Segmentation d'images par étiquetage crédibiliste : Application à l'imagerie médicale par tomodensitométrie en cancérologie

Segmentation d'images par étiquetage crédibiliste : Application à l'imagerie médicale par tomodensitométrie en cancérologie

Peng Zhang[1,2], Patrick Vannoorenberghe[3], Olivier Gallocher[4], Isabelle Gardin[1,5]

[1]Laboratoire Universitaire Quantification en Imagerie Fonctionnelle, Université de Rouen, Faculté de Médecine, 76000 ROUEN
[2]Laboratoire d'Informatique, de Traitement de l'Information et des Systèmes, Université de Rouen UFR des Sciences, 76800 Saint Etienne du Rouvray, France
[3]Laboratoire de Télédétection à Haute Résolution, ERT 43
Université Paul Sabatier Toulouse 3, UFR PCA
Centre de Télédétection Spatiale, 118 route de Narbonne, 31062 TOULOUSE cedex4
Patrick.Vannoorenberghe@cict.fr
[4]Département de Radiothérapie et Physique Médicale, CHB Rouen, 76000 ROUEN
[5]Département de Médecine Nucléaire, CHB-CHU Rouen, 76000 ROUEN, FRANCE

Manuscrit reçu le 17 décembre 2005

Résumé et mots clés

Dans cet article, un algorithme de segmentation d'images basé sur une technique d'étiquetage crédibiliste est présenté. La contribution essentielle de ce travail réside dans la façon dont les images sont modélisées par des fonctions de croyance de façon à représenter l'incertitude inhérente à l'étiquetage d'un voxel à une classe. L'allocation de masse réalisée pour chaque voxel est construite à partir des caractéristiques intrinsèques des régions qui composent l'image. Afin de limiter cette incertitude dans la phase d'étiquetage, on diminue de façon progressive un seuil de décision tout au long d'un processus itératif jusqu'à sa stabilisation. Cet algorithme est appliqué à la segmentation de volumes d'intérêt sur des images TDM. La segmentation des deux poumons, de la trachée, des bronches souches et du canal médullaire est réalisée à visée de radiothérapie externe, ainsi que la réalisation de la segmentation ganglionnaire pour la mesure de volume à visée d'évaluation initiale du stade de la maladie ou de suivi thérapeutique.

Segmentation, fonctions de croyance, imagerie médicale, tomodensitométrie, cancérologie.

Abstract and key words

In this paper, an image segmentation algorithm based on credal labelling is presented. The main contribution of this work lies in the way in which the images are modelled by belief functions in order to represented uncertainty inherent in the labelling of a voxel to a class. For each voxel, the basic belief assignment is derived from intrinsic features of the regions in the image. In order to control the uncertainty in the labelling step, a decision threshold is decreased in a progressive way throughout an iterative process until its stabilization. The methodology is applied for volumes

segmentation on computed tomography images. The segmentation of the two lungs, trachea, main bronchi and the spinal canal is carried out for patients having undergone external radiotherapy treatment. The segmentation of a pathological ganglion is also presented and is used for volume measurement in case of therapeutic follow-up.

Segmentation, belief functions, medical imagery, computed tomography imaging, cancerology.

1. Introduction

1.1. Place de la segmentation d'images en cancérologie

Il existe de nombreuses applications de segmentation d'images dans le domaine médical, en particulier en cancérologie. Celle-ci peut être utile dans le cadre du diagnostic, en particulier lors du dépistage systématique [1], mais surtout dans l'évaluation initiale du stade de la maladie. En effet, la taille des lésions tumorales et des ganglions susceptibles d'être envahis font partie des paramètres fondamentaux intervenant dans la définition du stade de la maladie et dans la stratégie thérapeutique. La segmentation des images médicales joue également un rôle très important dans le suivi thérapeutique. Là encore, la diminution de la taille des lésions et des ganglions envahis après une série de cures de chimiothérapie permet de préciser l'apport de la thérapie vis-à-vis de la maladie (rémission complète, rémission partielle, en évolution). Ces renseignements dictent, là encore, la stratégie thérapeutique à suivre. Le traitement des tumeurs par radiothérapie externe nécessite également la définition précise du volume cible tumoral et des organes à risque avoisinant afin de déterminer la balistique des faisceaux d'irradiation et la dose absorbée dans ces volumes d'intérêt.

Bien que les applications soient nombreuses et d'un intérêt médical évident, bien peu d'outils existent en routine clinique. La mesure du volume de la tumeur et des ganglions se fait généralement à partir d'une série d'images en deux dimensions (coupes 2D) par TomoDensitoMétrie (TDM ou scanner à rayons X) en estimant le diamètre dans les trois directions de l'espace en considérant le volume comme une ellipsoïde. En radiothérapie externe, les stations de délinéation des structures proposent aux radiothérapeutes des outils de segmentation coupe par coupe souvent basés sur un contourage manuel ou un seuillage avec une valeur de seuil fixée par l'utilisateur à partir d'un histogramme. La définition des volumes d'intérêt peut être fastidieuse et dépendante de l'opérateur lorsqu'elle nécessite une définition en partie manuelle.

Aujourd'hui encore, la segmentation d'images en régions reste un problème difficile et délicat suivant l'application et l'objectif visés. Ceci est particulièrement le cas en imagerie médicale, compte tenu du bruit généralement présent dans ce type d'images, de la diversité des modalités d'imagerie (échographie, imagerie par rayons X (TDM, mammographie), Imagerie par Résonance Magnétique nucléaire (IRM), Tomographie par Émission MonoPhotonique (TEMP), Tomographie par Émission de Positons (TEP)), de la nature des informations visualisées (imagerie anatomique (échographie, TDM, IRM) ou fonctionnelle (TEMP, TEP, IRMf)) et de l'objectif de la segmentation. Ainsi par exemple, la segmentation d'images TDM pulmonaires, peut être à visée diagnostique (détection automatique de nodules pulmonaires [1] ou à visée de radiothérapie externe [2] avec la segmentation des deux poumons et du canal médullaire).

1.2. Segmentation d'images par classification de voxels

En général, les structures présentant un intérêt médical correspondent à des structures anatomiques ou fonctionnelles visualisées sur les images par des voxels[1] voisins qui peuvent formellement être regroupés en régions de voxels connexes. De ce fait, la segmentation d'une image $\mathcal{I}$ définie sur un ensemble de voxels $\mathcal{V} = \{V_1, \cdots, V_i, \cdots, V_N\}$ est une partition de $\mathcal{I}$ en sous-ensembles disjoints non vides $\mathcal{R}_k$ pour $k = \{1, 2, \cdots, K\}$ appelés régions :

$$\mathcal{I} = \bigcup_{k=1}^{K} \mathcal{R}_k. \tag{1}$$

Une région contient un ensemble de voxels connexes au sens d'un prédicat ayant des propriétés similaires en terme d'intensité, de texture, … Des solutions au problème de segmentation d'images ont été proposées depuis de nombreuses années [3]. Parmi ces solutions, il en est une qui s'attache à classifier les individus d'une population (ici les voxels de l'image) en exploitant leur similarité.

1. Dans la suite et lorsque cela sera nécessaire, le terme voxel sera généralement employé pour évoquer le fait que la segmentation est réalisé dans un volume d'intérêt.

L'un des critères les plus souvent utilisés pour partitionner une image en régions est sans doute l'homogénéité des niveaux d'intensité. Par l'utilisation de ce critère, il est admis que des régions homogènes dans l'image donnent naissance à des classes dans l'histogramme. Cette approche de la segmentation est une approche de classification voxellaire où l'on suppose qu'une région $\mathcal{R}_k$ est considérée comme un ensemble de voxels connexes appartenant à une même classe ω_k dans un ensemble Ω de K classes. Les classes sont généralement construites par analyse de l'histogramme [3] (seuillage global, classification bayésienne, méthode itérative, …). Une autre technique peut consister à utiliser un algorithme de classification non supervisée (nuées dynamiques, classification ascendante hiérarchique, fuzzy C-means, …) [4]. Lorsque les classes sont construites, les voxels sont assignés à l'une d'entre elles par l'intermédiaire d'une règle de décision. Si le centre des classes est estimé, la procédure classique consiste à assigner chaque voxel à la classe dont le centre est le plus proche de son niveau de gris dans l'histogramme. Finalement, chaque région $\mathcal{R}_k$ de l'image segmentée est composée de voxels connexes tous assignés à la même classe ω_k.

Cependant cette approche est limitée. En effet, considérons l'image de la figure 1 qui est une image synthétique dans laquelle 2 objets ont été artificiellement simulés. Les niveaux de gris des 3 régions sont respectivement 180 pour le fond, 150 pour le rectangle et 50 pour le cercle (figure 1, (a)). Après ajout d'un bruit gaussien de moyenne nulle et de variance 25 (figure 1, (b)), les pixels du fond et du rectangle induisent dans l'histogramme deux modes qui se chevauchent (figure 1, (c)), tandis que la classe des pixels qui correspond au cercle est bien séparée. Considérons le cas idéal où les centres des classes correspondent aux centres de gravité des classes dans l'histogramme, si les pixels sont assignés aux classes dont les centres sont les plus proches de leur niveau d'intensité, alors, avec cette règle de décision simple, de nombreux pixels sont mal classés (figure 1, (d)), comme c'est le cas entre les pixels du fond et du rectangle. Ce cas de figure est souvent rencontré en imagerie médicale, en raison du bruit dans les images et de la faible différence de niveau de gris entre certains tissus biologiques. Ceci met en évidence la nécessité d'une procédure d'étiquetage plus élaborée.

1.3. Principe de l'étiquetage des voxels

Une image segmentée peut être vue comme une image d'étiquettes, où l'on associe à chaque voxel le label correspondant à sa région d'appartenance. Comme nous venons de le démontrer, lorsque les niveaux d'intensité donnent lieu à des classes présentant un recouvrement dans l'histogramme, l'algorithme de classification conduit à une mauvaise segmentation. Pour améliorer les résultats, on applique souvent des procédures de post-traitement spatial. Parmi celles-ci, les modèles de Markov non stationnaires[5, 6] et l'étiquetage par relaxation probabiliste [7]

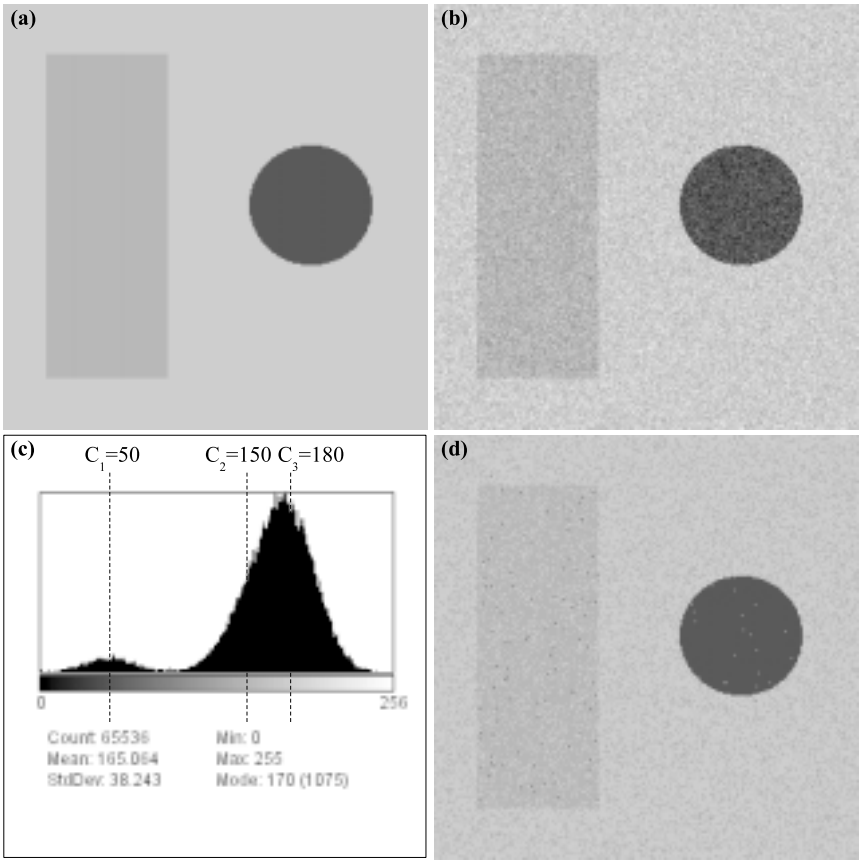

Figure 1. Exemple d'étiquetage de pixels : Image synthétique originale (a) et bruitée (b), histogramme correspondant et centres des classes (c), segmentation obtenue par affectation à la classe de distance minimale (d).

sont deux des techniques les plus couramment utilisées pour résoudre ce problème. L'idée de la relaxation probabiliste consiste à utiliser l'information contextuelle apportée par les voxels voisins pour remettre à jour la distribution de probabilité associée à chaque voxel jusqu'à ce que la convergence vers un état stable soit atteint. Nos travaux s'inspirent de ce principe. Ils ne se focalisent pas sur un processus de segmentation dédié mais sur une procédure d'étiquetage utilisée en post-traitement à une segmentation préalable.

1.4. Étiquetage crédibiliste

Dans cet article, on traite le problème d'assignation comme un problème de fusions d'informations imprécises et incertaines en utilisant le cadre mathématique des fonctions de croyance. Une fonction de croyance est un outil mathématique plus général qu'une mesure de probabilité, qui permet, par conséquence, une plus grande flexibilité dans la gestion de l'incertitude (*cf.* section 2). L'un des intérêts principaux de cette approche réside dans la prise en compte, de manière relativement naturelle, de données imprécises et incertaines. En outre, les fonctions de croyance sont reconnues comme l'un des outils de fusion d'informations les plus souples.

Dans [8], les auteurs proposent une approche non supervisée du problème de segmentation d'images. Dans un premier temps, la détermination des fonctions de croyance est basée sur l'analyse de l'histogramme. La technique a été utilisée pour la segmentation de coupes 2D en IRM cérébrale acquises dans des conditions d'acquisition différentes (images contrastées en T2 et en densité de protons). La fusion, basée sur la définition d'un référentiel propre à chaque modalité, permet d'utiliser l'information redondante contenue dans les images. Même si la technique exploite la complémentarité de différentes acquisitions, elle ne semble pas facilement transposable à la segmentation de volumes. Une autre idée consiste à quantifier l'assignation d'un voxel à chacune des classes en lui associant un degré d'incertitude [9]. La technique a été appliquée pour la segmentation d'images couleur [10] ou dans des applications d'imagerie satellitaire [11] et médicale [12]. Dans ce contexte, chaque voxel de l'image peut être vu comme une source d'information capable d'apporter sa contribution, sous la forme d'une fonction de croyance, dans le processus d'assignation d'un voxel à une classe [11]. Cette solution semble adéquate dans le cas où l'étiquetage des voxels est difficile comme c'est le cas pour les voxels appartenant à des distributions chevauchantes ou les voxels dont les niveaux de gris sont éloignés des centres des classes. Le fait d'agréger les informations en provenance des voxels voisins permet de prendre en compte les informations complémentaires issues de la coupe (traitement 2D), mais également des coupes voisines (traitement 3D), de diminuer l'incertitude de l'étiquetage et d'augmenter les performances de l'algorithme de segmentation.

Le travail présenté dans cet article s'inspire de ces travaux [10, 11, 12]. Notre contribution réside dans la façon dont est quantifiée l'incertitude relative à l'étiquetage d'un voxel et également dans le processus de prise de décision [2, 13]. Dans certains cas, la fusion d'informations entre voxels voisins peut être à l'origine d'un conflit qu'il est nécessaire d'analyser. Notre idée consiste à différer la décision concernant ces voxels en itérant le processus jusqu'à stabilisation. Dans la section 3, nous présenterons ce processus itératif d'assignation, appelé relaxation crédibiliste, qui permet de diminuer au fur et à mesure des itérations l'incertitude associée à la prise d'une décision. Des exemples cliniques sont présentés dans la section 4 permettant de juger des performances et de la flexibilité du processus d'étiquetage crédibiliste dans le cas d'images TDM thoraciques pour plusieurs applications en cancérologie.

2. Fonctions de croyance

Dans cette section, nous rappelons brièvement quelques concepts de base de la théorie des fonctions de croyance. La notion de fonctions de croyance, introduite par Shafer [14], a conduit à la définition d'une théorie particulièrement adaptée à la manipulation d'informations imprécises et incertaines. Connue dans la littérature sous les terminologies de *théorie de Dempster-Shafer* ou *théorie de l'évidence* ou *théorie des fonctions de croyance*, différentes interprétations de ses fondements ont été proposées. Le point de vue que nous adoptons ici est celui proposé par Smets [15], le modèle des croyances transférables (MCT). Celui-ci repose sur deux niveaux de perception des informations (*cf.* figure 2). D'un côté, le *niveau crédal* permet la mise en forme et la révision des informations. De l'autre, le *niveau pignistique* est entièrement dédié à la prise de décision et est clairement séparé de la modélisation des données. La figure 2 illustre ce type de modélisation dans la chaîne de traitement de l'information, où *Bel* représente la fonction de crédibilité et *Pr* représente la probabilité pignistique.

2.1. Niveau crédal - Modélisation de la connaissance

De façon à modéliser la connaissance disponible, on définit tout d'abord un ensemble fini, appelé cadre de discernement et noté Ω, constitué de K hypothèses ou solutions au problème posé :

$$\Omega = \{\omega_1, \omega_2, \ldots, \omega_K\}. \quad (2)$$

Si l'on cherche à modéliser la connaissance sur la valeur inconnue d'une variable y, Ω représente l'ensemble des valeurs pos-

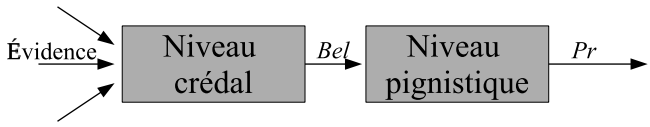

Figure 2. Modèle des croyances transférables et deux niveaux de traitement : Niveau crédal et niveau pignistique.

sibles potentiellement prises par y. L'ensemble 2^{Ω} qui est défini comme l'ensemble des parties de Ω, contient les hypothèses singletons ω_k ainsi que toutes les combinaisons possibles entre les hypothèses singletons. Lorsque l'ensemble des hypothèses de Ω est exhaustif, la solution ω_k au problème se trouve dans l'ensemble de discernement, on se place dans le contexte du *monde fermé*. Dans le cas contraire, si la solution peut se trouver hors de Ω, on se place dans le contexte du *monde ouvert*.
Dans le cadre du MCT, un état de croyance ou une opinion issue d'une source S (un capteur, un agent, un expert, ici un voxel, ...) est caractérisé par un degré de croyance. Cette croyance est alors décrite par une fonction élémentaire de croyance $m(.)$ définie par :

$$m\ : 2^{\Omega} \longrightarrow [0,1], \tag{3}$$

qui est également appelée masse élémentaire et qui vérifie la contrainte suivante :

$$\sum_{A \subseteq \Omega} m(A) = 1. \tag{4}$$

Chaque sous-ensemble $A \subseteq \Omega$ tel que $m(A) > 0$ est appelé élément focal de m. Ainsi, la masse $m(A)$ représente le degré de croyance attribué à la proposition A et qui n'a pas pu, compte tenu de l'état de la connaissance, être affectée à un sous-ensemble plus spécifique que A. Un jeu de masse m tel que $m(\emptyset) = 0$ (monde fermé) est appelé normal. Cette condition, initialement proposée par Shafer [14], peut être relaxée si l'on accepte l'hypothèse du monde ouvert, qui implique la non exhaustivité du cadre de discernement Ω. Tirés des travaux de Shafer [14], les fonctions de croyance sont de nos jours reconnues pour la modélisation des informations incertaines allant de l'ignorance totale à la connaissance complète. Ainsi, une situation d'ignorance totale correspond à la fonction de croyance vide définie par :

$$m(\Omega) = 1. \tag{5}$$

La connaissance parfaite sera représentée par une fonction de croyance certaine, c'est-à-dire une fonction où la totalité de la masse est allouée à un singleton unique de Ω. Lorsque les éléments focaux de m sont des singletons, alors la fonction de croyance *bel* définie par :

$$bel(A) = \sum_{\emptyset \neq B \subseteq A} m(B), \ \forall\ A \subseteq \Omega \tag{6}$$

est équivalente à une fonction de probabilité et sera appelée fonction de croyance bayesienne.
Lorsque la source d'information dont est extraite la fonction de croyance m n'est pas totalement fiable, il est possible d'introduire une opération d'affaiblissement. Dans ce cas, un coefficient α, qui représente une sorte de méta-connaissance concernant la fiabilité de la source, permet de transférer une partie de la croyance vers l'ensemble Ω. Ainsi, une fonction de croyance m_{α} affaiblie par un coefficient $(1-\alpha)$ peut se déduire de m par :

$$m_{\alpha}(A) = \alpha\, m(A) \quad \forall A \subsetneq \Omega \tag{7}$$

$$m_{\alpha}(\Omega) = 1 - \alpha + \alpha\, m(\Omega). \tag{8}$$

Parmi les outils définis dans les travaux initiaux de Shafer [14], il en est un qui concerne la combinaison de deux fonctions de croyance. À partir des fonctions de masses m_1 et m_2, la combinaison conjonctive de ces deux sources d'information $m_{\cap} = m_1 \cap m_2$ peut être calculée par :

$$m_{\cap}(A) = \sum_{A=B\cap C} m_1(B) m_2(C) \quad \forall\ A \subseteq \Omega. \tag{9}$$

Il est à noter que cette règle, appelée règle de Dempster non normalisée, permet de combiner des informations incertaines extraites sous forme de fonctions de croyance. Si nécessaire, la condition de normalité $m_{\cap}(\emptyset) = 0$ peut être retrouvée en divisant chaque masse par un coefficient de normalisation. L'opération résultante, appelé règle de Dempster, notée $\oplus$, est définie par l'équation (10) :

$$(m_1 \oplus m_2)(A) = \frac{m_{\cap}(A)}{1 - m_{\cap}(\emptyset)} \quad \forall\ A \subseteq \Omega \tag{10}$$

où la quantité $m_{\cap}(\emptyset)$ est appelée degré de conflit entre les jeux de masse m_1 et m_2. Celui-ci est noté κ et est calculé par l'équation (11) :

$$\kappa = \sum_{B\cap C=\emptyset} m_1(B) m_2(C). \tag{11}$$

La règle de Dempster est formalisée finalement par l'équation (12) :

$$m_{\oplus}(A) = \frac{1}{1-\kappa} \sum_{B\cap C=A} m_1(B).m_2(C)\ \forall A \subseteq \Omega,\ A \neq \emptyset. \tag{12}$$

L'utilisation de cette règle est possible si et seulement si m_1 et m_2 ne sont pas en conflit total, c'est-à-dire s'il existe deux éléments focaux B et C de m_1 et m_2 qui satisfont la condition $B \cap C \neq \emptyset$. Même si cette règle a été très discutée [16], elle possède tout de même des propriétés intéressantes comme l'associativité, la commutativité et la non-idempotence. L'élément neutre de la fusion ($m \oplus m_n = m$) est la fonction de masse vide $m_n(\Omega) = 1$.

2.2. Niveau pignistique – Prise de décision

L'étape d'aggrégation précédemment définie permet d'obtenir un résumé exhaustif de l'information sous forme d'une fonction de croyance unique m qui est utilisée pour la prise de décision. Dans cette section, on suppose que le jeu de masse m est normal, c'est-à-dire que $m(\emptyset) = 0$. En basant son raisonnement sur des arguments de rationalité développés dans le modèle des croyances transférables, Smets [15] propose de transformer m

en une fonction de probabilité $Bet\,P_m$ (appelée fonction de probabilité *pignistique*) définie sur Ω qui se formalise pour tout $\omega_k \in \Omega$ par l'équation suivante :

$$Bet\,P_m(\omega_k) = \sum_{A \ni \omega_k} \frac{m(A)}{|A|} \tag{13}$$

où $|A|$ représente la cardinalité de $A \subseteq \Omega$. Dans cette transformation, la masse de croyance $m(A)$ est uniformément distribuée parmi les éléments de A. La fonction $Bet\,P_m$ étant une probabilité, on peut appliquer les règles classiques de décision bayésienne. Ainsi, on note $\mathcal{A} = \{a_1, \ldots, a_N\}$ l'ensemble des N actions possibles et $\lambda : \mathcal{A} \times \Omega \longrightarrow \mathbb{R}$ une fonction de coût telle que $\lambda(a_i|\omega_k)$ représente le coût de prendre la décision a_i sachant que la solution de la variable y est ω_k. La règle de décision bayésienne définit alors le coût moyen associé à chaque action $a_i \in \mathcal{A}$ et consiste à minimiser le risque :

$$R_{Bet\,P_m}(a_i|x) = \sum_{\omega_k \in \Omega} \lambda(a_i|\omega_k)\,Bet\,P_m(\omega_k). \tag{14}$$

Il suffit alors de choisir l'action qui minimise ce risque, aussi appelé risque pignistique. D'autres stratégies basées sur les concepts de risque inférieur et supérieur peuvent également être utilisée [17]. En reconnaissance des formes, Ω est l'ensemble des classes et les éléments de $\mathcal{A}$ sont les actions a_k d'assigner un vecteur inconnu à la classe ω_k. Avec des coûts 0-1, définis par l'équation suivante :

$$\lambda(a_k, \omega_r) = 1 - \delta_{k,r} \quad k,r \in \{1, \ldots, K\}, \tag{15}$$

où $\delta_{k,r}$ correspond à l'indice de Kronecker, il a été montré [17] que la minimisation du risque pignistique conduit à choisir la classe ω de probabilité pignistique maximale. Si une action de rejet a_0 de coût constant λ_0 est introduite, le vecteur est rejeté si $Bet\,P_m(\omega_0) < 1 - \lambda_0$.

3. Étiquetage de voxels par régularisation crédibiliste

La méthodologie présentée ici est basée sur l'étiquetage des voxels par régularisation crédibiliste. Une des particularités de la méthodologie proposée réside dans le fait qu'elle peut être appliquée à des images de nature différente. Ainsi, l'étiquetage peut être réalisé avec des images 2D classiques en niveaux de gris ou en couleur, mais aussi sur des données 3D constituées d'un empilement de coupes 2D (comme c'est le cas en imagerie médicale). Dans cet article, nous nous limitons aux images en niveaux de gris, les images couleur restant un problème à part entière.

L'idée de base est qu'une région (*i.e.* classe) correspond à un ensemble de voxels connexes. De ce fait, l'information contenue dans des voxels voisins (V_i) au voxel central (V), est utilisée pour renforcer ou, au contraire, diminuer la confiance que l'on a que le voxel V appartienne à la classe ω_k. Dans un premier temps, l'information est modélisée par le calcul des masses élémentaires $m[V]$ et $m[V_i]$, suivi d'un processus de fusion d'information[2]. La masse $m[V]$ représente la croyance que l'on a dans le fait que le voxel V appartienne à l'une des classes de Ω, ayant observé son niveau de gris. L'algorithme se déroule en cinq étapes distinctes : la définition des sources d'information, la définition du cadre de discernement, la modélisation de la croyance, la fusion des informations, la prise de décision et la gestion des conflits.

3.1. Sources d'information

De façon à modéliser toute la connaissance disponible concernant l'étiquetage d'un voxel V, on définit tout d'abord les sources d'informations potentielles. Celles-ci peuvent êtres issues des voxels situés dans le voisinage spatial du voxel considéré (le cas de la segmentation d'une coupe 2D classique). On peut aussi considérer des coupes voisines en imagerie 3D. Par exemple, dans le cas de la segmentation d'image TDM thoracique 3D, il paraît judicieux, pour l'étiquetage d'un voxel V appartenant à la coupe n, de tenir compte du voxel V lui-même, des voxels voisins dans la même coupe, mais aussi des voxels voisins dans les coupes $n+1$ et $n-1$. En effet, il est très probable que les voxels voisins appartiennent à un même volume d'intérêt.

Dans la pratique, plus on augmente le nombre de sources d'informations (donc de voxels pris en considération dans le processus d'étiquetage) plus les temps de calcul sont longs. Par ailleurs, la contribution d'une source d'information relative à un voxel V_i éloigné du voxel V considéré est négligeable dans le processus d'assignation. Nous préconisons l'étude d'un voisinage 8-connexe sur un masque spatial 3×3 (voir 5×5 dans certains cas particuliers). À titre d'exemple, l'application d'un filtre $3 \times 3 \times 3$ revient pour un voxel V à prendre en compte les informations issues de ses 26 voxels voisins.

3.2. Définition du cadre de discernement

Dans la mise en application des fonctions de croyance pour la segmentation d'images, le cadre de discernement (équation (2)) peut être défini comme le nombre K de classes différentes à discriminer, c'est-à-dire le nombre de volumes d'intérêt à identifier dans l'image. Dans la méthode proposée, on fait correspondre à chacune des classes ω_k de Ω une valeur représentative C_k qui caractérise la classe (par exemple l'homogénéité du volume en terme de nombre d'Unité Hounsfield UH). Dans la pratique, C_k peut être la valeur moyenne des niveaux de gris des voxels de la

2. La notation [] est utilisée pour indiquer l'information observée.

classe ω_k, mais une autre valeur peut être envisagée comme nous le verrons dans les applications cliniques en section 4.
Nous proposons une méthode semi-supervisée pour la définition du cadre de discernement. En effet, en imagerie médicale, on peut supposer que l'utilisateur connaît en général le nombre de classes (*i.e.* nombre de volumes d'intérêt) qu'il souhaite extraire. Rappelons qu'un processus de segmentation dans ce contexte n'est rien d'autre qu'une aide au praticien qui peut souhaiter segmenter certains volumes plutôt que d'autres. Dans ce travail, le choix du nombre de classes K est donc supervisé par l'utilisateur. La définition des valeurs caractéristiques des classes peut être, selon les applications cliniques, soit non supervisée et extraites de façon automatique à partir des données, soit semi supervisée dans le cas où les valeurs extraites sont réajustées par le praticien. Dans le premier cas, nous avons choisi d'utiliser l'algorithme des K-Means [18] pour déterminer les valeurs moyennes des niveaux de gris des voxels qui composent chacune des classes.

3.3. Modélisation de la croyance

Nous allons détailler l'étape d'étiquetage d'un voxel V dont le voisinage $\Phi(V)$ est examiné. On commence par déterminer la masse élementaire $m[V]$ pour le voxel central V et les masses élémentaires $m[V_i]$ associées aux voxels V_i du voisinage du voxel V étudié ($V_i \in \Phi(V)$). Ces masses élémentaires quantifient le degré de croyance concernant l'appartenance du voxel V à une classe (volume d'intérêt) dans le cadre de discernement Ω. La méthode d'allocation des masses s'inspire de [19].

3.3.1. Calcul de la croyance associée à chaque voxel V de l'image

La masse élémentaire $m[V]$ associée au voxel étudié V est définie par :

$$m[V](\{\omega_k\}) = \delta.\exp[-\gamma(d_{V,\omega_k})] \qquad \forall\, k = 1,\cdots,K \tag{16}$$

$$m[V](\Omega) = 1 - \sum_{k=1}^{K} m[V](\{\omega_k\}) \tag{17}$$

où d_{V,ω_k} est la distance Euclidienne entre le niveau de gris du voxel V et la valeur caractéristique C_k de la classe ω_k. La masse élémentaire $m[V](\{\omega_k\})$ quantifie la confiance que l'on a dans le fait que le voxel V appartienne à la classe ω_k n'ayant observé que sa propre information associée. Le paramètre γ permet de modifier l'influence de d_{V,ω_k} dans le calcul de la masse. Dans l'équation (16), δ est un paramètre ($0 < \delta < 1$) qui permet d'éviter d'affecter la totalité de la masse à la classe ω_k lorsque la distance d_{V,ω_k} est nulle. En effet, le fait que le niveau de gris du voxel V soit égal à la valeur caractéristique C_k ne signifie pas avec certitude que V appartienne à la classe ω_k. Dans ce contexte, δ agit comme un coefficient d'affaiblissement constant permettant de modéliser la fiabilité du processus d'affection. Dans la pratique, ce paramètre est généralement ajusté entre 0,7 et 0,9.
Un exemple de calcul du jeu de masse est illustré à la figure 3, pour un voxel V, dans le cas de la segmentation d'une image TDM thoracique suivant deux classes. Cette figure montre l'histogramme d'une coupe transverse. Les distances entre le voxel à étiqueter V, d'une part, et C_1 et C_2 d'autre part, sont respectivement notées d_{V,ω_1} et d_{V,ω_2}. Sur cet exemple, on constate bien que les voxels dont les niveaux sont proches des valeurs caractéristiques des classes ont un niveau de confiance élevé d'appartenir au volume considéré. Les valeurs de masse sont respectivement $m[V](\{\omega_1\}) = 0{,}16$, $m[V](\{\omega_2\}) \simeq 0$ et $m[V](\Omega) = 0{,}84$ pour $\delta = 0{,}9$.
La valeur du paramètre γ a été fixée à $\gamma = 0{,}05$ car les tests réalisés avec différentes valeurs nous ont permis de vérifier que cette valeur donne de bons résultats dans la majorité des images. Ce paramètre permet uniquement de modifier l'influence de d_{V,ω_k} dans le calcul de la masse.

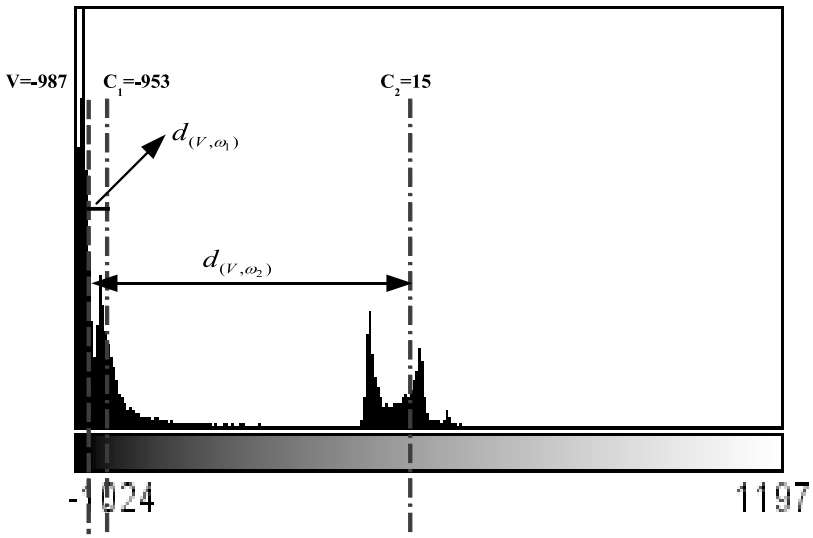

Figure 3. Exemple de calcul de distances selon les équations (16) et (17) défini sur une coupe transverse TDM thoracique.

3.3.2. Contribution des voxels voisins V_i dans l'étiquetage d'un voxel V

La théorie de Dempster-Shafer [20] permet d'introduire des coefficients d'affaiblissement (*cf.* équations (7) et (8)) afin de pondérer les informations issues des voxels voisins V_i d'information moins fiable que celle émanant du voxel V lui-même. Ainsi, les masses élémentaires $m[V_i]$ associées aux voxels V_i voisins de V, sont calculées par affaiblissement selon les équations suivantes :

$$m[V_i \in \Phi(V)](A) = \alpha_i \; m[V_i] \quad \forall A \subsetneq \Omega \tag{18}$$

$$m[V_i \in \Phi(V)](\Omega) = 1 - \alpha_i + \alpha_i \; m[V_i](\Omega). \tag{19}$$

Dans ces équations, les fonctions de masse $m[V_i]$ sont estimées comme précédemment (équations (16) et (17)) en remplaçant V par V_i. Ainsi, la contribution du voxel V_i à l'étiquetage du voxel V estimée par le biais de la masse élémentaire $m[V_i \in \Phi(V)](\{\omega_k\})$ permet de quantifier le degré de croyance que l'on place dans le fait que le voxel V appartienne à la classe ω_k.

Les coefficients α_i correspondent à des coefficients d'affaiblissement. Un coefficient α_i nul permet d'ignorer la source d'information $[V_i \in \Phi(V)]$. Au contraire, si l'on estime que le voxel V_i apporte une information fiable dans l'étiquetage du voxel V, on ajustera la valeur du coefficient α_i à 1.

L'affaiblissement relatif à chaque voxel V_i peut être considéré comme un filtre d'un point de vue du traitement de l'image. Il a été choisi de réaliser un affaiblissement de l'information apportée par les voxels V_i selon une relation spatiale entre ces voxels et le voxel V considéré. En effet, plus un voxel est éloigné du voxel d'étude, moins fiable est l'information qu'il contient et celle-ci doit donc d'autant moins influer sur le processus d'assignation. Nous avons choisi de calculer pour chaque voxel du filtre le paramètre α_i de la façon suivante :

$$\alpha_i = \exp^{-\beta . d(V_i, V)} \tag{20}$$

où β est un paramètre dont la valeur est ajustée par l'analyste et $d(V_i, V)$ est une distance dans l'image entre les coordonnées spatiales des deux voxels V_i et V. Dans le cas d'images médicales au format DICOM [21], la taille du voxel, l'épaisseur de coupe et la distance inter-coupe sont des informations directement disponibles pour le calcul automatique de $d_{V_i,V}$.

3.4. Étape de fusion : Prise en compte du voisinage

Dans les paragraphes précédents, nous avons quantifié le degré d'appartenance de chaque voxel V de l'image à chacune des classes ω_k de Ω sous la forme d'une fonction de masse. Nous avons également évalué la contribution respective de chaque voxel voisin pour l'étiquetage de V. Il s'agit maintenant de fusionner l'information extraite de V et de son voisinage $\Phi(V)$.

La prise en compte du voisinage dans l'étape de fusion permet de définir une fonction de masse, notée m_V, calculée par :

$$m_V = m[V] \oplus m[\Phi(V)]. \tag{21}$$

Dans cette équation, la fonction de masse $m[\Phi(V)]$ caractérise la contribution du voisinage de V et peut s'exprimer comme la fusion des masses élémentaires pour tous les voxels voisins V_i appartenant à $\Phi(V)$. Cette fonction de masse se calcule en utilisant la règle de Dempster par :

$$m[\Phi(V)] = \bigoplus_i m[V_i \in \Phi(V)]. \tag{22}$$

Ainsi, la fonction m_V définie sur Ω permet de quantifier le degré d'appartenance de V à l'un des volumes d'intérêt dans l'image à partir des observations élaborées à partir de V et de son voisinage 3D. L'information apportée par le voisinage est primordiale pour diminuer (ou au contraire augmenter) l'incertitude quant à l'étiquetage de chaque voxel de l'image. Dans les volumes homogènes de l'image dont les niveaux de gris sont proches d'une des valeurs caractéristiques C_k des classes, la contribution de $\Phi(V)$ va permettre d'augmenter la croyance dans l'appartenance de V à ω_k.

3.5. Étape de relaxation : Prise de décision et gestion des conflits

La fonction de masse m_V, obtenue après l'étape de fusion (équation (21)), est utilisée pour la prise de décision. Selon l'allocation des masses associées à chaque fonction m_V, il est possible de prendre une décision non ambiguë ou au contraire d'étiqueter de façon abusive un voxel ayant un niveau d'incertitude élevé. Pour illustrer ce propos, considérons les deux configura-

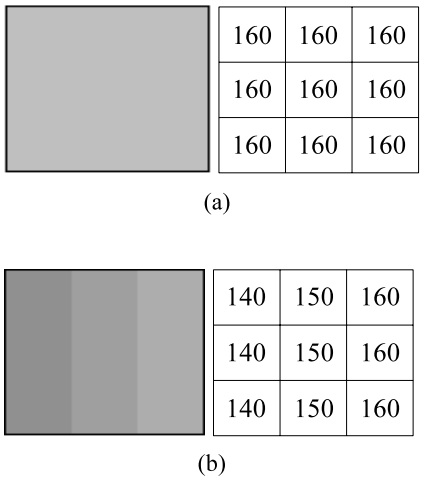

Figure 4. Images de synthèse de taille 3×3 *et niveaux de gris associés : (a) Région homogène, (b) Présence d'un contour en rampe. Étiquetage à partir de deux classes de valeurs caractéristiques* $C_1 = 140$ *et* $C_2 = 160$.

tions de la figure 4. Dans le premier (cas (a)), le voxel central à étiqueter se trouve dans une région parfaitement homogène, tandis que dans le second (cas (b)), le voxel à étiqueter se trouve à la frontière entre deux régions différentes. Supposons que nous souhaitons étiqueter le voxel central des deux images de la figure 4, selon un cadre de discernement à deux classes ω_1 et ω_2, de valeurs caractéristiques respectivement $C_1 = 140$ et $C_2 = 160$. Le résultat des calculs de masses, après la prise en compte du voisinage et la fusion d'information, est donné dans le tableau 1, où les masses élémentaires $m[V]$ ont été calculées pour des valeurs de paramètre $\delta = 0{,}7$, $\gamma = 0{,}05$ et $a = 0{,}4$.

Tableau 1. Masses fusionnées de l'image (a) et (b) de la figure 4.

	$m_V(\{\omega_1\})$	$m_V(\{\omega_2\})$	$m_V(\Omega)$
Cas (a)	0,036	0,962	0,002
Cas (b)	0,496	0,496	0,008

Dans le cas (a), la valeur $m_V(\{\omega_2\})$ de masse fusionnée associée à la classe ω_2 est de loin très supérieure à celle associée à la classe ω_1. Dans ce contexte, une décision non ambiguë peut être prise. Au contraire, dans la configuration (b), les valeurs des masses fusionnées associées aux deux classes sont très proches et la prise de décision est rendu impossible au regard du niveau d'incertitude associé ($m_V(\{\omega_1\}) = m_V(\{\omega_2\})$).

De ce fait, nous avons choisi de calculer le risque encouru d'étiqueter un voxel à un volume donné, en transformant la fonction de masse m_V en probabilité pignistique, notée $BetP$ et calculée par :

$$BetP(\omega_k) = \sum_{A \ni \omega_k} \frac{m_V(A)}{|A|}. \tag{23}$$

À partir de cette probabilité, le formalisme décrit à la section 2.2 peut être utilisé pour calculer le risque associé à une prise de décision. Soit $\mathcal{A} = \{a_0, a_1, \ldots, a_K\}$ l'ensemble des actions possibles où a_k, $k = 1, \ldots, K$ désigne l'action qui consiste à assigner un voxel V à une classe ω_k donnée et a_0 l'action de rejet. Avec un tel formalisme, il suffit de choisir l'action qui minimise le risque lié à chacune des actions $a_i \in \mathcal{A}$ défini par :

$$R_{BetP}(a_i) = \sum_{\omega_k \in \Omega} \lambda(a_i|\omega_k) BetP(\omega_k) \tag{24}$$

où $\lambda(a_i|\omega_k)$ représente le coût encouru de choisir l'action a_i (assigner la classe ω_i au voxel V) sachant que le voxel V appartient effectivement à la classe ω_k. Nous avons choisi de travailler avec des coûts 0-1 (*cf.* équation (15)), c'est-à-dire d'associer un coût nul pour une prise de décision correcte et un coût 1 constant pour une mauvaise décision. Cependant, ces coûts peuvent tout à fait être ajustés en fonction de l'application médicale et des enjeux diagnostic ou thérapeutique. Ainsi, suivant les cas, il vaut parfois mieux majorer le volume tumoral que de le minorer. Alors que dans d'autre cas, l'inverse est plus prudent.

Il nous apparaît plus judicieux de rejeter la prise de décision concernant l'étiquetage plutôt que de risquer un mauvais étiquetage. De cette manière, il est possible de rejeter (avec un coût λ_0) un certain nombre de voxels pour lesquels la prise de décision quant à leur étiquetage pose problème. Les conflits sont gérés par un traitement itératif de l'image qui permet à chaque cycle d'itérations de décrémenter la valeur du coût de rejet λ_0 afin de prendre une décision sur l'ensemble des voxels de l'image. L'organigramme de la méthode proposée pour l'étiquetage de chaque voxel de l'image est donné à la figure 5 pour le traitement de l'image de la figure 1 (b).

Lors du premier passage du traitement, on a deux types de voxels, ceux qui sont étiquetés d'emblée et ceux qui ne le sont pas du fait d'un fort conflit apparaissant dans leur voisinage. Si la valeur de $BetP_{max}$ associée au voxel que l'on cherche à classifier est inférieure à un seuil initial ($D_i = 1 - \lambda_0$) défini par l'utilisateur, alors on ne prend pas de décision. Dans le cas contraire, le voxel prend la valeur caractéristique C_k de la classe associée. Puisque cette première phase ne permet pas d'étiqueter tous les voxels de l'image, nous proposons un traitement itératif. Le traitement est ainsi renouvelée sur cette nouvelle image, soit un nombre de fois (I_m) défini par l'opérateur, soit un nombre de fois plus limité si tous les conflits sont réglés du fait que toutes les valeurs de $BetP_{max}$ sont supérieures au seuil de référence (D_i)). Ensuite, on décrémente la valeur du seuil de référence d'une constante (D_m) à nouveau définie par l'utilisateur et on réitère les deux opérations précédentes à partir de la dernière image générée. Ce cycle s'arrête lorsque l'on atteint un seuil de référence $D_i = 0$ pour lequel tous les voxels ont été étiquetés. À chaque nouveau parcours, une image de conflit est générée afin d'observer la stabilisation du processus. Cette procédure de prise de décision prudente permet d'augmenter les performances de la phase de segmentation.

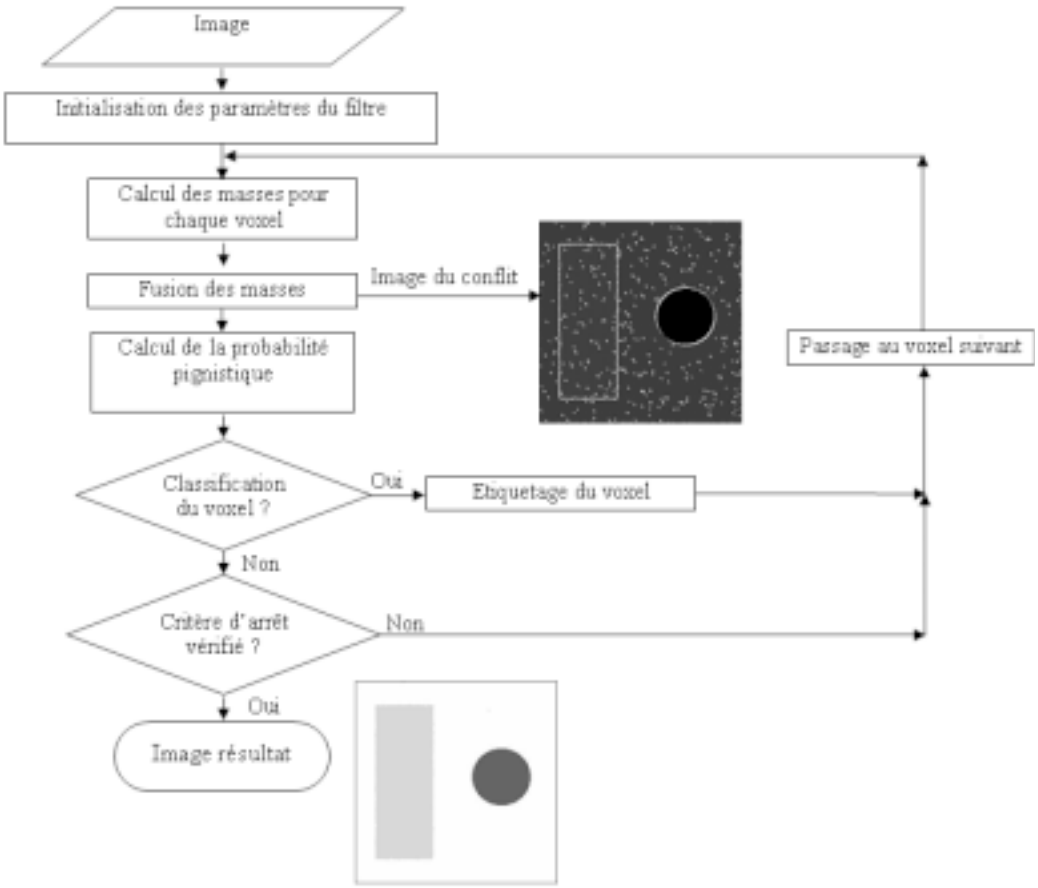

Figure 5. Organigramme d'étiquetage d'un voxel de l'image.

4. Applications médicales

Le but de ces applications est d'illustrer la flexibilité de l'algorithme de segmentation par étiquetage crédibiliste en montrant sur plusieurs exemples comment l'ajustement des différents paramètres de l'algorithme permet de s'adapter aux différentes conditions rencontrées en imagerie oncologique. Les exemples seront pris sur des images TDM thoraciques et comprennent la segmentation des deux poumons, de la trachée et des bronches souches, ainsi que du canal médullaire à visée de radiothérapeutique externe, ainsi que la segmentation ganglionnaire pour la mesure de volume à visée d'évaluation initiale du stade de la maladie ou le suivi thérapeutique.

4.1. Patients et acquisition des images

Dans un permier temps, la validation de l'algorithme d'étiquetage a été réalisée sur la segmentation pulmonaire et du canal médullaire à partir d'acquisitions TDM chez 9 patients (groupe 1) devant bénéficier d'une radiothérapie externe pour tumeur pulmonaire. Dans un second temps, cette validation a été complétée par l'application de ces paramètres à d'autres jeux de données :

- Des acquisitions réalisées chez 12 patients (groupe 2) présentant la même pathologie que les patients du groupe 1 et adressés pour les mêmes raisons. La seule différence a porté sur l'injection de produit de contraste iodé juste avant l'acquisition modifiant le niveau de gris des voxels de certaines régions ainsi que le contraste dans les images par rapport à l'absence de produit de contraste ;
- Des acquisitions chez un patient atteint d'un lymphome non hodgkinien pour la mesure du volume des ganglions (groupe 3).

Les acquisitions TDM ont été réalisées sur un appareil LightSpeed Plus (GE-MS). Le volume 3D correspondait à une série de coupes 2D jointives, couvrant l'ensemble du thorax, de 512×512 voxels pour une épaisseur de coupe de 5 mm et une taille de voxel carré de 0,75 mm de côté. Les acquisitions ont été réalisées en respiration libre (groupes 1 et 2) et en inspiration bloquée (groupe 3), sans injection de produit de contraste iodé (groupe 1) et avec injection de produit de contraste iodé (groupes 2 et 3).

4.2. Validation

La validation de l'algorithme d'étiquetage et la détermination de ses paramètres ont été réalisées sur la segmentation des poumons et du canal médullaire à partir d'acquisitions TDM des patients du groupe 1.

4.2.1. Définition automatique des volumes d'intérêt pour le traitement des données

L'algorithme a été appliqué sur une partie de l'image 3D, permettant ainsi de restreindre le domaine de traitement des données (diminution des temps de calcul) et de mieux cibler les volumes d'intérêt à extraire. Pour la segmentation des poumons et de la trachée, l'algorithme d'étiquetage a été mis en œuvre sur les voxels correspondant aux tissus biologiques. Ceci a nécessité, au préalable, de réaliser un contourage du patient pour éliminer les autres voxels. Nous avons utilisé une méthode automatique de seuillage adaptatif proposée par Hu *et al.*[22]. La valeur du seuil est choisie par une procédure itérative. Tout d'abord, le seuil initial T^0 est fixé arbitrairement (dans notre cas, $T^0 = 0$). Les voxels sont divisés en deux parties selon ce seuil et les niveaux de gris moyens de chaque partie sont calculés : μ_h et μ_l. La valeur du seuil à l'itération i est alors calculée par $T^{i+1} = \dfrac{\mu_h + \mu_l}{2}$. Cette procédure est exécutée itérativement jusqu'à ce qu'il n'y ait plus de changement de la valeur du seuil entre deux itérations $T^{i+1} = T^i$. Cette méthode ne permet pas d'exclure tous les voxels n'appartenant pas au patient, en particulier ceux correspondant à la table d'examen et au matériel de contention externe du patient, comme l'illustre la figure 6 (b). En tant que tel, cela n'est pas un problème dans le cadre de l'étiquetage crédibiliste. Par contre, il est nécessaire de définir précisément le contour externe du patient dans le cadre de la radiothérapie externe (calcul de la dose absorbée). Une série de 8 opérations d'ouverture (morphologie mathématique)[23] avec comme filtre un cercle de rayon 1 voxel est alors exécutée. De ce fait, les voxels correspondant à la table d'examen et au matériel de contention sont supprimés. Le résultat final est donné à la figure 6 (c).

Pour la segmentation du canal médullaire, le volume d'intérêt est automatiquement défini. À partir des différents contours définis sur chaque coupe lors de l'étape précédente, le plus grand contour est choisi pour définir un volume d'intérêt cubique VOI_r englobant tous les contours. La largeur et la hauteur de VOI_r sont W_v et H_v. Le volume d'intérêt pour la segmentation du canal médullaire est alors défini en diminuant la taille de VOI_r. La largeur et la hauteur sont respectivement $W_v * 30\,\%$ et $H_v * 70\,\%$.

4.2.2. Définition des sources d'information

Au préalable au lancement de l'algorithme, il convient de définir le nombre de voxels qui vont contribuer au processus d'étiquetage du voxel central, c'est-à-dire la taille du filtre. À ce niveau, il est important de trouver un compromis entre temps de calcul en privilégiant le filtre $3 \times 3 \times 3$ et un nombre suffisamment important de sources d'information (filtre $5 \times 5 \times 5$).
Avec le groupe 1 des 9 patients, nous avons pu vérifier qu'en général, le filtre $3 \times 3 \times 3$ est largement suffisant. En plus du voxel central V, 26 autres voxels viennent conforter l'information déjà présente dans V. Cette taille de filtre a été utilisée avec succès pour la segmentation des poumons et de la trachée. Par contre, elle n'a pas donné de résultat satisfaisant pour la segmentation du canal médullaire, pour laquelle il convient d'utiliser un filtre $5 \times 5 \times 5$, comme l'illustre la figure 7. Ces simulations ont été réalisées avec des valeurs de $\delta = 0{,}9$, $\gamma = 0{,}05$ et $a = 0{,}08$. Ceci tient au fait que le canal médullaire est considéré comme une structure tubulaire verticale continue, incluse dans un empilement de vertèbres discontinues. Entre chaque vertèbre, les trous de conjugaison laissent le passage aux racines nerveuses. Sur certaines coupes, celui-ci est complètement englobé dans les vertèbres (1ère et 5ème coupes de la figure 7 (a)), alors que cela n'est pas le cas pour d'autres coupes (2ème à 4ème coupes de la figure 7 (a)). Afin de préserver la structure tubulaire du canal médullaire, il est, de ce fait, nécessaire de prendre en compte l'information venant au moins de 2 coupes au dessus et de 2 coupes en dessous du voxel à étiqueter. Ce paramétrage de l'algorithme nous paraît être dans ce contexte un avantage important de la méthodologie proposée.

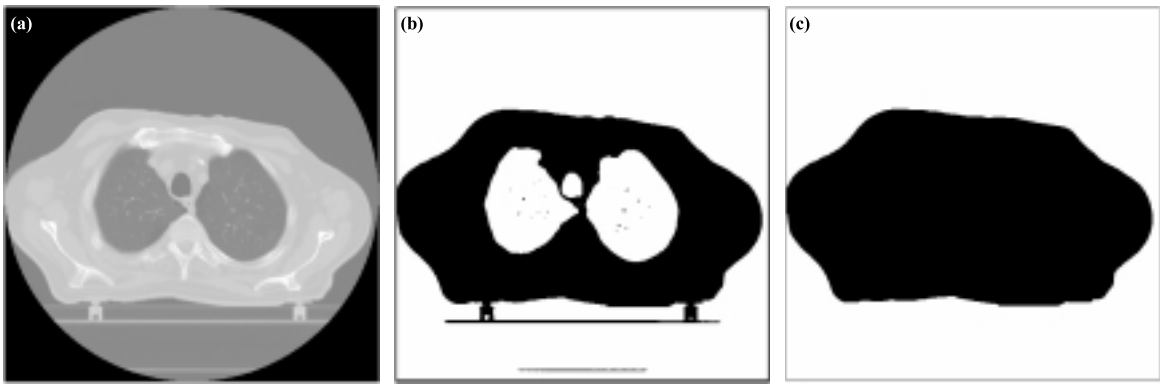

Figure 6. Coupe TDM thoracique du patient (a), Image résultat du seuillage adaptatif (b) et Image résultat après seuillage adaptatif, opération morphologique d'ouverture et remplissage interne du corps (c).

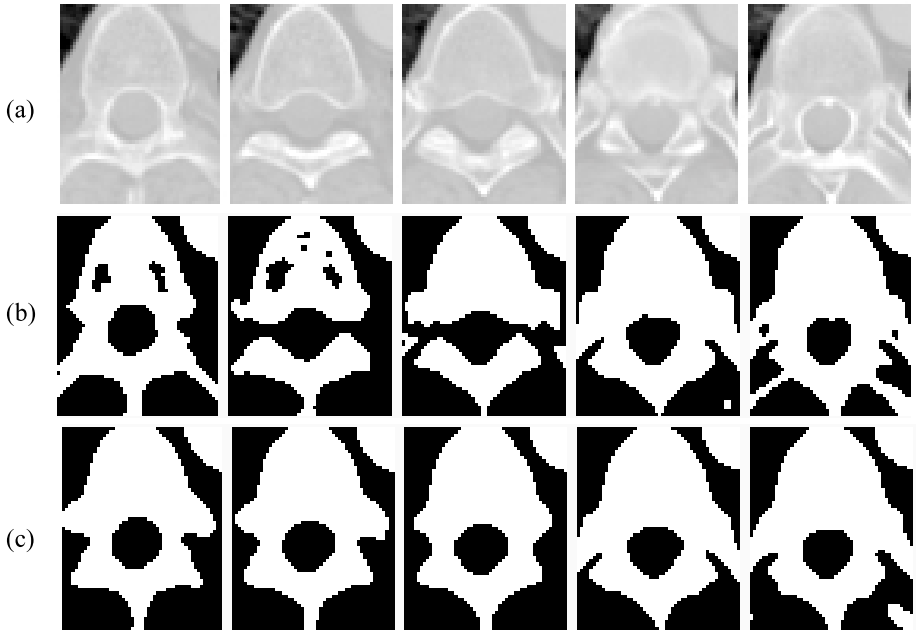

Figure 7. Exemple de segmentation d'images thoraciques TDM du canal médullaire sur 5 coupes successives chez l'un des patients du groupe 1 : Ligne (a) : Image des coupes TDM ; Ligne (b) : Résultat de la segmentation avec un filtre de taille $3 \times 3 \times 3$ *; Ligne (c) : Résultat de la segmentation avec un filtre de taille* $5 \times 5 \times 5$.

4.2.3. Extraction et choix des valeurs caractéristiques des classes

À ce niveau, il convient de définir le nombre de régions que l'on souhaite retenir, et la valeur caractéristique de chacune de ces régions.

Dans un permier temps, pour la segmentation thoracique à visée de radiothérapie externe, le calcul du centre de 4 classes, selon la méthode des K-Means [18], est réalisé sur l'ensemble du volume 3D. Les 4 classes correspondent respectivement : à l'extérieur du tunnel du TDM (ω_1), l'air (ω_2), les tissus mous (ω_3) et l'os (ω_4). Par exemple, chez l'un des patients du groupe 1, les valeurs moyennes des classes ainsi calculées par l'algorithme des K-means, sont respectivement $C_{a1} = -3024$, $C_{a2} = -953$, $C_{a3} = -539$, $C_{a4} = 15$ (nombre d'unité hounsfield (UH)). Les notations C_a sont utilisées pour représenter le fait que ces caractéristiques ont été extraites automatiquement.

Dans un second temps, la segmentation de la trachée a lieu. Puis, intervient la segmentation des poumons et dans un dernier temps, la segmentation du canal médullaire. À chaque fois, l'algorithme d'étiquetage crédibiliste a été utilisé avec un cadre de discernement à 2 classes caractérisant la région d'intérêt et le reste des tissus biologiques. Les valeurs caractéristiques de chacune des classes sont données au tableau 2. Ce tableau montre que selon les cas (la trachée par exemple), il est suffisant de prendre comme valeur caractéristique d'une classe, la valeur moyenne de cette classe. Ceci intervient lorsque les deux classes ont un histogramme de répartition de valeurs bien individualisé. Par contre, dans d'autres cas (les poumons par exemple), la robustesse de l'algorithme peut être accrue en déplaçant la valeur caractéristique du cadre de discernement sur l'histogramme, en ajoutant ou soustrayant une valeur fixe à la valeur moyenne de la classe, comme l'illustre la figure 8. Sur la figure 9 sont représentés les résultats d'une segmentation pulmonaire avec comme valeurs caractéristiques les centres des classes ω_2 et ω_4 (figure 9 (b)) et d'une segmentation avec des valeurs caractéristiques, comme définis dans le tableau 2 (figure 9 (c)). On observe sur la figure 9 (a), un syndrome interstitiel du parenchyme pulmonaire postérieur droit (voir flèche sur la figure), qu'il convient d'étiqueter comme faisant partie du poumon, dans notre application (*cf.* radiothérapie externe). Cette zone pathologique est exclue de la figure 9 (b), alors que le décalage d'une valeur constante de 200 UH de la valeur caractéristique des classes par rapport au centre permet d'englober la partie pathologique dans la région pulmonaire. Cette valeur de 200 UH est appliquée systématiquement lors de la segmentation des poumons.

Tableau 2. Valeurs caractéristiques des classes du cadre de discernement pour chacunes des structures lors de la segmentation de la trachée, des poumons et du canal médullaire.

Structure	Nombre de classes	Valeurs caractéristiques des classes (UH)
Trachée	2	$C_1 = C_{a2}$, $C_2 = C_{a3}$
Poumons	2	$C_1 = C_{a2} + 200$, $C_2 = C_{a4} + 200$
Canal médullaire	2	$C_1 = 50$, $C_2 = 80$

La segmentation du canal médullaire est obtenue en prenant des valeurs de C_k particulières de 50 et 80. Ceci est possible dans le cas particulier de l'imagerie TDM pour laquelle les valeurs des voxels d'une structure anatomique donnée (*i.e.* nombre d'Unités

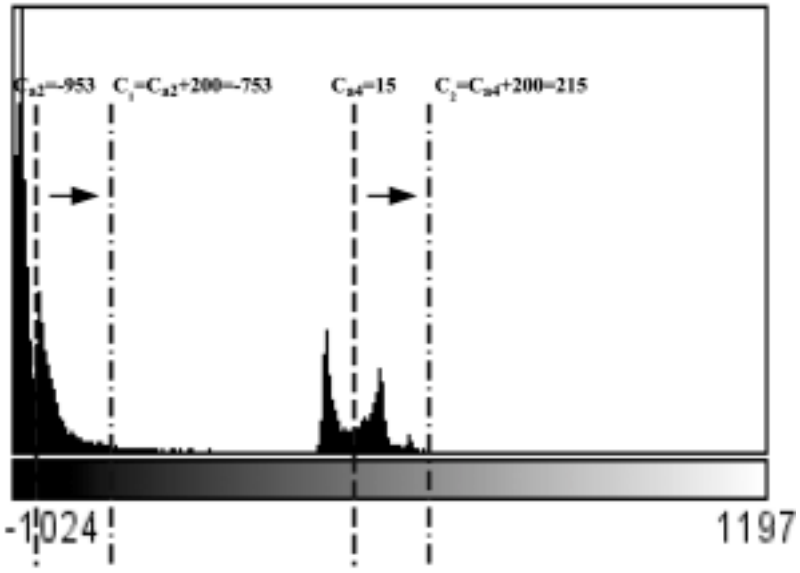

Figure 8. Ajustement des valeurs caractéristiques des classes C_1 et C_2 à partir des valeurs extraites C_{a2} et C_{a4} pour la segmentation des poumons.

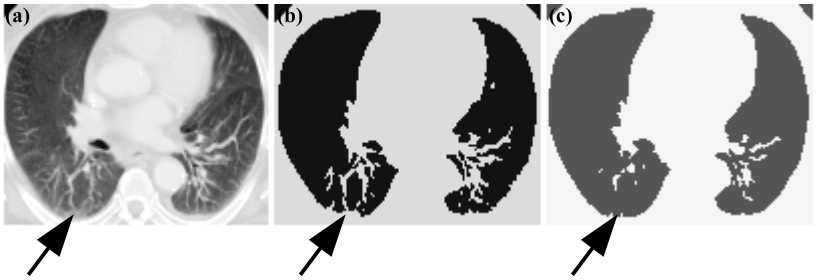

Figure 9. Exemple de segmentation TDM du poumon : (a) Coupe TDM (patient du groupe 1) (b) Segmentation avec $C_1 = C_{a2} = -953$, $C_2 = C_{a4} = 15$ (c) Segmentation avec $C_1 = C_{a2} + 200 = -753$, $C_2 = C_{a4} + 200 = 215$. La flèche indique la localisation d'un syndrome interstitiel du parenchyme pulmonaire.

Hounsfield) varient peu d'un patient à l'autre, pour des conditions d'acquisition voisines. Il convient de constater que la segmentation des poumons et de la trachée est rendu possible, en procédant dans l'ordre, à l'étiquetage de la trachée, puis des poumons en excluant les voxels déjà étiquetés, afin de faire la distinction entre ces différentes régions.

4.2.4. Ajustement des paramètres de l'algorithme d'étiquetage crédibiliste

L'algorithme proposé nécessite de fixer les paramètres δ, γ, β. La valeur de ces paramètres a été déterminée à l'aide des données TDM thoraciques des 9 premiers patients étudiés (groupe 1) après application de l'algorithme d'étiquetage crédibiliste à la segmentation des poumons, de la trachée et du canal médullaire. Cette phase de validation a permis de montrer qu'une même valeur de $\delta = 0{,}9$ et de $\gamma = 0{,}05$ permet une segmentation correcte des 3 structures (*cf.* Tableau 3). Par contre, la valeur du paramètre β, régissant l'affaiblissement des voxels voisins, dépend de la structure à segmenter. Une valeur de β de 0,4 permet en général une segmentation correcte des structures (poumons et trachée), mais pas du canal médullaire, pour lequel la contribution des coupes voisines dans l'étiquetage des voxels, est tout à fait déterminant dans la robustesse de l'algorithme. La segmentation du canal médullaire nécessite, non seulement d'utiliser un filtre de taille $5 \times 5 \times 5$, mais également d'avoir une contribution importante des voxels voisins (*cf.* figure 7). Une valeur de β de 0,08 est choisi pour renforcer cette contribution.

Tableau 3. Paramètres de l'algorithme d'étiquetage pour les différentes structures.

Structure	Taille du filtre	δ	γ	β
Trachée	$3 \times 3 \times 3$	0,9	0,05	0,4
Poumons	$3 \times 3 \times 3$	0,9	0,05	0,4
Canal médullaire	$5 \times 5 \times 5$	0,9	0,05	0,08

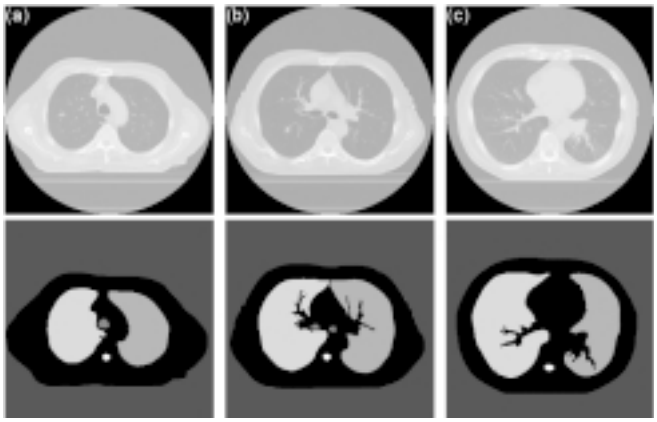

Figure 10. Images thoraciques TDM segmentation du contour du patient, des poumons, de la trachée et du canal médullaire : (a) médiastin supérieur (b) médiastin moyen au niveau des 2 bronches souches (c) médiastin inférieur.

4.3. Résultat de la segmentation thoracique

Les paramètres données au tableau 3 ont été utilisés pour segmenter les images TDM obtenues chez les patients du groupe 2. Le résultat de l'application de cet étiquetage crédibiliste est donné à la figure 10 pour 3 niveaux de coupe (médiastin supérieur, médiastin moyen au niveau des 2 bronches souches, médiastin inférieur). La différence principale entre les images du groupe 1 et 2, est la présence de produit de contraste iodé pour le groupe 2, ayant tendance à augmenter la valeur moyenne de façon plus ou moins marquée de certaines classes, sans que cela n'ait nécessité d'adapter le paramétrage du filtre *a posteriori*.

Un radiothérapeute confirmé a évalué visuellement la qualité de la segmentation pulmonaire, de la trachée et des bronches souches, ainsi que du canal médullaire. La segmentation des deux poumons, de la trachée et des bronches souches a été jugée comme correcte pour toutes les coupes. Pour la segmentation du canal médullaire, le radiothérapeute a jugé la segmentation non valide pour 2 coupes chez un patient et pour 1 coupe, chez l'autre patient, nécessitant une retouche manuelle du contour. Bien qu'un filtre $5 \times 5 \times 5$ ait été préféré pour la segmentation du canal médullaire, par rapport à un filtre $3 \times 3 \times 3$, la contribution des coupes voisines, n'est pas toujours suffisante pour conserver la structure tubulaire du canal médullaire. Le problème rencontré est le même que celui illustré Figure 7 (b). L'augmentation de la taille du filtre conduirait à améliorer ce point, mais au détriment d'un lissage du volume d'intérêt.

4.4 Résultat de la segmentation ganglionnaire

La méthode de segmentation par étiquetage crédibiliste a également été testée sur une zone ganglionnaire. Compte tenu de la présence d'un nombre important de ganglions et du fait que la mesure de volume ne présente un intérêt médical que sur un nombre très limité d'entre eux identifiés par le radiologue, on suppose que le domaine de traitement des données est réalisé manuellement pour limiter le volume exploré. Les ganglions n'ayant pas de direction privilégiée (forme ovoïde), les paramètres du filtre utilisé (*i.e.* taille du filtre et valeur des paramètres) ont été les mêmes que ceux utilisés pour la segmentation des poumons et de la trachée (*cf.* Tableau 3). Le cadre de discernement choisi comporte trois classes qui correspondent respectivement à l'air et les tissus mous (ω_1), les ganglions (ω_2), la veine cave supérieur et la crosse aortique (ω_3). Les valeurs caractéristiques de ces trois classes ont été fixées respectivement telles que $C_1 = 40$, $C_2 = 70$ et $C_3 = 120$. Un exemple de résultat est donné sur la figure 11 pour segmentation de la zone ganglionnaire sur trois coupes successives.

4.5 Comparaison expérimentale

La méthode de segmentation par étiquetage crédibiliste a été comparée avec la méthode proposée dans la littérature par Hu *et al.* [22], ainsi qu'un outil de segmentation 3D basé sur le principe de labellisation des voxels. De même, notre méthode a été comparée aux outils de segmentation proposés sur la station de planification de traitement de radiothérapie Éclipse^{TM} (Société Varian).

Hu *et al.* [22] ont proposé une méthode complètement automatique pour l'identification des poumons. Premièrement, la région pulmonaire est extraite des images TDM en utilisant une

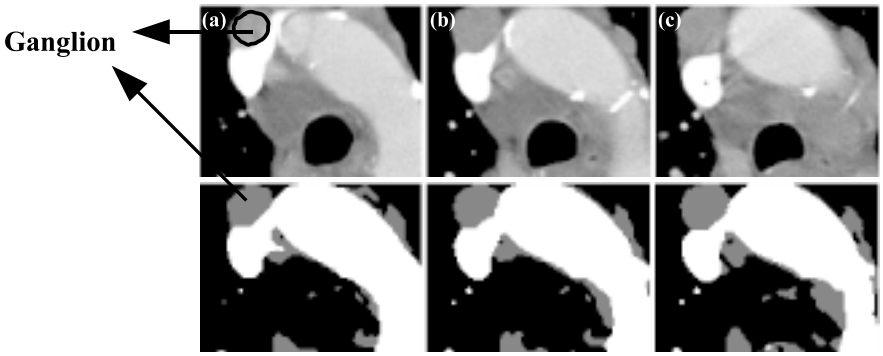

Figure 11. Exemple de segmentation ganglionnaire : Images TDM (partie supérieure), images segmentées (partie inférieure).

méthode de seuillage adaptatif de niveaux de gris et une méthode d'étiquetage 3D des composantes connexes. Deuxièmement, la trachée est segmentée par une méthode de croissance de région 2D. Troisièmement, le poumon gauche et le poumon droit sont séparés en identifiant la jonction antéro-postérieure par une méthode de programmation dynamique. Enfin, une séquence d'opérations morphologiques est appliquée pour lisser et régulariser les contours obtenus. La limite de cette méthode réside dans le processus d'étiquetage 3D des composantes connexes. Puisque la trachée est connectée avec les poumons gauche et droit, un étiquetage en composantes connexes ne permet pas de considérer les deux poumons et la trachée comme des structures différentes. Ainsi, les techniques basées sur l'étiquetage volumique de composantes connexes ne peuvent permettre l'identification d'une structure propre pour la trachée. Cette difficulté a également été constatée sur un plugin du logiciel ImageJ intitulé 3D Object Counter (http://rsb.info.nih.gov/ij/plugins/track/objects.html) qui permet de segmenter des objets 3D contenu dans un volume d'intérêt.

Enfin, nous avons comparé notre méthode avec les outils utilisés actuellement en routine clinique pour la segmentation pulmonaire à visée de planification de traitement de radiothérapie (logiciel Éclipse™ de la société VARIAN). Pour la segmentation des poumons, l'algorithme proposé dans Éclipse™ est basé sur un seuillage ajusté de manière interactive par l'utilisateur à partir de l'histogramme. Des corrections manuelles du contour peuvent ensuite être effectuées par l'opérateur. Dans le tableau 4 sont reportées les durées des traitements réalisés avec les 2 programmes (Eclipse™ et notre logiciel d'étiquetage crédibiliste que nous avons baptisé Sipec). Le nombre de retouches nécessaires à affiner la segmentation a été comptabilisé par un médecin radiothérapeute confirmé (*cf.* tableau 5). On constate que la durée de la segmentation des poumons à l'aide de Sipec est plus longue de 13 minutes par rapport à l'outil Éclipse. Ces résultats sont cependant difficiles à comparer car les traitements n'ont pas été réalisés sur des architectures informatiques équivalentes

Tableau 4. Comparaison de la durée de traitement entre le logiciel Éclipse et le logiciel Sipec.

Durée de traitement (en secondes)		
	Éclipse	**Sipec**
Définition automatique du patient	136	24
Segmentation des poumons	109	932

Tableau 5. Comparaison des retouches entre le logiciel Éclipse et le logiciel Sipec.

Retouches		
	Éclipse	**Sipec**
Nombre de retouches	58	6
Durées de retouches (en minutes)	14	6

Tableau 6. Comparaison des indices de concordance entre le logiciel Éclipse et le logiciel Sipec.

Indices de concordance		
	Contours du corps	Poumons
Auto (**Éclipse**) vs. Auto (**Sipec**)	0,995	0,897
Auto (**Sipec**) vs. Retouché (**Éclipse**)	1,000	0,990
Retouché (**Sipec**) vs. Retouché (**Éclipse**)	0,996	0,913

(Processeur Intel Xéo 2GHz associé à 2 Go de RAM pour Éclipse™, Processeur Pentium-4 2,66GHz associé à 1Go de RAM pour Sipec). Avec le logiciel Éclipse™, la perte de temps porte surtout sur les phases manuelles : choix du seuil pour la définition du contour du patient et apport de retouches. Pour l'algorithme proposé, la phase la plus longue porte sur la segmentation automatique des poumons qui pourrait être réduite sur un poste informatique de meilleure facture.

À partir des résultats de segmentation obtenus, des indices de concordance entre volumes ainsi déterminés par les différentes méthodes de segmentation ont été calculés. Cet indice représente le volume d'intersection entre deux volumes V_1 et V_2 rapporté à leur union, selon l'expression suivante :

$$IC = \frac{V_1 \cap V_2}{V_1 \cup V_2}. \tag{25}$$

Un indice de 1 signifie une parfaite superposition entre V_1 et V_2. Le tableau 6 présente une comparaison des indices de concordance entre les différentes méthodes de segmentation. On constate que l'indice de concordance entre les volumes segmentés sans retouche et avec retouches est nettement en faveur de la méthode d'étiquetage crédibiliste (indice de 1 pour le contour du patient et de 0,990 pour les poumons). Ceci tient au fait qu'avec Sipec, les retouches sont d'ordre mineur et les volumes segmentés plus proches des volumes contourés par le praticien. Cette comparaison met en évidence les bonnes performances de l'algorithme proposé pour la segmentation de volumes 3D. Ces résultats obtenus chez un patient doivent être confirmés par une étude comprenant d'autres images TDM patients.

5. Conclusion

Dans cet article, un algorithme de segmentation d'images qui se base sur une technique d'étiquetage crédibiliste a été présenté. La contribution essentielle de ce travail réside dans la façon dont les données image sont modélisées. Dans ce contexte, les fonctions de croyance sont utilisées de façon à représenter l'incertitude inhérente à l'étiquetage d'un voxel à une classe. L'allocation de masse réalisée pour chaque voxel est construite à partir des caractéristiques intrinsèques des régions qui com-

posent l'image. Afin de diminuer au maximum cette incertitude dans la phase d'étiquetage, deux techniques, appliquées successivement pour chaque voxel de l'image, sont employées. La première consiste à prendre en compte l'information spatiale extraite des voxels voisins pour renforcer l'appartenance du voxel à une classe. La seconde technique consiste à rejeter la prise de décision en présence d'une situation ambiguë. Cet étiquetage prudent est rendu possible en diminuant de façon progressive le seuil de décision tout au long d'un processus itératif. En itérant le processus jusqu'à sa stabilisation, on permet ainsi de diminuer au fur et à mesure l'incertitude associée à l'étiquetage et d'augmenter les chances de prendre la bonne décision.

Les avantages de la méthodologie sont nombreux. Premièrement, elle permet la prise en compte des informations issues du volume ce qui donne une information bien plus riche. En effet, la prise de décision quant à l'appartenance d'un voxel à telle ou telle classe n'est pas réalisée uniquement en fonction de son propre niveau mais en prenant en considération les informations issues de son voisinage. Chaque voxel se voit ainsi associer une fonction de croyance dépendant de ses voisins qui traduit son appartenance à l'une des classes. Deuxièmement, elle permet de prendre une bonne décision à l'aide d'un processus itératif pour l'étiquetage prudent.

Nous avons appliqué cet algorithme à la segmentation de volumes d'intérêt sur des images TDM. La segmentation des deux poumons, de la trachée et des bronches souches, ainsi que du canal médullaire est réalisée à visée de radiothérapie externe, ainsi que la réalisation de la segmentation d'une zone ganglionnaire pour la mesure de volume à visée d'évaluation initiale du stade de la maladie ou le suivi thérapeutique.

Les perspectives de ce travail sont nombreuses. L'utilisation des fonctions de croyance permet d'envisager la prise en compte de techniques d'imagerie complémentaire pour renforcer la définition de volumes toujours dans un but de radiothérapie externe. La technique de segmentation pourrait être appliquée sur des images acquises sous d'autres modalités (IRM, TEP, …). Ainsi, la fusion inter-modalités (TEP-TDM ou autre) peut être envisagée dans un formalisme commun en s'appuyant sur des cadres de discernement distincts mais néanmoins compatibles. De plus, la fiabilité de chaque modalité peut être ajustée sous la forme d'un hyper-paramètre permettant de moduler la contribution de chacune d'entre elles dans le processus de fusion globale.

Références

[1] EL-BAZL A., FARAG A.A., FALK R., LA ROCCA R., Automatic identification of lung abnormalities in chest spiral CT scans, *IEEE International Conference on Acoustics, Speech, and Signal Processing*, pages 261-264, 2003.

[2] ZHANG P., VAUCLIN S., VANNOORENBERGHE P., GALLOCHER O., VARMENO N., BENYOUCEF A., DUBRAY B., GARDIN I., Segmentation d'images TDM thoraciques à visée de radiothérapie externe, in *44èmes journées scientifiques de la société française de physique médicale*, Avignon, France, 1-3 Juin 2005.

[3] COCQUEREZ J.-P., PHILIPP S., *Analyse d'images : Filtrage et Segmentation*, Masson, Paris, 1995.

[4] JAIN A. K., MURTY M. N., FLYNN P. J., Data clustering: a review, *ACM Computing Surveys*, 31 (3), pages 264-323, 1999.

[5] GÉRAUD T., MANGIN J.-F., BLOCH I., MAÎTRE H., Segmenting Internal Structures in 3D MR Images of the Brain by Markovian Relaxation on a Watershed Based Adjacency Graph, in *ICIP'95*, pages 548-551, Washington DC, 1995.

[6] DESCOMBES X., MOCTEZUMA M., MAITRE H., RUDANT J.-P., Coastline Detection by a Markovian Segmentation in SAR Images, *Signal Processing*, 55(1), pages 123-132, November 1996.

[7] HANSEN M.W., HIGGINS W.E., Relaxation Methods for Supervised Image Segmentation, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 19(9), pages 949-962, September 1997.

[8] ROMBAUT M., ZHU Y.M., Study of Dempster-Shafer Theory for Image Segmentation Applications, *Image and vision computing*, 20, pages 15-23, 2002.

[9] BLOCH I., *Fusion d'informations en traitement du signal et des images*, volume Traité IC2, Traitement du signal et de l'image, Hermes Sciences, Lavoisier, Paris, 2003.

[10] BACAUSKIENE M., VERIKAS A., The Evidence Theory Based Post-Processing of Colour Images, *Informatica*, 15(3), pages 315-328, 2004.

[11] HÉGARAT-MASCLE S.L., BLOCH I., VIDAL-MADJAR D., Introduction of Neighborhood Information in Evidence Theory and Application to Data Fusion of Radar and Optical Images with Partial Cloud Cover, *Pattern Recognition*, 31(11), pages 1811-1823, 1998.

[12] CAPELLE A.-S., COLO O., FERNANDEZ-MALOIGNE C., Evidential Segmentation Scheme of Multi-Echo MR Images for the Detection of Brain Tumors Using Neighborhood Information, *Information Fusion*, 5(3), pages 203-216, 2004.

[13] VAUCLIN S., ZHANG P., GARDIN I., GALLOCHER O., VANNOORENBERGHE P., Segmentation of thoracic computed tomography images, in *International Symposium on Signals, Circuits, Systems*, 1, pages 31-34, Iasi, Roumanie, 14-15 Juillet 2005.

[14] SHAFER G., *A Mathematical Theory of Evidence*, Princeton University Press, 1976.

[15] SMETS P., KENNES R., The Transferable Belief Model, *Artificial Intelligenc*e, 66(2), pages 191-234, 1994.

[16] LEFEVRE E., COLOT O., VANNOORENBERGHE P., Belief Functions Combination and Conflict Management, *Information Fusion*, 3(2), pages 149-162, June 2002.

[17] DENŒUX T., Analysis of Evidence-Theory Decision Rules for Pattern Classification, *Pattern Recognition*, 30(7), pages 1095-1107, 1997.

[18] BEZDEK J.C., KELLER J., KRISHNAPURAM R., PAL N.R., *Fuzzy Models and Algorithms for Pattern Recognition and Image Processing*, Kluwer Academic Publishers, 1999.

[19] DENŒUX T., A neural network classifier based on Dempster-Shafer theory, *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, Part A : Systems and humans*, 30(2), pages 131-150, 2000.

[20] DEMPSTER A., Upper and Lower Probabilities Induced by Multivalued Mapping, *Annals of Mathematical Statistics*, AMS-38, pages 325-339, 1967.

[21] NOUMEIR R., Dicom structured report document type definition, *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, 7(4), pages 318-328, 2003.

[22] HU S., HOFFMAN E.A., REINHARDT J.M., Automatic Lung Segmentation for Accurate Quantitation of Volumetric X-Ray CT Images, *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(6), pages 490-498, June 2001.

[23] SERRA J., Image analysis and Mathematical Morphology, *Academic Press*, London, 1982.

Peng **Zhang**

Peng Zhang obtient un D.E.A. Systèmes Électroniques et Traitement de l'Information (S.E.T.I) à l'Institut d'Electronique Fondamentale (I.E.F) de l'Université Paris XI en juillet 2003. Depuis septembre 2003, il a commencé une thèse sur un sujet lié à la définition automatique de volumes d'intérêt en imagerie médicale multimodalité avec une application au traitement des cancers bronchiques non à petites cellules par radiothérapie conformationnelle. Il est spécialiste du traitement et de l'analyse d'images (segmentation d'images, filtrage).

Patrick **Vannoorenberghe**

Patrick Vannoorenberghe obtient une thèse de doctorat de l'Université du Littoral-Côte d'Opale en juillet 1997. En 1998, il a été nommé maître de conférences à l'université de Rouen et a exercé ses activités de recherche au sein du laboratoire Perception Systèmes Information. Depuis septembre 2005, il enseigne à l'université Paul Sabatier, Toulouse3 dans le domaine du traitement du signal et des images. Il est chercheur au Laboratoire de Télédétection à Haute Résolution dans le domaine de l'analyse d'images et de la fusion d'information. Il a en charge le développement d'outils d'extraction de connaissances à partir d'images pour des applications spatiales et médicales. Ses domaines de compétence concernent le traitement d'images, la gestion des imprécisions et des incertitudes et la fusion d'informations. Il est l'auteur de nombreux papiers sur les fonctions de croyance, la segmentation d'images et la reconnaissance des formes.

Olivier **Gallocher**

Olivier Gallocher est Docteur en médecine radiothérapeute, plus particulièrement spécialisé dans le traitement des cancers bronchiques par radiothérapie externe. Il a obtenu sa thèse de Doctorat en Médecine en octobre 2000 à la Faculté d'Amiens (Picardie) ayant pour sujet l'analyse d'une population de patients souffrant d'un cancer bronchopulmonaire, traités par radiothérapie conformationnelle à haute dose. Il a été Directeur de Thèse de Doctorat en Médecine en mai 2005 à la Faculté de Rouen (Haute Normandie) de Mme Muriel Garcia, ayant pour sujet l'impact du blocage respiratoire sur la variabilité de définition des volumes tumoraux en radiothérapie conformationnelle thoracique. Pendant 4 ans il a été Oncologue Radiothérapeute au Centre Régional de Lutte Contre le Cancer Henri-Becquerel de Haute-Normandie. Il exerce actuellement au Centre des Hautes Énergies de Toulouse.

Isabelle **Gardin**

Isabelle Gardin obtient, en 1986, son doctorat es-sciences physiques de la faculté Paul Sabatier de Toulouse, ainsi que son habilitation à diriger les recherches en 1993. Pendant 13 ans, elle a été physicienne médicale en médecine nucléaire à l'Assistance Publique des Hôpitaux de Paris et depuis 6 ans au Centre Régional de Lutte Contre le Cancer Henri-Becquerel de Haute-Normandie. Elle exerce également des activités de recherche sur le traitement des images médicales au sein du laboratoire universitaire « Quantification en Imagerie Fonctionnelle » de la faculté en médecine de Rouen. Les thèmes de recherche portent sur la segmentation d'images médicales et sur la dosimétrie interne.