



HAL
open science

Segmentation 3D multi-objets d'images scanner cardiaques : une approche multi-agents

Julien Fleureau, Mireille Garreau, Dominique Boulmier, Christophe Leclercq,
Alfredo I. Hernandez

► **To cite this version:**

Julien Fleureau, Mireille Garreau, Dominique Boulmier, Christophe Leclercq, Alfredo I. Hernandez. Segmentation 3D multi-objets d'images scanner cardiaques : une approche multi-agents. Innovation and Research in BioMedical engineering, 2009, 30 (3), pp.104-113. 10.1016/j.irbm.2009.04.002 . inserm-00429161

HAL Id: inserm-00429161

<https://inserm.hal.science/inserm-00429161v1>

Submitted on 4 Nov 2009

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.

Segmentation 3D multi-objets d'images scanner cardiaques : une approche multi-agents

3D Multi-Object Segmentation of Cardiac MSCT Imaging by using a Multi-Agent Approach

J. Fleureau^{1,2}, M. Garreau^{1,2}, D. Boulmier^{1,2,3}, C. Leclercq^{1,2,3} et A. Hernandez^{1,2}

¹INSERM, U642, Rennes, F-35000, France

²Université de Rennes 1, LTSI, Rennes, F-35000, France

³CHU Rennes, Service de Cardiologie et Maladies Vasculaires, Rennes, F-35000, France
<http://www.ltsi.univ-rennes1.fr/>

Résumé

Nous proposons une nouvelle méthode de segmentation permettant une détection multi-objets, semi-interactive et à caractère générique, appliquée à l'extraction de structures cardiaques en imagerie scanner multi-barettes. L'approche proposée repose sur l'élaboration d'un schéma multi-agents combiné à une méthode de classification supervisée qui permet l'introduction d'a priori dans le processus de segmentation ainsi que des temps de calcul rapides. Le système multi-agents proposé est centralisé autour d'un agent communiquant qui contrôle une population d'agents situés dans l'image dont le rôle est d'assurer la segmentation au moyen d'interactions de type coopératif et compétitif. La méthode proposée a été testée sur plusieurs bases de données patient. Quelques résultats représentatifs sont finalement présentés et discutés.

Abstract

We propose a new technique for general purpose, semi-interactive and multi-object segmentation in N-dimensional images, applied to the extraction of cardiac structures in MultiSlice Computed Tomography (MSCT) imaging. The proposed approach makes use of a multi-agent scheme combined with a supervised classification methodology allowing the introduction of a priori information and presenting fast computing times. The multi-agent system is organised around a communicating agent which manages a population of situated agents which segment the image through cooperative and competitive interactions. The proposed technique has been tested on several patient data sets. Some typical results are finally presented and discussed.

Mots-clés : Segmentation en imagerie 3D, Systèmes multi-agents, Imagerie cardiaque

Keywords : 3D image segmentation, Multi-agent systems, Cardiac imaging

1. Introduction

L'analyse de la fonction cardiaque à partir d'images 3D dynamiques a connu ces dernières années une avancée importante de par l'évolution technologique des modalités d'imagerie en échographie, en imagerie par résonance magnétique (IRM) et en imagerie scanner. L'imagerie scanner multibarrettes représente aujourd'hui une modalité d'imagerie volumique rapide, non invasive et de très bonne résolution spatiale, permettant, par post-synchronisation sur l'ECG, la reconstruction de volumes 3D le long du cycle cardiaque. Cette modalité donne en une seule acquisition et en un temps d'examen court, les moyens d'observer et de quantifier simultanément différentes structures du coeur (ventricules droit et gauche, oreillettes, myocarde, vaisseaux coronaires), mais aussi leurs mouvements associés tout au long du cycle cardiaque. Néanmoins, l'acquisition de ces images 3D dynamiques conduit à de grands volumes de données à traiter et à partir desquels les structures cardiaques doivent être extraites, tout en respectant de fortes contraintes imposées par le contexte clinique. Des outils d'extraction et de visualisation 3D sont utilisés en routine clinique, mais ils nécessitent une part importante d'interaction avec le praticien. De nombreuses techniques de segmentation automatiques ont été proposées dans la littérature pour la détection de structures cardiaques en imagerie 3D. Cette étape de segmentation demeure complexe de par la nature même des images scanner (voir Figure 1) qui présente une similarité des intensités sur des objets anatomiquement différents, des structures fortement connexes, des frontières mal définies, des artefacts de reconstruction, ou encore des hétérogénéités dues à une mauvaise répartition du produit de contraste. Ces éléments justifient le développement de nouveaux algorithmes efficaces et robustes pour l'extraction de structures cardiaques en imagerie 3D multibarrettes.

Plusieurs approches ont été proposées pour répondre au problème de segmentation d'images 3D de même que de nombreux travaux existent sur la segmentation du ventricule gauche.

Une première grande catégorie de méthodes concerne les approches basées frontière [1] ou modèles hautement déformables, recherchant la minimisation d'une fonction d'énergie qui combine généralement une distance à un modèle géométrique, des propriétés locales de l'image et de régularité du contour [2]. Les modèles déformables paramétriques (de type Snakes ou Contours Actifs [3]) ont fait l'objet de nombreux travaux complémentaires cherchant à définir au mieux les forces impliquées dans la fonction d'énergie et éviter le nombre de minima locaux. Ils impliquent par exemple la définition de forces d'attraction spécifiques aux contours [4], de flux de vecteurs gradient pour une régularisation du champ de vecteur d'attraction aux contours [5] appliqués également en IRM cardiaque [6], l'ajout de critères régions [7] ou encore d'a priori de mouvement en imagerie dynamique du cœur [8]. Ces approches, le plus souvent semi-interactives, peuvent dépendre de la situation initiale donnée du contour. Elles permettent en général de localiser précisément la frontière d'un objet d'intérêt en lui imposant une certaine régularité. En ce qui concerne les modèles déformables implicites (géométriques ou géodésiques) ou ensembles de niveaux [9], des régions labellisées « positives » et « négatives », correspondant respectivement aux régions d'intérêt et au fond, évoluent jusqu'à convergence au moyen d'un critère énergétique. Ce type de méthode autorise une extension à la détection multi-objets et a également montré son intérêt en imagerie cardiaque (IRM et échographie) [10]. Pour ce qui est des travaux les plus récents, la plupart des développements menés sur la segmentation de structures cardiaques 3D sont basés sur l'utilisation de modèles (voir [2, 11] pour des revues ou [12, 13, 14] pour des travaux plus récents). La plupart de ces approches sont souvent restreintes à une détection mono-objet, restent sensibles à l'initialisation, et peuvent nécessiter des temps d'exécution assez longs.

D'autres travaux ont montré l'intérêt de modèles statistiques en IRM [12, 15], pouvant être couplés à des modèles déformables et conduire à une détection séquentielle de plusieurs structures cardiaques en imagerie scanner et IRM [13]. Ces approches restent toutefois dépendantes d'un apprentissage et donc sensibles à des variations importantes en cas de situation pathologique.

Une seconde famille d'approches basées région a été privilégiée. Dans ce cadre, les méthodes construites sur les principes de connectivité floue et de « graph-cuts » ont fait l'objet de différents travaux en imagerie médicale. Les méthodes basées sur la connectivité floue [16] sont des approches floues qui associent des points germes (sélectionnés par l'utilisateur) à l'objet à segmenter et construisent pour chacun des points germes, une carte de connectivité par agrégation de points image (ou voxels en 3D). Cette carte symbolise la force du lien (ou connectivité) existant entre chacun des voxels de la carte et chaque point germe. Un seuillage choisi par l'utilisateur est appliqué sur cette carte et permet de ne conserver que les structures d'intérêt. Ces méthodes ont montré leur intérêt pour la segmentation du ventricule gauche en imagerie scanner cardiaque [17]. Dans les méthodes de « graph-cuts » [18], l'utilisateur doit sélectionner deux régions appartenant l'une à l'objet et l'autre au fond pour initialiser une procédure de minimisation d'énergie basée sur un algorithme de coupure de graphe. Ce procédé a fait l'objet de quelques développements en imagerie cardiaque CT et IRM, par exemple pour la segmentation du ventricule gauche [19] ou du myocarde en IRM [20].

Face aux limites rencontrées par les différentes approches, qu'elles portent selon chacune d'entre elles sur une détection mono-objet, une sensibilité à l'initialisation, ou des temps d'exécution assez longs, une manière d'apporter de l'innovation peut être l'élaboration de méthodes hybrides, mais qui conduisent nécessairement à une plus grande complexité.

Nos objectifs sont : i) de faciliter l'intégration d'information a priori (essentiellement spatiale); ii) d'intégrer la notion de texture dans la caractérisation des objets recherchés; iii) d'adopter une approche réellement multi-objets; iv) d'éviter des étapes de prétraitement; v) de minimiser les temps de calcul tout en restant ergonomique. La solution proposée repose sur des concepts basés région, relève de systèmes de vision distribuée bas niveau via un schéma multi-agents intégrant une approche de classification supervisée. Plusieurs techniques de segmentation basées agents ont été présentées dans la littérature [21] et ont montré l'intérêt de ces approches distribuées dans le partage du processus de segmentation ou dans la combinaison de techniques (basées contour ou région). Le système multi-agents présenté (SMA) a pour objet de réaliser le processus d'extraction par la fusion de comportements de coopération et de compétition associés à des agents spécifiques, ces agents étant liés à différents objets de la scène. Par comparaison aux autres systèmes existants en segmentation d'image, l'originalité de l'approche proposée porte sur la détection simultanée de plusieurs objets et dans des temps de calcul rapides face à de grands volumes de données à traiter. Cette approche est caractérisée par un couplage de processus de croissance de régions 3D avec un apprentissage supervisé au sein d'un système multi-agents, où les propriétés de coopération et de compétition sont pleinement exploitées pour contraindre et contrôler l'extraction parallèle d'objets connexes dans le volume traité. Le papier est organisée de la manière suivante : la section 2 décrit plus en détail la méthodologie adoptée pour le processus de segmentation. La section 3 présente quelques résultats caractéristiques obtenus et la section 4 donne une conclusion et des perspectives à ce travail.

2. Un système Multi-Agents

Le système multi-agents proposé produit une segmentation d'images 3D basée sur une étape initiale de sélection, durant laquelle l'utilisateur pointe interactivement un ou plusieurs points germes à l'intérieur de chacun des objets d'intérêt. Dans ces travaux, la notion d'objet répond aux contraintes suivantes (Figure 1) : i) Une homogénéité en termes d'intensité et de texture (l'intensité est ici liée à la densité de l'objet et un objet est caractérisé par une densité quasi-homogène); ii) Une connexité spatiale 3D de telle sorte qu'un organe est considéré comme composé de sous-parties connexes et fermées iii) Une information a priori : une similitude de niveaux de gris et de texture au sein des ventricule et oreillette gauches (Figure 1) et une connexité des deux structures. La seule façon de les différencier repose donc sur l'introduction de connaissance anatomique a priori.

Le SMA est composé : (1) d'un ensemble d'agents purement situés appelés agents « Workers », qui coopèrent et entrent en compétition de manière à, par croissance de région, maximiser leur « territoire image » (selon la vérification d'un critère de texture et d'intensité); (2) d'un agent purement communicant (appelé agent « Contrôleur ») qui coordonne les comportements de tous les agents « Workers » (Figure 2). L'architecture adoptée correspond à une organisation micro-sociale puisque la société est seulement composée de quelques agents. L'environnement est défini par le volume de voxels (l'image 3D) à segmenter et les comportements des différents agents introduits sont complètement déterministes. Les sections suivantes définissent chaque agent (leur type et propriétés) ainsi que leurs interactions.

2.1 Agents Situés : « Workers »

Au démarrage du processus de segmentation, l'utilisateur intervient pour sélectionner un ensemble d'agents situés dans l'image, en spécifiant pour chacun de ces agents, une position initiale dans l'environnement et une étiquette spécifique (identifiant l'objet anatomique à segmenter). L'introduction de connaissance anatomique a priori dans le processus de segmentation proposé est en fait réalisée par l'utilisateur au moment de l'exécution du traitement. La contrainte anatomique est donc donnée lors du choix des agents placés dans l'image sachant que l'utilisateur les associe à une structure anatomique particulière (étiquette de l'agent « Worker »). Plusieurs agents avec la même étiquette anatomique peuvent coexister, leur but étant d'associer leur étiquette commune à une région de l'image.

Le comportement de ces agents est caractérisé par des propriétés d'autonomie, de coopération et de compétition. Chaque agent « Worker » est en fait associé à un comportement autonome, étant chacun doté d'une part, d'un procédé d'apprentissage des intensités et textures, d'autre part d'un principe de parcours sous contrainte du volume et de capacités de coopération et de compétition. Le fonctionnement autonome de chaque agent se traduit alors en deux étapes principales :

- Étant définis comme des agents intentionnels, une étape d'apprentissage est réalisée dans un premier temps sur les informations de texture et d'intensité concernant l'objet auquel ils sont associés. Plus précisément, chaque agent « Worker », placé dans l'image par l'utilisateur, extrait localement un ensemble de vecteurs de transitions locales d'intensité sur un voisinage pouvant tenir compte d'une orientation (voisinage choisi du 1er ordre) et d'une échelle (ici égale à la résolution maximale). Chaque vecteur de transition correspond à deux composantes, l'intensité du voxel correspondant à l'agent « Worker » et l'intensité de son voisin. Ces transitions locales permettent aux agents « Workers » d'acquérir une information locale en terme d'intensité et de texture propre à l'objet dont ils sont représentatifs; Elles contiennent en effet des informations sur la localisation et la distribution des intensités de même qu'une information de texture, directement obtenue par juxtaposition des valeurs d'intensité voisines (nécessitant donc peu de mémoire de temps de calcul). Ces vecteurs sont ensuite représentés dans un plan d'intensités et soumis à une étape de généralisation. Dans le cadre de l'application visée en imagerie scanner multibarrette, la généralisation des vecteurs transitions par paramétrisation elliptique a été retenue, compte tenu de leur répartition dans le plan des intensités, répartition différenciée en fonction des structures imagées (distribution gaussienne des valeurs d'intensité en MSCT (structures VG (ventricule gauche), MY (myocarde), VD (ventricule droit)).
- Chaque agent « Worker », associé à un objet, est doté d'un processus de parcours sous contrainte avec pour but d'acquérir les voxels relevant de la même structure. Dans un second temps, chaque agent parcourt alors son environnement depuis son point initial, en se déplaçant dans son voisinage connexe (défini selon les mêmes critères que pour le calcul des vecteurs de transition) avec pour contrainte de ne suivre que les voxels voisins qui satisfont le critère d'intensité et de texture appris au préalable. Chaque agent gère également son déplacement dans l'espace par l'utilisation de structures algorithmiques adéquates issues de la programmation dynamique (algorithme de Dijkstra). A chacun de ses déplacements sur un voxel, l'agent « Worker » dépose une requête à l'agent « Contrôleur » pour l'acquisition du voxel visité (ou croissance de région), cette requête pouvant alors relever d'une acquisition simple, faire appel à un processus de coopération ou encore à un processus de compétition selon la situation rencontrée (cf paragraphe 2.2). Une fois cette requête déposée, l'agent devient réactif et attend l'approbation ou le rejet du « Contrôleur » pour poursuivre sa propagation dans l'image.

Le critère de similarité défini pour les textures et les intensités, et exploité comme contrainte de déplacement de l'agent, est construit sur les deux ensembles de transitions locales extraits au niveau de l'agent « Worker » de départ et au niveau du voxel analysé (position courante de l'agent « Worker ») pour une acquisition éventuelle. Le voxel analysé est alors considéré comme pouvant appartenir au même objet que celui de l'agent « Worker » si l'ensemble des transitions obtenu pour le voxel étudié est compatible avec l'ensemble de transitions généralisé et appris sur l'agent « Worker » (toute transition locale du voxel analysé doit se retrouver dans les transitions généralisées apprises initialement sur l'agent).

Pour éviter l'extension des agents « Workers » en dehors des structures recherchées, des situations de compétition « artificielles » peuvent être introduites par l'ajout d'agents « Workers » spécifiques appelés « Inhibiteurs ». Ces agents sont en fait associés à des structures de non intérêt mais dont la proximité spatiale et la similitude avec les objets recherchés peuvent conduire à une croissance de région incorrecte. Ces nouveaux agents « Inhibiteurs » sont dotés des mêmes principes de comportement que les agents « Workers » de base et vont venir, par le principe de compétition, limiter l'extension des agents dans des structures extérieures aux objets d'intérêt. Ce principe a pour principale contrainte le fait que l'utilisateur doit introduire un nombre suffisant de points germes (ou agents « Inhibiteurs ») et donc disposer d'une bonne connaissance de la disposition des objets d'intérêt et de non intérêt dans le volume image.

2.2 Agent Communicant : le « Contrôleur »

Les agents situés dans l'image dépendent de l'agent communicant appelé « Contrôleur ». Cet agent est un agent cognitif et plus spécifiquement un agent intentionnel. Son rôle principal consiste à décider de l'attribution ou pas d'un voxel à un des agents « Workers » et de l'en informer. Pour cela, l'agent cognitif exploite et met à jour deux cartes spécifiques : une « Carte de Segmentation » qui est une copie étiquetée de l'image originale et une « Carte de Voyage » qui enregistre, pour chaque voxel, la longueur du chemin parcouru par l'agent qui a acquis ce voxel. Disposant de ces deux cartes, le « Contrôleur » peut être amené à faire face à trois types de requêtes :

Acquisition Simple : Un agent « Worker » demande à acquérir un voxel qui n'est possédé par aucun autre agent. Dans ce cas, le « Contrôleur » accepte la requête et met à jour sa Carte de Segmentation. Il évalue ensuite la longueur du chemin parcouru par l'agent courant pour atteindre le voxel en cours de traitement et met à jour la Carte de Voyage. Il en informe finalement le « Worker » et l'autorise à continuer sa progression à partir de ce voxel.

Coopération : Un agent « Worker » souhaite acquérir un voxel déjà acquis par un agent du même groupe (de même étiquette). Dans cette situation, le « Contrôleur » compare la longueur des chemins parcourus par les deux agents coopérant pour atteindre ce voxel. L'agent ayant parcouru le chemin le plus court est alors retenu, la Carte de Voyage est mise à jour et seul cet agent est autorisé à continuer sa progression à partir du voxel traité.

Compétition : Un agent « Worker » demande à acquérir un voxel déjà attribué à un autre groupe d'agents « Workers » (d'étiquette différente). Cette situation implique, par construction, que textures et intensités des deux objets sont très similaires. Le Contrôleur attribue le voxel critique à l'agent ayant parcouru le chemin le moins long.

La longueur du chemin parcouru lors du déplacement de chaque agent est évaluée à chaque avancée de l'agent (ou nouvelle acquisition de voxel) en prenant la distance réelle traversée et non une distance euclidienne, allant de la position initiale de l'agent à sa position courante. Les contraintes relatives à l'avancée de l'agent sur son chemin sont directement liées, d'une part au critère de similitude établi sur les intensités et textures pour autoriser une nouvelle position courante de l'agent, d'autre part aux décisions émises par l'agent « Contrôleur » sur l'acceptation ou le rejet d'une acquisition (donc une avancée dans l'image) en fonction des requêtes établies par l'agent « Worker ».

En imagerie scanner, l'information de texture existe même s'il est vrai qu'elle est moins marquée que dans d'autres modalités d'imagerie. Elle reste malgré tout dépendante de la densité du tissu imagé, du mode d'acquisition (résolution, injection de produit de contraste) et des algorithmes de reconstruction des images. Elle peut être encore parfois perturbée par certains artefacts de reconstruction. Ce dernier aspect lié aux artefacts n'est pas considéré dans cette étude, sachant qu'une amélioration de la qualité des images est attendue en fonction des évolutions technologiques des imageurs scanner. Quant à la signification donnée à l'information de texture dans cette modalité, la résolution spatiale très fine (de l'ordre de 0.3 mm dans le plan et de 0.6 mm pour l'épaisseur du voxel) permet d'associer à la texture une information liée à l'objet qui reste, il est vrai, dépendante du produit de contraste et des algorithmes de reconstruction employés. Dans cette approche de segmentation, si deux structures voisines se retrouvent imagées avec une texture similaire (pour différentes raisons (tissu de densité proche, artefacts ...)), la notion de distance parcourue par les agents pour agréger un voxel candidat constitue le deuxième critère pris en compte et joue un rôle important dans les décisions prises au sein des procédés de coopération et de compétition mis en œuvre. De même, si une structure présente des inhomogénéités de contraste réparties spatialement qui se traduisent par une variation de texture liée aux conditions d'acquisition, la possibilité de pouvoir placer plusieurs agents dans la structure et donc d'apprendre ces inhomogénéités permet de favoriser la reconnaissance de l'objet.

3. Application à la segmentation d'images scanner cardiaques

La méthode de segmentation proposée a été appliquée en imagerie scanner cardiaque multibarrettes. Notre objectif est d'extraire, de la base de données 3D, différentes parties anatomiques du coeur en considérant particulièrement le ventricule gauche (VG) et l'oreillette gauche (OG), le ventricule droit (VD) et l'oreillette droite (OD) (pour simplifier les tests, ces deux dernières structures sont considérées regroupées) ainsi que le muscle myocardique (MY). La méthode proposée permet de segmenter simultanément les différentes structures sélectionnées par l'utilisateur. Nous mettrons également en évidence le gain apporté par l'utilisation d'agents « inhibiteurs » associés à des objets « compétiteurs » (OC). Finalement nous montrerons comment cette approche peut être évaluée quantitativement en se basant sur l'extraction de paramètres cliniques quantitatifs et sur la comparaison avec une segmentation manuelle de référence.

3.1 Description des bases de test

L'algorithme proposé a été testé sur plusieurs bases de données 3D dynamiques (une vingtaine de patients environ) résultant d'acquisitions thoraciques cardiaques scanner multibarrettes. Les bases rendues isotropes n'ont subi aucun prétraitement avant l'application de l'algorithme. Quelques bases jugées de qualité moindre, de par la présence d'artefacts de reconstruction ou d'inhomogénéités du produit de contraste, ont été conservées dans la base de test. Les structures cardiaques observables au sein de ces volumes sont les oreillettes et ventricules gauches et droits (VD, VG, OD, OG) ainsi que le muscle myocardique (MY). On notera enfin que les caractéristiques et la qualité des bases diffèrent selon le système scanner utilisé (marque, nombre de barrettes, résolution spatiale et temporelle) mais que les tailles des bases à traiter restent relativement grandes avec des dimensions de l'ordre de 512 x 512 x 300 voxels, une fois le volume rendu isotrope.

3.2 Performances qualitatives de l'approche proposée

Dans cette section on s'intéresse à mettre en évidence de manière qualitative et au moyen de différentes configurations, les performances de la méthode multi-agents développée. Pour chaque test réalisé, seront rappelés :

- les caractéristiques de la base de données,
- les objets d'intérêt à extraire,
- les difficultés présentes dans l'image.

puis seront précisés :

- les paramètres choisis de l'algorithme avec en particulier, la configuration initiale des agents « Workers » (position des points germes) en spécifiant leur nombre (ainsi que le nombre de coupes dans lesquelles ils ont été positionnés),
- les temps de segmentation 3D du volume entier.

Pour visualiser les résultats correspondant à chaque test, des coupes originales 2D et leur segmentation sont présentées de sorte qu'il est possible de juger du comportement qualitatif de l'algorithme en différentes parties du volume. Sur chaque coupe originale, il est possible de voir les positions initiales des agents symbolisées par des points de couleur, chaque couleur correspondant à un objet d'intérêt. Enfin, des représentations tridimensionnelles (obtenues par l'utilisation de l'algorithme de Marching Cubes [22]) sont utilisées pour une visualisation de l'ensemble des objets détectés. Une analyse visuelle des résultats a été réalisée dans un premier temps sur 4 bases de l'ensemble des bases testées. Les résultats obtenus sur l'une de ces bases sont présentés ici et illustrés dans un nombre limité de plans de coupes (2D) et dans l'espace 3D. Il est à noter que même si certains résultats sont rendus et restitués en 2D, le processus de segmentation est appliqué à chaque fois directement dans l'espace 3D, pour un instant du cycle cardiaque. De manière parallèle, cette présentation a pour but de mettre en évidence le comportement de l'algorithme proposé dans différentes situations de compétition simples ou contraintes par des agents inhibiteurs.

3.2.1 Situation de compétition simple : Différencier les ventricule et oreillette gauches représente une tâche relativement complexe en imagerie scanner du fait de la connexité de ces structures et de leur grande similarité en termes de texture et d'intensité. Dans le cas présenté, à une phase du cycle cardiaque donnée, trois objets sont spécifiquement recherchés (OG, VG et VD) dans tout le volume, pour lesquels l'utilisateur réalise une sélection de points germes choisis sur un nombre de coupes limité à trois. Pour chacune des trois coupes, le nombre de points germes sélectionnés varie de 4 à 9 pour l'ensemble des structures, et de 2 à 7 par structure sur l'ensemble des trois coupes, soit un nombre total de 22 points germes (voir Table I). La figure 3 représente le résultat de segmentation obtenu, restitué dans une des coupes (coupe n°2) et la figure 4 représente une visualisation 3D des structures extraites, chacune étant codée en couleur. Cette sélection conduit donc à une situation de compétition entre les trois structures qui permet d'atteindre une détection

satisfaisante des objets 3D et en un temps de 4mn sur une station de type PC standard. (voir Table I, Figures 3 et 4).

3.2.2 Compétition et Agents « Inhibiteurs » : Dans cette deuxième situation, nous cherchons à segmenter simultanément le ventricule gauche (regroupé avec l'oreillette gauche) (VG), le ventricule droit (regroupé avec l'oreillette droite) (VD) et le myocarde (MY) entourant l'endocarde gauche. Cette dernière structure anatomique apparaît en effet, sur les images scanner, de densité très similaire et connectée à une partie du fond de telle manière qu'une segmentation tentée par la simple sélection d'agents dans les objets d'intérêt, entraîne une diffusion des agents dans toute la région associée au myocarde mais aussi dans une partie du fond (voir Figure 5). Pour faire face à ce problème, des agents « Inhibiteurs » associées aux structures de non intérêt ont été introduits (d'étiquette OC). Sur l'exemple présenté (voir Table II), 4 objets sont donc en compétition, avec pour situation initiale fournie par l'utilisateur, des points germes sélectionnés dans un nombre de coupes limité à deux, et répartis de la façon suivante : 3 à 7 points germes par structure anatomique et par coupe, 9 à 14 points par coupe pour les agents 'inhibiteurs », soit un total de 52 points. La figure 5 montre le résultat de segmentation obtenu, restitué dans la coupe n° 1 faisant apparaître les points germes sélectionnés pour les 4 structures. Ces résultats (voir Table II et Figure 5) montrent l'influence positive des agents « Inhibiteurs » sur le procédé de segmentation.

3.3 Evaluation quantitative de la méthode

Si l'algorithme de segmentation a pu être précisément décrit et ses performances montrées de manière qualitative, un point délicat reste l'évaluation quantitative des résultats obtenus sur différentes bases de données.

3.3.1 Extraction de paramètres cliniques

Une première manière d'évaluer quantitativement les performances de la méthode proposée consiste à extraire un ensemble de paramètres cliniques qui peuvent être qualitativement analysés et quantitativement comparés à des valeurs de référence. On montre ici, pour la même base de donnée traitée, l'évolution du volume endocavitaire gauche (sans l'oreillette gauche) obtenu après application de l'algorithme proposé sur chaque instant du cycle cardiaque. La courbe de volume résultante (voir Figure 6) fournit des résultats satisfaisants du point de vue physiologique, du fait de sa continuité, de sa cohérence temporelle et de la justesse des mesures effectuées. La fraction d'éjection a été déduite et comparée à celle obtenue cliniquement en échocardiographie, conduisant à des résultats encourageants (différence mesurée de l'ordre de 10%).

3.3.2 Comparaison à une segmentation manuelle de référence

Afin de juger plus précisément du comportement de la méthode, une comparaison de la segmentation de l'endocarde gauche (sans l'oreillette) obtenue par la méthode proposée est comparée avec une segmentation manuelle fournie par un expert. Sur 5 volumes de données, un expert a validé une segmentation manuelle réalisée au sein de 10 coupes de chacun des volumes. Les résultats obtenus par la segmentation 3D de chacun de ces volumes sont comparés dans chacune des coupes expertisées. Pour chacune de ces coupes, positionnées régulièrement à des endroits différents du volume partant de la base vers l'apex, les nombres de points vrais et faux positifs, vrais et faux négatifs (VP, FN, VP et FN) sont évalués de manière à pouvoir estimer la sensibilité et la spécificité de la méthode, ainsi que l'erreur moyenne commise. La configuration de l'algorithme, sélectionnée pour chacun de ces tests sur différentes bases, et le temps de calcul moyen obtenu sur les différentes bases pour réaliser chacune de ces segmentations sont résumés dans le tableau III. En ce qui concerne la configuration de l'algorithme, seuls deux objets sont considérés, le ventricule gauche (VG) et l'oreillette gauche (OG), les points germes sont sélectionnés à partir de deux coupes du volume, en limitant le nombre de points germes à 1 à 5 points par structure et par coupe, soit un total de 12 points germes. Les résultats de spécificité (SP), sensibilité (SE) et d'erreur moyenne (E) obtenus pour 3 des 5 bases et pour chaque coupe sont présentés dans le tableau IV tandis que les résultats globaux, réalisés par base et par moyenne sur l'ensemble des coupes sont présentés dans le tableau V.

L'erreur moyenne commise sur l'ensemble des bases testées reste faible (inférieure à 5% - erreur moyenne de l'ordre de 3.5%, erreur comprise entre 1 et 5% -) et montre les bonnes performances de l'algorithme dans des temps de calculs tout à fait raisonnables. On notera plus particulièrement la très bonne spécificité de la méthode toujours supérieure à 99.9% en moyenne, qui montre que très peu de points faux positifs sont détectés (sur-détection faible). Cette spécificité reste de plus constante quelles que soient les coupes considérées et malgré la définition d'agents dans deux coupes uniquement. En revanche, la sensibilité de la méthode pourrait être davantage discutée en première lecture des résultats obtenus avec des valeurs moyennes comprises entre 53% et 74%. En réalité, cette moins bonne sensibilité s'interprète aussi en analysant la manière dont sont réalisées les segmentations manuelles (Figure 7). En effet, l'analyse étant difficile, les piliers, mais aussi des zones complexes liées à la présence de trabécules en particulier, sont parfois inclus dans la cavité ventriculaire gauche ou au contraire associés au myocarde. Les zones proches de l'apex, mal définies dans les images sont aussi concernées par ces problèmes.

4. Conclusion et perspectives

Ce papier présente une nouvelle méthode de segmentation 3D multi-objets basée sur un schéma multi-agents combiné avec une approche de classification supervisée et un procédé de croissance de région. Son originalité tient aux performances offertes en terme de sensibilité au bruit (aucun prétraitement) et de rapidité (temps de calculs cliniquement acceptables), à son degré d'interaction minimal avec l'utilisateur et à sa capacité à pouvoir être étendue à plusieurs objets dans des espaces de dimension variable. L'approche multi-objets autorise un contexte multi-agents et une implémentation compétitive qui conduisent à une amélioration qualitative et quantitative des résultats, en particulier dans les situations ambiguës. Une évaluation plus complète de la méthode proposée est actuellement en cours, intégrant des tests sur un plus grand nombre d'images expertisées et une comparaison à d'autres approches de référence de la littérature.

Remerciements

Ce travail a été financé par le projet européen ALFA IPECA et supporté par le Ministère de la Recherche en France (projet CITH n°04T187-188-189-190).

Références

- [1] A. Falcao, J. Udupa, S. Samarasekera, and S. Sharma. User-steered image segmentation paradigms : Livewire and livelane. *Graphical Models and Image Processing*, 60 :233–260, 1998.
- [2] T. McInerney and D. Terzopoulos. Deformable models in medical image analysis : A survey. *Medical Image Analysis*, 1(2), 1996.
- [3] M. Kass, A. Witkin, D. Terzopoulos. Snakes : Active contour models. *International Journal of Computer Vision*, 1(4): 321-331, 1988.
- [4] L.D. Cohen, I. Cohen. Finite-element methods for active contour models and balloons for 2D and 3D images. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 15(11): 1131-1147, 1993.
- [5] C. Xu, J.L. Prince. Snakes, Shapes, and Gradient Vector Flow. *IEEE Trans. on Image Processing*, 7(3): 359-369, 1998.
- [6] R. El Berbari, F. Frouin, A.B. Redheuil, E.D. Angelini, E. Mousseaux, I. Bloch, A. Herment. Développement et évaluation d'une méthode de segmentation automatique de l'endocarde sur des images acquises par résonance magnétique. *ITBM-RBM*, 28(3-4): 117-123, 2007.
- [7] S.C. Zhu, A. Yuille. Region competition : Unifying snakes, region growing, and bayes/mdl for multiband image segmentation. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 18(9): 884-900, 1996.
- [8] J. Montagnat, H. Delingette. 4D deformable models with temporal constraints: application to 4D cardiac image segmentation. *Medical Image Analysis*, 9(1): 87-100, 2005.
- [9] S. Osher and J.A. Sethian. Fronts propagating with curvature dependent speed : Algorithm based on hamilton-jacobi formulations. *Journal of Computational Physics*, 79 :12–49, 1988.
- [10] N. Paragios. A level set approach for shape-driven segmentation and tracking of the left ventricle. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 22(6): 773-776, 2006.
- [11] A.F. Frangi, W.J. Niessen, and M.A. Viergever. Three-dimensional modeling for functional analysis of cardiac images : A review. *IEEE Trans on Medical Imaging*, 20(1) :2–25, 2001.
- [12] M. Lorenzo-Valdes, G.I. Sanchez-Ortiz, A.G. Elkinton, R.H. Mohiaddin, and D. Rueckert. Segmentation of 4D cardiac MR images using a probabilistic atlas and the EM algorithm. *Medical Image Analysis*, 8(3) :255–265, 2004.
- [13] Olivier Ecabert, Jochen Peters, Hauke Schramm, Cristian Lorenz, Jens von Berg, M. J. Walker, M. Vembar, M. E. Olszewski, K. Subramanyan, G. Lavi, and Jürgen Weese. Automatic model-based segmentation of the heart in CT images. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 27(9) :1189–1201, 2008.
- [14] M. Sermesant, C. Forest, X. Pennec, H. Delingette, and N. Ayache. Deformable biomechanical models : application to 4D cardiac image analysis. *Medical Image Analysis*, 7(4) :475–488, 2003.

- [15] A.F. Frangi, D. Rueckert, J.A. Schnabel, and W.J. Niessen. Automatic construction of multiple-object three-dimensional statistical shape models : application to cardiac modeling. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 21(9) :1151–1166, 2006.
- [16] J.K. Udupa and al. Fuzzy connectedness and object definition : Theory, algorithms, and applications in image segmentation. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 24(11) :1485–1500, 2002.
- [17] J. Fleureau, M. Garreau, A. Simon, R. Hachemani, and D. Boulmier. Assessment of global cardiac function in MSCT imaging using fuzzy connectedness segmentation. *Computers In Cardiology*, 2008.
- [18] Y. Boykov and V. Kolmogorov. An experimental comparison of min-cut / max-flow algorithms for energy minimization in vision. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 26(9) :1124–1137, 2004.
- [19] M.P. Jolly. Automatic Segmentation of the Left Ventricle in Cardiac MR and CT Images. *International Journal of Computer Vision*, 70(2): 151-163, 2006.
- [20] G. Kedenburg, C.A Cososco, U. Köthe, W.J. Niessen, E.J.P.A Vonken, M.A Viergever. Automatic cardiac MRI myocardium segmentation using graphcut. *Progress in biomedical optics and imaging*, 7(1): 30, 2006.
- [21] N. Richard, M. Dojat, and C. Garbay. Automated segmentation of human brain MR images using a multi-agent approach. *Artificial Intelligence in Medicine*, 30(2) :153–176, 2004.
- [22] William E. Lorensen and Harvey E. Cline. Marching cubes : A high resolution 3d surface construction algorithm. In *SIGGRAPH '87 : Proceedings of the 14th annual conference on Computer graphics and interactive techniques*, pages 163–169, New York, NY, USA, 1987. ACM Press.

Tableaux

| | | | | |
|--------------------------|---------|------|----|----|
| Base de Données | | MER | | |
| Phase du cycle cardiaque | | 45% | | |
| Temps de Segmentation 3D | | 4 mn | | |
| Objets | | VD | OG | VG |
| Nombre de germes | Coupe 1 | 3 | 3 | 3 |
| | Coupe 2 | 4 | 2 | 3 |
| | Coupe 3 | 2 | 0 | 2 |

Table I : Configuration de la segmentation 3D (VD, OG, VD).

| | | | | | |
|--------------------------|---------|------|----|----|----|
| Base de Données | | MER | | | |
| Phase du cycle cardiaque | | 45% | | | |
| Temps de Segmentation 3D | | 4 mn | | | |
| Objets | | VG | VD | MY | OC |
| Nombre de germes | Coupe 1 | 5 | 5 | 7 | 9 |
| | Coupe 2 | 3 | 3 | 6 | 14 |

Table II : Configuration de la segmentation 3D (VG, VD, MY, CO).

| | | | |
|--------------------------|---------|------|----|
| Temps de Segmentation 3D | | 3 mn | |
| Objets | | OG | VG |
| Nombre de germes | Coupe 1 | 3 | 5 |
| | Coupe 2 | 1 | 3 |

Table III : Configuration de la segmentation 3D (OG, VG).

| Bases | IMOP01 (45%) | | | IMOP02 (45%) | | | IMOP03 (45%) | | |
|---------|--------------|-------|------|--------------|-------|------|--------------|-------|------|
| Stat. | SE | SP | E | SE | SP | E | SE | SP | E |
| Coupe 0 | 82.69 | 99.83 | 3.05 | 76.31 | 99.86 | 3.13 | 66.93 | 99.55 | 5.31 |
| Coupe 1 | 80.84 | 99.82 | 3.53 | 59.39 | 99.94 | 6.16 | 70.68 | 99.84 | 4.37 |
| Coupe 2 | 77.91 | 99.96 | 4.67 | 55.47 | 99.96 | 7.17 | 68.19 | 99.98 | 4.99 |
| Coupe 3 | 83.49 | 99.90 | 3.58 | 67.23 | 99.90 | 5.35 | 65.91 | 99.98 | 6.30 |
| Coupe 4 | 79.53 | 99.93 | 4.38 | 64.85 | 99.99 | 6.10 | 55.97 | 99.97 | 6.30 |
| Coupe 5 | 68.53 | 99.95 | 6.01 | 69.41 | 99.99 | 4.34 | 54.04 | 99.99 | 5.33 |
| Coupe 6 | 71.02 | 99.92 | 4.40 | 55.07 | 99.97 | 5.53 | 49.32 | 99.97 | 4.82 |
| Coupe 7 | 61.46 | 99.88 | 4.06 | 65.73 | 99.98 | 3.18 | 44.82 | 99.99 | 3.81 |
| Coupe 8 | 65.45 | 99.99 | 1.00 | 57.06 | 99.95 | 3.21 | 34.11 | 100 | 2.75 |
| Coupe 9 | 60.62 | 99.91 | 3.62 | 38.91 | 100 | 2.40 | 28.69 | 100 | 4.35 |

Tableau IV : Comparaisons des résultats de la segmentation 3D du ventricule gauche (sans l'oreillette) obtenu par le système SMA avec ceux obtenus aux moyen d'une segmentation manuelle réalisée sur 10 coupes par base : évaluation

de la sensibilité (SE), de la spécificité (SP) et de l'erreur (E) par coupe.

| Bases | IMOP01 (45%) | | | IMOP02 (45%) | | | IMOP03 (45%) | | |
|-------|--------------|-------|------|--------------|-------|------|--------------|-------|------|
| Stat. | SE | SP | E | SE | SP | E | SE | SP | E |
| Total | 73.25 | 99.92 | 3.62 | 60.94 | 99.96 | 4.66 | 53.87 | 99.83 | 4.35 |

Table V : Comparaisons des résultats de la segmentation 3D du ventricule gauche (sans l'oreillette) obtenu par le système SMA avec ceux obtenus au moyen d'une segmentation manuelle réalisée sur 10 coupes par base : évaluation de la sensibilité (SE), de la spécificité (SP) et de l'erreur (E) globale. Représentation des valeurs moyennes par base.

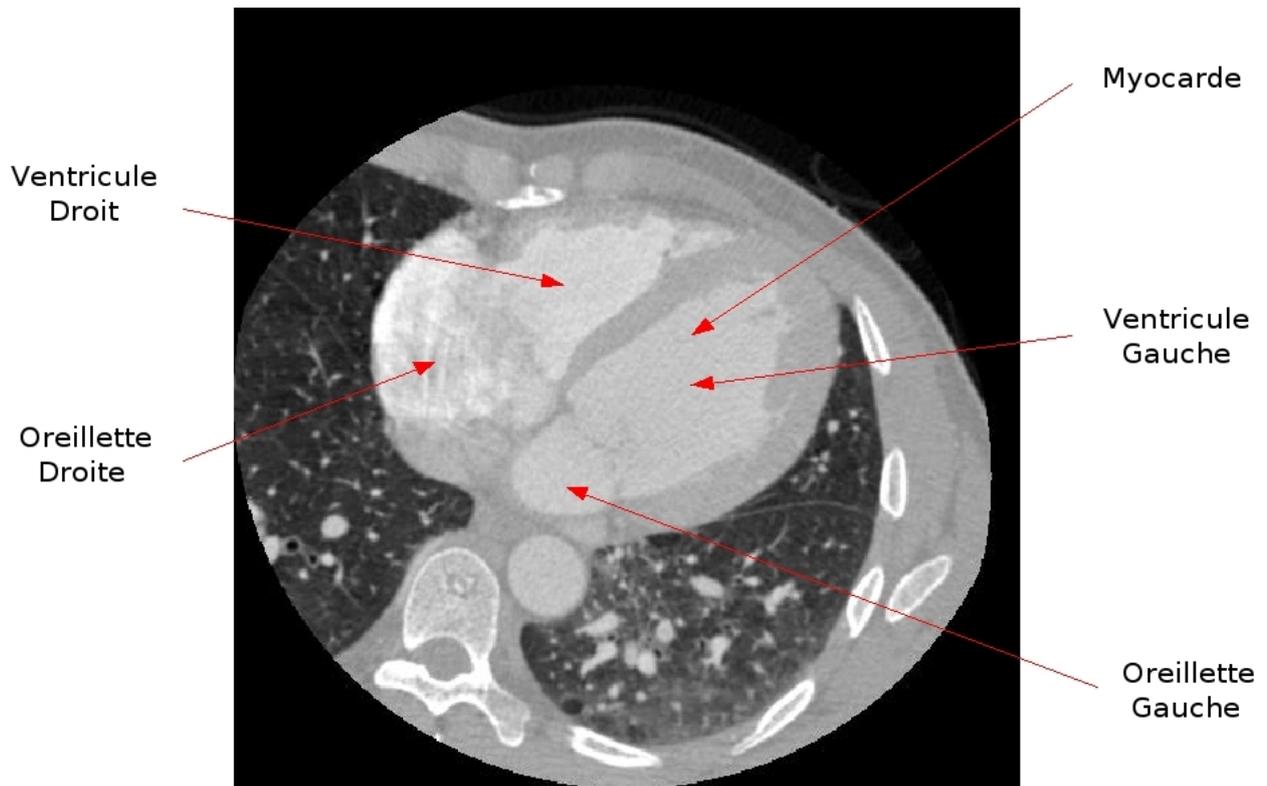
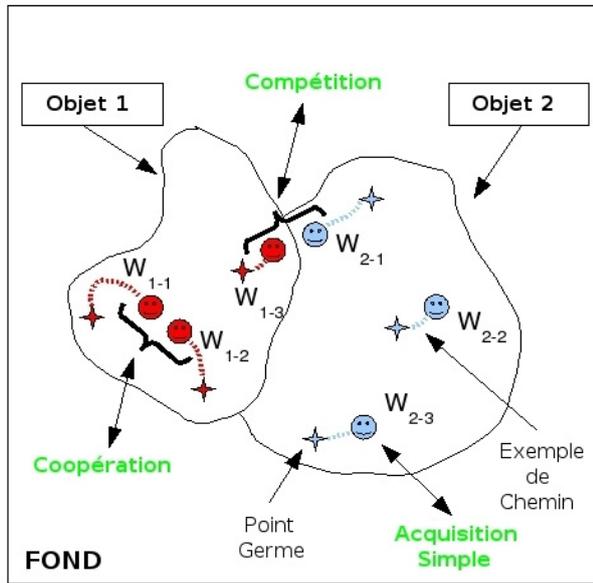


Figure 1 : Coupe scanner cardiaque originale

ENVIRONNEMENT : IMAGE



AGENTS

C : Contrôleur
 Wij : Worker n°j associé à l'objet n°i

ARCHITECTURE DU SMA

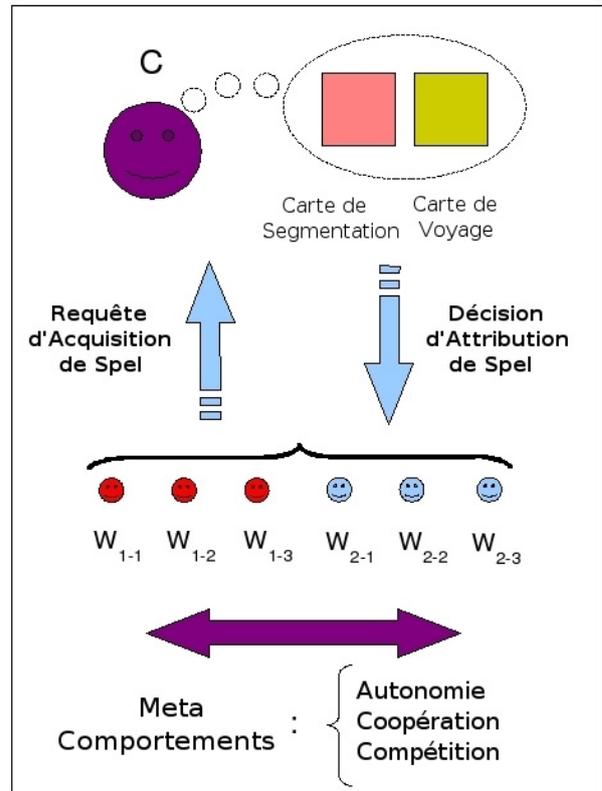


Figure 2 : Architecture SMA.

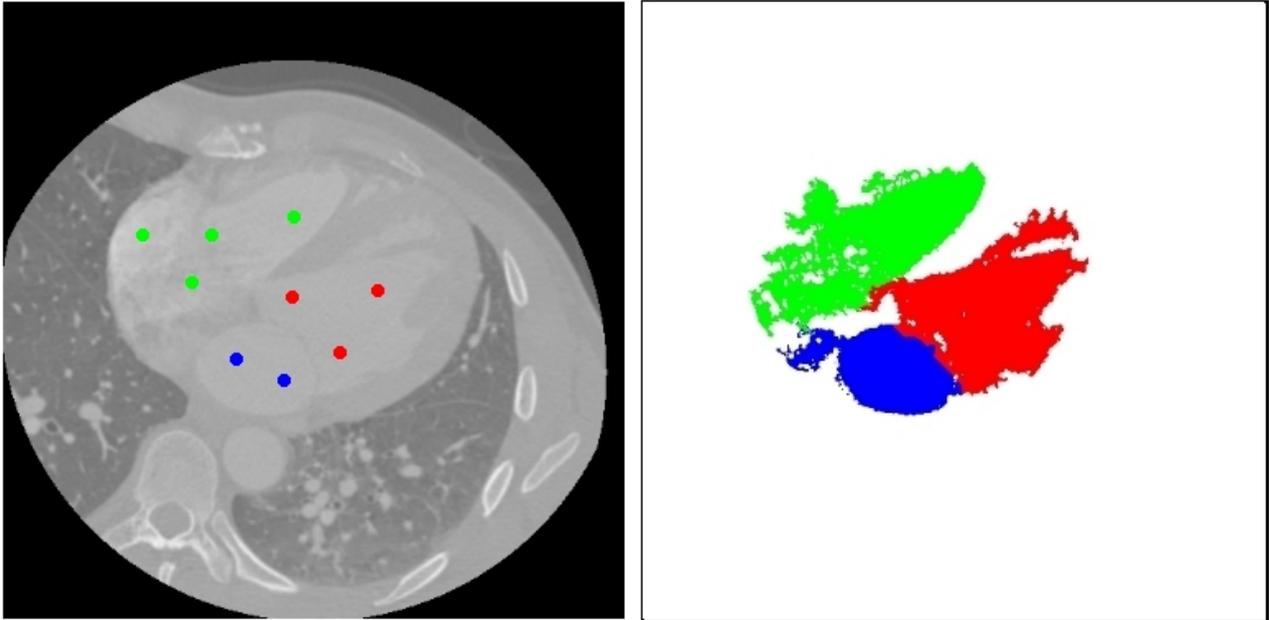


Figure 3 : Illustration d'une situation de compétition pour la segmentation de l'oreillette gauche : sur la gauche, une coupe originale extraite du volume complet à segmenter (avec les points germes) et sur la droite, les résultats de segmentation associés aux VD (en vert), VG (en rouge), OG (en bleu).

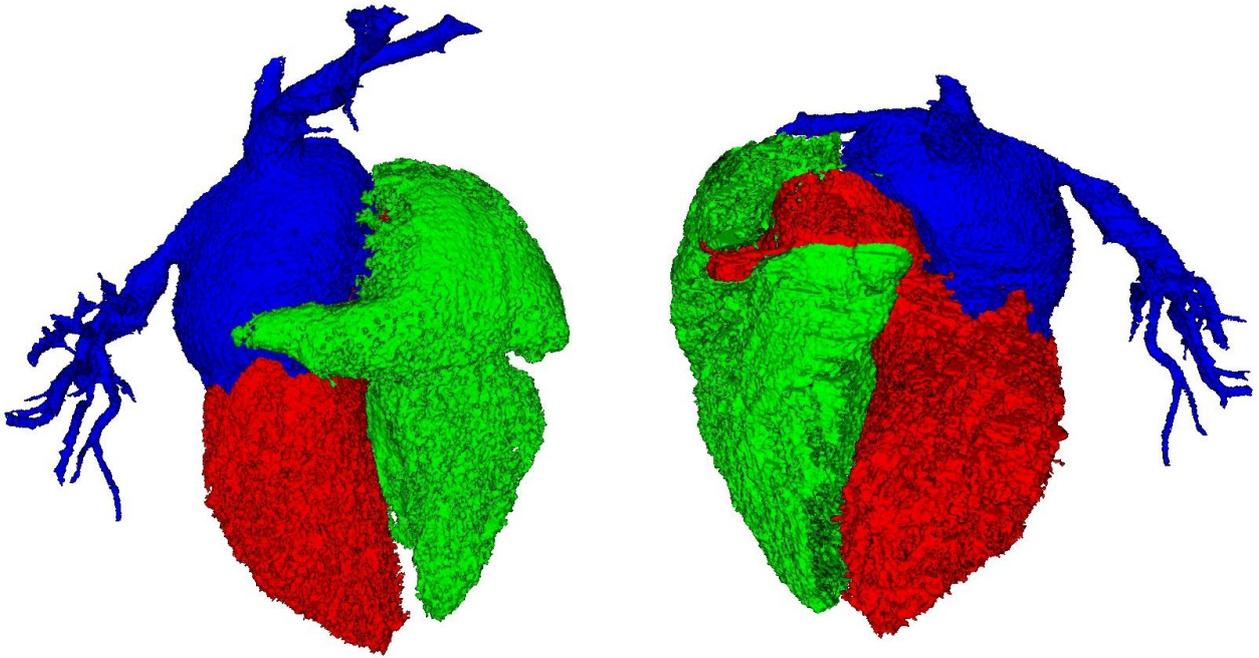


Figure 4 : Illustration d'une situation de compétition pour la segmentation de l'oreillette gauche, visualisation 3D des structures extraites (avec une partie du réseau vasculaire associé) : VD (en vert), VG (en rouge), OG (en bleu).

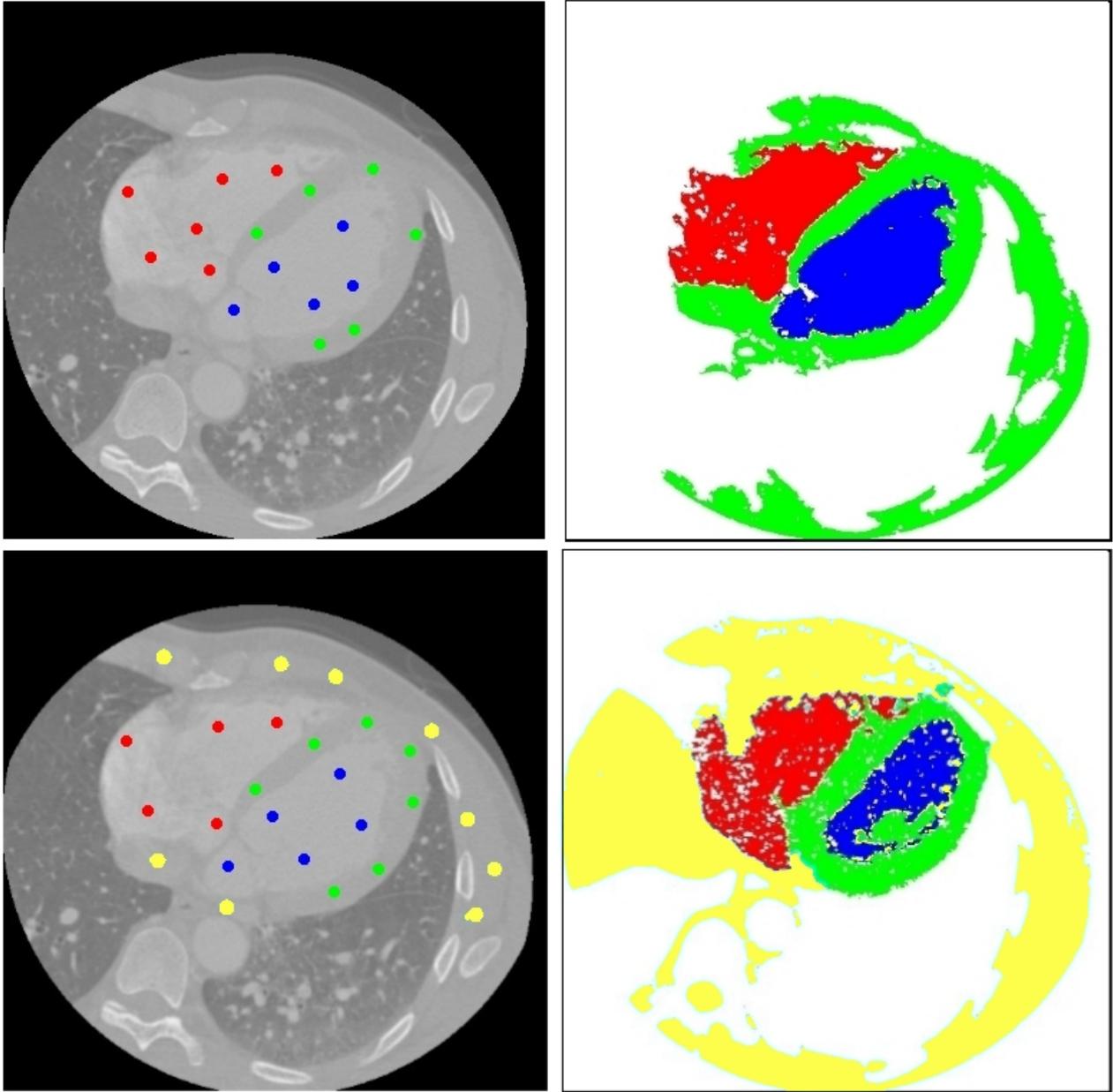


Figure 5 : Segmentation du Myocarde sans (haut) et avec (bas) des agents « inhibiteurs » : sur la gauche, une coupe originale extraite du volume à segmenter (avec les points germes) et sur la droite les résultats de segmentation associés aux MY (en vert), VG (en bleu), VD (en rouge), OC (en cyan).

Evolution du volume du ventricule gauche au cours d'un cycle

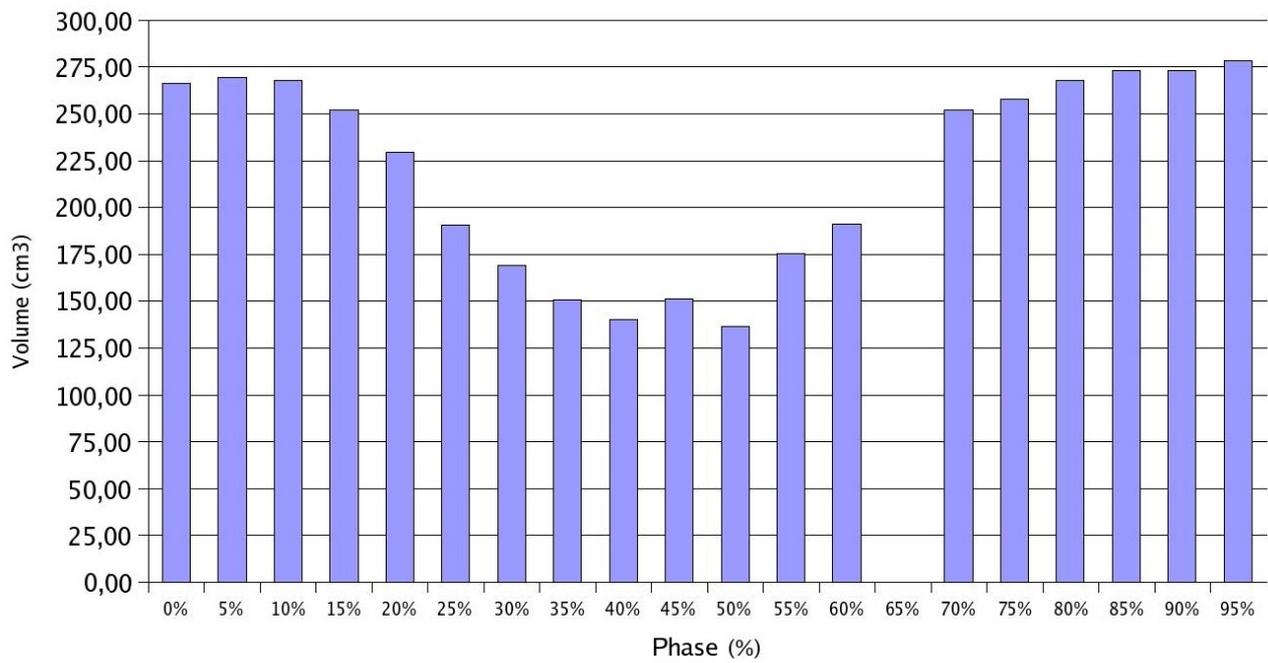


Figure 6 : Volume du ventricule gauche au cours d'un cycle.

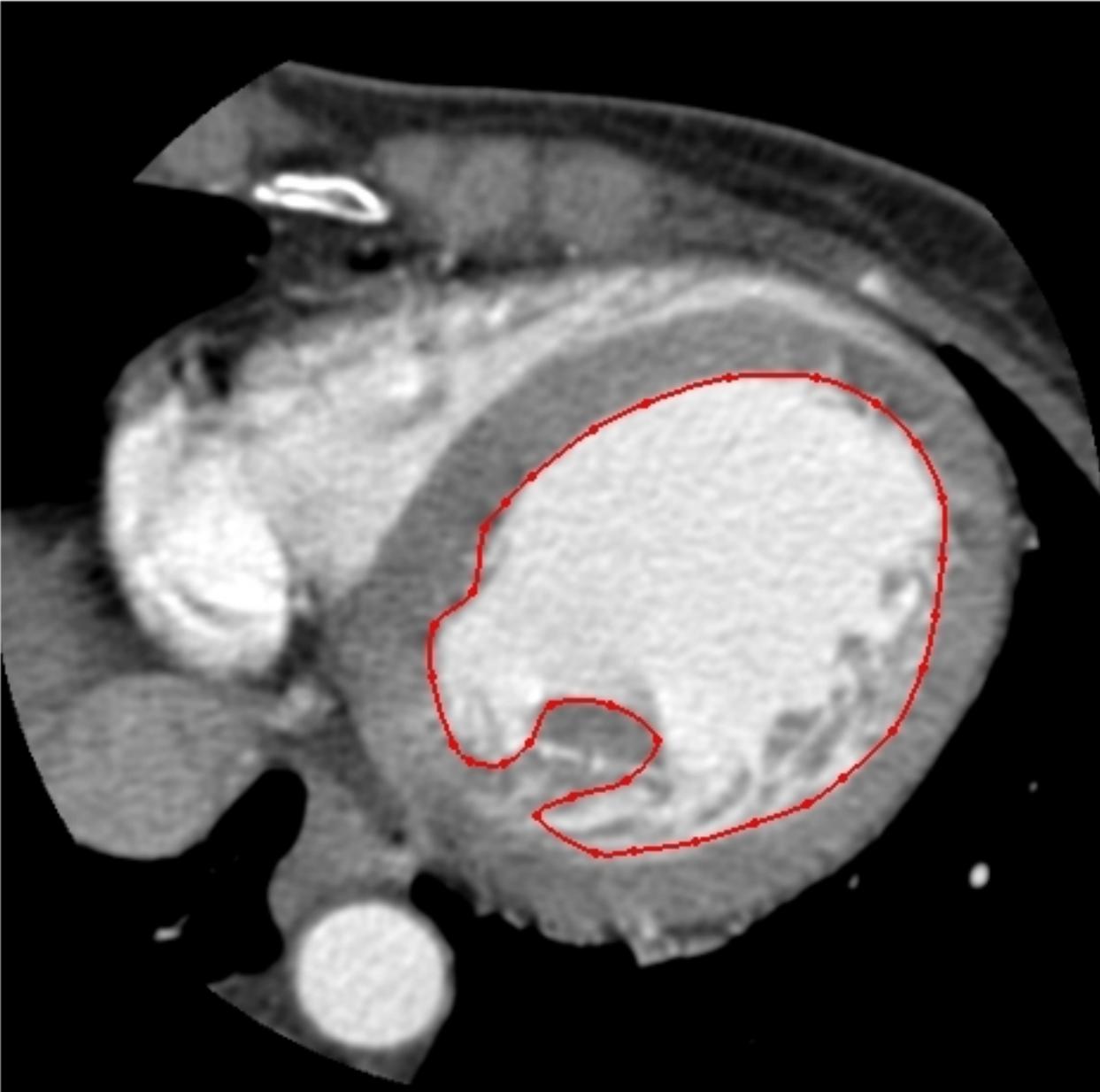


Figure 7 : Exemple de coupe d'image scanner cardiaque segmentée par l'expert pour la détection du ventricule gauche (sans l'oreillette)