

Segmentation fonctionnelle de séquences d’IRM rénales à rehaussement de contraste par quantification vectorielle

Béatrice Chevaillier¹, Jean-Luc Collette¹, Damien Mandry^{2,3}, Michel Claudon^{2,3}, Olivier Pietquin^{1,2,3}

1. IMS Research Group, Supelec Metz Campus, Metz, France
2. U947, Inserm, Nancy, France
3. IADI, Nancy-Université, Nancy, France

Résumé—En Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) à rehaussement de contraste, la segmentation des structures internes du rein est nécessaire pour une étude de la fonction rénale par compartiment. Pour éviter une segmentation manuelle fastidieuse, deux méthodes (semi-)automatiques, utilisant un algorithme de quantification vectorielle visant à regrouper les pixels rénaux d’après leurs vecteurs temps-intensité, sont proposées et validées sur des données réelles.

Mots-Clés

Segmentation d’images, quantification vectorielle, traitement d’images médicales, *clustering*.

I. INTRODUCTION

Pour l’évaluation de la fonction rénale, l’Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) dynamique à rehaussement de contraste est une alternative intéressante à la scintigraphie [1]. L’un de ses avantages potentiels est l’étude différenciée par compartiment, laquelle nécessite la segmentation des structures rénales internes (cortex, médullaire et cavités). Cette opération est la plupart du temps réalisée manuellement par un radiologue, mais elle est longue et fastidieuse. Les résultats dépendent de l’opérateur et peuvent varier de manière importante en cas d’erreur de recalage. Les trois compartiments anatomiques ayant des évolutions temporelles de contraste différentes (voir figure 1), certains auteurs proposent de classer les pixels rénaux d’après leur profil fonctionnel [2]. Cependant, la validation des résultats consiste la plupart du temps en une vérification qualitative de la cohérence avec une segmentation manuelle établie par un radiologue.

Nous proposons de tester des méthodes de segmentation faisant appel à deux algorithmes de quantification vectorielle qui permettent de rassembler les pixels rénaux en groupes homogènes ou *clusters* en fonction de leur courbe temps-intensité. En ce qui concerne la validation des résultats, une première évaluation peut se faire sur des données de synthèse générées par le modèle que nous avons développé dans [3] afin d’évaluer l’influence respective des diverses sources

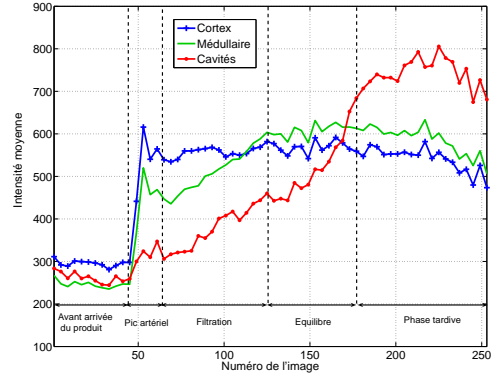


FIG. 1 – Exemple de courbes temps-intensité typiques pour le cortex, la médullaire et les cavités rénales.

d’erreur. Nous proposons aussi une méthode de validation sur données réelles, l’absence de vérité-terrain constituant une difficulté majeure.

II. QUANTIFICATION VECTORIELLE DES COURBES TEMPS-INTENSITÉ

Les vecteurs temps-intensité $\{\xi_i\}_{1 \leq i \leq N}$ des N pixels rénaux, de dimension N_T , sont obtenus à partir d’une séquence d’IRM de perfusion rénale recalée comprenant N_T images. Ils peuvent éventuellement être normalisés avant l’étape de quantification vectorielle. Les $\{\xi_i\}$ peuvent être considérés comme des échantillons d’une densité de probabilité sous-jacente $p(\xi)$ sur une variété $X \subset \mathbf{R}^{N_T}$ toutes deux inconnues. Ils constituent l’attribut de chaque pixel pour l’étape de quantification vectorielle, dont l’objectif est de déterminer, à partir des ξ_i , un ensemble fini $\mathbf{w} = \{w_j\}_{1 \leq j \leq K} \subset X$ de prototypes qui représente au mieux la distribution en minimisant une fonction de distorsion [4]. Tout point de \mathbf{R}^{N_T} peut alors être associé au w_i qui en est le plus proche et qui est appelé son représentant.

Deux algorithmes, à savoir les K-moyennes [4] et le *Growing Neural Gas with Targeting* (GNG-T) [5], correspondant à deux interprétations différentes de la notion de *cluster*, sont utilisés. Pour les K-moyennes, le nombre K de prototypes est prédéfini par l’utilisateur, et chaque *cluster* est formé de tous les échantillons

ayant le même représentant. Pour le GNG-T, K est adapté de manière itérative pendant l'exécution de l'algorithme, qui fournit, en plus de l'ensemble de prototypes, un graphe qui préserve la topologie de la loi de probabilité sous-jacente [6]. Un *cluster* est alors l'association de tous les échantillons situés sur une même composante connexe de X , autrement dits ceux dont les représentants appartiennent à un même sous-graphe (voir figure 2). Le GNG-T est mieux adapté à la représentation de distributions de forme complexe.

III. MATÉRIEL ET MÉTHODES

La base de données est constituée de 8 séquences d'IRM de perfusion de 8 reins sains (5 droits et 3 gauches) provenant de 8 patients différents dont l'âge est compris entre 3 semaines et 51 ans. Chaque séquence est constituée de 256 images.

Dans le cas du GNG-T, l'intervention d'un opérateur est nécessaire pour faire un réglage grossier en temps réel de deux seuils liés à des critères physiologiques, afin de briser certains arcs parasites dans le graphe topologique [7].

Pour valider les résultats sur des données réelles en l'absence de vérité-terrain, nous évaluons certains critères de ressemblance, comme l'indice de similarité [8], entre une segmentation manuelle de référence et les segmentations obtenues par quantification vectorielle. Comme il est difficile de fixer un seuil sur ces critères pour distinguer une segmentation correcte d'une segmentation inacceptable, nous avons aussi estimé ces mêmes critères entre la même segmentation de référence et une seconde segmentation manuelle.

IV. RÉSULTATS

Des exemples de segmentations obtenues sont présentés figure 3. Des résultats quantitatifs sont présentés figure 4 pour l'indice de similarité (les détails pour d'autres critères sont disponibles dans [9, 7]).

V. DISCUSSION-CONCLUSION

Les segmentations fonctionnelles sont visuellement très cohérentes avec les manuelles. Les résultats quantitatifs des comparaisons entre la segmentation manuelle de référence et l'une ou l'autre des segmentations fonctionnelles sont similaires à ceux obtenus entre deux segmentations manuelles sur la base de données de test, la dispersion étant même légèrement inférieure. Le gain de temps est considérable, puisqu'une segmentation manuelle dure plusieurs minutes, contre environ 20 s pour les méthodes proposées. Celles-ci sont actuellement testées sur une base de données d'une centaine de reins normaux ou pathologiques. Pour ces derniers, le déséquilibre entre classes

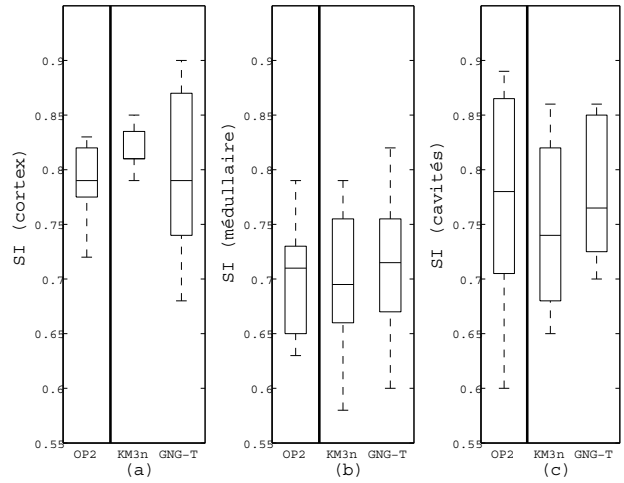


FIG. 4 – Indice de similarité, la référence étant l'opérateur OP1 : de gauche à droite, segmentation par l'opérateur OP2, K-moyennes à 3 classes sur vecteurs normalisés pour le cortex (a), la médullaire (b) et les cavités (c).

dû à la dilatation des cavités justifiera probablement l'utilisation du GNG-T plutôt que des K-moyennes.

RÉFÉRENCES

- [1] N. Grenier, F. Basseau, M. Ries, B. Tyndal, R. Jones, and C. Moonen, "Functional MRI of the kidney," *Abdominal Imaging*, vol. 28, no. 2, pp. 164–175, 2003.
- [2] T. Song, V.S. Lee, H. Rusinek, J.B. Sajous, and A.F. Laine, "Registration and segmentation of dynamic three-dimensional MR renography based on Fourier representations and k-means clustering," in *Proceedings of the 13th Scientific Meeting of the International Society for Magnetic Resonance in Medicine (ISMRM 2005)*, Miami, Florida, USA, 2005, 1 page.
- [3] B. Chevaillier, J.L. Collette, D. Mandry, M. Claudon, and O. Pietquin, "Objective assessment of renal DCE-MRI image segmentation," in *Proceedings of the 18th European Signal Processing Conference (EUSIPCO 2010)*, Aalborg (Denmark), August 2010, pp. 1214–1218.
- [4] A. Gersho and R.M. Gray, *Vector quantization and signal compression*, Dordrecht, Netherlands, 1992.
- [5] H. Frezza-Buet, "Following non-stationary distributions by controlling the vector quantization accuracy of a growing neural gas network," *Neurocomputing*, vol. 71, no. 7-9, pp. 1191–1202, March 2008.
- [6] T. Martinetz, S. Berkovich, and K. Schulten, "Neural-gas network for vector quantization and

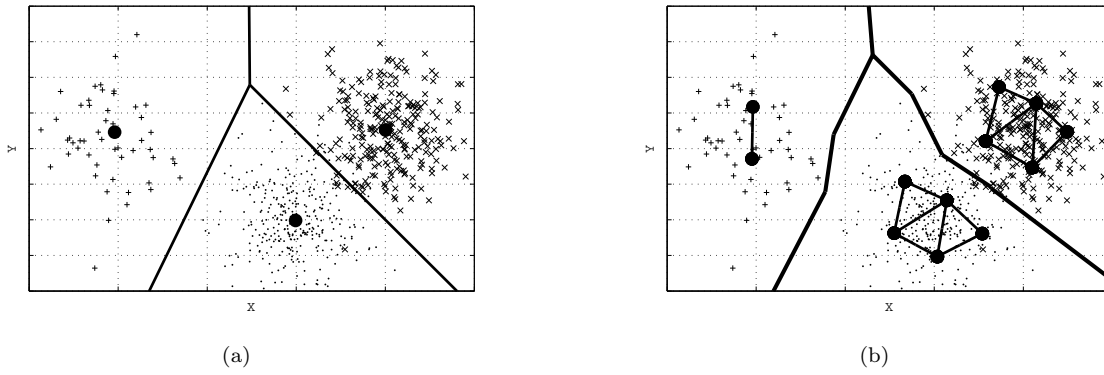


FIG. 2 – Exemple de quantification vectorielle pour un mélange gaussien à trois composantes (dimension 2) : prototypes et partition (ligne épaisse) obtenus par K-moyennes avec $K = 3$ (a) et par GNG-T (b) avec le graphe associé. Les croix (x) et les signes plus (+) représentent des échantillons de la distribution, les gros points sont les prototypes obtenus, reliés par des arcs seulement pour le GNG-T.

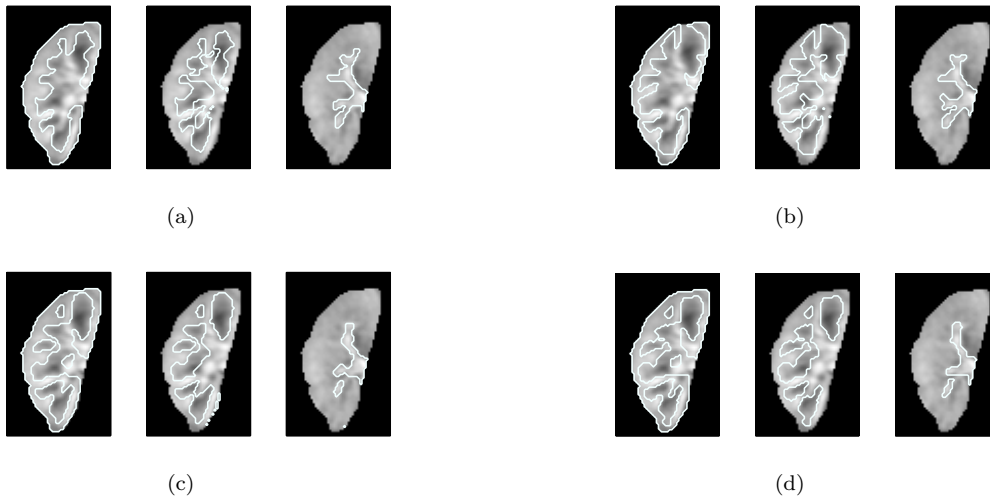


FIG. 3 – Exemples de segmentations manuelles réalisées par les opérateurs OP1 (a) et OP2 (b), et segmentations fonctionnelles obtenues après quantification par K-moyennes (c) et par GNG-T (d) : pour chaque segmentation, le cortex est représenté sur l’image de gauche, la médullaire sur celle du milieu et les cavités sur celle de droite.

its application to time-series prediction,” *IEEE Transactions on Neural Networks*, vol. 4, no. 4, pp. 558–569, 1993.

[7] B. Chevallier, Y. Ponvianne, J.L. Collette, D. Mandry, M. Claudon, and O. Pietquin, “Functional semi-automated segmentation of renal DCE-MRI sequences using a growing neural gas algorithm,” in *Proceedings of the 16th European Signal Processing Conference (EUSIPCO 2008)*, Lausanne (Switzerland), 2008, 4 pages.

[8] A.P. Zijdenbos, B.M. Dawant, R.A. Margolin, and A.C. Palmer, “Morphometric analysis of white matter lesions in MR images : method and validation,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 13, no. 4, pp. 716–24, 1994.

[9] B. Chevallier, Y. Ponvianne, J.L. Collette, D. Mandry, M. Claudon, and O. Pietquin, “Functional semi-automated segmentation of renal DCE-MRI sequences,” in *Proceedings of the 33rd IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing (ICASSP 2008)*, 2008, pp. 525–528.