HAL
open science

Super-résolution et segmentation simultanées d'IRM cérébrales néonatales par réseaux antagonistes génératifs

Chi-Hieu Pham, Carlos Tor-Díez, Hélène Meunier, Nathalie Bednarek, Ronan Fablet, Nicolas Passat, François Rousseau

To cite this version:

Chi-Hieu Pham, Carlos Tor-Díez, Hélène Meunier, Nathalie Bednarek, Ronan Fablet, et al.. Super-résolution et segmentation simultanées d'IRM cérébrales néonatales par réseaux antagonistes génératifs. Congrès National d'Imagerie du Vivant (CNIV), 2019, Paris, France. hal-01978970

HAL Id: hal-01978970

https://hal.science/hal-01978970

Submitted on 12 Jan 2019

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.

Super-résolution et segmentation simultanées d'IRM cérébrales néonatales par réseaux antagonistes génératifs *

Chi-Hieu Pham[1], Carlos Tor-Díez[1], Hélène Meunier[2], Nathalie Bednarek[2,3], Ronan Fablet[4], Nicolas Passat[3], François Rousseau[1]

[1]IMT Atlantique, LaTIM U1101 INSERM, UBL, Brest
[2]Service de médecine néonatale et réanimation pédiatrique, CHU de Reims
[3]Université de Reims Champagne-Ardenne, CReSTIC, Reims
[4]IMT Atlantique, Lab-STICC UMR CNRS 6285, Brest

1 Résumé

Des études à long terme sur le développement des nouveau-nés prématurés ont clairement démontré qu'une majorité d'entre eux peut présenter des déficits moteurs, cognitifs et comportementaux importants. Cependant, notre compréhension de la nature des anomalies cérébrales sous-jacentes reste encore limitée. L'imagerie par résonance magnétique (IRM) offre des possibilités uniques pour la recherche *in vivo* du cerveau humain lors de son développement précoce. Cependant, l'analyse de l'IRM cérébrale néonatale clinique reste difficile, notamment en raison de sa faible résolution spatiale et de sa forte anisotropie. L'amélioration du traitement des données morphologiques, telles que l'augmentation de la résolution des images et la segmentation du cerveau, est donc un élément clef pour fournir des outils d'analyse morphométrique robustes.

Dans la plupart des pipelines de traitement d'image, les IRM sont d'abord sur-échantillonnées, traditionnellement par interpolation, puis segmentées par des méthodes automatisées. Cependant, l'utilisation de l'interpolation induit des difficultés d'estimation liées à une prise en compte insuffisante des textures et détails fins.

La super-résolution (SR) est une technique de reconstruction qui vise à améliorer la résolution d'un système d'imagerie [1]. La SR est un problème inverse typique. Récemment, les réseaux neuronaux convolutifs (CNN) 3D supervisés ont abouti à des résultats encourageants pour la SR d'IRM [2, 3]. Cependant, les fonctions de coût mises en œuvre conduisent à des images haute résolution lissées, et de fait peu réalistes [4, 5].

Après la reconstruction d'une image en haute résolution, le recours à une approche robuste de segmentation automatique est nécessaire pour mener une analyse correcte des

*Ces travaux ont été financés par le projet MAIA (contrat ANR-15-CE23-0009 de l'Agence Nationale de la Recherche, http://recherche.imt-atlantique.fr/maia), l'INSERM et l'Institut Mines Télécom Atlantique (Chaire "Imagerie médicale en thérapie interventionnelle"), la Fondation pour la Recherche Médicale (contrat DIC20161236453) et l'*American Memorial Hospital Foundation*. Nous remercions NVIDIA Corporation pour la donation de la carte Titan Xp GPU utilisée pour ces travaux.

structures cérébrales chez le nouveau-né. La segmentation de structures fines telles que la substance grise corticale reste notamment complexe [6, 7]. En particulier, la reconstruction et la segmentation de l'image sont effectuées séparément.

Les réseaux antagonistes génératifs (en anglais *generative adversarial networks* ou GANs) [9] ont été récemment considérés dans la communauté. Dans ce travail, nous proposons un réseau antagoniste génératif « complet » (SegSRGAN) pour la reconstruction à haute résolution et la segmentation simultanées des données IRM cérébrales de nouveau-nés. Notre méthode est inspirée par le Wasserstein-GAN [9] et la fonction de coût de Charbonnier [10] pour la reconstruction (figure 1). Cette approche simultanée est d'abord évaluée sur des images en basse résolution simulées à partir d'une base de données néonatales haute résolution (tables 1 et 2 et figure 2). Puis, le modèle pré-entraîné a été utilisé pour améliorer et segmenter des images cliniques basse résolution *in vivo* (figure 3). Ces résultats expérimentaux démontrent le potentiel de notre méthode en ce qui concerne les applications médicales pratiques.

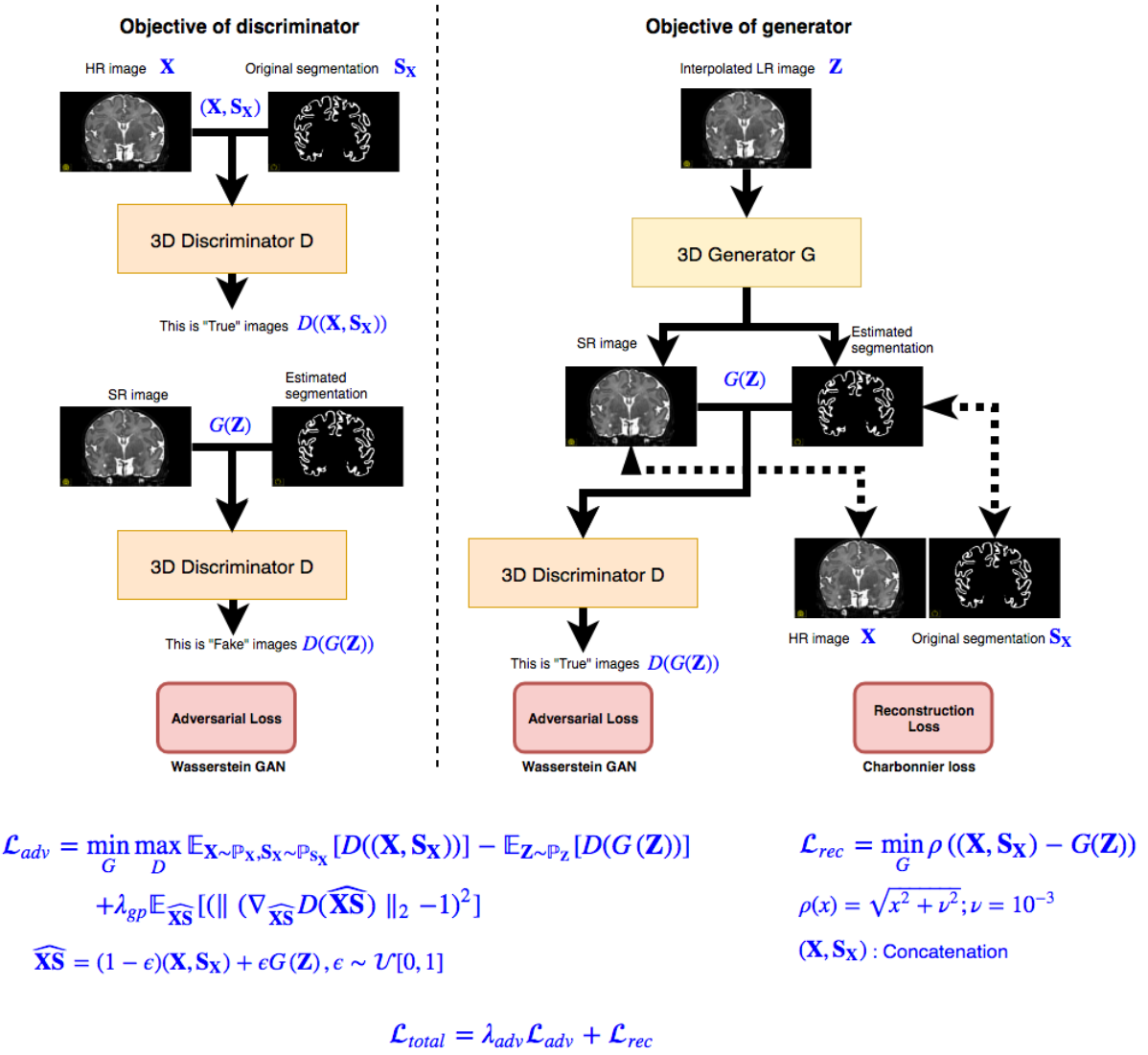
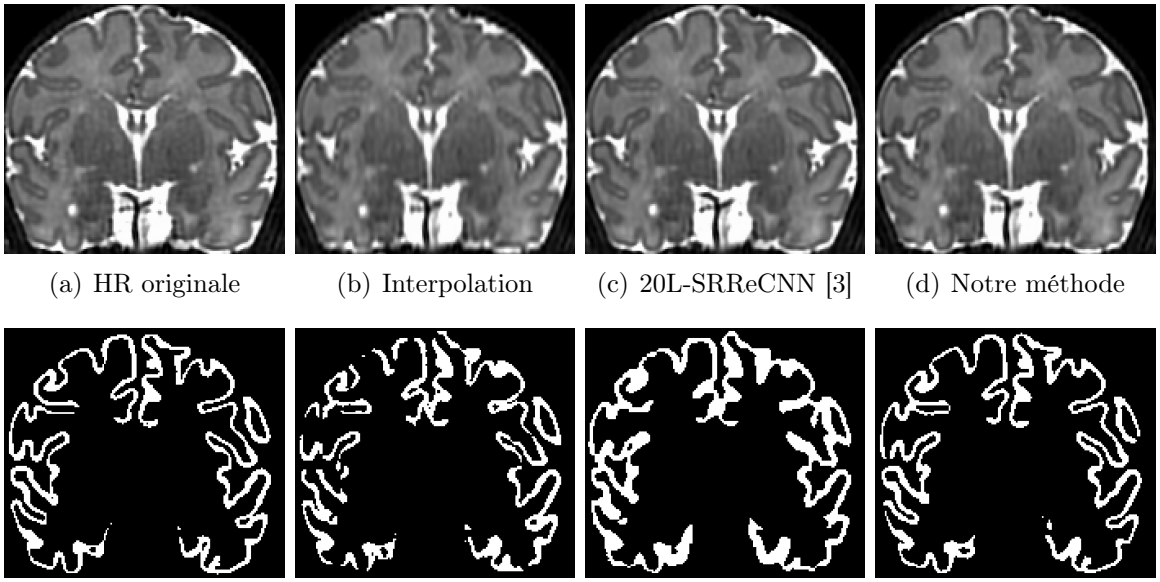


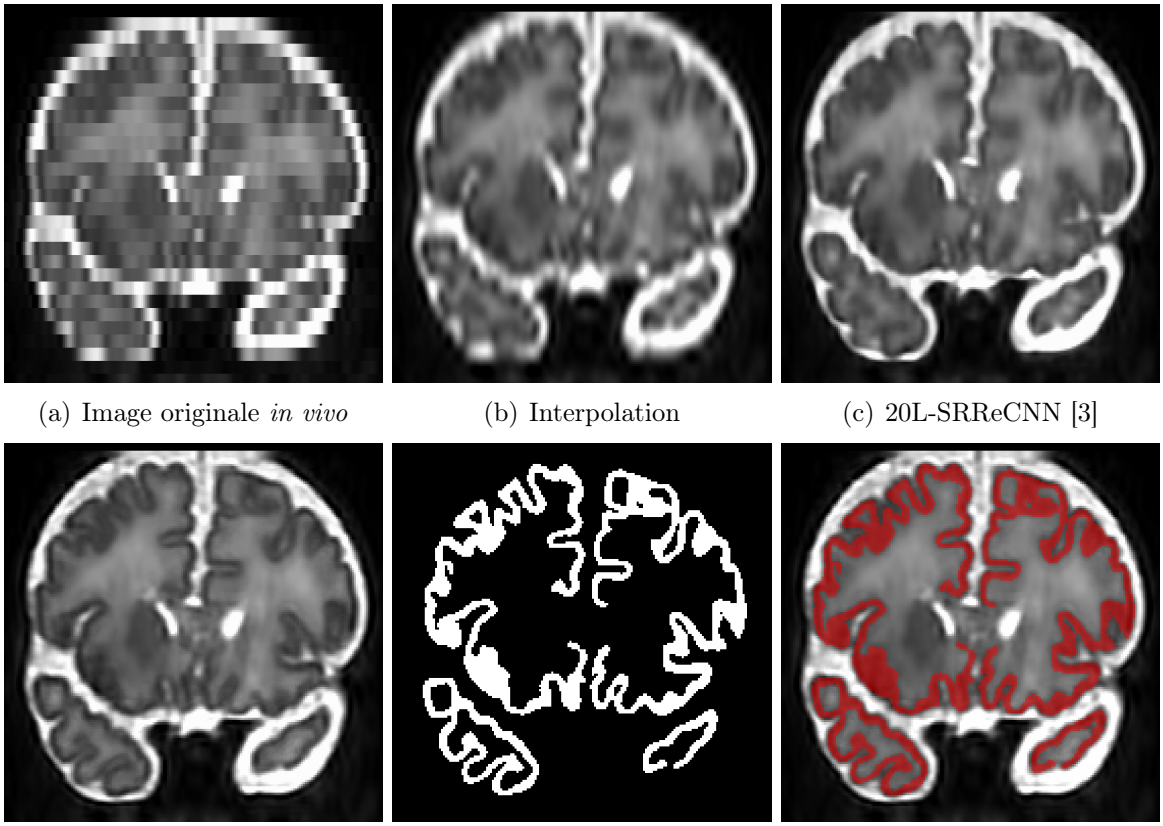
FIGURE 1 – Synthèse visuelle de la méthode proposée.



(a) HR originale (b) Interpolation (c) 20L-SRReCNN [3] (d) Notre méthode

(e) Seg. original (f) IMAPA [7] (g) DrawEM [8] (h) Notre méthode

FIGURE 2 – Résultats de SR et segmentation pour une image simulée : (a) image haute resolution (HR) orignale ; (b–d) reconstruction de SR par rapport à une image basse résolution générée à partir de (a) ; (e) segmentation originale de (a) ; (f,g) segmentation de (b) ; (h) segmentation HR obtenue par notre méthode SegSRGAN par rapport à une image basse résolution générée à partir de (a).



(a) Image originale *in vivo* (b) Interpolation (c) 20L-SRReCNN [3]

(d) Nos résultats de SR (e) et de segmentation (f) Synthès des deux résultats

FIGURE 3 – Reconstruction (b–d) et segmentation (e) pour une image basse resolution cérébrale néonatale *in vivo* (a) pour une résolution de $0.446 \times 0.446 \times 3$ mm^3, ré-échantillonée à $0.5 \times 0.5 \times 0.5$ mm^3.

Table 1 – Évaluation quantitative des méthodes de SR pour dHCP.

	Interpolation	20L-SRReCNN [3]	SegSRGAN
PSNR	30.70	35.84	31.75
SSIM	0.9492	0.9739	0.9624

Table 2 – Évaluation quantitative des méthodes de segmentation pour dHCP.

	IMAPA [7]	DrawEM [8]	SegSRGAN
Dice (mean)	0.788	0.818	0.886
Dice (std. dev.)	0.061	0.014	0.011

Références

[1] H. Greenspan, "Super-resolution in medical imaging," *The Computer Journal*, vol. 52, pp. 43–63, 2008.

[2] C.-H. Pham, A. Ducournau, R. Fablet, and F. Rousseau, "Brain MRI super-resolution using deep 3D convolutional networks," in *IEEE ISBI*, 2017, pp. 197–200.

[3] C.-H. Pham, R. Fablet, and F. Rousseau, "Multi-scale brain MRI super-resolution using deep 3D convolutional networks," Preprint hal-01635455, 2017.

[4] C. Ledig et al., "Photo-realistic single image super-resolution using a generative adversarial network," in *IEEE CVPR*, 2017, pp. 105–114.

[5] Y. Chen, F. Shi, A. G. Christodoulou, Y. Xie, Z. Zhou, and D. Li, "Efficient and accurate MRI super-resolution using a generative adversarial network and 3D multi-level densely connected network," in *MICCAI*, 2018, pp. 91–99.

[6] A. Makropoulos, S. J. Counsell, and D. Rueckert, "A review on automatic fetal and neonatal brain MRI segmentation," *NeuroImage*, vol. 170, pp. 231–248, 2017.

[7] C. Tor-Díez, N. Passat, I. Bloch, S. Faisan, N. Bednarek, and F. Rousseau, "An iterative multi-atlas patch-based approach for cortex segmentation from neonatal MRI," *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 70, pp. 73–82, 2018.

[8] A. Makropoulos et al., "Automatic whole brain MRI segmentation of the developing neonatal brain," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 33, pp. 1818–1831, 2014.

[9] I. Gulrajani, F. Ahmed, M. Arjovsky, V. Dumoulin, and A. C. Courville, "Improved training of Wasserstein GANs," in *NIPS*, 2017, pp. 5769–5779.

[10] P. Charbonnier, L. Blanc-Féraud, G. Aubert, and M. Barlaud, "Deterministic edge-preserving regularization in computed imaging," *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 6, pp. 298–311, 1997.