

## TP2 – Segmentation d’images TEP par classification spectrale

L’objectif de ce TP est de segmenter des images Tomographie par Emission de Positons (TEP) via une méthode de classification spectrale.

### 1 Principe de l’imagerie TEP

La Tomographie par Emission de Positons (ou TEP) est une technique d’imagerie médicale fonctionnelle quantitative permettant de visualiser les activités du métabolisme. Les données TEP forment une séquence  $3D + t$  qui traduit l’évolution de la radioactivité dans le temps du volume correspondant au champ de vue de l’appareil de mesure.

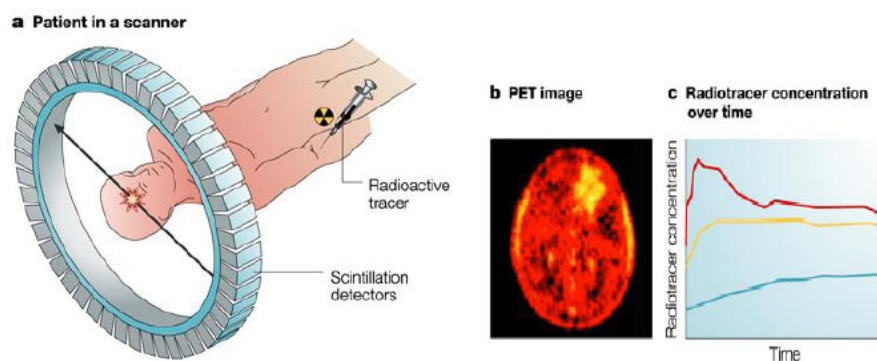


Figure 1: Principe de la TEP : acquisition des données  $3D + t$

Nous nous intéressons, dans ce TP, à la segmentation d’une coupe transverse et sagittale du cerveau, représentée respectivement à gauche et à droite sur la figure 2. Le nombre de classes à retrouver correspond aux différentes couleurs représentées sur la figure 2. Ici, l’information géométrique (position de chaque pixel dans l’image) n’est pas prise en compte.

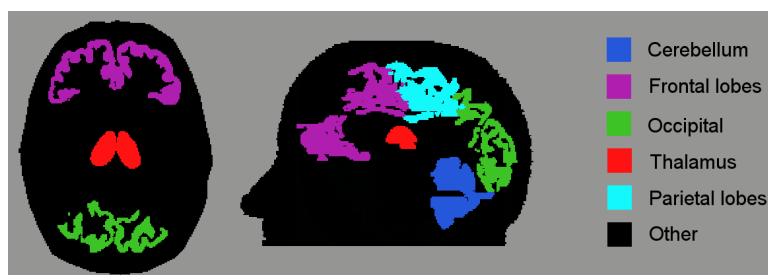


Figure 2: Compartiments du cerveau : vue transverse et sagittale

La segmentation des images TEP repose donc sur une classification de profils temporels très bruités sans disposer de connaissance a priori. Ces profils temporels s'appellent des courbes Temps-Activité (notées TAC pour *Time Activity Curves*). Comme ils traduisent l'évolution de la radioactivité, elles comportent principalement 2 phases : une phase de croissance suivie d'une phase de décroissance. Suivant les tissus, les profils temporels vont présenter différentes amplitudes et des phases de croissance et de décroissance de durées plus ou moins longues.

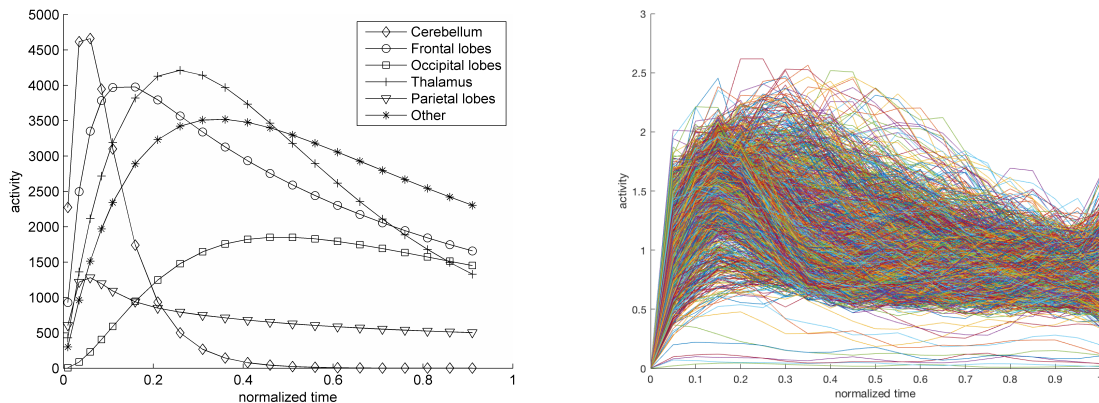


Figure 3: Exemple de simulation de TACs suivant les compartiments cérébraux

La simulation numérique est couramment utilisée dans le domaine du traitement d'image. Elle constitue une aide précieuse pour le développement et l'évaluation de méthodes car elle permet de disposer d'une vérité terrain à laquelle on va comparer les résultats obtenus. Un exemple de simulation de TACs est représenté sur la figure 3. Dans l'imagerie médicale, ces simulations sont généralement effectuées selon la méthode Monte-Carlo, particulièrement adaptées à la physique médicale à cause de la nature stochastique des processus d'émission, de transport et de détection.

## 2 Classification spectrale

Parmi les méthodes récentes de partitionnement non supervisé, les méthodes à noyaux reposent sur le même principe : elles utilisent des relations d'adjacence (d'affinité) entre tous les couples de points sans a priori sur les formes des classes. Nous nous concentrons sur l'algorithme de classification spectrale décrit ci-dessous, très simple à implémenter. La mesure d'affinité utilisée est l'affinité gaussienne qui dépend d'un paramètre noté  $\sigma$ .

On dispose d'un ensemble de données  $S = \{x_i\}_{i=1,\dots,n} \in \mathbb{R}^p$  composé de  $n$  points de dimension  $p$  et d'un nombre de classes, noté  $k$ , à obtenir. La méthode de classification spectrale consiste à extraire les vecteurs propres associés aux plus grandes valeurs propres d'une matrice d'affinité normalisée. Ces vecteurs propres constituent ensuite un espace de dimension réduite dans lequel les données transformées seront linéairement séparables.

**Algorithm 1** Spectral Clustering Algorithm

---

 Input : Ensemble des données  $S$ , Nombre de classes  $k$ , valeur pour  $\sigma$ 


---

1. Construction de la matrice affinité  $A \in \mathbb{R}^{n \times n}$  définie par :

$$A_{ij} = \begin{cases} \exp(-\|x_i - x_j\|^2 / 2\sigma^2) & \text{si } i \neq j, \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

2. Construction de la matrice normalisée  $L = D^{-1/2}AD^{-1/2}$  où  $D$  matrice diagonale définie par :

$$D_{i,i} = \sum_{j=1}^n A_{ij}.$$

3. Construction de la matrice  $X = [x_1 x_2 \dots x_k] \in \mathbb{R}^{n \times k}$  formée à partir des  $k$  plus grands vecteurs propres  $x_i$ ,  $i = \{1, \dots, k\}$  de  $L$ .

4. Construction de la matrice  $Y$  formée en normalisant les lignes de  $X$  :

$$Y_{ij} = \frac{X_{ij}}{\left(\sum_j X_{ij}^2\right)^{1/2}}.$$

5. Traiter chaque ligne de  $Y$  comme un point de  $\mathbb{R}^k$  et les classer en  $k$  clusters via la méthode *K-means*.
  6. Assigner le point original  $x_i$  au cluster  $j$  si et seulement si la ligne  $i$  de la matrice  $Y$  est assignée au cluster  $j$ .
- 

### 3 Travail demandé

- Ecrire la fonction `classification_spectrale` implantant l'algorithme 1. Cette fonction en entrée les données Input de l'algorithme.
- Tester la fonction sur le jeu de données `ToyExample.mat` et tester différentes valeurs de paramètres  $\sigma$ . Les résultats sont-ils similaires ?

On dispose de données temporelles simulées (séquences de 20 instants) d'une coupe transverse et d'une coupe sagittale de taille  $64 \times 54$  (représentées sur la figure 4) que l'on souhaite segmenter sans prendre en compte l'information géométrique. On dispose aussi de la vérité terrain c'est-à-dire de la segmentation de ces coupes avant simulation. Ces matrices sont stockées respectivement dans les fichiers `DataTransverse.mat` et `DataSagittale.mat`.

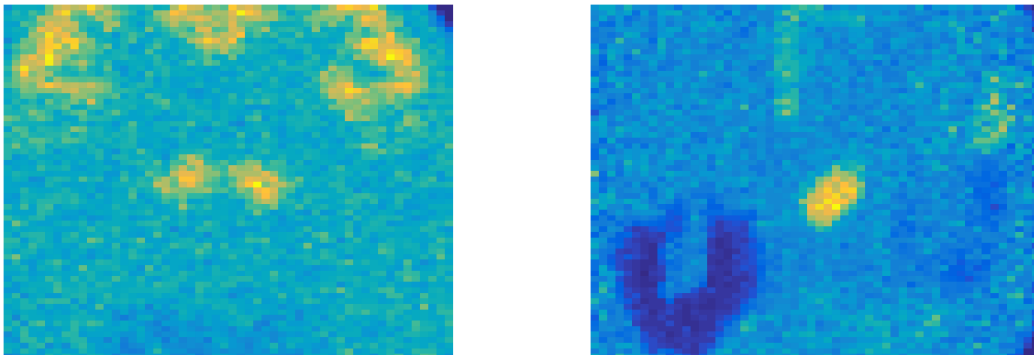


Figure 4: Images de coupes transverse et sagittale simulées à un instant  $t$  de taille  $64 \times 54$

- Utiliser la méthode de classification spectrale sur les profils temporels simulés pour obtenir une segmentation de ces images.

*Remarque :* Transformation d'un tenseur  $64 \times 54 \times 20$  en matrice de profils temporels  $3456 \times 20$

`DataTempsT=reshape(Image_DataT,64*54,20);`

- En utilisant la vérité terrain des coupes (respectivement les matrices `Image_ROI_S`, `Image_ROI_T`), analyser vos résultats et améliorer les.