

Classification de phénomènes de diffusion de l'eau de données d'IRM de diffusion

Romain GIOT¹, Maxime DESCOTEUX², Christophe CHARRIER³

¹Orange Labs, rue des coutures, 14000 Caen, France

²Université de Sherbrooke, Dept. Informatique

³GREYC UMR CNRS 6072, UCBN, ENSICAEN France

romain.giot@orange.com

m.descoteaux@usherbrooke.ca

christophe.charrier@unicaen.fr

Résumé – La compréhension des maladies neuro-dégénératives passe indubitablement par l'étude et la compréhension des autoroutes des fibres nerveuses au sein de la matière blanche du cerveau humain. À ce jour, l'imagerie par résonance magnétique de diffusion (IRMd) est le seul outil non invasif d'étude de l'architecture neuronale du cerveau humain, permettant ainsi d'avoir une meilleure appréhension de l'interaction de certaines régions du cerveau. Le problème abordé dans cet article concerne la classification de voxels d'IRMd permettant une classification des fibres nerveuses du cerveau. Dans cet article, la fonction noyau d'un Séparateur à Vaste Marge (SVM) est construite en prenant en compte le voisinage des données à classifier à l'aide de matrices de convolution optimisées par algorithme génétique. Les résultats obtenus affichent un meilleur taux de reconnaissance que ceux obtenus par les méthodes de combinaison classiques de classifieurs (agrégation, boosting).

Abstract – The understanding of neurodegenerative diseases undoubtedly passes through the study of human brain white matter fiber tracts. To date, diffusion magnetic resonance imaging (dMRI) is the unique technique to obtain information about the neural architecture of the human brain, thus permitting the study of white matter connections and their integrity. However, a remaining challenge of the dMRI community is to better characterize complex fiber crossing configurations, where diffusion tensor imaging (DTI) is limited but high angular resolution diffusion imaging (HARDI) now brings solutions. This paper investigates the development of both identification and classification process of the local water diffusion phenomenon based on HARDI data to automatically detect imaging voxels where there are single and crossing fiber bundle populations. The technique is based on knowledge extraction processes and is validated on a dMRI phantom dataset with ground truth.

1 Introduction

La compréhension des maladies neuro-dégénératives passe indubitablement par l'étude et la compréhension des autoroutes des fibres nerveuses au sein de la matière blanche du cerveau humain. À ce jour, l'imagerie par résonance magnétique de diffusion (IRMd) est le seul outil non invasif d'étude de l'architecture neuronale du cerveau humain, permettant ainsi d'avoir une meilleure appréhension de l'interaction de certaines régions du cerveau. L'IRMd permet de capturer les phénomènes de diffusion locaux des molécules d'eau qui sont étroitement liés à la topologie des fibres nerveuses. Les données HARDI (High Angular Resolution Diffusion Imaging), issues d'IRMd, permettent une reconstruction d'ordre supérieur du phénomène de diffusion et sont ainsi capables de capturer des fibres aux multiples configurations en utilisant la fonction de distribution d'orientation (ODF—orientation distribution function). Les données utilisées dans ce papier ont été obtenues à partir d'une décomposition en harmoniques sphériques (SH) du signal HARDI.

Une méthode de classification automatique du phénomène de diffusion locale d'eau est proposée, afin de différencier les

voxels contenant des populations de fibres nerveuses de même direction, croisées, ou ne contenant pas de fibres. Contrairement aux méthodes de l'état de l'art, la technique utilise des informations de voisinages pour augmenter le taux de reconnaissance. Les matrices de convolution utilisées pour prendre en compte le voisinage sont déterminées à l'aide d'une base d'apprentissage et d'un mécanisme d'optimisation par algorithme génétique [4]. La méthode a été validée sur un jeu de données capturé sur un fantôme avec une vérité terrain [2]. Les travaux de l'état de l'art peuvent être trouvés dans [10, 9, 6, 7].

2 Mise au point du classifieur et de son évaluation

2.1 Méthode proposée

La figure 1 résume l'architecture du système proposé. L'IRMd capture les voxels suivant plusieurs coupes en deux dimensions. Les travaux de la littérature effectuent la classification des voxels directement, mais afin d'améliorer les taux de re-

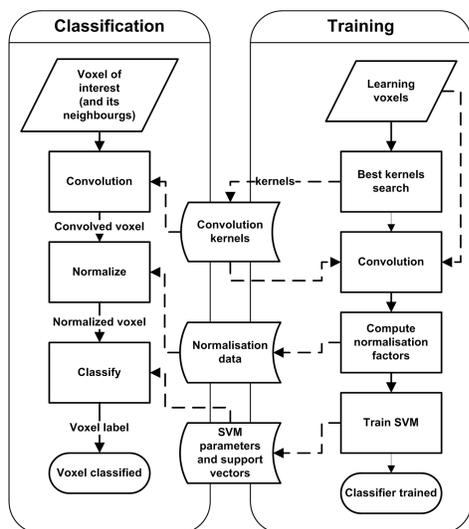


FIGURE 1 – Résumé du système proposé

connaissance, nous prenons en compte le voisinage 2D des voxels d’une même coupe. Le but du système est de classer chaque voxel en trois catégories (pas de fibres, fibres dans une même direction, fibres dans plusieurs directions) à l’aide d’un Séparateur à Vaste Marge (SVM) [8]. Le SVM cherche à obtenir le meilleur hyperplan séparant deux classes. Comme nous travaillons avec plusieurs classes, une approche un contre un est utilisée (nous classons $nb.classes * (nb.classes - 1)/2$ classifieurs). Le descripteur de chaque voxel est composé d’une représentation en harmoniques sphériques (Spherical Harmonics, SH [1]). Comme l’unique descripteur d’un voxel ne prend pas en compte la valeur des descripteurs voisins, leur classification ne permet pas d’obtenir des résultats de classification optimaux. Il est donc nécessaire de prendre en compte le voisinage pour améliorer le taux de classification. Cette prise en compte du voisinage est faite en effectuant une convolution des voxels de chaque coupe, sur chaque dimension du descripteur de voxel. En effet, comme chaque voxel est représenté par un descripteur en plusieurs dimensions, il est donc nécessaire de disposer d’une matrice de convolution pour chacune de ces dimensions (les matrices de convolution sont identiques quelle que soit la coupe de travail).

2.2 Classification d’un voxel en fonction de son descripteur et les noyaux de convolution

Soit \mathcal{F} l’espace des caractéristiques de dimension n (i.e., chaque voxel est représenté par un vecteur de dimension n) et $\mathcal{K} = \{k_1, \dots, k_n\}$, l’ensemble des noyaux de convolution. L’application du noyau de convolution K_i sur chaque caractéristique i de chaque voxel de chaque coupe j est alors défini par :

$$vc_i^j = v_i^j \otimes k_i, \forall i \in [1, n], \forall j \in [1, N] \quad (1)$$

où $v_i^j[x, y]$ représente la caractéristique i du voxel situé aux coordonnées (x, y) de la coupe j , vc^j la coupe j après application de la convolution des voxels et des caractéristiques, et N

désigne le nombre de coupes.

Nous utilisons une validation croisée à 6 ensembles stratifiés pour effectuer la classification, ce qui signifie que les données sont séparées en 6 sous ensembles, où chaque classe est présente avec le même ratio dans chaque sous ensemble. Chaque sous ensemble sert à tour de rôle d’ensemble de test, tandis que les autres servent d’ensemble d’apprentissage (la procédure est donc appliquée 6 fois afin de classer toutes les données). La moyenne (μ) et l’écart type (σ) des descripteurs de l’ensemble d’apprentissage sont calculées afin de normaliser les données avec la méthode du zscore ($score(\mathbf{x}) = (\mathbf{x} - \mu) / \sigma$). L’ensemble d’apprentissage normalisé sert à apprendre un SVM avec un noyau gaussien ($K(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) = exp(-\gamma ||\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2||^2)$). Pour évaluer le couple $(\mathcal{K}, \mathcal{F})$, nous ne recherchons pas les paramètres optimaux du SVM. Ainsi, γ et C prennent les valeurs par défaut de libsvm ($C = 1, \gamma = 1/n$). Naturellement, le SVM appris sur les sous-ensembles d’apprentissage est utilisé pour prédire la classe du sous-ensemble de test.

2.3 Évaluation d’un ensemble de noyaux de convolution

Lors la phase d’apprentissage, nous cherchons les matrices de convolution optimales à l’aide d’un mécanisme d’optimisation par algorithme génétique. La fonction d’évaluation (2) d’un génome est basée sur une somme pondérée de différentes erreurs de classification possibles :

1. *Missed WM Ratio (MWMR)* : le ratio de voxels de matière blanche classés comme n’étant pas de la matière blanche ;
2. *Exchanged WM Ratio (EWMR)* : le ratio de voxels de matière blanche avec un type de fibre (une direction, ou plusieurs directions) classés comme étant des voxels de matière blanche avec l’autre type de fibres.
3. *Imagined WM ratio (IWMR)* : le ratio de voxel hors matière blanche reconnu comme étant un voxel de matière blanche de n’importe quel type.

Finalement, la fonction d’évaluation d’un génome *rate* a été développée de manière à contrebalancer la non-uniformité des taux d’erreur définis précédemment, telle que :

$$rate = \alpha * MWMR + \beta * EWMR + \gamma * IWMR \quad (2)$$

avec $\alpha = 1.5, \beta = 1$ et $\gamma = 2$. Le but est de minimiser la valeur de la fonction, et on voit qu’il est donné plus d’importances aux erreurs *EWMR*, puis *MWMR*, puis *IWMR*.

2.4 Sélection des meilleurs noyaux de convolution

Étant donné que l’espace des descripteurs est assez grand, nous avons utilisé un algorithme génétique [4] pour chercher les noyaux de convolution les plus performants. Chaque noyau de convolution est un tableau de dimension $w \times w$, avec w la largeur du noyau.

Le génome est composé des n noyaux stockés sous la forme d'un tableau 1D avec des valeurs réelles dans l'intervalle $[-2; 2]$; il a donc une taille de $w * w * n$, et nous ne cherchons pas à ce que la somme des valeurs d'un noyau soit égale à 1. La population contient 500 individus, tandis que la population initiale est définie de la façon suivante :

- un individu où les noyaux de convolutions sont tous des noyaux gaussiens ;
- 250 individus créés à partir d'une modification du premier individu (moyenne de chaque noyau gaussien avec un noyau aléatoire) ;
- 249 individus générés totalement aléatoirement.

La procédure d'optimisation cesse soit après 100 générations, soit après 3 jours de calculs si les 100 générations n'ont pas été atteintes. Le croisement utilise 2 points, et son taux est de 0.9. La mutation est gaussienne et son taux est de 0.1 (une mutation plus importante n'impliquant pas une convergence plus rapide). Le nombre d'élites est fixé à 20. La fonction d'évaluation d'un génome est la fonction 2 expliquée précédemment, et l'algorithme génétique cherche à diminuer cette valeur.

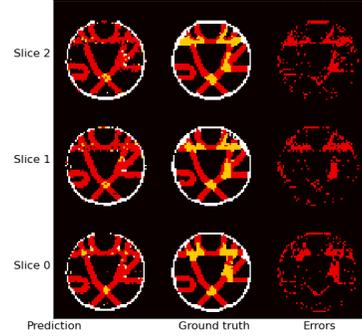
3 Mesure des performances

3.1 Protocole

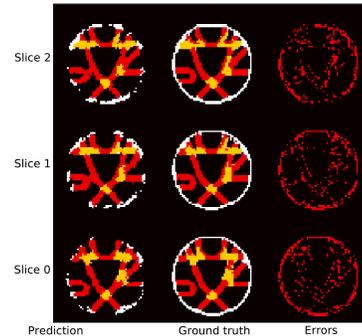
La validation avec de jeux de données étiquetté est un des plus grands défi de la communauté d'IRMd [5]. Cependant, il y a d'importants efforts pour construire des fantômes *ex-vivo* afin de produire des jeux de données plus réalistes que des données simulées. C'est le cas du jeu de données de la FiberCup. Il s'agit d'un jeu de données simple d'IRMd 3D, mais unique car il reproduit des configuration complexes de fibres croisées, similaire à des configuration présentes dans le cerveau. La vérité terrain associée est donc connue et nous sert pour apprendre et vérifier sur le jeu de données. Pour ce papier, nous utilisons le jeu de données ont les spécificités sont les suivantes : 3 mm isotropic, 64 directions et $b = 1500 \text{ s/mm}^2$ [2]. Cela nous permet d'avoir un bon compromis entre des données synthétiques [7] et des données *in vivo* pour lesquelles il est presque impossible d'obtenir une vérité terrain. Les bords du fantôme représentent la matière grise, les fibres dans une direction (respectivement dans plusieurs directions) sont la matière blanche avec fibres dans une direction (respectivement la matière blanche avec fibres dans plusieurs directions), le reste est le liquide cérébro-spinal.

Depuis ce jeu de données HARDI, nous proposons en entrée de SVM les différents descripteurs de données i)-ii) SH d'ordre 4 et 8 du signal original (SH4, SH8 respectivement) [1], ou iii) les valeurs propres du tenseur de diffusion [10] (EIG).

Les résultats de la méthode proposée sont comparés à un classifieur de base, proche de ce que l'on trouve dans la littérature. Ce classifieur n'utilise pas d'opération de convolution (il n'a donc pas connaissance du voisinage des voxels), mais il travaille avec plus d'informations : chaque voxel est classé par plusieurs SVM utilisant chacun une vue différente (SH4, SH4 insensible à la rotation [7], SH8, SH8 insensible à la rotation, va-



(a) classifieur classique (Agrégation de plusieurs classifieurs SVM)



(b) Méthode (SVM sur convolution de voxels)

FIGURE 2 – Exemple de résultat obtenu. Pour chacune des sous-images (a) et (b), la colonne de gauche montre les labels prédits, la colonne du centre représente la vérité terrain, et la colonne de droite affiche la carte d'erreur. À chaque ligne correspond une coupe différente du fantôme.

leurs propres du tenseur de diffusion, SH4 après déconvolution, ODF4, ODF8). Chaque classifieur est entraîné en utilisant des paramètres (C, γ) optimums à l'aide d'une recherche dans une grille de paramètres et d'une validation croisées en 10 ensembles. Une fusion est opérée avec un SVM final sur les résultats de classification des autres SVM. Il faut noter que cette fusion à base de SVM donne de meilleurs résultats qu'un vote majoritaire, ou que le meilleurs de classifieurs individuels.

Notre méthode semble donc défavorisée, au sens où elle dispose de moins d'informations (*i.e.*, une seule vue des données) et que les paramètres du SVM ne sont définis de manière optimale.

3.2 Résultats

La figure 3 présente l'évolution du score de la fonction d'évaluation. On observe que l'amélioration des paramètres (les noyaux de convolution) est lente mais présente.

Le tableau 1 présente les performances obtenues à l'aide du meilleur jeu de filtres pour chaque couple de données extraites

TABLE 1 – Performances de reconnaissance (*rate*/taux global d’erreur de classification), à l’aide du meilleur noyau de convolution et du meilleur classifieur

# attributs	Largeur du noyau		
	5	7	9
SH4	(0.28/0.19)	(0.29/0.16)	(0.26/0.15)
SH8	(0.21/0.14)	(0.27/0.17)	(0.23/ 0.12)
EIG	(0.42/0.25)	(0.44/0.8)	(0.40/0.22)
Vote majoritaire (0.42/0.18)		SVM (0.36/0.16)	

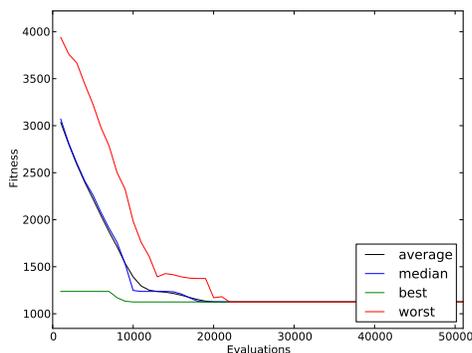


FIGURE 3 – Évolution des scores de la fonction *rate* au cours de l’optimisation d’un exemple (noyau de largeur 5, SH4)

(SH4, SH8) et de taille de noyau de convolution (5, 7, 9), ainsi que les performances des deux classifieurs de base.

Cependant, les résultats obtenus montrent que les taux de reconnaissance (et de bonne classification) sont meilleurs que ceux obtenus par les classifieurs de base ou par fusion de classifieur. La figure 2 présente visuellement un exemple de résultats obtenus par la méthode proposée (avec noyau de taille 5) contre le meilleur des classifieurs de base.

4 Conclusion

Nous avons proposé un nouveau système de classification utilisant les SVM qui prend en compte des informations des de voisinage afin de classer des voxels d’IRM de diffusion. Nous pouvons différencier les voxels contenant des fibres suivant une direction unique, des voxels contenant des fibres suivant des directions multiples et des voxels ne contenant pas de fibres.

Nous pensons qu’une telle méthode ouvre de nombreuses perspectives quant à l’analyse de la matière blanche de personnes saines et malades afin d’étudier de maladies neurodégénératives. Il serait judicieux pour de prochaines expériences d’utiliser des mécanismes de filtrage à large marge [3] afin d’optimiser les paramètres du SVM en même temps que les matrices de convolution. De meilleures performances pourraient être attendues. Utiliser des opérateurs morphologiques sur les résultats

de classification pourrait également réduire les erreurs de reconnaissance. Il est également important d’appliquer la méthode sur des jeux de données issus de vrais cerveaux étiquetés par des chirurgiens ou chercheurs en neurologie.

Références

- [1] M DESCOTEAUX, E ANGELINO, S FITZGIBBONS et R DERICHE : Apparent Diffusion Coefficients from High Angular Resolution Diffusion Imaging : Estimation and Applications. *Magnetic Resonance in Medicine*, 56: 395–410, 2006.
- [2] Pierre FILLARD, Maxime DESCOTEAUX, Alvina GOH, Sylvain GOUTTARD, Ben JEURISSEN, James MALCOLM, Alonso RAMIREZ-MANZANARES, Marco REISERT, Ken SAKAIE, Fatima TENSAOUTI, Ting YO, Jean-François MANGIN et Cyril POUPON : Quantitative evaluation of 10 tractography algorithms on a realistic diffusion mr phantom. *NeuroImage*, 56(1):220–234, 2011.
- [3] R. FLAMARY, D. TUIA, B. LABBÉ, G. CAMPS-VALLS et A. RAKOTOMAMONJY : Large margin filtering. *IEEE Transactions Signal Processing*, 60(2):648–659, 2012.
- [4] John Henry HOLLAND : *Adaptation in natural and artificial systems : an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence*. The MIT press, 1992.
- [5] Penny L. HUBBARD et Geoffrey J.M. PARKER : *Validation of tractography*. In T.E.B. Behrens and H. Johansen-Berg (eds). *Diffusion MRI*. Elsevier, 2009.
- [6] Ben JEURISSEN, Alexander LEEMANS, Jacques-Donald TOURNIER, Derek K. JONES et Jan SJIBBERS : Investigating the prevalence of complex fiber configurations in white matter tissue with diffusion magnetic resonance imaging. *Human Brain Mapping*, in press(-):-, 2012.
- [7] S SCHNELL, D SAUR, B W KREHER, J HENNIG, H BURKHARDT et V G KISELEV : Fully automated classification of HARDI in vivo data using a support vector machine. *NeuroImage*, 46(3):642–651, 2009.
- [8] VN VAPNIK *et al.* : Theory of support vector machines. *Department of Computer Science, Royal Holloway, University of London*, pages 1677–1681, 1996.
- [9] Sjoerd B. VOS, Derek K. JONES, Ben JEURISSEN, Max a. VIERGEVER et Alexander LEEMANS : The influence of complex white matter architecture on the mean diffusivity in diffusion tensor MRI of the human brain. *NeuroImage*, 59(3):2208–2216, octobre 2012.
- [10] C-F WESTIN, S E MAIER, H MAMATA, a NABAVI, F a JOLESZ et R KIKINIS : Processing and visualization for diffusion tensor MRI. *Medical image analysis*, 6(2):93–108, juin 2002.