

INSTITUT POLYTECHNIQUE DE PARIS
TÉLÉCOM PARIS

PROJET - INTRODUCTION AU TRAITEMENT DES IMAGES

Images 3D et 3D+t : segmentation d'IRM du cœur

Augusto DE MELO COSTA

Nour GHAMGUI

Encadré par : Loic Le Folgoc

Palaiseau, France

Table des matières

1	Introduction	1
2	Objectifs	1
3	Travail effectué	1
3.1	Pré-Traitement	2
3.2	Détection du point Seed	2
3.2.1	Carte de Mouvement - <i>Movement Map</i>	3
3.2.2	Détection des contours avec Canny	3
3.2.3	Transformée circulaire de Hough	3
3.2.4	Sélection du meilleur point seed	3
3.3	Segmentation du Ventricule Gauche	4
3.3.1	Croissance de Région	4
3.3.2	Enveloppe Convexe	5
3.3.3	Dice Score	6
3.3.4	Active Contour / Snake	6
4	Résultats	8
4.1	Détection du <i>Seed Point</i>	8
4.2	Segmentation	9
5	Conclusion	12
6	Références	13

1 Introduction

Dans le vaste domaine du traitement d'images, un large éventail de méthodes a été développé afin de résoudre des problèmes complexes allant de la restauration d'images dégradées à l'analyse d'images médicales de haute précision. Avec l'évolution constante des techniques d'acquisition et de calcul, l'imagerie médicale occupe aujourd'hui une place centrale, car elle permet de visualiser de manière non invasive les structures internes du corps humain. Parmi les tâches les plus essentielles se trouve la segmentation automatique, qui consiste à identifier et délimiter des tissus, organes ou anomalies sans intervention humaine directe. Cette automatisation revêt une importance particulière en cardiologie, où l'analyse précise du ventricule gauche est indispensable pour évaluer la fonction cardiaque, diagnostiquer des pathologies et suivre l'évolution des patients.

Dans ce contexte là , notre projet propose une méthode de segmentation de ventricule gauche qui permet d'extraire des informations cliniques cruciales tout en réduisant le temps d'analyse et le risque d'erreur humaine.

2 Objectifs

Ce travail vise à développer un algorithme capable de segmenter automatiquement le ventricule gauche du coeur en partant des images de résonance magnétique (IRM), qui sont des images à 3D+t. L'enjeu est de délimiter avec précision cette structure cardiaque au fil du temps, afin d'en faciliter l'analyse clinique. Le travail consiste également à optimiser la méthode de segmentation et à l'adapter aux variations anatomiques d'un patient à l'autre, dans le but d'obtenir un outil robuste, fiable et applicable à différents cas cliniques.

3 Travail effectué

Le projet est composé de deux étapes principales. D'une part, la détection du point de départ de la segmentation (seed point), et d'autre part, la mise en œuvre du processus de segmentation accompagné de son optimisation. Avant d'aborder ces deux phases, un prétraitement des images a été réalisé afin d'améliorer la qualité des données et de faciliter les étapes suivantes.

3.1 Pré-Traitement

Deux types de prétraitements ont été appliqués, chacun correspondant à une étape spécifique du projet. Pour l'estimation du point seed, nous avons d'abord réalisé une normalisation Min-Max des images afin d'homogénéiser les intensités et de faciliter leur analyse. Nous avons ensuite appliqué l'algorithme CLAHE (Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization), qui augmente le contraste de manière locale, et donc met clairement en évidence les zones lumineuses du sang même lorsque l'image est peu contrastée. Enfin, un filtrage passe-bas a été effectué afin de réduire le bruit résiduel et de lisser les images, contribuant ainsi à une détection plus stable et plus robuste du point de départ.

Une fois la première partie est finie et le point seed est connu, nous repartons de l'image originale et nous appliquons aussi un léger flou gaussien en premier lieu pour atténuer les hautes fréquences, principalement liées au bruit, tout en préservant au maximum les contours anatomiques. Ensuite, les intensités de l'image sont normalisées selon la normalisation Min-Max robuste.

Ainsi l'image normalisée sera donnée par :

$$I_{norm} = \frac{I_{clip} - p_1}{p_{99} - p_1} \quad (1)$$

Où p_1 e p_{99} sont les intensités correspondant au premier et au 99ème percentiles de l'image filtrée et I_{clip} est l'image bornée par l'intervalle $[p_1, p_{99}]$ et pour la segmentation, nous avons choisi de faire le changementt de contraste par la correction γ pour ajuster la luminosité, ce qui souligne de façon plus efficace le sang et laisse les contours du muscle cardiaque plus sombres sans amplifier le bruit offrant ainsi une image plus stable et mieux adaptée au processus de segmentation.

Il faut le dire que le facteur γ doit être adaptatif, car un même γ peut être le bon pour un patient, mais mauvais pour un autre. Dans ce contexte, on force l'intensité moyenne du coeur a devenir 0.35. Plus specifiquement, si la médiane d'intensité de l'image est de $Med_{actuelle}$ on veut :

$$0.35 = Med_{actuelle}^{\gamma} \rightarrow \gamma = \frac{\ln(0.35)}{\ln(Med_{actuelle})} \quad (2)$$

3.2 Détection du point Seed

Étant fini l'étape de pré-traitement des images du jeu de données, l'approche adoptée pour déterminer le point de départ de la segmentation repose sur la détection de structures circulaires dans

l'image, réalisée à l'aide de la transformée de Hough pour les cercles.

3.2.1 Carte de Mouvement - *Movement Map*

Pour renforcer la fiabilité de la détection, l'attention est portée sur les zones du cœur qui se déplacent au cours du cycle cardiaque. Cette mise en évidence est obtenue en soustrayant le dernier frame (systole, contraction maximale) du premier frame (diastole, dilatation maximale). Le résultat est une image mettant en avant les régions les plus mobiles, notamment la zone ventriculaire. En effet, nous obtenons une image de mouvement que souligne la région du cœur (4) :

$$I_{mouv} = |I_{diastole} - I_{systole}| \quad (3)$$

3.2.2 Détection des contours avec Canny

L'algorithme de Canny est utilisé pour extraire les contours présents dans l'image prétraitée. Ces contours représentent les limites des différentes structures anatomiques et constituent une base fiable pour détecter les formes circulaires correspondant au ventricule gauche. Cela nous permet d'augmenter la visibilité des bords pour appliquer l'algorithme de détection de bords de Canny (figure 4).

3.2.3 Transformée circulaire de Hough

Les contours détectés sont ensuite analysés via la transformée de Hough, qui permet de repérer les formes circulaires dans l'image. Plusieurs candidats circulaires sont ainsi identifiés, et les 10 meilleurs sont conservés pour l'étape de sélection du point seed.

3.2.4 Sélection du meilleur point seed

Chaque candidat est évalué selon deux critères :

- **Intensité du pixel** : les zones trop sombres sont fortement pénalisées, car le ventricule gauche apparaît lumineux dans les images IRM.
- **Proximité du centre de l'image** : le ventricule gauche se trouve généralement proche du centre de la coupe

Un score final pondéré combine ces deux critères afin de choisir le candidat optimal comme point seed initial, garantissant ainsi une localisation précise.

Si aucun des candidats ne satisfait les critères de sélection, le centre de l'image est utilisé comme point seed par défaut, avec un rayon prédéfini.

3.3 Segmentation du Ventricule Gauche

Une fois l'algorithme capable d'identifier de manière fiable un point de départ pour la segmentation du ventricule gauche, l'étape suivante consiste à réaliser la segmentation proprement dite. Pour ce faire, une approche guidée par la croissance de région (region growing) est adoptée

3.3.1 Croissance de Région

En général, les algorithmes de croissance de région reposent sur le regroupement de pixels présentant des caractéristiques similaires, le plus souvent définies à l'aide d'un seuil. Dans notre cas, l'hypothèse retenue est que les pixels appartenant à une même région présentent des intensités proches. Plus précisément, deux pixels dont la différence d'intensité dépasse un seuil donné sont considérés comme appartenant à des régions différentes ; dans le cas contraire, ils sont intégrés dans la même zone.

Comme un unique point de départ — ou seed point — a été identifié, une seule région doit être segmentée dans chaque image.

Afin de rendre cette approche suffisamment robuste pour l'ensemble des patients, l'utilisation d'un seuil fixe n'est pas adaptée. Le seuil doit être déterminé de manière automatique et propre à chaque patient. Pour cela, un algorithme explorant plusieurs valeurs de seuil est proposé : la tranche centrale de chaque séquence est segmentée successivement pour des seuils variant de 0 (seuil très strict) à 0.5 (seuil plus permissif).

Les régions obtenues à chaque itération sont ensuite comparées. Dès qu'une région dépasse de plus de 5 écarts types la taille moyenne des régions obtenues aux itérations précédentes, on considère que la croissance a débordé au-delà du ventricule gauche. Le seuil optimal est alors fixé à la dernière valeur ayant produit une segmentation cohérente. La figure 1 illustre ce fonctionnement.

Les résultats obtenus sont globalement satisfaisants, mais présentent encore certaines limites : des « trous » apparaissent dans la région segmentée, correspondant aux trabécules non intégrées, et les contours restent relativement irréguliers. Pour pallier ces problèmes, une étape de post-traitement basée sur un outil de morphologie mathématique est ajoutée : l'application d'une enveloppe convexe

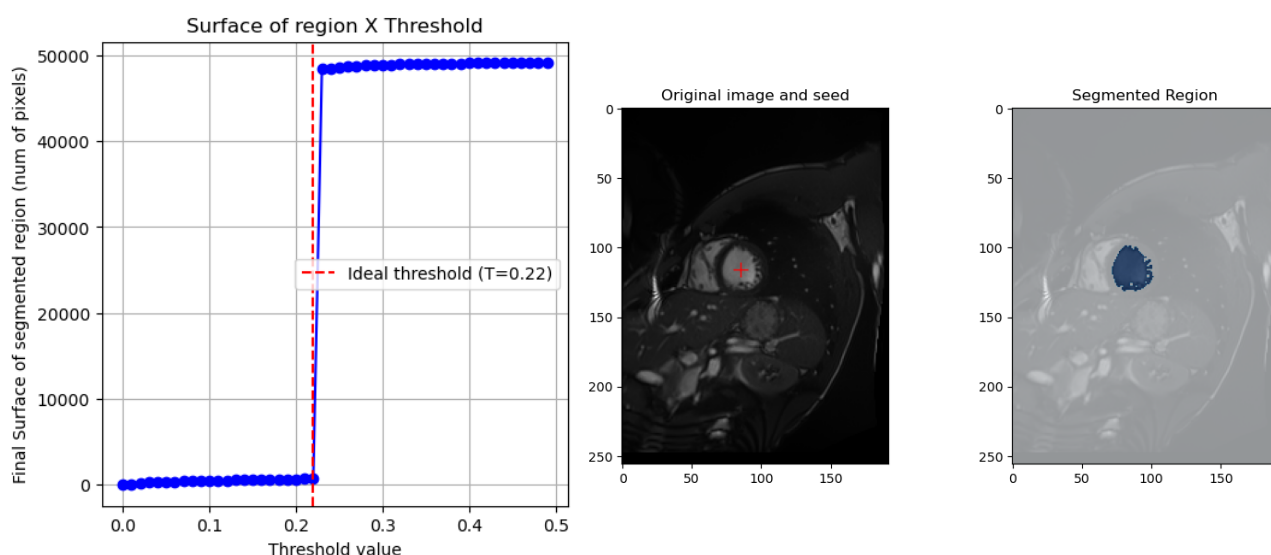


FIGURE 1 – Gauche : Résultat du seuillage. Droite : Segmentation obtenue.

(*convex hull*), permettant d'homogénéiser la région et d'adoucir les contours.

3.3.2 Enveloppe Convexe

Le choix du enveloppe convexe est dû au besoin de régulariser la segmentation pour remplir le trous dedans le ventricule gauche bien que la devenir plus similaire à un cercle, puisqu'on suppose que la structure du ventricule est elle même circulaire. Autrement dit, on ajoute une connaissance a priori sur l'anatomie du problème en analyse.

Mathématiquement parlant, l'enveloppe convexe d'un ensemble est le plus petit ensemble convexe qui contient l'ensemble d'origine. Cela nous permet de combler les « creux » situés sur le bord et également inclure les trabécules et muscles papillaires. Ainsi on obtient une figure similaire à la figure 2.

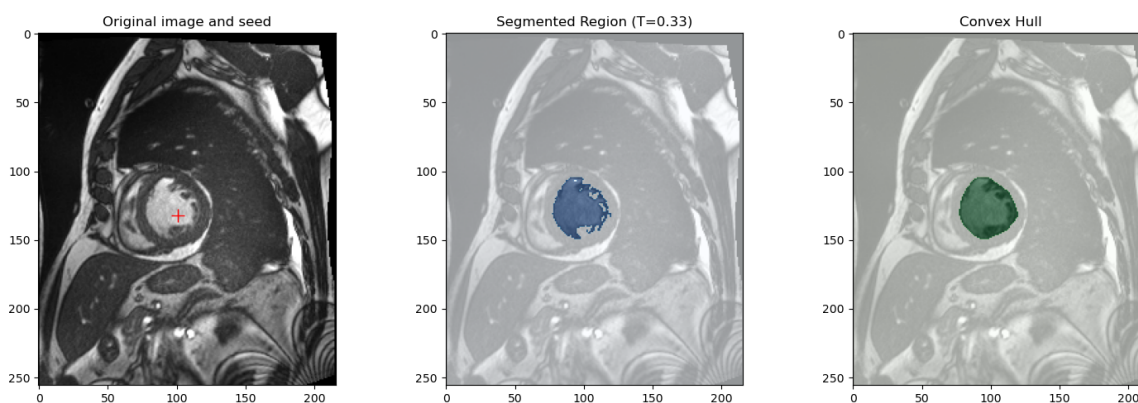


FIGURE 2 – Comparaison entre la segmentation naïve et après le passage d'un filtre type Enveloppe Convexe.

Comme espéré, l'opération d'enveloppe convexe transforme un polygone concave en un polygone convexe en fermant les concavités.

3.3.3 Dice Score

Maintenant que la segmentation a été établie, on peut discuter sur les paramètres de performance, ou autrement dit, si notre algorithme est assez précis pour segmenter les images. On va donc comparer avec la vérité terrain dans le jeu de données.

D'abord, une notion intuitive a propôs de la qualité de la segmentation peut être si il y a intersection significative entre le masque segmentée par notre approche et la masque correspondant à la vérité terrain. Ainsi, on utilise le Dice Score, la métrique la plus utilisée dans le contexte d'imagerie médicale du a sa ressemblance avec le F1 Score. Le Dice Score est express par :

$$s = 2 \frac{|X \cap Y|}{|X| + |Y|} \quad (4)$$

Où X est l'image segmentée par notre méthode et Y l'image de la vérité terrain. Observez de l'équation 4 que $0 \leq s \leq 1$. En effet dans le meilleur cas on a $X = Y$ (segmentation parfaite) et donc $s = 1$. Par contre, si l'intersection est vide (pire cas), on a $s = 0$.

Comme un rémarque, il faut dire qu'il y a aussi d'autres paramètres qui mésurent la qualité de la segmentation, par exemple *Intersection over Union*(IoU), donné par équation 5. Dans ce projet, on préfère plutôt le Dice Score car il privilegie les succès, alors que IoU penalize plus severement les erreurs commises. Cela implique que, en prennant une même segmentation, le Dice Score peut être un estimateur plus optimiste que IoU. Ainsi, ils ne sont pas tout à fait équivalents, mais on peut obtenir l'un de l'autre.

$$IoU = \frac{|X \cap Y|}{|X \cup Y|} \quad (5)$$

3.3.4 Active Contour / Snake

Finalement, il est nécessaire de propager la segmentation trouvée pour une tranche à l'ensemble des autres tranches afin d'obtenir la segmentation 3D d'un frame. On considère que les tranches voisines présentent des segmentations très similaires, malgré de légères variations anatomiques. Le point de départ est la tranche centrale, qui offre généralement la meilleure visibilité du ventricule

gauche. Cependant, le défi consiste à segmenter les tranches plus éloignées du milieu, notamment les tranches de la base et du sommet, qui sont souvent plus sombres et rendent la détection du ventricule plus difficile.

De plus, l'algorithme se propage dans deux directions : du milieu vers la base et du milieu vers le sommet. Pour transférer la segmentation de la tranche centrale, celle-ci est projetée sur les tranches adjacentes non encore segmentées. Malgré la similarité entre ces tranches, la correspondance n'est pas parfaite. Il est donc nécessaire d'ajuster les contours à l'aide d'un *snake* (contour actif), afin d'adapter précisément la forme du masque à la tranche en cours d'analyse. Il est pertinent d'expliquer brièvement le rôle du *snake*.

En général, un *snake* cherche un contour $v(s)$ minimisant l'énergie totale dans l'image. Cette énergie est composée d'une énergie interne E_{int} , liée à la forme de la courbe, et d'une énergie externe E_{ext} , liée aux caractéristiques de l'image. L'objectif est de minimiser l'expression (6) :

$$E_{snake} = \int_0^1 (E_{int}(v(s)) + E_{ext}(v(s))) ds \quad (6)$$

L'énergie interne, donnée par (7), décrit le comportement géométrique de la courbe et dépend de deux paramètres : α (élasticité) et β (rigidité). Une valeur élevée de α rend la courbe plus contractée, tandis qu'une valeur élevée de β produit une courbe plus lisse.

$$E_{int} = \frac{1}{2} (\alpha |v'(s)|^2 + \beta |v''(s)|^2) \quad (7)$$

Dans ce projet, la préférence va à une courbe capable de s'étirer (faible α) mais résistante aux pliures (fort β).

L'énergie externe, définie par (8), attire la courbe vers les bords du ventricule gauche, puisqu'elle repose sur le gradient de l'image.

$$E_{ext} = -\gamma |\nabla(G_\sigma * I(x, y))|^2 \quad (8)$$

où G_σ est un filtre passe-bas utilisé pour réduire le bruit avant la détection de contours. Le contour optimal est obtenu en résolvant l'équation d'équilibre des forces (équation d'Euler-Lagrange) :

$$\alpha v''(s) - \beta v''''(s) = \nabla E_{ext} \quad (9)$$

Lorsque l'équilibre est atteint, le *snake* cesse de se déplacer : le contour d'énergie minimale est alors trouvé. Dans cette étude, $n = 400$ points de contrôle ont été utilisés, ce qui permet une description fine des contours, au prix d'un temps de calcul plus important.

Cette démarche peut également être appliquée pour propager les segmentations au cours du temps.

*Choix des paramètres α et β

Pour propager efficacement la segmentation dans toutes les tranches (3D) et dans la dimension temporelle, il est essentiel de déterminer des valeurs optimales pour les paramètres d'élasticité α et de rigidité β . Plusieurs combinaisons (α, β) ont été testées et évaluées à l'aide du *Dice score*.

La carte de chaleur présentée en figure 3 montre que la combinaison optimale correspond à un contour peu élastique mais très rigide. Les valeurs retenues sont ainsi $\alpha = 0.1$ et $\beta = 5$ pour l'ensemble des patients.

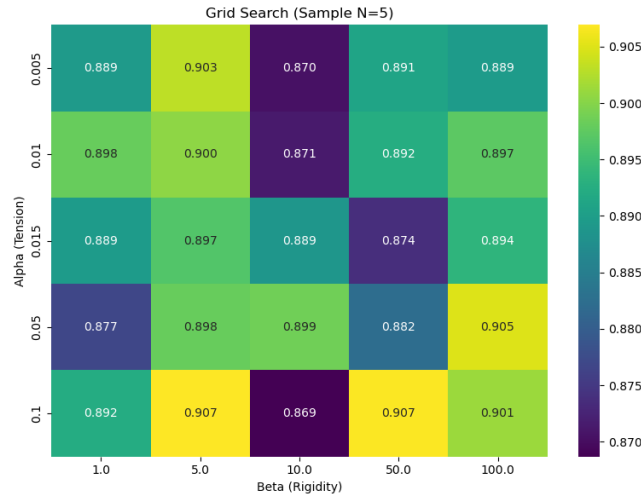


FIGURE 3 – Carte de chaleur utilisée pour déterminer les paramètres optimaux α et β .

4 Résultats

4.1 Détection du *Seed Point*

Comme mentionné dans la section 3, notre stratégie pour trouver le point de départ pour la segmentation était de chercher des structures circulaires (puisque le ventricule gauche est approximativement un cercle) dans l'image en appliquant la Transformée de Hough à l'image correspondant à la différence entre le premier instant et le dernier instant du cycle cardiaque avec un changement de contraste pour souligner les bords du ventricule gauche. Les résultats obtenus peuvent être observés

dans le code fourni avec ce document, l'image (4) est un échantillon des résultats pour un patient :

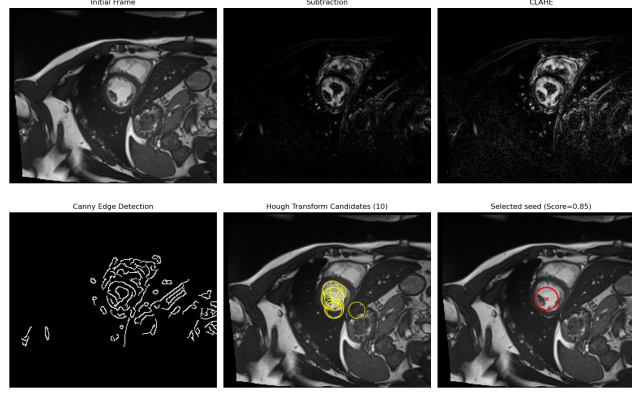


FIGURE 4 – Étapes de la détection du *point seed* pour un patient.

4.2 Segmentation

Pour valider nos expériences, nous avons comparé les segmentations obtenues par notre approche avec le vérité-terrain disponible sur le jeu de données. D’abord, en prenant uniquement la segmentation de la tranche du milieu pour tous les 100 patients sur l’ensemble d’entraînement, nous avons obtenu un **Dice Score** de :

$$s_{moyen}^{milieu} \approx 0.78 \quad (10)$$

En plus, en ce qui concerne la stratégie pour choisir les hyper paramètres α et β , comme montré dans la figure (3), le pair qui retourne le plus élevé dice score moyen est :

$$(\alpha, \beta) = (0.1, 5) \quad (11)$$

Ensuite, on peut faire la propagation 3D de la tranche du milieu pour tous les patients dans l’ensemble d’entraînement, ce qui nous retourne l’histogramme suivant. L’analyse de ceci montre que, globalement, nous avons obtenu de bons résultats pour la segmentation de la tranche du milieu (illustré dans la figure 5), et pour la propagation 3D des tranches centrales (ce qui incontestablement empire le Dice Score) :

$$s_{moyen}^{3D} \approx 0.69 \quad (12)$$

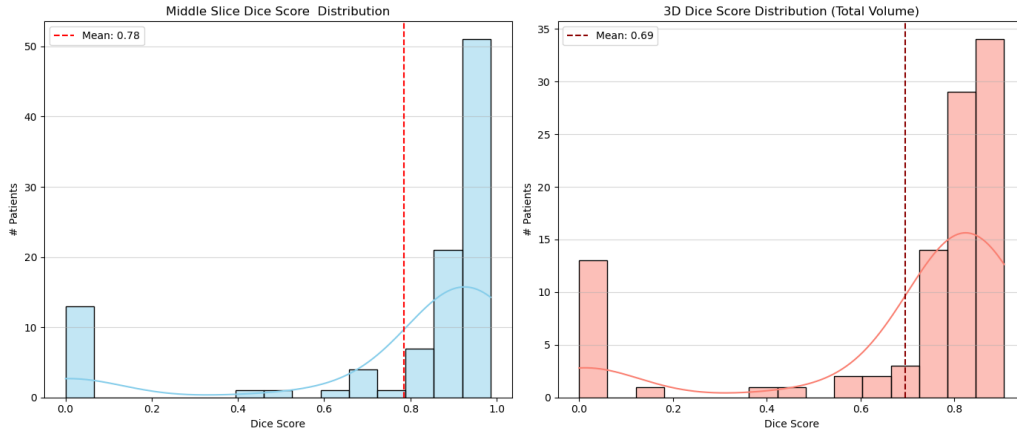


FIGURE 5 – Distributions des Dice Score (dans l'ensemble d'entraînement) pour la tranche du milieu (en bleu) et pour le volume total (en rouge).

En revanche, en ce qui concerne les patients dans l'ensemble de test, nous obtenons l'histogramme suivant (figure 6) et les dices scores :

$$s_{moyen}^{millieu} \approx 0.79 \quad (13)$$

$$s_{moyen}^{3D} \approx 0.68 \quad (14)$$

Ainsi, malgré le choix des paramètres α et β basé uniquement sur cinq patients, l'algorithme de segmentation fournit des résultats significatifs pour des patients qu'il n'a jamais vus.

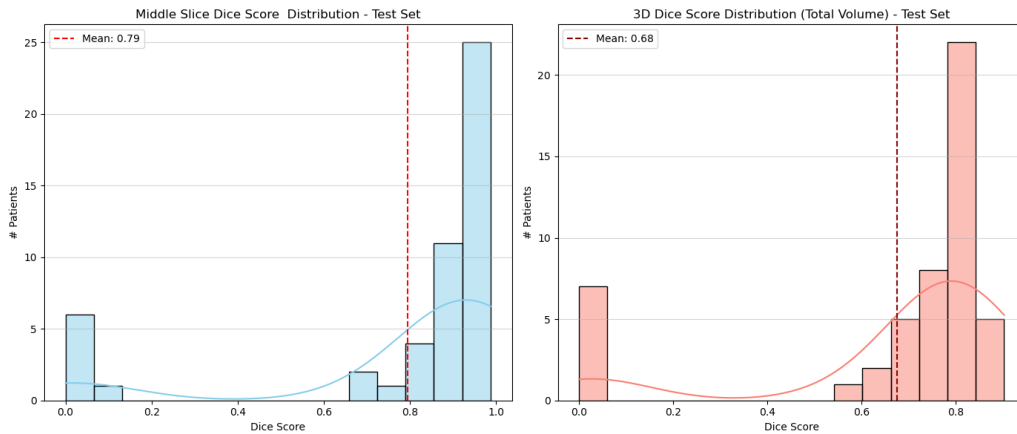


FIGURE 6 – Distributions de Dice Score (dans l'ensemble de test) pour la tranche du milieu (en bleu) et pour le volume total (en rouge).

Cependant, il y a eu quelques images pour lesquelles l'algorithme n'a pas été si performant. Une possible raison pour laquelle cela arrive est que comme la méthode de propagation est itérative, cela implique en une propagation des erreurs commises dès la première tranche analysée . En plus, les

tranches plus extrêmes (basis et Apex) sont plus difficiles pour qu'elles soient analysées.

5 Conclusion

Ce projet nous a offert l'occasion de mettre en place une approche complète pour segmenter automatiquement le ventricule gauche à partir d'IRM cardiaques. En partant d'un prétraitement soigné, puis d'une détection robuste du point seed, nous avons pu construire une méthode de segmentation progressive, capable de s'adapter aux variations anatomiques des différentes tranches. L'utilisation conjointe de la croissance de région, de l'enveloppe convexe et d'un contour actif a permis d'obtenir des résultats cohérents et proches des annotations de référence.

Les performances obtenues montrent que l'approche est efficace sur les tranches centrales et reste globalement fiable lors de la propagation dans le volume 3D, même si certaines limites apparaissent dans les tranches les plus difficiles. Cela souligne à la fois la pertinence de notre pipeline et les défis inhérents à l'imagerie cardiaque.

En somme, ce travail met en avant l'intérêt d'une combinaison de techniques classiques du traitement d'images et d'ajustements adaptés au contexte médical. Il ouvre la voie à plusieurs pistes d'amélioration, telles que l'incorporation d'informations temporelles plus avancées, l'ajustement dynamique des paramètres du snake, ou encore l'intégration de méthodes d'apprentissage profond, mais fournit déjà une solution fonctionnelle, structurée et capable de traiter automatiquement un grand nombre d'images.

6 Références

- [1] Lee, Hae-Yeoun, et al. « Automatic left ventricle segmentation using iterative thresholding and an active contour model with adaptation on short-axis cardiac MRI. » *IEEE Transactions on Bio-medical Engineering* 57.4 (2009) : 905-913.
- [2] Khened, Mahendra, Varghese Alex Kollerathu, and Ganapathy Krishnamurthi. « Fully convolutional multi-scale residual DenseNets for cardiac segmentation and automated cardiac diagnosis using ensemble of classifiers. » *Medical image analysis* 51 (2019) : 21-45.
- [3] [https ://www.creatis.insa-lyon.fr/Challenge/acdc/databases.html](https://www.creatis.insa-lyon.fr/Challenge/acdc/databases.html) - Accès en 01/10/2025.
- [4] Nemirko, P. Anatoli, et al. « Machine Learning Methods Based on Convex Hulls Analysis in Medical Diagnostics Tasks. » *International Multi-Conference on Engineering, Computer and Information Sciences* (2019).
- [5] Kass, M. ; Witkin, A. ; Terzopoulos, D. (1988). « Snakes : Active contour models. » *International Journal of Computer Vision*. 1 (4) : 321
- [6] GONZALEZ, Rafael C. ; WOODS, Richard E. *Digital Image Processing*. 3. ed. Upper Saddle River : Prentice Hall, 2008.
- [7] JAIN, Anil K. *Fundamentals of Digital Image Processing*. Englewood Cliffs : Prentice Hall, 1989.
- [8] O. Bernard, A. Lalande, C. Zotti, F. Cervenansky, et al. « Deep Learning Techniques for Automatic MRI Cardiac Multi-structures Segmentation and Diagnosis : Is the Problem Solved ? » in *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 37, no. 11, pp. 2514-2525, Nov. 2018