

Fusion individuelle de données cérébrales multimodales : informations issues d'images numériques et connaissances expertes

Individual Merging of Multimodal Cerebral Data : Information Extracted from Digital Images and Expert Knowledge

par Marinette REVENU, Daniel BLOYET, Michel DESVIGNES, Pascal ALLAIN*, Jean-Marcel TRAVÈRE*

GREYC-ISMRA & Université de Caen

6, bd Maréchal Juin

F-14050 Caen cedex

* Commissariat à l'Énergie Atomique

Centre Cycéron — Bd Becquerel — BP 5229

F-14074 Caen cedex

Résumé

L'étude de l'activité fonctionnelle cérébrale à partir d'images TEP est difficile à cause de la résolution spatiale limitée et du faible rapport signal sur bruit de celles-ci. Cette étude nécessite l'utilisation conjointe et la fusion d'informations provenant de différentes modalités d'images numériques et de connaissances expertes modélisées dans des atlas. Ces derniers se rapportant à une anatomie standard, il est fondamental de les adapter auparavant à la morphologie spécifique du patient concerné. Pour résoudre au mieux les problèmes rencontrés depuis l'acquisition de l'image à l'identification des différentes zones, nous proposons dans cet article une méthodologie pour obtenir des données individualisées et pour les fusionner. La première étape fait intervenir un processus automatique de recalage de l'image TEP avec une image RM, via une radiographie par Rayons X, par l'introduction d'informations a priori extraites d'un atlas. La seconde étape vise à individualiser les atlas anatomiques pour que la superposition avec les images TEP soit plus précise. Dans cette optique, une méthode d'identification des sillons du cortex d'un patient sur une image RM 3D est présentée. L'accent est mis sur la généralité de la démarche, sur l'explicitation des connaissances et des mécanismes de fusion, et sur l'évaluation des résultats en fonction des images traitées.

Mots clés : recalage d'images, fusion de données, interprétation d'images cérébrales, segmentation 3D, mise en correspondance par relaxation.

Abstract

The analysis of the cerebral activity on PET images is difficult because of their limited spatial resolution and their low signal to noise ratio. This study requires the merge of both information extracted from other digital images and expert knowledge collected in atlases. These ones are related to standard anatomy and they must be previously adapted to the specific morphology of the patient. To solve the problems encountered from acquisition to interpretation of images, a methodology is proposed to obtain and merge individual data. The first stage consists in an automatic fitting between PET and MRI images, via an X-ray radiography. The second stage tends to individualize anatomic atlases to enhance the PET images superimposition. For that purpose, a method to identify the brain sulci of a patient is presented. The general nature of the approach, the explicitation of knowledge and of fusion mechanisms, and the accuracy of results are pointed up.

Key words : registration of images, data fusion, interpretation of cerebral images, 3D segmentation, matching by relaxation.

1. Introduction

L'une des études menées au Centre CYCÉRON de Caen a pour objectif l'analyse de l'activité cérébrale (métabolisme du glucose ou de l'oxygène, action de médicaments, dysfonctionnements neurochimiques liés à des pathologies) à partir d'images TEP

(Tomographie par Émission de Positons). Cette technique, qui est non invasive, permet d'obtenir une cartographie quantitative de paramètres biochimiques, biophysiques et physiologiques du cerveau humain in-vivo. Cependant, les résultats obtenus sont difficiles à interpréter, principalement à cause de l'insuffisance de la résolution spatiale, du faible rapport signal sur bruit et du manque d'informations portant sur l'anatomie du patient dans

cette modalité. D'autres modes d'acquisition, tels que l'IRM (Imagerie par Résonance Magnétique) ou le Scanner à Rayons X, sont susceptibles de fournir cette information, et par conséquent de favoriser la mise en œuvre des connaissances expertes neuro-anatomiques, le plus souvent formalisées dans des atlas reflétant une morphologie moyenne. A chaque zone du cortex, ont été associées des fonctionnalités que l'on voudrait étudier par le biais de leurs manifestations sur les images TEP, celles-ci étant obtenues en réponse à des stimuli. L'objectif de cet article est de décrire comment établir une relation entre les zones TEP et les zones anatomiques.

Dans la plupart des travaux s'intéressant à l'interprétation de données provenant d'images TEP, la fusion des informations disponibles est effectuée a posteriori, c'est-à-dire après la formation de l'image, et l'interprétation fait référence à une anatomie standard et non à l'anatomie particulière de l'individu ciblé. La qualité du signal et la quantité d'informations présentes sur les images TEP étant faibles, il est essentiel de ne pas cumuler les erreurs liées au recalage des zones étudiées et de s'attacher à faire des mises en correspondance de zones bien identifiées. C'est pour cette raison qu'il est fondamental de privilégier les fusions d'informations individuelles et adaptées à la morphologie d'un patient.

Après une description de chacune des sources utilisées, cet article envisage les fusions d'informations potentiellement intéressantes pour traiter les images TEP. En particulier, certaines fusions de données ont pour objectif de construire de nouveaux « atlas » faisant cohabiter des modèles des structures anatomiques avec des représentations des mécanismes permettant d'individualiser ces modèles. Cette décomposition permet de choisir le type de traitement selon les contraintes de temps et de précision. Les progrès technologiques visant à améliorer la qualité des images, et les futures exigences des utilisateurs pourront plus aisément être pris en compte.

Nous allons présenter successivement les données analysées et les modes de fusion mis en œuvre dans le cadre du projet d'interprétation quantitative des images TEP. Les sections suivantes détailleront les fusions de données effectuées lors du processus d'acquisition d'une image TEP et lors de la reconnaissance des sillons du cortex.

2. Les données et les modes de fusion

L'apport de données complémentaires, provenant de diverses modalités d'imagerie anatomique (IRM, Rayons X, Atlas numérisé), peut être utilisé pour améliorer la quantification et l'évaluation des données TEP à différentes étapes des traitements :

- aide au positionnement du patient dans l'appareil,
- aide au placement de régions et volumes d'intérêt,
- amélioration de la comparaison des données fonctionnelles pour différents individus ou groupes d'individus,

- introduction d'une information a priori pour la reconstruction de l'image,
- comparaison de différents examens d'un même patient.

Dans un premier temps, nous allons décrire les différentes données utilisées.

2.1. LES DONNÉES

2.1.1. Les atlas

Les atlas, issus de moyennes anatomiques effectuées sur un nombre restreint d'individus (au plus une centaine), ou représentatifs des caractéristiques d'un individu typique (coupes histologiques post-mortem ou acquisitions in-vivo par XCT — Tomographie par rayons X — ou IRM), essaient d'approcher au mieux la description du cortex au moyen de divers types de structures : les sillons et les gyri, ainsi que les zones profondes du cerveau telles que les noyaux gris centraux et les ventricules. Les sillons sont localisés aux endroits où le cortex pénètre dans le cerveau et les gyri sont les différentes parties du cortex délimitées par les sillons.

Parmi les atlas neuro-anatomiques (Hanaway [1], Kretschmann [2], Talairach [3], Matsui [4]), nous privilégions l'approche de Talairach, car elle fournit un moyen direct de positionnement d'informations anatomiques à partir de la localisation de structures repérables sur une image. Elle permet de construire un « système de référence » donnant accès aux structures non visibles par l'emploi de règles de proportionnalité. Ce système de référence tridimensionnel, appelé dans la suite repère de Talairach, s'établit à partir des commissures Antérieure et Postérieure définissant la « ligne CA-CP » dans le plan inter-hémisphérique, des plans coronaux « VCA » et « VCP », et d'un parallélépipède dont les faces sont tangentes au bord du cerveau et parallèles ou orthogonales aux plans de « CA-CP », « VCA » et « VCP ». Ce volume est ensuite divisé en douze sous-volumes pour localiser les structures cérébrales internes [figure 1].

Certaines informations contenues dans l'atlas de Talairach ont été digitalisées. La banque de données est constituée de segments schématisant la bande corticale, indexés par leur position relative dans la grille de référence, et auxquels sont associées des informations complémentaires (texte, régions d'intérêt). Des mesures de précision ont été effectuées sur la méthode de Talairach, en particulier par le Pr Steinmetz [6]. La variation individuelle de la localisation des sillons est d'environ 1 à 2 cm autour de la position typique donnée par l'atlas.

2.1.2. Les données IRM

Les images RM [figure 2] sont obtenues sur une machine General Electric Signa 1.5 T, en utilisant la séquence SPGR (TR = 24 ms, TE = 9 ms, $\alpha = 35^\circ$). Elles sont composées de 128 sections de 256×256 voxels isotropes ($1, 3^3 \text{ mm}^3$ ou $1, 5^3 \text{ mm}^3$ selon la taille

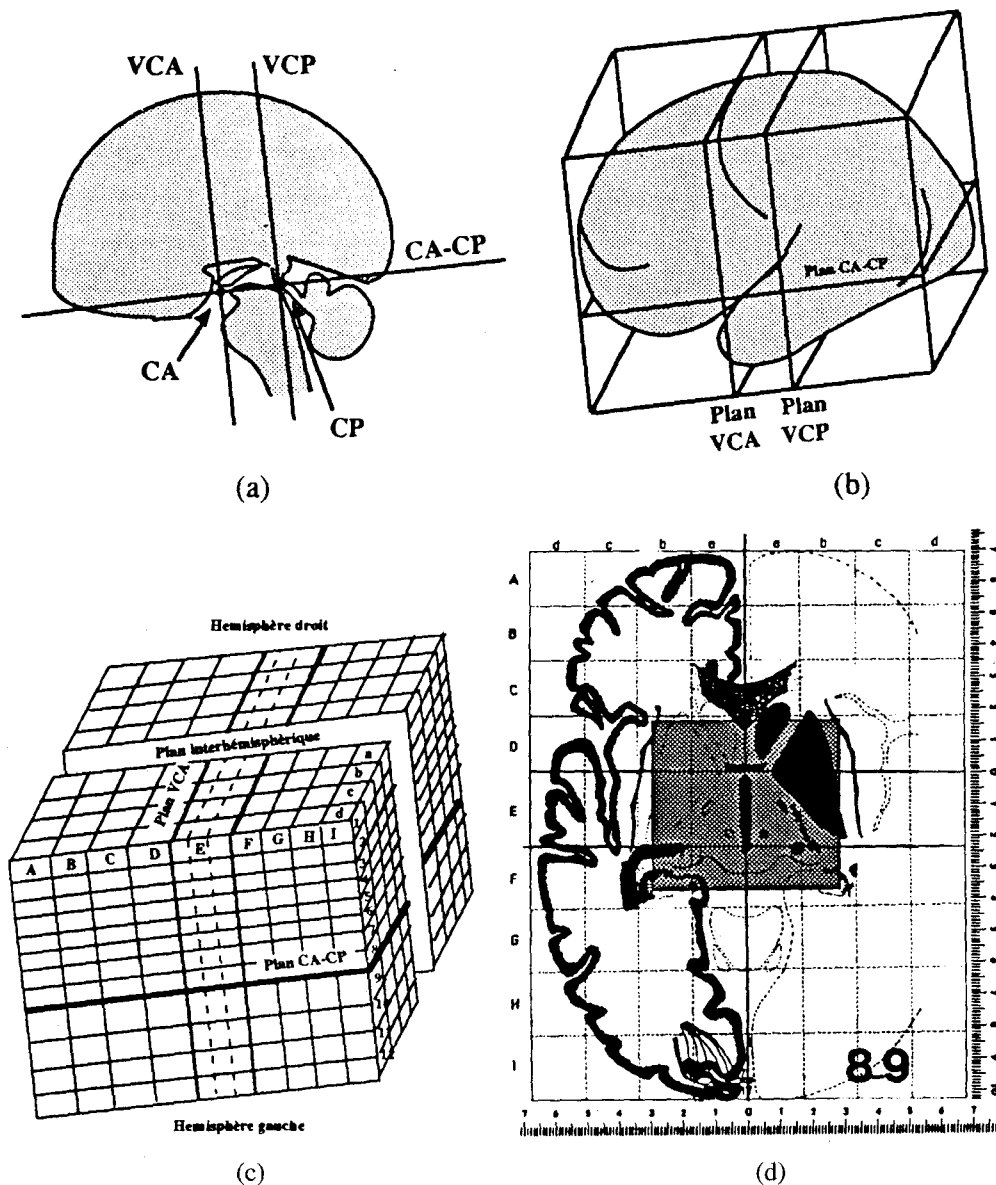


Figure 1. – L'atlas de Talairach (figure issue de [5])

- (a) Repérage des commissures antérieure et postérieure sur coupe sagittale médiane
- (b) Construction du parallélépipède englobant le cortex cérébral
- (c) Echantillonnage du parallélépipède
- (d) Une coupe de l'atlas de Talairach (la zone sur laquelle les millimètres sont utilisables est grisée).

de la tête du patient). Chaque voxel est numérisé sur 8 bits. Une procédure automatique, que nous détaillerons par la suite, fournit l'image transformée dans le repère de Talairach en déterminant le plan inter-hémisphérique ainsi que les positions de CA et CP. Ensuite le cerveau est isolé des autres parties de la tête (peau, crâne, orbites oculaires) pour former les données images à traiter.

2.1.3. Les données TEP

L'acquisition des données TEP par un tomographe TTV03 fournit 7 plans distants de 12 mm. Sa fonction d'étalement est de 5,5

mm (LTMH) dans les directions transverses et de 9 mm dans la direction axiale. Une image de 256×256 pixels est reconstruite pour chaque plan en utilisant un algorithme de rétroprojection filtrée. Les plans d'acquisition choisis selon la zone à étudier, sont sélectionnés conformément au système de référence défini par Talairach. Le positionnement du patient, lors de l'acquisition d'image, fait l'objet du protocole suivant :

1. Acquisition préalable d'une image RM 3D pour localiser les limites du crâne et les référencer, notamment par rapport à CA et CP,

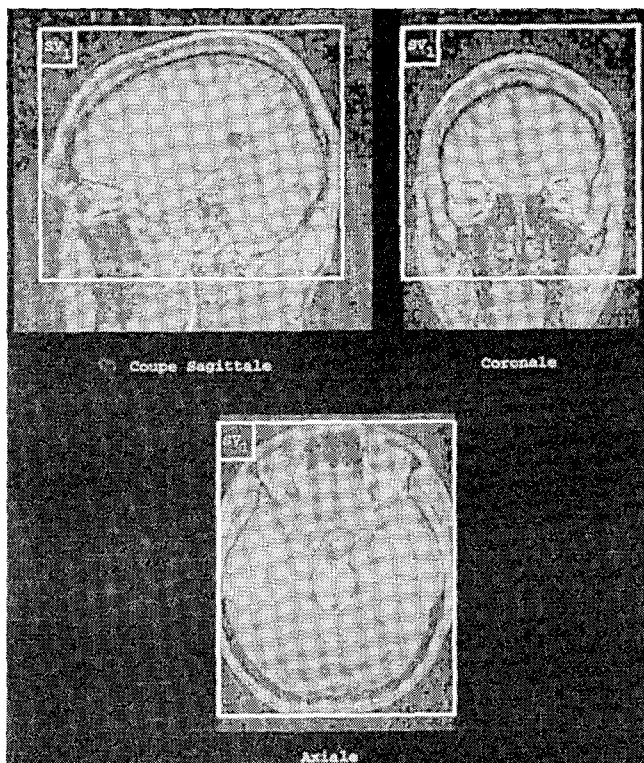


Figure 2. – Coupes sagittale (plan inter-hémisphérique), coronale et axiale IRM

2. Mise en place d'un casque stéréotaxique sur la tête du patient et radiographie latérale par Rayons-X afin d'établir une relation entre les limites du crâne et celles du casque,
3. Détermination, par ajustement des contours IRM et X de crâne dans le plan inter-hémisphérique, de la position de la ligne CA-CP par rapport au casque,
4. Positionnement final du patient sous la caméra TEP de façon à obtenir les coupes positions correspondant aux coupes IRM anatomiques sélectionnées par rapport à CA-CP.

Différentes méthodes [7] [8] [9] ont été proposées pour faire la mise en correspondance d'images RM et d'images TEP. Elles nécessitent soit l'immobilisation de la tête du patient, limitant mais n'évitant pas les mouvements lors de l'examen, soit des transformations d'images telles que rotation, translation et interpolation; dans les deux cas elles ajoutent à l'imprécision des données TEP. Le protocole que nous proposons a l'avantage de ne pas imposer une installation particulière et sa précision est actuellement suffisante en regard de la taille des pixels [figure 3].

2.2. LES MODES DE FUSION

La fusion de données consiste, par définition, à combiner différents signaux, au sens général, provenant d'un seul individu ou de

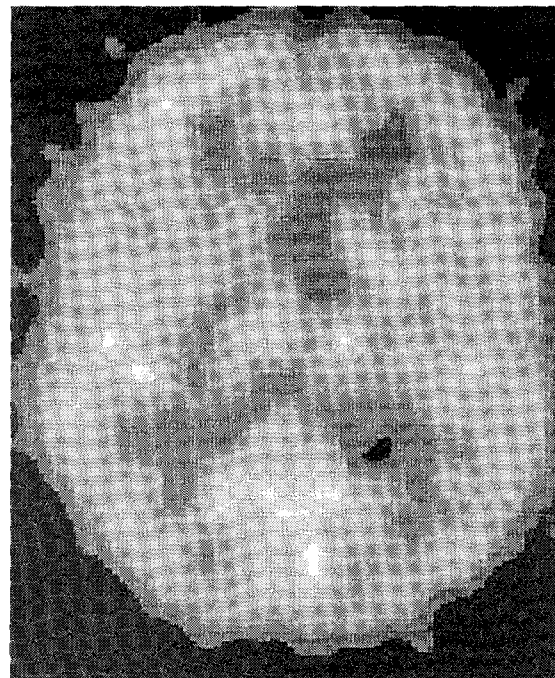


Figure 3. – Une coupe axiale TEP

plusieurs individus. La tâche que nous souhaitons automatiser, à savoir établir les relations entre un atlas individualisé et une image TEP, conduit à préciser la distinction entre fusion et recalage, et à proposer un modèle abstrait des opérateurs de fusion. Ce modèle a pour objectif d'explicitier les différentes étapes de la conception de tels opérateurs et de dégager les aspects qui se révèlent communs malgré la diversité des données à fusionner.

2.2.1. Diversité des modes de fusion

Avant de proposer un schéma général de conception des opérateurs de fusion, il est intéressant de montrer la diversité des configurations dans lesquelles interviennent des fusions de données ou, plus généralement, d'informations. Nous distinguons la nature des données, ainsi que le moment et le contexte où s'effectue la fusion dans le processus de traitement global.

1. Les données peuvent être purement numériques lorsqu'il s'agit d'images, ou symboliques / numériques lorsqu'elles décrivent des structures anatomiques dans les atlas ou des stratégies d'identification.
2. La fusion peut avoir un caractère « a priori » quand elle intervient au moment de la formation des signaux, et un caractère « a posteriori » quand elle s'applique sur des signaux déjà formés. Dans notre cas, les signaux sont des images. Cependant, cette distinction peut n'être que provisoire, car elle est dépendante des progrès technologiques. Les images sont une représentation possible des signaux reflétant réellement l'information à analyser, et il importe de faire intervenir des connaissances le plus en amont de la chaîne des traitements pour améliorer la qualité de

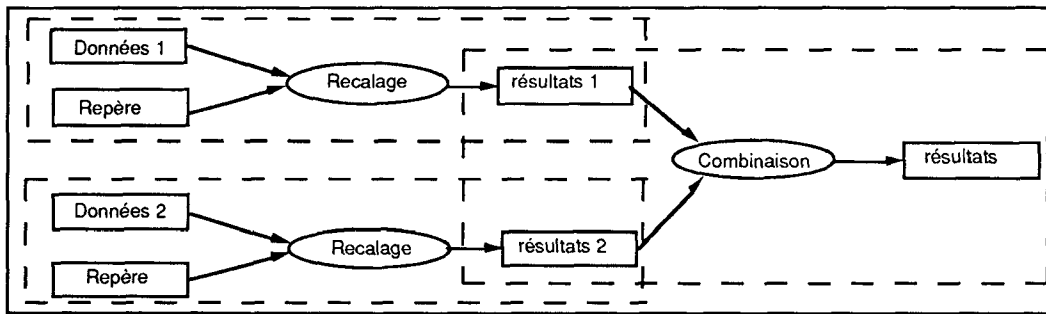


Figure 4. – Modèle abstrait d'un opérateur de fusion

cette représentation. Actuellement, nous n'utilisons pas encore d'informations « a priori » lors de la reconstruction de l'image TEP, mais nous en utilisons pour positionner le patient et ainsi sélectionner les plans de données devant être analysés dans ces images.

3. Les données à fusionner sont le plus souvent considérées localement, ce qui restreint le champ d'application du processus de fusion. Si on élargit le cadre de la fusion, selon le contexte, des techniques particulières doivent intervenir pour que le processus soit cohérent :

- dans le contexte multimodal, la fusion fait intervenir plusieurs sources d'images, et elle nécessite une opération préalable de recalage.
- dans le contexte spatial, la fusion consiste à compléter et rendre cohérentes les informations relatives à une zone d'image. Par exemple, pour analyser les positions relatives des éléments présents dans une zone de l'image RM, la fusion fait intervenir les connaissances « a priori » consignées dans les atlas. La vérification de la cohérence de l'ensemble des résultats conduit à introduire les relations connues entre les objets à identifier de l'image. Ces relations sont symboliques et numériques (par exemple : les sillons précentral et central sont pseudo-parallèles et distants en moyenne de 13 mm).
- dans le contexte statistique, la fusion concerne la combinaison d'informations provenant d'un même patient au cours du temps pour augmenter le rapport signal sur bruit, ou de plusieurs patients pour accroître la validité et la généralité des résultats. Par exemple, pour construire un modèle statistique de chaque sillon du cortex cérébral, il faudra distinguer les types de données « point », « vecteur », « métrique » et « scalaire », car ils ne sont pas « combinés » de la même façon.

2.2.2. Modèle abstrait des opérateurs de fusion

De ce qui précède, on peut déduire le caractère évolutif et incomplet de la représentation des informations à traiter et des connaissances à mettre en œuvre au fur et à mesure de la prise en compte de nouvelles spécifications des logiciels. Il est donc essentiel de partir d'une analyse conceptuelle des problèmes à résoudre et d'en déduire les différents modes de fusion d'informations qu'il faudra

implémenter. La méthodologie proposée s'inspire de la démarche de David Marr.

Dans ses travaux, D. Marr [10] distingue trois niveaux d'abstraction pour comprendre, en tant que traitement de l'information, une tâche aussi complexe que la perception visuelle. Pour chaque processus, il faut d'abord spécifier les tâches à effectuer, c'est-à-dire ce qu'il s'agit de calculer et pourquoi. Ensuite, il faut trouver les méthodes ou « algorithmes » qui permettent de réaliser ces calculs et les « représentations » qui constituent les entrées et les sorties de ces algorithmes. Enfin, il est nécessaire de décrire « l'implémentation » des algorithmes. L'élaboration et l'opérationnalisation des différents concepts introduits pour décrire les processus de traitement d'images constituent peu à peu les bribes d'une théorie, dite « computationnelle », expliquant les relations existant entre ces concepts [11]. C'est en s'appuyant sur ces niveaux d'abstraction que nous proposons un modèle abstrait des opérateurs. Il conduit à acquérir une vision plus globale des mécanismes sous-jacents aux traitements et à obtenir un certain consensus sur une notion aussi générale que l'est la fusion de données.

La figure 4 présente un modèle abstrait d'opérateur effectuant une tâche de fusion de deux ensembles de données (par exemple deux images de modalités différentes). Cette tâche générale se décompose en trois autres tâches. Les deux premières tâches ont pour rôle de recalibrer les données dans un repère commun. La troisième tâche combine les résultats intermédiaires pour obtenir le résultat de la fusion. Cette décomposition en trois tâches est grossière, et chaque tâche est effectuée grâce à une méthode dont l'implémentation précise doit être décrite. En particulier plusieurs méthodes sont nécessaires pour prendre en compte les configurations de combinaison suivantes :

- Numérique © numérique → numérique
- Numérique © symbolique → numérique
- Numérique © symbolique → symbolique
- Symbolique © symbolique → symbolique

Au plus bas niveau d'abstraction, sont décrits les opérateurs de combinaison de données adaptés aux types des données et que l'on peut classer et caractériser par des propriétés [12]. C'est à ce niveau que l'on trouve précisément ce que l'on entend usuellement par opérateur de fusion.

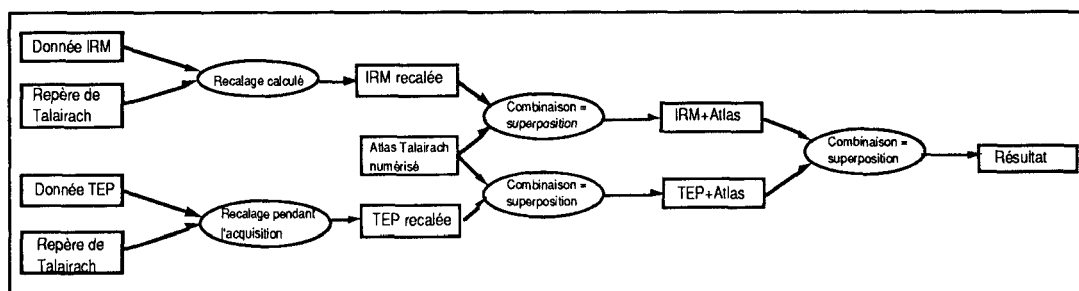


Figure 6. – Fusion des données IRM et TEP

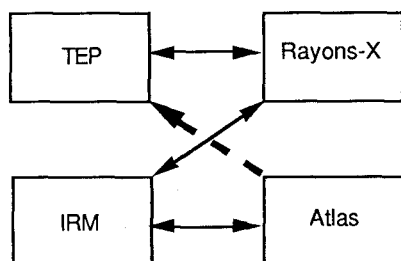


Figure 5. – Les liens entre les différentes modalités

Notons que toutes les étapes de fusion ne sont pas réalisées automatiquement dans notre système. L'opération préalable de traduction symbolique/numérique est souvent faite au moment de l'analyse conceptuelle. La spécification du logiciel en terme de tâches permet plus aisément de l'automatiser ultérieurement.

2.2.3. Application à la fusion individuelle de données cérébrales multimodales

Le travail présenté dans cet article s'est focalisé sur la prise en compte de deux types de difficultés liées à la nature des images TEP : qualité des images et quantité d'informations disponibles. La première partie porte sur la « projection » d'un atlas sur une image TEP, et la deuxième partie sur l'individualisation de cet atlas devant être effectuée avant cette projection.

1. L'insuffisance de la résolution spatiale, le faible rapport signal sur bruit et l'absence d'informations anatomiques des images TEP nous ont amenés à rechercher et à caractériser les données qui pourraient être exploitées dès la phase de formation et d'acquisition des images. La meilleure solution consiste à « projeter » un atlas sur une image TEP. Comme cela est impossible à réaliser directement, nous avons mis au point une méthode de superposition d'une image RM et d'un atlas, une méthode de mise en correspondance d'une image RM et d'une radiographie à Rayons-X, et enfin un appareillage qui effectue la liaison physique entre les systèmes d'acquisition TEP et Rayons X. La figure 5 montre les liaisons directes entre les différentes modalités ainsi que la liaison souhaitée entre l'atlas et l'image TEP, obtenue indirectement.

Les différentes étapes de la fusion des données IRM et TEP sont explicitées sur la figure 6. Dans le paragraphe 3, nous détaillerons

les opérations de recalage effectuées entre données IRM (resp. TEP) et repère de Talairach. Les opérations de combinaison sont uniquement dans ce cas des superpositions d'images : image RM (resp. TEP) recalée et atlas de Talairach numérisé.

2. La quantité d'information disponible sur une image TEP est faible. Seuls une sommation ou un moyennage sur plusieurs patients pourraient accroître celle-ci. Cependant une fusion sur plusieurs patients sans recalage préalable amène à une perte d'information liée à la qualité du positionnement et aux variations anatomiques inter-individuelles. Compte tenu de l'imprécision spatiale des informations de l'atlas de Talairach, la superposition de cet atlas et de l'image TEP ne peut se faire qu'avec une précision d'environ 1 à 2 cm au niveau du cortex. Cette erreur reflète l'approximation d'un cerveau quelconque par un cerveau type. Elle ne peut être diminuée qu'en disposant d'un « atlas » propre au patient étudié. Nous avons donc choisi de procéder à une interprétation sur la base de données issues de ce seul patient. L'atlas standard doit dans un premier temps être adapté au patient et l'opération de recalage se fera dans un repère propre à chaque patient avant la combinaison des informations provenant du TEP ou de l'IRM.

Pour atteindre cet objectif, nous proposons de cartographier la surface du cortex externe à l'aide de la topographie des sillons. La reconnaissance automatique des sillons et des gyri du cerveau s'effectue en se référant aux connaissances associées à un atlas standard. La figure 7 explicite schématiquement les étapes de la fusion des données IRM et des modèles de sillons. Une fois l'identification réalisée, il est possible de déterminer les déformations des sillons par rapport aux sillons de l'atlas standard et de les interpoler sur les zones d'intérêt des expérimentations TEP.

3. Processus d'acquisition d'une image TEP : introduction d'informations anatomiques spécifiques au patient

Le processus d'acquisition des images TEP doit être tel qu'il permette le recalage de ces dernières par rapport aux images RM

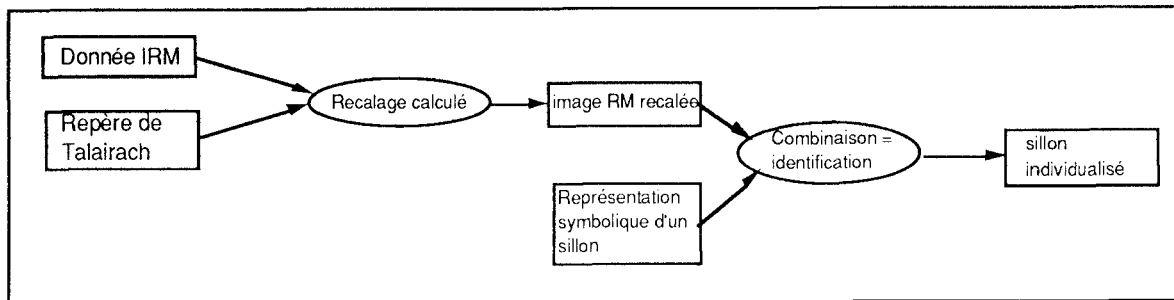


Figure 7. – Identification d'un sillon : fusion de données IRM et modèle de sillon

sur lesquelles des informations morphologiques sont superposables. Un repère commun formé du plan inter-hémisphérique et de la ligne CA-CP, doit d'abord être obtenu avant de pouvoir sélectionner les plans à observer.

3.1. LA SEGMENTATION D'UNE IMAGE RM 3D

Lors de l'acquisition IRM 3D, aucune précaution particulière n'est prise pour aligner les plans d'acquisition avec le repère de Talairach. La première étape du traitement consiste donc à opérer une rotation des données par interpolation tricubique de façon à ce que les coupes sagittales IRM soient parallèles au plan inter-hémisphérique. Les équations des intersections sagittales moyennes avec les coupes axiales et coronaires sont calculées par régression linéaire pondérée par un gradient moyen au carré. L'objectif est d'obtenir par itérations successives des zones entourant ces droites et contenant le plus possible de liquide céphalo-rachidien (LCR), ce qui est une spécificité de toute zone du plan inter-hémisphérique. La seconde étape consiste en une analyse de scène dans le plan inter-hémisphérique.

Pour trouver les positions de CA et CP, deux régions principales, le Corps Calleux (CC) et le Tronc Cérébral (TC), sont d'abord identifiées par classification de voxels et vérification de contraintes (de taille, de position et de forme) sur les régions qui en sont issues. Ensuite une structure plus petite, le « Colliculi » (Co) est détectée dans une zone située entre CC et TC; le point extrême de Co, c'est-à-dire CP, est identifié par une technique d'ajustement de masques; enfin, dans une zone définie grâce à la connaissance de positions relatives de CA et CP dans l'atlas de Talairach, le point CA est localisé [figure 8]. Une dernière rotation est effectuée sur l'ensemble des données IRM pour rendre la ligne CA-CP horizontale.

Afin de ne conserver sur les images que les zones correspondant au cerveau, c'est-à-dire la matière blanche (MB), la matière grise (MG) et le liquide céphalo-rachidien (LCR), un processus de segmentation spécifique, fondé sur l'histogramme des niveaux de gris, a été élaboré [13]. La figure 9 présente le résultat de la segmentation d'une image RM 3D.

La méthode présentée ci-dessus a été testée sur environ 200 images 3D, en ce qui concerne la localisation de CA et CP, et sur

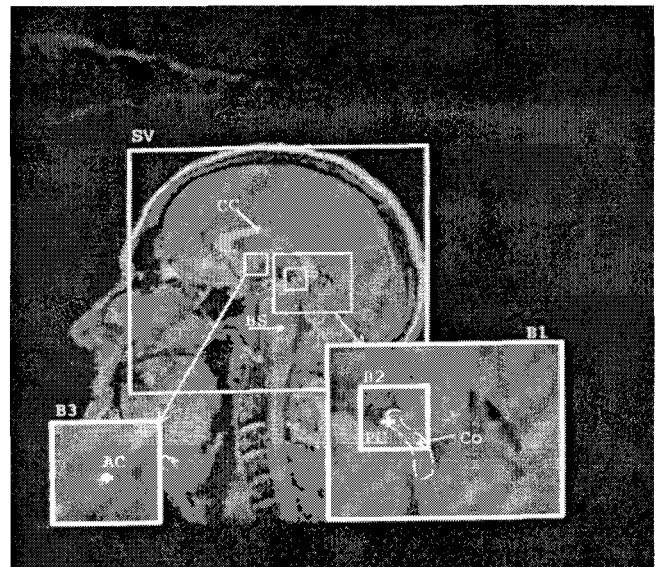


Figure 8. – L'analyse de scène destinée à localiser CA et CP

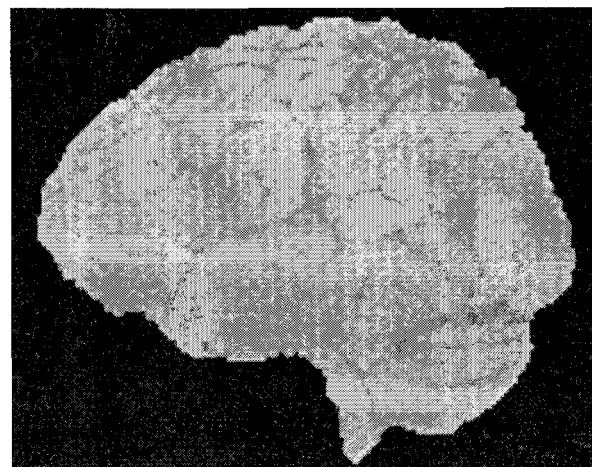


Figure 9. – Une image RM 3D segmentée

15 patients pour la segmentation du cortex [14]. Les résultats sont fiables et respectent les contraintes de précision que nous nous étions fixées en fonction de la qualité de répétabilité du positionnement effectué par des experts neuro-anatomistes. Pour compléter le protocole de test, le logiciel a également été validé sur

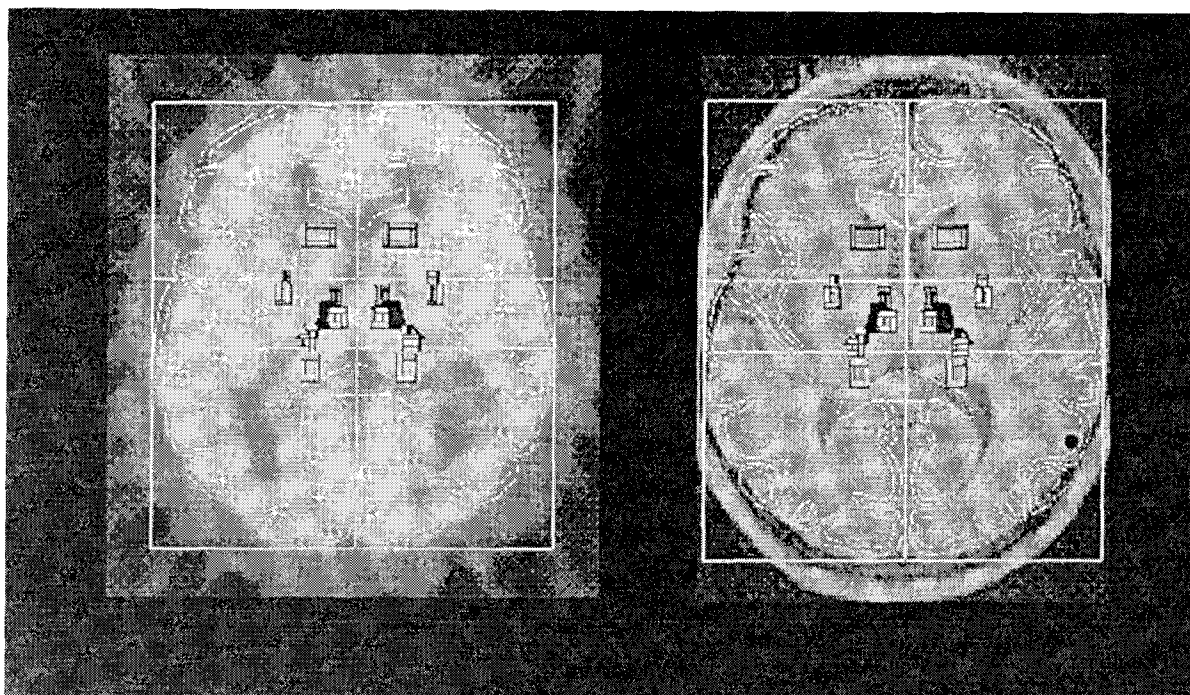


Figure 10. – Exemple de superposition d'images TEP et IRM et de l'atlas de Talairach digitalisé

d'autres machines : à Lyon sur une Siemens Megatome 1.5 T, et à Londres sur une Picker I T. Sa robustesse vis-à-vis des variations inter-individuelles des positions de TC, CC, CA et CP vient de l'expertise neuro-anatomique exprimée dans l'atlas de Talairach. Celle-ci a été traduite avec précision en terme de propagation de contraintes, mécanisme général utilisable dans d'autres contextes où données et informations représentant des contraintes doivent être fusionnées.

3.2. LE PROCESSUS D'ACQUISITION DE L'IMAGE TEP

Afin d'acquérir l'image TEP directement dans le repère de Talairach, un protocole de positionnement du patient a été spécifié selon les phases énumérées au paragraphe 2.1. Ce protocole a été élaboré au fur et à mesure des choix matériels, du développement des outils logiciels et de l'évaluation des erreurs inhérentes aux méthodes.

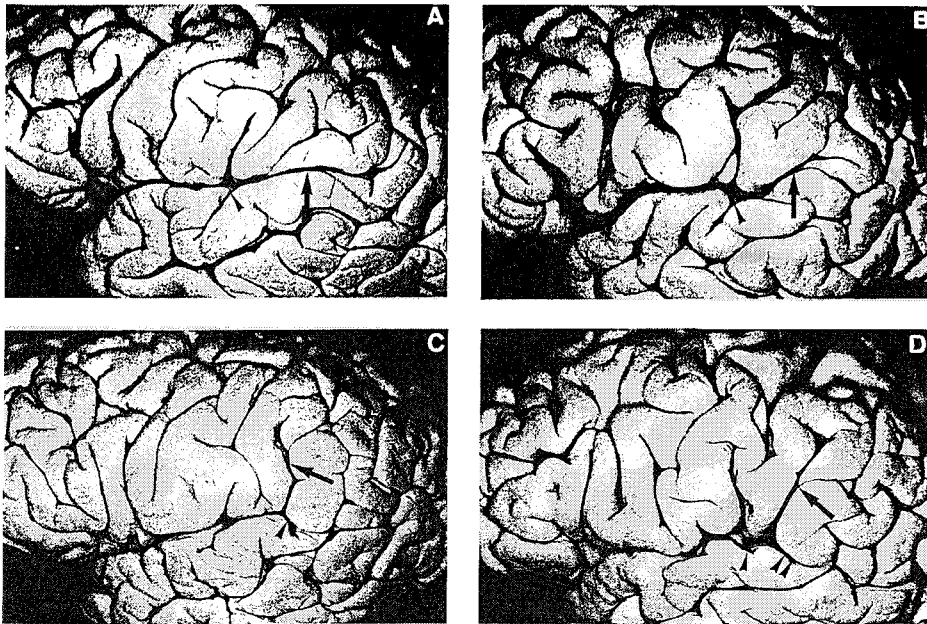
Contrairement à certaines méthodes qui préconisent de localiser les points limites des os Glabellé et Inion sur l'image à rayons X et sur l'IRM, pour atteindre CA et CP [7], nous nous sommes appuyés sur un ajustement global des contours du crâne sur ces deux modalités d'images dans le plan inter-hémisphérique. Après une correction du coefficient d'agrandissement induit par le dispositif de radiographie mobile, les positions de CA et CP sont « propagées » sur l'image à rayons X, puis sur l'image TEP, puisque celles-ci sont liées physiquement. Par conséquent les autres connaissances attachées au repère de Talairach sont également

déduites proportionnellement selon les zones. La figure 10 montre la superposition de l'image TEP (à gauche) et de l'IRM (à droite) avec le repère de Talairach (les axes) et les structures anatomiques schématisées. On peut voir en particulier les différents replis du cortex qui forment les sillons.

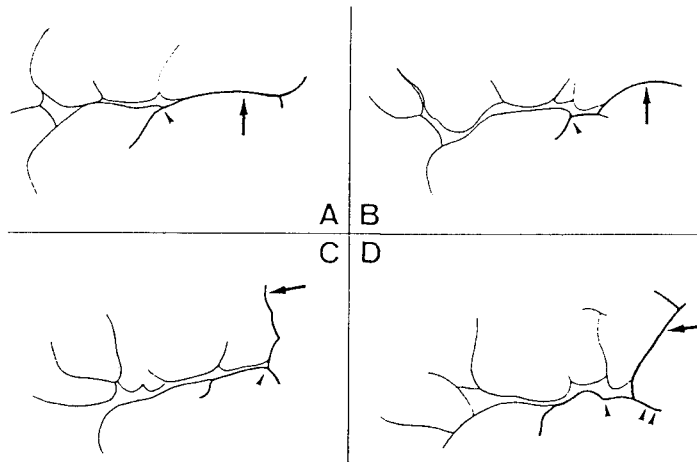
La méthode a été testée indépendamment par deux experts sur un ensemble de 15 patients [15]. Les variabilités intra-observateurs et inter-observateurs du positionnement sont d'environ 1,7mm et 1,5mm respectivement dans les deux directions du plan sagittal moyen. Cette étude montre la faisabilité d'un recalage prenant en compte les particularités individuelles. Cependant son automatisation se heurte aux contraintes matérielles et temporelles liées à la période des éléments radioactifs utilisés en imagerie TEP.

4. Localisation et reconnaissance des sillons du cortex cérébral

Ainsi que l'on peut s'en rendre compte sur la figure 10, quelle que soit la précision du positionnement du repère de Talairach sur l'image TEP, les informations qui sont projetées ne sont pas vraiment adaptées à la morphologie du cerveau du patient. Elles reflètent plutôt celle d'un patient adulte et normal. Plusieurs types de transformations ont été envisagés pour adapter les structures anatomiques : transformations rigides globales ou par zones [16], déformations « élastiques » de l'atlas à partir de la surface du



(a) Images



(b) Schémas

Figure 11. – Variabilité de configurations du sillon latéral (figure issue de [21])

(a) Images A, B, C, D de cortex (la flèche pointant sur le sillon latéral). (b) Sillon latéral schématisé (en correspondance avec les images A, B, C, D)

cerveau, du contour de certains éléments anatomiques [17] ou de l'interface matière blanche/matière grise [18]. Ces méthodes élastiques a priori très élégantes ne parviennent pas à concilier simplicité et efficacité. La mise en correspondance à partir de la surface, facile à déterminer automatiquement, ne fournit pas les mêmes résultats que la mise en correspondance à partir de structures anatomiques. Cette dernière méthode prend mieux en compte la variabilité inter-individu, mais elle nécessite un étiquetage manuel préalable.

Pour pallier cette difficulté, nous présentons un système d'identification automatique des sillons, dans lequel deux méthodes sont mises en œuvre :

1. une méthode heuristique s'appuyant sur les connaissances expertes exprimées dans des atlas,
2. une méthode stochastique par relaxation continue, visant à appairer les segments schématisant les sillons d'un atlas et les sillons issus de la segmentation de la surface du cortex sur une IRM 3D.

Lors de la description de chacune des méthodes, les divers modes de fusion de données seront explicités. Seront également montrés les aspects complémentaires des méthodes.

4.1. MÉTHODE HEURISTIQUE

La méthode heuristique s'appuie sur la représentation des sillons à l'aide d'informations numériques et symboliques décrites dans des atlas, ici les atlas de Duvernoy [19] et de Ono [20]. On distingue trois classes de sillons : les sillons majeurs, les sillons secondaires et les rameaux. Les sillons majeurs sont caractérisés par la probabilité de présence, la localisation approximative, la forme générale, la profondeur, la longueur, l'orientation, ainsi que la position, relative aux sillons avec lesquels ils forment un groupe (sillons secondaires et rameaux) et relative aux autres sillons majeurs.

Nous allons illustrer notre démarche sur l'identification du sillon central. Les connaissances expertes sont, pour ce sillon, les suivantes :

- sillon toujours présent, d'une profondeur moyenne de 15-20 mm et d'une longueur moyenne de 90 mm,
- sillon dont la position relative des extrémités est connue à 1 cm près, l'une étant dans le plan VCA et l'autre dans le plan VCP,
- sillon dont la forme ressemble à la lettre S. On le représente par trois segments. L'un des segments est quasi horizontal, c'est-à-dire situé dans un plan orthogonal au plan inter-hémisphérique. Le deuxième segment est à peu près vertical, parallèle au plan inter-hémisphérique et au plan VCA. Le troisième segment fait la jonction entre ces deux segments.

Les sillons présentent des asymétries marquées entre les hémisphères droit et gauche d'un même patient, ainsi que de nombreuses intersections et ramifications, variables en position et en nombre. Sur la figure 11, nous pouvons voir la variabilité des configurations du sillon latéral.

La stratégie générale mise au point pour la reconnaissance des sillons se décompose en quatre phases [21] :

1. Une phase d'extraction des indices visuels sur lesquels va pouvoir s'effectuer la reconnaissance. Après avoir squelettisé les zones de l'image RM 3D correspondant au LCR et à la MG, on obtient des surfaces qui, projetées sur la surface du cortex, donnent des courbes. Une poursuite de contours sur ces courbes permet de passer des voxels à des segments, caractérisés par les points de départ et d'arrivée, le nombre de voxels, la longueur réelle sur la surface, le minimum, le maximum et la moyenne de la profondeur, ainsi que leurs situations par rapport aux segments voisins.

2. Une phase de détermination du volume de recherche, adapté à la morphologie du patient, dans lequel le sillon recherché doit a priori se trouver. Ce volume, dont les coordonnées sont exprimées dans le repère de Talairach, est déterminé à partir d'une base de sillons déjà étiquetés, modélisant la variation inter-individuelle [22].

3. Une phase de recherche du segment prédominant dans le volume de recherche, conformément aux critères connus sur le sillon. Dans un premier temps, les connexions avec les rameaux et les sillons annexes sont éliminées. Elles sont prises en compte

une fois effectué le choix des segments pouvant correspondre au sillon recherché.

4. Une phase de poursuite pour connecter au segment sélectionné ci-dessus un ensemble de segments, sur des critères d'orientation, de longueur et de profondeur. Cet ensemble de segments forme alors le sillon recherché.

En pratique, nous effectuons un tracé fictif du sillon à partir de la forme générale du modèle de sillon et de ses directions principales. Par la suite, le segment de départ de l'analyse sera celui qui est le plus proche de ce tracé idéal. Les barbules (petits segments ayant une extrémité terminale), les segments de pente trop éloignée de la pente globale et les boucles provenant d'erreurs de la segmentation sont éliminés. Lors de la phase de poursuite, si la longueur du modèle de sillon est plus importante que celle du sillon trouvé, il faut soupçonner une interruption de ce sillon. Parmi les segments les plus proches du dernier segment identifié, nous choisissons celui dont l'orientation se rapproche le plus de l'orientation désirée, pour le connecter à la partie identifiée. Ce sont donc des informations symboliques et numériques provenant de l'atlas qui guident le processus d'identification et qui fournissent une évaluation de la vraisemblance de chaque hypothèse émise.

La méthode décrite ci-dessus a été testée avec succès sur l'identification de 6 sillons majeurs sur une série de 9 volumes IRM 3D, soit 18 demi-cortex [figure 12]. Il s'agit des sillons suivants : latéral, supérieur temporal, postcentral, central, précentral, supérieur frontal. Afin de faire valider les résultats obtenus par des experts, nous avons défini un protocole de tests comportant une comparaison avec le tracé manuel des sillons sur des images de la surface du cortex. Globalement, les résultats sont corrects dans plus de 90% des cas.

4.2. MÉTHODE STOCHASTIQUE PAR RELAXATION CONTINUE

Pour déterminer les structures qui sont similaires sur un atlas des sillons et sur une image segmentée IRM 3D de la surface du cortex d'un patient particulier, une méthode stochastique par relaxation continue a été choisie. Après une décomposition préliminaire des sillons de l'atlas en segments, il s'agit d'établir une correspondance entre les deux graphes de segments. La difficulté réside dans la très grande variabilité des formes de sillons. Pour y parvenir, nous utilisons une méthode de « matching inexact » supprimant des segments pour prévenir un échec de la mise en correspondance.

Quatre techniques sont fréquemment utilisées pour effectuer un matching inexact entre deux structures [23] :

- les méthodes métriques qui, à partir des concepts de gabarits et de ressorts, effectuent des mesures de similarité entre graphes,
- les méthodes de recherche arborescente qui explorent l'espace des solutions possibles,

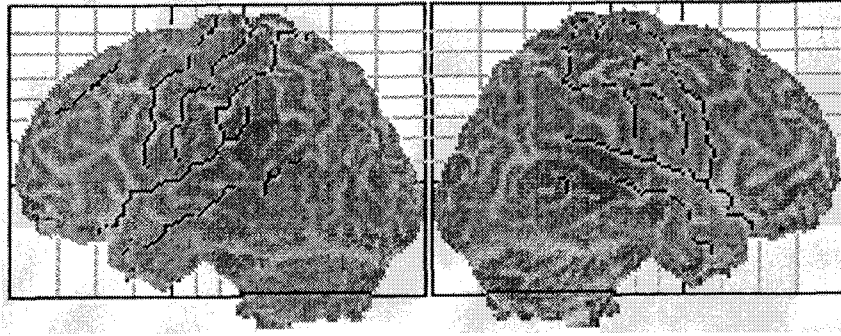


Figure 12. – Résultat de l'identification de 6 sillons majeurs

- les méthodes de détermination des cliques maximales sur les graphes,
- les méthodes de relaxation qui mettent en œuvre des mécanismes de propagation de contraintes.

Toutes ces méthodes présentent de grandes difficultés lorsque les graphes sont très dissemblables. Dans notre cas, cependant, la variation des graphes est réduite en raison des éléments suivants :

- les images ont un repère commun, celui de Talairach, avec lequel on effectue un recalage proportionnel préalable,
- les sillons majeurs sont toujours présents et leur variation de position est limitée dans l'espace,
- les petits sillons ou barbules sont initialement supprimés.

Nous avons retenu la méthode de relaxation qui consiste à proposer un étiquetage vérifiant des contraintes entre deux ensembles d'objets (segments du sillon à identifier et segments du sillon provenant de l'atlas). La relaxation continue est une approche stochastique [24] qui propage des contraintes $R_{ij}(I, J)$ le long des arcs du graphe. Ces fonctions $R_{ij}(I, J)$, à valeurs réelles, sont proportionnelles à la ressemblance entre les paires (i, I) et (j, J) . La mise en correspondance des graphes s'effectue par itérations successives en maximisant la valeur du gain d'appariement $G^t(p)$:

$$G^t(p) = \sum_{i=1}^n \sum_{I=1}^N \sum_{j=1}^n \sum_{J=1}^N R_{ij}(I, J) p_i(I) p_j(J)$$

Ce qui équivaut à effectuer un calcul par itérations successives jusqu'à atteindre la convergence des coefficients p_i :

$$p_i^{t+1}(I) = \frac{p_i^t(I) [1 + \sum_{j=1}^n \sum_{J=1}^N R_{ij}(I, J) \cdot p_j(J)]}{\sum_I \left(p_i^t(I) [1 + \sum_{j=1}^n \sum_{J=1}^N R_{ij}(I, J) \cdot p_j(J)] \right)}$$

avec :

i et j : inconnues liées à deux segments du 1er graphe auxquelles on veut affecter des valeurs d'étiquettes I et J , étiquettes associées à deux segments du 2ème graphe

$p_i(I)$ et $p_j(J)$: coefficients des hypothèses « i vaut I » et « j vaut J »

$R_{ij}(I, J)$: contraintes que l'on veut voir respectées dans la solution, exprimées à l'aide d'une fonction de similitude $\rho_{ij}(I, J)$:

$$R(\rho) = [1 + \rho + \rho^2]^{-1}$$

$\rho_{ij}(I, J), S_{i,j}^1, S_{i,j}^2$: fonctions de similitude telles que :

$$\rho = \frac{S^1}{2S^1} + \frac{S^2}{2S^2}$$

Les fonctions de similitude modélisent les relations géométriques entre segments d'un sillon ou entre sillons. $S_{i,j}^1(I, J)$ représente la ressemblance des distances minimales entre le couple (i, j) et le couple (I, J) , et $S_{i,j}^2(I, J)$ la ressemblance des angles que forme la bissectrice de deux segments avec un axe fixe. Les vecteurs i, j, I, J sont d'abord ramenés à l'origine O et transformés en vecteurs $\overrightarrow{OA}_i, \overrightarrow{OA}_j, \overrightarrow{OA}_I, \overrightarrow{OA}_J$.

$$S_{i,j}^1(I, J) = |d \min(i, j) - d \min(I, J)|$$

$$S_{i,j}^2(I, J) = \left| |(\overrightarrow{OA}_i + \overrightarrow{OA}_j) - (\overrightarrow{OA}_I + \overrightarrow{OA}_J)| \right|$$

Ces fonctions ont été choisies de façon à reproduire les caractéristiques importantes des sillons corticaux, à savoir leurs positions relatives et leur continuité.

La relaxation définit un homomorphisme d'un graphe vers un autre. Appliquée de l'image examinée vers l'atlas, elle identifie certains sillons de l'image à l'aide de cet atlas. Deux cas particuliers se présentent :

- L'étiquette *inconnue* est attribuée si ce sillon n'existe pas sur l'atlas.

– Plusieurs parties ont une correspondance identique.

Pour que le processus puisse se poursuivre, nous introduisons la notion de suppression des segments n'ayant pas de correspondant dans l'autre graphe, à condition que ce segment ne connecte pas deux autres segments.

A chaque étape, deux relaxations sont appliquées jusqu'à obtenir des coefficients $p_i(I)$ égaux à 0 ou 1. La première, de l'atlas vers le patient identifie les segments du patient qui sont à éliminer. La deuxième relaxation réalise la même opération du patient vers l'atlas. Cet algorithme est itéré tant qu'il y a des modifications dans l'un des deux graphes. Le résultat final est l'ensemble des segments communs à l'atlas et au patient.

Deux ensembles de tests ont été effectués sur 18 hémisphères constituant la base de données. Le premier test consiste à faire correspondre des sillons isolés avec leur sillon correspondant dans l'atlas, une fenêtre de recherche regroupant environ 50 segments. Le deuxième test revient à mettre en correspondance deux hémisphères complets, formés d'environ 500 segments. Les résultats, estimés par l'attribution d'une note pour chaque mise en correspondance comparée à une mise en correspondance idéale effectuée manuellement, donnent 83,3/100 dans le cas des sillons isolés. Les erreurs proviennent essentiellement des pertes de connectivité dues aux suppressions faites pendant la bi-relaxation.

La combinaison des données IRM et atlas intervient à plusieurs niveaux : lors de la modélisation des sillons de l'atlas sous forme de segments, et après l'étape de mise en correspondance, lorsque les propriétés des sillons énoncées dans l'atlas sont affectées à un ensemble de segments de l'image RM. Il s'agit en particulier de propriétés relationnelles.

Les deux méthodes décrites ci-dessus doivent être mises en compétition pour améliorer leur performance intrinsèque et pour assurer la cohérence globale des résultats. D'une part, la fenêtre de sélection des segments choisis pour initialiser le processus de matching inexact est fournie par la méthode heuristique, et d'autre part, le résultat du matching inexact permet de modifier l'image RM de départ pour tenir compte des déformations détectées. Enfin, la combinaison des résultats des deux méthodes produit des coefficients de vraisemblance des identifications des sillons permettant de choisir dynamiquement l'ordre dans lequel les sillons doivent être analysés.

5. Bilan et perspectives

Le travail présenté est original par la diversité des algorithmes mis en œuvre pour obtenir des résultats quantitatifs et robustes, autant que par la démarche sous-jacente. Les images TEP peuvent être mises en correspondance avec des informations provenant de l'atlas de Talairach. Par ailleurs, l'identification des 6 sillons principaux du cortex cérébral constitue une étude de faisabilité tout à fait significative. La constitution d'une base de données de

sillons permettra d'adapter les informations de l'atlas de référence à la morphologie du patient. La projection de ces informations sur l'image TEP en sera de meilleure qualité.

La démarche sous-jacente à l'étude décrite ici résulte d'un objectif pragmatique visant à valider les résultats par l'utilisation des logiciels en routine, tout en explicitant les étapes de recalage et de combinaison de données, ainsi que les stratégies fondées sur des connaissances expertes. La conception des applications s'apparente à un processus incrémental d'acquisition et d'opérationnalisation des connaissances. Dès à présent, les résultats obtenus ouvrent de nouvelles voies de recherche. L'utilisation des connaissances peut être envisagée dès la phase de reconstruction de l'image. Il s'agira alors d'une fusion « a priori » des différents signaux à la base de l'image TEP.

La maîtrise de la manipulation des différentes modalités des données permet d'envisager une analyse plus globale et non systématiquement séquentielle. Pour franchir une étape supplémentaire dans la robustesse du processus d'identification des sillons, il est important d'envisager une stratégie dans laquelle les étapes de traitement sont appliquées selon un ordre non prédéfini, adapté à une configuration particulière. Les moyens en sont fournis par la mise au point de deux méthodes complémentaires : méthode heuristique et méthode stochastique.

De nombreux aspects sont encore à approfondir pour aider à la compréhension de l'activité cérébrale. Pour y parvenir, un large spectre d'experts devra intervenir dans la conception globale du système. La prise en compte de toute la chaîne des traitements, aussi bien matériels, logiciels ou cognitifs, est nécessaire pour effectuer les fusions d'informations, là où elles sont les plus efficaces.

Remerciements : Le travail présenté dans cet article a été réalisé dans le cadre du Pôle Traitement et Analyse d'Images de Caen.

BIBLIOGRAPHIE

- [1] J. HANAWAY, W.R. SCOTT, C.M. STROTHER, « Atlas of the human brain and the orbit for computed tomograph », *Ed. Warren H. Green Inc.*, St Louis, 1980.
- [2] H.J. KRETSCHMANN, W. WEINRICH, « Neuroanatomy and cranial computed tomography », *Ed. Georg Thieme Verlag*, Stuttgart, 1986.
- [3] J. TALAIRACH, P. TOURNOUX, « Co-Planar stereotaxic atlas of the human brain », *Ed. Thieme*, New York, 1988.
- [4] T. MATSUI, A. HIRANO, « An atlas of the human brain for computerized tomography », *Ed. Gustav Fischer Verlag*, Stuttgart, 1978.
- [5] M. JOLIOT, « Traitement du signal de résonance magnétique nucléaire in vivo », *Thèse de l'Université de Paris-Sud Centre d'Orsay*, 1992, p. 134.
- [6] H. STEINMETZ, G. FÜRST, H.J. FREUND, « Cerebral cortical localization : Application and validation of the proportional grid system in MR Imaging », *J. Comput. Assist. Tomogr.*, Vol. 13, 1989, pp. 10-19.
- [7] P.T. FOX, J.S. PERLMUTTER, M.E. RAICHEL, « A stereotaxic method of anatomical localization for positron emission tomography », *J. Comput. Assist. Tomogr.*, Vol. 9, 1985, pp. 141-153.
- [8] C.A. EVANS, C. BELL, S. MARETT, C.J. THOMPSON, A. HAKIM, « Anatomical-Functional correlation using an adjustable MRI-based region of interest atlas with positron emission tomography », *J. Cereb. Blood Flow Meta.*, Vol. 8, 1988, pp. 513-530.

- [9] C.C. MELTZER, R. N. BRYAN, H.H. HOLCOMB, A.W. KIMBALL, H.S. MAYBERG, S. SADZOT, J.P. LEAL, H.N. WAGNER JR, J.J. FROST, « Anatomical localization for PET using MR imaging », *J. Comput. Assist. Tomogr.*, Vol. 14, 1990, pp. 418-426.
- [10] D. MARR, « Vision : A computational investigation into the human representation and processing of visual information », *W.H. Freeman and Co*, San Francisco, 1982.
- [11] M. REVENU, « Conception d'un atelier logiciel d'intégration de connaissances en traitement et interprétation d'images : un Guide Méthodologique », *Mémoire d'Habilitation à Diriger des Recherches*, Université de Caen, 1994.
- [12] I. BLOCH, « Information combination operators for data fusion : a comparative review with classification », *Rapport interne 94 D 013*, ENST, Paris, 1994.
- [13] P. ALLAIN, J.M. TRAVÈRE, D. BLOYET, J.C. BARON, M. DESVIGNES, « Entirely automatic 3D MRI analysis as a step in multimodal processing », *14th IEEE EMBS*, Paris, 1992, pp. 947-949
- [14] P. ALLAIN, « Imagerie par résonance magnétique du cerveau : analyse automatique tridimensionnelle et segmentation; Application au traitement de données en tomographie par émission de positons », *Thèse de l'Université de Caen*, 1993, pp. 124-130.
- [15] P. ALLAIN, J.M. TRAVÈRE, J.C. BARON, D. BLOYET, « Multimodality : 3D MRI analysis as a primary tool for PET Acquisition referenced to an anatomical data base », *3D Advanced Image Processing in Medicine, 14th IEEE EMBS*, Rennes, 1992, pp. 201-203.
- [16] A.C. EVANS, S. MARRETT, J. TORRESCORZO, S. KU, L. COLLINS, « MRI-PET correlation in three dimensions using a volume-of-interest (VOI) atlas », *Journal of cerebral blood flow and metabolism*, Vol. 11, 1991, pp. A69-A78.
- [17] R. BAJCSY, S. KOVACIK, « Multiresolution elastic matching », *Computer vision, graphics and image processing*, Vol. 46, 1989, pp. 1-21.
- [18] J.C. GEE, M. REIVICH, R. BAJCSY, « Elastically deforming 3D atlas to match anatomical brain images », *J. Comp. Assist. Tomogr.*, Vol. 17, N°2, 1993, pp. 225-236.
- [19] H.M. DUVERNOY, E.A. CABANIS, M.T. IBA-ZIZEN, J. TAMRAZ, J. GUYOT, « Le cerveau humain : Surfaces, coupes sériées 3D et IRM », *Springer Verlag France*, 1992.
- [20] M. ONO, S. KUBIK, C.D. ABERNATHEY, « Atlas of the cerebral Sulci », *Georg Thieme Verlag*, 1990.
- [21] M. DESVIGNES, H. FAWAL, M. REVENU, D. BLOYET, P. ALLAIN, J.M. TRAVÈRE, J.C. BARON, « Reconnaissance du sillon latéral sur image RMN 3D », *RFIA*, Paris, 1994, pp. 685-690.
- [22] N. ROYACKKERS, H. FAWAL, M. DESVIGNES, M. REVENU, J.M. TRAVÈRE, « Feature extraction for cortical sulci identification », *9th SCIA*, 1995, pp. 1147-1154.
- [23] D.H. BALLARD, C.M. BRAUN, « Computer Vision », *Prentice Hall*, 1982.
- [24] R.A. HUMMEL, S. W. ZUCKER, « On the fondations of relaxation labeling processes », *IEEE PAMI*, Vol. 5, N°1, 1983.

Manuscrit reçu le 18 Mai 1994.

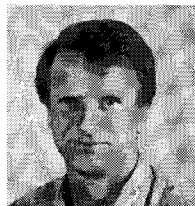
LES AUTEURS

Marinette REVENU



Marinette Revenu est ingénieur de l'ENSI de Caen et docteur en Informatique de l'Université de Paris VI. Actuellement Professeur à l'ISMRA, elle est responsable de la filière Génie Informatique et de l'Équipe Image du GREYC (Groupe de Recherche en Informatique, Image et Instrumentation de Caen). La modélisation des connaissances utilisées en traitement et interprétation d'images, ainsi que leur validation dans des applications effectives font l'objet de son travail de recherche.

Daniel BLOYET



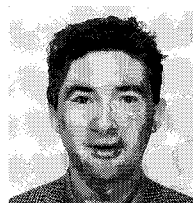
Daniel Bloyet est Professeur d'électronique à l'ISMRA. Il a, jusqu'en 1979, travaillé dans les domaines de la physique et de l'instrumentation aux très basses températures à l'Université PARIS XI. Il dirige actuellement à Caen le GREYC (URA 1526) et s'intéresse aux systèmes à très faible niveau de bruit ainsi qu'à la détection et aux traitements de bas niveau en analyse d'images.

Michel DESVIGNES



Michel Desvignes est ingénieur de l'ISMRA. Il a obtenu son doctorat de l'Université de Caen en 1990. Sa thèse portait sur l'étude de l'influence du contexte dans l'interprétation d'une séquence d'images. Il est actuellement Maître de Conférences. Ses activités de recherche portent sur le traitement et l'interprétation d'images 3D, en particulier dans le domaine de l'imagerie cérébrale.

Pascal ALLAIN



Après une formation en EEA à l'Université de Caen, Pascal Allain a obtenu son doctorat de l'Université de Caen en 1993. Son travail porte sur la segmentation 3D du cerveau observé par résonance magnétique.

Jean-Marcel TRAVÈRE



Jean-Marcel Travère est ingénieur de l'ENSI de Caen (promotion 1984). Il a effectué une thèse de Docteur Ingénieur au Service Hospitalier Frédéric Joliot, traitant des problèmes de quantification automatique des images cardiaques obtenues par tomographie à émission de positons. En 1987, il est recruté par le Commissariat à l'énergie Atomique pour prendre en charge la partie Instrumentation du cyclotron biomédical de Caen (CYCERON). Il est actuellement responsable du groupe « Informatique et Imagerie » du Centre de Recherche CYCERON.