HAL
open science

# Une méthode générale de reconnaissance de courbres 3D: application à l'identification de sillons corticaux en imagerie par résonance magnétique

Nicolas Royackkers, Michel Desvignes, Marinette Revenu

## To cite this version:

Nicolas Royackkers, Michel Desvignes, Marinette Revenu. Une méthode générale de reconnaissance de courbres 3D: application à l'identification de sillons corticaux en imagerie par résonance magnétique. Traitement du Signal, 1998, 15 (5), pp.365-379. hal-00963746

**HAL Id: hal-00963746**

**https://hal.science/hal-00963746v1**

Submitted on 21 Mar 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.

# Une méthode générale de reconnaissance de courbes 3D : application à l'identification de sillons corticaux en imagerie par résonance magnétique

# A General Method for the Recognition of 3D Curves: Application to the Identification of Cortical Sulci in Magnetic Resonance Images

**par Nicolas ROYACKKERS, Michel DESVIGNES, Marinette REVENU**

GREYC-ISMRA-Université de Caen (UPRESA CNRS 6072)
6, Bd Maréchal Juin 14050 CAEN Cedex FRANCE
Email : Nicolas.Royackkers@greyc.ismra.fr, Michel.Desvignes@greyc.ismra.fr, Marinette.Revenu@greyc.ismra.fr

***résumé et mots clés***

**Un grand nombre d'études menées sur le cerveau humain utilisent le référentiel spatial de l'anatomie corticale pour localiser les régions fonctionnelles. Cependant, l'anatomie cérébrale s'avère extrêmement variable d'un individu à l'autre, en particulier au niveau des plis du cortex appelés sillons corticaux. Une analyse individualisée des images est donc nécessaire pour localiser ces structures. Sa réalisation interactive représente une tâche fastidieuse qui est susceptible d'être considérablement allégée grâce à une assistance informatisée. Cet article propose une méthode de reconnaissance automatique de la partie surfacique des sillons corticaux, s'appuyant sur un modèle statistique de ceux-ci. En parallèle, sont présentées une méthode générale de reconnaissance de courbes 3D et son application à l'identification de la partie débouchante de six sillons corticaux majeurs. La méthode s'appuie sur un modèle constitué d'un graphe statistique complètement connecté dont les nœuds représentent des courbes 3D et les arcs les relations qui les unissent. Des primitives 3D sont extraites de l'image à traiter; ce sont des portions de lignes 3D, et, dans l'application, des portions de sillons. Ces lignes sont associées pour former des nœuds hypothèses, puis des arcs entre ces nœuds sont calculés et validés. Reconnaître les courbes recherchées consiste à trouver des isomorphismes entre le graphe modèle et des sous-graphes de lignes issus de l'image. La méthode intègre un mécanisme d'autoadaptation aux données manquantes ou inexactes. Cette étude s'appuie sur une base expertisée de 28 examens IRM issus de sujets adultes sains. Les résultats obtenus sont satisfaisants malgré la très grande variabilité interindividuelle de l'anatomie corticale.**

**Reconnaissance des formes, graphe relationnel, modèle statistique, courbes 3D, sillons corticaux, IRM.**

*abstract and key words*

Many studies dealing with the human brain use the spatial coordinate system of cortical anatomy to localise functional regions. Unfortunately, cerebral anatomy is highly variable from one individual to another, particularly at the level of cortical folds called cortical sulci. The analysis of anatomical examinations must therefore be individualised in order to localise such structures. Interactive interpretation of MRI is a tedious task that could be greatly lightened thanks to computer-based assistance. In this paper, an automatic system for the recognition of the superficial part of cortical sulci is described. A general method for the recognition of 3D curves is presented. It hinges upon a statistical model composed of a fully connected graph. Its nodes are 3D curves, and its edges are the relations between these curves. Image primitives consisting in 3D segments are extracted from the input 3D image. These lines are grouped together in order to generate hypothesis nodes, then edges between nodes are computed and validated.

The recognition of model curves is based on a sub-graph isomorphism search between a model graph and sub-graphs made of lines extracted from the input image. Our method integrates an auto-adaptive mechanism to deal with missing or inexact data. The method has been applied to the automatic identification of the superficial part of six major cortical sulci. Our database is composed of 28 MRI examinations from healthy adult volunteers, where cortical sulci have been manually labelled. Despite the great interindividual variability of cortical anatomy, results are quite promising.

Pattern recognition, relational graph, statistical model, 3D curves, cortical sulci, MRI.

# 1. introduction

## 1.1. objectifs et enjeux

Grâce à l'apparition de nouvelles techniques d'imagerie in vivo, les études visant à mieux comprendre la réalité structurelle et fonctionnelle du cerveau humain prennent un nouvel essor. Des méthodes et des outils logiciels sont développés dans le cadre d'études dédiées. Les équipes de recherche en imagerie cérébrale tentent en particulier de mettre en relation les informations fonctionnelles obtenues sur différents individus. Elles utilisent alors des informations structurelles issues des images IRM anatomiques pour donner aux informations fonctionnelles une meilleure cohérence spatiale. Chaque démarche et chaque objectif spécifique peuvent être abordés de différentes façons. Il est judicieux que les méthodes proposées soient analysées et présentées sous leur forme générique (abstraite) pour pouvoir être plus aisément réutilisées dans un autre contexte. C'est la démarche que nous allons adopter ici pour présenter une méthode de reconnaissance automatique de courbes dans des images 3D s'appuyant sur un modèle relationnel et statistique. Parallèlement, nous illustrerons et validerons cette méthode par son application à la reconnaissance des sillons.

## 1.2. atlas de la topographie corticale

Depuis les débuts des études anatomiques, les informations structurelles déterminées à partir de l'examen de cerveaux sont regroupées au sein d'atlas cérébraux. De manière générale, de nombreuses applications sont envisagées grâce à ces atlas, telles que l'apprentissage de l'anatomie, l'interprétation des images anatomiques, l'aide à l'exploitation des images fonctionnelles, l'identification de cibles et de voies neurochirurgicales, ainsi que l'analyse morphométrique de zones cérébrales.

Il existe de nombreuses catégories d'atlas, selon le type et le nombre d'examens utilisés pour leur réalisation, les structures anatomiques répertoriées, les espaces de représentation et les domaines d'utilisation. On distingue d'abord les « atlas papier » (Damasio 1995, Duvernoy *et al.* 1992, Ono *et al.* 1990, Talairach et Tournoux 1988), et les atlas numériques. De plus, à la représentation numérique de l'anatomie peuvent être associés des outils informatiques permettant de l'exploiter.

Les atlas numériques moyens, dits aussi « standard », visent à modéliser une anatomie cérébrale moyenne. Ils se présentent généralement sous la forme d'un volume tridimensionnel dans lequel un certain nombre de structures anatomiques sont identifiées. Recalées dans un repère standard, ces informations peuvent être projetées sur une nouvelle image cérébrale (Collins *et al.* 1994, Evans *et al.* 1992, Gee *et al.* 1993, Thurfjell 1996).

Les atlas numériques statistiques sont conçus pour modéliser la variabilité anatomique du cerveau entre les individus (Le Goualher 1997, Mangin 1995, Thompson *et al.* 1996, Royackkers 1997). Ces atlas peuvent modéliser les mêmes structures anatomiques que les atlas moyens, et en particulier la topographie corticale, très variable. Les éléments manipulés sont représentés à l'aide de primitives : points (Bookstein 1989), courbes (Subsol *et al.* 1996), surfaces (Le Goualher *et al.* 1998). Les relations hiérarchiques, géométriques et topologiques entre primitives sont généralement modélisées par un graphe (Le Goualher 1997, Mangin 1995, Royackkers 1997). La variabilité anatomique s'exprime à l'aide de caractéristiques numériques associées aux structures anatomiques et à ces relations. L'examen de l'anatomie de plusieurs sujets permet d'obtenir un modèle statistique de ces caractéristiques. L'hypothèse gaussienne étant souvent retenue, ce modèle se résume généralement à une moyenne et un écart type ou à un intervalle de variation. Parfois les variations géométriques des structures sont représentées par des champs de déplacements ou de déformations entre lieux homologues (Thompson *et al.* 1996). Le champ d'exploitation de ces atlas statistiques est très large. Le travail présenté ici a pour but l'identification automatique d'éléments anatomiques à partir d'un nouvel examen cérébral in vivo. En observant le cerveau moyen construit dans Collins *et al.* 1994, obtenu à partir d'environ 300 images, et dans lequel la plupart des sillons ont disparu de la surface du cerveau, nous avons déduit qu'il n'était possible d'identifier les structures cérébrales qu'avec l'utilisation d'un atlas représentant l'ensemble des configurations possibles de ces éléments et de leurs relations. Cette constatation a directement été à l'origine de notre démarche de travail.

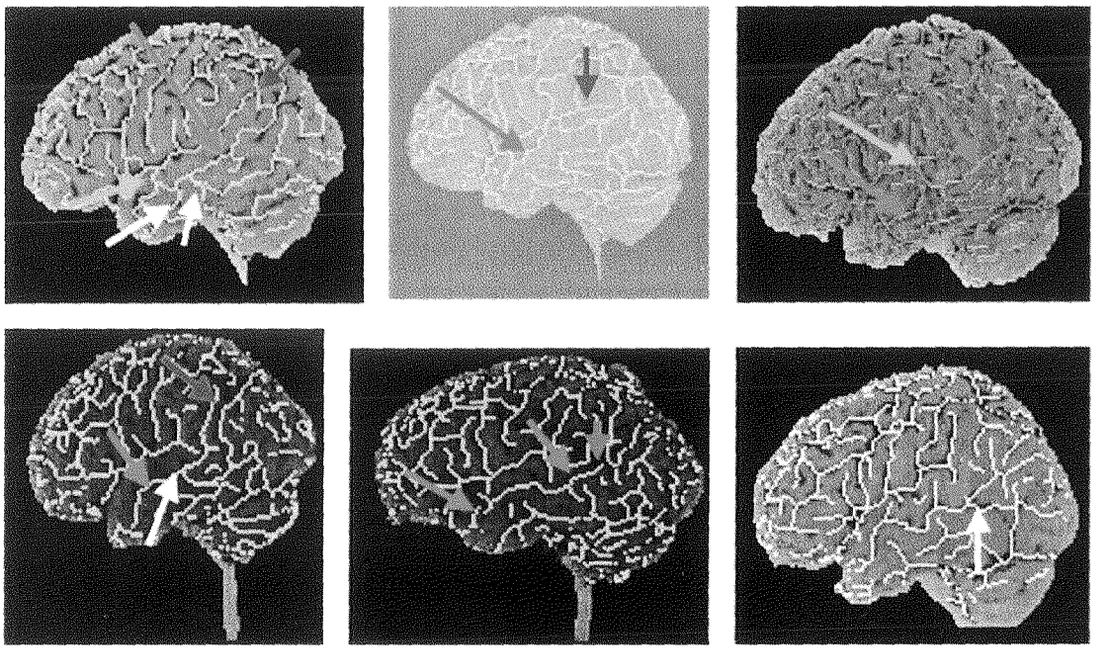


**Figure 1. – Illustration de la variabilité des traces obtenues et de la difficulté d'y repérer les différents sillons. L'exemple présenté concerne le sillon supérieur temporal dans 6 hémisphères gauches différents (en rouge dans toutes les images). Le sillon peut être visible en une seule partie (une seule flèche rouge) ou en plusieurs (plusieurs flèches). La longueur du sillon est différente d'un individu à l'autre (flèche mauve : cas où le sillon paraît très court). Il est approximativement parallèle au sillon latéral (en vert) et sa distance à celui-ci est très variable. Le sillon est parfois connecté à d'autres sillons (flèches jaunes : connexions avec le sillon latéral, flèches blanches : autres connexions). Enfin, il peut sembler se poursuivre très loin vers le haut à cause d'une connexion à une branche d'un autre sillon (flèche bleue).**

## 1.3. généralisation du problème posé

Le problème posé consiste à définir un modèle des structures cérébrales à l'aide de primitives et d'un graphe de relations, à construire et mémoriser autant d'exemples de ce modèle que d'examens anatomiques expertisés disponibles, à représenter la variabilité interindividuelle et enfin à analyser un nouvel examen en vue d'étiqueter chacune de ses structures. Dans notre application, les primitives sont extraites d'IRM anatomiques et les structures cérébrales à identifier sont des sillons corticaux. Plusieurs primitives géométriques associées à des caractéristiques numériques et symboliques sont proposées par les équipes de recherche pour construire un modèle de l'anatomie cérébrale : surfaces tridimensionnelles (Le Goualher 1997, Mangin *et al.* 1996, Thompson *et al.* 1996), lignes de crêtes (Subsol *et al.* 1996), courbes médianes 3D (Royackkers 1997). Outre les différences entre primitives, les approches de ces équipes se révèlent assez éloignées dans leurs principes. Dans Mangin *et al.* 1996, l'ensemble des configurations anatomiques est stocké et géré sous forme de graphe relationnel attribué dont les nœuds représentent des surfaces 3D. L'identification est réalisée par relaxation markovienne. L'ensemble de la démarche est proche de la nôtre. Dans Subsol *et al.* 1996, l'atlas est construit par clustering non supervisé de lignes de crêtes communes à tous les examens. Celles-ci ne représentent pas obligatoirement des structures anatomiques répertoriées. De plus, seules les structures stables sont modélisées. La mise en correspondance est réalisée en considérant le plus proche voisin. L'application aux sillons corticaux est peu fiable, au contraire de la construction d'un atlas des lignes osseuses. Dans Le Goualher 1997, on construit un modèle probabiliste des sillons représentés par des surfaces 3D. L'identification des sillons dans un nouvel examen est obtenue par maximum de vraisemblance *a priori*, ce qui donne d'assez bons résultats pour les sillons majeurs les plus stables.

Notre choix s'est porté sur des courbes 3D modélisant la partie surfacique médiane des sillons. A chaque point composant ces courbes est associée une profondeur locale du sillon permettant d'adjoindre à la représentation une information volumique simplifiée. Nous avons effectué ce choix en raison des informations disponibles dans les atlas papier et pouvant être « opérationnalisées », c'est-à-dire calculées, exploitées et expertisées. Ce sont par exemple la longueur, la profondeur, la continuité d'un sillon, mais aussi la connexité et le parallélisme éventuels entre certains sillons.

A l'issue des phases de prétraitement, de segmentation et de caractérisation d'un nouvel examen IRM, nous obtenons un ensemble de segments discrets formés de voxels situés à la surface du cortex, pouvant faire potentiellement partie d'un sillon (portions de courbes interconnectées appelées segments topologiques : voir figure 1). Par ailleurs, nous disposons d'un atlas statistique cons-

titué de sillons déjà étiquetés, se présentant sous la forme de courbes 3D. Le problème général à résoudre consiste donc à déterminer la mise en relation entre segments et courbes 3D de façon à vérifier la cohérence globale de l'étiquetage. L'union des segments contient les courbes 3D que l'on veut reconnaître, plus des éléments qui n'appartiennent pas à la base d'apprentissage.

Vue sous cet aspect générique, la méthode que nous proposons peut s'appliquer à la reconnaissance d'autres structures filaires relativement stables (vaisseaux sanguins dans des images d'angiographie, routes dans des images aériennes, etc.).

Ayant ainsi mis en évidence le principe d'une modélisation sous forme de graphes, nous allons dans un premier temps présenter une courte synthèse des méthodes utilisables en appariement de graphes. Nous décrirons ensuite les données disponibles sur les sillons et les modèles que nous leur avons associés. Puis nous détaillerons la méthode de reconnaissance de courbes 3D appliquée à l'identification de structures anatomiques du cerveau dans des images IRM.

# 2. méthodes d'appariement de graphes

En reconnaissance de formes, un objet est fréquemment défini par un graphe dont les nœuds représentent les composants de l'objet et dont les arcs figurent les relations entre les composants. Identifier un objet revient à retrouver dans une image un graphe de composants proche du graphe modèle. En général, l'image contient plusieurs objets et il faudra ainsi prévoir de retrouver dans un graphe complexe calculé à partir de l'image un sous-graphe cohérent avec le graphe modèle. Plusieurs types d'appariement sont possibles : isomorphisme de graphes, isomorphisme de sous-graphes et appariement partiel (Ballard et Brown 1982, Belaïd et Belaïd 1992, Horaud et Skordas 1989).

L'isomorphisme entre deux graphes G1 et G2 définit l'existence d'une fonction f bijective telle que pour chaque arc reliant deux nœuds n1 et n2 de G1, il existe un arc reliant deux nœuds f(n1) et f(n2) dans G2 (figure 2). Cette propriété liant deux graphes doit être adaptée à notre contexte, où les sommets et les arcs des graphes sont valués. La notion de compatibilité d'arc doit remplacer la notion d'existence d'arcs.

Plusieurs méthodes d'appariement de graphes sont disponibles. La technique du retour arrière, ou backtracking, consiste à construire un arbre des possibilités d'appariements des nœuds des deux graphes jusqu'à rencontrer des échecs dans le test de compatibilité. Cette technique qui procède par parcours explicite de l'espace des solutions peut être améliorée par l'introduction d'heuristiques guidant l'ordre des choix d'appariement pour effectuer les plus plausibles d'abord. Une autre approche consiste à générer

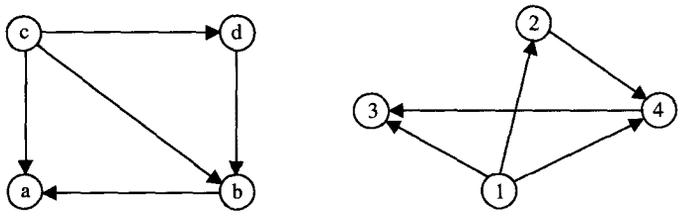



**Figure 2. – Exemple d'isomorphisme entre deux graphes. Ici, la fonction f est définie par les relations :** $c \rightarrow 1, d \rightarrow 2, b \rightarrow 4$ **et** $a \rightarrow 3$.

toutes les hypothèses et à les organiser dans un graphe dont les arcs matérialisent la compatibilité entre hypothèses. Un algorithme de recherche de cliques maximales peut alors être appliqué pour déterminer l'ensemble des hypothèses cohérentes. La complexité de ces algorithmes étant de nature exponentielle, des méthodes fondées sur la relaxation permettent d'obtenir des solutions approchées correctes.

Les méthodes de relaxation s'appliquent pour parcourir et élaguer des graphes dans lesquels les nœuds portent des étiquettes et où les arcs sont des contraintes sur les étiquettes. Selon les propriétés attachées aux nœuds du graphe, on peut utiliser les techniques de relaxation discrète ou celles de relaxation continue. Ces dernières nécessitent de disposer de probabilités *a priori* sur la compatibilité des étiquettes des nœuds.

Les algorithmes utilisés pour implanter le principe de la relaxation assurent soit une consistance d'arcs, soit une consistance de chemins. Dans le premier cas, la cohérence est vérifiée localement, entre deux sommets. Dans le deuxième cas, il faut s'assurer que tous les chemins allant d'un sommet à un autre soient compatibles pour que ces deux sommets soient compatibles. Dans les deux cas, les algorithmes procèdent en deux temps : vérification de cohérence, puis suppression d'étiquette en cas d'inconsistance. Les améliorations de l'algorithme sont obtenues par une meilleure gestion des données évitant des tests redondants.

Dans notre étude, d'une part on dispose d'un graphe modèle dont les nœuds sont des courbes 3D avec leurs paramètres, et dont les arcs sont les caractéristiques des relations entre les courbes modèles (les nœuds et les arcs sont valués). D'autre part, on forme des lignes à partir d'un ensemble de segments extraits d'une image 3D. Chaque ligne peut correspondre à un ou plusieurs nœuds du graphe modèle (elle porte alors une ou plusieurs étiquettes). Les relations entre les nœuds du graphe portant des étiquettes de types différents sont ensuite calculées. Deux nœuds entre lesquels il existe des relations valides sont liés par un arc.

Le but de la reconnaissance est de trouver un ou plusieurs isomorphismes entre le graphe modèle et des sous-graphes dont les nœuds sont des lignes construites à partir de l'image (Figure 3). L'appariement est réalisé par une méthode hybride entre les techniques de backtracking (contrôle de l'explosion combinatoire) et de relaxation (cohérence des solutions). Chaque sous-graphe solution est ensuite évalué en calculant la distance qui le sépare du graphe modèle dans l'espace de représentation (caractéristiques

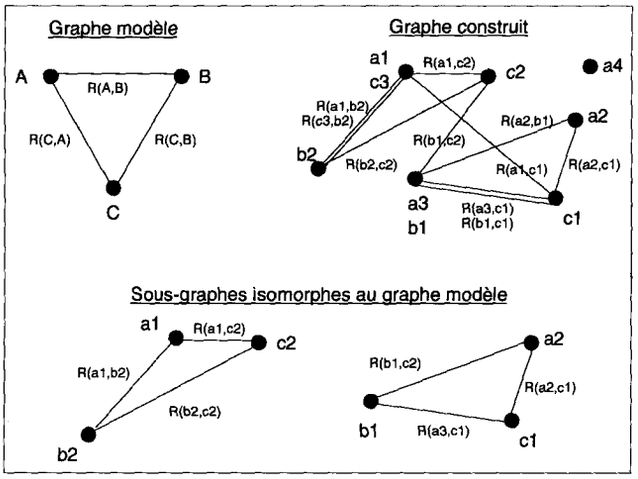



**Figure 3. – Recherche d'isomorphismes entre graphe modèle et sous-graphes. Dans le graphe construit, «$xi$» désigne l'instance possible d'indice $i$ du nœud modèle $X$. La notation $R(x, y)$ désigne quant à elle un arc entre les nœuds $x$ et $y$ (relations valides). Rappelons enfin que chaque nœud du graphe construit représente une ligne dans l'image traitée.**

des nœuds et des arcs). Un classement des solutions par ressemblance décroissante au modèle *a priori* peut finalement être proposé à l'utilisateur.

# 3. position du problème

Nous avons reformulé le problème de la reconnaissance des sillons en termes de reconnaissance de courbes 3D. Nous allons dans un premier temps expliciter les données issues des images. Dans un deuxième temps nous proposons un système de notations des données adapté à la méthode de reconnaissance de courbes 3D, ainsi que les principales étapes de cette méthode.

## 3.1. les sillons : données initiales et modèle statistique

### 3.1.1. représentation d'un sillon

Les sillons corticaux correspondent à la trace surfacique des plis du cortex dans des images IRM de la tête. Ils forment des lignes 3D. Pour obtenir les points les composant, plusieurs étapes de traitement et de segmentation d'images sont nécessaires :

1) détermination et réorientation du plan interhémisphérique (Vérard 1996),

2) détermination et redressement de la ligne CA-CP (Quinton *et al.* 1997), élément de la définition du repère de Talairach, qui est un repère continu par morceau très utilisé en anatomie cérébrale,

3) segmentation du volume cérébral (Allain 1993),

4) recalage rigide dans l'espace de Talairach (Talairach et Tournoux 1988),

5) segmentation de l'ensemble des sillons par seuillage automatique (Fawal 1995),

6) squelettisation tridimensionnelle et amincissement surfacique (Fawal *et al.* 1995),

7) calcul d'une profondeur locale en chaque point détecté (Desvignes *et al.* 1993).

A l'issue de ces traitements, on obtient en surface hémisphérique un réseau de courbes interconnectées (figure 4).

Ce réseau est alors partitionné en portions de courbes nommées « segments topologiques ». Un segment topologique est un ensemble de voxels connexes joignant des points terminaux ou des intersections de la structure filaire. Un point terminal constitue la fin d'une courbe : un seul de ses 26-voisins appartient à la structure. Une intersection est un embranchement de la structure où plusieurs courbes se touchent ou se croisent : elle possède au moins trois 26-voisins appartenant aux sillons.

Après une première poursuite des segments dans l'image prétraitée, les éléments obtenus sont modifiés de manière à ce qu'ils vérifient strictement la définition d'un segment topologique. Ainsi, les segments qui forment une ou plusieurs boucles sont divisés ou simplifiés. En fin de traitement, le réseau des courbes formé par les traces surfaciques des sillons corticaux est un graphe de segments topologiques (figure 5). Un segment est une liste de voxels connexes. Il porte une étiquette et il est arbitrairement orienté.

On obtient généralement de 250 à 350 segments topologiques à la surface de chacun des hémisphères cérébraux, leur longueur variant de deux à plusieurs dizaines de voxels.

### 3.1.2. le modèle statistique des sillons

Nous disposons d'une base de données de sillons déjà identifiés, que nous nommons atlas statistique de la topographie corticale. Cet atlas comprend trois composantes : une courbe moyenne, une zone de recherche et un ensemble de données statistiques.

Ces informations ne sont pas véritablement stockées dans la base, mais elles sont calculées à chaque fois qu'une nouvelle image est analysée. En raison de la grande variabilité de la morphologie du cerveau, il est en effet nécessaire de projeter dans l'image traitée les sillons déjà identifiés, avant d'en extraire une information statistique. Le repère de Talairach sert de repère commun à toutes les images pour déterminer la matrice de transformation rigide. Pour prendre en compte les déformations locales de cette surface, une projection sur la surface corticale est ensuite effectuée, réalisant alors un recalage non linéaire. L'atlas que nous obtenons est alors individualisé, c'est-à-dire que les informations qu'il contient sont adaptées aux caractéristiques de l'examen traité, et notamment aux dimensions et à la forme du cerveau analysé.

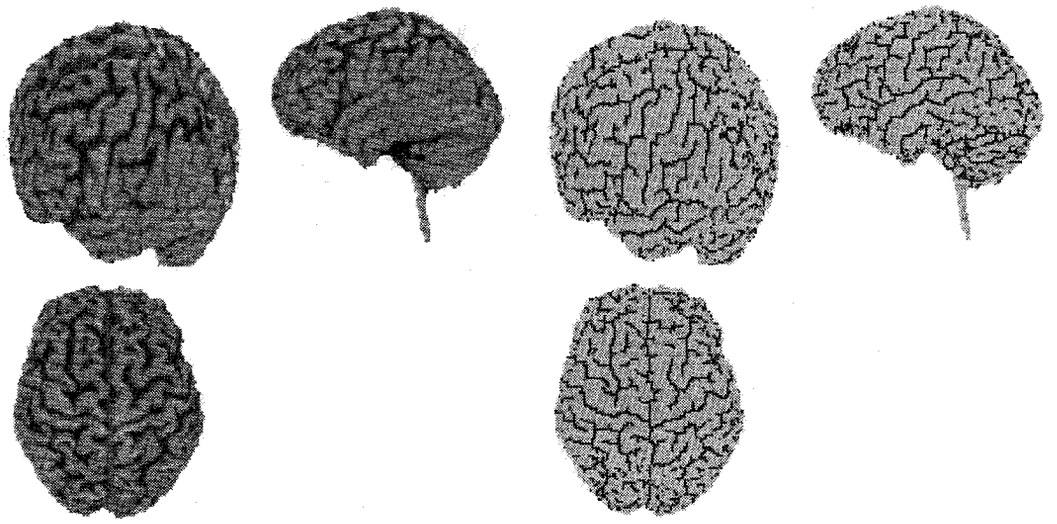


**Figure 4. – Exemple de segmentation de l'ensemble des sillons. A gauche, l'image d'un cerveau extrait d'une image IRM de la tête; à droite les segments obtenus en surface des hémisphères.**

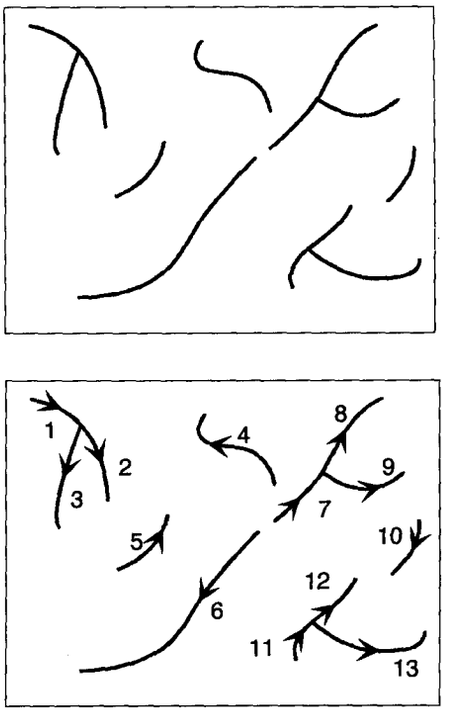



**Figure 5. – Principe de la construction du graphe de segments topologiques. En haut, un ensemble de points formant un réseau de courbes indistinctes. En bas, un graphe de segments étiquetés et orientés composés des mêmes points. Dans cette configuration, un des sillons corticaux à reconnaître pourra être défini par exemple par la liste ordonnée de segments orientés (−8, −7, 6), qui représente un tracé formé de points successifs (connexes et non connexes) et son sens de parcours.**

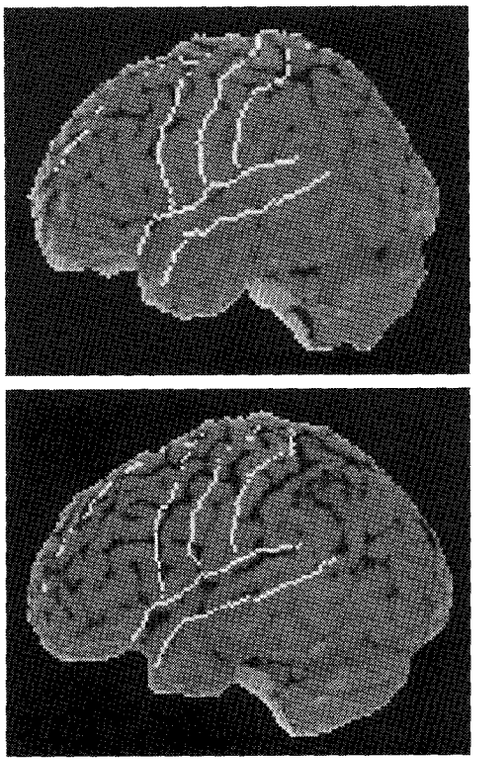


**Figure 6. – Courbes moyennes obtenues sur deux images différentes (projections sagittales de l'hémisphère gauche). Sur la première image, les courbes moyennes se superposent presque exactement aux sillons. En bas, la position et la forme des courbes moyennes s'écartent sensiblement de celles des sillons qu'elles modélisent (décalage vers l'avant et vers le haut du cerveau).**

La courbe moyenne est une courbe unique obtenue à partir du faisceau des courbes représentant le même sillon dans les différentes images de la base de données (moyenne barycentrique de ces courbes décrites paramétriquement), recalée à la surface du cerveau contenu dans l'image à traiter (figure 6). Elle représente la forme et la position moyennes *a priori* d'un sillon. Elle fournit également des informations sur la profondeur locale attendue du sillon à reconnaître.

La zone moyenne ou zone de recherche propose un modèle de variabilité de la position et de la forme du sillon. Cette région est

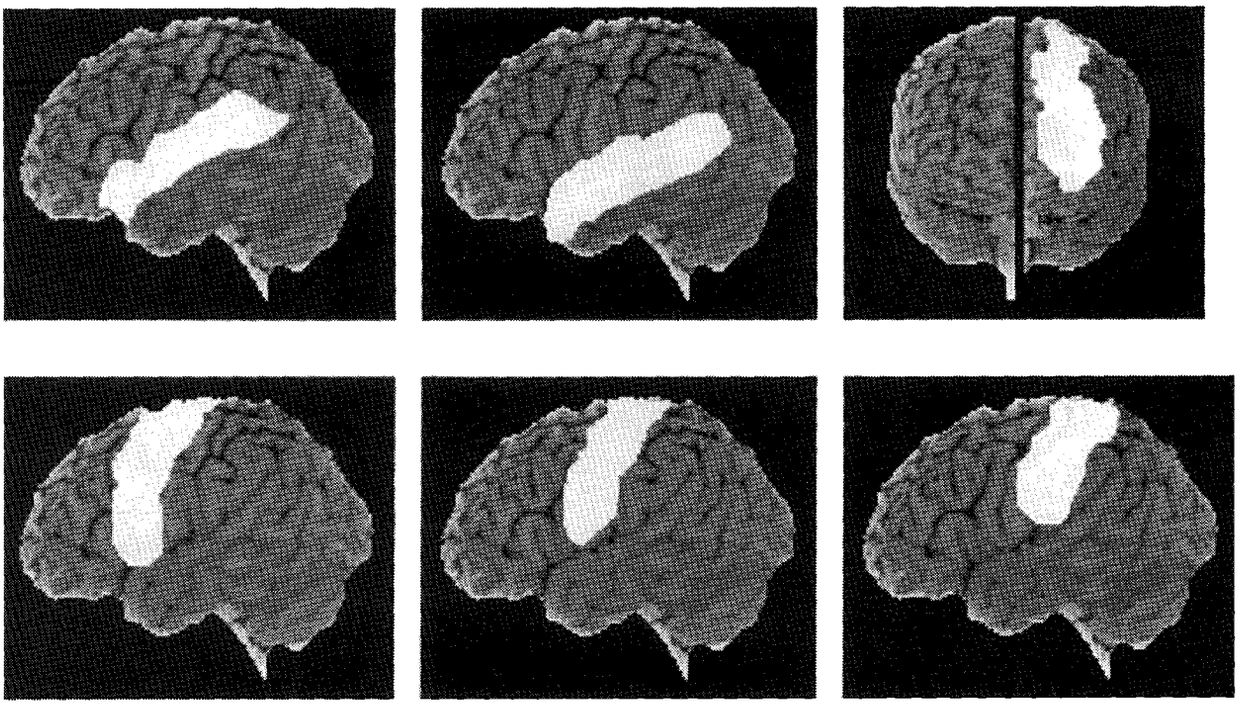


**Figure 7. – Zones de recherche obtenues pour une image test dans l'hémisphère gauche. De gauche à droite et de haut en bas : sillon latéral, sillon supérieur temporal, sillon supérieur frontal, sillon précentral, sillon central et sillon postcentral.**

déterminée de façon à ce que tous les points de la trace surfacique du sillon à reconnaître soient inclus dans la zone de recherche. A partir de l'union des traces surfaciques des sillons projetés sur la surface du cerveau à analyser, on opère une dilatation géodésique conditionnelle et itérative, puis un lissage de frontière de la zone obtenue. On obtient alors un contour comparable à celui que l'on aurait tracé à la main autour de la projection initiale (Figure 7).

La troisième composante de l'atlas individualisé se propose de réaliser une modélisation statistique des caractéristiques géométriques de chaque sillon et des relations géométriques et topologiques entre les sillons d'un même hémisphère. Les caractéristiques géométriques portent sur la profondeur du sillon (profondeur moyenne et continuité de profondeur), sur sa localisation (position de l'origine, position de la terminaison, position du barycentre, position du milieu), sur sa continuité (nombre d'interruptions, position des points limitant une interruption, longueur d'une interruption, position du milieu d'une interruption) et sur sa forme et sa direction (longueur, longueur surfacique, rapport longueur surfacique/longueur, vecteur directeur, distance à l'axe, continuité d'orientation). Les relations entre sillons sont définies par leur localisation relative (distance entre points homologues, vecteur entre points homologues), par leur orientation relative (coefficient d'orientation relative) et par leur connexité (position du point de connexion, abscisse curviligne de celui-ci, orientation locale de la courbe).

Pour chaque caractéristique, nous disposons d'autant de valeurs que d'images dans la base de données. Un modèle statistique des variations de chaque paramètre est calculé. Ce modèle est adapté au type de la donnée, qui peut être scalaire, ponctuel ou encore vectoriel.

## 3.2. méthode de reconnaissance de courbes 3D

### 3.2.1. *objets de base et conventions*

Pour mettre en œuvre la méthode de reconnaissance des sillons, modélisés sous la forme de courbes 3D, on dispose de :

1) $ES$, un ensemble de « segments topologiques » $ST_k$ ($k \in [1, t]$) qui sont des lignes 3D. L'union de plusieurs lignes 3D forme une ligne 3D.

2) $TC_i$ ($i \in [1, n]$), un modèle statistique qui comprend trois composantes distinctes pour chaque type de courbe 3D à reconnaître :

- $CM_i$, la courbe moyenne modélisant *a priori* la forme et la localisation moyennes de la courbe,
- $Z_i$, la zone de recherche délimitant le territoire surfacique ou volumique susceptible de contenir la courbe,
- $VM_{i,j}(j \in [1, q + r \cdot (n-1)])$, les informations statistiques sur les variations d'un ensemble de caractéristiques qui représentent la géométrie et la topologie de la courbe ($q$ caractéristiques individuelles) ainsi que ses relations avec les autres courbes traitées ($r$ relations avec chacune des $n-1$ autres courbes). Les valeurs minimales ($InfVM_{i,j}$), moyennes ($MoyVM_{i,j}$), maximales

($SupVM_{i,j}$), et les écarts types ($SigmaVM_{i,j}$) de ces caractéristiques complètent la base de données statistique. Ce modèle statistique est représenté à l'aide d'un graphe complètement connecté dont les nœuds caractérisent les courbes, et les arcs les relations entre les courbes.

### 3.2.2. principe général

La méthode de reconnaissance proposée suppose que le raisonnement est effectué dans un espace 3D délimité et connu. Son principe général tient en quatre étapes principales, dont les résultats peuvent être remis en cause ultérieurement (figure 8) :

1) Création des nœuds hypothèses (instanciation des nœuds du graphe modèle) : on construit toutes les lignes, continues ou non, composées des segments $ST_k$ joignant la zone origine et la zone terminaison *a priori* de la courbe recherchée. Seules les lignes valides par rapport aux intervalles de variations des différents paramètres contenus dans l'atlas sont conservées. Un système de scores gaussiens est ici mis en œuvre. L'utilisation de la zone de recherche $Z_i$ avec ses zones origine et terminaison permet de réduire la taille de l'espace des solutions.

2) Création des arcs du graphe des hypothèses : il s'agit de la validation et de l'évaluation des relations géométriques et topologiques entre les nœuds hypothèses créés à l'étape précédente, où plusieurs lignes peuvent avoir la même étiquette. Un nœud peut aussi avoir plusieurs étiquettes car il peut correspondre à plusieurs courbes du modèle.

3) Propagation de contraintes : certains nœuds hypothèses ne pouvant participer à aucun graphe solution sont éliminés par relaxation discrète (cohérence d'arcs). Après cette étape, plusieurs ensembles de solutions sont encore candidats.

4) Recherche du « sous graphe recouvrant de coût minimum » : les graphes solutions dont les caractéristiques de tous les nœuds et de tous les arcs sont valides par rapport au modèle statistique (graphe modèle) sont évalués puis classés afin d'obtenir un score final pour chaque solution globale.

Cette stratégie assez classique conduit généralement à deux types de problèmes. Si les contraintes de sélection et de validation sont trop fortes, ou si le modèle ne rend pas compte de la diversité des cas réels, on risque de ne pas trouver de solution en fin de processus. Si au contraire les contraintes sont trop faibles, il est en pratique impossible de gérer l'explosion du nombre de solutions dans un problème dont la combinatoire est de type exponentiel. De plus, il n'existe pas *a priori* de contraintes optimales conduisant à un nombre non nul mais limité de solutions pour l'ensemble des cas susceptibles d'être traités. C'est pourquoi les étapes 1, 2 et 3 peuvent être remises en cause si le nombre de candidats est jugé insuffisant ou trop élevé.

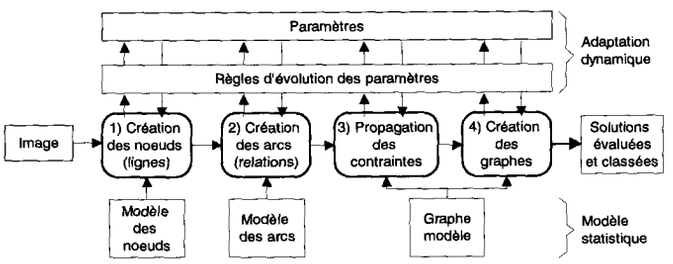



**Figure 8. – Présentation générale de la démarche proposée.**

Ce principe de retour arrière avec ajustement des contraintes est défini pour chaque étape au moyen de règles d'évolution des paramètres, et permet d'obtenir une adaptation dynamique du contrôle d'exécution.

# 4. reconnaissance des sillons corticaux

Ainsi que nous l'avons énoncé dans la description de la méthode de reconnaissance, certains aspects sont dépendants de l'application. En particulier, pour obtenir une mise en œuvre efficace dans des cas réels, il est nécessaire de considérer que :

- le nombre d'éléments manipulés et la rapidité de l'exécution sont limités par les capacités de l'ordinateur,
- la base de données ne peut rendre compte de toutes les configurations possibles de la réalité.

Dans le cas des sillons, nous limiterons le nombre de segments hypothèses en utilisant des informations de localisation spécifiques à chacun des sillons, et les critères pour éliminer des candidats pourront être moins stricts pour tenir compte de l'incomplétude de notre base de données. Reprenons les étapes de la méthode et explicitons les spécificités liées à l'application.

## 4.1. création des hypothèses

### 4.1.1. principe

Nous disposons au départ d'un ensemble $ES$ de segments $ST_k$ qu'il faut associer pour créer les nœuds du graphe des hypothèses. Pour réduire la combinatoire de cette étape du traitement, nous utilisons les informations contenues dans le graphe du modèle statistique en calculant un score pour chaque hypothèse. On distingue les phases génériques suivantes :

1) Définition d'un ensemble de segments $S_{i,k}(k \in [1, t_i])$ susceptibles de faire partie du sillon recherché d'indice $i$ (et de modèle $TC_i$). Cette opération est réalisée à partir des $ST_k$ et de leur position par rapport à $Z_i$ : $ES_i = ES \cap Z_i$, où $Z_i$ représente une information sur la localisation approximative de la courbe recherchée (zone de recherche).

2) Génération de l'ensemble $EL_i$ des lignes $L_{i,l}(l \in [1, s_i])$. Chaque ligne, continue ou non, est une combinaison ordonnée de 1 à $t_i$ segments $S_{i,k}$.

3) Caractérisation des lignes $L_{i,l}$ et création de l'ensemble $E_i \subset EL_i$ formé des lignes de $EL_i$ vérifiant le modèle statistique $TC_i$ de la courbe recherchée. Les $q$ paramètres individuels définis pour chaque courbe du modèle sont calculés.

On obtient les valeurs $VD_{i,l,j}$ avec $(j \in [1, q])$. La valeur de chaque paramètre individuel doit être comprise entre les bornes inférieure et supérieure du même paramètre dans le modèle :

$$Inf\,VM_{i,j} \leq VD_{i,l,j} \leq Sup\,VM_{i,j}$$

Cette règle de sélection des lignes candidates peut être affinée (ou spécialisée) pour relâcher les contraintes si cela est nécessaire dans la suite du raisonnement.

Si les données du modèle statistique vérifient un modèle gaussien, on peut aussi choisir les bornes délimitant l'intervalle de variation d'un paramètre telles que :

$$Moy\,VM_{i,j} - a \cdot Sigma\,VM_{i,j} \leq VD_{i,l,j} \leq Moy\,VM_{i,j} + a \cdot Sigma\,VM_{i,j}$$

Selon la valeur du coefficient $a$, le critère de sélection sera plus ou moins contraint.

4) Évaluation des hypothèses à l'aide d'un score gaussien individuel :

A chaque caractéristique $VM_{i,j}$ des courbes du modèle est associée une moyenne $Moy\,VM_{i,j}$ et un écart type $Sigma\,VM_{i,j}$. Il existe $q$ caractéristiques individuelles par courbe. En faisant l'hypothèse gaussienne sur leurs variations, on peut modéliser le comportement de chaque paramètre par une fonction suivant une loi normale, notée $F_{i,j}(x_j)$. Avant de combiner les valeurs des différents paramètres pour une même courbe, une étape de normalisation est indispensable. Par exemple, nous proposons de normaliser les fonctions $F_{i,j}$ pour qu'elles prennent la valeur 100 (valeur maximale de la fonction) quand la caractéristique $x_j$ vaut Moy$VM_{i,j}$. Si nous considérons que toutes les caractéristiques ont le même poids, on obtient un score final pour chaque ligne candidate qui vaut :

$$Sc_{i,l} = 1/q \sum_{j=1}^{q} F_{i,j}(VD_{i,l,j})$$

Ce score gaussien normalisé permet de classer les lignes hypothèses (ou nœuds hypothèses) par ordre décroissant de ressemblance au modèle moyen d'un type de courbe. Par conséquent nous disposons d'une information pour sélectionner un nombre d'hypothèses inférieur à une valeur choisie.

## 4.1.2. application aux sillons

### 4.1.2.1. sélection des segments susceptibles de composer le sillon

La zone de recherche associée à un sillon délimite le territoire surfacique dans lequel on doit rencontrer le sillon à identifier. Les segments intérieurs à la zone sont conservés et les segments traversant sa frontière ne le sont que s'ils sont susceptibles de constituer l'origine ou la terminaison du sillon recherché. Dans ce dernier cas, seule la partie incluse est gardée. Selon l'image cible et le sillon, 10 à 40 segments sont candidats pour la suite du traitement (figure 9).

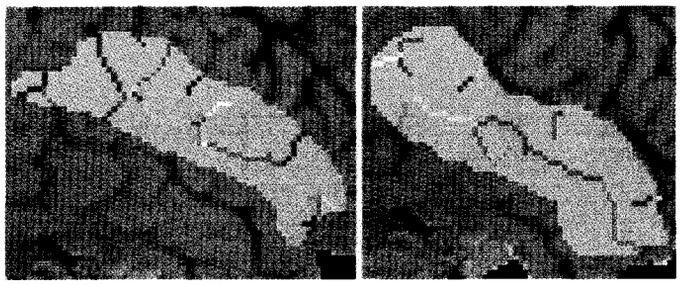


**Figure 9. – Exemple des segments conservés dans la zone de recherche du sillon latéral (28 segments) et du sillon supérieur temporal (17 segments) dans un hémisphère droit.**

### 4.1.2.2. construction des graphes de segments

Après avoir identifié les segments dont l'une des extrémités peut être origine ou terminaison d'un sillon, on construit l'ensemble des lignes formées de segments reliant la zone origine et la zone terminaison (figure 10). Un arc entre deux segments représente une connexité entre extrémités. Cette connexité peut être réelle

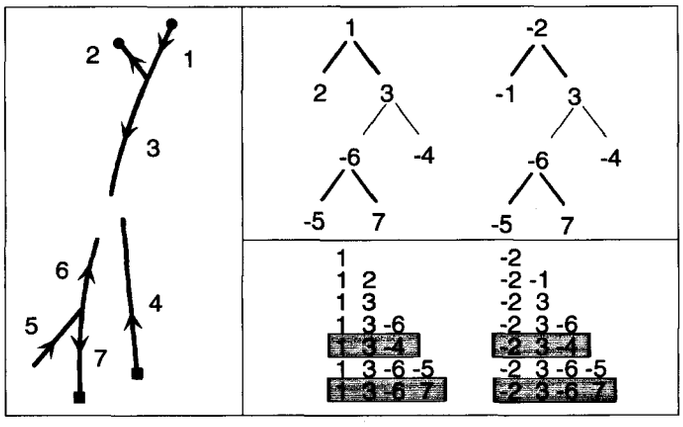



**Figure 10. – Exemple de construction de graphes de segments dans une zone de recherche. A gauche, les segments, les origines (ronds) et les terminaisons (carrés). A droite en haut, les graphes construits à partir des deux origines. En bas, les lignes trouvées. Celles qui joignent une origine et une terminaison sont encadrées et grisées.**

(en 26-voisinage) ou « anatomique ». Ce terme désigne une interruption dont la longueur est compatible avec le modèle du sillon. On suppose aussi que les deux segments respectent une continuité d'orientation également définie dans le modèle (atlas).

#### 4.1.2.3. recherche des chemins valides

Après avoir calculé les caractéristiques définies dans l'atlas pour les sillons hypothèses (nœuds hypothèses), on ne conserve que ceux qui vérifient les intervalles de validité fournis par l'atlas. En moyenne, il reste quelques dizaines de candidats pour chaque courbe recherchée.

#### 4.1.2.4. évaluation et classement des sillons

L'évaluation des sillons est effectuée à partir du calcul d'un score faisant intervenir leurs caractéristiques géométriques et topologiques, ainsi qu'une estimation de leur distance normalisée au sillon moyen (courbe moyenne). Cette estimation prend en compte les différences d'orientations locales, la différence de profondeur locale et la continuité de profondeur le long du sillon. Actuellement, tous les paramètres apparaissent avec le même coefficient dans le score final. Il serait intéressant à l'avenir de privilégier l'un ou l'autre selon les sillons. Par exemple, on sait que le sillon latéral est caractérisé par une forte profondeur moyenne, ce qui permet de le distinguer des autres sillons. De la même manière, il peut être intéressant de privilégier les caractéristiques dont la dispersion est limitée, dans le sens où elles sont susceptibles d'être les plus discriminantes.

## 4.2. recherche des solutions globalement cohérentes

### *4.2.1. principe*

#### 4.2.1.1. création du graphe des hypothèses

La création du graphe des hypothèses consiste à créer des arcs entre les nœuds hypothèses issus de l'étape précédente. Dans le modèle statistique, chaque courbe comporte $r \cdot (n-1)$ caractéristiques relationnelles. Pour chaque couple de lignes hypothèses ou nœuds du graphe en cours de création, il est donc possible de calculer $r$ paramètres caractérisant les relations géométriques et topologiques qui les unissent.

A ce stade, le graphe est complètement construit. Il est possible de réduire sa taille en vérifiant des contraintes sur les arcs.

#### 4.2.1.2. élagage du graphe par relaxation discrète

La relaxation discrète comporte une phase de vérification de cohérence et une phase de suppression d'étiquettes associées aux nœuds, puis une phase de suppression de nœuds. En définitive on procède à un élagage du graphe.

Pour vérifier la cohérence du graphe, nous validons les caractéristiques des arcs de la même façon que pour les caractéristiques des nœuds. Nous comparons leurs valeurs avec l'intervalle de variation fourni par le modèle statistique. Lorsque les valeurs sont incompatibles avec le modèle, l'arc est supprimé.

Chaque nœud portant une étiquette $E$ doit être connecté à au moins un nœud de chacune des autres étiquettes (il doit être en relation avec au moins une instance (nœud hypothèse) de chacun des nœuds du graphe modèle). Dans le cas contraire, il ne peut participer à un sous-graphe hypothèse isomorphe au graphe modèle. L'étiquette $E$ est alors supprimée pour ce nœud.

Un nœud qui n'est plus associé à aucune étiquette est supprimé.

#### 4.2.1.3. construction et évaluation des graphes solutions

A l'issue de ce traitement, il est possible de produire l'ensemble des solutions potentielles (graphes hypothèses) au niveau global. Elles correspondent aux combinaisons des lignes hypothèses $L_{i,l}$. Ce sont des $n$-uplets de la forme $(L_{1,h_1}, L_{2,h_2}, \ldots, L_{i,h_i}, \ldots, L_{n,h_n})$ si on suppose que l'on veut identifier n courbes dans l'image. Ces solutions topographiques globales peuvent enfin être évaluées à l'aide d'un score gaussien faisant intervenir les scores individuels et relationnels associés aux lignes (moyenne pondérée, avec tous les coefficients égaux par défaut). La solution correspondant au meilleur score est celle qui s'écarte le moins du modèle moyen défini dans le modèle statistique.

Notons qu'une solution partielle peut également être proposée. En effet, si la recherche individuelle a échoué pour un sillon, ou si tous ses nœuds hypothèses ont été éliminés lors de la relaxation, celui-ci ne participe pas au graphe solution proposé (qui comporte alors $n_1$ nœuds, avec $n_1 < n$).

### *4.2.2. application aux sillons : recherche de solutions pour la topographie corticale d'un hémisphère*

Dans un premier temps, les relations établies entre sillons candidats sont confrontées aux intervalles de variation des paramètres autorisés dans la base. Ensuite, les sillons « isolés » sont éliminés. Enfin, le système de scores est appliqué aux relations entre sillons hypothèses. Quand deux sillons de types différents ne sont pas connexes, le score est une moyenne pondérée de 10 scores élémentaires (positions et orientations relatives), tandis que 15 scores élémentaires sont considérés en cas de connexité. Remarquons que cette différence du nombre de scores n'a pas de rapport avec un éventuel problème de segmentation. En effet, il est anatomiquement valide (et même fréquent) que certains sillons majeurs soient connectés. C'est pourquoi, dans ce cas, des scores supplémentaires interviennent pour évaluer les caractéristiques de la connexion.

## 4.3. mécanisme d'adaptation du contrôle aux données

Pour prendre en compte les cas atypiques ou tout simplement non encore présents dans le modèle statistique, notre objectif est de toujours proposer au moins une solution possible, quitte à ce que le score qui lui est associé soit faible. En cas de sélection trop stricte des nœuds hypothèses et des arcs du graphe des hypothèses, il se peut qu'il n'existe pas de combinaison de lignes extraites de l'image compatible avec le graphe modèle. Il est alors possible de relâcher des contraintes et de faire des retours arrière adaptatifs.

Un assouplissement progressif et limité des contraintes de sélection et de validation est donc réalisé. Le double principe de relâchement des contraintes et de retour en arrière d'une ou plusieurs étapes dans le processus de reconnaissance peut notamment être appliqué aux opérations suivantes :

- sélection des segments topologiques dans la zone de recherche (variation des limites de la zone par dilatation progressive de taille 1 voxel),
- sélection des lignes hypothèses zone par zone (variation des critères de validité individuels par incrémentation progressive de la taille des intervalles de validité d'un demi écart type),
- sélection des solutions pour l'ensemble des lignes (variation des critères de validité relationnels comme pour les critères individuels, avec éventuellement remise en cause complète de la sélection individuelle en cas de conflit entre des lignes hypothèses de types différents).

Ces étapes sont illustrées dans la figure 11.

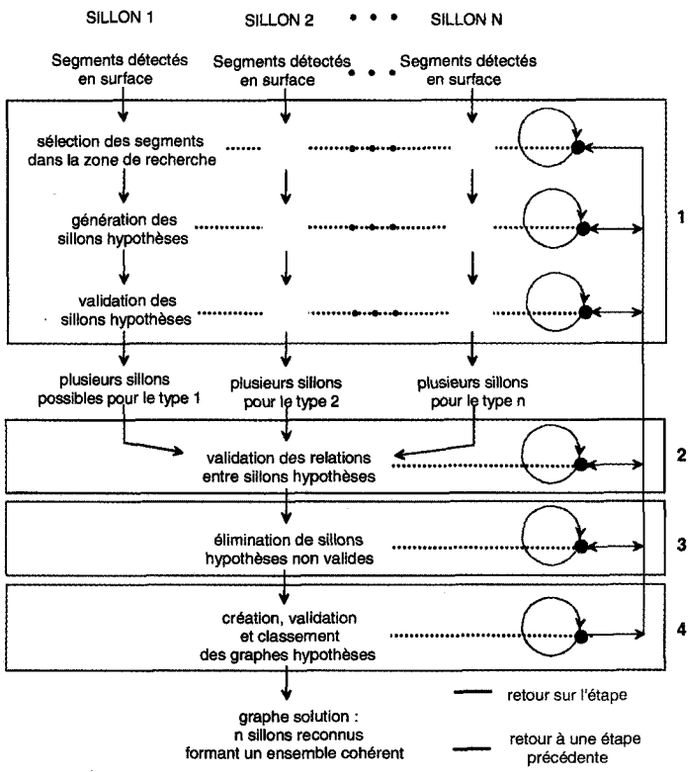



**Figure 11. – Organigramme général de la méthode de reconnaissance de n sillons à la surface de l'hémisphère d'un cerveau. Les zones et les numéros en bleu reprennent le découpage proposé dans la figure 8.**

# 5. présentation des résultats

## 5.1. les données

Les résultats que nous présentons ici ont été établis à partir d'une base d'apprentissage constituée de 14 IRM et d'une base de test constituée de 14 autres IRM. Sur chaque image, la trace de six sillons majeurs a été étiquetée manuellement dans chaque hémisphère. Ces sillons sont le sillon latéral, le sillon supérieur temporal, le sillon précentral, le sillon central, le sillon postcentral et le sillon supérieur frontal. La base d'apprentissage nous sert de modèle de référence. Les caractéristiques de ces images sont récapitulées dans le tableau de la figure 12. Elles ont été obtenues à partir d'une population variée (voir les rubriques « sexe » et « âge »). Les informations sur la résolution des images employées mettent en évidence les problèmes de volume partiel (mélange de tissus dans un même voxel), perturbant la segmentation des sillons d'autant plus fortement que la résolution est faible.

| | Base d'apprentissage | Base de test |
|---|---|---|
| Nombre d'images IRM T1 | 14 | 14 |
| Nombre de sillons expertisés | 6 par hémisphère | 6 par hémisphère |
| Résolution des images | 5 images de voxels de 1,5 $mm^3$<br>9 images de voxels de 1,3 $mm^3$ | 6 images de voxels de 1,5 $mm^3$<br>8 images de voxels de 1,3 $mm^3$ |
| Sexe des sujets | 4 femmes, 7 hommes, 3 sujets de sexe inconnu | 4 femmes, 6 hommes, 4 sujets de sexe inconnu |
| Age des sujets d'âge connu | de 20 à 47 ans<br>âge moyen de 26 ans | de 24 à 54 ans<br>âge moyen de 30 ans |
| Volume moyen des cerveaux | 1 388 $cm^3$ | 1 295 $cm^3$ |

**Figure 12. – Caractéristiques comparées de la base d'apprentissage et de la base de test.**

## 5.2. les résultats de l'identification

### 5.2.1. taux d'aboutissement

Le processus de reconnaissance des sillons aboutit dans la très grande majorité des cas. Plus précisément, le logiciel propose au moins une solution pour 161 des 168 sillons traités (plus de 95% des cas). Le tableau suivant récapitule les taux d'aboutissement de la reconnaissance pour chaque type de sillon (figure 13).

L'analyse des échecs a montré qu'ils provenaient soit du fait qu'aucune courbe correspondant au modèle *a priori* ne pouvait être obtenue dans la zone de recherche à cause d'un mauvais recalage initial, soit du fait que des sillons hypothèses de types différents possédaient des trajets communs. Dans le premier cas, on peut considérer que la base d'apprentissage ne rend pas compte correctement de la variabilité de certains sillons, ou que le processus de reconnaissance n'a pas su assouplir suffisamment les contraintes de validation des lignes générées dans la zone. Dans le deuxième cas, au moins l'une des familles de sillons hypothèses ne contient que des lignes erronées, tandis que les autres résultent d'une identification correcte. Dans ce cas, nous avons choisi de ne proposer aucune solution car nous n'avons aucun moyen sûr de connaître les courbes correctement identifiées.

D'une façon générale, ces problèmes sont souvent liés à une qualité parfois insuffisante de la segmentation des images traitées. En effet, des défauts dans la segmentation initiale de l'ensemble des sillons peuvent perturber très sensiblement le processus d'identification. Une sous-segmentation peut conduire à des cas d'interruptions artificielles et des échecs de poursuite des sillons. Une sur-segmentation fournit des segments très nombreux en surface des hémisphères (barbules de segments réels, portions artificielles) qui peuvent aboutir à des connexions artificielles ou à une combinatoire difficile à gérer dans la création et la gestion des solutions individuelles et globales. Contrairement à la sous-segmentation, qui paraît difficile à corriger dans le cadre de la méthode développée, la sur-segmentation ne peut cependant pas être à l'origine de l'échec de la reconnaissance d'un sillon.

| | Hémisphère gauche | Hémisphère droit |
|---|---|---|
| latéral | 12/14 (86%) | 14/14 (100%) |
| supérieur temporal | 13/14 (93%) | 14/14 (100%) |
| précentral | 13/14 (93%) | 14/14 (100%) |
| central | 12/14 (86%) | 14/14 (100%) |
| postcentral | 14/14 (100%) | 14/14 (100%) |
| supérieur frontal | 13/14 (93%) | 14/14 (100%) |
| **Moyenne** | 92% | 100% |

**Figure 13. – Proportion des cas traités où l'identification aboutit, l'évaluation étant réalisée sur les 14 images de la base de test.**

### 5.2.2. taux de recouvrement

Pour évaluer la qualité des résultats proposés quand l'identification aboutit, nous avons comparé la courbe trouvée par le logiciel et la courbe obtenue manuellement. Le taux de recouvrement $T1$ quantifie le pourcentage de points du sillon calculé appartenant au sillon théorique. Inversement, le taux $T2$ évalue le recouvrement du sillon théorique par rapport au sillon calculé. Le taux de recouvrement final est déterminé par la valeur minimum du couple $(T1, T2)$. Bien que l'on trouve dans la littérature des critères d'évaluation plus sévères, comme le quotient « nombre de points d'intersection / nombre de points dans l'union » par exemple, le mode de test que nous avons choisi est relativement exigeant. Comme le souligne Gee *et al.* 1993, les critères d'évaluation fondés sur les taux de recouvrement sont d'autant plus pénalisants que l'on manipule des structures petites et fines. Dans le cas de notre étude, deux courbes parallèles et très proches, mais qui ne se touchent pas, sont associées à un taux de recouvrement nul.

Le tableau des taux de recouvrement montre la qualité de la localisation des sillons identifiés (figure 14).

On peut constater que les taux de recouvrement moyens sont satisfaisants pour la plupart des sillons majeurs traités, puisque les taux de 10 sillons sur 12 approchent ou dépassent 80%. Les courbes manipulées comportent de 45 à 80 points selon l'image, sa résolution et le type de sillon considéré. Un mauvais positionnement de 17% de leur longueur (taux moyen) représente donc quelques points seulement.

Les images ci-après présentent une vue globale des sillons reconnus dans chacun des hémisphères d'une IRM anatomique de la base de test (figure 15).

| | Hémisphère gauche | Hémisphère droit |
|---|---|---|
| latéral | 91.4% (86.5% - 100%) | 89.3% (74.2% - 100%) |
| supérieur temporal | 81.1% (55.1% - 94%) | 82.6% (57.6% -97.2%) |
| précentral | 85.5% (56.8% - 100%) | 80.2% (65.5% - 100%) |
| central | 95.1% (71.6% - 100%) | 88.9% (62.7% - 100%) |
| postcentral | 68.8% (0.0% - 100%) | 76.2% (12.8% - 100%) |
| supérieur frontal | 82.3% (23.9% - 100%) | 72.3% (40.6% - 100%) |
| **Moyenne** | 84.0% | 81.6% |

**Figure 14. – Taux de recouvrement sillon trouvé / sillon réel : valeur moyenne, puis, entre parenthèses, minimum et maximum.**

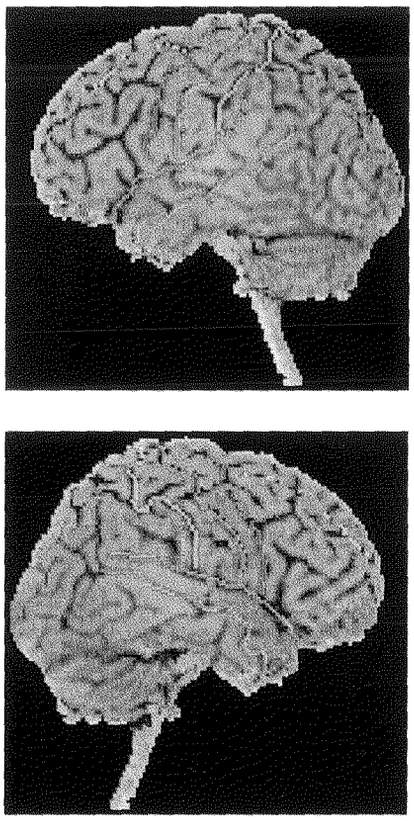


**Figure 15. – Exemple des sillons reconnus à la surface des deux hémisphères d'une image de la base de test : en vert le sillon latéral, en mauve le sillon supérieur temporal, en bleu marine le sillon précentral, en rouge le sillon central, en jaune le sillon postcentral, et en bleu ciel le sillon supérieur frontal.**

# 6. bilan et perspectives

## 6.1. synthèse

Nous avons proposé une méthode de reconnaissance d'objets modélisés sous forme de lignes tridimensionnelles dont on possède un modèle statistique, contenant des caractéristiques individuelles et relationnelles, représenté par un graphe. La méthode manipule des primitives qui sont des portions de courbes 3D appelées segments topologiques. Elle procède par agrégation combinatoire de ces segments pour former des courbes qui sont évaluées et classées par ressemblance décroissante au modèle *a priori*. La méthode s'adapte automatiquement à la complexité des données à analyser de manière à pouvoir produire une solution en un temps de quelques secondes à une heure sur une machine UltraSparc à 200 MHz. Elle peut également généraliser de manière contrôlée le modèle pour traiter des données incomplètes ou atypiques et terminer l'identification dans la plupart des cas. Ceci est assuré par des mécanismes autoadaptatifs de retour arrière, d'ajustement de contraintes et de relaxation.

Cette méthode a été conçue pour la reconnaissance de structures anatomiques du cerveau appelées sillons corticaux. Il s'agit de replis de la surface du cortex qui apparaissent sous forme de courbes 3D à la surface des hémisphères cérébraux. Nous disposons d'un ensemble de 28 images où 6 sillons majeurs ont été identifiés de manière interactive à la surface de chacun des hémisphères. Les modèles des 6 sillons ont été obtenus à partir d'une base d'apprentissage comprenant 14 images. Les tests ont été réalisés sur 14 autres images. La méthode propose un résultat dans plus de 95% des cas avec un taux de recouvrement entre les solutions fournies et les tracés manuels d'environ 83% en moyenne. Les résultats sont meilleurs pour les sillons les plus stables (sillon central et sillon latéral dans les deux hémisphères). Bien que demandant à être confirmés par d'autres tests, ces résultats apparaissent comme très prometteurs. L'identification fiable des sillons est en effet considérée comme un problème très difficile en raison de l'extrême variabilité de l'anatomie corticale entre les individus.

## 6.2. évolution des travaux

Dans Revenu *et al.* 1995, nous avions prévu la coopération entre une méthode heuristique et une méthode de relaxation appliquée directement sur la mise en correspondance des points, par comparaison des résultats. En fait, nous avons fusionné les méthodes et non les résultats. Nous avons conçu une méthode d'évaluation souple des courbes candidates générées par la mise en correspondance de segments qui sont des primitives plus significatives que des points. Ces primitives portent les informations heuristiques utilisées par la méthode.

La démarche heuristique nous a paru essentielle, car elle permet d'expliquer les résultats et d'intégrer de nouvelles connaissances au fur et à mesure de leur découverte. Nous lui avons ajouté un cadre mathématique assurant l'uniformité des traitements sur tous les sillons. Cette démarche peut se poursuivre en ajoutant à notre architecture un niveau supplémentaire de contrôle. Jusqu'à présent en effet, tous les sillons ont un calcul de score identique, mais rien n'empêche de faire varier les coefficients associés aux différentes caractéristiques évaluées. Ainsi, les procédures de sélection, d'évaluation et de classement sont entièrement et facilement paramétrables.

Par souci d'efficacité et de faisabilité de tests en vraie grandeur nous avons préféré différer la mise en œuvre de ces développements. Elle sera possible dès que le nombre d'images dans la base d'apprentissage sera suffisant.

## 6.3. perspectives

Pour fiabiliser la reconnaissance des sillons, il faut tout d'abord améliorer la qualité de la segmentation. Augmenter la taille de la base de données doit ensuite permettre de mieux évaluer la

méthode. Le nombre de sillons traité pourra également être accru, en considérant par exemple certains sillons de la face interne de chaque hémisphère. En effet, il est possible d'ajouter des nœuds supplémentaires au graphe, et donc d'étendre le modèle à une plus grande partie du cortex, voire à sa totalité. Ceci ne sera cependant pas sans conséquence sur la combinatoire à gérer, notamment au niveau de la construction des graphes hypothèses. L'ensemble de la méthode a été prévu en ce sens, et c'est en particulier l'objectif des mécanismes d'adaptation aux données.

La mise à disposition d'outils d'analyse de données supplémentaires autoriserait l'utilisateur à déterminer son choix final (analyse et exploitation des résultats multiples).

Surtout, il faudra concevoir et implanter une méthode de poursuite de l'ensemble du volume des sillons à l'intérieur du cerveau à partir de leurs traces surfaciques correctement identifiées. En effet, les résultats obtenus ne sont pas directement utilisables dans la plupart des applications. Par exemple, les zones activées dans les images fonctionnelles peuvent être dispersées dans l'ensemble du volume cérébral. C'est pourquoi la mise en correspondance d'informations anatomiques surfaciques seules avec de telles images n'est pas suffisante. Bien que très difficile à valider, la reconnaissance des sillons à l'intérieur du cerveau est nécessaire pour assurer au système un véritable intérêt par rapport aux besoins médicaux. On manipule alors des surfaces et non des courbes 3D.

# 7. remerciements

Ce travail a été réalisé dans le cadre du Pôle Traitement et Analyse d'Images de Basse-Normandie et de l'IFR 47 – Neuro-Imagerie Fonctionnelle.

## BIBLIOGRAPHIE

[1] P. Allain - Imagerie par résonance magnétique du cerveau : analyse automatique tridimensionnelle et segmentation; application au traitement de données en tomographie par émissions de positons. *Thèse de doctorat, Université de Caen*, 1993.

[2] D. Ballard, C.M. Brown - Computer vision. *Englewood Cliffs : Prentice Hall*, 1982.

[3] A. Belaïd, Y. Belaïd – Reconnaissance des formes : méthodes et applications. *Paris : Interéditions, 1992.*

[4] F.L. Bookstein - Thin-plate splines and the atlas problem for biomedical images. *Information processing in medical imaging, Colchester & Hawkes ed.*, pp. 326-342, 1989.

[5] D.L. Collins, P. Neelin, T.M. Peters, A.C. Evans - Automatic 3D intersubject registration of MR volumetric data in standardized Talairach space. *Journal of computer assisted tomography*, vol.18 n°2, pp. 192-205, 1994.

[6] H. Damasio - Human brain anatomy in computerized images. *New-York : Oxford university press*, 1995.

[7] M. Desvignes, H. Fawal, M. Revenu, D. Bloyet, P. Allain, J.M. Travère, J.C. Baron - Calcul de la profondeur en un point des sillons du cortex sur des images RMN tridimensionnelles. *GRETSI, Juan-les-Pins*, pp. 1267-1271, 1993.

[8] H.M. Duvernoy, E.A. Cabanis, M.T. Iba-Zizen, J. Tamraz, J. Guyot - Le cerveau humain : surface, coupes sériées tridimensionnelles et IRM. *Paris : Springler-Verlag*, 1992.

[9] A.C. Evans, D.L. Collins, B.Milner - An MRI-based sterotactic atlas from 250 young normal subjects. *Soc. Neurosci. Abstr.*, vol.18, pp. 408, 1992.

[10] H. Fawal - Contribution à l'étude d'une base de connaissances adaptées à la définition d'un atlas évolutif du cerveau. *Thèse de doctorat, Université de Caen*, 1995.

[11] H. Fawal, M. Desvignes, M. Revenu - Amincissement 3D de surfaces gauches : application à la détection des sillons du cortex cérébral humain. *15éme Colloque GRETSI, Juan-Les-Pins*, pp.661-664, 1995.

[12] J.C. Gee, M. Reivich, R. Bajcsy - Elastically deforming 3D atlas to match anatomical bain images. *Journal of computer assisted tomography*, vol.17 n°2, pp. 225-236, 1993.

[13] R. Horaud, Th. Skordas – Stereo matching through feature grouping and maximal cliques. *IEEE Trans. On Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 11, n°11, pp. 1168-1180, 1989.

[14] G. Le Goualher - Modélisation de structures anatomiques cérébrales pour l'aide à l'interprétation d'images médicales et à la fusion de données. *Thèse de doctorat, Université de Rennes I*, 1997.

[15] G. Le Goualher, E. Procyk, L. Collins, M. Petrides and A.C. Evans – Sulcus extraction and automatic labelling (SEAL) : Method for mapping of sulcal neuroanatomy. *NeuroImage*, vol. 7 n°4, p. S729, 1998.

[16] J.F. Mangin, V. Frouin, J. Régis, I. Bloch, P. Belin, Y. Samson - Towards better management of cortical anatomy in multi- modal multi-individual brain studies. *Physica Medica*, vol.12 n°1, pp. 103-107, 1996.

[17] M. Ono, S. Kubik, C.D. Abernathey - Atlas of the cerebral sulci. *Stuttgart : Georg Thieme Verlag*, 1990.

[18] O. Quinton, L. Vérard, N. Tzourio, D. Bloyet, J.M. Travère - Automatic AC-PC identification on 3D T1-MRI using scene analysis. *Neuroimage*, vol.5 n°4, p. 405, 1997.

[19] M. Revenu, P. Allain, D. Bloyet, M. Desvignes, J.M.Travère - Fusion individuelle de données cérébrales multimodales : informations issues d'images numériques et connaissance expertes. *Traitement du signal*, vol.12 n°5, pp. 465-477, 1995.

[20] N. Royackkers - Modélisation et reconnaissance des sillons du cortex cérabral humain. *Thèse de doctorat, Université de Caen*, 1997.

[21] G. Subsol, J.P. Thirion, N. Ayache - Une méthode pour construire automatiquement des atlas anatomiques morphométriques à partir d'images médicales tridimensionnelles : application à un atlas du crâne. *RFIA, Rennes*, pp. 159-168, 1996.

[22] J. Talairach, P. Tournoux - Co-planar stereotaxic atlas of the human brain. *Stuttgart : Georg Thieme Verlag*, 1988.

[23] P. Thompson, C. Schwartz, A.W. Toga - High-resolution random mesh algorithms for creating a probabilistic 3D surface atlas of the human brain. *Neuroimage*, vol.3, pp. 19-34, 1996.

[24] L. Thurfjell, T. Greitz, C. Bohm, M. Ingvar, J.C. Hsieh, L. Eriksson - The CBA : an adaptable functional brain atlas. *Neuroimage*, vol.3 n°3, p. 71, 1996.

[25] L. Vérard - Segmentation et partitionnement automatiques tridimensionnels de l'encéphale observé par résonance magnétique : utilisation en fusion multimodalités. *Thèse de doctorat, Université de Caen*, 1996.

*Manuscrit reçu le 2 avril 1998.*

LES AUTEURS

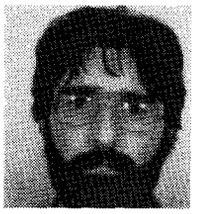
Nicolas ROYACKKERS

Nicolas Royackkers est ingénieur de l'École des Mines de Douai, et titulaire d'un DEA de Contrôle des Systèmes de l'Université de Technologie de Compiègne. Il a obtenu son doctorat en informatique de l'Université de Caen en 1997. Sa thèse a porté sur la modélisation et la reconnaissance des sillons du cortex cérébral humain dans des images IRM 3D. Nicolas Royackkers est aujourd'hui maître de conférences à l'ISMRA-ENSI de Caen, et poursuit ses recherches au sein du GREYC (Groupe de recherche en Informatique, Image et Instrumentation de Caen).

Marinette REVENU

Marinette Revenu est ingénieur de l'ISMRA-ENSI de Caen et docteur en informatique de l'Université de Paris VI. Professeur à l'ISMRA, elle est responsable de la filière Génie Informatique de l'école et de l'équipe Image du GREYC. La modélisation des connaissances utilisées en traitement et interprétation d'images, ainsi que leur validation dans des applications effectives font l'objet de son travail de recherche.

Michel DESVIGNES



Michel Desvignes est ingénieur de l'ISMRA-ENSI de Caen. Il a obtenu son doctorat de l'Université de Caen en 1990. Maître de conférences à l'ISMRA, ses activités de recherche au GREYC portent sur le traitement et l'interprétation d'images, en particulier dans le domaine de l'imagerie cérébrale.