

Segmentation de tumeurs cérébrales et intégration dans un modèle de l'anatomie

Brain tumor segmentation and integration in an anatomical model

H. Khotanlou, J. Atif, B. Batrancourt, O. Colliot, E. Angelini, I. Bloch
GET-ENST, Dép. TSI, CNRS UMR 5141 LTCI, Paris, France - E-mail : Prenom.Nom@enst.fr

Résumé

Cet article présente une méthodologie originale de représentation, à partir d'acquisitions IRM, de structures cérébrales en présence d'une pathologie tumorale non-infiltrante. Cette méthodologie inclut la détection et la segmentation automatiques de la tumeur, la description de son environnement anatomo-fonctionnel, des structures cérébrales internes et de leurs relations spatiales à la tumeur.

Mots Clef

Imagerie cérébrale, IRM, tumeurs, logique floue, classification, modèles déformables, relations spatiales.

Abstract

An original methodology is proposed for the representation, using MRI acquisitions, of cerebral structures in the presence of non-infiltrating pathology. This methodology includes the automatic detection and segmentation of brain tumors, the description of their anatomic and functional environment, the description of internal cerebral structures and their spatial relations to the tumor.

Key words

Brain imaging, MRI, tumors, fuzzy sets, classification, deformable models, spatial relations.

1 Introduction

A des fins aussi diverses que l'aide au diagnostic, le suivi et la planification thérapeutiques, le support à l'enseignement, le raisonnement à partir de cas, l'indexation et la fouille de données, il est primordial de disposer d'une description intégrant, dans la modélisation du cerveau humain, la localisation de la tumeur, son type, sa segmentation, son positionnement anatomo-fonctionnel, la description des structures environnantes et de leurs relations spatiales. Si la littérature est riche en travaux sur la segmentation des structures cérébrales et celle de pathologies, ces deux composantes sont rarement intégrées, et la description de la pathologie via ses relations spatiales aux structures normales a connu peu de développements en traitement d'images. De plus les méthodes dédiées à la segmentation des pathologies tumorales souffrent d'un manque de robustesse, de précision et sont dans la plupart des cas su-

pervisées. Elles sont ainsi difficilement généralisables à divers types de tumeurs.

Dans cet article, nous présentons une méthode originale de segmentation 3D de tumeurs cérébrales en imagerie par résonance magnétique (IRM), ainsi que leur intégration dans un modèle anatomique du cerveau construit à partir de la segmentation et la reconnaissance de structures normales dans l'image IRM. Le modèle proposé est donc spécifique et adapté au cas individuel traité, et permet de fournir une description anatomo-fonctionnelle des images.

Le schéma général de la méthode est présenté dans la section 2. Une des originalités de l'approche proposée réside dans l'intégration de relations spatiales dans des méthodes de segmentation fondées sur des modèles déformables. Ce principe est décrit dans la section 3. La méthode de détection et de segmentation des tumeurs est décrite dans la section 4. La segmentation des structures internes s'appuie sur des travaux antérieurs développés dans le cas d'images sans pathologie. Dans la section 5, nous nous interrogeons sur son application au cas d'images présentant des tumeurs. Enfin, la mise en correspondance anatomo-fonctionnelle est présentée dans la section 6.

2 Méthodologie générale

Notre méthodologie trouve son originalité en deux points : la prise en compte de l'aspect pathologique, et l'étude de l'influence de celui-ci sur l'aspect structurel et fonctionnel des zones avoisinantes. Dans ce sens, nous proposons des paradigmes « pathologie-dépendants », faisant coopérer des méthodes d'analyse d'images, de raisonnement spatial, de gestion de l'incertain et de logique floue.

L'approche globale suit le schéma suivant :

- **Normalisation des données IRM dans un référentiel stéréotaxique** à l'aide d'un recalage linéaire, permettant la construction des relations spatiales et la mise en correspondance anatomo-fonctionnelle. Cette étape repose sur des outils classiques et ne sera pas détaillée dans la suite [7].
- **Détection et segmentation de la pathologie tumorale** : cette étape repose sur une méthode de segmentation originale en deux étapes : une première classification est réalisée par une méthode floue fondée sur l'algorithme FPCM (Fuzzy Possibilistic C-Means) [19] ; puis la segmentation est raffinée par un modèle déformable para-

métrique utilisant le flux de vecteur gradient généralisé [25].

- **Segmentation des structures cérébrales internes** : cette partie s’appuie sur une méthode développée pour les images normales [9]. Il s’agit d’une approche contextuelle de la segmentation s’appuyant sur des descriptions structurales (essentiellement des relations spatiales) décrites dans des manuels d’anatomie¹ [23].

La méthode s’appuie sur la fusion de contraintes ou connaissances a priori modélisées par des ensembles flous et leur intégration dans un modèle déformable comme une force externe supplémentaire. Dans le cadre des images pathologiques, nous montrons que la méthode reste robuste pour certaines structures internes.

- **Mise en correspondance des informations structurales et fonctionnelles** : il s’agit ici, grâce à la localisation du siège lésionnel, de quantifier le déficit cognitif ou fonctionnel induit par la pathologie. La normalisation dans le cadre stéréotaxique permet la mise en correspondance de façon directe avec le référentiel cytoarchitectonique de Brodmann.

3 Modèle déformable et contraintes spatiales

Notre méthode de segmentation de structures cérébrales repose sur la combinaison d’un modèle déformable et de relations spatiales entre des structures [9]. Ces relations spatiales correspondent à des descripteurs anatomiques des structures cérébrales et sont représentées par des sous-ensembles flous de l’espace de l’image [3]. Leur intégration dans le schéma d’évolution du modèle déformable repose sur l’introduction d’une nouvelle force calculée à partir d’un ensemble flou. Cette force permet de contraindre le modèle déformable à vérifier les relations spatiales décrivant l’objet cible et améliore significativement la segmentation des objets aux frontières mal définies [9].

L’évolution du modèle déformable est décrite par l’équation dynamique de forces suivante [24] :

$$\gamma \frac{\partial \mathbf{X}}{\partial t} = \mathbf{F}_{int}(\mathbf{X}) + \mathbf{F}_{ext}(\mathbf{X}) \quad (1)$$

où \mathbf{F}_{int} est la force interne et \mathbf{F}_{ext} la force externe.

Cependant, au lieu de correspondre uniquement à l’attache aux données, comme c’est classiquement le cas, la force externe \mathbf{F}_{ext} contient également un terme décrivant les relations spatiales :

$$\mathbf{F}_{ext} = \lambda \mathbf{F}_C + \nu \mathbf{F}_R \quad (2)$$

où λ et ν sont des coefficients de pondération, \mathbf{F}_C est un terme classique d’attache aux données et \mathbf{F}_R est une force associée aux relations spatiales.

Plusieurs méthodes de construction de \mathbf{F}_R ont été proposées dans [9]. Une de ces approches consiste en la création

d’un potentiel d’énergie par prolongation de l’ensemble flou en dehors de son support :

$$P_R(P) = 1 - \mu_R(P) + d_{supp}(R)(P) \quad (3)$$

où μ_R est la fonction d’appartenance à l’ensemble flou R représentant une relation spatiale et $d_{supp}(R)$ est la distance au support de R . La force \mathbf{F}_R est dérivée du potentiel P_R et normalisée par :

$$\mathbf{F}_R(P) = -(1 - \mu_R(P)) \frac{\nabla P_R(P)}{\|\nabla P_R(P)\|} \quad (4)$$

La figure 1 présente un exemple de relation spatiale et de force correspondante.

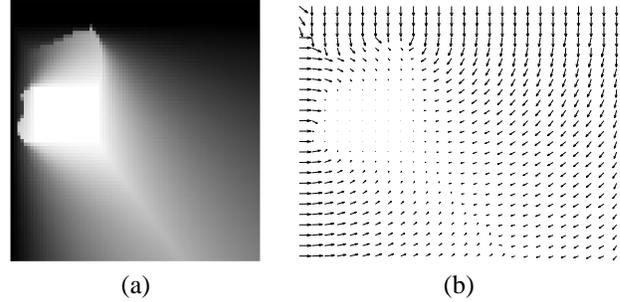


FIG. 1 – Calcul de la force \mathbf{F}_R à partir d’un ensemble flou correspondant à une relation spatiale. (a) Ensemble flou représentant la relation « en dehors du troisième ventricule et en-dessous du ventricule latéral » (les niveaux de gris élevés correspondent aux régions dans lesquelles la relation est bien satisfaite). (b) Force \mathbf{F}_R calculée en utilisant l’ensemble flou comme un potentiel d’énergie.

4 Détection et segmentation automatiques de tumeurs cérébrales

4.1 Un aperçu des approches existantes et de leurs limites

La littérature en traitement d’images est riche en méthodes de segmentation de structures cérébrales normales, mais peu de méthodes concernent les pathologies. Force est de constater que ces méthodes, initialement conçues pour les structures saines, trouvent leurs limites dès qu’une pathologie vient désorganiser l’agencement structurel et altérer les valeurs radiométriques des tissus cérébraux. Les méthodes dédiées à la détection de tumeurs cérébrales en sont encore à un stade exploratoire, et les quelques techniques publiées à ce jour souffrent d’un manque de robustesse, de précision, et nécessitent dans leur majorité une interaction manuelle. Pour appuyer notre postulat, nous présentons une revue rapide des méthodes existantes.

Les méthodes traitant de la segmentation des tumeurs cérébrales se divisent en deux classes : celles qui se fondent sur une approche « données » et celles qui se fondent sur une approche « modèle ».

¹ Voir par exemple <http://www.chups.jussieu.fr/ext/neuranat>

Dans le cadre de la première classe, Clark et al. [6] ont proposé un algorithme combinant connaissances a priori et méthodes floues. Cette méthode présente deux inconvénients : (i) plusieurs protocoles d'imagerie IRM sont requis (T1, T2 et DP), (ii) une phase d'apprentissage est nécessaire à l'étape de segmentation.

D'autres techniques se fondent sur des méthodes statistiques de reconnaissance de formes. Kaus et al. [14] ont proposé une méthode automatique de segmentation de petites tumeurs cérébrales qui utilise une classification statistique et un recalage avec un atlas anatomique. Dans le même esprit, Moon et al. [17] utilisent l'algorithme EM et des connaissances a priori provenant d'un atlas anatomique. Ces méthodes atteignent leurs limites dans le cas de larges déformations dans le cerveau et elles nécessitent des images multiprotocoles (T1, T2, DP, agents de contraste) pour l'étape de classification.

Prastawa et al. [21] considèrent la pathologie tumorale comme une donnée aberrante (un « outlier »), et utilisent pour son extraction une classification statistique pour procéder à une segmentation approximative de la tumeur avant de la raffiner par des contraintes géométriques et spatiales. Un algorithme fondé sur la connexité floue a été utilisé par Moonis [18]. La méthode est semi-automatique : l'utilisateur doit sélectionner le siège lésionnel. La connexité est déterminée dans la région sélectionnée. La tumeur est délimitée comme un objet flou contenant les points « germe ». D'autres méthodes, souffrant des mêmes limites, ont été introduites [5, 10, 22].

Dans le cadre de l'approche par « modèle », Lefohn et al. [15] ont introduit une méthode de segmentation semi-automatique des tumeurs par ensembles de niveaux. L'utilisateur sélectionne dans un premier temps la région tumorale, et adapte les paramètres d'un modèle déformable au fur et à mesure de son évolution. Zhu et Yang [26] ont introduit un algorithme combinant réseaux de neurones et modèles déformables. Leur méthode traite chaque coupe séparément, et n'utilise donc pas réellement l'information tridimensionnelle. Ho et al. [13] ont proposé un modèle déformable géométrique avec compétition de régions. Leur méthode requiert des images multiprotocoles (T1 avec et sans agent de contraste) et calcule la carte de probabilité de la tumeur par classification, analyse d'histogramme et différence entre les images. Cette carte de probabilité est utilisée comme le niveau zéro de l'évolution du modèle déformable géométrique. Ces approches par modèles souffrent du problème d'adaptation des paramètres pour chaque nouveau cas de tumeur.

4.2 Détection par classification et segmentation automatiques

Dans cet article, nous présentons une méthode automatique, qui procède par une combinaison des approches par « modèle » et par « données ». Elle ne requiert aucune interaction, opère en 3D et n'utilise que des protocoles standard d'acquisition en T1. Elle combine l'algorithme FPCM, des

opérations de morphologie mathématique, et un modèle déformable paramétrique, bénéficiant de la sorte des avantages des deux approches, tout en éliminant leurs inconvénients.

Une première étape permet de segmenter le cerveau et de restreindre les traitements suivants à cette seule région. La méthode s'appuie sur l'algorithme de [16], qui associe des opérations morphologiques à une analyse de l'histogramme permettant d'estimer les statistiques de niveaux de gris des principales structures.

L'algorithme FPCM a été introduit par Pal et al. [19]. C'est une combinaison entre des algorithmes de classification possibiliste (PCM) et de classification floue (FCM). Cette combinaison permet de prendre en considération à la fois le degré d'appartenance et de « typicalité » des données, ces deux aspects étant importants en classification. L'algorithme FPCM a été conçu dans ce sens.

Afin de détecter et d'étiqueter la tumeur, nous utilisons une implantation rapide de l'algorithme FPCM, qui se fonde sur l'histogramme des intensités. Puisque le processus d'extraction du cerveau nous fournit une première estimation des principaux tissus (matière grise (MG), matière blanche (MB), liquide céphalo-rachidien (LCR)), nous exploitons cette information pour initialiser de façon optimale notre algorithme de classification, surmontant ainsi le problème classique des méthodes de classification lié à l'initialisation. Cela nous garantit que l'algorithme est initialisé avec des centres de classes (intensités moyennes) proches du résultat final. Pour obtenir les valeurs discriminantes initiales de la tumeur, nous utilisons le résultat de l'analyse de l'histogramme. Nous procédons par la suite à une classification en cinq classes : LCR, MG, MB, la tumeur et le fond (à ce stade de l'étude nous ne considérons pas l'œdème éventuel). Puisque les pathologies tumorales que nous traitons (tumeurs non infiltrantes) présentent une hyper-intensité, elles portent, après classification, l'étiquette la plus élevée. Par la suite, des opérations morphologiques sont appliquées à l'image résultat pour corriger les erreurs éventuelles de classification (ouverture, érosion, sélection de composantes connexes).

Afin d'obtenir une segmentation précise de la tumeur, nous utilisons un modèle déformable paramétrique fondé sur le flux de vecteur gradient généralisé (GGVF) [25]. Le résultat de la classification est transformé en maillage simplexe \mathbf{X} et est utilisé comme modèle initial de l'étape d'évolution du modèle déformable. Nous utilisons pour cela une méthode similaire à celle décrite à la section 3. La force interne est choisie, de manière classique, sous la forme :

$$\mathbf{F}_{int} = \alpha \nabla^2 \mathbf{X} - \beta \nabla^2 (\nabla^2 \mathbf{X}) \quad (5)$$

où α et β contrôlent la tension et la rigidité de la surface. La discrétisation des opérateurs différentiels est réalisée par différences finies. La force interne est calculée à partir d'une image de gradient diffusée selon la technique du GGVF : notée v et initialisée par ∇f , elle résulte de la diffusion d'une carte de contours f et est obtenue comme la

solution d'équilibre de l'équation suivante :

$$\frac{\partial v}{\partial t} = g(\|\nabla f\|)\nabla^2 v - h(\|\nabla f\|)(v - \nabla f) \quad (6)$$

où g et h sont des fonctions de pondération (non constantes) définies par :

$$g(r) = e^{-\frac{r^2}{\alpha}}, \quad h(r) = 1 - g(r).$$

4.3 Résultats

La carte de contours utilisée pour la diffusion est réalisée par le filtre de Canny-Deriche suivi d'un seuillage par hystérésis. La méthode de segmentation ne nécessite que très peu de paramètres, ce qui est un avantage important. Notre expérience nous a montré que l'algorithme GGVF n'est pas sensible au paramètre k . Nous l'avons fixé à 0,05 pour tous les cas traités. Les paramètres de la force interne utilisés sont $\alpha = 0,5$ et $\beta = 0$. Une fois encore, ces paramètres ont été fixés pour tous les cas étudiés.

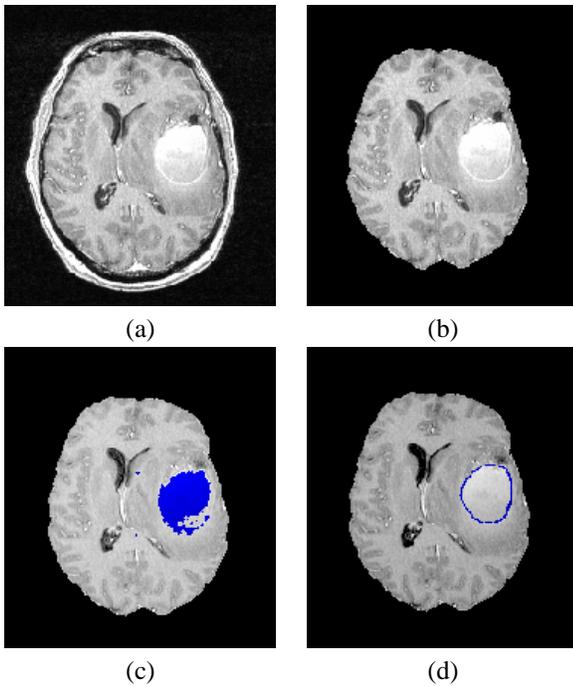


FIG. 2 – (a) Coupe extraite d'une image IRM 3D. (b) Résultat de la segmentation du cerveau. (c) Résultat de l'étape de classification. (d) Raffinement avec le modèle déformable, permettant de retrouver l'ensemble de la tumeur, y compris la partie moins intense non détectée par la classification.

Nous avons appliqué notre algorithme à cinq patients présentant des tumeurs différentes de par la taille et la position. Nous avons obtenu de bons résultats pour l'ensemble des données sans adaptation de paramètres. L'évaluation a été pour l'instant effectuée uniquement de manière visuelle par des experts médicaux. Des résultats sur deux cas très différents sont illustrés dans les figures 2 et 3.

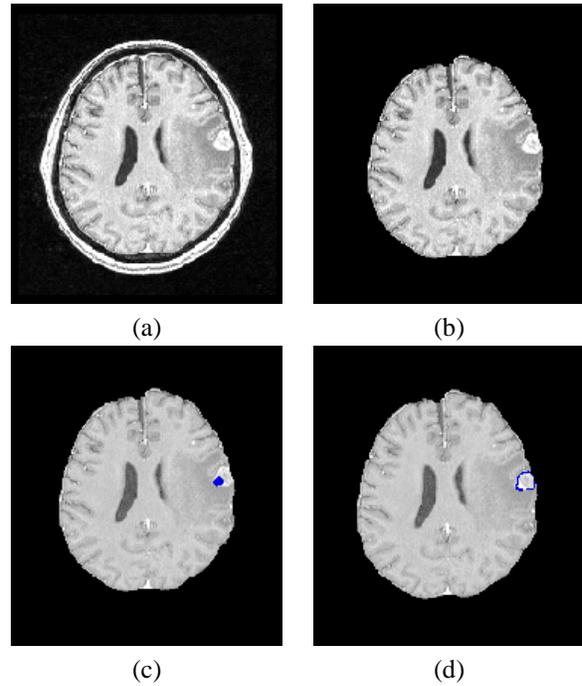


FIG. 3 – Résultats sur un cas très différent de celui de la figure 2. La classification ne donne qu'une localisation très grossière et réduite. Malgré cela, l'étape de raffinement par le modèle déformable donne un très bon résultat.

Les développements futurs de cette partie concernent l'extension de la méthode dans le cas de présence de plusieurs pathologies dans un même ensemble de données, l'extraction des œdèmes et la prise en compte des pathologies infiltrantes. L'évaluation sera également menée sur des bases de données plus importantes, par comparaison avec des résultats de segmentation manuelle fournis par plusieurs experts médicaux.

5 Segmentation des structures internes en présence d'une pathologie tumorale

Si notre approche de segmentation des structures cérébrales internes normales a prouvé son utilité, son exploitation dans le cadre pathologique est nouvelle. A cause des fortes déformations que la tumeur peut induire sur les structures normales (comme dans l'exemple de la figure 2), les caractéristiques de forme ne peuvent pas être utilisées, et l'utilisation des relations spatiales pour contraindre l'étendue des déformations du contour actif est alors particulièrement intéressante.

Des travaux en cours concernent la construction dynamique de ces contraintes à partir d'un raisonnement local dans des graphes d'attributs flous dont les nœuds correspondent à des structures cérébrales et les arcs à leur agencement structurel. Dans le cadre de cette étude, nous nous sommes limités à l'extraction de structures internes,

qui même en présence d'une pathologie, conservent des propriétés structurelles invariantes : c'est le cas du noyau caudé. En effet, même si les ventricules latéraux sont largement atrophiés par la tumeur, les noyaux caudés gardent certaines relations spatiales par rapport à ces derniers : « en dehors des ventricules » et « près des ventricules ». De plus, les résultats obtenus en utilisant ces mêmes relations aussi bien dans le cas normal que pathologique consolident le postulat de départ, à savoir la pertinence de l'utilisation des relations spatiales et leur formalisation en logique floue pour la reconnaissance structurelle de scènes, puisque celles-ci sont plus stables que les propriétés des structures elles-mêmes. Dans l'exemple de la figure 2, les ventricules et les noyaux caudés ont une taille et une forme modifiées par la présence de la tumeur, alors que les deux relations citées restent vérifiées.

Après extraction de la tumeur, nous procédons à la segmentation automatique des ventricules latéraux et des noyaux caudés. Les paragraphes qui suivent décrivent les différentes étapes du processus.

5.1 Segmentation des ventricules latéraux

Les ventricules latéraux présentent une homogénéité radiométrique et morphologique et sont ainsi facilement délimitables dans les images IRM en T1. En effet, ils sont constitués principalement de liquide céphalo-rachidien. Cette homogénéité est préservée en présence d'une tumeur non-infiltrante.

Pour extraire les ventricules, une région d'intérêt est déterminée automatiquement. Elle correspond à la description spatiale : « à l'intérieur du cerveau ». Cette connaissance facilite l'élimination des sillons qui ont des valeurs radiométriques proches de celles des ventricules. Par la suite, nous avons eu recours à deux méthodes. La première, décrite dans [11, 8], correspond à l'utilisation d'opérateurs de morphologie mathématique. La seconde exploite le résultat de l'étape d'extraction de la tumeur par FPCM.

Pour extraire la tumeur, une classification en cinq classes dont une correspond au LCR est réalisée. La valeur moyenne dans cette classe est alors utilisée pour l'extraction des ventricules. Le résultat de cette extraction fournit également le liquide des sillons qui sont par la suite éliminés par opérations morphologiques (ouverture, érosion et sélection de la plus grande composante connexe), ainsi qu'en utilisant la connaissance a priori sur la localisation spatiale. Les deux méthodes testées donnent des résultats satisfaisants, mais le résultat du FPCM est plus précis. Sur les cas étudiés, la segmentation ainsi obtenue est satisfaisante et n'a pas nécessité de raffinement par modèle déformable.

5.2 Segmentation des noyaux caudés

Comme nous l'avons évoqué précédemment, malgré la présence de la tumeur et la déformation des structures adjacentes, les relations spatiales retenues pour l'extraction des noyaux caudés dans l'anatomie saine sont préservées.

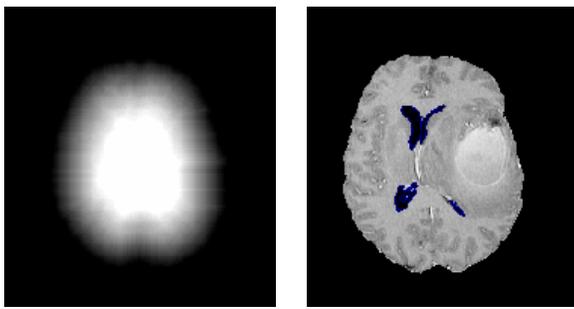
Ces relations, utilisées pour contraindre le modèle déformable, sont « en dehors des ventricules latéraux » et « près des ventricules latéraux ». La segmentation procède en deux phases. La première correspond à la sélection de la zone d'intérêt pour l'initialisation du modèle déformable. Cette zone est obtenue par fusion conjonctive (la t-norme produit a été utilisée ici) des deux relations ci-dessus, représentées par des ensembles flous spatiaux. La fonction d'appartenance μ_d définissant la relation spatiale « près de » est définie sur \mathbb{R}^+ comme une fonction linéaire par morceaux de forme trapézoïdale, de support $[n_1, n_4]$ et de noyau $[n_2, n_3]$. En chaque point x de l'image, le degré de satisfaction de la relation est calculé par $\mu_{\text{près}}(x) = \mu_d(d(x, V))$, où $d(x, V)$ désigne la distance de x aux ventricules V . Les paramètres utilisés sont $n_1 = 0$, $n_2 = 0$, $n_3 = 11$ et $n_4 = 22$ (en millimètres), et sont choisis en fonction de caractéristiques anatomiques. Notons qu'ils n'ont pas besoin d'être déterminés avec précision et que le fait même d'utiliser des ensembles flous garantit la robustesse de l'approche par rapport à ces choix. L'ensemble des $\mu_{\text{près}}(x)$ définit une région d'intérêt floue. De même, une région d'intérêt floue est définie pour représenter la relation « en dehors », qui est une information directionnelle liée au référentiel cérébral, et indépendante de l'hémisphère dans lequel elle est appliquée. Cette relation est construite par une dilatation floue [2, 9]. C'est dans la fusion de ces deux régions qu'un seuillage de l'image initiale est alors opéré. Le seuil est choisi automatiquement en fonction des valeurs radiométriques des différents tissus cérébraux estimées à partir des valeurs discriminantes de la matière grise et de la matière blanche [20]. Le seuil des noyaux caudés est ainsi estimé par $\alpha\mu_{MB} + (1 - \alpha)\mu_{MG}$, où μ_{MB} et μ_{MG} désignent les niveaux de gris moyen des classes MB et MG, obtenus lors de la phase de segmentation du cerveau, et $\alpha = 0.3$.

Les deux noyaux caudés (droit et gauche) correspondent alors aux deux plus grandes composantes connexes. L'étape de raffinement par modèle déformable est appliquée de façon séquentielle : segmentation de la partie droite puis segmentation de la partie gauche. Nous utilisons, de même que dans les étapes précédentes, l'algorithme GGVF auquel nous rajoutons une force interne floue correspondant à la fusion des relations spatiales utilisées, comme décrit dans la section 3. Les paramètres du modèle sont : $k = 0,05$, $\alpha = 0,1$ et $\beta = 0$. Notons que l'algorithme converge en moins de 40 itérations, et est donc suffisamment rapide.

5.3 Résultats

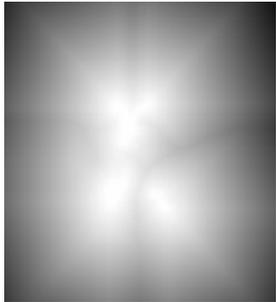
Nous illustrons sur les deux exemples des figures 2 et 3 les résultats de la segmentation des ventricules latéraux et des noyaux caudés (figures 4 et 5).

Ces résultats montrent une bonne segmentation des structures internes recherchées, et cela dans des cas très différents et malgré les déformations éventuelles induites par la tumeur. Ils illustrent l'intérêt de l'utilisation des relations

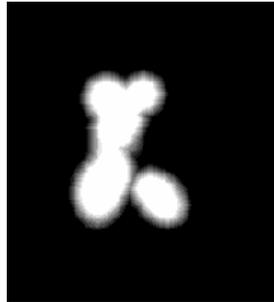


(a)

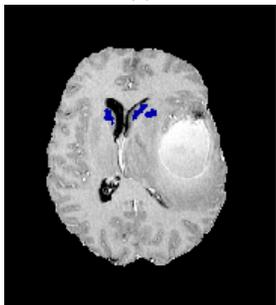
(b)



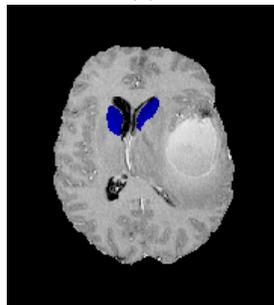
(c)



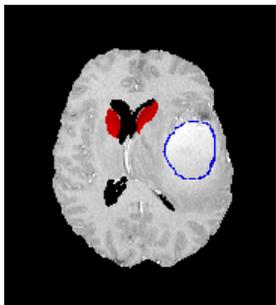
(d)



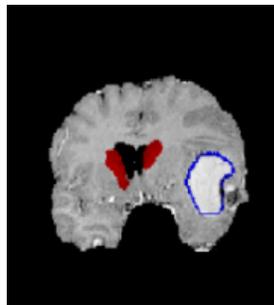
(e)



(f)



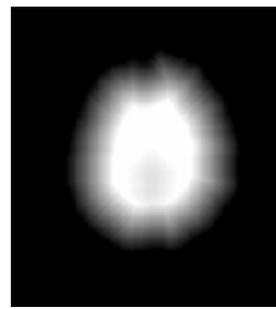
(g)



(h)

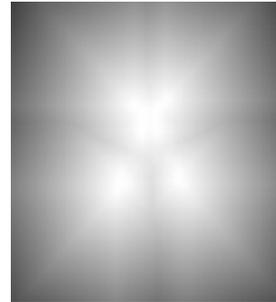
FIG. 4 – Cas de la tumeur de la figure 2. (a) Relation spatiale « à l'intérieur du cerveau ». (b) Résultat de segmentation des ventricules latéraux. (c) Carte de distance aux ventricules. (d) Relation spatiale « près des ventricules », définie en fonction de la distance. (e) Initialisation de la segmentation des noyaux caudés. (f) Segmentation finale des noyaux caudés. (g) Superposition de toutes les structures segmentées sur une coupe axiale. (h) Superposition de toutes les structures segmentées sur une coupe coronale.

spatiales, en particulier lorsque des informations a priori sur la forme ou la taille ne sont plus valides, comme c'est

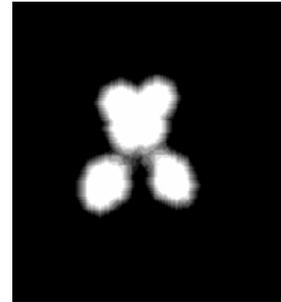


(a)

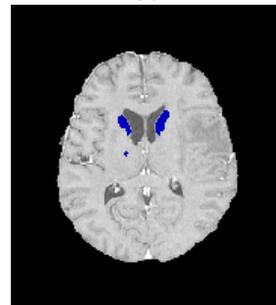
(b)



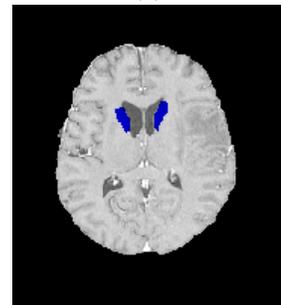
(c)



(d)



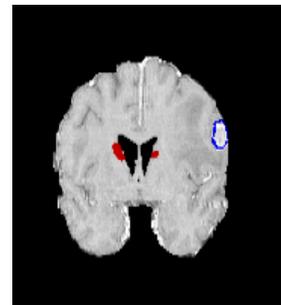
(e)



(f)



(g)



(h)

FIG. 5 – Cas de la tumeur de la figure 2. Relations spatiales et résultats de segmentation (cf. légende de la figure 4).

le cas en particulier sur l'exemple des figures 2 et 4. Les tests que nous avons effectués montrent une bonne robustesse aux paramètres des ensembles flous, qui n'ont donc pas à être déterminés de manière fine.

6 Mise en correspondance anatomo-fonctionnelle

D'une façon générale, la connaissance de l'architecture fonctionnelle du cerveau passe par deux approches complémentaires : approche fonctionnelle chez le sujet sain et approche anatomo-clinique chez le patient qui présente une lésion focale et bien limitée du cerveau, responsable de dysfonctionnements exprimés en clinique. Les atteintes focales peuvent produire des effets locaux ou être la cause de symptômes en créant une interruption dans un réseau neural fonctionnel. Les paradigmes d'imagerie fonctionnelle ou la neuropsychologie n'opèrent pas directement sur les rapports du cerveau et du comportement. En conséquence, il s'agit plutôt de déterminer jusqu'à quel degré de cohérence et de garanties précises il est possible d'imaginer un modèle des liens entre cerveau et comportement chez l'homme, qui à la fois utiliserait le plus d'informations et nécessiterait le moins d'hypothèses [12].

Il s'agit ici d'aider à quantifier le déficit cognitif ou fonctionnel induit par la pathologie. Nos méthodes de segmentation permettent de déterminer les structures cérébrales concernées tandis que la normalisation dans un référentiel stéréotaxique permet la mise en correspondance de façon directe avec le référentiel cytoarchitectonique de Brodmann [4] (figure 6).

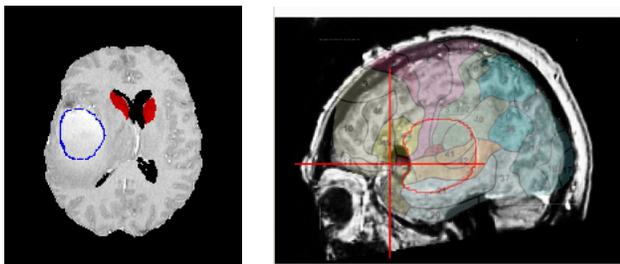


FIG. 6 – Segmentation de la tumeur et des noyaux internes. Mise en correspondance anatomo-fonctionnelle dans le référentiel de Brodmann.

L'architecture la plus accomplie de notre modèle tient en sa capacité de mise en correspondance des données anatomiques et des données fonctionnelles. La notion de localisation cérébrale devra faire référence aux relations existant entre cytoarchitecture, zones fonctionnelles et anatomie sulco-gyrale. Les données fonctionnelles acquises chez un sujet (paradigmes d'imagerie fonctionnelle ou de neuropsychologie) prennent sens uniquement lorsqu'elles sont localisées précisément et mises en relation avec l'anatomie et l'organisation structurelle du cerveau.

Notre méthodologie qui permet de détecter et d'enregistrer un certain nombre d'éléments sur l'organisation structurelle du cerveau (caractéristiques spatiales, coordonnées d'une structure donnée, position par rapport aux autres structures...) doit également intégrer des éléments sur l'organisation fonctionnelle et avoir en perspective, ainsi que

l'illustre la figure 7, la transformation des informations obtenues dans l'image vers un cadre cognitif ou fonctionnel « pathologie-dépendant » permettant de quantifier des données fonctionnelles en réponse à des besoins spécifiques à la clinique.

La complexité de ces deux natures d'information, anatomique et fonctionnelle, le passage de l'une à l'autre, ainsi que leurs inter-relations bénéficient pleinement d'une représentation des données propositionnelle et relationnelle sous forme de graphes attribués [1].

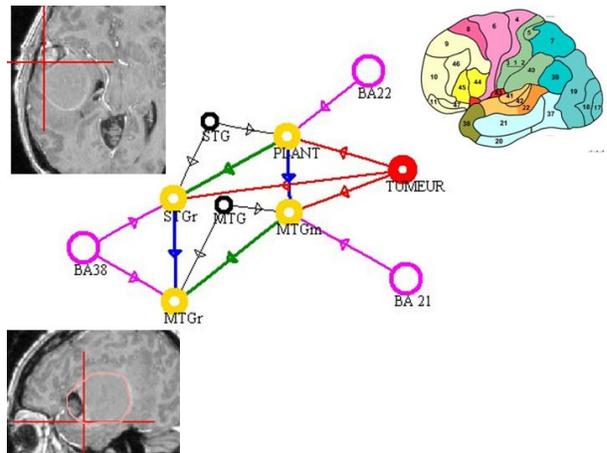


FIG. 7 – Modélisation anatomo-fonctionnelle. Mise en correspondance des données anatomiques et fonctionnelles.

Illustrons notre approche sur l'exemple de la figure 2. Dans cet exemple, il s'agit d'une tumeur corticale localisée dans le lobe temporal (STG, MTG) et touchant au-dessus le lobe frontal et en arrière le lobe pariétal. Une étude spatiale manuelle montre que la tumeur temporelle concerne uniquement la partie rostrale du gyrus temporal supérieur (STGr) ainsi que sa partie caudale (PLANT). En-dessous, la tumeur s'étend au gyrus temporal moyen dans sa partie médiane (MTGm). Cette localisation est illustrée dans la figure 8. Les structures et leurs abréviations sont données dans la table 1.

En termes de référentiel de Brodmann [4], la tumeur s'exprime sur les aires BA 21, BA 22 et BA 38 (voir tables 2 et 3). Il est à noter que l'aire de Brodmann BA 38 qui correspond au cortex olfactif (associatif limbique) et qui recouvre les parties les plus rostrales des gyrus temporaux supérieur et moyen, n'est pas complètement touchée par la tumeur. Cette information fonctionnelle pondérée « le cortex olfactif est en partie épargné » doit pouvoir être intégrée dans le graphe comme un nouvel attribut de nœud, ayant vocation à rendre compte de l'impact fonctionnel de la pathologie (figure 9).

Le but ici est de montrer qu'une méthodologie intégrant des algorithmes de segmentation « pathologie-dépendants », utilisant des connaissances anatomiques a priori, et bénéficiant d'une modélisation des données sous forme de graphes attribués, possède la capacité de mise en corres-

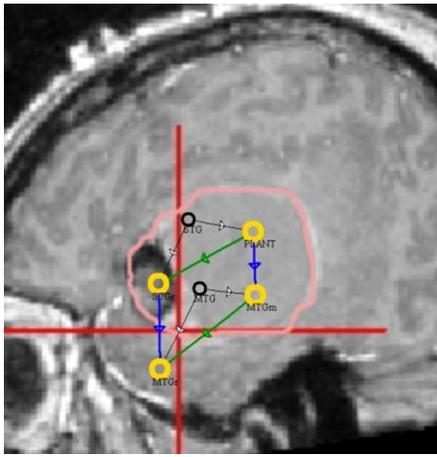


FIG. 8 – Tumeur corticale localisée en partie dans le lobe temporal.

Structure cérébrale	Libellé
TL	Temporal Lobe
TL/ STG	Superior temporal gyrus
TL/STG/ STGr	Rostral part of Superior temporal gyrus
TL/STG/ PLANT	Caudal part of Superior temporal gyrus
TL/ MTG	Middle temporal gyrus
TL/MTG/ MTGr	Rostral part of Middle temporal gyrus
TL/MTG/ MTGm	Area temporalis media

TAB. 1 – Référentiel anatomique sulco-gyral.

pondance des données anatomiques et des données fonctionnelles, dans un cadre anatomo-fonctionnel également « pathologie-dépendant ». Cette méthode peut alors répondre à des questions spécifiques en neuroanatomie pathologique.

Aire de Brodmann	Zone fonctionnelle
BA 21	Aire visuelle inférotemporale - Reconnaissance des formes
BA 22	Aire auditive associative - Audition
BA 38	Cortex olfactif, cortex associatif limbique

TAB. 2 – Référentiel cytoarchitectonique de Brodmann. Correspondance avec les zones fonctionnelles.

Aire de Brodmann	Structures cérébrales
BA 21	MTGm
BA 22	PLANT
BA 38	STGr, MTGr

TAB. 3 – Correspondances inter-référentiels.

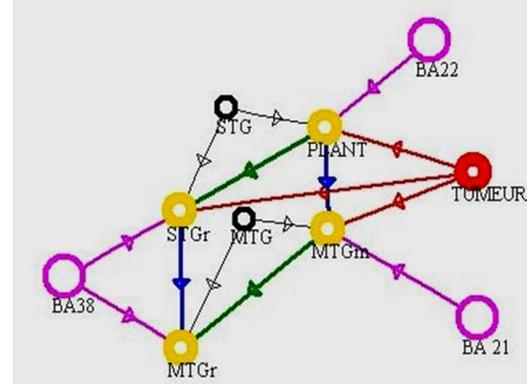


FIG. 9 – Mise en correspondance anatomofonctionnelle et modification du graphe de représentation des structures afin d’intégrer la tumeur et ses relations aux structures anatomo-fonctionnelles.

7 Discussion et perspectives

Les contributions de cet article visent à construire un modèle de représentation anatomo-fonctionnel intégrant structures normales et pathologiques ainsi que leurs relations. Partant de connaissances génériques, en particulier sur les relations spatiales entre structures anatomiques, nous spécifions la description pour l’adapter au cas du patient et à la pathologie. Cette méthodologie est en elle-même originale et contient de multiples facettes dont nous avons présenté les grandes lignes.

Ainsi, nous avons tout d’abord développé une méthode automatique et robuste de segmentation des tumeurs non-infiltrantes, qui répond aux limites des méthodes existantes. Les résultats obtenus sur les images dont nous disposons actuellement, présentant des tumeurs très différentes, sont très bons. Il reste à les valider à l’aide d’annotations d’experts médicaux sur une plus grande base de cas. Des extensions à la segmentation de l’œdème, des résidus éventuels après résection et des gliomes de bas grade sont en cours.

Partant de travaux antérieurs sur la segmentation des structures internes, nous avons montré que la méthode reste adaptée à la présence des pathologies, grâce à l’utilisation de relations spatiales stables. L’introduction de ces relations pour contraindre la segmentation est donc un point fort de la méthodologie. Là encore, de bons résultats ont été obtenus sur des cas très différents, tant par la localisation,

la forme et la taille de la tumeur, que par les déformations qu'elle induit sur les structures normales. Nous avons pour l'instant illustré la méthode sur les ventricules latéraux et les noyaux caudés. Elle sera par la suite étendue à d'autres structures et validée sur plus de cas.

Enfin, la dernière partie consiste à mettre à jour les connaissances anatomo-fonctionnelles afin d'évaluer les déficits liés à la pathologie. Cette partie est encore supervisée, et sera automatisée dans nos travaux futurs. Elle démontre cependant l'intérêt de l'approche proposée. Il apparaît clairement que ce champ fonctionnel est d'un intérêt majeur en clinique et que cette question est primordiale pour le chirurgien qui cherche à éviter aux patients des séquelles post-opératoires irréversibles.

Nos travaux peuvent contribuer à exploiter ce champ fonctionnel, car ses caractéristiques sont fortement corrélées à l'anatomie pathologique du sujet (images IRM à partir de laquelle notre méthodologie aura instancié un graphe anatomique spécifique), ainsi qu'à d'autres conditions qui seront intégrées dans notre modèle sous forme de variables supplémentaires : latéralisation du langage (hémisphère droit ou gauche), type de tumeur selon la classification de l'OMS (grade de la tumeur), type d'évolution (rapide ou lente). En effet, la présence de la tumeur cérébrale entraîne une réorganisation des fonctions. Certaines aptitudes se déplacent à la périphérie de la tumeur, d'autres passent d'un hémisphère à l'autre. La vitesse d'évolution de la pathologie influe également sur la réorganisation fonctionnelle : une évolution lente est plus favorable car elle laisse le temps aux fonctions de s'implanter dans un autre territoire cortical, tandis qu'une évolution rapide de la pathologie induit un déficit fonctionnel plus important. Ces différentes dimensions anatomo-fonctionnelles intégrées dans nos modèles pourraient permettre de mener des comparaisons dans une banque de connaissances sur ces traits particuliers et ainsi apporter une aide au pronostic lors de l'étude d'un nouveau cas.

Une autre perspective à ces recherches concerne l'aspect temporel et la recherche de marqueurs de l'évolution de la pathologie, à partir d'images acquises à plusieurs instants. Ces études longitudinales sont de grande importance à la fois pour le diagnostic, les choix thérapeutiques et chirurgicaux, et le suivi des patients. En analysant ces images, les neurochirurgiens tentent de percevoir un marqueur d'évolution qui rendrait compte de l'urgence d'un acte médical.

Références

- [1] B. Batrancourt, S. Bonnevey, M. Lamure, R. Levy, and B. Dubois. An anatomofunctional brain knowledge. In *Fifth International Conference on Information Fusion*, pages 1269–1275, 2002.
- [2] I. Bloch. Fuzzy Relative Position between Objects in Image Processing : a Morphological Approach. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 21(7) :657–664, 1999.
- [3] I. Bloch, O. Colliot, O. Camara, and T. Géraud. Fusion of spatial relationships for guiding recognition, example of brain structure recognition in 3D MRI. *Pattern Recognition Letters*, 26(4) :449–457, 2005.
- [4] K. Brodmann. *Vergleichende Lokalisationlehre der Grosshirnrinde in ihren Prinzipien dargestellt auf Grund des Zellenbaues*. Barth, 1909.
- [5] A. S. Capelle, O. Colot, and C. Fernandez-Maloigne. Evidential segmentation scheme of multi-echo MR images for the detection of brain tumors using neighborhood information. *Information Fusion*, 5 :203–216, 2004.
- [6] M. C. Clark, L. O. Hall, D. B. Goldgof, R. Velthuizen, F. R. Murtagh, and M. S. Silbiger. Automatic tumor segmentation using knowledge-based techniques. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(2) :187–201, April 1998.
- [7] D. L. Collins, P. Neelin, T. M. Peters, and A. C. Evans. Automatic 3D inter-subject registration of MR volumetric data in standardized Talairach space. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 18 :192–205, 1994.
- [8] O. Colliot. *Représentation, évaluation et utilisation de relations spatiales pour l'interprétation d'images. Application à la reconnaissance de structures anatomiques en imagerie médicale*. PhD thesis, Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications, ENST 2003E036, sep 2003.
- [9] O. Colliot, O. Camara, and I. Bloch. Un modèle déformable intégrant des relations spatiales pour la segmentation de structures cérébrales. *Revue I3 - Information, Interaction, Intelligence*, 2005.
- [10] M. B. Cuadra, C. Pollo, A. Bardera, O. Cuisenaire, J. Villemure, and J.-P. Thiran. Atlas-based segmentation of pathological MR brain images using a model of lesion growth. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 23(10) :1301–1313, October 2004.
- [11] T. Géraud. *Segmentation des structures internes du cerveau en imagerie par résonance magnétique tridimensionnelle*. PhD thesis, École Nationale Supérieure des Télécommunications, ENST 98E012, jun 1998.
- [12] H. Hecaen and G. Lanteri-Laura. *Les fonctions du cerveau*. Masson, 1983.
- [13] S. Ho, E. Bullitt, and G. Gerig. Level set evolution with region competition : Automatic 3D segmentation of brain tumors. In *International Conference on Pattern Recognition*, pages 532–535, 2002.
- [14] M. R. Kaus, S. K. Warfield, A. Nabavi, E. Chatzidakis, P. M. Black, F. A. Jolesz, and R. Kikinis. Segmentation of meningiomas and low grade gliomas in MRI. In *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, volume LNCS 1679, pages 1–10, 1999.

- [15] A. Lefohn, J. Cates, and R. Whitaker. Interactive, GPU-based level sets for 3D brain tumor segmentation. Technical report, University of Utah, April 2003.
- [16] J.-F. Mangin, O. Coulon, and V. Frouin. Robust brain segmentation using histogram scale-space analysis and mathematical morphology. In *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, pages 1230–1241, 1998.
- [17] N. Moon, E. Bullitt, K. V. Leemput, and G. Gerig. Model-based brain and tumor segmentation. In *International Conference on Pattern Recognition*, volume 1, pages 526–531, 2002.
- [18] G. Moonis, J. Liu, J. K. Udupa, and D. B. Hackney. Estimation of tumor volume with fuzzy-connectedness segmentation of MR images. *American Journal of Neuroradiology*, 23 :352–363, 2002.
- [19] N. R. Pal, K. Pal, and J. C Bezdek. A mixed c-mean clustering model. In *IEEE International Conference on Fuzzy Systems*, pages 11–21, 1997.
- [20] F. Poupon, J.-F. Mangin, D. Hasboun, C. Poupon, I. Magnin, and V. Frouin. Multi-object deformable templates dedicated to the segmentation of brain deep structures. In *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI), LNCS 1496*, pages 1134–1143, 1998.
- [21] M. Prastawa, E. Bullitt, S. Ho, and G. Gerig. A brain tumor segmentation framework based on outlier detection. *Medical Image Analysis*, 18(3) :217–231, 2004.
- [22] H. Soltanian-Zadeh, M. Kharrat, and P. J. Donald. Polynomial transformation for MRI feature extraction. In *SPIE*, volume 4322, pages 1151–1161, 2001.
- [23] S. G. Waxman. *Correlative Neuroanatomy*. McGraw-Hill, New York, 24 edition, 2000.
- [24] C. Xu, D. L. Pham, and J. L. Prince. Medical image segmentation using deformable models. In J. M. Fitzpatrick and M. Sonka, editors, *Handbook of Medical Imaging*, volume 2, pages 129–174. SPIE Press, 2000.
- [25] C. Xu and J. L. Prince. Snakes, shapes and gradient vector flow. *IEEE Transactions on Image Processing*, 7 :359–369, 1998.
- [26] Y. Zhu and H. Yang. Computerized tumor boundary detection using a Hopfield neural network. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(1) :55–67, 1997.