important. Ces paramètres ne sont pas critiques et possèdent des plages de réglage assez importantes permettant l'obtention de résultats similaires. L'implémentation de Boykov et Kolmogorov pour l'algorithme *mincut-maxflow*¹ a été utilisée pour déterminer la coupe de coût minimal pour le graphe [152].

1. Disponible en ligne : <http://pub.ist.ac.at/~vnk/software.html>.

3 - 3.3 Résultats de segmentation

Notre algorithme de segmentation a été appliquée à la base Test1 contenant 16 patients inconnus. Notre méthode est comparée à la méthode pionnière de segmentation par la méthode des coupes de graphe avec *a priori* de forme, proposé par Freedman et Zhang [169], que nous avons présentée à la Section 2 - 2.5 du chapitre II. Leur méthode consiste en l'utilisation d'un unique modèle de forme décrit par une carte de distances non-signées $\bar{\phi}$. Nous avons également comparé notre méthode à la méthode originale des coupes de graphe [4], afin de quantifier l'apport du terme d'*a priori* à la méthode. Ces deux méthodes nécessitent le placement de marqueurs objet et fond pour la modélisation des intensités de l'objet et du fond, et pour le recalage du modèle (pour la méthode de Freedman et Zhang [169]). Ces marqueurs sont également utilisés comme des contraintes dures dans le graphe. Nous avons placé en moyenne pour ces méthodes 5 marqueurs pour la cavité du VD et 10 marqueurs pour le fond (Voir Figure III.8). Les paramètres de ces méthodes ont été définis empiriquement à partir de la base d'apprentissage.

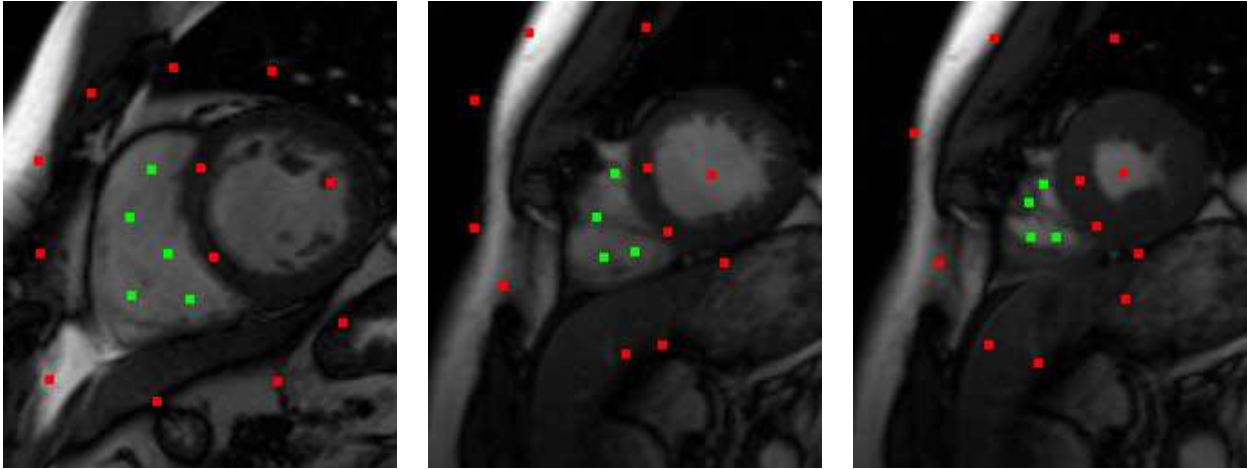


Figure III.8 – Exemples de marqueurs placés par interaction utilisateur pour l'objet (vert) et le fond (rouge), utilisés pour la méthode des coupes de graphe sans *a priori* et la méthode de Freedman et Zhang.

Concernant notre méthode, pour chaque image de chaque patient, l'utilisateur doit définir les deux points anatomiques utilisés pour recalrer le modèle de forme sur l'image. Les résultats de segmentation de chaque méthode sont comparés à la vérité terrain manuelle à travers le coefficient Dice (DM) (voir Eq. III.10) et la distance perpendiculaire moyenne (P2C) (voir Eq. III.11). Le tableau III.2 présente les résultats obtenus : notre méthode permet d'obtenir un bon score de recouvrement de 0.83 ± 0.15 en ED et 0.70 ± 0.22 en ES, avec une distance

Chapitre III. Segmentation binaire par coupes de graphe avec un modèle de forme statistique

perpendiculaire moyenne de 2 à 3 mm (ED et ES). On peut remarquer que seules les dernières coupes apicales posent des difficultés de segmentation et font légèrement chuter les résultats. Des exemples de segmentation sont présentés à la figure III.9.

Tableau III.2 – Moyenne ($\pm$ écart type) du coefficient Dice (DM) et de la distance perpendiculaire (P2C, en mm) entre la segmentation automatique et le contourage manuel du contour de l’endocarde du VD en ED et ES de la base (B) à l’apex (A) du cœur sur 16 patients.

		Notre méthode		Méthode Freedman [169]		Coupes de graphe originale [4]	
		Dice	P2C (mm)	Dice	P2C (mm)	Dice	P2C (mm)
E D	B	0.91 ± 0.09	2.25 ± 1.86	0.87 ± 0.12	4.37 ± 4.12	0.86 ± 0.12	10.99 ± 6.78
		0.90 ± 0.10	2.31 ± 1.76	0.90 ± 0.09	3.80 ± 3.49	0.88 ± 0.09	10.34 ± 8.12
		0.88 ± 0.12	2.11 ± 1.80	0.80 ± 0.18	7.55 ± 7.34	0.77 ± 0.19	15.29 ± 10.61
	A	0.83 ± 0.10	2.55 ± 1.28	0.75 ± 0.19	9.87 ± 9.48	0.71 ± 0.20	20.01 ± 12.40
		0.81 ± 0.12	2.39 ± 1.39	0.66 ± 0.23	12.73 ± 11.26	0.61 ± 0.24	23.62 ± 13.54
		0.70 ± 0.18	2.27 ± 1.35	0.56 ± 0.21	12.24 ± 11.14	0.48 ± 0.22	29.62 ± 14.29
Mean		0.83 ± 0.15	2.32 ± 1.57	0.74 ± 0.22	8.77 ± 9.37	0.70 ± 0.24	19.22 ± 13.67
E S	B	0.84 ± 0.14	2.89 ± 2.46	0.83 ± 0.12	7.12 ± 6.68	0.83 ± 0.08	16.97 ± 9.84
		0.82 ± 0.15	2.85 ± 1.67	0.75 ± 0.17	9.06 ± 8.24	0.74 ± 0.21	16.47 ± 9.77
		0.73 ± 0.19	3.59 ± 1.98	0.65 ± 0.24	9.67 ± 9.60	0.64 ± 0.23	18.07 ± 11.62
	A	0.66 ± 0.19	2.96 ± 1.28	0.56 ± 0.21	11.62 ± 10.01	0.50 ± 0.21	23.59 ± 13.20
		0.52 ± 0.21	2.86 ± 1.57	0.39 ± 0.22	19.30 ± 18.79	0.40 ± 0.16	32.30 ± 16.43
Mean		0.70 ± 0.22	3.05 ± 1.82	0.61 ± 0.25	12.00 ± 12.98	0.60 ± 0.24	22.26 ± 14.28

Les valeurs en gras indiquent les meilleurs résultats entre les méthodes.

Une segmentation précise est obtenue lorsqu’est atteint la variabilité intra et inter-opérateur de la segmentation manuelle, qui est de l’ordre de 2mm pour le VD [115]. Notre méthode donne des résultats encourageants se comparant favorablement à une méthode de l’état de l’art et surpasse sans surprise l’approche originale sans *a priori*. Notre méthode fournit également de meilleurs résultats que la méthode de Freedman et Zhang, en particulier sur les images apicales, qui sont plus difficiles à segmenter (voir Figure III.9) : elles présentent de petites structures, qui sont souvent floues (dus à l’effet de volume partiel). Le modèle *a priori* de Freedman et Zhang semble ne pas être assez précis pour ce type d’application. Concernant les coupes basales, les résultats sont comparables entre notre méthode et celle de Freedman et Zhang, au prix d’une interaction substantielle de l’utilisateur pour la méthode de Freedman et Zhang.

Sans surprise, les résultats de segmentation sont meilleurs pour les images ED que pour celles en ES, pour les trois méthodes : les images ED sont les plus faciles à traiter, puisque le cœur y est le plus dilaté. Les résultats sont également meilleurs pour les coupes basales et mi-ventriculaires que pour les coupes apicales. Un mauvais résultat de segmentation sur les coupes apicales a peu d’influence sur le calcul du volume du cœur, mais peut être un facteur li-

mitant dans d'autres domaines tels que des études sur la structure des fibres. Dans une moindre mesure, cela est également vrai pour les images ES.

Enfin, en ce qui concerne le temps de calcul, notre algorithme est implémenté en C++ sans aucune optimisation particulière et nécessite environ 45 secondes par patient (comprenant les volumes ED et ES) sur un ordinateur portable Dell E6510 avec 4Go de RAM et un processeur Intel(R) Core(TM) i7, M460 @ 2.80GHz. Ce temps de calcul est compatible avec une utilisation en routine clinique.

3 - 4 Conclusion

Dans cette partie, nous avons présenté une méthode de segmentation du ventricule droit basée sur la méthode des coupes de graphe utilisant un *a priori* de forme. Le modèle de forme est construit à partir d'une ACP pour un ensemble de formes représentatives du VD obtenues par une segmentation manuelle. Un terme original d'*a priori* est introduit dans la fonctionnelle d'énergie de la méthode des coupes de graphe. Notre méthode de segmentation a été validée sur 491 images provenant de 32 patients. Nous avons montré que notre méthode surpasse l'approche originale de la méthode des coupes de graphe et se compare favorablement à une méthode de l'état de l'art. Néanmoins, il est à noter que bien que les résultats soient satisfaisant pour les coupes basales et mi-ventriculaires, des améliorations sont possibles pour les coupes apicales.

Ainsi, plusieurs points peuvent être améliorées pour cette méthode :

- (i) La segmentation multi-objets. Sur les coupes petit-axe, le VD et le VG sont tous les deux visibles. De plus, le VG étant plus aisé à segmenter, il peut être utilisé pour aider la segmentation du VD. Une segmentation conjointe des deux ventricules permettrait ainsi de faciliter la segmentation.
- (ii) La précision du modèle. Afin d'améliorer la segmentation pour les coupes apicales, le modèle doit être plus précis et coller au mieux à l'image considérée. Contrairement à l'ACP donnant les variations générales des formes, l'utilisation des atlas peut être envisagée afin d'augmenter la spécificité de l'*a priori* de forme.
- (iii) L'automatisation de la méthode. Le recalage du modèle à partir de deux points facilement identifiables est aisé et rapide mais nécessite l'intervention de l'expert pour chaque coupe de chaque volume. Automatiser la méthode donnerait un avantage supplémentaire. Dans ce but, une étape de recalage automatique pourrait être mis en place.

Nous proposons ainsi dans la section suivante une approche répondant à ces perspectives pour la segmentation conjointe du VD (endocarde) et VG (endocarde et épicaide) par une méthode automatique de segmentation multi-objets intégrant un *a priori* de forme basé sur des atlas.

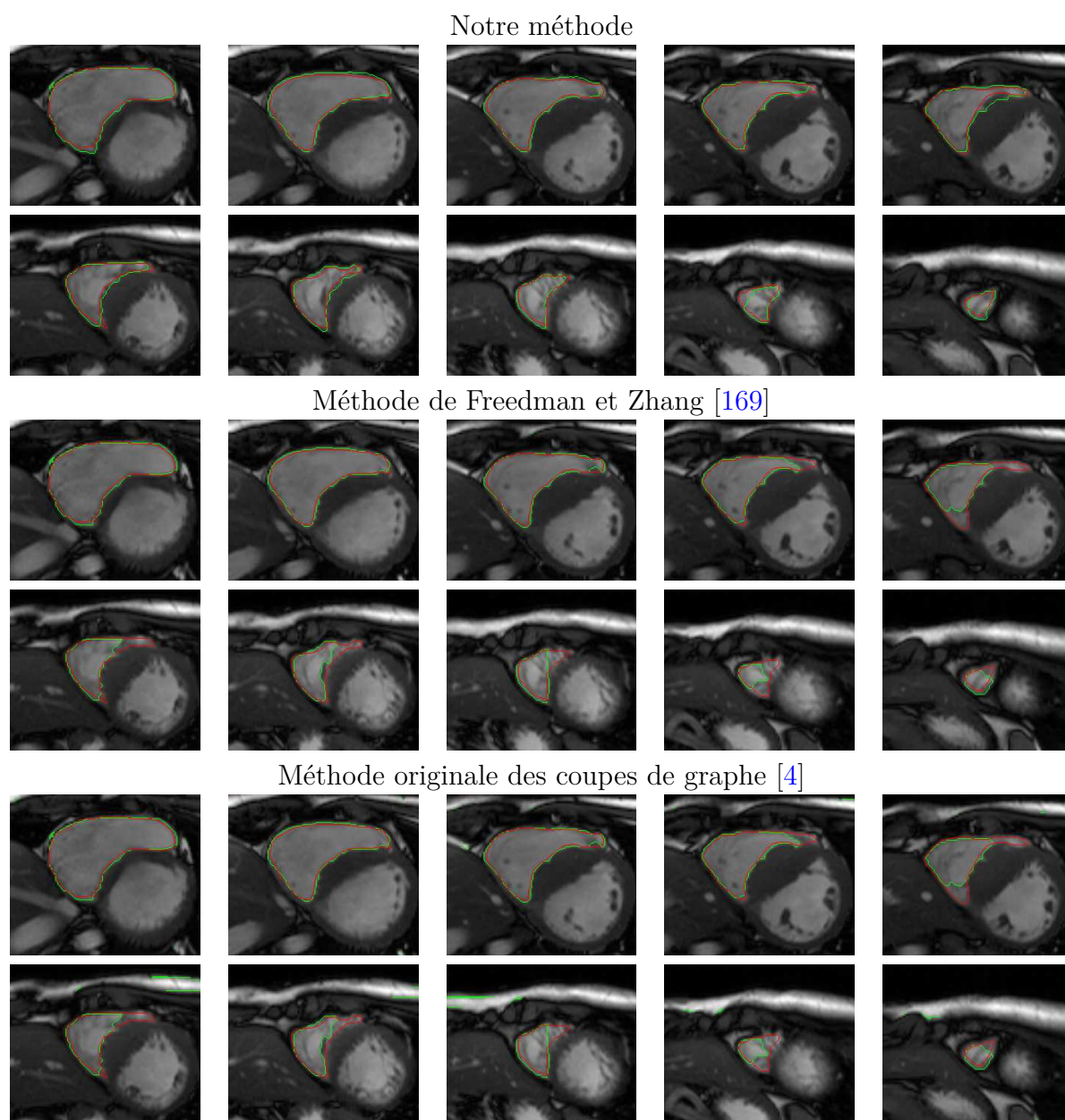


Figure III.9 – Résultats de segmentation obtenue par l’algorithme automatique (vert) et vérité terrain manuelle (rouge) pour le patient 20 de Test1 en ED (de la base à l’apex). En haut : notre méthode, au milieu : méthode de Freedman et Zhang [169], en bas : méthode originale des coupes de graphe [4].

Chapitre IV

Segmentation par GC multi-labels intégrant des *a priori* de forme

Nous avons proposé au chapitre précédent une méthode semi-automatique de segmentation du VD par GC utilisant un modèle de forme construit à partir d'une ACP. Notre but est d'améliorer cette méthode afin de (i) la rendre automatique, (ii) permettre la segmentation conjointe du VD, du VG et du myocarde, (iii) améliorer la précision du modèle. Nous proposons ainsi une méthode de segmentation multi-objets automatique et non itérative basée sur les GC multi-labels intégrant un *a priori* de forme basé sur des atlas. En effet, sachant que le VG et le VD sont proches, que leurs contours présentent un contraste faible et peuvent être bruités, une segmentation du VD peut déborder vers le VG (et vice-versa). L'intégration d'un modèle de l'ensemble de ces objets à la méthode de segmentation permet de résoudre ce problème. Plus précisément, nous supposons que nous disposons d'un ensemble d'images labellisées par un expert, appelé aussi un ensemble d'atlas. Les atlas sont recalés sur l'image à segmenter [188] et combinés afin de construire un modèle probabiliste de forme à 4 labels (VG, VD, myocarde et fond). Nous proposons comme contribution principale d'intégrer ce modèle à la méthode des coupes de graphe multi-labels afin de réaliser la segmentation du VD, du VG et du myocarde de manière totalement automatique. Nous proposons une méthode non-itérative afin de limiter les coûts de calcul, contrairement à ce qui a pu être proposé dans la littérature [168].

Nous présentons dans une première partie la méthode dans sa globalité (section 4 - 1). Une deuxième partie (section 4 - 2) porte sur les spécificités de la méthode pour la segmentation conjointe des ventricules cardiaques et l'étude des résultats obtenus.

4 - 1 Segmentation avec atlas multi-labels

Trois étapes composent notre méthode : (i) le recalage des atlas sur l'image à segmenter, (ii) la fusion des atlas afin de créer un modèle de forme probabiliste multi-labels, (iii) la segmentation multi-objets par GC intégrant ce modèle.

4 - 1.1 Recalage des atlas par coupes de graphe

Différentes méthodes ont été proposées afin de réaliser le recalage non-rigide d'un ensemble d'atlas [189–191]. L'utilisation de la méthode des GC a l'avantage de permettre de minimiser efficacement une fonctionnelle d'énergie et d'obtenir un minimum global, ou un minimum local fort, en un temps polynomial. Cette technique récente n'a cependant pas encore été très étudiée dans la littérature [137–139, 141]. Nous présentons dans cette partie le recalage d'un ensemble d'atlas par la méthode des GC.

Le recalage des atlas est une étape nécessaire à la création d'un *a priori* de forme pour l'image à segmenter, afin de les considérer dans le même repère. Cette tâche peut être ardue pour de nombreuses raisons : fortes variabilités des objets de l'image, différences d'illumination, contraste faible, etc. Afin de minimiser les causes d'erreur, deux recalages successifs ont été mis en place : un recalage rigide d'abord, permettant de déterminer les paramètres de translation et de rotation à appliquer afin de superposer au mieux l'atlas sur l'image à segmenter. Dans cette étape, les transformations réalisées sur l'atlas n'entraînent pas de déformation structurelle des objets. Un recalage non-rigide est ensuite effectué, permettant cette fois des déformations élastiques, afin de faire coller au mieux l'atlas et l'image à segmenter. Notons I l'image à segmenter, dont le domaine spatial est noté $\Omega \in \mathbb{R}^2$, et dont les objets à segmenter sont représentés par un ensemble de labels $\mathcal{L}$. Soit N le nombre d'atlas représentatifs, chacun étant composé d'une image d'intensité $A_{[1..N]}$ et d'une carte de labels $L_{[1..N]}$, tel que $\mathcal{A} = \{(A_1; L_1), \dots, (A_N; L_N)\}$. Nous allons tout d'abord réaliser un recalage rigide de l'ensemble des atlas $\mathcal{A}$ sur I .

Recalage rigide : Le recalage rigide peut se voir comme le problème de minimisation suivant :

$$\mathbf{T}^* = \arg \min_{\mathbf{T}} C(I, A^{\mathbf{T}}) \quad (\text{IV.1})$$

où le but est de rechercher la transformation optimale $\mathbf{T}^*$ telle que l'image de référence I et l'image flottante A se superposent au mieux, selon la mesure de similarité C déterminant le degré de similarité entre I et $A^{\mathbf{T}}$, $A^{\mathbf{T}}$ étant l'image flottante transformée. Dans le cadre du

recalage rigide, le champ de transformation $\mathbf{T}$ est restreint aux paramètres de translation et de rotation $\mathbf{T} = \{T_x, T_y, T_\theta\}$: la transformation est paramétrique. Nous avons choisi d'utiliser une mesure de similarité classique et très rapide à calculer : la somme des différences absolues d'intensités (SAD). Pour chaque point spatial $\mathbf{x} = (x, y) \in \Omega$, $I(\mathbf{x})$ et $A(\mathbf{x})$ sont les valeurs des intensités en $\mathbf{x}$ pour chaque image. La recherche de la transformation rigide optimale est alors donnée par :

$$\mathbf{T}^* = \arg \min_{\mathbf{T}} \int_{\Omega} \|I(\mathbf{x}) - A^{\mathbf{T}}(\mathbf{x})\| d\Omega \quad (\text{IV.2})$$

Cette minimisation a été réalisée de manière exhaustive, en force brute, étant très rapide à calculer. Les transformations optimales T^* obtenues sont appliquées aux images d'intensités et aux cartes de labels des atlas, que nous continuerons de noter $\mathcal{A} = \{(A_1; L_1), \dots, (A_N; L_N)\}$ après ce recalage par soucis de simplicité. Il est alors possible de réaliser le recalage non-rigide.

Recalage non rigide : Dans le cas où les déformations peuvent être complexes, par exemple avec des structures anatomiques variant fortement en géométrie ou en topologie, la transformation doit être flexible et donc non paramétrique. Cette transformation est alors un champ de vecteurs de déplacement, noté $\mathbf{D}$, permettant de déplacer tout point $\mathbf{x} \in \Omega$ de sa position originale à un nouveau point $\mathbf{x} + \mathbf{D}(\mathbf{x}) \in \Omega$ par le vecteur $\mathbf{D}(\mathbf{x}) \in \mathbb{R}^2$. Il est dans ce cas nécessaire d'ajouter un terme de régularisation à l'équation IV.1, afin de prendre en compte la corrélation entre les pixels voisins et de permettre une déformation lisse :

$$\mathbf{D}^* = \arg \min_{\mathbf{D}} C(I, A^{\mathbf{D}}) + \lambda_r S(\mathbf{D}) \quad (\text{IV.3})$$

avec C la mesure de similarité, $A^{\mathbf{D}}$ l'image flottante après application de $\mathbf{D}$ à A et λ_r une constante positive contrôlant le terme de régularisation S . Outre le choix des transformations considérées, il est nécessaire de choisir un critère de similarité. Dans le cas du recalage mono-modal dans lequel nous nous situons, les critères classiques sont l'erreur absolue ou norme L^1 (SAD), l'erreur quadratique ou norme L^2 (SSD) et l'information mutuelle. Ce critère doit être choisi en fonction de l'application et sera déterminé à la Section 4 - 2 . Le terme de régularisation S est défini classiquement par l'amplitude de la dérivée première [137]. L'équation IV.3 peut se réécrire sous la forme :

$$\mathbf{D}^* = \arg \min_{\mathbf{D}} \int_{\Omega} C(I(\mathbf{x}), A^{\mathbf{D}}(\mathbf{x})) d\mathbf{x} + \lambda_r \int_{\Omega} \|\mathbf{D}(\mathbf{x})\| d\Omega \quad (\text{IV.4})$$

En théorie, cette équation peut être minimisée par n'importe quel outil d'optimisation. Les deux méthodes principales considérées comme état de l'art dans l'analyse d'images médicales

sont la méthode *Free-Form Deformations* (FFD) [189] et la méthode *Demons* (DEMONS) [190]. Dans le cas de la FFD, un ensemble de points de contrôle sur une grille régulière de l'image est autorisé à se déplacer librement, le déplacement des autres points étant obtenu par des fonctions d'interpolation basées sur les B-splines et les points de contrôle voisins. Cependant, dans le cas de déformations complexes, cette transformation peut ne pas être assez flexible [137]. Pour la méthode DEMONS, une approche basée sur la diffusion est proposée, sans aucune contrainte sur la transformation $\mathbf{D}$: chaque pixel peut avoir son propre déplacement, défini à chaque itération à partir de différences d'intensité et de gradient entre l'image source et l'image à transformer. Une étape de régularisation (lissage Gaussien) est appliquée à la fin de chaque itération. Cette dernière n'étant pas intégrée à la fonctionnelle d'énergie, les déplacements importants ou aigus ne sont pas pénalisés. De plus, cette méthode est sensible aux artéfacts d'acquisition [137]. Dans notre cas de transformation non paramétrique, le processus d'optimisation peut être très coûteux en temps de calculs, notamment en cas d'utilisation de méthodes itératives. L'utilisation de la méthode des coupes de graphe permet de minimiser efficacement et non itérativement l'équation IV.4 [137], et de ce fait réduire le temps de calcul. Elle permet l'obtention d'un minimum global, ou d'un minimum local fort, en un temps polynomial, sous certaines conditions : la restriction de $\mathbf{D}(\mathbf{x}) \in \mathbb{R}$ à un ensemble fini. Une fenêtre discrète $\mathcal{W} = \{0, \pm s, \pm 2s, \dots, \pm w_s\}^2$ en 2D est ainsi choisie (généralement $w_s = 8$ pixels) telle que $\mathbf{D}(\mathbf{x}) \in \mathcal{W}$. Il est à noter que si $s < 1$, des déplacements avec interpolation seront à considérer. Cette discrétisation permet d'assigner une valeur à tout $\mathbf{D}(\mathbf{x})$. Ainsi, l'équation IV.4 peut être résolue en utilisant la méthode des coupes de graphe par des séquences d'expansion alpha (α -expansion) [146] et converge vers un minimum local garanti à un facteur près du minimum global. Kolmogorov et Zabih [147] ont montré que la méthode des coupes de graphe permettait de déterminer le minimum global d'un problème deux labels si les termes de somme de coûts $V_{p,q}$ respectent l'inégalité suivante (plus de détails sur cette condition à la section 2 - 2.3) :

$$V_{p,q}(0,0) + V_{p,q}(1,1) \leq V_{p,q}(0,1) + V_{p,q}(1,0) \quad (\text{IV.5})$$

Considérons une labellisation f et deux pixels adjacents p, q avec $f_p = \beta$ et $f_q = \gamma$ et $\beta, \gamma \in \mathcal{W}$. En cas d'expansion d'un nouveau label $\alpha \in \mathcal{W}$, les différents coûts possibles de $V_{p,q}$ sont les suivants [137] :

- $V_{p,q}(0,0) = \|\beta - \gamma\|$ si p et q conservent leurs anciens labels β et γ .
- $V_{p,q}(1,1) = \|\alpha - \alpha\| = 0$ si p et q choisissent le nouveau label α .
- $V_{p,q}(0,1) = \|\beta - \alpha\|$ si p conserve β et q choisit α .
- $V_{p,q}(1,0) = \|\alpha - \gamma\|$ si p choisit α et q conserve γ .

En considérant le terme de régularisation correspondant à $V_{p,q}$ de l'équation IV.4, on a $\alpha, \beta, \gamma \in \mathcal{W} \subset \mathbb{R}^2$ et $\|\cdot\|$ l'opérateur de norme L2. Par l'inégalité triangulaire et pour tout vecteur α, β, γ nous avons $\|\beta - \gamma\| \leq \|\beta - \alpha\| + \|\alpha - \gamma\|$. L'inégalité de l'équation IV.5 est ainsi vérifiée et chaque expansion α donne ainsi un optimum global. Dans ces conditions, Boykov *et al.* [146] ont prouvé que l'algorithme α -expansion, composé de plusieurs séquences d'expansion α pour tout $\alpha \in \mathcal{W}$, converge vers un minimum local garanti à un facteur près du minimum global (voir équation II.20, chapitre II).

A la suite de ce recalage non rigide, nous obtenons un ensemble de N champs de vecteurs de déplacement $\mathbf{D}_{1..N}^*$. Ces champs sont appliqués aux images d'intensités et aux cartes de labels, pour donner les atlas recalés notés $\mathcal{A}^D = \{(A_1^D; L_1^D), \dots, (A_N^D; L_N^D)\}$. Ces atlas sont fusionnés dans une seconde étape afin de créer un *a priori* de forme permettant de guider la segmentation finale.

4 - 1.2 Création du modèle de forme

Chaque atlas recalé $(A_i^D(\mathbf{x}); L_i^D(\mathbf{x}))$ a une opinion sur le label de chaque pixel $\mathbf{x}$. Notre but est de pondérer et de combiner toutes les décisions des atlas afin de créer une carte statistique d'*a priori*, la pondération dépendant de la similarité entre l'intensité du pixel source $I(\mathbf{x})$ et celui de l'atlas $A_i^D(\mathbf{x})$. Dans la littérature, le vote à la majorité est généralement utilisé pour fusionner les atlas, mais d'autres méthodes ont également été proposées [192–195]. Nous avons choisi de déterminer le poids de fusion pour un label l et un pixel de coordonnées $\mathbf{x}$ par :

$$\begin{aligned} P(\mathcal{L}(\mathbf{x}) = l | L_i^D(\mathbf{x} + \Delta\mathbf{x}), I(\mathbf{x}), A_i^D(\mathbf{x} + \Delta\mathbf{x})) \\ = \frac{1}{1 + D(\Delta\mathbf{x})} \cdot \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma_i} \exp^{-\frac{(I(\mathbf{x}) - A_i^D(\mathbf{x} + \Delta\mathbf{x}))^2}{2\sigma_i^2}} \cdot \delta_{l, L_i^D(\mathbf{x} + \Delta\mathbf{x})} \end{aligned} \quad (\text{IV.6})$$

avec $\mathbf{x} + \Delta\mathbf{x}$ les coordonnées des pixels voisins au pixel considéré, $D(\Delta\mathbf{x})$ la distance euclidienne du pixel voisin au pixel considéré, σ_i le paramètre pour la distribution gaussienne et δ_{l_1, l_2} la fonction delta Kronecker. $\Delta\mathbf{x}$ est défini par une région de recherche S centrée en $\mathbf{x}$. Cette fusion permet de compenser d'éventuelles erreurs de régularité dans le recalage en considérant le voisinage de $\mathbf{x}$.

La fusion des labels des atlas consiste généralement à déterminer le label estimé $\bar{L}$ à un pixel de coordonnées $\mathbf{x}$ comme étant le label de poids maximum :

$$\bar{L}(\mathbf{x}) = \arg \max_l \sum_{i=1}^{|\mathcal{L}|} \sum_{\Delta\mathbf{x} \in S} P(\mathcal{L}(\mathbf{x}) = l | L_i^D(\mathbf{x} + \Delta\mathbf{x}), I(\mathbf{x}), A_i^D(\mathbf{x} + \Delta\mathbf{x})) \quad (\text{IV.7})$$

Dans notre cas, il ne s'agit pas de prendre une décision du label final à cette étape, mais de définir une carte d'*a priori* de forme pour chaque label, utilisable par notre prochaine étape de segmentation. Dans ce but, une étape de normalisation de l'équation IV.6 est nécessaire afin que la somme des scores des labels pour un pixel $\mathbf{x}$ soit égale à 1. Notre carte d'*a priori* $C_l(\mathbf{x})$ pour chaque label $l \in \mathcal{L}$ est définie par :

$$C_l(\mathbf{x}) = \frac{\sum_{\Delta \mathbf{x} \in \mathcal{S}} P(\mathcal{L}(\mathbf{x}) = l | L_i^D(\mathbf{x} + \Delta \mathbf{x}), I(\mathbf{x}), A_i^D(\mathbf{x} + \Delta \mathbf{x}))}{\sum_{i=1}^{|\mathcal{L}|} \sum_{\Delta \mathbf{x} \in \mathcal{S}} P(\mathcal{L}(\mathbf{x}) = l | L_i^D(\mathbf{x} + \Delta \mathbf{x}), I(\mathbf{x}), A_i^D(\mathbf{x} + \Delta \mathbf{x}))} \quad (\text{IV.8})$$

Cet *a priori* de forme $C_l(\mathbf{x})$ est intégré à la méthode de segmentation dans la section suivante.

4 - 1.3 Segmentation multi-labels par coupes de graphe

La segmentation proprement dite est réalisée à l'aide de la méthode des coupes de graphe multi-labels, à laquelle l'*a priori* de forme est intégré. Nous rappelons que l'image I est considérée comme un graphe, dont l'ensemble des nœuds (pixels) est noté $\mathcal{P}$ et l'ensemble des segments ε . Les nœuds (p, q) dans un voisinage $\mathcal{N}$ sont connectés par un segment appelé *n-link*. Chaque nœud est également connecté à un nœud terminal par un segment appelé *t-link*. Les nœuds terminaux sont les labels $l \in \mathcal{L}$ représentant les objets. Nous noterons dans la suite f_p le label du nœud p . Nos contributions portent sur (i) l'intégration d'un terme d'*a priori* de forme aux *t-links*, (ii) l'ajout d'une contrainte aux *n-links* empêchant un objet inclus dans un autre d'avoir une frontière commune avec tout autre objet, dans une méthode totalement automatique.

Nous ajoutons à la formulation de l'énergie de coupe des GC un terme d'*a priori* E_s dépendant de nos cartes C_l pour chaque label l , afin de guider le processus de segmentation. Comme deux valeurs adjacentes de la carte d'*a priori* $C_l(p)$ et $C_l(q)$ (avec $p, q \in \mathcal{N}$) pour un label l donné peuvent être différentes, l'hypothèse de sous-modularité ne peut être vérifiée en cas d'ajout aux *n-links* [147]. Le terme E_s est alors ajouté aux *t-links* :

$$E(f) = \sum_{p \in \mathcal{P}} \left(\underbrace{D_p(f_p)}_{\text{Attache aux données}} + \gamma_s \underbrace{E_{s_p}(f_p)}_{\text{Attache à l'a priori}} \right) + \lambda_s \sum_{(p,q) \in \mathcal{N}} \underbrace{V_{p,q}(f_p, f_q)}_{\text{Régularisation}} \quad (\text{IV.9})$$

avec γ_s la pondération de l'*a priori* $E_{s_p}(f_p)$ par rapport au terme d'attache aux données $D_p(f_p)$, et λ_s la pondération du terme de régularisation.

Définissons d'abord les termes associés aux *t-links*. Dans la littérature, le terme d'attache aux données $D_p(f_p)$ est classiquement défini à partir de modèles de niveaux de gris des objets, obtenus à partir d'une interaction avec l'utilisateur, permettant de définir $Pr(I(p)|l)$, la probabilité que l'intensité $I(p)$ du pixel p appartienne au label l . Afin de rendre la méthode

totalelement automatique, nous proposons la création automatique de germes en utilisant l'ensemble des atlas recalés : si pour un pixel p , tous les atlas $L_i^D(p)$ ont la même opinion de label l , *i.e.* $C_{f_p=l}(p) = 1$, alors l'intensité $I(p)$ est utilisée pour modéliser l'objet de label l en utilisant une modélisation gaussienne. Si un objet n'a pu être modélisé (les atlas n'ont jamais eu la même opinion pour un label), les pixels de plus haute opinion selon les atlas sont sélectionnés, à partir d'un seuil s (initialement, $s = 1$). Le terme d'attache aux données est alors défini par :

$$D_p(f_p) = -\ln Pr(I(p)|C_{f_p}(p) \geq s) \quad (\text{IV.10})$$

Notre terme d'*a priori* de forme $E_{s_p}(f_p)$ pondère également les *t-links*. Il est défini à partir de la carte d'*a priori* $C_{f_p}(p)$ calculée précédemment :

$$E_{s_p}(f_p) = -\ln C_{f_p}(p) \quad (\text{IV.11})$$

$E_{s_p}(f_p)$ peut prendre des valeurs dans $\mathbb{R}^+$. Une valeur faible de $E_{s_p}(f_p)$ signifie un coût faible de labellisation du pixel p par le label f_p .

Le terme pondérant les *n-links*, *i.e.* le terme de régularisation $V_{p,q}(f_p, f_q)$, doit être sous-modulaire afin de permettre la minimisation de l'équation (IV.9) par la méthode des coupes de graphe. Nous souhaitons introduire une contrainte spatiale sur les objets : dans le cas où un objet de label 0 est inclus dans un autre objet de label 1, alors pour tout objet de label l ($l \neq 0$ et $l \neq 1$), il n'existe pas de frontière commune entre l'objet 0 et l'objet l . Le coût de coupe entre $f_p = 0$ et $f_p = l$ doit alors être maximum. Cette contrainte concernant l'inclusion d'un objet dans un autre peut être introduite grâce au terme de régularisation $V_{p,q}$, et doit donc être sous-modulaire, *i.e.* vérifier l'inégalité IV.5. Ainsi, nous proposons l'énergie suivante :

$$V_{p,q}(f_p, f_q) = \begin{cases} 0 & \text{si } f_p = f_q \\ \Gamma_{p,q}(f_p, f_q) & \text{si } f_p \neq f_q \end{cases} \quad (\text{IV.12})$$

avec $\Gamma_{p,q}(f_p, f_q) \in \mathbb{R}^+$ l'opérateur de pénalisation frontière. Si les objets de labels f_p et f_q peuvent avoir une frontière commune, la pénalisation doit être minimale : notons $\Gamma_{p,q}(f_p, f_q) = \kappa$ cette valeur minimum possible. Concernant sa valeur maximale, en reprenant l'inégalité de l'équation (IV.5) pour l'expansion d'un nouveau label α sur deux nœuds voisins p et q de labels courants β et γ , les différents coûts possibles de $V_{p,q}$ sont les suivants :

- $V_{p,q}(0, 0) = \Gamma_{p,q}(\beta, \gamma)$ si p et q conservent leurs anciens labels β et γ .
- $V_{p,q}(1, 1) = 0$ si p et q choisissent le nouveau label α .

- $V_{p,q}(0, 1) = \Gamma_{p,q}(\beta, \alpha)$ si p conserve β et q choisit α .
- $V_{p,q}(1, 0) = \Gamma_{p,q}(\alpha, \gamma)$ si p choisit α et q conserve γ .

On obtient alors la condition suivante :

$$\Gamma_{p,q}(\beta, \gamma) \leq \Gamma_{p,q}(\beta, \alpha) + \Gamma_{p,q}(\alpha, \gamma) \quad (\text{IV.13})$$

Or, sachant que :

$$\min (\Gamma_{p,q}(\beta, \alpha) + \Gamma_{p,q}(\alpha, \gamma)) = 2\kappa \quad (\text{IV.14})$$

la valeur maximum que peut prendre $\Gamma_{p,q}(f_p, f_q)$ pour respecter l'inégalité de l'équation IV.13 vaut :

$$\max \Gamma_{p,q}(\beta, \gamma) = 2\kappa \quad (\text{IV.15})$$

On a finalement :

$$\Gamma_{p,q}(f_p, f_q) = \begin{cases} \kappa & \text{si } f_p \text{ et } f_q \text{ peuvent avoir une frontière commune} \\ 2\kappa & \text{sinon} \end{cases} \quad (\text{IV.16})$$

Dans ce cas, l'algorithme α -expansion peut être utilisé pour minimiser la fonctionnelle d'énergie de l'équation IV.9. L'algorithme converge alors vers un minimum local garanti à un facteur près du minimum global [147], fournissant la segmentation finale.

4 - 2 Résultats expérimentaux

Notre méthode a été appliquée à notre base de données (qui a été utilisée lors de la compétition MICCAI 2012 de segmentation du ventricule droit en IRM cardiaque), afin de réaliser la segmentation conjointe du VD, du VG et du myocarde. Elle est composée d'une base d'apprentissage de 16 patients et de deux bases de test (Test1 et Test2) composées chacune de 16 patients. Plus de détails sur cette base sont donnés au chapitre V. Sur cette base publique dédiée au VD, mais où le VG est visible sur chaque image afin de permettre une segmentation conjointe des deux ventricules, les contours endocardique et épicaudique du VG ont été tracés par un radiologue cardiaque.

4 - 2.1 Sélection automatique d'une région d'intérêt

La sélection d'une région d'intérêt (ROI) consiste à déterminer la zone de l'image où se situent les objets à considérer (dans notre cas les ventricules), tout en éliminant les zones

superflues (voir Figure IV.1). La méthode utilisée est basée sur le travail de Cocosco et al. [196]. Elle repose sur les hypothèses suivantes :

- Les intensités des voxels aux frontières du myocarde ont une grande variabilité temporelle (dans le cas de protocoles récents, IRM cardiaques structurales 3D + temps). Celle-ci est causée par le mouvement dû aux battements du cœur et au contraste élevé entre le myocarde et le sang (ou possible graisse épicaudique).
- Le cœur a une forme allongée et son grand axe est proche de l'axe Z de l'image (hypothèse valide pour une séquence petit-axe correctement acquise).
- Après une projection des intensités maximales selon l'axe Z de l'image, le cœur correspond au regroupement de voxels de plus grande variabilité temporelle des intensités pour le plan petit-axe.
- Dans le plan petit-axe, le contour du cœur est globalement une forme convexe.

Les différentes étapes de la méthode proposée par les auteurs sont les suivantes, à partir d'une séquence 3D + temps :

- (i) Calcul de l'écart type des intensités (autrement dit la variabilité) pour chaque voxel suivant la dimension temporelle. Le résultat est un volume 3D.
- (ii) Calcul de la projection d'intensité maximale selon l'axe Z du volume 3D, afin d'ajouter la variabilité selon les plans petit-axe et donc d'augmenter la robustesse de la méthode. Le résultat est une image 2D.
- (iii) Flouter le résultat précédent par un noyau large (Gaussien, FWHM=16mm), ce qui permet d'éliminer les éléments de petite taille et de réduire l'influence des artefacts. La valeur FWHM est liée à la taille d'un cœur adulte, et les auteurs ont vérifié visuellement la robustesse des résultats aux variations de ce paramètre
- (iv) Binariser deux fois le résultat précédent par la méthode d'Otsu [197] : une première fois sur le quart supérieur de l'échelle des intensités, une seconde fois sur le résultat obtenu. La méthode d'Otsu est rapide, robuste et ne dépend d'aucun paramètre. Dans un but de robustesse contre les valeurs aberrantes et les erreurs d'arrondi, cette segmentation ne considère que les voxels dans le percentile 0.5 . . . 99.5% de l'histogramme des intensités de l'image. Ces valeurs sont liées au rapport entre le volume physique du cœur et le champ de vision, et sont appropriées pour cette application, i.e. ne nécessite aucun réglage. Cette étape sélectionne ainsi les emplacements de forte variabilité temporelle des intensités.
- (v) Réaliser une séquence d'opérations morphologiques basiques avec un noyau de connexité 4 : (5a) dilater 'A' fois afin de connecter les différentes parties du cœur ensemble, sans pour autant lier les autres organes, (5b) identifier et conserver la composante connexe la

plus grande, (5c) dilater ' C ' fois afin de définir la taille finale de la région d'intérêt et permettre de régler la sensibilité de la méthode.

- (vi) Calculer l'enveloppe convexe du résultat binaire précédent, afin d'augmenter la robustesse dans le cas où certaines parties du myocarde présentent des contractions réduites (et donc moins de variabilité temporelle des intensités) en raison d'une maladie cardiaque. Le résultat obtenu est la région d'intérêt finale.

La région d'intérêt obtenue est valable pour chaque coupe et chaque instant de la séquence d'IRM. Les auteurs ont prouvé à travers 79 patients que cette méthode était très sensible (pas de faux négatifs, tout le myocarde est inclus dans la région d'intérêt), avec une faible spécificité (une région d'intérêt plus importante que nécessaire a été observée sur 5 patients), ce qui est acceptable pour l'application visée.

Cependant, cette méthode propose la même région d'intérêt à la base et à l'apex du cœur alors que la difficulté principale de cette application est la segmentation des coupes apicales, où la région d'intérêt sera alors trop grande. C'est pourquoi nous avons modifié cette méthode afin de créer une région d'intérêt adaptée à chaque niveau de coupe de la séquence. L'étape (i) reste identique, puis les étapes (ii), (iii), (iv), (v) et (vi) sont répétées pour chaque niveau de coupe avec la modification de l'étape (ii) de la manière suivante :

- (ii) Calcul de la projection d'intensité maximale selon l'axe Z du volume 3D pour tous les niveaux de coupe inférieurs ou égaux au niveau de coupe considéré, afin d'ajouter la variabilité des coupes inférieures selon les plans petit-axe et donc d'augmenter la robustesse de la méthode.

Notre variation de la méthode proposée par Cocosco et al. [196], a été vérifiée visuellement sur les 48 patients des 3 bases de données. Les deux paramètres de la méthode, ' A ' et ' C ', sont ceux déterminés originellement en [196] : $A = 10 \text{ mm}/R$ et $C = 15 \text{ mm}/R$, avec R la taille d'un pixel en mm. Comme souligné par les auteurs, ces valeurs se sont avérées appropriées pour des cœurs adultes de dimension classique. Il en résulte une spécificité faible, la région d'intérêt pouvant être plus ou moins éloignée des frontières des ventricules, mais surtout une sensibilité forte, caractéristique nécessaire à notre application : aucun faux négatif n'est à déplorer sur l'ensemble des bases, le myocarde est toujours inclus dans la région d'intérêt. La définition d'une région d'intérêt dépendant du niveau de coupe permet d'obtenir des résultats plus cohérents à l'apex du cœur par rapport à la méthode originale, comme le montre la figure IV.1.

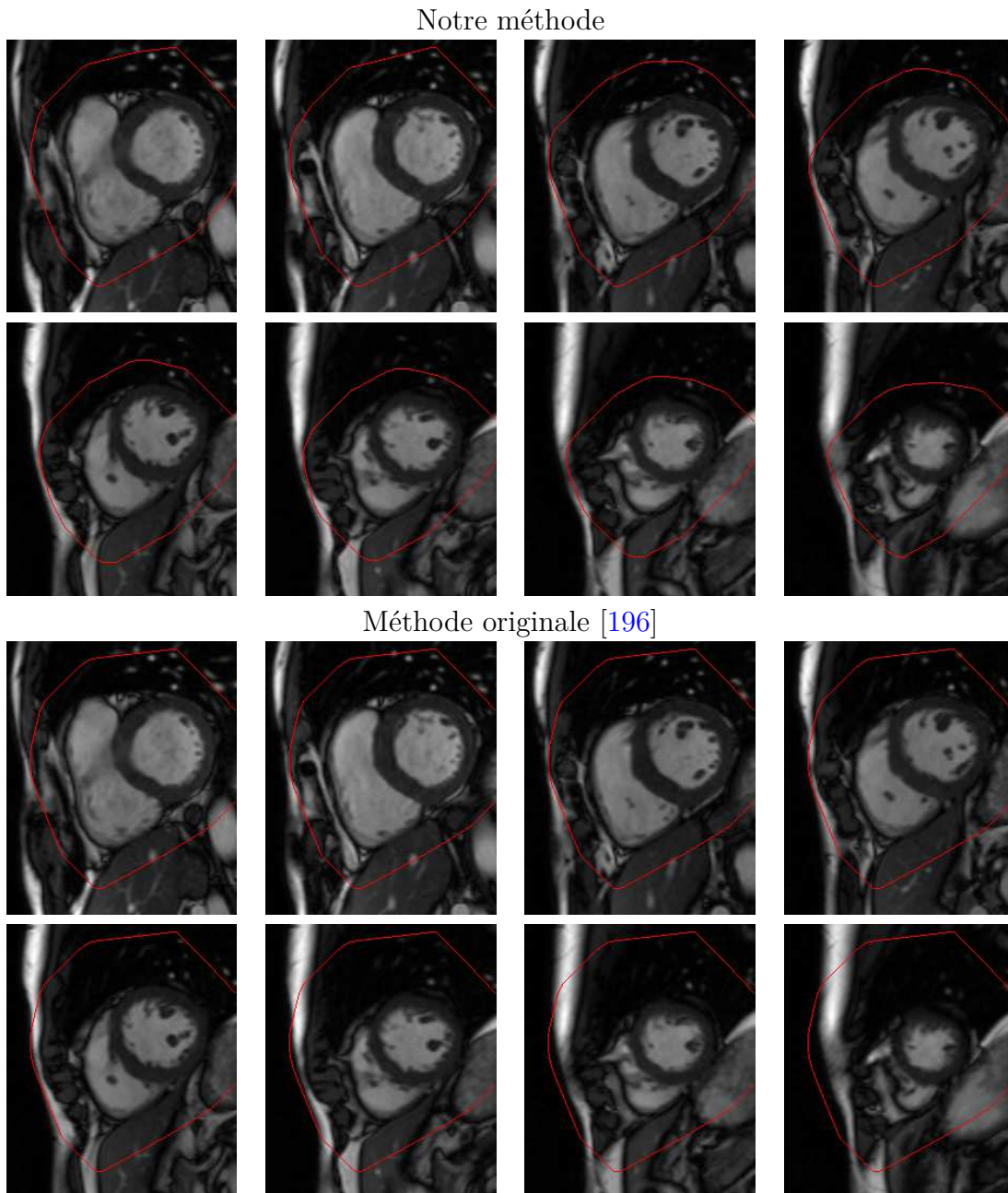


Figure IV.1 – Région d'intérêt obtenue pour le patient 14 de la base d'apprentissage en fin de diastole ED (de la base à l'apex). En haut : notre méthode, en bas : la méthode originale de Cocosco et al. [196].

4 - 2.2 Base d'atlas et sélection

La base d'atlas est formée à partir de l'intégralité de la base d'apprentissage, soit 16 patients (243 images), 16 volumes ED (134 images) et 16 volumes ES (109 images). Pour des raisons évidentes de coûts de calcul, il n'est pas possible de recalculer l'intégralité de la base des

atlas sur l'image à segmenter. Ainsi, avant l'étape de recalage rigide, une première sélection est réalisée. Pour chaque volume des atlas, les 3 coupes les plus proches de la coupe à segmenter sont choisies : coupe inférieure, équivalente et supérieure selon l'axe Z. Cette valeur de 3 est justifiée par la distance entre chaque coupe (8.4 mm) et les fortes variations induites entre deux coupes successives. L'étape de recalage rigide étant très rapide, ce maximum de 48 atlas à recalculer ne pose aucune difficulté. Au contraire, le recalage non-rigide de 48 atlas serait beaucoup trop coûteux pour pouvoir être envisagé. Ainsi, une deuxième sélection est réalisée en sortie du recalage rigide, en ne conservant que les N atlas donnant l'énergie minimum à l'équation IV.2.

De plus, sachant que les coupes à l'apex du cœur sont plus difficiles à segmenter que celles à la base du cœur, il peut être intéressant d'utiliser le résultat de la coupe précédente pour guider la segmentation de la coupe courante. Notre algorithme automatique débute par la segmentation de la coupe la plus basale du cœur. Les coupes suivantes jusqu'à l'apex sont alors traitées automatiquement par notre algorithme en utilisant la coupe précédemment segmentée (après recalage sur l'image courante).

4 - 2.3 Paramétrisation et implémentation de la méthode

Les différents paramètres de notre méthode ont été définis empiriquement à partir de la base d'apprentissage selon une stratégie *leave-one-out*. Concernant le recalage non-rigide, le critère de similarité le plus adapté à cette application a été sélectionné en comparant trois critères : la somme des différences absolues des intensités (SAD) [137, 138], la somme des différences des intensités au carré (SSD), et un critère que nous proposons basé sur une combinaison du SAD et de la différence absolue du gradient. Le critère d'information mutuelle n'a pas été testé pour deux raisons : (i) l'information mutuelle est un critère global sur l'image, alors que nous avons besoin d'une estimation locale pour créer le graphe. Les travaux de So et Chung [139] permettent d'estimer l'information mutuelle locale, mais nécessite cependant le réglage de plusieurs paramètres supplémentaires ; (ii) le coût de calcul de l'information mutuelle est trop important pour notre application. Nous avons vérifié empiriquement que les meilleurs recalages étaient obtenus pour le critère combinant SAD et différence absolue de gradient. La Figure IV.2 présente un exemple d'amélioration de ce critère. On remarque que sur l'image I se trouve une zone extérieure au ventricule droit ayant des intensités similaires à l'objet. Cette zone n'existe pas sur l'atlas présenté sur la Figure. Avec le critère SAD, on remarque qu'une partie de cette zone est incorporée au ventricule droit. A l'inverse, grâce à la pénalisation par le gradient, cette zone est totalement séparée du ventricule.

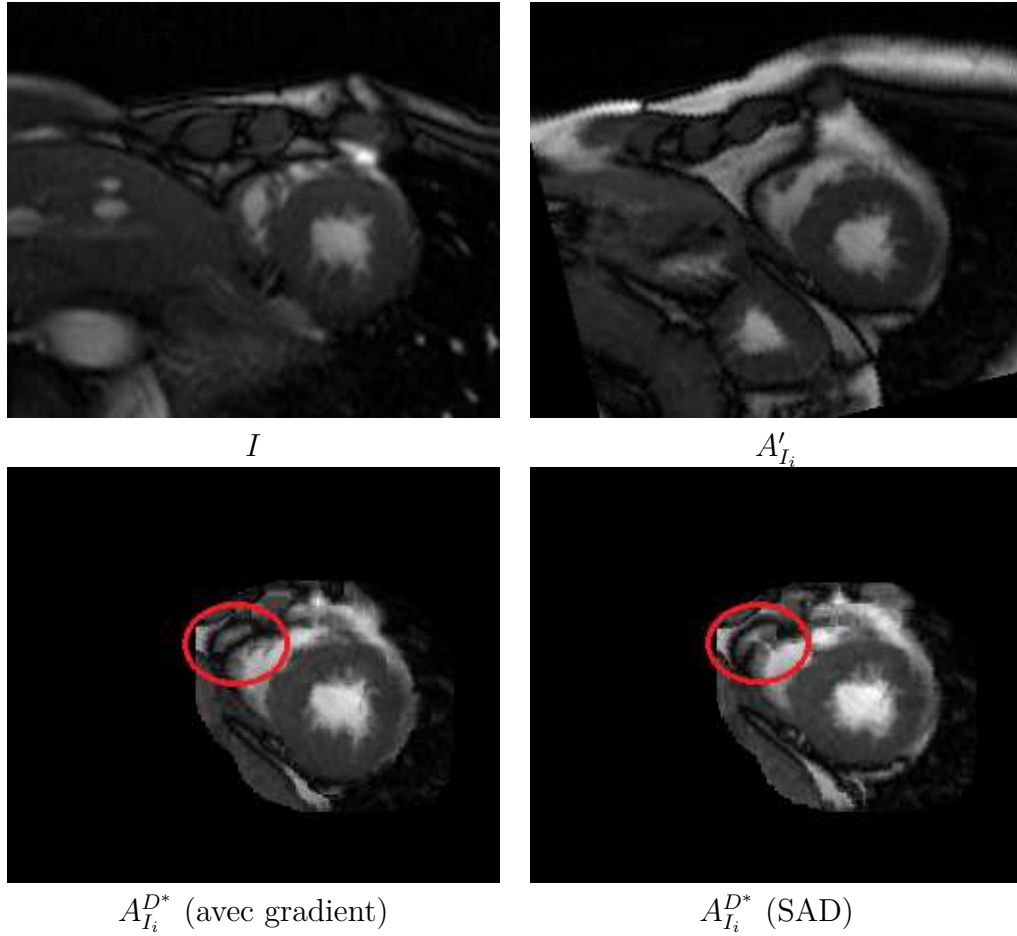


Figure IV.2 – Comparaison du recalage non-rigide pour deux critères de similarité. De gauche à droite : l'image à segmenter I , l'atlas recalé rigidement, l'atlas recalé non rigidement par notre critère de similarité prenant en compte le gradient, l'atlas recalé non rigidement par le critère SAD. L'amélioration du recalage en utilisant le gradient au critère de similarité est illustrée dans la zone rouge.

Le tableau IV.1 présente les valeurs obtenues empiriquement pour les différents paramètres de la méthode. Afin de tenir compte des spécificités de segmentation à la base et à l'apex du cœur, ainsi qu'en ED et ES, des paramètres différents ont été étudiés pour chacun des cas dans la phase de segmentation. Leurs choix ont été déterminés lors de cette étude.

La majorité des paramètres présente des plages de réglage assez larges n'entraînant que peu de variations dans les résultats. Ainsi, dans le cas de la segmentation par exemple, il est possible d'augmenter l'influence de l'*a priori* de forme γ_s en augmentant la régularisation λ_s (et inversement). Les couples de paramètres présentant les meilleurs résultats sur la base d'apprentissage ont été sélectionnés, et on remarque en ED la nécessité d'une régularisation plus faible à l'apex permettant un poids plus important à l'*a priori* de forme. Deux paramètres

Tableau IV.1 – Paramétrisation empirique de la méthode à partir de la base d’apprentissage. La segmentation des coupes basales est notée $.s_1$, la segmentation des coupes apicales $.s_2$

Etape	Notation	Type	Valeur
Recalage non-rigide Equation IV.4	w_s	Taille fenêtre discrète	8
	N	Nombre d’atlas sélectionnés	3
	λ_r	Pondération de la régularisation	20
Création du modèle Equation IV.6	$\Delta \mathbf{x}$	Voisinage considéré	± 4
	σ_i	Distribution gaussienne	65
Segmentation ED Equation IV.9	λ_{s_1}	Régularisation	0.5
	λ_{s_2}		0.2
	γ_s	Pondération de l’ <i>a priori</i>	0.1
Segmentation ES Equation IV.9	λ_{s_1}	Régularisation	0.04
	λ_{s_2}		0.06
	γ_s	Pondération de l’ <i>a priori</i>	0.01

peuvent être considérés comme critique, et concerne le recalage : la taille de la fenêtre discrète w_s (autrement dit les degrés de liberté du recalage non rigide) et le nombre d’atlas à sélectionner N . En effet, ils influent fortement sur le résultat de fusion et de segmentation finale (en particulier N), mais également sur le temps de calcul (en particulier w_s). La figure IV.3 illustre les résultats de fusion obtenus en fonction de w_s et de N (indice Dice, voir équation (III.10)). Bien qu’une augmentation du nombre d’atlas permet d’améliorer la qualité de la fusion, il augmente le temps de calcul en conséquence. Comme le montre cette figure, le choix de $N = 3$ et $w_s = \pm 8$ représentent un bon compromis entre rapidité et performances.

4 - 2.4 Résultats

Nous allons voir dans cette partie les résultats obtenus aux différents niveaux de notre méthode, en les comparant, lorsque cela est possible, aux travaux de la littérature. Nos résultats n’ont bénéficié d’aucun post-traitement permettant d’affiner les contours.

Recalage : Le recalage rigide est illustré à la Figure IV.4, présentant les trois meilleurs atlas retenus pour une coupe d’un patient. Le recalage non-rigide obtenu sur cette même coupe est illustré à la figure IV.5. Nous avons vérifié empiriquement que le critère de similarité sélectionné (SAD et gradient) permettait d’obtenir de meilleurs résultats que les critères SAD ou SSD seuls. La Table IV.2 présente une comparaison des recalages non-rigides obtenus en fonction des critères de similarités. Les résultats obtenus par notre méthode combinant différence absolue d’intensité et de gradient sont globalement supérieurs à ceux obtenus par le critère

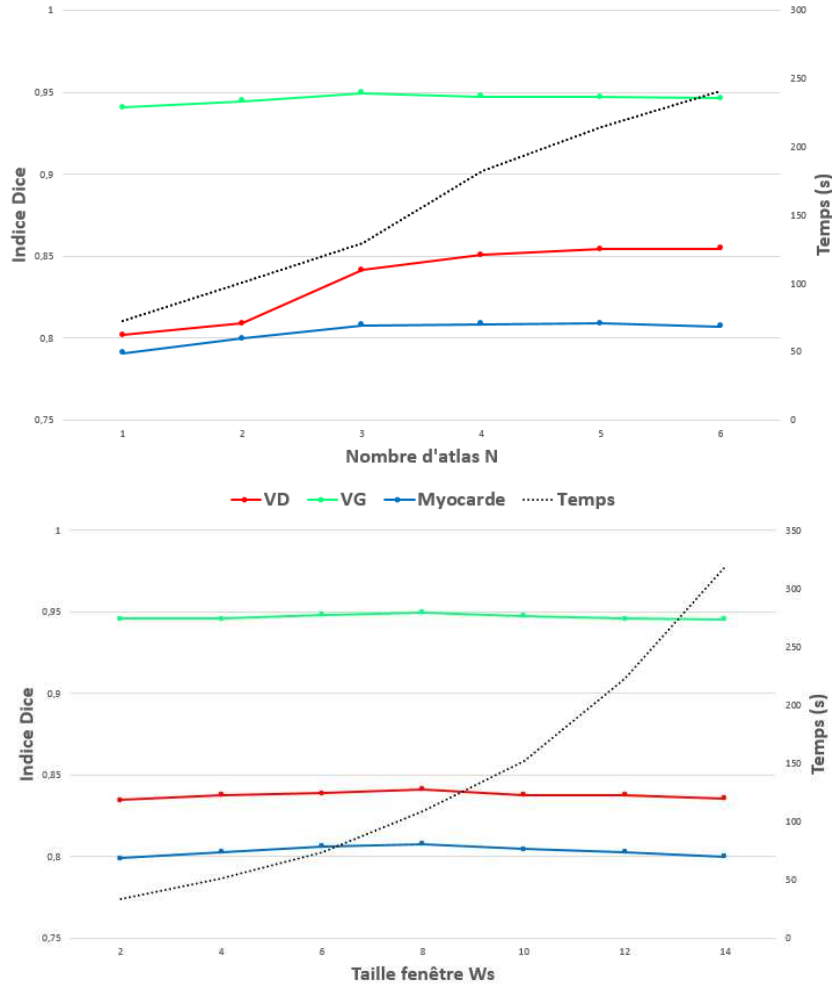


Figure IV.3 – Résultats de fusion (indice dice) et temps de calcul en fonction de la taille de fenêtre de déplacement w_s (en haut) et du nombre d'atlas N (en bas) pour le recalage non rigide.

SSD, et proches de ceux du SAD, bien que les écarts soient plus significatifs pour les cas de segmentation les plus difficiles : myocarde et ventricule droit en fin de systole (ES).

Fusion des atlas : Dans notre méthodologie, l'étape de fusion des atlas permet de créer un modèle de forme pour l'étape suivante de segmentation. Il est néanmoins possible de quantifier les résultats de fusion à l'aide de l'équation IV.7. Le tableau IV.3 compare la vérité terrain aux résultats obtenus par fusion. Afin de déterminer l'influence du recalage sur la fusion, le résultat est également donné pour la méthode SAD. La fusion des atlas permet d'améliorer significativement tous les résultats pour chaque base (en comparaison avec le tableau IV.2). On peut remarquer sur ces résultats que la fusion est corrélée à la qualité du recalage, mais également à la distribution des erreurs de chaque atlas. Or, les résultats de fusion sont légère-

Chapitre IV. Segmentation par GC multi-labels intégrant des *a priori* de forme

Tableau IV.2 – Moyenne ($\pm$ écart type) de Dice Metric (DM) entre la vérité terrain et les labels donnés par les atlas recalés pour Test1 et Test2. Première ligne : notre méthode combinant différence absolue d'intensité et de gradient, deuxième ligne : différence absolue d'intensité (SAD), troisième ligne : différence d'intensité au carré (SSD).

		ED		ES	
		Test1	Test2	Test1	Test2
SAD + Gradient	VD	0.75 $\pm$ 0.22	0.81 $\pm$ 0.19	0.56 $\pm$ 0.28	0.63 $\pm$ 0.28
	VG	0.91 $\pm$ 0.07	0.93 $\pm$ 0.07	0.71 $\pm$ 0.32	0.79 $\pm$ 0.23
	Myo	0.70 $\pm$ 0.12	0.79 $\pm$ 0.10	0.63 $\pm$ 0.29	0.76 $\pm$ 0.17
SAD	VD	0.74 $\pm$ 0.22	0.80 $\pm$ 0.19	0.55 $\pm$ 0.29	0.61 $\pm$ 0.28
	VG	0.91 $\pm$ 0.07	0.93 $\pm$ 0.07	0.70 $\pm$ 0.32	0.78 $\pm$ 0.23
	Myo	0.70 $\pm$ 0.12	0.78 $\pm$ 0.10	0.61 $\pm$ 0.28	0.74 $\pm$ 0.17
SSD	VD	0.74 $\pm$ 0.22	0.80 $\pm$ 0.17	0.55 $\pm$ 0.27	0.59 $\pm$ 0.29
	VG	0.89 $\pm$ 0.07	0.92 $\pm$ 0.07	0.74 $\pm$ 0.26	0.74 $\pm$ 0.26
	Myo	0.65 $\pm$ 0.13	0.74 $\pm$ 0.10	0.62 $\pm$ 0.24	0.72 $\pm$ 0.18

Les valeurs en gras indiquent les meilleurs résultats entre les méthodes.

Tableau IV.3 – Moyenne ($\pm$ écart type) de Dice Metric (DM) entre la vérité terrain et les labels donnés par la fusion pour notre méthode (première ligne) et le critère SAD (seconde ligne).

		ED		ES	
		Test1	Test2	Test1	Test2
SAD + Gradient	VD	0.84 $\pm$ 0.19	0.88 $\pm$ 0.16	0.63 $\pm$ 0.33	0.70 $\pm$ 0.31
	VG	0.93 $\pm$ 0.06	0.95 $\pm$ 0.07	0.75 $\pm$ 0.33	0.83 $\pm$ 0.23
	Myo	0.77 $\pm$ 0.13	0.85 $\pm$ 0.09	0.68 $\pm$ 0.30	0.82 $\pm$ 0.17
SAD	VD	0.83 $\pm$ 0.19	0.87 $\pm$ 0.16	0.62 $\pm$ 0.32	0.68 $\pm$ 0.31
	VG	0.93 $\pm$ 0.07	0.95 $\pm$ 0.07	0.74 $\pm$ 0.33	0.81 $\pm$ 0.23
	Myo	0.77 $\pm$ 0.13	0.85 $\pm$ 0.09	0.67 $\pm$ 0.30	0.80 $\pm$ 0.18

Les valeurs en gras indiquent les meilleurs résultats entre les méthodes.

ment meilleurs avec notre critère de similarité, notamment pour les cas difficiles (ES), ce qui justifie une nouvelle fois l'apport du gradient au critère de similarité. La figure IV.6-(a) illustre la fusion pour l'exemple précédemment donné. On peut constater que les résultats présentent des régions parasites, des manques et des irrégularités. Nous verrons dans la prochaine partie que l'utilisation de la fusion comme *a priori* de forme dans une étape de segmentation plutôt que comme résultat final permet d'améliorer ces résultats.

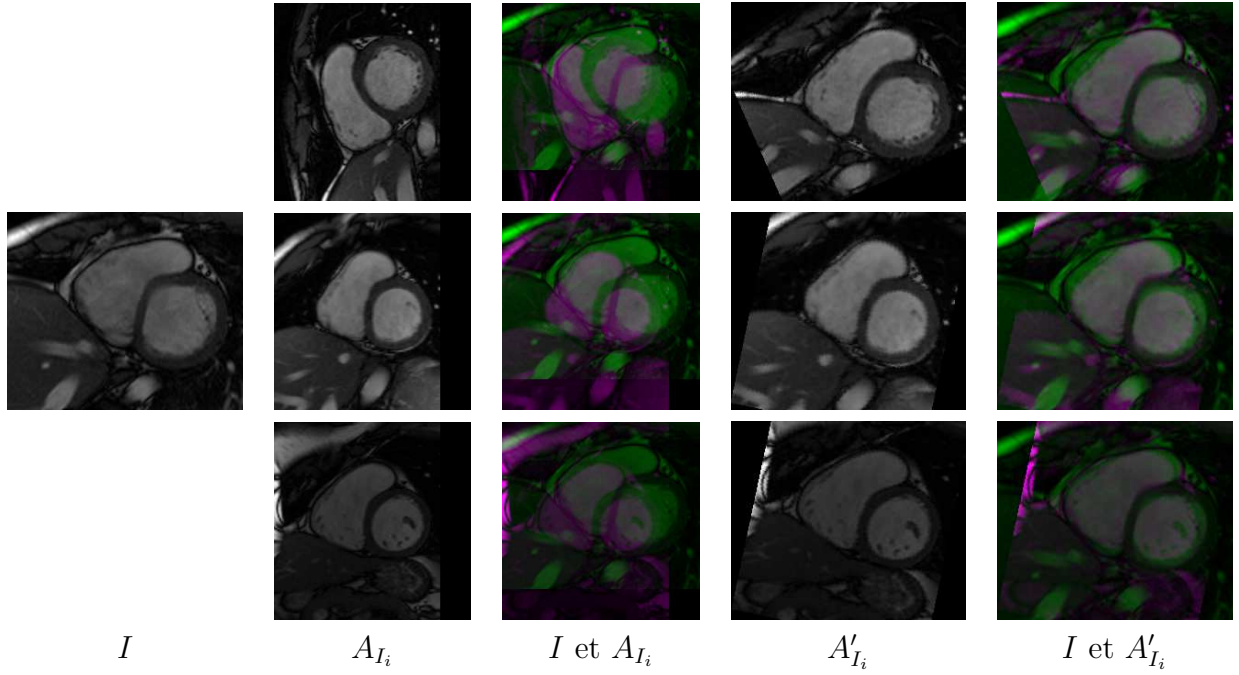


Figure IV.4 – Illustration des 3 atlas (un par ligne) après le recalage rigide. De gauche à droite : l'image à segmenter I , l'atlas original A_{I_i} , la superposition de I et de A_{I_i} , l'atlas recalé rigide A'_{I_i} , la superposition de I et de A'_{I_i} . Pour la superposition des dernières figures : le vert est utilisé pour I , le rose pour les atlas (Patient 21, coupe 1, Test1 en fin de diastole ED).

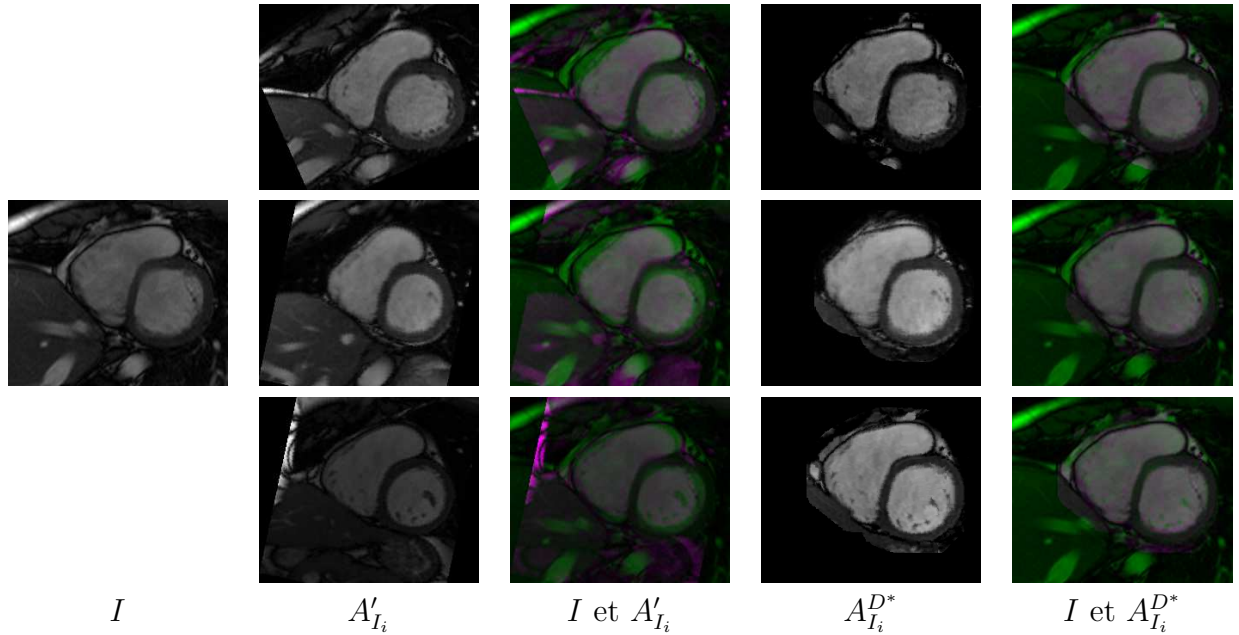


Figure IV.5 – Illustration des 3 atlas (un par ligne) après le recalage non-rigide. De gauche à droite : l'image à segmenter I , l'atlas recalé rigide A'_{I_i} , la superposition de I et de A'_{I_i} , l'atlas recalé non rigide $A_{I_i}^{D*}$, la superposition de I et de $A_{I_i}^{D*}$. Superposition : vert pour I , rose pour les atlas (Patient 21, coupe 1, Test1 en fin de diastole ED).

Tableau IV.4 – Moyenne ($\pm$ écart type) de Dice Metric (DM) en pourcentage entre la vérité terrain et le résultat de la segmentation pour notre méthode (première ligne) et le critère SAD (seconde ligne).

		ED		ES	
		Test1	Test2	Test1	Test2
Notre Méthode	VD	0.86 ± 0.17	0.89 ± 0.13	0.74 ± 0.27	0.73 ± 0.28
	VG	0.94 ± 0.06	0.96 ± 0.06	0.75 ± 0.34	0.82 ± 0.26
	Myo	0.78 ± 0.14	0.85 ± 0.08	0.69 ± 0.29	0.82 ± 0.14
SAD	VD	0.86 ± 0.15	0.88 ± 0.14	0.74 ± 0.25	0.72 ± 0.29
	VG	0.93 ± 0.07	0.95 ± 0.07	0.74 ± 0.34	0.82 ± 0.26
	Myo	0.78 ± 0.14	0.84 ± 0.09	0.68 ± 0.29	0.81 ± 0.15

Les valeurs en gras indiquent les meilleurs résultats entre les méthodes.

Segmentation : L'étape de segmentation utilise le résultat de la fusion en tant qu'*a priori* de forme afin d'améliorer les résultats. Cette étape est négligeable en temps de calcul par rapport au recalage. Le Tableau IV.4 présente les résultats de segmentation selon le critère de similarité que nous avons choisi (SAD + gradient) et le critère SAD. En comparant les résultats donnés par notre méthode et ceux donnés par un recalage avec le critère SAD, on observe un écart moyen absolu (resp. signé par rapport à notre méthode) de l'indice dice de 0.01 (+0.01) pour la fusion ainsi que pour la segmentation. Notre étape de segmentation multi-labels est ainsi robuste au terme d'*a priori* de forme qui lui est injecté.

Le tableau IV.4 permet plusieurs constatations : tout d'abord, en comparant les résultats avec le tableau IV.3 relatif à la fusion, on observe une amélioration moyenne de l'indice Dice en ED (resp. ES) de : +0.02 (+0.07) pour le VD, +0.01 (0.00) pour le VG et +0.01 (+0.01) pour le myocarde. Les améliorations pour le VD sont plus importantes que celles pour le VG et le myocarde. De plus, sans surprise, les résultats de segmentation sont meilleurs pour les images ED que pour celles en ES : les images ED sont les plus faciles à traiter, puisque le cœur y est le plus dilaté. Les résultats sont également meilleurs pour les coupes basales et mi-ventriculaires que pour les coupes apicales.

La figure IV.6 illustre bien les améliorations de la segmentation : la suppression des faux positifs et les contours des objets lissés. Un autre exemple de segmentation est donné à la figure IV.7, présentant un résultat complet pour un patient. On peut remarquer quelques irrégularités sur les contours du myocarde pour les coupes ES. Ce type d'erreur pourrait être corrigé par des post-traitements.

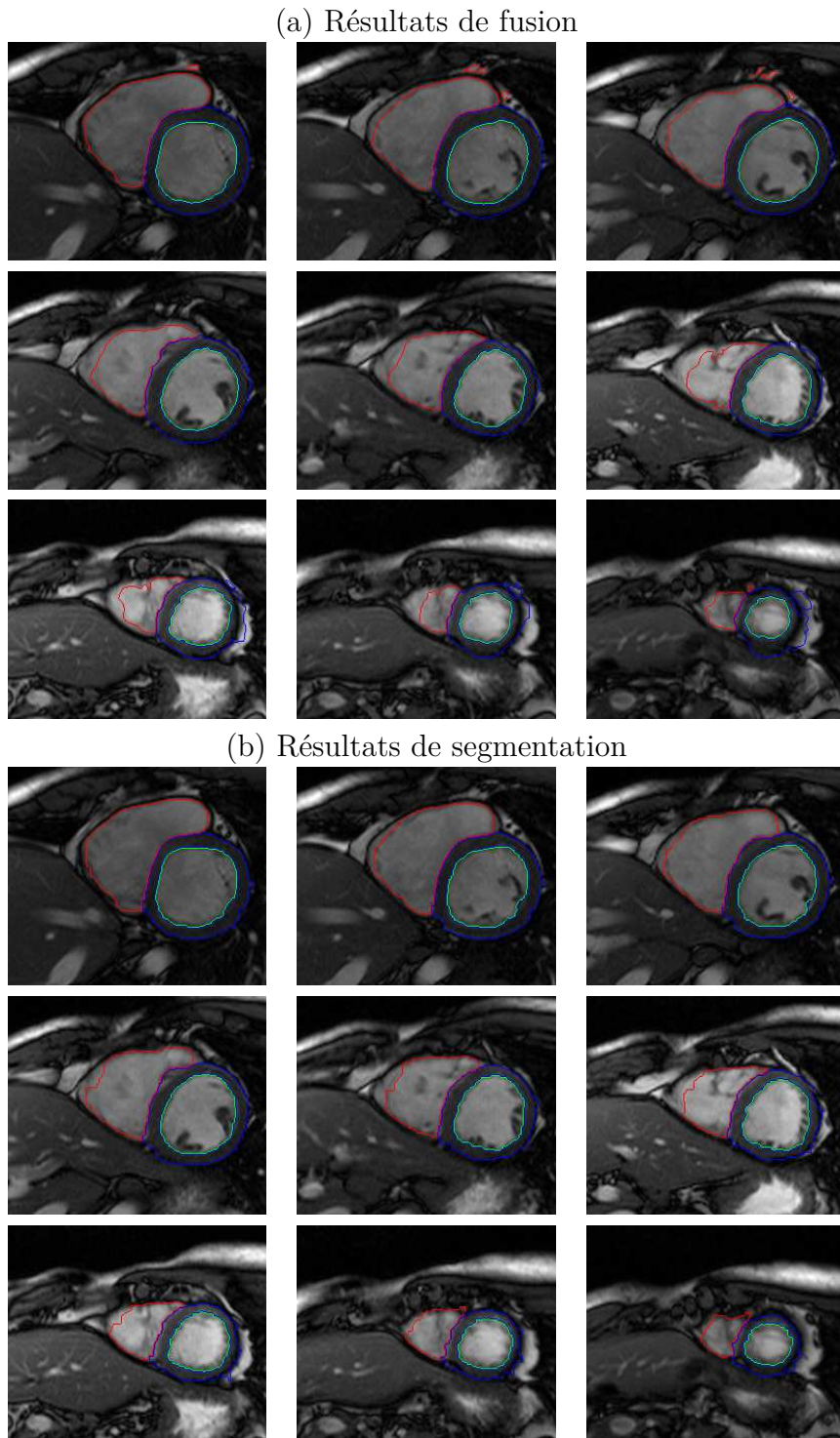


Figure IV.6 – Illustration de (a) la fusion et (b) la segmentation obtenue pour toutes les coupes d'un patient. De gauche à droite, haut en bas : les coupes de la base à l'apex du cœur. Rouge : ventricule droit, vert et bleu respectivement l'endocarde et l'épicarde du ventricule gauche (Patient 21, Test1, en fin de diastole ED).

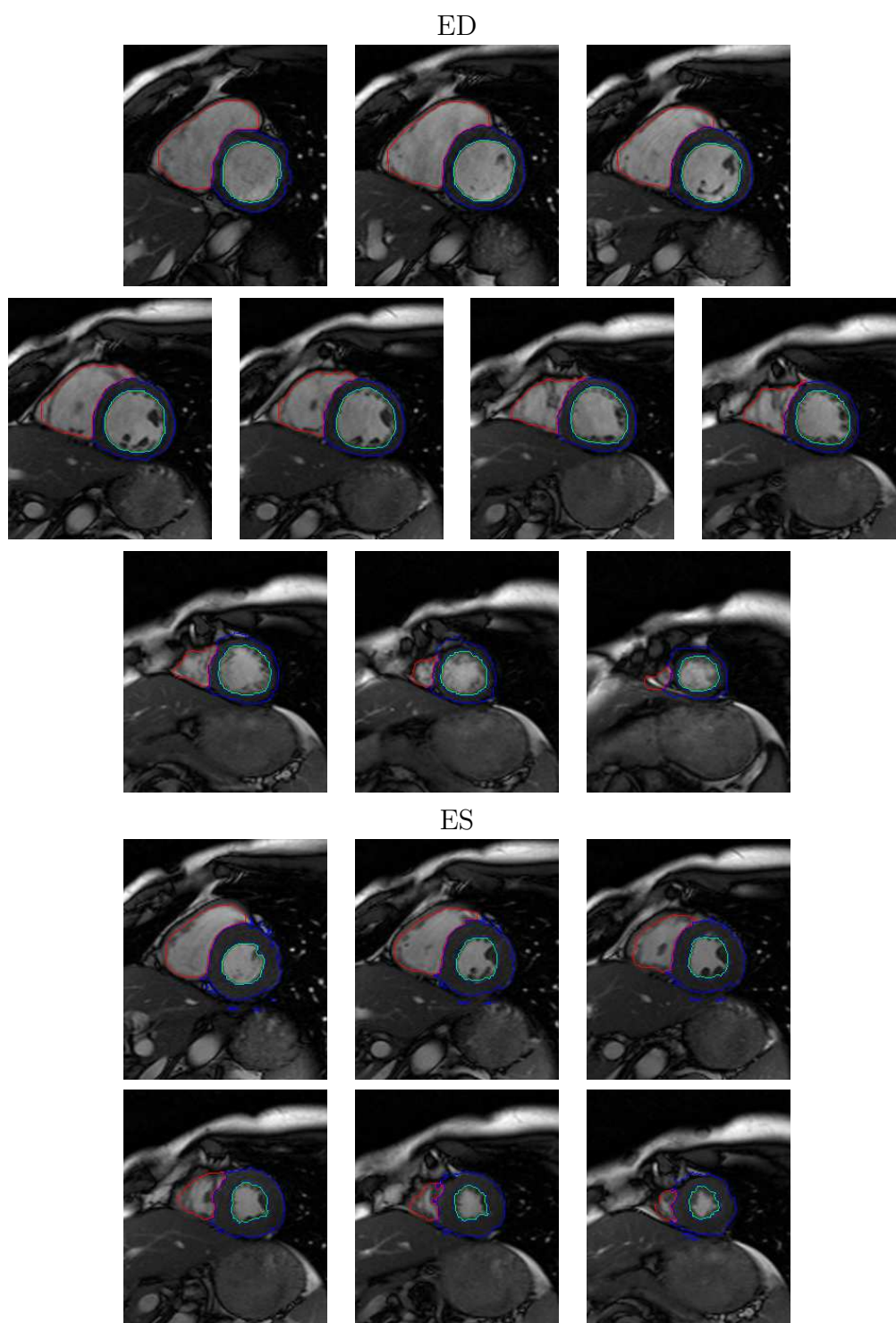


Figure IV.7 – Segmentation obtenue pour toutes les coupes d’un patient en ED et ES. De gauche à droite, haut en bas : les coupes de la base à l’apex du cœur. Rouge : ventricule droit, vert et bleu respectivement l’endocarde et l’épicarde du ventricule gauche (Patient 45, Test2).

4 - 3 Conclusion

Dans le chapitre précédent, nous avons proposé une méthode semi-automatique de segmentation du VD sur IRM cardiaques basée sur la méthode des GC binaires. Cette méthode permet d'obtenir des résultats efficaces sur le VD. Cependant, les IRM cardiaques en coupe petit axe permettant une vue simultanée du VD et du VG, l'utilisation d'une méthode multi-labels permet leur segmentation conjointe. Nous avons ainsi proposé dans ce chapitre une méthode automatique reposant sur 3 étapes : (i) le recalage non-rigide d'un ensemble d'atlas sur l'image à segmenter, réalisé à l'aide de la méthode des GC. Le recalage par GC est une problématique récente et peu de travaux ont été proposés dans la littérature afin d'évaluer le recalage par GC ; (ii) la création d'un modèle de forme par fusion des atlas recalés ; (iii) la segmentation multi-labels par GC, intégrant un *a priori* de forme. L'intégration d'un *a priori* à la méthode des GC multi-labels n'a été que peu étudiée, et nous avons montré qu'elle permet d'obtenir de bons résultats de segmentation. De plus, les résultats obtenus sont comparables à la première méthode que nous avons proposé.

Afin de déterminer l'efficacité de ces deux méthodes, une comparaison entre nos contributions et des méthodes de segmentation de la littérature permettrait de déterminer quelle méthodologie permet d'obtenir les meilleurs résultats pour cette application difficile. Le dernier chapitre de cette thèse va ainsi s'intéresser à cette comparaison à travers le challenge de segmentation du VD MICCAI 2012, que nous avons organisé.

Chapitre V

Comparaison des méthodes : challenge MICCAI 2012

Nous avons présenté deux méthodes de segmentation dans les chapitres précédents : au chapitre III, nous avons proposé une méthode semi-automatique de segmentation du VD basée sur la méthode des GC binaires intégrant un *a priori* de forme obtenu à partir d'une ACP. Cette méthode sera nommée GCAF dans la suite de ce chapitre. Au chapitre IV, nous avons proposé une méthode automatique de segmentation conjointe du VD et du VG basée sur la méthode des GC multi-labels intégrant un *a priori* de forme obtenu à partir de la fusion d'un ensemble d'atlas recalés. Cette méthode sera nommée GCAF-multi dans la suite de ce chapitre. Dans cette dernière partie, notre objectif est de comparer nos méthodes GCAF et GCAF-multi à d'autres méthodes de segmentation dédiées aux IRM cardiaques.

Cependant, bien que des bases publiques incorporant les segmentations du VG aient été mises à la disposition de la communauté scientifique à travers deux challenges de segmentation¹, il n'existe pas de bases publiques pour le VD. C'est pourquoi nous avons créé une base de données conséquente et organisé un challenge de segmentation du VD lors de la conférence MICCAI 2012. Son but est de permettre l'évaluation commune de méthodes de segmentation sur cette problématique à travers une base de données d'IRM cardiaques possédant une référence de segmentation manuelle et des mesures standards d'évaluation.

Nous présenterons dans une première partie (Section 5 - 1) les données ainsi que les mesures d'évaluation utilisées lors de ce challenge. La seconde partie (Section 5 - 2) présentera le déroulement du challenge ainsi que les différentes méthodes participantes. Enfin, la Section 5

1. Le challenge de segmentation du VG en IRM cardiaques MICCAI'09 : http://smial.sri.utoronto.ca/LV_Challenge/ et le challenge STACOM MICCAI'11 : http://cilab2.upf.edu/stacom_cesc11.

- 3 va comparer nos deux méthodes de segmentations, GCAF et GCAF-multi, aux différentes méthodes participantes.

5 - 1 Données et mesures d'évaluation du challenge

5 - 1.1 Base segmentée d'IRM cardiaques

Choix des patients : La collecte des données a été réalisée au Centre Hospitalier Universitaire de Rouen dans le cadre d'une étude clinique de juin 2008 à août 2008. Les patients nécessitaient un examen par IRM cardiaque et ont donné leur consentement écrit quant à la participation à cette étude. Les critères d'exclusion à cette étude sont les suivants : un âge inférieur à 18 ans, une contre-indication à l'utilisation de l'IRM, de l'arythmie pendant l'examen, ou une non-nécessité de l'analyse de la fonction ventriculaire lors de leur examen (par exemple en cas d'angiographie des veines pulmonaires ou de l'aorte thoracique). 59 patients ont ainsi été intégrés à l'étude, dont l'âge moyen est de 53.5 ± 17.5 ans. 70% des patients (soit 42) sont des hommes. Les principales pathologies cardiaques sont représentées dans ce panel : myocardite, cardiomyopathie ischémique, suspicion de dysplasie arrhythmogénique du VD, cardiomyopathie dilatée, cardiomyopathie hypertrophiée, sténose aortique [198].

Protocole expérimental : Les examens d'IRM cardiaques ont été réalisés à 1.5T (Symphony Tim®, Siemens Medical Systems, Erlanger, Allemagne). Une bobine cardiaque dédiée à balayage électronique à 8 éléments a été utilisée. Une synchronisation rétrospective avec une séquence en précession libre en régime permanent équilibré (bSSFP) a été réalisée pour l'analyse ciné, avec une répétition d'apnées de 10-15 secondes. Tous les plans conventionnels (vues 2-, 3- et 4-chambres) ont été acquis et un total de 8-12 coupes continues petit axe ont été réalisées de la base à l'apex des ventricules. Les paramètres de séquence sont les suivants : $TR = 50$ ms, $TE = 1.7$ ms, l'angle de bascule est de 55° , l'épaisseur de coupe de 7 mm, la taille de la matrice de 256×216 , le champ de vision de 360–420 mm et 20 images sont collectées par cycle cardiaque.

Sélection des données : Les images cardiaques ont été zoomées et recadrées dans une région d'intérêt de taille 256×216 pixels (ou 216×256). 48 patients ont été sélectionnés pour créer la base finale, laissant le ventricule gauche visible sur chaque image afin de permettre une segmentation conjointe des deux ventricules. Chaque séquence d'IRM cardiaques pour un patient est composée d'un ensemble de 200 à 280 images. La résolution spatiale dépend du patient considéré, et vaut en moyenne 0.75 mm/pixel. Les données ont été séparées en trois ensembles :

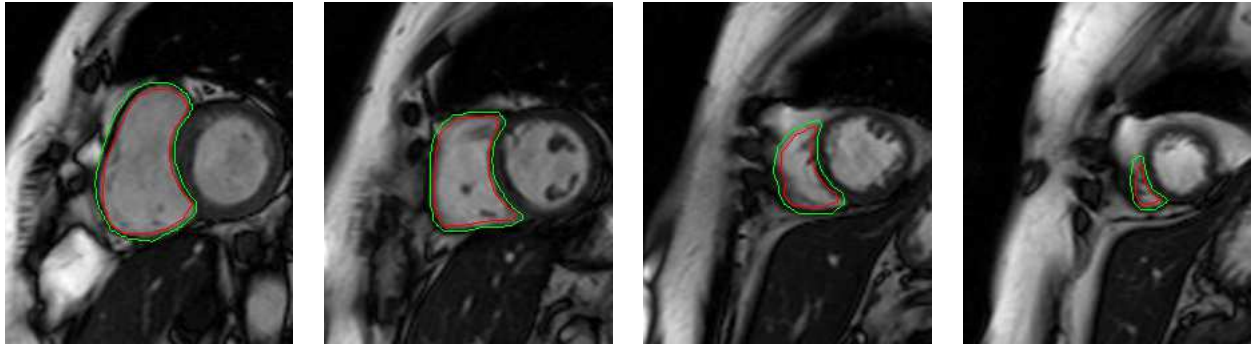


Figure V.1 – Illustration de coupes segmentées de la base de données MICCAI'12, pour le patient 35 en ED. L'endocarde du VD est superposé à l'image en rouge, l'épicarde en vert.

l'ensemble d'apprentissage (16 patients), l'ensemble Test1 (16 patients) et l'ensemble Test2 (16 patients). Les données ont été anonymisées, formatées et nommées suivant la convention du challenge de segmentation du VG MICCAI'09.

Segmentation manuelle du VD : Elle est sujette à la variabilité inter-expert [198], notamment sur la sélection des coupes basales et apicales extrêmes en petit-axe à partir de la détermination des plans des valves tricuspide et pulmonaire, bien que certaines conventions existent afin de guider le tracé manuel de l'expert. Pour ce challenge de segmentation, une première convention concerne la définition des coupes ED et ES : la fin de diastole ED est définie comme étant la première image temporelle de chaque niveau de coupe, alors que la fin de systole ES est définie par l'image avec la plus petite cavité ventriculaire à partir d'une coupe mi-ventriculaire petit-axe. La définition des coupes basales ED et ES est déduite de la position de l'anneau tricuspide définie sur la vue 4-cavités en ED et ES. La coupe apicale est définie par la dernière coupe présentant une cavité ventriculaire détectable. Enfin, le tracé manuel de l'endocarde et de l'épicarde du VD a été réalisé par un expert sur les coupes ED et ES. Les trabéculations et muscles papillaires ont été inclus à la cavité ventriculaire. Le septum interventriculaire n'a pas été inclus à la masse du VD. La Figure V.1 illustre quelques coupes segmentées de la base de données pour un patient en ED. La segmentation de l'ensemble des coupes pour un patient est réalisée manuellement en 15 minutes environ.

5 - 1.2 Méthodologie d'évaluation

De nombreuses mesures d'évaluation existent et permettent d'analyser les performances d'une méthode. Dans le cadre du challenge, les performances techniques, *i.e.* la précision de la segmentation par rapport au tracé manuel, sont déterminées à partir de deux indices standards :

une mesure globale de recouvrement, l'indice Dice (DM), et une mesure locale, la distance de Hausdorff (HD). Le score de recouvrement Dice a été défini précédemment à l'équation III.10. Cet indice permet une appréciation globale de la précision de la segmentation donnée par une méthode par rapport à la vérité terrain. Le deuxième indice, la distance de Hausdorff [199] est une mesure symétrique de distance entre le contour manuel C_m composé des points $\mathbf{p}_m^i$ et le contour automatique C_a composé de points $\mathbf{p}_a^j$. Elle est définie par :

$$HD(C_m, C_a) = \max \left(\max_i \left(\min_j d(\mathbf{p}_m^i, \mathbf{p}_a^j) \right), \max_j \left(\min_i d(\mathbf{p}_m^i, \mathbf{p}_a^j) \right) \right) \quad (\text{V.1})$$

où $d(.,.)$ est la distance euclidienne. La distance de Hausdorff est calculée en mm en utilisant la résolution spatiale de l'image considérée. Cet indice est sensible aux valeurs aberrantes et permet une appréciation locale de la précision de la segmentation donnée par une méthode par rapport à la vérité terrain.

En plus des performances techniques, les performances des paramètres cliniques sont déterminées à partir du calcul des indices de la fonction contractile cardiaque. Les volumes endocardiques en ED, V_{endo}^{ED} , et ES, V_{endo}^{ES} , peuvent être déterminés en sommant les aires de chaque coupe multipliées par la distance entre les différentes coupes. La fraction d'éjection peut alors être calculée à l'aide de l'équation I.1 (voir chapitre I). Dans le cas où le contour épicaudique est recherché, il est possible de calculer la masse ventriculaire (g) :

$$vm = densité * (V_{epi}^{ED} - V_{endo}^{ED}) \quad (\text{V.2})$$

avec $densité = 1.05 \text{ g/cm}^3$ [200]. Les paramètres cliniques étant obtenus pour les contours automatiques et manuels, ils peuvent être comparés afin de déterminer la corrélation ou un biais fixe, afin de déterminer si une méthode sous-estime ou sur-estime systématiquement un paramètre clinique donné. Cela est réalisé en calculant le coefficient de corrélation R , la régression linéaire et l'analyse de Bland-Altman.

5 - 2 Challenge et méthodes participantes

5 - 2.1 Préparation des données

Le challenge de segmentation du VD (RVSC) a été organisé par Caroline Petitjean, Su Ruan, Jean-Nicolas Dacher, Jérôme Caudron et moi-même, et a débuté en mars 2012 par l'invitation

électronique des chercheurs du domaine et l'annonce de la création du challenge. Différentes étapes définies ci-après ont donné lieu à une compétition finale sur place organisée lors d'un atelier à la 15ème Conférence Internationale *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention* (MICCAI) le 1er octobre 2012 à Nice, France. Sur 47 équipes initialement enregistrées au challenge, 7 ont soumis leurs résultats et ont participé à la compétition finale. Ces 7 méthodes seront détaillées dans la section suivante.

La première étape (apprentissage) a commencé en mars 2012 avec la mise à disposition de l'ensemble d'apprentissage de 16 patients, incluant toutes les images DICOM, la liste des images à segmenter (correspondant aux phases ED et ES) ainsi que les contours manuels de référence pour chaque image. De plus, un code d'évaluation implémenté sous Matlab a été fourni aux participants afin de pouvoir évaluer la performance de leur méthode. Il fournit les mesures de DM et HD pour chaque image, leur moyenne et écart type (par patient, phase et global) ainsi que le coefficient de corrélation, la régression linéaire et les erreurs relatives concernant les performances des paramètres cliniques. Ce même code a été utilisé par les organisateurs pour évaluer les résultats de segmentation lors des étapes suivantes du challenge.

La seconde étape (Test1) a commencé en juin 2012 avec la mise à disposition de l'ensemble Test1 composé de 16 patients, comprenant l'ensemble des images DICOM ainsi que la liste des images à segmenter. Les participants ont alors pu faire tourner leurs algorithmes afin de segmenter l'endocarde du VD (et optionnellement l'épicarde du VD), en utilisant peu ou pas d'interaction avec l'utilisateur. Afin d'obtenir les évaluations des méthodes, les participants devaient envoyer les contours de segmentation obtenus aux organisateurs du challenge, ces derniers leur fournissant à partir du code d'évaluation précédemment cité l'évaluation technique et des paramètres cliniques de la précision de segmentation. Les participants avaient alors jusqu'au 5 juillet pour fournir un article décrivant leur méthode ainsi que les résultats obtenus sur Test1. Ces différents articles sont disponibles à l'adresse suivante : <http://www.litislabs.eu/rvsc/>.

Enfin, la dernière étape du challenge (Test2) a eu lieu le jour de la compétition, le 1er octobre 2012, à MICCAI. Une nouvelle base de 16 patients, Test2, a été fournie aux participants, ceux-ci ayant 3 heures sur place afin de fournir la segmentation délivrée par leur méthode. Considérant le coût en terme de calculs et de mémoire du traitement de base de données importantes, les participants étaient autorisés à utiliser des serveurs de calcul distants. Les résultats ont été calculés et présentés par les organisateurs lors de la conférence. Il est à noter que les participants pouvaient améliorer leur algorithme entre la soumission des résultats de Test1 et

le jour du challenge.

5 - 2.2 Méthodes participantes

Sept équipes ont participé au challenge de segmentation, trois d'entre elles présentant des méthodes automatiques et quatre semi-automatiques, *i.e.* nécessitant une faible étape d'initialisation manuelle de l'algorithme. Le tableau V.1 présente un aperçu des différentes méthodes des participants détaillés dans la suite de cette partie, dénommées à partir du nom de l'équipe. Dans notre cas, la méthode du chapitre III, GCAF, a participé à la compétition sur site contrairement à celle du chapitre IV, GCAF-multi.

Tableau V.1 – Liste des participants au challenge. Les équipes non présentes lors de la compétition sur site sont indiquées par *. A/SA : Automatique/Semi-Automatique.

Equipes	Référence	Principe de la méthode	A/SA	Contours
CMIC, GB	[201]	Recalage multi-atlas 2D	A	Endo+épi
NTUST, Taiwan	[202]	<i>clustering</i> et mouvement	A	Endo+épi
SBIA*, USA	[203]	Recalage multi-atlas 3D	A	Endo+épi
ICL, GB	[204]	Recalage multi-atlas 3D	SA	Endo+épi
LITIS, France	[205]	GC binaire avec <i>a priori</i>	SA	Endo+épi
BIT-UPM, Espagne	[206]	<i>Watershed</i> 4D	SA	Endo
GEWU*, Canada	[207]	Correspondance de distributions	SA	Endo

Méthodes automatiques

CMIC [201] : Cette méthode automatique repose sur une stratégie d'affinements successifs de la segmentation à partir de la propagation d'un ensemble d'atlas. Trois étapes sont réalisées : d'abord la localisation du cœur, puis la segmentation grossière du VD et enfin, l'affinement de la segmentation de l'endocarde et de l'épicarde du VD. La segmentation obtenue à chaque étape est utilisée comme un masque à l'étape suivante, permettant d'améliorer graduellement l'initialisation du recalage d'atlas et sa précision. Cette méthode traitant chaque coupe 2D, une sélection d'atlas est nécessaire en considérant la grande variabilité des images cardiaques. Afin de choisir les atlas les plus adaptés à une image inconnue, un critère de classement multi-labels a été choisi [208], basé sur une corrélation croisée locale normalisée. La fusion est réalisée à partir des meilleurs atlas à chaque étape de l'algorithme.

NTUST [202] : Cette méthode de segmentation automatique et non supervisée est basée principalement sur le mouvement cyclique du cœur. Elle combine des modèles de morphologie

spatiale 2D et du mouvement cyclique des images cardiaques sur la dimension temporelle afin de déterminer le contour endocardique du VD sur les données 4D.

Une détection grossière du VG est réalisée en recherchant les objets connectés dans une zone carrée, possédant un mouvement répété. Cette étape permet de filtrer les objets ayant un mouvement cardiaque cyclique. Cette détection du VG est d'abord appliquée aux images de la séquence médiane sur la dimension temporelle, où les cavités du VG et du VD sont les plus importantes en taille comparées aux autres séquences temporelles. La détection du VG sur les autres coupes est réalisée en utilisant cette première détection : les objets connectés possédant un fort mouvement et un fort recouvrement avec le VG des séquences voisines sont sélectionnés. La détection du VD est réalisée d'une façon similaire, sur la séquence médiane temporelle, en excluant le VG précédemment détecté. À partir de cette détection et en utilisant des contraintes géométriques selon l'axe Z, le VD est détecté en cherchant les objets de fort mouvement sur la dimension temporelle, avec un faible recouvrement avec le VG et un fort recouvrement avec le VD des images voisines de la séquence.

SBIA [203] : Cette équipe a proposé un cadre de segmentation automatique et itératif basé sur le recalage d'un ensemble d'atlas et la fusion des labels. Les atlas sont recalés sur les images cibles par un outil publique de recalage appelé DRAMMS. La fusion des labels est réalisée à partir d'une stratégie de vote à la majorité, pondéré selon la similarité locale entre l'atlas et l'image cible. Dans un cadre itératif, la segmentation initiale est utilisée pour restreindre la zone de recherche aux alentours du VD et pour sélectionner un sous-ensemble des atlas les plus similaires à l'image cible dans cette zone restreinte, avant une seconde étape de recalage. De cette façon, la grande variabilité des images cardiaques est partiellement réduite. La méthode converge vers un masque final du VD après deux itérations.

Méthodes semi-automatiques

ICL [204] : La méthode de segmentation repose sur le recalage d'un ensemble d'atlas 3D dont les labels de la cavité du VD (endocarde) et de sa paroi (épicarde) sont obtenus par la fusion des opinions de l'ensemble des atlas. La méthode est semi-automatique mais ne requiert que quelques points de correspondances sur les images. Chaque atlas est alors aligné en utilisant un recalage affine basé sur les points de correspondance, suivi par un recalage non rigide basé sur les B-splines. Afin d'estimer le label pour un voxel x , les labels des atlas sont combinés en

utilisant une fusion locale pondérée des labels :

$$\tilde{L}(x) = \arg \max_l \sum_{n=1}^N \sum_{\Delta x \in S} P(I(x)|I_n(x + \Delta x)).P(L(x) = l|L_n(x + \Delta x)) \quad (\text{V.3})$$

où N est le nombre d'atlas, S est une zone volumique de recherche centrée en x . Le premier terme de pondération $P(I(x)|I_n(x + \Delta x))$ est déterminé par la similarité de l'intensité en x entre l'image cible et l'atlas, le second terme $P(L(x) = l|L_n(x + \Delta x))$ est déterminé par la distance entre le voxel cible de l'image et le voxel considéré de l'atlas. Ainsi, le voxel d'un atlas ayant une intensité similaire au voxel cible et proche de ce dernier à une influence plus importante dans la détermination du label final qu'un voxel de l'atlas plus distant ou moins similaire. Finalement, le label ayant le poids final sommé le plus important est attribué au voxel cible.

BIT-UPM [206] : Cette équipe a proposé une méthode de segmentation 4D basée sur la technique de montée des eaux et la fusion des régions résultantes par GC 4D. Cette méthode semi-automatique nécessite le tracé manuel de la cavité du VD sur 4 à 5 coupes 2D de la première phase ED. Ces tracés sont utilisés afin de déterminer la zone de recherche, et sont propagés dans la dimension temporelle des images en utilisant la symétrie du cycle cardiaque. Le volume 4D est ensuite pré-segmenté en petites régions à partir de la technique de montée de eaux. Enfin, ces régions sont fusionnées à partir de la méthode des GC 4D dont le terme contour est basé sur l'intensité. Cette approche est basée sur les travaux de [209] et [210], mais étendue en 4D. Considérant l'écart important entre les coupes et la nécessité de cohérence entre les coupes successives pour la méthode des GC, une interpolation de coupes manquantes est réalisée. Une seule passe de l'algorithme est alors nécessaire à la segmentation 4D du VD.

GEWU [207] : La méthode de segmentation 3D repose sur la relaxation convexe et la correspondance de distributions. L'algorithme requiert un unique patient pour l'apprentissage et une interaction avec l'utilisateur, un unique clic aux alentours du centre du VG sur une seule coupe pour un patient. La solution finale est obtenue par l'optimisation d'une fonctionnelle d'énergie basée sur des *a priori* de forme et d'intensité. A partir d'une mesure globale de similarité entre les distributions, l'*a priori* de forme est invariant à la translation. Les auteurs ont également introduit une variable concernant le facteur d'échelle afin de définir une équation à point-fixe, permettant une invariance à l'échelle à partir de quelques calculs rapides. La méthode permet ainsi de s'affranchir d'une étape coûteuse d'alignement ou de recalage, et de la nécessité d'une base manuellement labellisée. De plus, elle peut être parallélisée : l'implémentation sur

GPU permet un temps de calcul de l'ordre de 5 secondes pour la segmentation d'un volume cardiaque. Les auteurs démontrent que la performance de l'algorithme n'est pas affectée par le choix d'un patient en particulier de la base d'apprentissage et que la description des formes est similaire quelque soit le patient considéré. L'apprentissage de l'algorithme par un seul patient est ainsi supposé comme suffisant.

5 - 3 Résultats et comparaisons

Dans cette partie, nous allons évaluer et comparer nos deux méthodes de segmentation GCAF et GCAF-multi en utilisant les données du challenge. Nous rappelons que la méthode GCAF-multi n'était pas participante au challenge de segmentation du VD MICCAI'12 (contrairement à la méthode GCAF), mais les mêmes conditions d'évaluation ont été respectées.

Nous nous intéresserons aux performances techniques et des paramètres cliniques en ne considérant que la segmentation de l'endocarde du VD, afin de comparer les différentes méthodes et déterminer les méthodologies adaptées à la résolution de ce problème de segmentation difficile. Les performances ont été déterminées sur la base Test1 de 16 patients (248 images) et sur la base Test2 de 16 patients (252 images).

5 - 3.1 Performances techniques

Le tableau [V.2](#) présente la précision moyenne de la segmentation de l'endocarde pour chaque méthode. Les valeurs du coefficient Dice varient entre 0.55 et 0.81 et la distance de Hausdorff de 7 mm à 23 mm. Nos deux méthodes GCAF et GCAF-multi présentent parmi les meilleurs résultats avec respectivement un DM de 0.76 et 0.79 (Test1), 0.81 et 0.81 (Test2) et une distance de Hausdorff de 9.97 et 12.54 (Test1), 7.28 et 9.69 (Test2). On peut remarquer qu'en moyenne, les méthodes semi-automatiques permettent d'obtenir des segmentations plus précises que les méthodes automatiques. Cependant, deux méthodes automatiques 2D, CMIC et GCAF-multi, permettent d'obtenir des résultats similaires aux meilleurs méthodes semi-automatiques, ICL, GCAF et BIT-UPM. On peut noter que nos méthodes GCAF et GCAF-multi obtiennent les meilleurs résultats sur Test2. Enfin, les résultats de ce tableau présentent des écarts-types importants : les performances des méthodes sont ainsi variables selon les patients. GCAF et GCAF-multi sont parmi les méthodes de plus faibles écarts types, ce qui montre leur performance face à la variabilité des patients.

Chapitre V. Comparaison des méthodes : challenge MICCAI 2012

Tableau V.2 – Valeurs moyennes ($\pm$ écart type) du coefficient Dice (DM) et de la distance de Hausdorff (HD). Ces valeurs sont moyennées sur ED et ES. A/SA : Automatique/Semi-Automatique.

		Test1		Test2	
		DM	HD (mm)	DM	HD (mm)
CMIC	A	0.78 ± 0.23	10.51 ± 9.17	0.73 ± 0.27	12.50 ± 10.95
NTUST	A	0.57 ± 0.33	28.44 ± 23.57	0.61 ± 0.34	22.20 ± 21.74
SBIA	A	0.55 ± 0.32	23.16 ± 19.86	0.61 ± 0.29	15.08 ± 8.91
GCAF-multi	A	0.79 ± 0.22	12.54 ± 10.74	0.81 ± 0.21	9.69 ± 7.71
ICL	SA	0.78 ± 0.20	9.26 ± 4.93	0.76 ± 0.23	9.77 ± 5.59
GCAF	SA	0.76 ± 0.20	9.97 ± 5.49	0.81 ± 0.16	7.28 ± 3.58
BIT-UPM	SA	0.80 ± 0.19	11.15 ± 6.62	0.77 ± 0.24	9.79 ± 5.38
GEWU	SA	0.59 ± 0.24	20.21 ± 9.72	0.56 ± 0.24	22.21 ± 9.69

Les valeurs en gras indiquent les meilleurs résultats entre les méthodes.

Si on considère l'analyse des images ED et ES séparément (voir Figure V.2), on peut remarquer que quelque soit la méthode, les résultats sont supérieurs pour les phases ED que pour les phases ES. En effet, les images ED sont plus faciles à segmenter, la cavité ventriculaire y étant la plus dilatée. De plus, les images ES sont plus floues du fait de l'effet de volume partiel. Selon la méthode considérée, les écarts de performance entre les segmentations ED et ES varient entre 5 et 17%. On peut remarquer que pour certaines méthodes (BIT-UPM, GCAF, ICL), la distribution est resserrée autour de la médiane, ce qui indique un comportement stable de ces méthodes. Il est à noter que ces trois méthodes sont semi-automatiques. Notre méthode automatique GCAF-multi présente également une distribution relativement resserrée autour de la médiane, elle a donc un comportement stable.

Il est également possible d'analyser les résultats obtenus en fonction des niveaux de coupe, afin de déterminer la distribution des erreurs pour chaque méthode. Sachant que chaque volume possède un nombre différent de coupes (entre 6 et 12, avec une valeur moyenne de 8.94 ± 1.53 pour les volumes ED), il est nécessaire d'interpoler les valeurs du coefficient Dice sur un nombre fixe de coupe, que nous avons fixé à 12. La Figure V.3 présente la moyenne du coefficient Dice selon le plan longitudinal du VD en fonction du niveau de coupes. Sans surprise, les erreurs sont plus importantes pour les coupes apicales, pour toutes les méthodes. De la base à l'apex du cœur, le coefficient Dice décroît d'environ 1/3 : les coupes les plus basales ont en moyenne un score de 0.91 (moyenne sur les trois meilleures méthodes CMIC, ICL, GCAF), alors que les coupes les plus apicales ont un score de 0.62. Cela montre que les améliorations dans la précision de la segmentation doit reposer essentiellement sur les coupes apicales. Il est à noter que pour certaines méthodes, la segmentation des premières coupes basales peut également poser

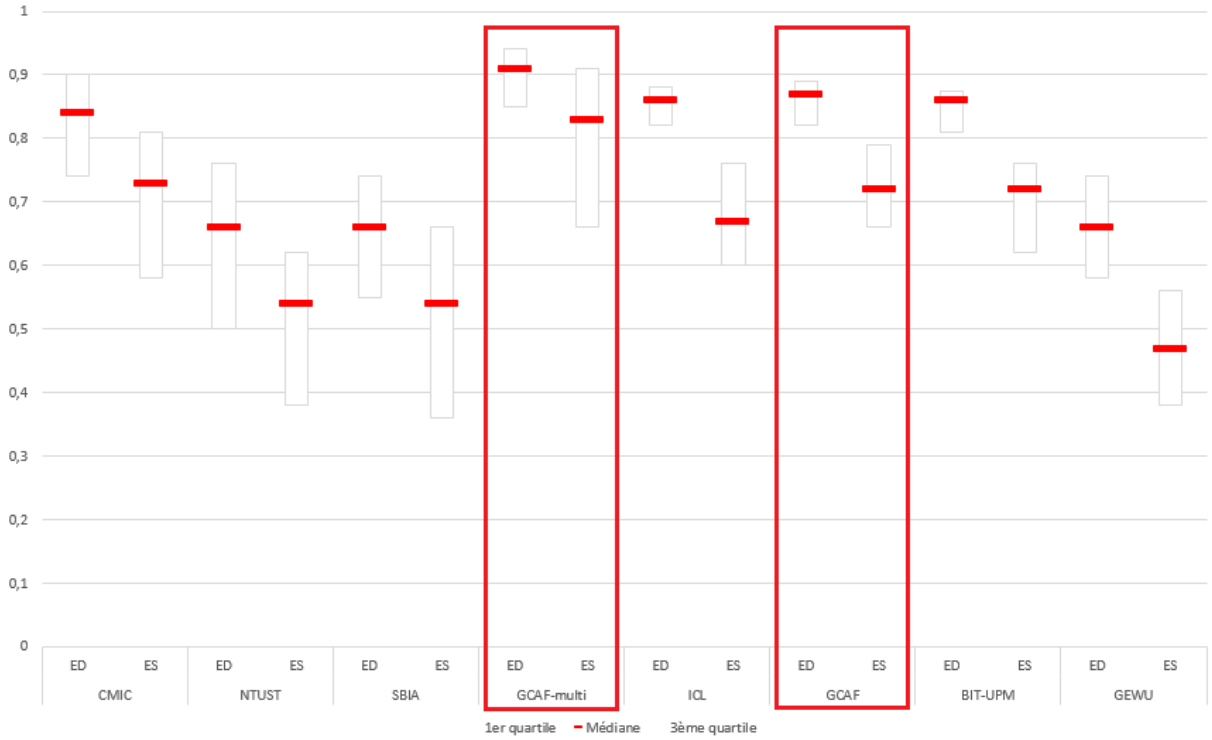


Figure V.2 – Médiane du coefficient Dice sur les segmentations obtenues sur les patients de Test1 et de Test2. La médiane est illustrée par une barre rouge. La boîte indique le premier quartile (25% des valeurs sont inférieures ou égales à sa valeur) et le troisième quartile (75% des valeurs sont inférieures ou égales à sa valeur).

problème. Nos deux méthodes GCAF et GCAF-multi présentent des amplitudes du coefficient Dice les plus faibles parmi toutes les méthodes, prouvant leur efficacité sur les coupes apicales.

Des résultats de segmentation typiques pour toutes les coupes d'un patient sont présentés à la Figure V.4 pour les coupes les plus basales ED, à la Figure V.5 pour les coupes les plus apicales ED et à la Figure V.6 pour le volume ES. Les contours de 4 méthodes sont proposés dans ces figures : CMIC, GCAF-multi, ICL et GCAF. Bien que la plupart des coupes présentent une bonne précision de segmentation, on peut remarquer que la méthode ICL présente une sous-estimation des contours, en particulier pour la coupe la plus basale en ED et ES, au contraire de la méthode CMIC qui sur-estime certains contours. Dans une moindre mesure, une légère sur-estimation peut également apparaître sur certaines coupes avec notre méthode GCAF-multi, mais nos méthodes proposent les résultats de segmentation les plus proches de la vérité terrain en ED et en ES.

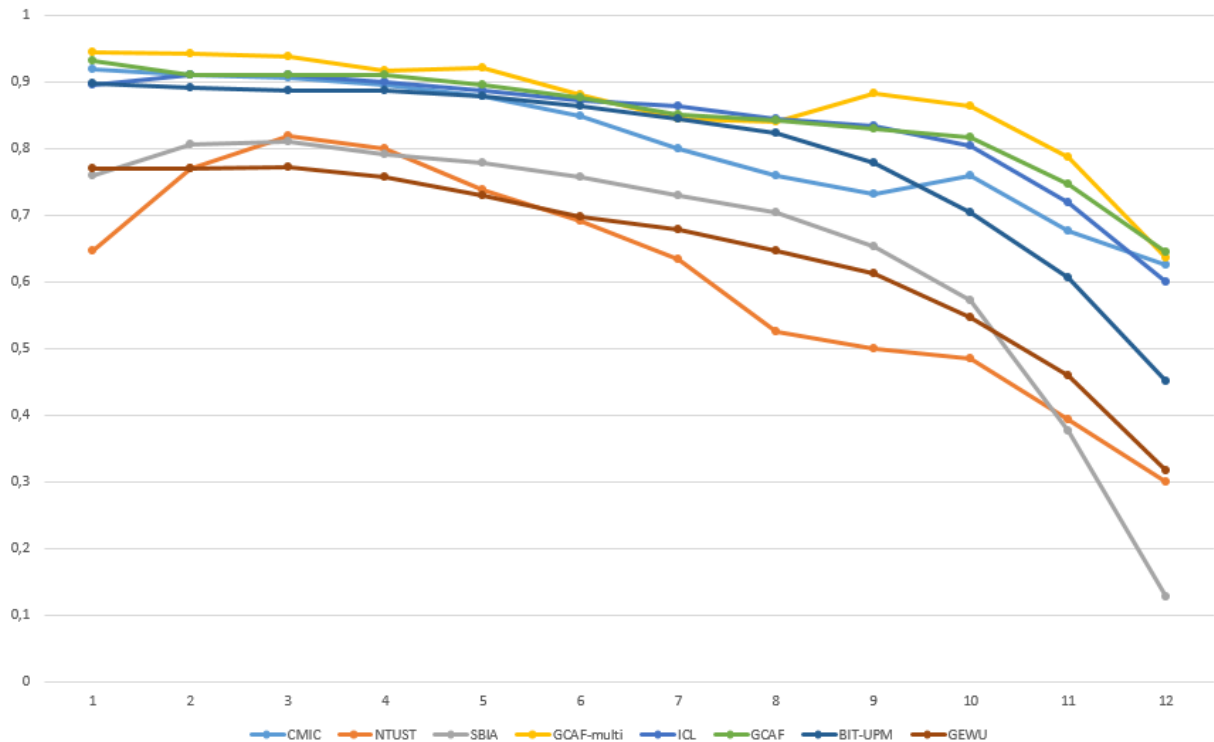


Figure V.3 – Distribution spatiale des erreurs sur les images ED de Test1 et Test2 selon les méthodes utilisées.

5 - 3.2 Performances cliniques

Les volumes endocardiques en ED et ES sont calculés comme étant la somme de toutes les aires endocardiques déterminées par les contours, multipliées par la distance entre les coupes. La Figure V.7 présente l'analyse de la corrélation entre les volumes automatiques et manuels. Même si nous avons vu que les segmentations sur les coupes apicales étaient d'une précision inférieure (quelle que soit la méthode), la corrélation entre les volumes automatiques et manuels est plutôt bonne. En effet, les erreurs sur les coupes apicales n'ont que peu d'influence sur le calcul du volume total, même si d'autres champs de recherche, telle que l'étude de la structure des fibres, nécessitent une bonne précision de sa segmentation. Pour les méthodes semi-automatiques, le coefficient de corrélation calculée à partir d'une régression linéaire atteint un maximum de 0.99 en ED et 0.98 en ES, et 0.96 en ED et 0.96 en ES pour les méthodes automatiques. Notre méthode GCAF-multi permet d'obtenir des résultats meilleurs ou comparables aux méthodes semi-automatiques, ces dernières présentant en moyenne les meilleurs coefficients de corrélation.

A partir de ces volumes, il est possible de déterminer la fraction d'éjection. Les Figures V.9 et V.8 présente la régression linéaire et une analyse Bland-Altman entre les fractions d'éjection déterminées manuellement et automatiquement. Pour les méthodes automatiques, le coefficient

de corrélation est mitigé, avec une tendance globale à la surestimation de la fraction d'éjection (surévaluation de la santé du cœur), comme le montre la courbe de Bland-Altman : la différence moyenne (ligne rouge) montre en moyenne des valeurs positives et par ce fait un biais fixe. Les mêmes remarques peuvent être faites concernant les méthodes semi-automatiques, exceptées que la fraction d'éjection est soit surestimée, soit sous-estimée. Concernant nos méthodes, on peut remarquer que GCAF est la méthode semi-automatique ayant la différence moyenne la plus proche de 0, et n'a pas de biais fixe. Notre méthode automatique GCAF-multi est la seule à avoir une différence moyenne proche de 0, avec un fort regroupement des erreurs autour de cette moyenne. On peut toutefois remarquer que les méthodes présentent des performances sur les paramètres cliniques relativement proches, contrairement aux performances techniques qui étaient plus différentes.

5 - 3.3 Comparaisons

Nous avons proposé dans cette thèse deux méthodes différentes, une semi-automatique et une automatique, basées sur des *a priori* de forme. La comparaison de nos méthodes avec celles du challenge permet de répondre à certaines questions : est-il plus judicieux d'utiliser une méthode automatique ou semi-automatique ? Quel est l'apport d'un *a priori* de forme ? Est-ce que le choix d'une méthodologie 2D que nous avons proposé est le plus approprié ? Et enfin, quelle méthode permet d'obtenir les meilleurs résultats sur cette application ?

Si on compare les méthodes semi-automatiques et automatiques du challenge, on peut remarquer en moyenne de meilleurs résultats de segmentation pour les méthodes semi-automatiques. Cependant, la méthode CMIC et notre méthode GCAF-multi prouvent qu'il est possible d'obtenir automatiquement des résultats comparables aux méthodes nécessitant une interaction avec l'utilisateur. Cependant, l'automatisation des méthodes a un coût, comme le montre le Tableau V.3. Les bonnes performances de CMIC et GCAF-multi sont obtenues sans aucune interaction de l'utilisateur mais avec un coût de calcul beaucoup plus important que les autres méthodes. Bien que pour cette application le temps réel ne soit pas requis, le temps de calcul pour un patient doit se limiter à quelques minutes. Si on considère les 3 meilleures méthodes semi-automatiques (ICL, GCAF et BIT-UPM), notre méthode est la plus rapide pour une interaction utilisateur plus faible que BIT-UPM, et une interaction plus forte que ICL. Cependant, la méthode ICL est la plus longue bien que la méthode soit parallélisée sur 32 processeurs. Concernant les méthodes automatiques, notre méthode GCAF-multi permet d'obtenir les meilleurs résultats (comparables aux meilleurs résultats globaux) au coût d'un temps de

Chapitre V. Comparaison des méthodes : challenge MICCAI 2012

Tableau V.3 – Temps de calcul moyen par patient (volumes ED et ES) et type d’interaction utilisateur nécessaire pour les méthodes semi-automatiques. A/SA : Automatique/Semi-Automatique.

Equipe		Contours	Temps de calcul	Interaction
CMIC	A	Endo+Epi	12 min sur PC avec processeur quad-core à 2.13 GHz	-
NTUST	A	Endo+Epi	90.3 sec sur PC avec processeur dual-core à 3.1 GHz	-
SBIA	A	Endo+Epi	2-3 min sur linux avec processeur dual-core à 2.8 GHz	-
LITIS-multi	A	Endo (VD) Endo+Epi (VG)	30 min sur PC avec processeur dual-core à 2.8 GHz	-
ICL	SA	Endo+Epi	5 min avec calcul parallélisé sur un serveur 32-core	5 landmarks par volume
LITIS	SA	Endo+Epi	45 sec sur PC avec processeur dual-core à 2.8 GHz	2 landmarks par image
BIT-UPM	SA	Endo	2.25 min sur PC avec processeur quad-core à 2.13 GHz	Contourage manuel de 4 à 5 coupes sur la phase ED
GEWU	SA	Endo	10 sec sur PC avec programmation parallélisée sur GPU	1 landmark par patient

Les valeurs en gras indiquent les meilleurs résultats entre les méthodes.

calcul encore plus important que la méthode CMIC. Ce coût de calcul peut également provenir de la programmation Matlab, mais il est à noter que notre méthode permet la segmentation conjointe du VD, du VG et du myocarde.

Les méthodes 3D sont aujourd’hui la norme dans de nombreux domaines de segmentation. Quatre méthodes 3D ont ainsi été proposées au challenge, une automatique par SBIA, et trois semi-automatiques par ICL, BIT-UPM et GEWU. Or l’écart entre les coupes de 8.4 mm ainsi que l’épaisseur de coupe de 7 mm dans nos données cardiaques par IRM sont bien supérieurs à la résolution spatiale de l’image, inférieure à 1 mm par pixel. Ces données sont dans la norme, sachant que la plupart des centres d’imagerie acquiert les données cardiaques avec une épaisseur de coupe de 8 à 10 mm. Nos données ne peuvent donc pas être considérées comme réellement 3D. C’est pourquoi nous avons défini une méthodologie 2D pour nos deux méthodes. La cohérence de ce choix est vérifiée empiriquement par les résultats obtenus sur la base du challenge : les méthodes 2D permettent d’obtenir des résultats parmi les meilleurs (CMIC, GCAF-multi, GCAF).

Enfin, la dernière question que l’on peut se poser : quelle méthodologie permet d’obtenir les meilleurs résultats ? Bien que cette question soit ouverte et difficile à répondre, on peut considérer que ce challenge présente les méthodologies principales et que des éléments de réponse peuvent y être déterminés. Tout d’abord, la majorité de ces méthodes (6) inclut des connais-

sances *a priori*, lorsque les deux autres sont spécialement dédiées à la segmentation du VD et se basent sur les intensités de l'image et le mouvement cardiaque. On peut également remarquer le fort intérêt des méthodes basées sur les atlas pour cette problématique. Du point de vue des performances techniques et cliniques, notre méthode automatique GCAF-multi permet d'obtenir les meilleurs résultats et permet de segmenter le VD, le VG et le myocarde simultanément. Le coût de calcul est important, mais il est possible de le diminuer fortement en améliorant l'implémentation.

5 - 4 Conclusion

Les différentes comparaisons réalisées à partir de la base de données du challenge MICCAI montrent que nos deux méthodes de segmentation permettent d'obtenir de très bons résultats sur l'application cardiaque. Nos méthodes permettent d'atteindre un score de recouvrement de l'ordre de 80% pour une distance de Hausdorff d'environ 8 mm pour notre méthode semi-automatique et 11 mm pour notre méthode automatique. Les performances cliniques montrent que nos méthodes n'ont pas de biais fixe et qu'elles permettent d'obtenir des paramètres proches de ceux déterminés manuellement. De plus, l'analyse de Bland-Altman montre que la méthode GCAF-multi permet d'obtenir des fractions d'éjection proches de la vérité terrain lorsque les autres méthodes surestiment ce paramètre, au coût d'un temps de calcul plus important qui pourrait être réduit en optimisant l'implémentation.

Ces différents résultats sur la base publique de ce challenge permettent également une future comparaison des travaux de la littérature avec nos méthodes. Le challenge de segmentation étant récent, peu de publications extérieures au challenge ont présenté des résultats sur cette base [211, 212] (la méthode présentée par [213] ne doit pas être considérée puisqu'elle ne respecte pas les conditions d'évaluation). Nous espérons que dans le futur, cette base de données deviendra une référence permettant une comparaison honnête des méthodes sur cette application difficile.

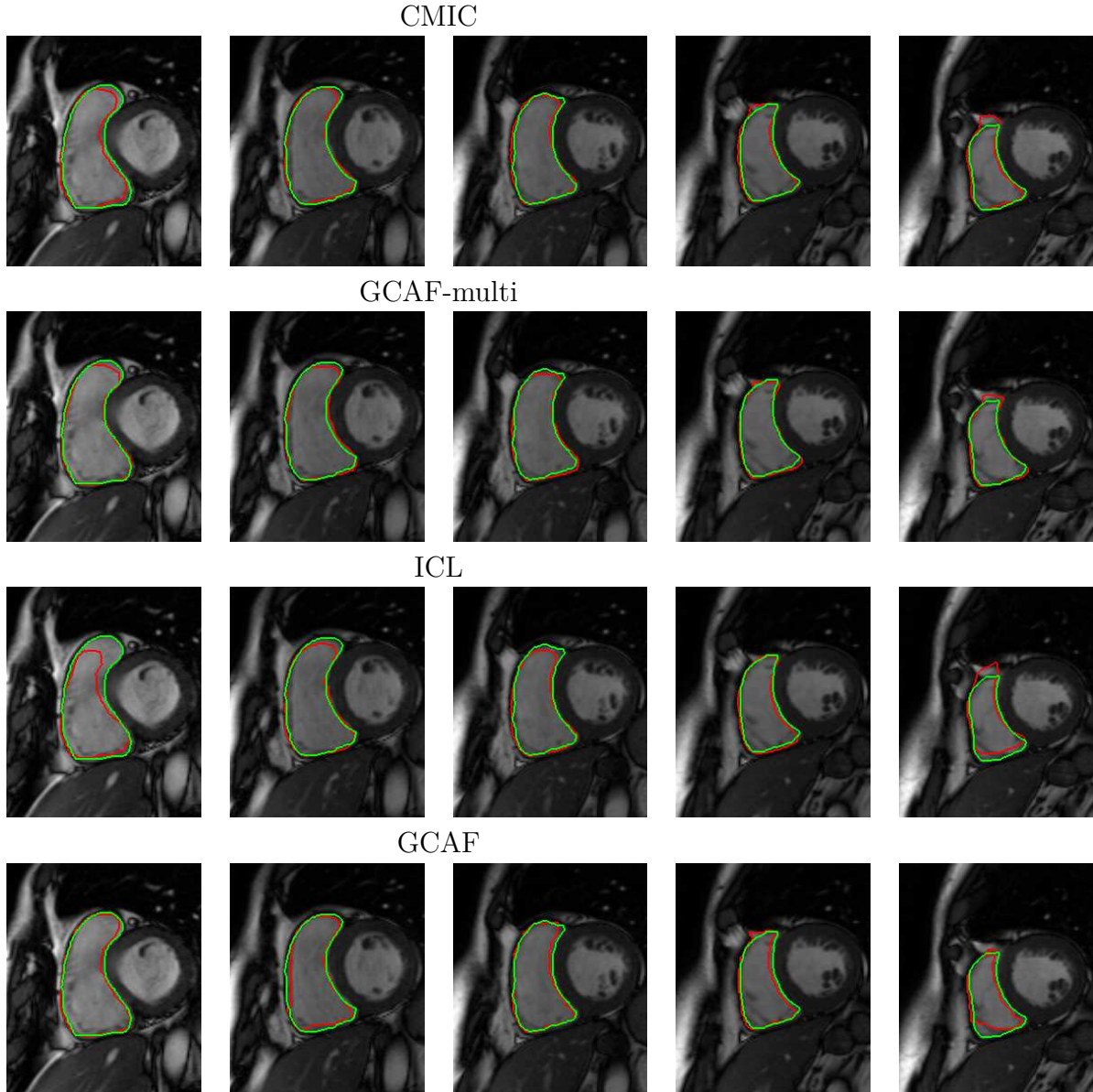


Figure V.4 – Contours automatiques et manuels ED du VD sur le patient 47 de Test2 pour différentes méthodes du challenge. De haut en bas : les méthodes CMIC, GCAF-multi, ICL et GCAF. De gauche à droite : de la coupe la plus basale à la coupe mi-ventriculaire. Les coupes apicales sont illustrées à la Figure V.5. Contours manuels : vert ; contours automatiques : rouge.

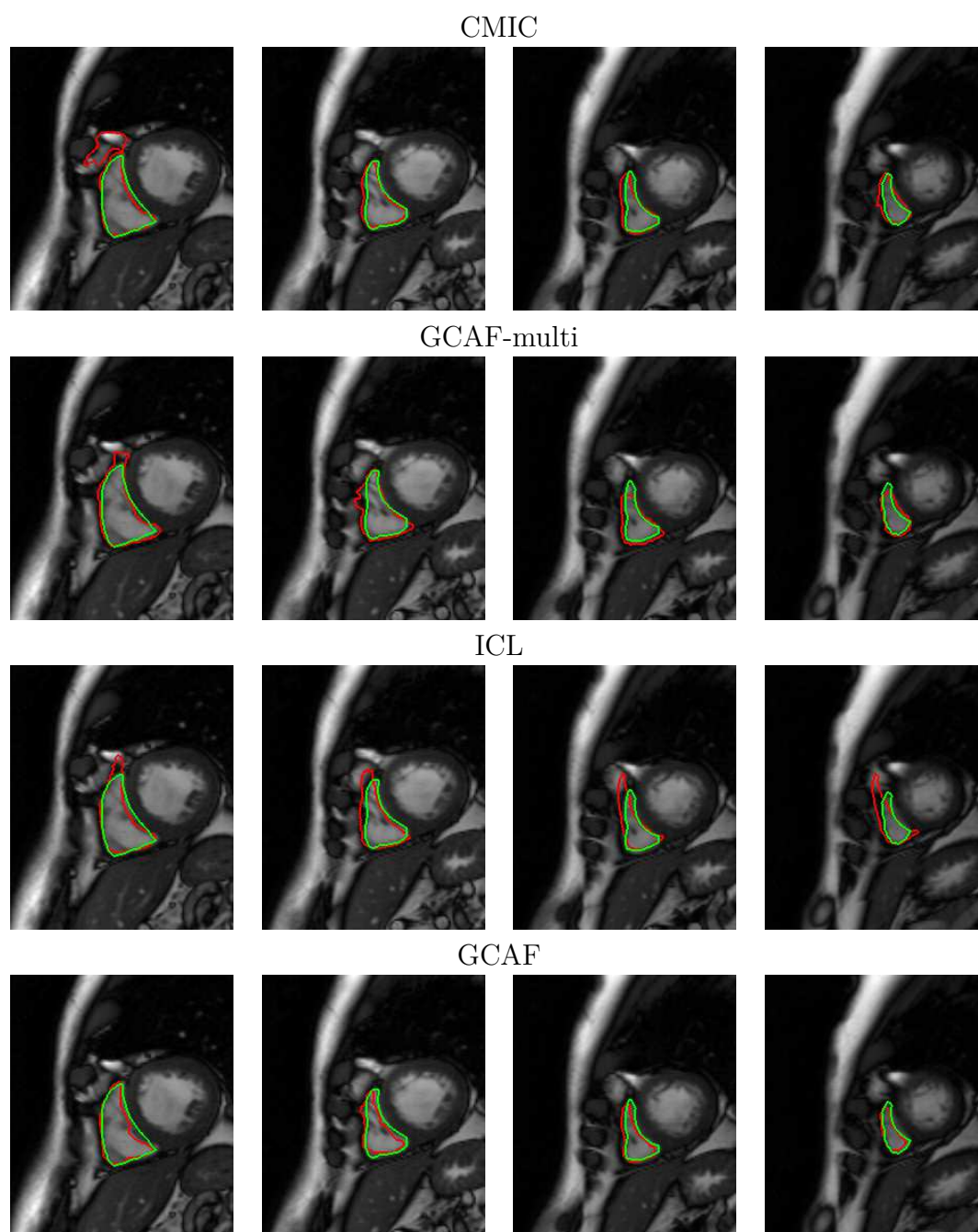


Figure V.5 – Contours automatiques et manuels ED du VD sur le patient 47 de Test2 pour différentes méthodes du challenge. De haut en bas : les méthodes CMIC, GCAF-multi, ICL et GCAF. De gauche à droite : de la coupe mi-ventriculaire à la coupe à la plus apicale. Les coupes basales sont illustrées à la Figure V.4. Contours manuels : vert ; contours automatiques : rouge.

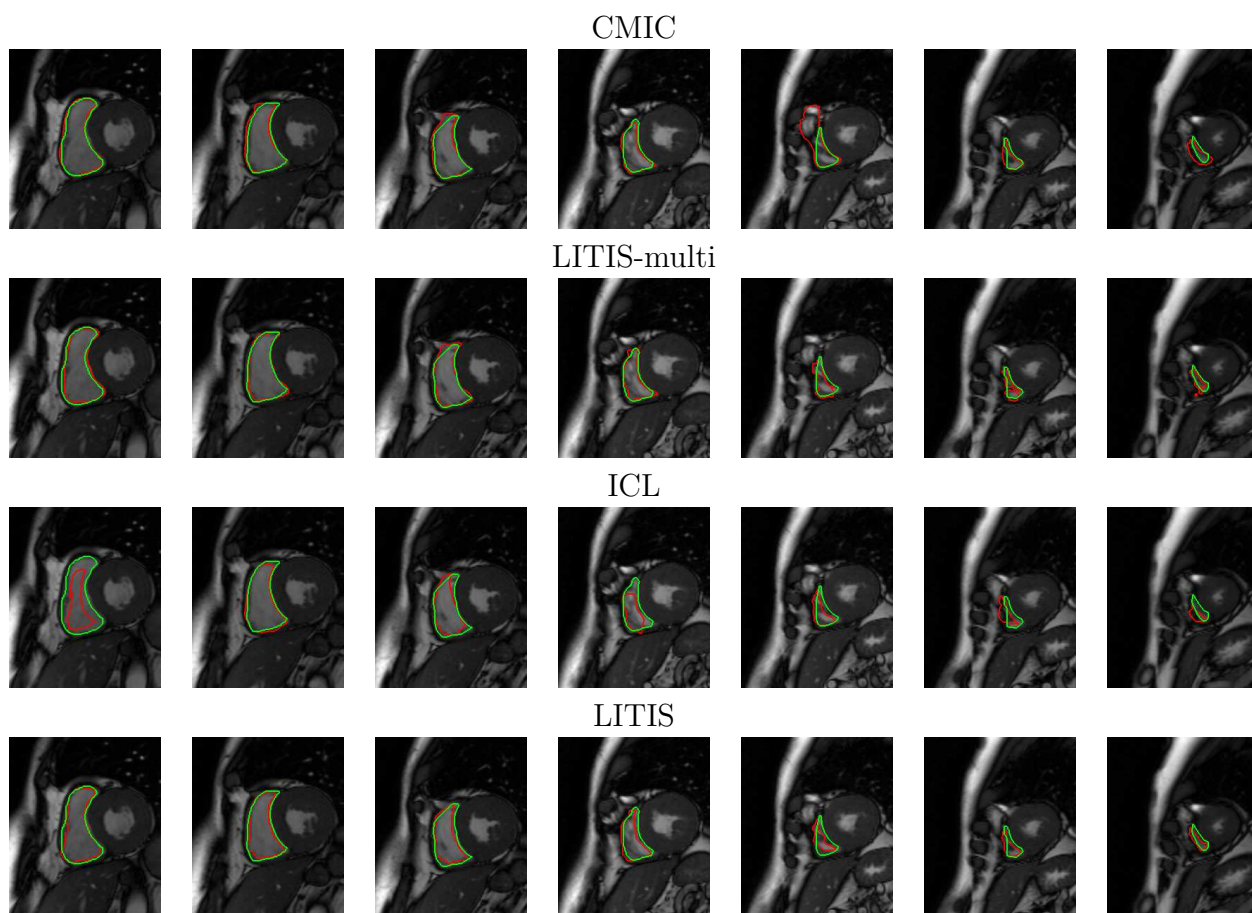


Figure V.6 – Contours automatiques et manuels ES du VD sur le patient 33 de Test2 pour différentes méthodes du challenge. De haut en bas : les méthodes CMIC, LITIS-multi, ICL et LITIS. De gauche à droite : de la coupe la plus basale à la coupe la plus apicale. Contours manuels : vert ; contours automatiques : rouge.

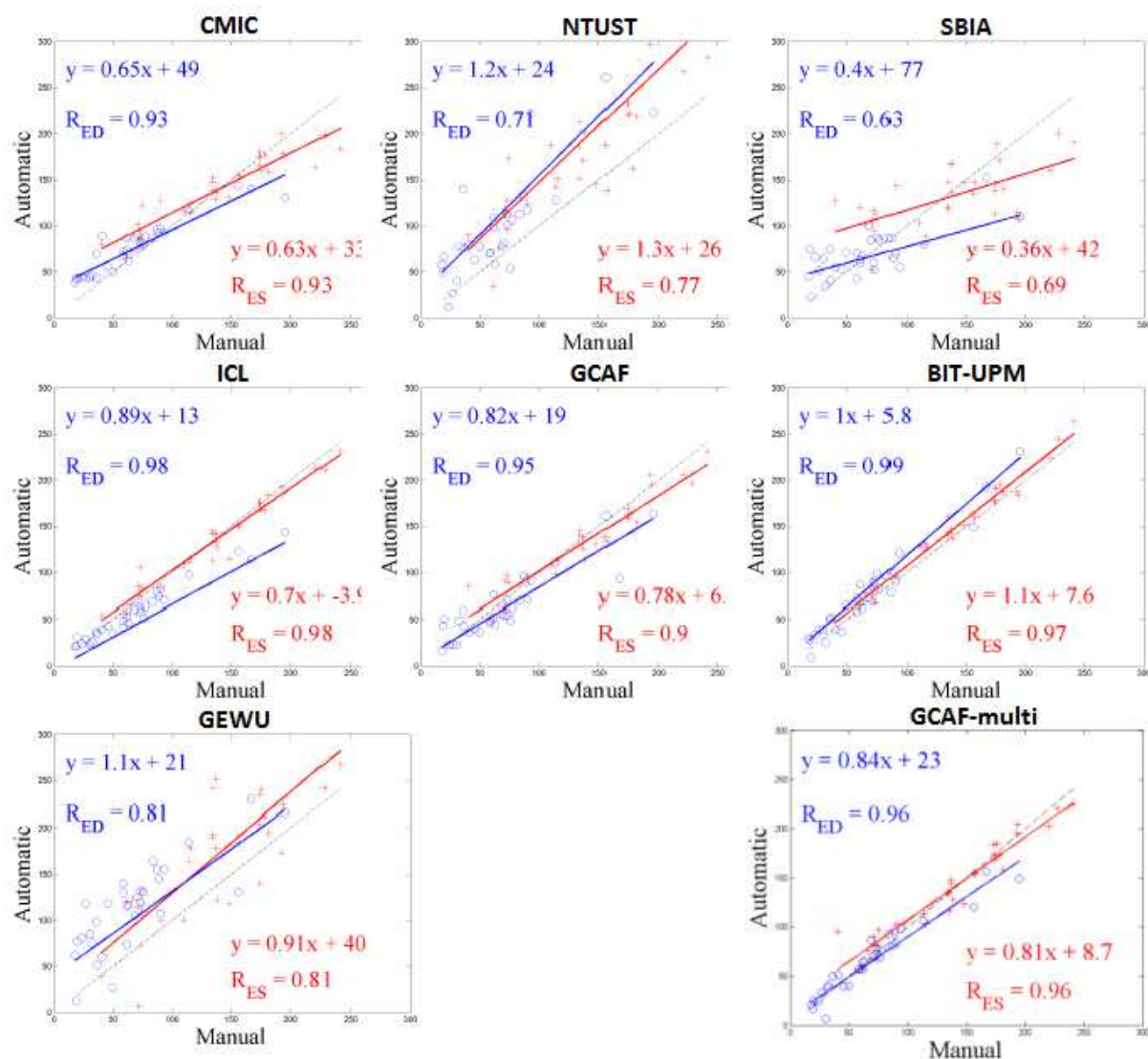


Figure V.7 – Paramètres de la régression linéaire $y = ax + b$ et R le coefficient de corrélation entre les volumes automatiques et manuels ED et ES du VD (ml).

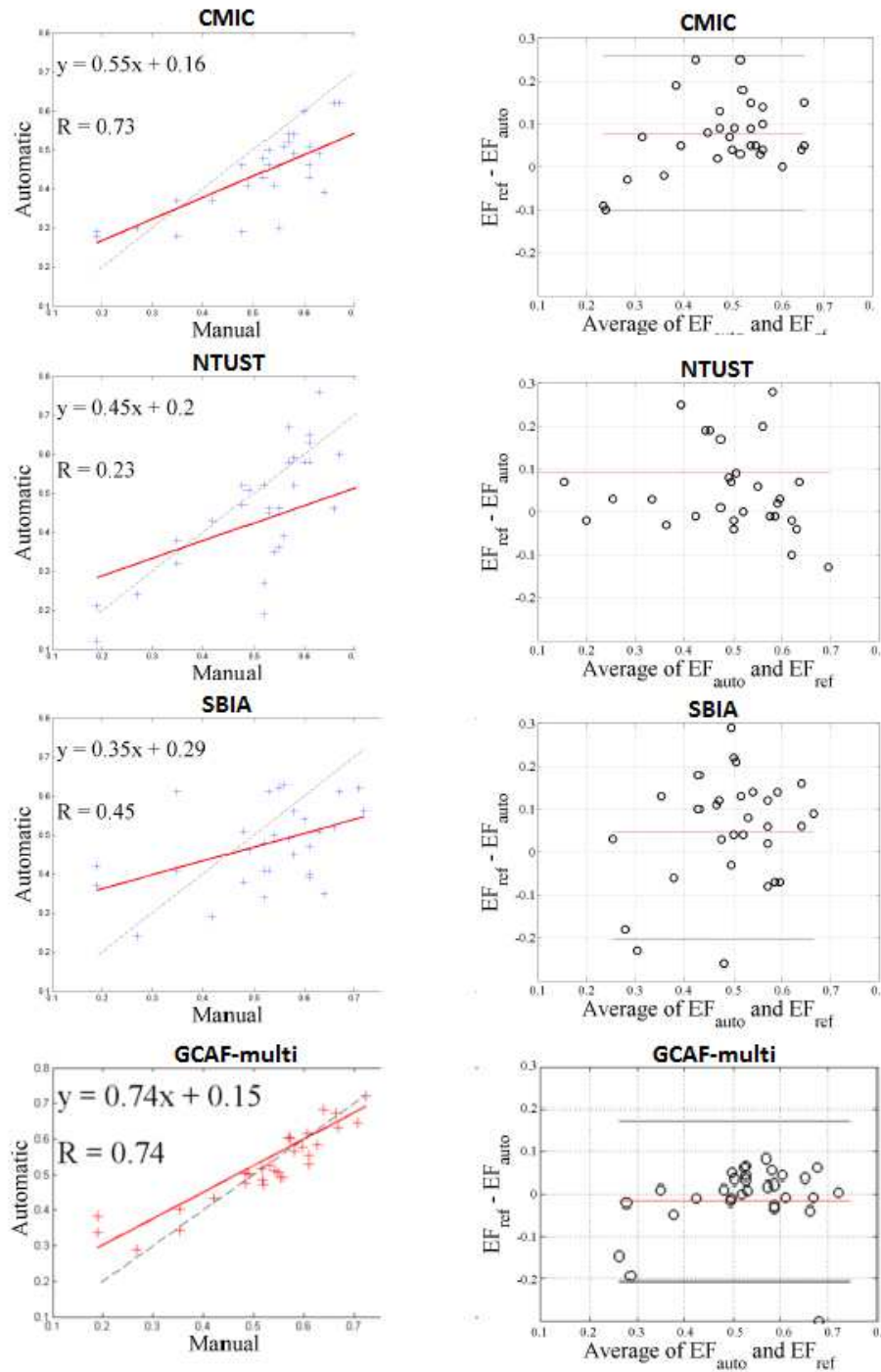


Figure V.8 – Fraction d'éjection : régression linéaire, coefficient de corrélation (R) et analyse de Bland-Altman sur la fraction d'éjection pour les méthodes automatiques de Test1 et Test2. La ligne pointillée noire est la fonction identité.

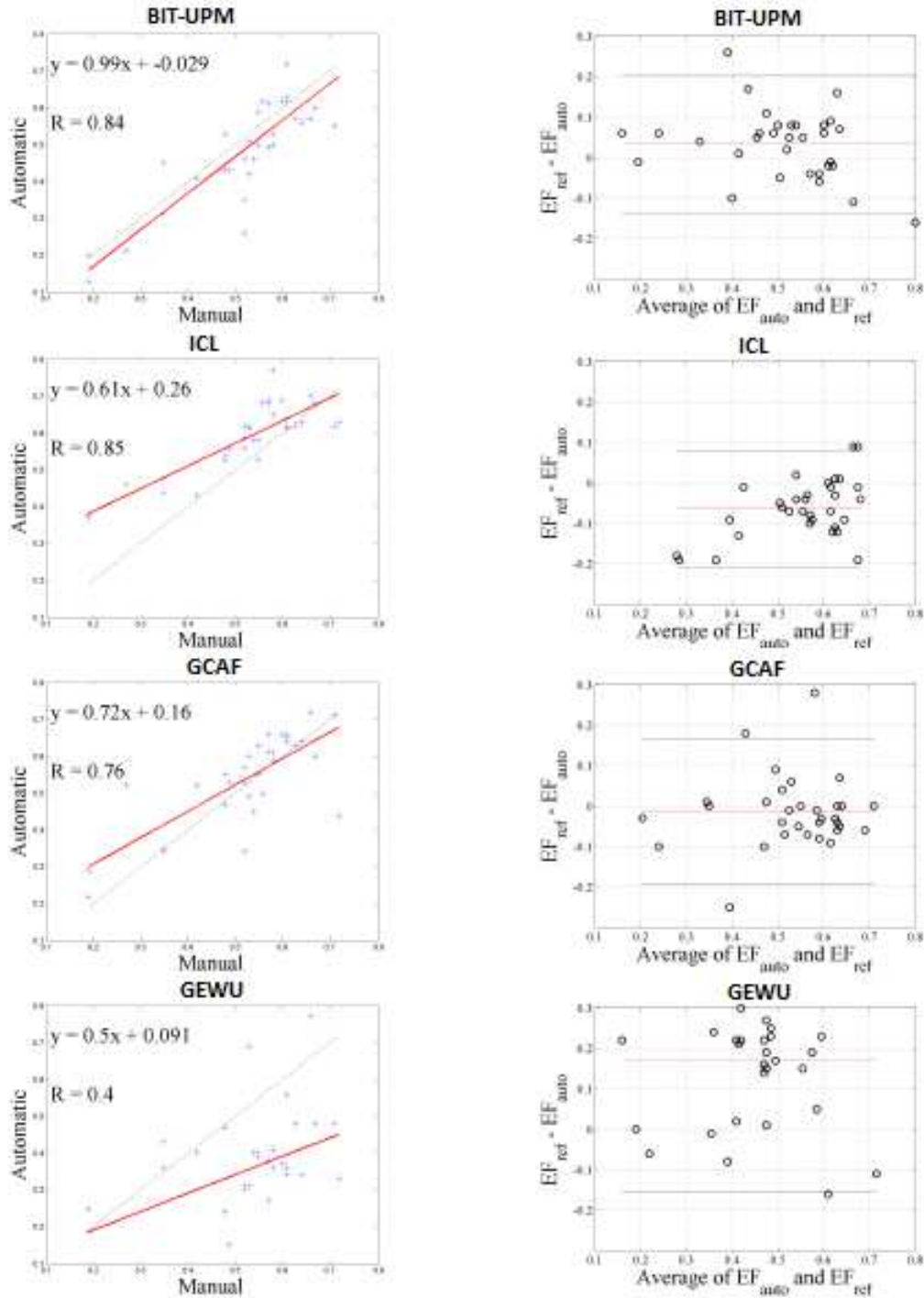


Figure V.9 – Fraction d'éjection : régression linéaire, coefficient de corrélation (R) et analyse de Bland-Altman sur la fraction d'éjection pour les méthodes semi-automatiques de Test1 et Test2. La ligne pointillée noire est la fonction identité.

Conclusion générale et perspectives

La détermination de la fonction contractile cardiaque est d'une grande importance dans la détection et le traitement de la plupart des troubles cardiaques. Afin d'y accéder, la segmentation des cavités ventriculaires est une tâche nécessaire. Nous avons montré que cette tâche est difficile, en particulier pour le VD. Diverses méthodes ont été proposées dans la littérature concernant la segmentation du VG, reposant sur des techniques basées sur les intensités des images, sur les ASM et AAM, les modèles déformables ou encore le recalage multi-atlas. Cependant, peu de solutions se sont montrées efficaces pour le traitement du VD. L'étude de l'état de l'art nous montre la nécessité de l'intégration d'un *a priori* fort à la méthode afin de guider le processus de segmentation. De plus, afin d'être utilisable en routine clinique, une méthode de segmentation des IRM cardiaques se doit d'être relativement rapide, de l'ordre de quelques minutes.

Or la méthode des coupes de graphe permet d'optimiser des fonctions de coût de manière globale et d'obtenir une convergence rapide en 2D. Son avantage est sa capacité à donner efficacement une solution optimale pour l'utilisation conjointe de différentes informations sur l'image, permettant ainsi l'intégration d'informations *a priori*. Ainsi, des contraintes ou des modèles concernant l'objet à segmenter peuvent être introduits à travers un terme supplémentaire dans la formulation de la fonctionnelle d'énergie. La manière d'incorporer ces informations *a priori* dépend des informations disponibles : soit les contraintes sont faibles et sont de simples hypothèses sur la forme générale de l'objet (convexe par exemple), soit les contraintes sont fortes et concernent une forme précise à retrouver dans l'image. Cependant, bien que la méthode générale ait donné lieu à de nombreux développements théoriques et applicatifs, les travaux de segmentation par coupe de graphe prenant en compte des formes *a priori* sont encore peu nombreux dans la littérature. Deux problèmes se posent en effet : la modélisation de la forme de l'objet à segmenter et son intégration dans l'algorithme des coupes de graphe.

La première contribution de cette thèse concerne l'intégration à la méthode des coupes de graphe d'un modèle de forme robuste représentant les variations de l'ensemble d'apprentissage. La modélisation des formes de la base d'apprentissage est réalisée à partir d'une représentation par la fonction distance signée, et l'étude de leurs variations à partir d'une analyse en composantes principales. Nous avons montré que l'utilisation de la fonction distance permettait de représenter correctement les variabilités des formes en la comparant à un modèle de distribution de points. L'avantage de cette représentation réside dans le fait qu'elle ne nécessite ni la mise en place de points de correspondances, sujets à la variabilité, ni leurs alignements. De plus, elle est plus robuste que le PDM à un désalignement initial des formes. Afin de pouvoir intégrer cette modélisation au graphe, une carte d'*a priori* est déduite des données de l'ACP et recalée sur l'image à partir d'une interaction faible avec l'utilisateur (deux points anatomiques à positionner sur la cloison interventriculaire). Nous avons proposé que l'*a priori* de forme contribue à pondérer à la fois les *t-links* et les *n-links* à travers un terme original d'*a priori* dans la fonctionnelle d'énergie. Les résultats obtenus sur la segmentation du VD en IRM cardiaques montrent l'efficacité de notre méthode, même si des améliorations sont possibles pour les coupes apicales.

Notre deuxième contribution est une deuxième méthode segmentation qui permet : (i) la segmentation conjointe de plusieurs objets, (ii) l'amélioration de la précision du modèle, en particulier pour les coupes difficiles, (iii) l'automatisation de la méthode. Nous avons ainsi proposé une méthode de segmentation multi-objets automatique et non-itérative basée sur les GC multi-labels et intégrant un *a priori* de forme basé sur des atlas. Notre première étape est basée sur le recalage non-rigide des atlas par GC multi-labels sur l'image à segmenter, une technique récente qui n'a pas encore été très étudiée dans la littérature, et qui permet d'automatiser la méthode. La fusion des atlas a alors permis de créer une carte d'*a priori* de formes pour chaque label. L'intégration d'*a priori* dans un graphe multi-objets à des fins de segmentation n'a pas encore été étudiée dans la littérature. Notre contribution porte ainsi sur l'intégration d'un terme d'*a priori* de forme aux *t-links* et l'ajout d'une contrainte aux *n-links* empêchant un objet inclus dans un autre d'avoir une frontière commune avec tout autre objet. Cette méthode automatique permet d'obtenir de bons résultats de segmentation, comparables à la première méthode que nous avons proposée, avec comme avantage la possibilité de segmenter plusieurs objets, et l'automatisme totale.

Enfin, nous avons comparé nos méthodes à celles de la littérature à partir du challenge de segmentation du VD MICCAI'12 que nous avons organisé. Nos méthodes permettent d'at-

teindre un score de Dice de l'ordre de 80% pour une distance de Hausdorff d'environ 8 mm pour notre méthode semi-automatique et 11 mm pour notre méthode automatique, et se comparent favorablement aux autres méthodes de la littérature. De plus, les performances concernant les paramètres cliniques montrent que nos méthodes n'ont pas de biais fixe et que notre méthode automatique permet d'obtenir des fractions d'éjection proches de la vérité terrain lorsque les autres méthodes surestiment ce paramètre (surestimant de fait la santé d'un patient). Cependant, un temps de calcul plus important est nécessaire à notre méthode, qui pourrait être fortement réduit en optimisant l'implémentation.

Ainsi, ce travail de recherche ouvre des perspectives multiples d'un point de vue méthodologique mais également médical :

- (i) Une question fondamentale concerne le choix des atlas dans la détermination de l'*a priori* de forme. Nous avons validé et comparé notre méthode automatique à partir de la base du challenge MICCAI'12, dont la base d'apprentissage est composée de 16 patients. Or ces 16 patients sont de genres différents, et ont des caractéristiques telles que le poids, la taille ou l'âge également différentes. Il serait intéressant d'étudier les résultats de segmentation obtenus en cas d'ajout de critères de sélection des atlas en fonction du patient considéré, en particulier pour le genre (le cœur est de plus petite taille chez la femme) et la corpulence. Dans une moindre mesure, cette remarque est également vraie pour notre méthode semi-automatique lors de la création des variations des formes par ACP.
- (ii) Pour la segmentation par GC multi-objets, nous avons ajouté une unique contrainte d'inclusion aux *n-links*. Or, de nombreuses contraintes pourraient avoir des effets bénéfiques sur les résultats de segmentation : par exemple la courbure des contours, la compacité des formes ou même encore l'attractivité entre deux formes. Cependant, la contrainte de sous-modularité induite par la méthode des GC rend difficile l'ajout de contraintes supplémentaires. Cette même contrainte a d'ailleurs limité la force maximale de notre contrainte d'inclusion. Cependant, une publication relativement récente [214] propose une nouvelle méthode d'approximation de la minimisation de l'énergie du graphe, appelé *Alpha-Expansion Beta-Shrink Moves*, et ne nécessitant aucune contrainte sur la fonctionnelle d'énergie. Cette minimisation ouvre ainsi de nouvelles perspectives concernant l'ajout d'*a priori* au terme des *n-links*.

- (iii) Il est envisageable d'étendre nos méthodes en 3D. En effet, l'ajout d'une dimension aux données ne change pas le cadre général de nos méthodologies. Pour notre première méthode, l'ACP peut être réalisée sur la matrice de covariance 3D des distances aux contours des volumes et le graphe défini en 3D. Pour la seconde méthode, il s'agirait de réaliser le recalage et la segmentation en 3D, en définissant des graphes 3D. L'étude des résultats obtenus en 3D permettrait de définir si le compromis entre la précision de segmentation et le temps de calcul est avantageux par rapport à la segmentation en 2D. L'ajout de cette troisième dimension est bien sûr corrélé à l'utilisation de données 3D : notre base d'IRM cardiaques n'était pas adaptée à ce type de traitement du fait du fort écart entre les coupes et de leur épaisseur, il faudrait utiliser une base de données "réellement" 3D.
- (iv) De manière plus générale, les travaux récents sur l'espace de représentation des formes par *manifold learning* ainsi que les approches *patch-based* permettant l'intégration d'*a priori* de forme sans la nécessité de phase de recalage sont des pistes intéressantes, afin de modéliser les variations des formes et permettre leurs intégrations à une méthode de segmentation sans une étape coûteuse de recalage.
- (v) Les perspectives médicales concernent tout d'abord la poursuite de la validation clinique des méthodes sur un large corpus, afin de pouvoir les utiliser comme outils en routine clinique. Il est également envisageable d'étendre la méthode à la segmentation de toutes les images du cycle cardiaque, en prenant en compte par exemple l'information temporelle dans un terme énergétique supplémentaire. De plus, nos méthodes ont été validées sur l'application d'imagerie cardiaque, mais le caractère générique de celles-ci permet de les transposer à d'autres contextes de segmentation, comme par exemple la prostate (IRM et scanner) ou le foie (scanner).

Liste des publications

Journaux internationaux

Grosgeorge, D., Petitjean, C., Dacher, J. N., et Ruan, S. (2013). Graph cut segmentation with a statistical shape model in cardiac MRI. *Computer Vision and Image Understanding*, 117(9), 1027-1035.

Grosgeorge, D., Petitjean, C., Dubray, B., et Ruan, S. (2013). Esophagus Segmentation from 3D CT Data Using Skeleton Prior-Based Graph Cut. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*.

Grosgeorge, D., Petitjean, C., Caudron, J., Fares, J., et Dacher, J. N. (2011). Automatic cardiac ventricle segmentation in MR images : a validation study. *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, 6(5), 573-581.

Conférences internationales

Grosgeorge, D., Petitjean, C., et Ruan, S. (2014). Joint Segmentation of Right and Left Cardiac Ventricles Using Multi-Label Graph Cut. *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, Beijing : Chine.

Grosgeorge, D., Petitjean, C., Ruan, S., Caudron, J., et Dacher, J. N. (2012). Right ventricle segmentation by graph cut with shape prior. *3D Cardiovascular Imaging : a MICCAI Segmentation Challenge*, Nice : France.

Participation à l'organisation du challenge de segmentation MICCAI '12 : Petitjean, C., Ruan, S., Grosgeorge, D., Caudron, J., et Dacher, J. N. (2012). Right ventricle segmentation in cardiac MRI : a MICCAI'12 challenge. *3D Cardiovascular Imaging : a MICCAI Segmentation Challenge*, Nice : France.

Conférences nationales

Grosgeorge, D., Petitjean, C., et Ruan, S. (2014). Segmentation par coupes de graphe multi-labels avec *a priori* de forme. Accepté à *Reconnaissance des Formes et Intelligence Artificielle* 2014.

Grosgeorge, D., Petitjean, C., et Ruan, S. (2012). Segmentation d'images par coupe de graphe avec *a priori* de forme. In Actes de la conférence *Reconnaissance des Formes et Intelligence Artificielle* 2012.

Petitjean, C., Ruan, S., Grosgeorge, D., Caudron, J., et Dacher, J. N. (2012). Segmentation Semi-Automatique du Ventricule Droit en IRM Cardiaque. *Journées Françaises de Radiologie* (JFR'2012), Paris, France, 23 octobre.

Article soumis

Petitjean, C., Zuluaga, M., Dacher, J. N., Grosgeorge, D., Caudron, J., Bai, W., Ben Ayed, I., Cardoso, J., Chen, H.C., Jimenez-Carretero, D., Ledesma-Carbayo, M., Davatzikos, C., Doshi, J., Erus, G., Maier, O., Nambakhsh, C., Ou, Y., Ourselin, S., Peng, C.W., Peters, N., Peters, T., Rajchl, M., Rueckert, D., Santos, A., Shi, W., Wang, C.W., Wang, H., Yuan, J. et Ruan, S. (2014). Right Ventricle Segmentation From Cardiac MRI : A Collation Study. Soumis à *Medical Image Analysis*.

Annexe

A.1 Volumétrie du VG : compléments

A.1.1 Appréciation semi-quantitative du VG

Une nomenclature standardisée permet une appréciation semi-quantitative de la contraction du VG, présentée à la Figure A.1. L'appréciation qualitative de la contraction segmentaire est fortement utilisée en routine clinique par sa simplicité, bien que des outils de quantification précis existent, comme expliqués dans les parties 1 - 2.2 et 1 - 2.3 .

A.1.2 Méthode planaire 2D grand-axe

Deux principes de quantification peuvent être utilisés sur les coupes grand-axe, la méthode 'surface-longueur' et la méthode Simpson (voir Figure A.2). Pour la méthode 'surface-longueur' ou ALEF (*Area-Length Ejection Fraction*), le VG est modélisé par une ellipsoïde de révolution et son volume est calculé par la formule suivante :

$$V_{VG} = \frac{8.SA.SB}{3.\pi.L} \quad (1)$$

avec SA (respectivement SB) l'ellipse de la cavité du VG sur la coupe verticale grand axe (respectivement coupe grand-axe 4-cavités) dont l'endocarde doit être tracé manuellement (voir Figure A.3, L la longueur du grand axe. Si un seul plan de coupe a été réalisé, on peut considérer $SB = SA$, la technique est alors appelée monoplan. Cette méthode est très rapide, et ne nécessite que deux tracés, un en diastole et un en systole, pour calculer la fraction d'éjection de la façon suivante :

$$FE_{VG} = \frac{V_{VG_{diastole}} - V_{VG_{systole}}}{V_{VG_{diastole}}} \quad (2)$$

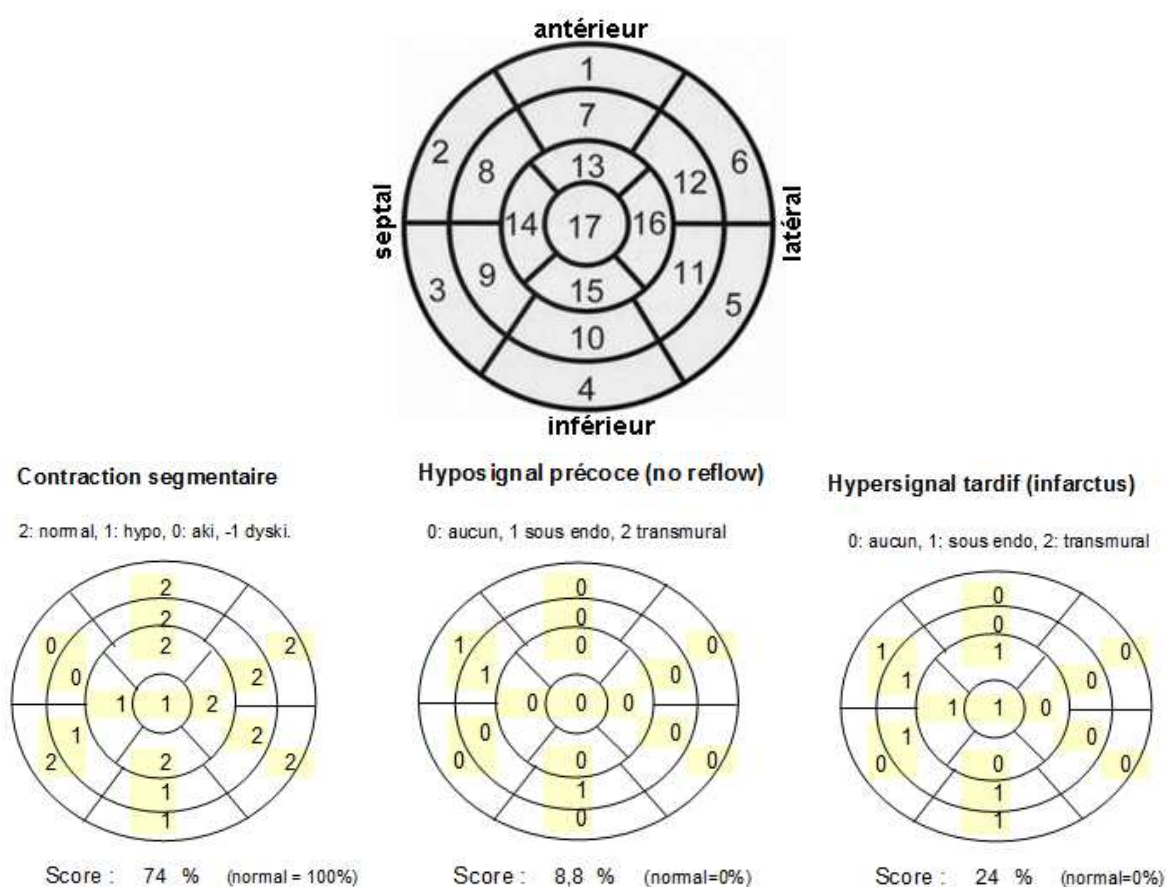


Figure A.1 – Appréciation semi-quantitative du VG. En haut : la classification en 17 segments de l'ASE du VG, représenté en carte polaire ; en bas : illustrations du calcul d'un indice global de dysfonction à partir de score qualitatif de chaque segment (d'après [15]).

La fraction d'éjection du VG doit être supérieure à 55-60%. Cependant, cette méthode est très approximative bien que très rapide, et ne permet pas l'accès à une bonne quantification en cas de déformation anévrysmale ou anomalie de la contraction segmentaire (méthode non-adaptée aux cardiopathies ischémiques). Une alternative un peu plus précise est proposée par la méthode des disques de Simpson (Figure A.2), qui ne repose non plus sur une ellipse dans son grand axe, mais au tracé d'un ensemble de disques sur l'incidence grand-axe. Le modèle peut être appliqué en biplan (modélisation de disques par des ellipses) ou en monoplan (modélisation circulaire). Cependant, cette méthode reste tout de même moins précise que la méthode 3D puisqu'elle repose sur une modélisation du ventricule.

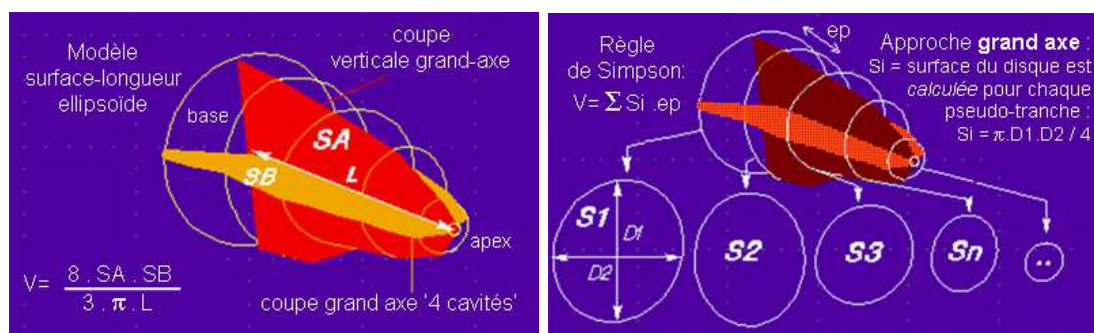


Figure A.2 – Illustration de la méthode de quantification du volume du VG 'surface-longueur' (à gauche) et méthode de Simpson (à droite) (d'après [15]).

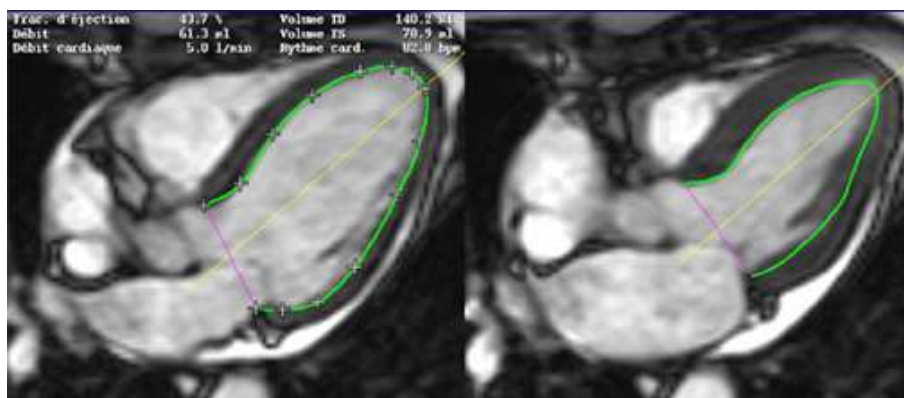


Figure A.3 – Exemple de tracé manuel de la cavité du VG, avec la convention que les piliers sont exclus du contour, ils sont donc inclus dans la cavité ventriculaire gauche (d'après [15]).

Références bibliographiques

- [1] V. ROGER, A. GO, D. LLOYD-JONES, E. BENJAMIN, J. BERRY, W. BORDEN, D. BRAVATA, S. DAI, E. FORD, C. FOX, ET AL. *Heart disease and stroke statistics-2012 update a report from the american heart association*. Circulation **125**(1), e2–e220 (2012). [1](#), [11](#)
- [2] F. HADDAD, S. HUNT, D. ROSENTHAL, AND D. MURPHY. *Right ventricular function in cardiovascular disease, part i anatomy, physiology, aging, and functional assessment of the right ventricle*. Circulation **117**(11), 1436–1448 (2008). [1](#), [11](#), [38](#)
- [3] A. ATTILI, A. SCHUSTER, E. NAGEL, J. REIBER, AND R. VAN DER GEEST. *Quantification in cardiac mri : advances in image acquisition and processing*. The international journal of cardiovascular imaging **26**(1), 27–40 (2010). [1](#), [11](#), [38](#)
- [4] Y. BOYKOV AND M-P JOLLY. Interactive graph cuts for optimal boundary & region segmentation of objects in nd images. , **1**, pages 105–112 (2001). [1](#), [43](#), [47](#), [49](#), [50](#), [75](#), [76](#), [79](#)
- [5] T. COOTES, C. TAYLOR, D. COOPER, AND J. GRAHAM. *Active shape models-their training and application*. Computer vision and image understanding **61**(1), 38–59 (1995). [2](#), [34](#), [35](#), [61](#)
- [6] FH NETTER. *Coarctation of the aorta*. Heart. The CIBA collection of medical illustrations **5** (1969). [6](#)
- [7] C. PETITJEAN. *Recalage non rigide d’images par approches variationnelles statistiques- Application à l’analyse et à la modélisation de la fonction myocardique en IRM*. Thèse de Doctorat, Université René Descartes-Paris V (2003). [7](#), [10](#), [11](#), [12](#)
- [8] J. DECLERCK. *Etude de la dynamique cardiaque par analyse d’images tridimensionnelles*. Thèse de Doctorat, Université de Nice Sophia-Antipolis (1997). [8](#)

Références bibliographiques

- [9] M. CERQUEIRA, N. WEISSMAN, V. DILSIZIAN, A. JACOBS, S. KAUL, W. LASKEY, D. PENNELL, J. RUMBERGER, T. RYAN, M. VERANI, ET AL. *Standardized myocardial segmentation and nomenclature for tomographic imaging of the heart a statement for healthcare professionals from the cardiac imaging committee of the council on clinical cardiology of the american heart association*. Circulation **105**(4), 539–542 (2002). 9
- [10] C. HENUZET AND P. FRANKEN. *Apports de l'échocardiographie à l'étude de la fonction ventriculaire gauche*. Ann Cardiol Angeiol (Paris) **28**(1), 53–60 (1979). 9
- [11] O. VIGNAUX ET AL. *Imagerie cardiaque : scanner et IRM*. Masson (2005). 10, 11
- [12] A. DUERINCKX AND N. KUMAR. *One-stop mr evaluates function and perfusion-mri approach to cardiac imaging provides noninvasive diagnostic information about ischemic disease*. Diagnostic Imaging-Cardiovascular Imaging Supplement (2000). 11
- [13] S. ALLENDER, P. SCARBOROUGH, V. PETO, M. RAYNER, J. LEAL, R. LUENGO-FERNANDEZ, AND A. GRAY. *European cardiovascular disease statistics*. European Heart Network **3**, 11–35 (2008). 11
- [14] J. CAUDRON, J. FARES, F. BAUER, AND J-N DACHER. *Evaluation of left ventricular diastolic function with cardiac mr imaging*. Radiographics **31**(1), 239–259 (2011). 11
- [15] PH GERMAIN, A. KOENIG, G. ROCHOUX, CH JAHN, PM COULBOIS, B. FRENZEL, AND MY JEUNG. *Recueil d'IRM cardiaque - Principes, sémiologie & collection d'observations cliniques*. Cardiologie - Radiologie, équipe de Strasbourg. www.irmcardiaque.com. 12, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 26, 132, 133
- [16] J. VOGEL-CLAUSSEN, J. FINN, A. GOMES, G. HUNDLEY, M. JEROSCH-HEROLD, G. PEARSON, S. SINHA, J. LIMA, AND D. BLUEMKE. *Left ventricular papillary muscle mass : relationship to left ventricular mass and volumes by magnetic resonance imaging*. Journal of computer assisted tomography **30**(3), 426–432 (2006). 16
- [17] S. PETERSEN, L. HUDSMITH, M. ROBSON, H. DOLL, J. FRANCIS, F. WIESMANN, B. JUNG, J. HENNIG, H. WATKINS, AND S. NEUBAUER. *Sex-specific characteristics of cardiac function, geometry, and mass in young adult elite athletes*. Journal of Magnetic Resonance Imaging **24**(2), 297–303 (2006). 16, 17
- [18] J. SCHARHAG, G. SCHNEIDER, A. URHAUSEN, V. ROCHETTE, B. KRAMANN, AND W. KINDERMANN. *Athlete's heartright and left ventricular mass and function in male endurance athletes and untrained individuals determined by magnetic resonance imaging*. Journal of the American College of Cardiology **40**(10), 1856–1863 (2002). 16
- [19] S. NATORI, S. LAI, J. FINN, A. GOMES, W. HUNDLEY, M. JEROSCH-HEROLD, G. PEARSON, S. SINHA, A. ARAI, J. LIMA, ET AL. *Cardiovascular function in multi-ethnic study of atherosclerosis : normal values by age, sex, and ethnicity*. American Journal of Roentgenology **186**(6_supplement_2), S357–S365 (2006). 17

- [20] S. CLAY, K. ALFAKIH, A. RADJENOVIC, T. JONES, AND J. RIDGWAY. *Normal range of human left ventricular volumes and mass using steady state free precession mri in the radial long axis orientation*. Magnetic Resonance Materials in Physics, Biology and Medicine **19**(1), 41–45 (2006). [17](#)
- [21] P. BOTTINI, A. CARR, L. PRISANT, F. FLICKINGER, J. ALLISON, AND J. GOTTDIENER. *Magnetic resonance imaging compared to echocardiography to assess left ventricular mass in the hypertensive patient*. American journal of hypertension **8**(3), 221–228 (1995). [17](#)
- [22] K. ALFAKIH, T. BLOOMER, S. BAINBRIDGE, G. BAINBRIDGE, J. RIDGWAY, G. WILLIAMS, AND M. SIVANANTHAN. *A comparison of left ventricular mass between two-dimensional echocardiography, using fundamental and tissue harmonic imaging, and cardiac mri in patients with hypertension*. European journal of radiology **52**(2), 103–109 (2004). [17](#)
- [23] K. ALFAKIH, S. PLEIN, H. THIELE, T. JONES, J. RIDGWAY, AND M. SIVANANTHAN. *Normal human left and right ventricular dimensions for mri as assessed by turbo gradient echo and steady-state free precession imaging sequences*. Journal of Magnetic Resonance Imaging **17**(3), 323–329 (2003). [21](#)
- [24] D. ROBBERS-VISSER, E. BOERSMA, AND W. HELBING. *Normal biventricular function, volumes, and mass in children aged 8 to 17 years*. Journal of Magnetic Resonance Imaging **29**(3), 552–559 (2009). [21](#)
- [25] C. HIGGINS AND MD ALBERT DE ROOS. *MRI and CT of the cardiovascular system*. Wolters Kluwer Health (2006). [24](#)
- [26] B. KASTLER, A. LIVOLSI, D. VETTER, C. CLAIR, P. GERMAIN, AND L. DONATO. *IRM des malformations cardiovasculaires*. Elsevier (2001). [26](#)
- [27] RJ VAN DER GEEST, E JANSEN, VGM BULLER, AND JHC REIBER. Automated detection of left ventricular epi-and endocardial contours in short-axis mr images. In *Computers in Cardiology 1994*, pages 33–36. IEEE (1994). [26](#), [30](#)
- [28] T. O'DONNELL, G. FUNKA-LEA, H. TEK, M-P JOLLY, M. RASCH, AND R. SETSER. *Comprehensive cardiovascular image analysis using mr and ct at siemens corporate research*. International journal of computer vision **70**(2), 165–178 (2006). [27](#)
- [29] R. VAN GEUNS, T. BAKS, E. GRONENSCHILD, J-P ABEN, P. WIELOPOLSKI, F. CADEMARTIRI, AND P. DE FEYTER. *Automatic quantitative left ventricular analysis of cine mr images by using three-dimensional information for contour detection1*. Radiology **240**(1), 215–221 (2006). [27](#)
- [30] C. PETITJEAN AND J-N DACHER. *A review of segmentation methods in short axis cardiac mr images*. Medical Image Analysis **15**(2), 169–184 (2011). [27](#), [29](#)

Références bibliographiques

- [31] A. GOSHTASBY AND D. TURNER. *Segmentation of cardiac cine mr images for extraction of right and left ventricular chambers*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **14**(1), 56–64 (1995). [30](#)
- [32] J. WENG, A. SINGH, AND MY CHIU. *Learning-based ventricle detection from cardiac mr and ct images*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **16**(4), 378–391 (1997).
- [33] E. NACHTOMY, R. COOPERSTEIN, M. VATURI, E. BOSAK, Z. VERED, AND S. AKSELROD. *Automatic assessment of cardiac function from short-axis mri : procedure and clinical evaluation*. Magnetic resonance imaging **16**(4), 365–376 (1998). [30](#), [31](#)
- [34] A. KATOZIAN, A. PRAKASH, AND E. KONOFAGOU. A new automated technique for left-and right-ventricular segmentation in magnetic resonance imaging. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2006. EMBS'06. 28th Annual International Conference of the IEEE*, pages 3074–3077 (2006). [30](#)
- [35] A. GUPTA, L. VON KUROWSKI, A. SINGH, D. GEIGER, C-C LIANG, M-Y CHIU, LP ADLER, M. HAACKE, AND DL WILSON. Cardiac mr image segmentation using deformable models. In *Computers in Cardiology 1993, Proceedings.*, pages 747–750. IEEE (1993). [30](#), [33](#)
- [36] D. GEIGER, A. GUPTA, L. COSTA, AND J. VLONTZOS. *Dynamic programming for detecting, tracking, and matching deformable contours*. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on **17**(3), 294–302 (1995). [33](#)
- [37] M. ÜZÜMCÜ, R. VAN DER GEEST, C. SWINGEN, J. REIBER, AND B. LELIEVELDT. *Time continuous tracking and segmentation of cardiovascular magnetic resonance images using multidimensional dynamic programming*. Investigative radiology **41**(1), 52–62 (2006). [30](#), [31](#), [41](#)
- [38] N. LIU, S. CROZIER, S. WILSON, F. LIU, B. APPLETON, A. TRAKIC, Q. WEI, W. STRUGNELL, R. SLAUGHTER, AND R. RILEY. Right ventricle extraction by low level and model-based algorithm. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2005. IEEE-EMBS 2005. 27th Annual International Conference of the*, pages 1607–1610 (2006). [30](#)
- [39] A. LALANDE, L. LEGRAND, P. WALKER, F. GUY, Y. COTTIN, S. ROY, AND F. BRUNOTTE. *Automatic detection of left ventricular contours from cardiac cine magnetic resonance imaging using fuzzy logic*. Investigative radiology **34**(3), 211–217 (1999). [30](#)
- [40] JC FU, JW CHAI, AND S. WONG. *Wavelet-based enhancement for detection of left ventricular myocardial boundaries in magnetic resonance images*. Magnetic resonance imaging **18**(9), 1135–1141 (2000). [30](#)
- [41] J-Y YEH, JC FU, CC WU, HM LIN, AND JW CHAI. *Myocardial border detection by branch-and-bound dynamic programming in magnetic resonance images*. Computer methods and programs in biomedicine **79**(1), 19–29 (2005). [30](#)

- [42] J COUSTY, L. NAJMAN, M. COUPRIE, S. CLÉMENT-GUINAUDEAU, T. GOISSEN, AND J. GAROT. *Segmentation of 4d cardiac mri : Automated method based on spatio-temporal watershed cuts*. Image and Vision Computing **28**(8), 1229–1243 (2010). [30](#), [41](#)
- [43] M-P JOLLY, H. XUE, L. GRADY, AND J. GUEHRING. Combining registration and minimum surfaces for the segmentation of the left ventricle in cardiac cine mr images. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2009*, pages 910–918. (2009). [30](#), [40](#), [41](#)
- [44] X. LIN, B. COWAN, AND A. YOUNG. Automated detection of left ventricle in 4d mr images : experience from a large study. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2006*, pages 728–735. (2006). [30](#), [40](#)
- [45] G. WAITER, F. MCKIDDIE, T. REDPATH, S. SEMPLE, AND R. TRENT. *Determination of normal regional left ventricular function from cine-mr images using a semi-automated edge detection method*. Magnetic resonance imaging **17**(1), 99–107 (1999). [30](#)
- [46] C. CASSEN, JP DOMENGER, JP BRAQUELAIRE, AND JL BARAT. Left ventricular segmentation in mri images. In *Image and Signal Processing and Analysis, 2001. ISPA 2001. Proceedings of the 2nd International Symposium on*, pages 244–249. IEEE (2001). [30](#)
- [47] N. NOBLE, D. HILL, M. BREEUWER, J. SCHNABEL, D. HAWKES, F. GERRITSEN, AND R. RAZAVI. Myocardial delineation via registration in a polar coordinate system. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2002*, pages 651–658. (2002). [30](#), [39](#)
- [48] G. STALIDIS, N. MAGLAVERAS, S. EFSTRATIADIS, A. DIMITRIADIS, AND C. PAPPAS. *Model-based processing scheme for quantitative 4-d cardiac mri analysis*. Information Technology in Biomedicine, IEEE Transactions on **6**(1), 59–72 (2002). [31](#)
- [49] G. KEDENBURG, C. COCOSCO, U. KÖTHE, W. NIESSEN, E. VONKEN, AND M. VIERGEVER. Automatic cardiac mri myocardium segmentation using graphcut. In *Medical Imaging*, pages 61440A–61440A. International Society for Optics and Photonics (2006). [31](#)
- [50] M. HADHOUD, M. ELADAWY, A. FARAG, F. MONTEVECCHI, AND U. MORBIDUCCI. *Left ventricle segmentation in cardiac mri images*. American Journal of Biomedical Engineering **2**(3), 131–135 (2012). [31](#)
- [51] J. MARGETA, E. GEREMIA, A. CRIMINISI, AND N. AYACHE. Layered spatio-temporal forests for left ventricle segmentation from 4d cardiac mri data. In *Statistical Atlases and Computational Models of the Heart. Imaging and Modelling Challenges*, pages 109–119. (2012). [31](#)

Références bibliographiques

- [52] A. DEMPSTER, N. LAIRD, AND D. RUBIN. *Maximum likelihood from incomplete data via the em algorithm*. Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological) pages 1–38 (1977). [32](#)
- [53] A. PEDNEKAR, U. KURKURE, R. MUTHUPILLAI, S. FLAMM, AND I. KAKADIARIS. *Automated left ventricular segmentation in cardiac mri*. Biomedical Engineering, IEEE Transactions on **53**(7), 1425–1428 (2006). [32](#), [39](#)
- [54] J. SENEGAS, C. COCOSCO, AND T. NETSCH. Model-based segmentation of cardiac mri cine sequences : a bayesian formulation. In *Medical Imaging 2004*, pages 432–443. International Society for Optics and Photonics (2004). [32](#), [35](#), [41](#)
- [55] D. GERING. Automatic segmentation of cardiac mri. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention-MICCAI 2003*, pages 524–532. (2003). [32](#)
- [56] M. LYNCH, O. GHITA, AND P. WHELAN. *Automatic segmentation of the left ventricle cavity and myocardium in mri data*. Computers in Biology and Medicine **36**(4), 389–407 (2006). [32](#), [39](#), [41](#)
- [57] A. BOUDRAA. *Automated detection of the left ventricular region in magnetic resonance images by fuzzy c-means model*. The International Journal of Cardiac Imaging **13**(4), 347–355 (1997). [32](#)
- [58] M. KASS, A. WITKIN, AND D. TERZOPOULOS. *Snakes : Active contour models*. International journal of computer vision **1**(4), 321–331 (1988). [32](#)
- [59] S. OSHER AND J. SETHIAN. *Fronts propagating with curvature-dependent speed : algorithms based on hamilton-jacobi formulations*. Journal of computational physics **79**(1), 12–49 (1988). [32](#)
- [60] S. RANGANATH. *Contour extraction from cardiac mri studies using snakes*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **14**(2), 328–338 (1995). [33](#)
- [61] N. PARAGIOS. A variational approach for the segmentation of the left ventricle in mr cardiac images. In *Variational and Level Set Methods in Computer Vision, 2001. Proceedings. IEEE Workshop on*, pages 153–160 (2001). [33](#)
- [62] C. PLUEMPITIWIRIYAWAJ, J. MOURA, YJ WU, AND C. HO. *Stacs : New active contour scheme for cardiac mr image segmentation*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **24**(5), 593–603 (2005).
- [63] A. CHAKRABORTY, L. STAIB, AND J. DUNCAN. *Deformable boundary finding in medical images by integrating gradient and region information*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **15**(6), 859–870 (1996). [33](#)
- [64] X. WANG, Q. HU, AND P. HENG. Left ventricle segmentation with mixture of gaussian active contours. In *Biomedical Imaging (ISBI), 2012 9th IEEE International Symposium on*, pages 230–233 (2012). [33](#)

- [65] C. XU AND J. PRINCE. *Snakes, shapes, and gradient vector flow*. Image Processing, IEEE Transactions on **7**(3), 359–369 (1998). [33](#)
- [66] QC PHAM, FCPCP VINCENT, P. CLARYSSE, P. CROISILLE, AND IE MAGNIN. A fem-based deformable model for the 3d segmentation and tracking of the heart in cardiac mri. In *Image and Signal Processing and Analysis, ISPA 2001. Proceedings of the 2nd International Symposium on*, pages 250–254. IEEE (2001). [33](#), [39](#)
- [67] MF SANTARELLI, V. POSITANO, C. MICHELASSI, M. LOMBARDI, AND L. LANDINI. *Automated cardiac mr image segmentation : theory and measurement evaluation*. Medical engineering & physics **25**(2), 149–159 (2003).
- [68] Y. WANG AND Y. JIA. Segmentation of the left ventricle from cardiac mr images based on degenerated minimal surface diffusion and shape priors. , **4**, pages 671–674. IEEE (2006).
- [69] R. EL BERBARI, I. BLOCH, A. REDHEUIL, E. ANGELINI, E. MOUSSEAU, F. FROUIN, AND A. HERMENT. An automated myocardial segmentation in cardiac mri. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2007. EMBS 2007. 29th Annual International Conference of the IEEE*, pages 4508–4511 (2007). [41](#)
- [70] N. PARAGIOS. *A variational approach for the segmentation of the left ventricle in cardiac image analysis*. International Journal of Computer Vision **50**(3), 345–362 (2002). [33](#)
- [71] I. BEN AYED, S. LI, AND I. ROSS. *Embedding overlap priors in variational left ventricle tracking*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **28**(12), 1902–1913 (2009). [33](#), [39](#)
- [72] L. STAIB AND J. DUNCAN. *Boundary finding with parametrically deformable models*. IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence **14**(11), 1061 (1992). [33](#)
- [73] P. GOTARDO, K. BOYER, J. SALTZ, AND S. RAMAN. A new deformable model for boundary tracking in cardiac mri and its application to the detection of intra-ventricular dyssynchrony. , **1**, pages 736–743 (2006). [33](#), [39](#)
- [74] L. ZHUKOV, Z. BAO, I. GUSKOV, J. WOOD, AND D. BREEN. Dynamic deformable models for 3d mri heart segmentation. , **4684**, page 1398 (2002). [33](#)
- [75] J. MONTAGNAT AND H. DELINGETTE. *4d deformable models with temporal constraints : application to 4d cardiac image segmentation*. Medical Image Analysis **9**(1), 87–100 (2005). [33](#)
- [76] E. HEIBERG, L. WIGSTROM, M. CARLSSON, AF BOLGER, AND M. KARLSSON. Time resolved three-dimensional automated segmentation of the left ventricle. In *Computers in Cardiology, 2005*, pages 599–602. IEEE (2005). [33](#)
- [77] M. LYNCH, O. GHITA, AND P. WHELAN. *Segmentation of the left ventricle of the heart in 3-d+ t mri data using an optimized nonrigid temporal model*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **27**(2), 195–203 (2008). [33](#)

Références bibliographiques

- [78] N. PARAGIOS, M. ROUSSON, AND V. RAMESH. Knowledge-based registration & segmentation of the left ventricle : a level set approach. In *Applications of Computer Vision, 2002.(WACV 2002). Proceedings. Sixth IEEE Workshop on*, pages 37–42 (2002). [33](#), [35](#), [39](#)
- [79] X. PAPADEMETRIS, A. SINUSAS, D. DIONE, R. CONSTABLE, AND J. DUNCAN. *Estimation of 3-d left ventricular deformation from medical images using biomechanical models*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **21**(7), 786–800 (2002). [33](#)
- [80] M. SERMESANT, P. MOIREAU, O. CAMARA, J. SAINTE-MARIE, R. ANDRIANTSIMIAVONA, R. CIMRMAN, D. HILL, D. CHAPELLE, AND R. RAZAVI. *Cardiac function estimation from mri using a heart model and data assimilation : advances and difficulties*. Medical Image Analysis **10**(4), 642–656 (2006).
- [81] P. YAN, A. SINUSAS, AND J. DUNCAN. *Boundary element method-based regularization for recovering of lv deformation*. Medical image analysis **11**(6), 540–554 (2007).
- [82] F. BILLET, M. SERMESANT, H. DELINGETTE, AND N. AYACHE. Cardiac motion recovery and boundary conditions estimation by coupling an electromechanical model and cine-mri data. In *Functional Imaging and Modeling of the Heart*, pages 376–385. (2009).
- [83] C. CASTA, P. CLARYSSE, J. SCHAEERER, AND J. POUSIN. *Evaluation of the dynamic deformable elastic template model for the segmentation of the heart in mri sequences*. The MIDAS Journal, Cardiac MR Left Ventricle Segmentation Challenge, London, UK (2009). [33](#), [40](#), [41](#)
- [84] D. CREMERS, M. ROUSSON, AND R. DERICHE. *A review of statistical approaches to level set segmentation : integrating color, texture, motion and shape*. International journal of computer vision **72**(2), 195–215 (2007). [34](#), [61](#)
- [85] A. TSAI, A. YEZZI JR, W. WELLS, C. TEMPANY, D. TUCKER, A. FAN, W. GRIMSON, AND A. WILLSKY. *A shape-based approach to the segmentation of medical imagery using level sets*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **22**(2), 137–154 (2003). [34](#), [35](#), [64](#), [65](#), [66](#), [70](#)
- [86] G. CHRISTENSEN. Consistent linear-elastic transformations for image matching. In *Information processing in medical imaging*, pages 224–237 (1999).
- [87] B. FREY AND N. JOJIC. Estimating mixture models of images and inferring spatial transformations using the em algorithm. , **1** (1999).
- [88] E. MILLER, N. MATSAKIS, AND P. VIOLA. Learning from one example through shared densities on transforms. , **1**, pages 464–471 (2000).

- [89] T. VETTER, M. JONES, AND T. POGGIO. A bootstrapping algorithm for learning linear models of object classes. In *Computer Vision and Pattern Recognition, 1997. Proceedings., 1997 IEEE Computer Society Conference on*, pages 40–46 (1997). [34](#)
- [90] M. LEVENTON, W. GRIMSON, AND O. FAUGERAS. Statistical shape influence in geodesic active contours. , **1**, pages 316–323 (2000). [34](#), [61](#), [62](#), [63](#), [64](#), [68](#)
- [91] T. HEIMANN AND H-P MEINZER. *Statistical shape models for 3d medical image segmentation : A review*. Medical image analysis **13**(4), 543–563 (2009). [35](#)
- [92] T. ROHLFING, R. BRANDT, R. MENZEL, D. RUSSAKOFF, AND C. MAURER JR. Quo vadis, atlas-based segmentation? In *Handbook of Biomedical Image Analysis*, pages 435–486. (2005). [35](#)
- [93] M. LYNCH, O. GHITA, AND P. WHELAN. *Left-ventricle myocardium segmentation using a coupled level-set with a priori knowledge*. Computerized Medical Imaging and Graphics **30**(4), 255–262 (2006). [35](#), [41](#)
- [94] X. LIN, B. COWAN, AND A. YOUNG. Model-based graph cut method for segmentation of the left ventricle. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2005. IEEE-EMBS 2005. 27th Annual International Conference of the*, pages 3059–3062 (2006). [35](#)
- [95] M. KAUS, J. BERG, J. WEESE, W. NIESSEN, AND V. PEKAR. *Automated segmentation of the left ventricle in cardiac mri*. Medical Image Analysis **8**(3), 245–254 (2004). [35](#), [41](#)
- [96] W. SUN, M. ÇETIN, R. CHAN, V. REDDY, G. HOLMVANG, V. CHANDAR, AND A. WILLSKY. Segmenting and tracking the left ventricle by learning the dynamics in cardiac images. In *Information Processing in Medical Imaging*, pages 553–565 (2005). [35](#)
- [97] T. COOTES, C. BEESTON, G. EDWARDS, AND C. TAYLOR. A unified framework for atlas matching using active appearance models. In *Information Processing in Medical Imaging*, pages 322–333 (1999). [36](#), [62](#)
- [98] S. MITCHELL, B. LELIEVELDT, R. VAN DER GEEST, J. SCHAAP, J. REIBER, AND M. SONKA. Segmentation of cardiac mr images : An active appearance model approach. In *Medical Imaging 2000*, pages 224–234. International Society for Optics and Photonics (2000). [36](#)
- [99] M. STEGMANN, J. NILSSON, AND B. GRØNNING. *Automated segmentation of cardiac magnetic resonance images*. (2001). [36](#)
- [100] S. MITCHELL, B. LELIEVELDT, R. VAN DER GEEST, H. BOSCH, JHC REIVER, AND M. SONKA. *Multistage hybrid active appearance model matching : segmentation of left and right ventricles in cardiac mr images*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **20**(5), 415–423 (2001). [36](#), [37](#), [41](#)

Références bibliographiques

- [101] S. ZAMBAL, J. HLADUVKA, AND K. BÜHLER. Improving segmentation of the left ventricle using a two-component statistical model. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2006*, pages 151–158. (2006). [36](#)
- [102] H. ZHANG, A. WAHLE, R. JOHNSON, T. SCHOLZ, AND M. SONKA. *4-d cardiac mr image analysis : left and right ventricular morphology and function*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **29**(2), 350–364 (2010). [36](#), [38](#), [41](#)
- [103] M. ÜZÜMCÜ, A. FRANGI, M. SONKA, J. REIBER, AND B. LELIEVELDT. Ica vs. pca active appearance models : Application to cardiac mr segmentation. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2003*, pages 451–458. (2003). [36](#)
- [104] S. ORDAS, L. BOISROBERT, M. HUGUET, AND AF FRANGI. Active shape models with invariant optimal features (iof-asm) application to cardiac mri segmentation. In *Computers in Cardiology, 2003*, pages 633–636. IEEE (2003). [36](#), [41](#)
- [105] J. ABI-NAHED, M-P JOLLY, AND G-Z YANG. Robust active shape models : A robust, generic and simple automatic segmentation tool. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2006*, pages 1–8. (2006). [36](#), [41](#)
- [106] C. NAMBAKHSI, T. PETERS, A. ISLAM, AND I. AYED. Right ventricle segmentation with probability product kernel constraints. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2013*, pages 509–517. (2013). [36](#), [41](#)
- [107] M. ELBAZ AND A. FAHMY. Active shape model with inter-profile modeling paradigm for cardiac right ventricle segmentation. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2012*, pages 691–698. (2012). [36](#)
- [108] B. LELIEVELDT, R. VAN DER GEEST, J. REIBER, J. BOSCH, S. MITCHELL, AND M. SONKA. Time-continuous segmentation of cardiac image sequences using active appearance motion models. In *Information Processing in Medical Imaging*, pages 446–452 (2001). [36](#), [41](#)
- [109] S. MITCHELL, J. BOSCH, B. LELIEVELDT, R. VAN DER GEEST, J. REIBER, AND M. SONKA. *3-d active appearance models : segmentation of cardiac mr and ultrasound images*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **21**(9), 1167–1178 (2002). [36](#), [41](#)
- [110] M. STEGMANN AND D. PEDERSEN. Bi-temporal 3d active appearance models with applications to unsupervised ejection fraction estimation. In *Medical imaging*, pages 336–350. International Society for Optics and Photonics (2005).
- [111] H. VAN ASSEN, M. DANILOUCHKINE, A. FRANGI, S. ORDÁS, J. WESTENBERG, J. REIBER, AND B. LELIEVELDT. *Spasm : a 3d-asm for segmentation of sparse and arbitrarily oriented cardiac mri data*. Medical Image Analysis **10**(2), 286–303 (2006). [36](#)

- [112] D. COLLINS, C. HOLMES, T. PETERS, AND A. EVANS. *Automatic 3-d model-based neuroanatomical segmentation*. Human Brain Mapping **3**(3), 190–208 (1995). [37](#)
- [113] M. LORENZO-VALDÉS, G. SANCHEZ-ORTIZ, R. MOHIADDIN, AND D. RUECKERT. Atlas-based segmentation and tracking of 3d cardiac mr images using non-rigid registration. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention ?MICCAI 2002*, pages 642–650. (2002). [37](#), [38](#), [39](#)
- [114] M. LORENZO-VALDÉS, G. SANCHEZ-ORTIZ, A. ELKINGTON, R. MOHIADDIN, AND D. RUECKERT. *Segmentation of 4d cardiac mr images using a probabilistic atlas and the em algorithm*. Medical Image Analysis **8**(3), 255–265 (2004). [37](#), [41](#)
- [115] J. LÖTJÖNEN, S. KIVISTÖ, J. KOIKKALAINEN, D. SMUTEK, AND K. LAUERMA. *Statistical shape model of atria, ventricles and epicardium from short-and long-axis mr images*. Medical image analysis **8**(3), 371–386 (2004). [37](#), [40](#), [41](#), [62](#), [76](#)
- [116] X. ZHUANG, DJ HAWKES, WR CRUM, R. BOUBERTAKH, S. URIBE, D. ATKINSON, P. BATCHELOR, T. SCHAEFFTER, R. RAZAVI, AND DLG HILL. Robust registration between cardiac mri images and atlas for segmentation propagation. In *Medical Imaging*, pages 691408–691408. International Society for Optics and Photonics (2008). [37](#), [38](#), [39](#)
- [117] C. STUDHOLME, D. HILL, AND D. HAWKES. *An overlap invariant entropy measure of 3d medical image alignment*. Pattern recognition **32**(1), 71–86 (1999). [37](#)
- [118] G. HAUTVAST, S. LOBREGT, M. BREEUWER, AND F. GERRITSEN. *Automatic contour propagation in cine cardiac magnetic resonance images*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **25**(11), 1472–1482 (2006). [39](#), [41](#)
- [119] S. HUANG, J. LIU, L. LEE, S. VENKATESH, L. TEO, C. AU, AND W. NOWINSKI. Segmentation of the left ventricle from cine mr images using a comprehensive approach. In *Proceedings of the 5th International Conference on Functional Imaging and Modeling of the Heart*, pages 339–347 (2009). [40](#), [41](#)
- [120] Y. LU, P. RADAU, K. CONNELLY, A. DICK, AND G. WRIGHT. *Automatic image-driven segmentation of left ventricle in cardiac cine mri*. The MIDAS Journal **49** (2009). [40](#), [41](#)
- [121] S. O'BRIEN, O. GHITA, AND P. WHELAN. *Segmenting the left ventricle in 3d using a coupled asm and a learned non-rigid spatial model*. The MIDAS Journal **49** (2009). [40](#), [41](#)
- [122] J. WIJNHOUT, D. HENDRIKSEN, HV ASSEN, AND RV DER GEEST. *Lv challenge lkeb contribution : Fully automated myocardial contour detection*. The MIDAS Journal **43** (2009). [40](#), [41](#)

Références bibliographiques

- [123] C. CONSTANTINIDES, Y. CHENOUNE, N. KACHENOURA, E. ROULLOT, E. MOUSSEAU, A. HERMENT, AND F. FROUIN. *Semi-automated cardiac segmentation on cine magnetic resonance images using gvf-snake deformable models*. The MIDAS Journal-Cardiac MR Left Ventricle Segmentation Challenge (2009). 40, 41
- [124] L. MARAK, J. COUSTY, L. NAJMAN, H. TALBOT, ET AL. 4d morphological segmentation and the miccai lv-segmentation grand challenge. In *MICCAI 2009 Workshop on Cardiac MR Left Ventricle Segmentation Challenge*, number 1, pages 1–8 (2009). 40, 41
- [125] MP JOLLY. Fully automatic left ventricle segmentation in cardiac cine mr images using registration and minimum surfaces. In *MICCAI 2009 Workshop on Cardiac MR Left Ventricle Segmentation Challenge. MIDAS Journal* (2009). 40, 41
- [126] S. ORDAS, H. VAN ASSEN, L. BOISROBERT, M. LAUCELLI, J. PUENTE, B. LELIEVELDT, AND A. FRANGI. Statistical modeling and segmentation in cardiac mri using a grid computing approach. In *Advances in Grid Computing-EGC 2005*, pages 6–15. (2005). 40
- [127] H. VAN ASSEN, M. DANILOUCHKINE, A. FRANGI, S. ORDÁS, J. WESTENBERG, J. REIBER, AND B. LELIEVELDT. *Spasm : a 3d-asm for segmentation of sparse and arbitrarily oriented cardiac mri data*. Medical Image Analysis **10**(2), 286–303 (2006). 40, 41
- [128] D. GROSGEORGE, C. PETITJEAN, J. CAUDRON, J. FARES, AND J-N DACHER. *Automatic cardiac ventricle segmentation in mr images : a validation study*. International journal of computer assisted radiology and surgery **6**(5), 573–581 (2011). 40, 42
- [129] V-T TA, O. LÉZORAY, A. ELMOATAZ, AND S. SCHÜPP. *Graph-based tools for microscopic cellular image segmentation*. Pattern Recognition **42**(6), 1113–1125 (2009). 43
- [130] Y. BOYKOV, O. VEKSLER, AND R. ZABIH. Markov random fields with efficient approximations. In *Computer vision and pattern recognition, 1998. Proceedings. 1998 IEEE computer society conference on*, pages 648–655 (1998). 43, 46
- [131] S. LI. *Markov random field modeling in image analysis*. Springer (2009). 45
- [132] Y. BOYKOV AND G. FUNKA-LEA. *Graph cuts and efficient nd image segmentation*. International Journal of Computer Vision **70**(2), 109–131 (2006). 47, 49
- [133] C. ZITNICK AND S. KANG. *Stereo for image-based rendering using image over-segmentation*. International Journal of Computer Vision **75**(1), 49–65 (2007). 50
- [134] N. PAPADAKIS AND V. CASELLES. *Multi-label depth estimation for graph cuts stereo problems*. Journal of Mathematical Imaging and Vision **38**(1), 70–82 (2010). 50
- [135] C-W CHOU, J-J TSAI, H-M HANG, AND H-C LIN. A fast graph cut algorithm for disparity estimation. In *Picture Coding Symposium (PCS), 2010*, pages 326–329. IEEE (2010). 50

- [136] L. LADICKÝ, P. STURGESE, K. ALAHARI, C. RUSSELL, AND P. TORR. What, where and how many? combining object detectors and crfs. In *Computer Vision–ECCV 2010*, pages 424–437. (2010). 50
- [137] T. TANG AND A. CHUNG. Non-rigid image registration using graph-cuts. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2007*, pages 916–924. (2007). 50, 82, 83, 84, 92
- [138] R. SO AND A. CHUNG. Multi-level non-rigid image registration using graph-cuts. In *Acoustics, Speech and Signal Processing, 2009. ICASSP 2009. IEEE International Conference on*, pages 397–400 (2009). 92
- [139] R. SO AND A. CHUNG. Non-rigid image registration by using graph-cuts with mutual information. In *Image Processing (ICIP), 2010 17th IEEE International Conference on*, pages 4429–4432 (2010). 82, 92
- [140] R. SO, T. TANG, AND A. CHUNG. *Non-rigid image registration of brain magnetic resonance images using graph-cuts*. Pattern Recognition **44**(10), 2450–2467 (2011).
- [141] A. CHOWDHURY, R. ROY, S. BOSE, F. KHALIFA, A. ELNAKIB, AND A. EL-BAZ. Non-rigid biomedical image registration using graph cuts with a novel data term. In *Biomedical Imaging (ISBI), 2012 9th IEEE International Symposium on*, pages 446–449 (2012). 50, 82
- [142] N. PAPADAKIS AND A. BUGEAU. *Tracking with occlusions via graph cuts*. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on **33**(1), 144–157 (2011). 50
- [143] M. WU, X. PENG, Q. ZHANG, AND R. ZHAO. *Segmenting and tracking multiple objects under occlusion using multi-label graph cut*. Computers & Electrical Engineering **36**(5), 927–934 (2010). 50
- [144] D. MIYAZAKI, Y. MATSUSHITA, AND K. IKEUCHI. Interactive shadow removal from a single image using hierarchical graph cut. In *Computer Vision–ACCV 2009*, pages 234–245. (2010). 50
- [145] H. LOMBAERT AND F. CHERIET. Simultaneous image de-noising and registration using graph cuts : Application to corrupted medical images. In *Information Science, Signal Processing and their Applications (ISSPA), 2012 11th International Conference on*, pages 264–268. IEEE (2012). 50
- [146] Y. BOYKOV, O. VEKSLER, AND R. ZABIH. *Fast approximate energy minimization via graph cuts*. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on **23**(11), 1222–1239 (2001). 51, 54, 84, 85
- [147] V. KOLMOGOROV AND R. ZABIN. *What energy functions can be minimized via graph cuts?* Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on **26**(2), 147–159 (2004). 51, 52, 53, 84, 86, 88

- [148] R. SZELISKI, R. ZABIH, D. SCHARSTEIN, O. VEKSLER, V. KOLMOGOROV, A. AGARWALA, M. TAPPEN, AND C. ROTHER. A comparative study of energy minimization methods for markov random fields. In *Computer Vision–ECCV 2006*, pages 16–29. (2006). [51](#)
- [149] W. COOK, W. CUNNINGHAM, W. PULLEYBLANK, AND A. SCHRIJVER. , **33**. Wiley.com (2011). [54](#)
- [150] L. FORD AND DR FULKERSON. *Flow in networks*. Princeton University Press (1962). [54](#)
- [151] H. HUANG, H. WANG, AND X. WANG. *Max-Flow Min-Cut, 2006, online*. York University. <http://www.cse.yorku.ca/~aaw/Wang/MaxFlowStart.htm/>. [55](#), [56](#)
- [152] Y. BOYKOV AND V. KOLMOGOROV. *An experimental comparison of min-cut/max-flow algorithms for energy minimization in vision*. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on **26**(9), 1124–1137 (2004). [55](#), [74](#)
- [153] V. KOLMOGOROV AND Y. BOYKOV. What metrics can be approximated by geo-cuts, or global optimization of length/area and flux. , **1**, pages 564–571 (2005). [56](#)
- [154] Y. BOYKOV AND M-P JOLLY. Interactive organ segmentation using graph cuts. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2000*, pages 276–286 (2000). [56](#)
- [155] S. PUNDLIK, D. WOODARD, AND S. BIRCHFIELD. *Iris segmentation in non-ideal images using graph cuts*. Image and Vision Computing **28**(12), 1671–1681 (2010).
- [156] M. ASLAN, A. ALI, H. RARA, B. ARNOLD, A. FARAG, R. FAHMI, AND P. XIANG. A novel 3d segmentation of vertebral bones from volumetric ct images using graph cuts. In *Advances in Visual Computing*, pages 519–528. (2009).
- [157] N. BIRKBECK, D. COBZAS, M. JAGERSAND, A. MURTHA, AND T. KESZTYUES. An interactive graph cut method for brain tumor segmentation. In *Applications of Computer Vision (WACV), 2009 Workshop on*, pages 1–7. IEEE (2009).
- [158] D. GARCÍA-LORENZO, J. LECOEUR, D. ARNOLD, D. COLLINS, AND C. BARILLOT. Multiple sclerosis lesion segmentation using an automatic multimodal graph cuts. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2009*, pages 584–591. (2009). [56](#)
- [159] P. DAS, O. VEKSLER, V. ZAVADSKY, AND Y. BOYKOV. *Semiautomatic segmentation with compact shape prior*. Image and Vision Computing **27**(1), 206–219 (2009). [56](#)
- [160] O. VEKSLER. Star shape prior for graph-cut image segmentation. In *Computer Vision–ECCV 2008*, pages 454–467. (2008). [57](#)

- [161] G. FUNKA-LEA, Y. BOYKOV, C. FLORIN, M-P JOLLY, R. MOREAU-GOBARD, R. RAMARAJ, AND D. RINCK. Automatic heart isolation for ct coronary visualization using graph-cuts. In *Biomedical Imaging : Nano to Macro, 2006. 3rd IEEE International Symposium on*, pages 614–617 (2006). [57](#)
- [162] X. ALBÀ, F. VENTURA, M. ROSA, K. LEKADIR, C. TOBON-GOMEZ, C. HOOGENDOORN, AND A. FRANGI. *Automatic cardiac lv segmentation in mri using modified graph cuts with smoothness and interslice constraints*. Magnetic Resonance in Medicine (2013). [57](#)
- [163] G. SLABAUGH AND G. UNAL. Graph cuts segmentation using an elliptical shape prior. , **2**, pages II–1222 (2005). [58](#)
- [164] Z. SONG, N. TUSTISON, B. AVANTS, AND J. GEE. Adaptive graph cuts with tissue priors for brain mri segmentation. In *Biomedical Imaging : Nano to Macro, 2006. 3rd IEEE International Symposium on*, pages 762–765 (2006). [58](#), [71](#)
- [165] J. MALCOLM, Y. RATHI, AND A. TANNENBAUM. Graph cut segmentation with nonlinear shape priors. , **4**, pages IV–365 (2007). [58](#), [71](#)
- [166] J. ZHU-JACQUOT AND R. ZABIH. Graph cuts segmentation with statistical shape priors for medical images. In *Signal-Image Technologies and Internet-Based System, 2007. SITIS'07. Third International IEEE Conference on*, pages 631–635 (2007). [58](#)
- [167] J. ZHU-JACQUOT AND R. ZABIH. Segmentation of the left ventricle in cardiac mr images using graph cuts with parametric shape priors. In *Acoustics, Speech and Signal Processing, 2008. ICASSP 2008. IEEE International Conference on*, pages 521–524 (2008).
- [168] N. VU AND BS MANJUNATH. Shape prior segmentation of multiple objects with graph cuts. In *Computer Vision and Pattern Recognition, 2008. CVPR 2008. IEEE Conference on*, pages 1–8 (2008). [58](#), [81](#)
- [169] D. FREEDMAN AND T. ZHANG. Interactive graph cut based segmentation with shape priors. , **1**, pages 755–762 (2005). [58](#), [71](#), [75](#), [76](#), [79](#)
- [170] R. KÉCHICHIAN, S. VALETTE, M. DESVIGNES, AND R. PROST. Efficient multi-object segmentation of 3d medical images using clustering and graph cuts. In *Image Processing (ICIP), 2011 18th IEEE International Conference on*, pages 2149–2152. IEEE (2011). [59](#)
- [171] G. ZENG AND L. VAN GOOL. Multi-label image segmentation via point-wise repetition. In *Computer Vision and Pattern Recognition, 2008. CVPR 2008. IEEE Conference on*, pages 1–8 (2008). [59](#)
- [172] M. BLEYER, C. RHEMANN, AND M. GELAUTZ. Segmentation-based motion with occlusions using graph-cut optimization. In *Pattern Recognition*, pages 465–474. (2006). [59](#)

Références bibliographiques

- [173] X. CHEN AND U. BAGCI. *3d automatic anatomy segmentation based on iterative graph-cut-asm*. Medical physics **38**, 4610 (2011). [59](#)
- [174] A. DELONG, L. GORELICK, F. SCHMIDT, O. VEKSLER, AND Y. BOYKOV. Interactive segmentation with super-labels. In *Energy Minimization Methods in Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 147–162 (2011). [59](#)
- [175] Y. GAO, B. CORN, D. SCHIFTER, AND A. TANNENBAUM. *Multiscale 3d shape representation and segmentation with applications to hippocampal/caudate extraction from brain mri*. Medical Image Analysis **16**(2), 374–385 (2012). [61](#)
- [176] G. CHARPIAT, O. FAUGERAS, AND R. KERIVEN. Shape statistics for image segmentation with prior. In *Computer Vision and Pattern Recognition, 2007. CVPR'07. IEEE Conference on*, pages 1–6 (2007).
- [177] K. POHL, S. WARFIELD, R. KIKINIS, W. GRIMSON, AND W. WELLS. Coupling statistical segmentation and pca shape modeling. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2004*, pages 151–159. (2004).
- [178] T. SHEN, H. LI, AND X. HUANG. *Active volume models for medical image segmentation*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **30**(3), 774–791 (2011).
- [179] S. ZHANG, Y. ZHAN, M. DEWAN, J. HUANG, D. METAXAS, AND X. ZHOU. *Towards robust and effective shape modeling : Sparse shape composition*. Medical image analysis **16**(1), 265–277 (2012).
- [180] W. LIU, Y. SHANG, X. YANG, R. DEKLERCK, AND J. CORNELIS. *A shape prior constraint for implicit active contours*. Pattern Recognition Letters **32**(15), 1937–1947 (2011).
- [181] R. DAVIES, C. TWINING, T. COOTES, J. WATERTON, AND C. TAYLOR. *A minimum description length approach to statistical shape modeling*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **21**(5), 525–537 (2002).
- [182] K-K SHEN, J. FRIPP, F. MÉRIAUDEAU, G. CHÉTELAT, O. SALVADO, AND P. BOURGEAT. *Detecting global and local hippocampal shape changes in alzheimer's disease using statistical shape models*. Neuroimage **59**(3), 2155–2166 (2012). [61](#)
- [183] Y. WANG AND L. STAIB. Boundary finding with correspondence using statistical shape models. In *Computer Vision and Pattern Recognition, 1998. Proceedings. 1998 IEEE Computer Society Conference on*, pages 338–345 (1998). [62](#)
- [184] D. CREMERS, T. KOHLBERGER, AND C. SCHNÖRR. Nonlinear shape statistics in mumford-shah based segmentation. In *Computer Vision - ECCV 2002*, pages 93–108. (2002). [62](#)

- [185] K. POHL, J. FISHER, S. BOUIX, M. SHENTON, R. MCCARLEY, W. GRIMSON, R. KIKINIS, AND W. WELLS. *Using the logarithm of odds to define a vector space on probabilistic atlases*. Medical Image Analysis **11**(5), 465–477 (2007). [62](#)
- [186] M. ROUSSON AND N. PARAGIOS. Shape priors for level set representations. In *Computer Vision-ECCV 2002*, pages 78–92. (2002). [63](#)
- [187] M. TURK AND A. PENTLAND. *Eigenfaces for recognition*. Journal of cognitive neuroscience **3**(1), 71–86 (1991). [64](#)
- [188] A. SHIMIZU, K. NAKAGOMI, T. NARIHIRA, H. KOBATAKE, S. NAWANO, K. SHINOZAKI, K. ISHIZU, AND K. TOGASHI. Automated segmentation of 3d ct images based on statistical atlas and graph cuts. In *Medical Computer Vision. Recognition Techniques and Applications in Medical Imaging*, pages 214–223. (2011). [81](#)
- [189] D. RUECKERT, L. SONODA, C. HAYES, D. HILL, M. LEACH, AND D. HAWKES. *Non-rigid registration using free-form deformations : application to breast mr images*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **18**(8), 712–721 (1999). [82](#), [84](#)
- [190] J-P THIRION. *Image matching as a diffusion process : an analogy with maxwell’s demons*. Medical image analysis **2**(3), 243–260 (1998). [84](#)
- [191] J. MITRA, Z. KATO, R. MARTÍ, A. OLIVER, X. LLADÓ, D. SIDIBÉ, S. GHOSE, J. VILANOVA, J. COMET, AND F. MERIAUDEAU. *A spline-based non-linear diffeomorphism for multimodal prostate registration*. Medical Image Analysis **16**(6), 1259–1279 (2012). [82](#)
- [192] X. ARTAECHVARIA, A. MUNOZ-BARRUTIA, AND C. ORTIZ-DE SOLORZANO. *Combination strategies in multi-atlas image segmentation : Application to brain mr data*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **28**(8), 1266–1277 (2009). [85](#)
- [193] I. ISGUM, M. STARING, A. RUTTEN, M. PROKOP, M. VIERGEVER, AND B. VAN GINNEKEN. *Multi-atlas-based segmentation with local decision fusion - application to cardiac and aortic segmentation in ct scans*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **28**(7), 1000–1010 (2009).
- [194] T. LANGERAK, U. VAN DER HEIDE, A. KOTTE, M. VIERGEVER, M. VAN VULPEN, AND J. PLUIM. *Label fusion in atlas-based segmentation using a selective and iterative method for performance level estimation (simple)*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **29**(12), 2000–2008 (2010).
- [195] M. SABUNCU, BT YEO, K. VAN LEEMPUT, B. FISCHL, AND P. GOLLAND. *A generative model for image segmentation based on label fusion*. Medical Imaging, IEEE Transactions on **29**(10), 1714–1729 (2010). [85](#)

Références bibliographiques

- [196] C. COCOSCO, T. NETSCH, J. SÉNÉGAS, D. BYSTROV, W. NIESSEN, AND M. VIERGEVER. Automatic cardiac region-of-interest computation in cine 3d structural mri. , **1268**, pages 1126–1131 (2004). [89](#), [90](#), [91](#)
- [197] N. OTSU. *A threshold selection method from gray-level histograms*. Automatica **11**(285-296), 23–27 (1975). [89](#)
- [198] J. CAUDRON, J. FARES, V. LEFEBVRE, P-H VIVIER, C. PETITJEAN, AND J-N DACHER. *Cardiac mri assessment of right ventricular function in acquired heart disease : Factors of variability*. Academic Radiology **19**(8), 991–1002 (2012). [104](#), [105](#)
- [199] D. HUTTENLOCHER, G. KLANDERMAN, AND W. RUCKLIDGE. *Comparing images using the hausdorff distance*. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on **15**(9), 850–863 (1993). [106](#)
- [200] J. BOGAERT. *Cardiac function*. Clinical Cardiac MRI : With Interactive CD-ROM pages 99–141 (2005). [106](#)
- [201] M. ZULUAGA, M. CARDOSO, M. MODAT, AND S. OURSELIN. Multi-atlas propagation whole heart segmentation from mri and cta using a local normalised correlation coefficient criterion. In *Functional Imaging and Modeling of the Heart*, pages 174–181. (2013). [108](#)
- [202] C-W WANG, C-W PENG, AND H-C CHEN. A simple and fully automatic right ventricle segmentation method for 4-dimensional cardiac mr images. In *Proc. of 3D Cardiovascular Imaging : a MICCAI segmentation challenge*. (2012). [108](#)
- [203] Y. OU, A. SOTIRAS, N. PARAGIOS, AND C. DAVATZIKOS. *Dramms : Deformable registration via attribute matching and mutual-saliency weighting*. Medical image analysis **15**(4), 622–639 (2011). [108](#), [109](#)
- [204] W. BAI, W. SHI, D. O'REGAN, T. TONG, H. WANG, S. JAMIL-COPLEY, N. PETERS, AND D. RUECKERT. *A probabilistic patch-based label fusion model for multi-atlas segmentation with registration refinement : Application to cardiac mr images*. Medical Imaging **32**(7), 1302–1315 (2013). [108](#), [109](#)
- [205] D. GROSGEORGE, C. PETITJEAN, J-N DACHER, AND S. RUAN. *Graph cut segmentation with a statistical shape model in cardiac mri*. Computer Vision and Image Understanding **117**(9), 1027–1035 (2013). [108](#)
- [206] O. MAIER, D. JIMÉNEZ, A. SANTOS, AND M. LEDESMA-CARBAYO. Segmentation of rv in 4d cardiac mr volumes using region-merging graph cuts. In *Computing in Cardiology*, pages 697–700 (2012). [108](#), [110](#)
- [207] C-M NAMBAKSH, M. RAJCHL, J. YUAN, T-M PETERS, AND I-B AYED. Rapid automated 3d endocardium right ventricle segmentation in mri via convex relaxation and distribution matching. In *Proc. of 3D Cardiovascular Imaging : a MICCAI segmentation challenge*. (2012). [108](#), [110](#)

- [208] M. CARDOSO, K. LEUNG, M. MODAT, S. KEIHANINEJAD, D. CASH, J. BARNES, N. FOX, AND S. OURSELIN. *Steps : Similarity and truth estimation for propagated segmentations and its application to hippocampal segmentation and brain parcelation*. Medical image analysis (2013). [108](#)
- [209] Y. LI, J. SUN, C-K TANG, AND H-Y SHUM. *Lazy snapping*. ACM Transactions on Graphics (ToG) **23**(3), 303–308 (2004). [110](#)
- [210] J. STAWIASKI, E. DECENCIERE, AND F. BIDAULT. Interactive liver tumor segmentation using graph-cuts and watershed. In *Workshop on 3D Segmentation in the Clinic : A Grand Challenge II. Liver Tumor Segmentation Challenge. MICCAI, New York, USA* (2008). [110](#)
- [211] A. LABRADOR, F. MARTÍNEZ, AND E. CASTRO. A novel right ventricle segmentation approach from local spatio-temporal mri information. In *Progress in Pattern Recognition, Image Analysis, Computer Vision, and Applications*, pages 206–213. (2013). [117](#)
- [212] J. RINGENBERG, M. DEO, V. DEVABHAKTUNI, O. BERENFELD, P. BOYERS, AND J. GOLD. *Fast, accurate, and fully automatic segmentation of the right ventricle in short-axis cardiac mri*. Computerized Medical Imaging and Graphics (2014). [117](#)
- [213] D. MAHAPATRA. *Cardiac image segmentation from cine cardiac mri using graph cuts and shape priors*. Journal of Digital Imaging pages 1–10 (2013). [117](#)
- [214] M. SCHMIDT AND K. ALAHARI. *Generalized fast approximate energy minimization via graph cuts : Alpha-expansion beta-shrink moves*. arXiv preprint arXiv :1108.5710 (2011). [127](#)

Le contourage des ventricules cardiaques sur IRM est nécessaire à la détermination de la fonction contractile du cœur. Cette tâche est difficile, en particulier pour le ventricule droit (VD), due au flou aux frontières des cavités, aux irrégularités des intensités et à sa forme complexe et variable. Peu de travaux ont cependant été réalisés afin de résoudre cette problématique de segmentation. Dans ce but, nous avons proposé et développé deux méthodes de segmentation basées sur la méthode des coupes de graphe (GC), à laquelle nous avons incorporé des *a priori* de forme. La première méthode, semi-automatique, repose sur une carte d'*a priori* statistique créée à base d'Analyses en Composantes Principales et intégrée à la méthode des GC binaires. La seconde, automatique, permet la segmentation d'un ensemble d'objets par GC multi-labels à partir d'un modèle de forme probabiliste basé sur le recalage et la fusion d'atlas. Ces méthodes ont été évaluées sur une base importante d'IRM cardiaques, composée de 48 patients. Une comparaison aux méthodes de l'état de l'art pour cette application à travers le challenge de segmentation du VD MICCAI'12, que nous avons organisé, montre l'efficacité de nos méthodes.

Mots clés : Segmentation d'images, coupes de graphe, *a priori* de forme, IRM, ventricules cardiaques

Segmenting the cardiac ventricles on MR Images is required for cardiac function assessment. This task is difficult, especially for the right ventricle (RV), due to the fuzziness of the boundaries of the cavities, intensity irregularities and its complex and variable shape. This is probably one of the reasons why RV functional assessment has long been considered secondary compared to that of the left ventricle (LV), leaving the problem of RV segmentation wide open. For this purpose, we proposed and developed two segmentation methods based on graphcuts (GC), in which we have incorporated a shape prior. The first method, semi-automatic, is based on a statistical prior map build from a Principal Component Analysis, integrated in the GC. The second, automatic, enables multi-object segmentation from a probabilistic shape model based on the registration and the fusion of atlases. These methods have been evaluated on a large database of cardiac MRI, consisting of 48 patients. We have compared our methods with the state of the art methods for this application through the RV segmentation challenge MICCAI'12 we organized and have shown the effectiveness of our methods.

Keywords : Image segmentation, graph-cut, shape prior, MRI, cardiac ventricles