



HAL
open science

Un modèle Bayésien de mélange de lois Poisson-Gamma pour segmenter des images TEP

Zacharie Irace, Marcelo Alejandro Pereyra, Nicolas Dobigeon, Hadj Batatia

► **To cite this version:**

Zacharie Irace, Marcelo Alejandro Pereyra, Nicolas Dobigeon, Hadj Batatia. Un modèle Bayésien de mélange de lois Poisson-Gamma pour segmenter des images TEP. *Reconnaissance des Formes et Intelligence Artificielle (RFIA 2012)*, Jan 2012, Lyon, France. Actes de la conférence RFIA 2012, 2012. hal-00656545

HAL Id: hal-00656545

<https://hal.science/hal-00656545>

Submitted on 17 Jan 2012

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.

Un modèle Bayésien de mélange de lois Poisson-Gamma pour segmenter des images TEP

Zacharie IRACE

Marcelo PEREYRA

Nicolas DOBIGEON

Hadj BATATIA

Université de Toulouse, IRIT/INP-ENSEEIH
2, rue Charles Camichel, 31071 Toulouse Cedex 7, France

{zacharie.irace, marcelo.pereyra, nicolas.dobigeon, hadj.batatia}@enseeiht.fr

Résumé

Cet article présente un algorithme Bayésien pour la segmentation d'images de Tomographie par Emission de Positons (TEP). Tenant compte des phénomènes physiques sous-jacents à la formation de l'image TEP, nous modélisons l'activité des tissus comme un mélange de distributions Poisson-Gamma. Un algorithme Bayésien hiérarchique de type Monte Carlo par chaîne de Markov (MCMC) permet d'estimer conjointement les paramètres du modèle et de classifier les voxels selon la nature des tissus. De plus, un champ de Potts-Markov permet de représenter la cohérence spatiale des classes dans le modèle Bayésien. L'algorithme a été validé sur des données synthétiques et testé sur des données provenant de patients réels. Les résultats de la segmentation d'images TEP de l'abdomen suggèrent que la méthode proposée peut correctement mettre en évidence autant les grosses que les petites tumeurs.

Mots Clef

Imagerie TEP, Poisson-Gamma, Binomiale Négative, Modèle de Mélange, Markov-Potts, Estimation Bayésienne, Echantillonneur de Gibbs.

Abstract

This paper presents a Bayesian algorithm for the segmentation of Positron Emission Tomography (PET) images. The proposed method takes into account the physics of the image formation and proposes a Poisson-Gamma mixture model to represent the activity of tissues. A Markov Chain Monte Carlo hierarchical Bayesian model is established to jointly estimate the parameters of the mixture and label voxels according to their underlying tissues. In addition, a Potts-Markov random field has been integrated into the segmentation model to represent the spatial coherence of the mixture components. The algorithm has been validated on synthetic data and tested on real patients' images. Experimental results of the segmentation of PET images of the abdomen region suggest that the proposed method can successfully segment both large and small tumors.

Keywords

PET imaging, Poisson-Gamma, Negative Binomial, Mixture model, Markov-Potts, Bayesian estimation, Gibbs sampler.

1 Introduction

La Tomographie par Emission de Positons (TEP) est une modalité d'imagerie souvent utilisée en oncologie. Elle permet de mesurer la répartition spatiale d'un traceur radioactif injecté préalablement au patient. Elle offre ainsi la possibilité de quantifier l'activité biologique des différents tissus, et de localiser des tumeurs dès leurs premiers stades. Le diagnostic du cancer et son traitement nécessite une localisation précise de la tumeur préalable à la quantification. Les pratiques cliniques actuelles recourent à un détournement semi-manuel peu précis. De même, la quantification se ramène souvent au calcul d'indicateurs qui ne rendent pas compte de la complexité de la structure des tumeurs. Ce manque de précision requiert des précautions accrues notamment en radiothérapie afin d'épargner les tissus sains. Il est donc nécessaire de disposer de méthodes robustes pour la segmentation automatique d'images TEP.

Cependant, la segmentation des images TEP est une tâche difficile. En effet, ces images se caractérisent par un rapport signal sur bruit particulièrement faible, dû à de nombreux artefacts inhérents à cette modalité. De plus, l'absence de toute information anatomique rend le contraste très faible. Néanmoins, de nombreuses méthodes de segmentation, souvent inspirées de techniques générales de vision par ordinateur, ont été proposées en TEP. Celles-ci incluent des techniques de seuillage [1], clustering [2], contours actifs [3], parmi d'autres. D'autres travaux ont formulé le problème de la segmentation dans un cadre bayésien. Chen *et al.* ont proposé la segmentation par champ de Markov [4]. Dans [5], les auteurs ont présenté un mélange de lois Gaussiennes pour segmenter des images TEP. Des modèles de Gauss-Markov-Potts ont été étudiés dans [6] et [7]. Le modèle Poissonien a aussi été étudié pour d'autres applications en TEP. Rangarajan *et al.* [8] proposent de modéliser les projections TEP comme un mélange de lois de Poisson. Ils développent un algorithme *espérance-maximisation* (EM) pour reconstruire l'image TEP avec

des images anatomiques comme information a priori. Dans [9], les auteurs ont proposé un mélange de Poisson en y ajoutant un bruit de type Poisson. Une méthode de filtrage a été développée pour éliminer les variations d'activités au sein d'un même tissu, considérées comme un bruit.

Dans [10], les auteurs ont développé une méthode de segmentation d'images ultrason avec un mélange de lois alpha-Rayleigh. Le présent travail procède selon la même approche pour la tomographie par émission de positons. Partant du phénomène physique sous-jacent à la formation de l'image TEP, cet article propose un modèle pour décrire avec précision l'activité biologique du corps comme un mélange de distributions Poisson-Gamma. Ce modèle respecte en particulier les variations d'activité intra-tissus et offre ainsi une interprétation quant à l'hétérogénéité dans les tumeurs. Un algorithme de type Monte Carlo par chaîne de Markov (MCMC) est développé pour conjointement estimer les paramètres du modèle et segmenter l'image. Cet algorithme inclut un champ de Markov pour modéliser la cohérence spatiale entre les composantes du mélange.

2 Modèle Bayésien Proposé

Soit \mathbf{r} une image TEP tridimensionnelle, avec $\mathbf{r} \in \mathbb{N}^N$. Notons r_n la quantité de radioactivité du $n^{\text{ième}}$ voxel de \mathbf{r} , avec $r_n \in \mathbb{N}$. On considère que \mathbf{r} est composée de K tissus biologiques distincts $\{C_1, \dots, C_K\}$, chacun ayant sa propre radioactivité. Nous définissons le vecteur d'étiquettes cachées $\mathbf{z} = \{z_1, \dots, z_N\}$ associé au vecteur d'observations $\mathbf{r} = \{r_1, \dots, r_N\}$ tel que $z_n = k$ si $r_n \in C_k$. Il est alors possible de formuler la segmentation de l'image \mathbf{r} comme un problème d'optimisation :

$$\hat{\mathbf{z}} = \underset{\mathbf{z}}{\operatorname{argmax}} p(\boldsymbol{\theta}, \mathbf{z} | \mathbf{r}) \quad (1)$$

où $\boldsymbol{\theta}$ est un vecteur de paramètres associé au modèle paramétrique, $p(\mathbf{r} | \mathbf{z}, \boldsymbol{\theta})$, de formation de l'image. Il est à noter que $\boldsymbol{\theta}$ est inconnu. Sa densité a posteriori est estimée conjointement avec la densité a posteriori du vecteur d'étiquettes \mathbf{z} . Cette estimation requiert l'expression de la vraisemblance $p(\mathbf{r} | \mathbf{z}, \boldsymbol{\theta})$ et de la densité a priori des étiquettes et des paramètres, $p(\mathbf{z}, \boldsymbol{\theta})$.

2.1 Vraisemblance

Il est communément admis que r_n peut être correctement modélisé par une variable aléatoire Poissonnienne [11] :

$$r_n \sim \mathcal{P}(\lambda_n) \quad (2)$$

où \mathcal{P} représente la distribution de Poisson et λ_n est la radioactivité moyenne au niveau du $n^{\text{ième}}$ voxel. Il s'en suit facilement que la vraisemblance peut être exprimée comme un mélange fini de lois de Poisson, à condition que les λ_n soient répartis de manière uniforme dans chaque tissu biologique. Cependant, diverses études patho-physiologiques ont établi que l'activité biologique est largement hétérogène dans les tissus et particulièrement dans les tumeurs. Cela implique que le modèle de mélange Poissonien est

imprécis. Dans cette étude, nous tenons compte de l'hétérogénéité intra-tissus en affectant une radioactivité propre à chaque voxel. Plus précisément, nous proposons de modéliser les radioactivités à l'intérieur d'un même tissu par des variables aléatoires indépendantes et identiquement distribuées selon une loi Gamma propre au tissu :

$$\lambda_n | z_n = k \sim \Gamma(\alpha_k, \beta_k) \quad (3)$$

où $\alpha_k \in \mathbb{R}^+$ et $\beta_k \in \mathbb{R}^+$ sont respectivement les paramètres de forme et d'échelle associés au tissu C_k .

Le choix de la distribution Gamma est justifié par le fait que la distribution marginale $\int_0^\infty \mathcal{P}(r_n | \lambda_n) \Gamma(\lambda_n | \alpha_k, \beta_k) d\lambda_n$ produit la loi Poisson-Gamma ou Binomiale négative :

$$\begin{aligned} p(r_n | \alpha_k, \rho_k, z_n = k) &= \int_0^\infty \mathcal{P}(r_n | \lambda) \Gamma(\lambda | \alpha_k, \beta_k) d\lambda \\ &= \binom{r_n + \alpha_k - 1}{r_n} (1 - \rho_k)^{\alpha_k} \rho_k^{r_n} \end{aligned} \quad (4)$$

où $\rho_k = \frac{1}{1 + \beta_k}$. Enfin, nous supposons que les observations sont mutuellement indépendantes et exprimons la vraisemblance comme suit :

$$p(\mathbf{r} | \boldsymbol{\theta}, \mathbf{z}) = \prod_{k=1}^K \prod_{n \in \mathcal{I}_k} p(r_n | \alpha_k, \rho_k, z_n = k) \quad (5)$$

où \mathcal{I}_k est l'ensemble des indices des voxels appartenant à C_k , $p(r_n | \alpha_k, \rho_k, z_n = k)$ est définie dans (4), et $\boldsymbol{\theta} = (\boldsymbol{\alpha}^T, \boldsymbol{\rho}^T)^T$, avec $\boldsymbol{\alpha} = \{\alpha_1, \dots, \alpha_K\}^T$ et $\boldsymbol{\rho} = \{\rho_1, \dots, \rho_K\}^T$.

2.2 Lois a priori des paramètres

Le vecteur $\boldsymbol{\theta} = (\boldsymbol{\alpha}^T, \boldsymbol{\rho}^T)^T$ est le vecteur des paramètres inconnus pour le problème posé. Remarquons que $\rho_k \in]0, 1[$ car $0 < \beta < \infty$. Dans cette étude, nous considérons le nombre de classes K connu. Cette hypothèse pourrait être relâchée en utilisant par exemple un algorithme à sauts réversibles [12]. Les lois a priori associées aux paramètres inconnus et au vecteur d'étiquettes sont décrites dans ce qui suit.

Paramètres Poisson-Gamma. La densité a priori du paramètre de forme α est choisie comme une distribution inverse Gamma d'hyperparamètres a_0 et b_0

$$\alpha_k \sim \mathcal{IG}(a_0, b_0), \quad k = 1, \dots, K \quad (6)$$

où les hyperparamètres sont fixés à $a_0 = 1$ and $b_0 = 1$, conduisant à une information a priori vague.

Une distribution Beta conjuguée est choisie comme densité a priori pour ρ_k :

$$\rho_k \sim \mathcal{B}(c_0, d_0), \quad k = 1, \dots, K \quad (7)$$

où les hyperparamètres sont fixés à $c_0 = 1$ et $d_0 = 1$ conduisant à un a priori plat.

Pour finir, en supposant les paramètres du mélange indépendants, la distribution a priori jointe pour le vecteur θ s'écrit :

$$p(\theta) = \prod_{k=1}^K p(\alpha_k)p(\rho_k) \quad (8)$$

Étiquettes z . Nous avons choisi dans notre modélisation d'affecter une activité propre à chaque voxel, même pour les voxels d'une même classe. Cependant, il est naturel de considérer que l'activité d'un voxel est corrélée à celles de ses voisins. La densité a priori du vecteur d'étiquettes $p(z)$ doit donc favoriser la cohérence spatiale inhérente aux tissus biologiques. Depuis les travaux fondateurs de Geman [13], les champs de Markov sont devenus un choix d'a priori très utilisé pour exprimer la corrélation spatiale dans les images. Il existe plusieurs structures de voisinage utilisées dans la littérature. Dans le cas 2-D, les voisinages les plus utilisés sont ceux définis par les quatre (premier ordre) ou huit (deuxième ordre) plus proches pixels (voir Figure 1). De manière similaire, dans le cas 3-D, les voisinages les plus souvent utilisés sont ceux composés des six (premier ordre) ou quatorze (deuxième ordre) voxels les plus proches (voir Figure 2).

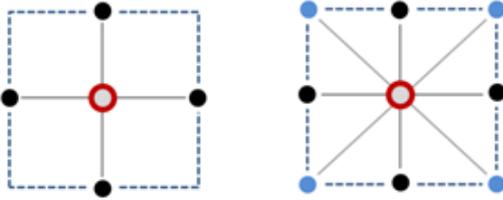


FIGURE 1 – Structures de voisinage 2-D du premier ordre (à gauche) et du deuxième ordre (à droite)

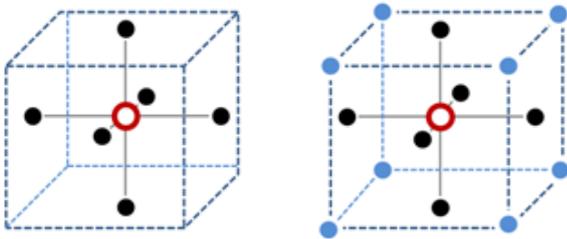


FIGURE 2 – Structures de voisinage 3-D du premier ordre (à gauche) et du deuxième ordre (à droite)

Dans cette étude, nous considérons un champ de Potts 3-D comme distribution a priori pour z [14] :

$$p(z) = \frac{1}{C(\gamma)} \exp \left[\sum_{n=1}^N \sum_{n' \in \mathcal{V}(n)} \gamma \delta(z_n - z_{n'}) \right] \quad (9)$$

où γ est le coefficient de granularité, $C(\gamma)$ est une constante de normalisation ou fonction de partition, $\delta(\cdot)$ est la fonction de Kronecker et $\mathcal{V}(\cdot)$ représente ici une structure de voisinage 3-D du premier ordre (Fig. 2 à gauche).

Pour résumer, la figure 3 représente le modèle Bayésien hiérarchique proposé sous forme d'un graphe orienté acyclique. Il indique les relations entre les différents paramètres et hyperparamètres.

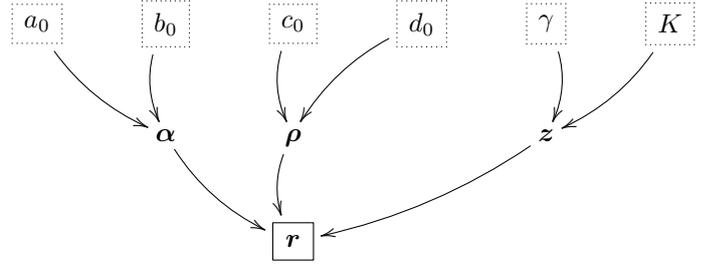


FIGURE 3 – Graphe Orienté Acyclique (DAG) pour le modèle de mélange Poisson-Gamma (Les hyperparamètres fixes sont représentés dans des cases en pointillés).

2.3 Loi a posteriori de (θ, z)

Considérant les vecteurs de paramètres θ et z indépendants, en utilisant le théorème de Bayes, nous pouvons exprimer la loi a posteriori du vecteur (z, θ) comme :

$$p(\theta, z|r) \propto p(r|\theta, z)p(\theta)p(z) \quad (10)$$

où la vraisemblance $p(r|\theta, z)$ et les lois a priori $p(\theta)$ et $p(z)$ ont été définies respectivement dans (5),(8) et (9). La complexité de la loi a posteriori (10) rend l'obtention des expressions analytiques des estimateurs Bayésiens (θ, z) difficile. Pour contourner ce problème, nous utilisons un algorithme MCMC comme dans [10], pour générer des échantillons asymptotiquement distribués selon la loi a posteriori (10) (voir [15] pour plus de détails). Ces échantillons sont ensuite utilisés pour approcher les estimateurs Bayésiens, comme dans [16].

3 Échantillonneur de Gibbs hybride

Cette section présente un échantillonneur Metropolis-dans-Gibbs qui résout le problème de segmentation (1). Le principe de cet algorithme est de générer des échantillons asymptotiquement distribués selon la loi a posteriori (10) et d'utiliser ces échantillons pour estimer le maximum a posteriori (MAP). La génération de ces échantillons est réalisée en tirant aléatoirement selon les densités conditionnelles de la loi a posteriori (10), telles que définies dans la suite. La procédure 1 résume l'algorithme proposé. Pour plus de détails sur les méthodes MCMC, le lecteur pourra se référer à [15].

Algorithme 1 Échantillonneur de Gibbs proposé

Initialisation :

- Tirer α_k^0 ($k = \{1, \dots, K\}$) selon (6).
- Tirer ρ_k^0 ($k = \{1, \dots, K\}$) selon (7).
- Générer $z_1^0, z_2^0, \dots, z_N^0$ tels que $P[z_n^0 = k] = \frac{1}{K}$.

for $t = 1, 2, \dots$ **to** T **do**

 – Mise à jour de α –

for $k = 1, 2, \dots$ **to** K **do**

1. Proposer $\alpha_k^* \sim \mathcal{N}(\alpha_k^{(t-1)}, \sigma_{\alpha,k}^2)$ (voir (13)).
2. Calculer le rapport d'acceptation a (voir (3.2)).
3. Tirer $u \sim \mathcal{U}(0, 1)$.

if ($u < a$) **then**

4. Poser $\alpha_k^{(t)} = \alpha_k^*$.

else

5. Poser $\alpha_k^{(t)} = \alpha_k^{(t-1)}$.

end if
end for

 – Mise à jour de ρ –

for $k = 1, 2, \dots$ **to** K **do**

6. Tirer ρ_k selon (14).

end for

 – Mise à jour de z –

for $n = 1, 2, \dots$ **to** N **do**

7. Tirer z_n dans $\{1, \dots, K\}$ selon (12).

end for
end for

3.1 Probabilité conditionnelle $p(z|\theta, \mathbf{r})$

La distribution conditionnelle de l'étiquette discrète z_n est entièrement caractérisée par les probabilités :

$$p(z_n = k | r_n, \alpha_k, \rho_k, \mathbf{z}_{-n}) \propto p(r_n | \alpha_k, \rho_k, z_n = k) p(z_n | \mathbf{z}_{-n}) \quad (11)$$

où $k = 1, \dots, K$ et \mathbf{z}_{-n} représente le vecteur \mathbf{z} dont le $n^{\text{ième}}$ élément a été supprimé. D'après les équations (4) et (9), il est possible d'exprimer ces probabilités comme suit :

$$p(z_n = k | r_n, \alpha_k, \rho_k, \mathbf{z}_{-n}) \propto \binom{r_n + \alpha_k - 1}{r_n} (1 - \rho_k)^{\alpha_k} \rho_k^{r_n} \times \exp \left[\sum_{n=1}^N \sum_{n' \in \mathcal{V}(n)} \gamma \delta(z_n - z_{n'}) \right] \quad (12)$$

Il est à noter que les probabilités a posteriori du vecteur d'étiquettes \mathbf{z} dans (12) définit un champ de Markov. Par conséquent, il est possible d'échantillonner suivant cette distribution conditionnelle en tirant aléatoirement une valeur discrète dans l'ensemble fini $\{1, \dots, K\}$ avec les probabilités (12).

3.2 Loi conditionnelle de $p(\alpha|\rho, \mathbf{z}, \mathbf{r})$

Il est possible d'utiliser un algorithme Metropolis-Hasting (MH) pour générer des échantillons asymptotiquement distribués selon $p(\alpha|\rho, \mathbf{z}, \mathbf{r})$, conduisant à un algorithme

Metropolis-dans-Gibbs [15, p. 317]. Plus précisément, α est mis à jour coordonnée par coordonnée grâce à un algorithme MH de marche aléatoire [15, p. 245] avec la loi de proposition suivante :

$$\alpha_k^* \sim \mathcal{N}(\alpha_k^{(t-1)}, \sigma^2). \quad (13)$$

où $\alpha_k^{(t-1)}$ est l'ancienne valeur de la chaîne et la variance σ^2 est choisie de manière à assurer un rapport d'acceptation proche de $\frac{1}{2}$, comme il est recommandé dans [17]. De plus, en considérant le fait que la loi de proposition est symétrique, le rapport d'acceptation est réduit au produit du rapport de vraisemblance et du rapport des lois a priori :

$$a = \min \left\{ 1, \prod_{n:z_n=k}^N \frac{p(r_n | \alpha_k^*, \rho_k, z_n = k) p(\alpha_k^* | a_0, b_0)}{p(r_n | \alpha_k^{(t-1)}, \rho_k, z_n = k) p(\alpha_k^{(t-1)} | a_0, b_0)} \right\}$$

où la densité a priori $p(\alpha_k | a_0, b_0)$ est définie dans (6).

3.3 Loi conditionnelle de $p(\rho|\alpha, \mathbf{z}, \mathbf{r})$

Enfin, des échantillons de ρ sont tirés aléatoirement directement selon la loi conditionnelle $p(\rho|\alpha, \mathbf{z}, \mathbf{r})$, dont l'expression est la suivante ($k = 1, \dots, K$) :

$$\rho_k \sim \mathcal{B} \left(c_0 + N_k \alpha_k, d_0 + \sum_{n:z_n=k} r_n \right). \quad (14)$$

4 Résultats expérimentaux

Les performances de la méthode proposée ont été évaluées sur des données simulées et des images TEP réelles d'un patient. Cette partie présente les résultats de ces simulations et ces expériences.

4.1 Données simulées

Dans un premier temps, l'algorithme proposé a été testé sur des données synthétiques afin de valider son efficacité.

Simulation 1. Nous avons généré un mélange de deux composantes Poisson-Gamma sur une image 3D ($50 \times 50 \times 5$) avec $\rho = [0.1; 0.2]$ et $\alpha = [5; 6]$. Une chaîne unique de 30000 itérations (dont 250 itérations en période de chauffe) a été appliquée sur ces données. La figure 4 montre les densités a posteriori estimées pour les paramètres inconnus. Ces résultats illustrent la précision des estimations malgré le fait que les paramètres soient très proches.

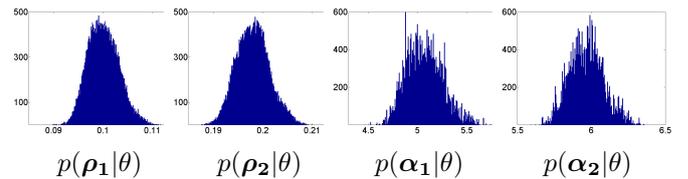


FIGURE 4 – Histogrammes des paramètres résultants de la chaîne MCMC.

Simulation 2. Afin d'évaluer l'efficacité de l'algorithme, 100 chaînes de Monte Carlo indépendantes (chacune de 500 itérations après 250 itérations de chauffe additionnels) ont été effectuées avec les paramètres $\rho = [0.2; 0.5]$ et $\alpha = [7; 12]$. Le tableau 1 rapporte les estimations MMSE (moyennes et écarts types) de chacun des paramètres.

	Valeur théorique	MMSE	Ecart type
α_1	7.00	6.96	0.36
α_2	12.00	11.58	0.64
ρ_1	0.20	0.199	0.008
ρ_2	0.50	0.490	0.014

TABLE 1 – Estimations MMSE : calculées pour 100 chaînes indépendantes de 500 itérations

Comme nous pouvons le voir, les estimations sont très fidèles aux valeurs théoriques des paramètres.

Simulation 3. Enfin, l'algorithme proposé a été appliqué à une image composée de 3 régions simulées avec un mélange Poisson-Gamma ayant pour paramètres $\rho = [0.2; 0.5; 0.8]$ et $\alpha = [7; 12; 14]$. La figure 5 montre les valeurs théoriques des étiquettes \mathbf{z} , l'image générée, et les estimations a posteriori. Nous observons que les régions ont été retrouvées avec une grande précision (0.09% seulement de pixels mal classés).

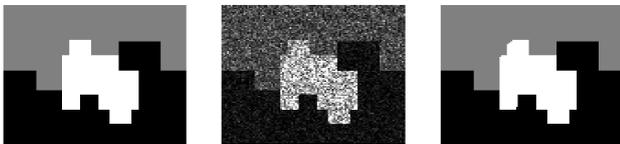


FIGURE 5 – Valeurs théoriques des étiquettes \mathbf{z} , image générée et estimations a posteriori pour un mélange de 3 composantes.

4.2 Données réelles

La méthode de segmentation proposée a été appliquée à des images TEP réelles acquises par un scanner GE-Discovery ST. La figure 6 montre trois coupes successives d'une région d'intérêt ($116 \times 151 \times 3$) présentant deux types de lésions couramment rencontrés en clinique : une petite tumeur et une plus large (à gauche) et les résultats de l'algorithme de segmentation correspondant (à droite). Les résultats correspondent au maximum a posteriori estimé par une chaîne de Monte Carlo de 500 itérations (dont 250 itérations de chauffe) pour 5 classes. En accord avec l'évaluation des cliniciens, nous observons que la grosse tumeur aussi bien que la petite ont été segmentées correctement (régions blanches).

La convergence de l'algorithme a été évaluée grâce au critère du *potential scale reduction factor* (PSRF) qui consiste à effectuer M chaînes de longueur L en parallèle, initialisées différemment, et à calculer le rapport entre la variance intra-chaîne et inter-chaînes. Avec $M = 50$, $L = 8000$, et

les 6000 premiers pas non pris en compte, nous obtenons des valeurs du PSRF de 1.2.

La délimitation de ces régions en utilisant la méthode courante de seuillage aurait nécessité une valeur de seuil de 13% comparés aux 40% utilisés habituellement par les cliniciens ; cela (seuillage à 40%) aurait en contre partie associé la plupart des voxels de l'image à la classe tumeur. Ces résultats illustrent la souplesse de l'algorithme proposé lorsqu'il est question de segmenter des tissus à l'intérieur desquels l'activité est hétérogène. Nous observons que l'algorithme a segmenté les deux tumeurs, mais également les autres tissus biologiques (foie, peau, etc...) ayant des caractéristiques biologiques et donc des activités distinctes.

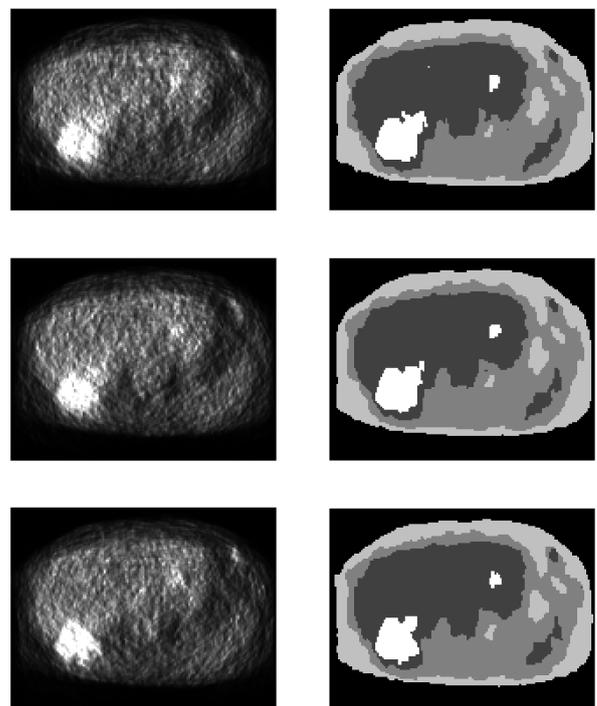


FIGURE 6 – Images originales et les étiquettes estimées correspondantes.

La figure 7 montre que la densité de probabilité estimée en utilisant le modèle de mélange Poisson-Gamma proposé (en rouge) concorde avec la densité empirique (en bleu) estimée par une méthode de noyau Gaussien, montrant l'adéquation du modèle proposé.

Enfin, notons que la segmentation d'une image $116 \times 151 \times 3$ prend 22 secondes sur un Intel Centrino 2.4GHz avec 3Go de RAM sous MATLAB. Par ailleurs, les seuls paramètres de la méthode sont le nombre de classes (K) et la granularité (β) du champ de Markov. Ces deux paramètres ont été fixés empiriquement, mais peuvent être intégrés dans l'algorithme MCMC.

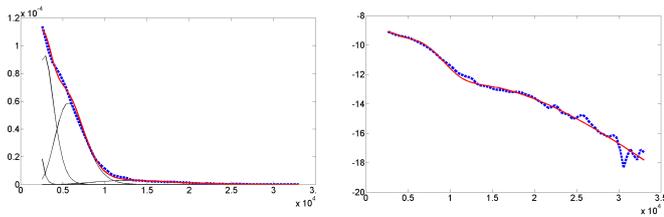


FIGURE 7 – Distribution des intensités des voxels en échelle linéaire (à gauche) et logarithmique (à droite). [Rouge] : Estimation Bayésienne proposée. [Bleu pointillé] : Estimation non-paramétrique.

5 Conclusion

En se basant sur le principe physique de la formation de l'image, un modèle de mélange Poisson-Gamma a été proposé pour modéliser les images TEP. Un champ de Markov a été proposé pour modéliser la corrélation spatiale des composantes du mélange. Avec ce modèle, la segmentation est formulée comme un problème d'optimisation et résolu avec un algorithme MCMC qui estime conjointement les paramètres du mélange et classe les voxels. La méthode proposée a été validée avec des données simulées. Les résultats expérimentaux sur des images TEP réelles indiquent que l'algorithme proposé surpasse la technique répandue du seuillage.

Les travaux futurs viseront à mettre en évidence des indicateurs de caractérisation des tumeurs, particulièrement son hétérogénéité, en se basant sur la densité a posteriori des activités à l'intérieur même des classes.

Remerciements

Les auteurs remercient M. J. Y. Tournet (IRIT - Université de Toulouse) pour les nombreux échanges concernant ce travail. Ils sont aussi très reconnaissants envers Dr F. Courbon et son équipe à l'ICR pour leur aide avec les images.

Références

- [1] L. Drever, W. Roa, A. McEwan, and D. Robinson, "Iterative threshold segmentation for PET target volume delineation," *Med. Phys.*, vol. 34, pp. 1253–1265, 2007.
- [2] M. E. Kamasak and B. Bayraktar, "Clustering dynamic PET images on the projection domain," *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, vol. 53, no. 3, pp. 496–503, 2007.
- [3] N. Joshi and M. Brady, "Non-parametric mixture model based evolution of level sets and application to medical images," *Int. J. Comp. Vis.*, vol. 88, pp. 52–68, 2010.
- [4] J. L. Chen, S. R. Gunn, M. S. Nixon, and R. N. Gunn, "Markov random field models for segmentation of PET images," in *Proc. Inf. Proc. Med. Im.*, vol. 2082, 2001, pp. 468–474.
- [5] M. Aristophanous, B. Penney, M. Martel, and C. A. Pelizzari, "A gaussian mixture model for definition

of lung tumor volumes in positron emission tomography," *Med. Phys.*, vol. 34, no. 11, pp. 4223–4235, 2007.

- [6] D. Montgomery, A. Amira, and F. Murtagh, "An automated volumetric segmentation system combining multiscale and statistical reasoning," in *Proc. IEEE Int. Symp. Circ. and Syst.*, vol. 4, 2005, pp. 3789–3792.
- [7] D. W. G. Montgomery, A. Amira, and H. Zaidi, "Fully automated segmentation of oncological PET volumes using a combined multiscale and statistical model," *Med. Phys.*, vol. 34, no. 2, pp. 722–736, 2007.
- [8] A. Rangarajan, I. Hsiao, and G. Gindi, "A Bayesian joint mixture framework for the integration of anatomical information in functional image reconstruction," *J. Math. Im. Vis.*, vol. 12, pp. 199–217, 2000.
- [9] N. Pustelnik, C. Chaux, and J.-C. Pesquet, "A wavelet-based quadratic extension method for image deconvolution in the presence of poisson noise," in *Acoustics, Speech and Signal Processing, 2009. ICASSP 2009. IEEE International Conference on*, april 2009, pp. 701–704.
- [10] M. A. Pereyra, N. Dobigeon, H. Batatia, and J.-Y. Tournet, "Labeling skin tissues in ultrasound images using a generalized Rayleigh mixture model," in *Proc. IEEE Int. Conf. Acoust. Speech Signal Proc. (ICASSP)*, Prague, Czech Republic, May 2011.
- [11] L. Shepp and Y. Vardi, "Maximum likelihood reconstruction for emission tomography," *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 1, no. 2, pp. 113–122, May 1982.
- [12] P. J. Green, "Reversible jump Markov chain Monte Carlo methods computation and Bayesian model determination," *Biometrika*, vol. 82, no. 4, pp. 711–732, Dec. 1995.
- [13] S. Geman and D. Geman, "Stochastic relaxation, gibbs distributions, and the bayesian restoration of images," *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, vol. 6, no. 6, pp. 721–741, Nov 1984.
- [14] F. Y. Wu, "The potts model," *Rev. Mod. Phys.*, vol. 54, no. 1, pp. 235–268, Jan 1982.
- [15] C. P. Robert and G. Casella, *Monte Carlo Statistical Methods*. New York : Springer-Verlag, 1999.
- [16] N. Dobigeon and J. Y. Tournet, "Bayesian orthogonal component analysis for sparse representation," *IEEE Trans. Signal Process.*, vol. 58, no. 5, pp. 2675–2685, May 2010.
- [17] G. O. Roberts, "Markov chain concepts related to sampling algorithms," in *Markov Chain Monte Carlo in Practice*, W. R. Gilks, S. Richardson, and D. J. Spiegelhalter, Eds. London : Chapman & Hall, 1996, pp. 259–273.