HAL
open science

Calcul de déformations de structures filaires. Application à des images RMN de cerveau

Samuel Legoupil, Houssam Fawal, Michel Desvignes, Marinette Revenu, Daniel Bloyet, Pascal Allain, Jean-Marcel Travère

To cite this version:

Samuel Legoupil, Houssam Fawal, Michel Desvignes, Marinette Revenu, Daniel Bloyet, et al.. Calcul de déformations de structures filaires. Application à des images RMN de cerveau. AGI 94, 1994, Poitiers, France. pp.329-332. hal-00981667

HAL Id: hal-00981667

https://hal.science/hal-00981667v1

Submitted on 22 Apr 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.

AGI'94 Colloque "Automatique . Génie informatique . Image "
Poitiers - Futuroscope 2 et 3 juin 1994

Calcul de déformations de structures filaires. Application à des images RMN de cerveau

S. Legoupil, H. Fawal, M. Desvignes, M. Revenu, D. Bloyet (1)
P. Allain, JM. Travere (2)

1 : LAIAC-ISMRA 6 bd maréchal Juin. 14050 Caen.
2 : CYCERON/CEA. bd Besquerel. 14050 Caen.
Email : Michel.Desvignes@L2I.ISMRA.FR.

1. Introduction

De nombreux travaux [1-3] sur l'analyse quantitative de l'activité cérébrale se font à l'aide d'images PET (Positron Emission Tomography). C'est une technique non destructive qui permet d'obtenir une cartographie quantitative de paramètres biochimiques, biophysiques et physiologiques du cerveau humain in-vivo. Cependant, les images PET offrent une information anatomique imprécise, due à la faible résolution spatiale, aux faibles statistiques obtenues et parce que la distribution du traceur ne reflète pas l'anatomie sous-jacente du patient. A l'inverse, les images RMN offrent une vue in-vivo précise des repères anatomiques classiques. La superposition d'informations anatomiques RMN doit permettre d'améliorer l'analyse d'images fonctionnelles PET. Malgré la correction de facteurs d'échelle, la superposition est imprécise (1 à 2 cm au niveau du cortex) [4].

Une autre approche consiste à cartographier la surface du cortex à l'aide de la typographie des sillons. Notre objectif est de reconnaître automatiquement les sillons et gyri du cerveau, en référence à un atlas. Les déformations des sillons sont alors calculables et une interpolation évalue les variations des zones d'intérêt qui ne sont pas situées sur les sillons.

Dans cet article, nous nous intéressons au cas du sillon latéral. Nous avons proposé une approche heuristique de son identification [5], qui ne peut être facilement étendue aux autres sillons. Nous présentons ici une approche basée sur la relaxation continue, qui peut s'adapter à l'ensemble des autres sillons.

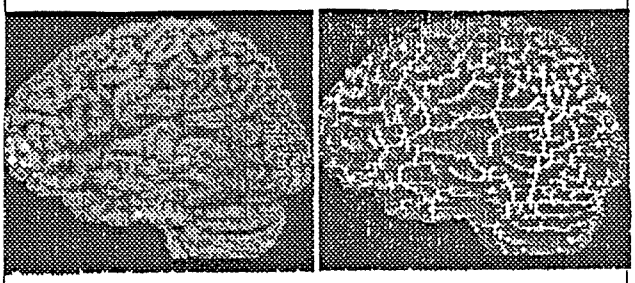
2. Données initiales

Nous avons travaillé sur 6 sujets sains. Les images RMN, obtenues sur une machine General Electric Sigma Advantage, en utilisant la séquence SPGR, sont composées de 120 sections de 256x256 voxels isotropiques (1,3x1,3x1,3 mm^3). Une procédure automatique recalcule cette image dans le repère de Talairach, en déterminant les commissures Antérieure et Postérieure ainsi que le plan inter-hémisphérique. Le cerveau est ensuite extrait du reste du crâne (peau, crâne, orbites oculaires, os..). Un seuillage multi-niveau classifie les voxels en Liquide Céphalo Rachidien (LCR), Matière Blanche et Matière Grise.

Anatomiquement, un sillon est une structure cérébrale remplie de LCR, localisée aux endroits où le cortex pénètre à l'intérieur du cerveau. La présence de LCR sur la surface du cortex indique celle d'un sillon.

En appliquant une squelettisation 3D qui transforme le volume du sillon en une surface, le sillon est représenté sur la surface du cortex par des courbes 3D ayant un voxel d'épaisseur (figure 1). Un segment est représentatif des voxels compris entre deux intersections de ces courbes (longueur, coordonnées). L'ensemble des sillons corticaux

Figure 1 : Image initiale et Image squelettisée



est représenté par un graphe de segments. Chaque sommet du graphe est un segment et les arcs sont les relations géométriques entre les segments.

L'atlas de Talairach ne permettant qu'une approximation de la position moyenne des sillons, nous définissons une zone d'incertitude de plus ou moins deux centimètres autour de sa position théorique. Nous ne conservons qu'un nombre limité de segments candidats à cette interprétation. Comme ce sillon est pratiquement dans un plan sagittal, nous travaillons sur une projection latérale 2D du sillon.

Le problème est de déterminer des structures identiques sur l'atlas et sur l'image RMN d'un patient, c'est à dire établir une correspondance entre deux graphes de segments. La difficulté réside dans la très grande variabilité des formes des sillons. Les contraintes à respecter sont les suivantes :

Suppression ou insertion d'un segment : matching *inexact.*

Modification (longueur, orientation) d'un segment : matching *élastique.*

Nous proposons d'associer ces deux types de méthodes en effectuant d'abord une étape de reconnaissance inexacte qui déterminera les éléments communs aux 2 représentations, puis une étape de calcul des déformations locales non-rigides.

3. Méthodes

3.1. Matching inexact

Quatre types de méthodes tentent de dégager les plus grandes structures communes de 2 graphes [7].

Les *méthodes métriques* effectuent des mesures de similarité entre 2 graphes. Formulées selon le concept de *gabarits et ressorts* (Templates and Springs). elles minimisent une fonction de coût dépendant de la similitude entre les données et les gabarits, entre les relations des données reconnues et les relations des gabarits, et du coût des éléments non identifiés.

Les *méthodes de recherches arborescentes* explorent l'espace des solutions possibles. Malgré les nombreuses variantes réduisant les temps de calcul dans un sous-espace de solution, les temps de calcul sont importants. Elles n'autorisent pas la polygamie, c'est à dire que 2 sommets d'un graphe ne peuvent être mis en correspondance avec 1 même sommet de l'autre graphe. La *recherche de cliques maximales* dans le graphe de mise en correspondance pose les mêmes problèmes.

Une autre approche du problème est la *propagation de contraintes*, en particulier les méthodes de *relaxation*.

3.2. Matching élastique

L'idée intuitive de l'appariement élastique est très simple. Une transformation est appliquée itérativement pour déformer un graphe vers l'autre. La formulation en terme d'optimisation est faite grâce à une mesure de coût et une mesure de similarité est effectuée pour stopper les itérations. Ces méthodes autorisent les déformations locales élastiques. Elles diffèrent selon la méthode d'optimisation et le modèle des déformations.

Bajscky [3] implémente l'algorithme de BROIT, basé sur les équations de déformations élastiques d'un solide avec une approche multi-résolution. Appliquée à des images RMN du cerveau et à un atlas anatomique, l'algorithme travaille sur la surface du cortex et des ventricules.

Le réseau élastique [8] et les snakes [9] minimisent une fonction d'énergie basée sur des critères géométriques (angle, longueur, courbure.) et photométriques (intensité).

Les courbes et nappes B-Splines [10] sont une solution élégante et rapide au recalage et à la reconnaissance de courbes et de surfaces gauches. Seules les déformations rigides ont cependant été implémentées.

Les déformations par moyenne gaussienne et une approche multi-résolution [11] ont été appliquées à des images de points, en niveau de gris et à des contours d'images médicales. Cette dernière méthode est bien adaptée au *calcul* et à *l'interpolation* de déformations *élastiques locales* dans le cas de topologies identiques.

4. Le système proposé

La première étape consiste à retrouver les parties communes entre le cerveau observé et l'Atlas, sur lesquelles les déformations seront ensuite calculées.

La relaxation est une méthode d'étiquetage entre un ensemble d'objets (les sillons à identifier) et un ensemble d'étiquettes (les sillons de l'atlas). C'est une méthode itérative qui optimise les contraintes à respecter.

4.1. Relaxation

La relaxation continue [12] propose une approche stochastique de l'identification en propageant des contraintes $R_{ij}(I,J)$ le long des arcs des graphes. Ces fonctions $R_{ij}(I,J)$ sont à valeurs réelles, proportionnelles à la force de la contrainte entre les paires (inconnue i, étiquette I) et (j,J). Le coefficient de l'hypothèse *i est I* est noté $p_i(I)$

La relaxation réalise itérativement une mise en correspondance de graphe en maximisant la valeur A(p) :

$$\text{Gain} = A(\bar{p}) = \sum_{i=1}^{n}\sum_{I=1}^{m}\sum_{j=1}^{n}\sum_{J=1}^{m} p_i(I)\times p_j(J)\times R_{ij}(I,J)$$

Une approche classique pour trouver un maximum local est la *méthode de descente du gradient*, ce qui équivaut approximativement à calculer itérativement:

$$p_i^k(I) = p_i^{k-1}(I)\ (1+\sum_{j=1}^{n}\sum_{J=1}^{m} 2\times p_j^{k-1}(J)\times R_{ij}(I,J))$$

4.2. Contraintes

Les fonctions de similitude modélisent les relations géométriques entre segments d'un sillon ou entre sillons.

La première caractéristique d'un sillon est une quasi continuité de ceux-ci, avec des interruptions locales sur de courtes distances. La fonction de similitude utilisée est la distance minimum entre deux segments (distance des deux points les plus proches) :

$$\rho_1(i,j)=\text{dist}_{\min}(i,j)$$

La deuxième caractéristique importante entre deux segments proches est l'angle relatif de ces deux segments. Nous utilisons l'angle que forme la bissectrice de deux segments avec un axe fixe, qui passe par le point d'intersection des deux segments :

$$\rho_2(i,j)=\text{angle}(\text{bissectrice}(i;j),\ \Delta)$$

A partir des relations de similitudes, les contraintes caractérisent la proximité de deux représentations, par une fonction monotone décroissante :

$$R_{i,j}(I,J) = \exp\left(-\frac{|\rho_1(i,j)-\rho_1(I,J)|}{\sigma_1} - \frac{|\rho_2(i,j)-\rho_2(I,J)|}{\sigma_2}\right)$$

σ_1 et σ_2 sont deux paramètres qui fixent l'influence relative des fonctions de similitudes.

4.3. Double relaxation

La relaxation définit un homomorphisme d'un graphe vers un autre. Appliquée de l'image examinée vers l'Atlas, elle identifie certains sillons de l'image à l'aide de cet atlas. Deux cas particuliers peuvent se présenter :

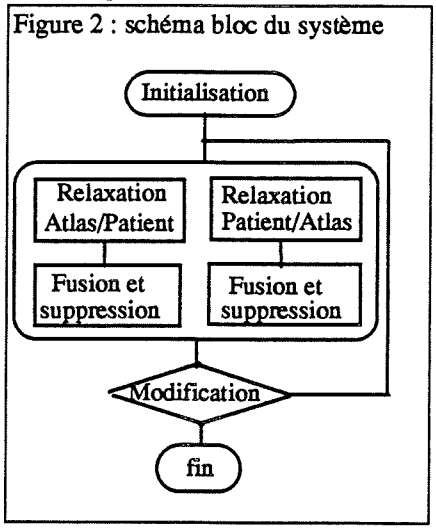
- L'étiquette *inconnue* est attribuée si ce sillon n'existe pas sur l'Atlas.

- Plusieurs parties ont une même correspondance.

Nous introduisons la notion de suppression de segments n'ayant pas de correspondant et de fusion de segments ayant un correspondant identique.

Un isomorphisme de sous-graphes est obtenu par l'intersection des résultats de la relaxation et des fusions-suppressions de l'Atlas vers le patient et réciproquement. A chaque étape, on applique ces deux relaxations jusqu'à obtenir des coefficients $p_i(I)$ discrèts (1 ou 0). La première, de l'Atlas vers le patient identifie les segments du patient qui sont à éliminer ou à fusionner. La deuxième relaxation réalise la même opération sur l'Atlas. Cet algorithme est itéré tant qu'il y a des modifications dans un des deux graphes. Le résultat final est l'ensemble des segments communs à l'Atlas et au patient.

Figure 2 : schéma bloc du système



4.4. Initialisation

La valeur initiale des coefficients $p_i(I)$ est une distance métrique basée sur des caractéristiques intrinsèques aux étiquettes. Ces caractéristiques devraient être la position absolue d'un segment qui peut globalement renseigner sur l'appartenance à un sillon, ainsi que sa profondeur. Cependant, afin de valider le comportement de la relaxation sur les relations spatiales, nous donnons une valeur initiale uniforme à l'ensemble des segments.

Expérimentalement, une grande disparité dans le nombre et les longueurs des segments des deux ensembles diminue l'efficacité des processus de fusion et de suppression. Dans ce cas, nous divisons les plus longs segments de l'ensemble comportant le plus petit nombre de segments.

4.5. Fusion et suppression de segments

Les configurations de topologies très différentes bien que visuellement proches et les relations de similitudes utilisées permettent à plusieurs segments de correspondre à un même segment de l'ensemble d'arrivée. Ces segments sont alors fusionnables. A l'inverse, certains segments n'ont aucune correspondance et ils sont supprimables.

Deux segments sont *adjacents* si la distance minimum entre leurs extrémités est inférieure à 10% de la longueur moyenne des segments. Deux segments sont *favorables* s'ils sont adjacents et forment un angle plat (> 150°).

Fusion : deux segments sont fusionnés s'ils sont *favorables* et s'ils ont la même correspondance.

Suppression : un segment sans correspondance est supprimé s'il ne peut pas servir à connecter 2 parties d'un sillon, c'est à dire s'il ne vérifie pas une de ces conditions :

1) 2 segments favorables;
2) 1 segment favorable et un segment adjacent;
3) plus de 2 segments adjacents;

4.6. Gain et contrôle

Le gain de la relaxation est la valeur finale de A(p). La valeur relative Δgain/gain contrôle grâce à un seuil (10^{-5}) le nombre d'itérations de chaque relaxation.

Soit ng et nG (resp gain et GAIN) le nombre de segments finaux (resp. les valeurs des gains) de chaque relaxation. Nous construisons la fonction $\phi(\sigma_1,\sigma_2)$:

$$\phi(\sigma_1,\sigma_1) = \frac{gain}{ng} - \frac{GAIN}{nG}$$

$\phi(\sigma_1,\sigma_2)$ est la différence de gain ramené à l'unité . Elle évalue la qualité d'une mise en correspondance si le nombre de segments supprimés n'est pas trop grand (50% du nombre initial). Cette fonction sert à automatiser le dépouillement des résultats afin de déterminer les valeurs optimales des paramètres σ_1 et σ_2 .

4.7. Déformations

Le calcul des déformations entre l'image et l'Atlas utilise l'algorithme de BURR. Il procède en 2 étapes.

Dans une première étape, cet algorithme effectue une mise en correspondance voxel à voxel entre les 2 images. Il calcule itérativement un vecteur déplacement pour chaque voxel de l'image du patient, qui représente la déformation que doit subir l'Atlas.

Dans une deuxième étape, le calcul de la déformation des points qui ne sont pas sur un sillon est effectué par une interpolation (moyenne pondérée itérative). Soit $T(x_i,y_i,z_i)$ le déplacement calculé à la première étape. La déformation pour un point x,y,z est donnée figure 3.

β est un coefficient d'élasticité. Une valeur élevée représente une image peu déformable : les transformations ne sont influencées que par les points proches du point considéré. On part de valeurs élevées pour β pour autoriser de grandes déformations. On termine

Figure 3

$$V(x,y,z) = \frac{\sum_{i=1}^{N_s} F_i(x,y,z)*(T(x_i,y_i,z_i)-M)}{\sum_{i=1}^{N_s} F_i(x,y,z)}$$

$$M = \frac{1}{N_s}.\sum_{i=0}^{N_s-1} T(x_i,y_i,z_i))$$

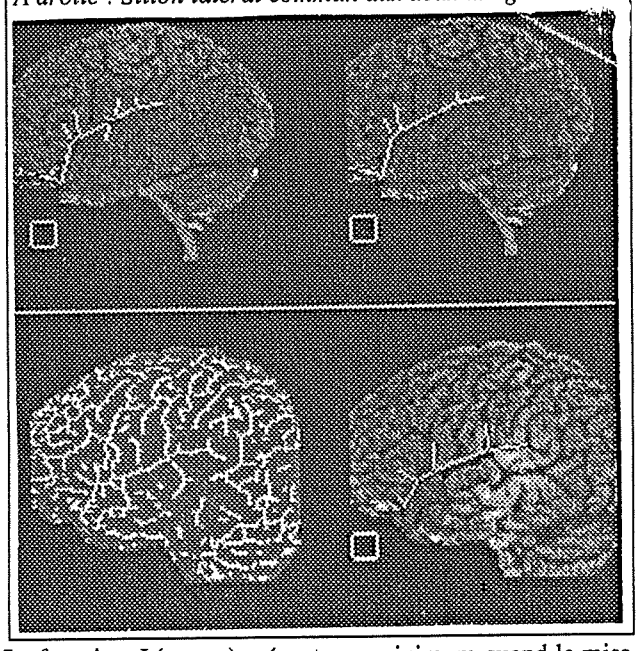
$$F_i(x,y,z) = \exp\left(\frac{-(x-x_i)^2-(y-y_i)^2-(z-z_i)^2}{\beta^2}\right)$$

par des valeurs plus faibles pour une déformation locale.
Cet algorithme a été implanté en 3D et fonctionne correctement lorsque les deux graphes ont une topologie identique.

5. Expérimentations et résultats

Nous avons simulé un atlas anatomique par une image RMN. Nous avons 55 couples pour tester la mise en correspondance des sillons latéraux. Ce sillon présente des asymétries marquées entre les hémisphères droit et gauche d'un même patient, de nombreuses intersections et ramifications, variables en position et en nombre. L'identification de ce sillon résume de nombreux problèmes rencontrés pour les autres sillons, et est très facilement détecté et vérifié. La figure 4 donne un exemple de résultat. Sur l'ensemble des 55 couples testés, 48 ont donné un résultat correct et 7 ont échoué en éliminant trop de segments. Les échecs proviennent de 2 images sur lesquelles la position du sillon latéral est très différente des autres images. Ceci illustre une limitation de cette méthodologie dûe au recalage initial dans ce repère. La précision de l'orientation doit être inférieure à 30°.

Figure 4 : Exemple de résultat
A gauche : Atlas (haut) et Patient (bas)
A droite : Sillon latéral commun aux deux images



La fonction $\Phi(\sigma_1,\sigma_2)$ présente un minimum quand la mise en correspondance est correcte. Réciproquement, ce minimum détermine les valeurs des couples (σ_1,σ_2), assurant une correspondance exacte. Nous avons vérifié ceci pour les 55 exemples en faisant varier les valeurs de σ_1 et σ_2. Ces mesures montrent que sur l'ensemble des 55 essais, un jeu de coefficients standards σ_{1s},σ_{2s} assurent 48 bons résultats.

6. Conclusion

L'objectif initial de ces travaux était l'identification des segments de courbes appartenant au sillon latéral à partir d'images RMN. Le calcul de déformations par une méthode élastique (BURR) a mis en évidence la nécessité d'une topologie identique et le recours au système proposé. Cette méthode, basée sur la relaxation, modélise les relations géométriques entre les parties d'un sillon et entre sillons afin d'en extraire les structures communes. Elle donne de bons résultats pour reconnaître le sillon latéral sur des projections 2D d'une image RMN 3D. Les paramètres σ_1 et σ_2 dont dépend le système peuvent être déterminés sur un ensemble de tests.
Ces travaux se poursuivent actuellement par une modélisation des relations géométriques 3D et l'extension de la méthode aux autres sillons du cortex en y intégrant en particulier les relations entre sillons ou entre sillons et certaines structures internes au cerveau.

Remerciements
Ces travaux ont été partiellement supportés par SUN Microsystèmes.

References

[1] : Fox PT, Perlmutter JS, Raichle ME. A stereotactic method of anatomical localization for positron emission tomography. *J. Comp. Assist. Tomogr.*. 1985; 9:141-153.
[2] : Neelin P, Crossman J, Hawkes DJ, Ma y, Evans AC. Validation of an MRI/PET landmark registration method using 3D simultated PET images and point simulations. *3D Advanced image processing in medecine. 14th IEEE EMBS 1992*. pp 73-78.
[3] : Gee JC, Reivich M, Bajcsy R. Elastically deforming 3D atlas to match anatomical brain images. *J. Comp. Assit. Tomogr.*. 1993; 17:225-236.
[4] : Allain P, Travere JM, Baron JC, Bloyet D, Desvignes M. Entirely automatic 3D MRI brain analysis as a step in multi modal processing. *14th IEEE EMBS.1992*.
[5] : Desvignes M, Fawal H., Revenu M., Bloyet D, Allain P, Travere JM, Baron JC. Reconnaissance du sillon latéral sur image RMN 3D. RFIA. Paris 1994.
[6] : Desvignes M, Fawal H., Revenu M., Bloyet D, Allain P, Travere JM, Baron JC. Calcul de la profondeur en un point des sillons du cortex . GRETSI. Juan les Pins. 1993
[7] : Ballard DH, Braun CM. Computer Vision. Prentice Hall 1982.
[8] : Bertille JM. Le réseau élastique appliqué à la reconnaissance des chiffres manuscrits. RFIA. Paris 1994.
[9] : Kass M., Terzopoulos D., Wintkin A. .Snakes : active contours models. 3rd Int. Conf. on Comp. Vision. pp 259-268. 1987.
[10] : Gueziec A, Ayache N. Large deformable splines, Crest lines and machting. *4th Int. Conf. on Computer Vision*. Berlin, june 1993.
[11] : Burr DJ. A dynamic model for image registration. *C.G.I.P.*; 15:102-112. 1981.
[12] : Hummel RA., Zucker SW.. On the Foudations of Relaxation Labeling Processes - IEEE .PAMI, vol 5, No.1, 1983.