

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

Titouan Duhazé

Aymane Hamdaoui

Ce papier est un rapport de notre projet. Un notebook est mis à votre disposition. Il contient les principales fonctions ainsi que des exemples d'utilisation.

1 Sujet

1.1 Compréhension du sujet

Certaines pathologies à l'origine d'insuffisance cardiaque entraînent un remodelage du cœur. Cela est dû à une réponse du myocarde aux différentes agressions intervenant au cours de ces syndromes. Un point important lors d'un diagnostic assisté par ordinateur est donc la segmentation de l'anatomie cardiaque afin de simplifier l'analyse de la structure du cœur. Dans le cas de notre projet, nous étudierons les IRMs de patient porteur de différentes pathologies cardiaques :

- Infarctus du myocarde (MINF) : Dommages au cœur dus à un manque prolongé d'oxygène, entraînant une contraction anormale et une faible fraction d'éjection ($< 40\%$).
- Cardiomyopathie dilatée (DCM) : Dilatation des cavités cardiaques, réduction de la capacité de pompage et faiblesse du muscle cardiaque (ventricule gauche, $> 100 \text{ mL/m}^2$, fraction d'éjection $< 40\%$).
- Cardiomyopathie hypertrophique (HCM) : Épaississement anormal des parois cardiaques $> 15 \text{ mm}$, souvent génétique, avec une fonction de pompage préservée.
- Ventricule droit anormal (RV) : Dysfonctionnement ou dilatation du ventricule droit ($> 110 \text{ mL/m}^2$ ou fraction d'éjection $< 40\%$), associé à des pathologies pulmonaires ou cardiaques.

L'objectif de notre sujet est la segmentation de la cavité du ventricule gauche sur les données IRM de chaque patient.

1.2 Données

Un jeu de données d'IRMs cardiaques nous a été fourni. Chaque IRM est une vidéo spatiale, c'est-à-dire une séquence d'images espacées dans le temps, chacune prise à une coupe (i.e. altitude) différente. En utilisant le module Torchio, chaque jeu de donnée peut se manipuler comme un tableau NumPy

à quatre dimensions. La première est la dimension temporelle, la seconde et la troisième sur les dimensions spatiales x et y , et enfin la dernière est la dimension d'espace z (la coupe). La première complexité du projet était donc la manipulation de ces tableaux. En particulier, l'affichage avec Matplotlib ne se faisait pas avec la même convention que la représentation classique d'un tableau en Numpy. Cela impliquait régulièrement une inversion des valeurs x et y ce qui fausse évidemment les résultats. Pour chaque patient, en plus des images, deux autres fichiers étaient fournis. Tout d'abord les vérités terrains à deux instants différent, c'est-à-dire une image par coupe à l'instant t où le ventricule gauche est détourné. Un fichier "info" contenant des informations sur le patient tel que sa pathologie est aussi à notre disposition. La question quant à l'utilisation d'une supposée pathologie afin de traiter au mieux une image sera adressée par la suite. Afin de faciliter le traitement et la manipulation de ces images, nous avons choisi de travailler en langage python. L'avantage principal est la présence de bibliothèques fonctionnelles qui répondent à notre demande. Les fonctions d'intérêts les implémentations de morphologie mathématiques, ou encore les fonctions de region growing ou de détection de cercle ont été codés par nous-mêmes. Malgré tout, les bibliothèques NumPy, Matplotlib, ou encore Torchio ont été très utiles afin de manipuler correctement nos données et les visualiser. L'inconvénient d'utiliser python est la lenteur de ce dernier. En effet, sur de larges jeux de données comme celui-là où plusieurs étapes de calculs s'effectuent à répétition, le traitement peut être long. Il est évidemment possible d'optimiser le code afin de diminuer au mieux les temps de traitement. Dans notre cas, nous avons estimé qu'il n'était pas forcément nécessaire de s'engager dans une optimisation avancée, car nous sommes sur un traitement non instantané. Malgré tout, l'optimisation de certaines fonctions a été nécessaire comme nous le décrirons les parties qui suivront.

2 État de l'art et méthodologie

La segmentation du ventricule gauche se fait en plusieurs étapes. Une première étape consiste en la détection d'un seed point initial sur la coupe du milieu qui devra être placé sur le ventricule gauche et si possible en son centre pour permettre de meilleurs résultats par la suite. Une première

étape de region growing sera ensuite appliqué depuis ce seed point afin de segmenter le ventricule gauche pour la coupe du milieu. Cette première segmentation nous permet alors de trouver, grâce à un calcul de barycentre qu'on spécifiera après, les seeds points de la coupe au-dessus et en dessous de celle du milieu pour en suite réappliquer l'algorithme de region growing et ainsi de suite.

Cette méthode s'inspire de la méthode proposée dans le papier [Lee+10] à quelques différences près. Nous verrons les différentes parties de cette méthode plus en détail dans les parties suivante.

D'autres méthodes sont présentées dans le papier de Mahendra Khened [KKK18] tel qu'une analyse de l'image par transformée de Fourier. Le papier mentionne que l'analyse par transformée de Fourier est tout à fait équivalente à l'approche proposée dans le premier document, c'est-à-dire l'utilisation d'une transformée de Hough sur une image contenant l'ensemble de l'information temporelle à une coupe précise (pour cela, nous faisons la différence de deux images à deux instants différents). Cette transformation sera détaillée par la suite. Nous allons donc voir les quelques méthodes que nous avons essayées qui diffèrent des papiers et la raison derrière nos changements de méthodes.

Dans ce qui suit, nous nous attarderons sur les différentes méthodes liées d'une quelconque façon à notre projet que nous avons pu rencontrer. Autrement dit, nous nous intéressons aux méthodes que nous avons rencontrées afin de filtrer, segmenter ou traiter l'image et ses attributs.

2.1 Propagation du seed point

Comme expliqué précédemment, le choix du seed point est crucial afin de s'assurer que l'algorithme de region growing puisse conclure. Une première idée proposée par [Lee+10] est une approche par minimisation d'énergie, i.e. on choisit le pixel de la région précédemment segmentée qui minimise la formule ci-dessous.

$$E(p) = \sqrt{\left(\frac{2\sigma_{\text{prev}}}{w-1} |p_{\text{CoG}} - p|\right)^2 + (I_{\text{new}}(p) - \mu_{\text{prev}})^2}$$

Malheureusement ce choix de pixel ne nous paraissait pas concluant, les seed-points ont tendances à s'excentrer jusqu'à se retrouver en dehors du ventricule. Nous avons donc décidé de choisir les seed-points comme étant les barycentres de chaque région segmentée dans la coupe n-1. Cette méthode a été beaucoup plus concluante. La formule du barycentre avec I l'intensité :

$$x_{\text{barycentre}} = \frac{\sum_{i=1}^N I_i \cdot x_i}{\sum_{i=1}^N I_i}, \quad y_{\text{barycentre}} = \frac{\sum_{i=1}^N I_i \cdot y_i}{\sum_{i=1}^N I_i}$$

2.2 Filtrage

Plusieurs Filtrages sont nécessaires aux cours des différentes étapes de la segmentation. Tout d'abord, nous avons choisi de filtrer l'image avec un filtre dit "bilatéral" avant de calculer le barycentre de l'image ainsi qu'au moment des calculs de la transformée de Hough pour trouver le seed point initial. Ce pré-traitement a été le meilleur de ceux que nous avons essayés, car il conserve les contours tout en ayant un effet sur notre ventricule comparable à l'effet d'un noyau gaussien (on obtient une région lissée à l'intérieur qui facilite donc le travail). Nous avons aussi envisagé d'utiliser un filtrage médian, car le bruit nous paraissait de type impulsionnel. Cependant, contrairement au filtre médian qui peut introduire des discontinuités, le filtre bilinéaire conserve des transitions plus naturelles dans les zones dans lesquelles l'intensité change graduellement.

2.3 Segmentation

Afin de segmenter au mieux le ventricule gauche, nous avons, comme dit précédemment, placé dans un premier temps le seed point, puis nous avons appliqué un algorithme de region growing. Nous avons fait différents tests. Pour chaque pixel, il est possible de considérer ses huit pixels voisins ou alors seulement les quatre voisins directement dans notre implémentation. Des résultats mitigés ont été obtenus. Malgré tout nous avons gardé l'approche à quatre voisins qui nous donne un résultat moyen meilleur. À noter que nous aborderons la méthode de quantification des résultats en partie 5.

D'autres méthodes de segmentation étaient envisageables. En particulier, une méthode utilisant le "normalized GVF snake model" nous a paru pertinente. Cette méthode est illustrée dans le papier *Segmentation of Brain MRI Image with GVF Snake Model* de Wang Guoqiang, Wang Dongxue [GD10]. Cette approche semblait être robuste aux bruits et pouvoir capturer des contours complexes. De plus, elle semble être très bien adaptée au traitement d'images biomédicales comme l'illustre [GD10]. Cela dit, nous voulions privilégier une méthode proche de notre cours. Pour cela, nous avons mis de côté cette méthode.

3 Détections des Seeds Points

Une partie importante de notre projet est le calcul des seeds points pour chaque coupe d'un patient, cela se fait en plusieurs étapes.

3.1 Le seed point initial

Afin de calculer le seed point, nous avons tout d'abord suivi la méthode proposée dans le papier [Lee+10] :

- Faire une différence en valeur absolue de la coupe du milieu à l'instant de maximum (systole) et de minimum (diastole) de contraction du myocarde.
- Appliquer un filtre bilinéaire sur l'image, puis l'algorithme de Canny afin d'obtenir un nuage de points.
- Faire une transformation de Hough sur le nuage de points obtenue afin de retourner le centre du cercle que nous interprétons comme le seed point initial.

Cette méthode n'était pas concluante, sur 100 patients d'entraînement, seulement 72 avaient leurs seeds points initiaux à l'intérieur du ventricule gauche (figure 1). En effet, le principal problème de cette méthode est le poids trop important accordé à la coupe du milieu qui n'est pas toujours la coupe avec le meilleur rendu après Canny. Le placement du premier seed point est crucial et il ne faut donc pas dépendre uniquement de cette coupe.

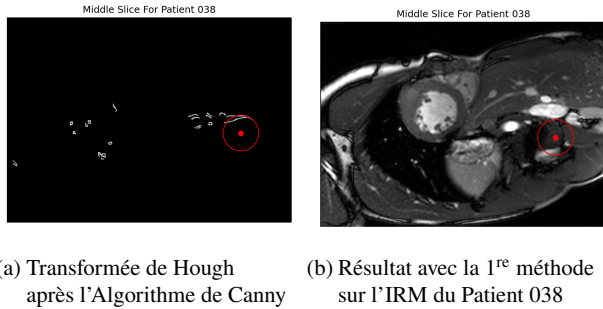


FIGURE 1 – Transformée de Hough après l'Algorithme de Canny sur le patient 038.

Nous avons décidé d'appliquer cette méthode sur chacune des coupes des patients pour enfin faire une médiane avec les points obtenus. Notre première idée était d'utiliser la moyenne, mais nous avons vite abandonné cette idée. La moyenne est trop sensible aux grosses variations lorsque nous possédons peu de coupes, i.e. si un point est trop excentré et que nous n'avons que 6-7 coupes, notre seed point sera écarté. La médiane quant à elle n'a pas ce problème, le point que nous récupérons est celui qui a le plus de chance d'être dans la région voulue et n'est pas influencé par des erreurs ponctuelles. Cela nous a permis de passer à 90% de seeds points initiaux bien placés.

Une réflexion hasardeuse nous a alors poussé à ne pas utiliser la transformée de Hough mais seulement un simple calcul de barycentre sur la coupe du milieu. Nous remarquons que sur les images de différences absolues, qui sont des images en niveau de gris, les pixels du myocarde et du ventricule gauches étaient très fréquemment les plus lumi-

neux. En appliquant donc un simple calcul du barycentre, nous pensions nous rapprocher de ces centres. Les résultats ont été meilleurs que ceux attendus, 98% de seeds points bien placés. En voulant voir les limites de cette méthode, nous avons alors fait le même test sur les 50 patients du jeu de test, et nous avons obtenu une réussite de 100%.

Malgré tout, nous trouvions que cette méthode comportait trop de risque et possiblement peu robuste. Dans un autre jeu de donnée, avec possiblement des niveaux de gris fondamentalement différents (ce qui est peu envisageable en réalité), nous n'obtiendrions pas les mêmes résultats. Nous avons donc cherché à la rendre plus robuste avec l'approche suivante.

L'idée, cette fois-ci, était d'utiliser le barycentre comme une estimation de la position du ventricule gauche. Par la suite, nous prenions une zone d'intérêt nommée ROI (region of interest) qui est en réalité une simple fenêtre autour de ce point. Nous appliquions alors Canny puis Hough sur cette fenêtre et non sur toute l'image. Cette technique nous a permis de gagner en vitesse de calcul de manière considérable. La ROI étant fixe, nous cherchons pour chaque coupe un seed point dans la même zone puis nous faisons encore une fois la médiane de ces points. Cette hypothèse forte selon laquelle la région d'intérêt n'a pas à bouger et que les seeds points seront toujours dedans est acceptable, car une IRM est faite avec des patients peu mobiles. Cela dit, dans certains rares cas où l'on peut supposer un problème d'acquisition, le cœur semble mobile et les résultats en sont impactés négativement (figure 13).

Par la suite, un autre problème majeur est apparu, l'algorithme de Canny n'était pas très concluant et favorisait, lors de la transformée de Hough, les grands rayons (figure 2).

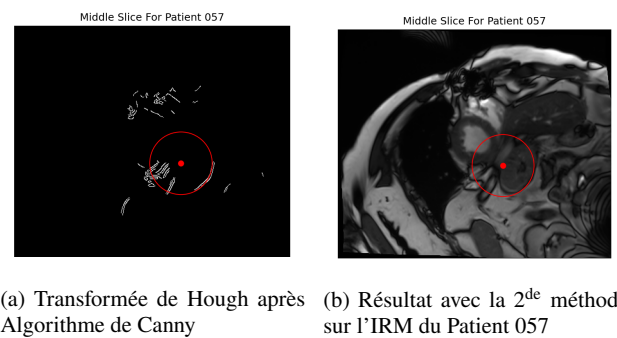
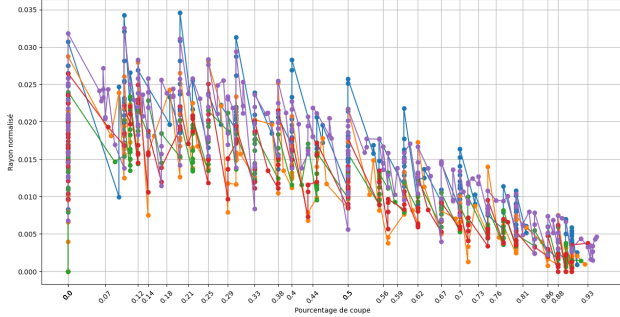


FIGURE 2 – Transformée de Hough après l'Algorithme de Canny sur le patient 57. Le rayon calculé est de 58 pixels.

Pour remédier à ce problème, nous avons tout d'abord décidé de déterminer une tendance sur les rayons par rapport au numéro de coupe. En effet, cela va nous permettre d'obtenir un set de rayon dynamique à tester pour la transformation de Hough en fonction de la coupe étudiée.

Ce set de rayon nous permet un gain de précision et de temps considérable lors du calcul de la transformée (figure 3).



(a) Évolution du rayon normalisé en fonction du pourcentage de coupe

FIGURE 3 – Bleu pour DCM, Violet pour RV, Orange pour HCM, Rouge pour NOR, Vert pour MINF

Cela dit, cette approche n'a pas été tout à fait concluante. Les résultats étaient plus rapides et un peu meilleur, mais cela ne se généralisait pas à tous les cas. Il a donc fallu retravailler la fonction qui appliquait la transformation de Hough.

Très simplement, afin de trouver le cercle défini par le myocarde, nous traçons l'ensemble des cercles pour différents rayons à partir des pixels de notre nuage de points. Lorsque plusieurs cercles de même rayon s'entrecroisent en un point, nous gardons en mémoire cette position et ce rayon avec le nombre de cercles qui s'y croisent. Algorithmiquement, cela revient à utiliser une matrice A à trois dimensions r, x, y et à appliquer la transformation ci-dessous lorsqu'un cercle de rayon r passe par le pixel x, y i.e. $A[r, x, y] += 1$. Enfin, nous choisissons r, x, y tels que ces derniers maximisent la valeur de A . Notre proposition est donc la suivante, impacter la valeur qui sera ajoutée à A avec deux critères, la taille du rayon et la proximité du barycentre initiale. Voilà donc la nouvelle implémentation :

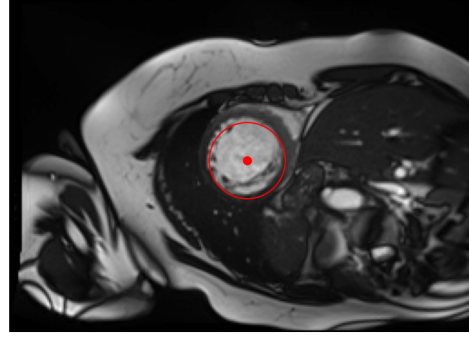
$$A[r, x, y] += \frac{1}{(1 + \frac{r}{2}) \cdot (\sqrt{(x - x_{\text{bar}})^2 + (y - y_{\text{bar}})^2} + 1)}$$

Avec $(x_{\text{bar}}, y_{\text{bar}})$ le barycentre.

Plus le point est éloigné du barycentre, plus il sera discriminé, de même pour les rayons importants.

Cette amélioration de la méthode nous a permis d'obtenir 98% de seeds points bien placés (exemple sur la figure 4). Autrement dit, le résultat est le même qu'avec un simple barycentre, mais nous sommes convaincus qu'il est en réalité plus robuste. En effet, on remarque que le seed point initial a tendance à mieux se positionner au centre de la région (figure 5). Cela dit, pour certains patients (figure 12), les pathologies influencent trop le résultat de la transformée de Hough.

Middle Slice For Patient 012



(a) Résultat sur l'IRM

FIGURE 4 – Résultat avec la méthode finalisée sur l'IRM du Patient 012

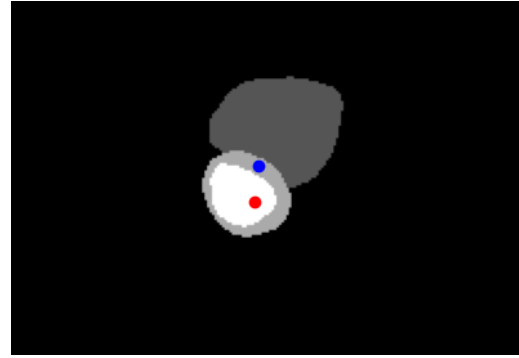


FIGURE 5 – Vérité terrain du patient 086. En bleu le barycentre et en rouge le seed point obtenu avec la dernière méthode.

3.2 Propagation des seeds points

Comme nous l'avons vu précédemment, nous avons utilisé le calcul du barycentre afin de propager les seeds points :

$$\text{seed point coupe } j = \begin{cases} \text{barycentre coupe } j - 1 & \text{si } j > m, \\ \text{barycentre coupe } j + 1 & \text{si } j < m, \end{cases}$$

avec m l'indice de la coupe du milieu. Cette méthode de propagation fonctionne très bien en plus d'être rapide à calculer.

4 Segmentation

Une fois le seed point calculer pour une coupe, l'objectif final et de segmenter le ventricule gauche. Comme expliqué précédemment, plusieurs approches auraient été possibles. Nous nous sommes intéressés à la méthode mentionnée dans [Lee+10] ainsi que dans le cours, la region growing.

4.1 Outils

Tout d'abord, toutes les images sont pré-traitées. L'objectif est de les lisser afin de ne pas stopper l'algorithme de region growing trop tôt. Appliquer un filtre Gaussien est une première approche envisageable, mais l'enjeu se trouve dans le respect des bords de l'image. Nous avons donc préféré à cela l'utilisation d'un filtre bilatéral. Ce choix a amélioré drastiquement nos résultats. Le restant des outils qui sont tout aussi cruciaux, sont intrinsèquement liés à de la morphologie mathématique. Tout d'abord une fermeture est nécessaire afin de s'assurer que notre région est pleine. Ensuite, nous avons étudié l'effet de dilatation successive par un cercle de rayon 1. Autrement dit, nous avons étudié l'effet d'une dilatation avec pour élément structurant un cercle de rayon r où r est le nombre de dilatations successives. Cette étude nous a permis de choisir le meilleur élément structurant, i.e. celui qui maximise le DICE moyen. L'étude en question est illustrée dans la figure 6. L'élément structurant qui a été choisi est un cercle, car c'est la forme se rapprochant le plus de notre région d'intérêt et l'étude a été menée sur cinquante des cent patients.

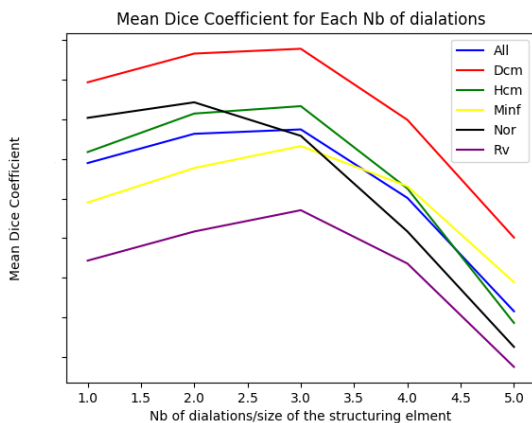
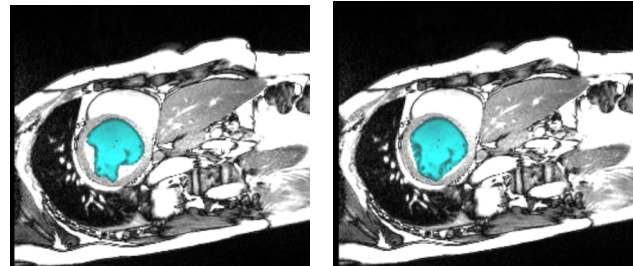


FIGURE 6 – Évolution du coefficient du DICE en fonction du rayon de l'élément structurant.

Le maximum de la valeur moyenne totale est atteint pour un cercle de rayon 3. Cela dit les patients atteints de la pathologie NOR atteignent un DICE maximal pour un rayon de 2. En différenciant selon les maladies, il serait théoriquement possible d'améliorer les résultats.

Enfin, il nous arrivait d'obtenir une région segmentée très loin d'être circulaire. Afin d'obtenir un résultat plus circulaire, nous avons cherché à rendre la région convexe. Cette approche a été convaincante, car elle permettait d'agrandir notre région sans avoir à l'étaler davantage. Un très bon exemple de cette utilisation apparaît dans les figures 7b et 7a. L'approche par simple region growing peut ne pas suffire

à cause des taches au sein même du ventricule comme on le voit sur les figures citées précédemment.



(a) Coupe 1 du patient 004 sans convexité

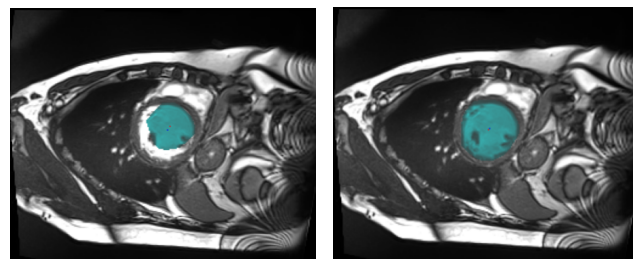
(b) Coupe 1 du patient 004 avec convexité

FIGURE 7 – Impacte de la convexité sur l'algorithme de region growing

Une autre approche possible aurait pu être de forcer la région à être circulaire, mais cette approche nous semblait être un peu trop brute.

4.2 Region growing

La première limite que nous avons rencontrée avec notre algorithme de region growing est le choix du threshold. En effet, toute la difficulté se trouve ici. Une approche naïve a été de simplement choisir un threshold élevée et de l'adapter au fur et à mesure. Lorsque la région obtenue était trop grande, la région était réinitialisée à zéro et le threshold était abaissé. Cette approche nous a permis d'obtenir nos premiers résultats décents. Ces résultats sont illustrés dans les figures 8a et 8b. Malheureusement le temps de calcul devenait trop important.



(a) Résultat du region growing de la coupe 4 sur le patient 001 avec un threshold sous-estimé

(b) Résultat du region growing de la coupe 4 sur le patient 001 avec un threshold correctement estimé

FIGURE 8 – Impacte du threshold sur l'algorithme de region growing

Une possibilité que nous avons explorée est l'utilisation des caractéristiques de l'image. En particulier la moyenne et la variance. Malheureusement, cette approche est, elle aussi, trop naïve. La recherche d'une formule prenant en argument la variance et la moyenne de l'image n'a pas été concluante. Par ailleurs, l'utilisation de la variance estimée sur la totalité de l'image n'est pas une bonne approche. Une correction de cette méthode a été l'implémentation d'une fenêtre autour du seed point. À partir de cette fenêtre, il était possible d'estimer la variance sur une zone plus proche du ventricule gauche. Cette approche a permis d'améliorer les résultats, mais ces derniers ont été moins concluants que la dernière approche qui est la suivante, une approche dynamique.

Cette méthode se base sur la constatation suivante, le threshold ne varie que très peu au sein d'une même IRM (figure 9).

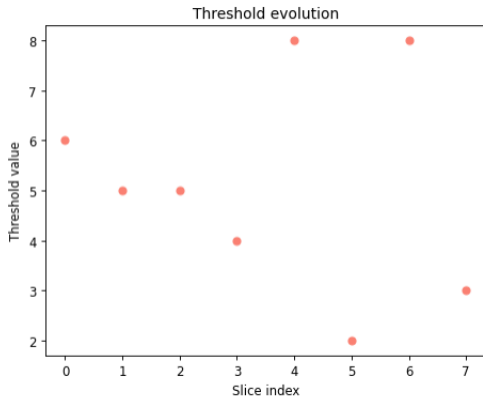


FIGURE 9 – Évolution de la valeur du threshold au cours des coupes

L'idée est donc déterminée algorithmiquement un threshold générique sur la coupe du milieu, puis de garder en mémoire la valeur de ce threshold, $thresh_{mid}$. Celui-ci sera alors utilisé comme estimation des threshold suivant. Au lieu donc de tester une trentaine de thresholds, nous testerons dans le pire des cas toutes les valeurs de $[0, thresh_{mid}+5]$, ce qui a diminué grandement les vitesses de calculs (résultat à mettre en corrélation avec la figure 8). En effet, nous ne traitons en moyenne plus que 4 threshold par coupe. Ainsi le traitement des 100 patients de tests est passé d'une durée de 1 h 30-2h à environ 30 min sans détériorer les résultats.

5 Évaluation des résultats

Afin de s'assurer que nos résultats sont corrects, il a fallu définir une métrique d'évaluation sur le jeu de données composée de cent-cinquante patients ayant chacun une pathologie différente.

- 30 sujets normaux
- 30 patients ayant déjà subi un infarctus du myocarde
- 30 patients atteints de cardiomyopathie dilatée
- 30 patients atteints de cardiomyopathie hypertrophique
- 30 patients présentant un ventricule droit anormal

Cent patients ont été utilisés pour l'entraînement. Les cinquante autres font office de test et n'ont été utilisés que pour valider nos méthodes ou à l'inverse les remettre en cause. Voici donc la métrique choisie, le coefficient DICE.

$$DICE(A, B) = \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|}, \text{ avec } A \text{ et } B \text{ deux images binaires}$$

Cette métrique est largement utilisée dans la validation de résultats de ce type. À noter que dans certains cas, la vérité terrain ne montrait aucune région à segmenter alors qu'en réalité le ventricule gauche apparaissait bien dans les images. Ce type de situation pénalisait nos résultats. À l'inverse, dans d'autres situations, nous obtenions une petite région dans notre segmentation tandis que la vérité terrain ne nous donnait aucune région et à juste titre (ventricule gauche non visible ou trop petit). Dans ce cas, il nous semblait raisonnable de dire que lorsque notre région segmentée contenait moins de 15 pixels et que la vérité terrain était vide, notre coefficient DICE était de 1. Cependant, afin de ne pas gonfler arbitrairement nos résultats, nous n'avons pas voulu utiliser cela dans les calculs de nos résultats finaux.

Comme nous l'avons expliqué précédemment, l'effet d'une dilatation avec un élément structurant de plus en plus grand sur notre région initiale a été étudié. Nous en avons conclu qu'un rayon de trois pixels était la meilleure taille d'élément structurant, car elle maximisait le DICE moyen sur notre set d'entraînement. Malgré tout, un regard critique nous mène à penser qu'un masque de taille un peu plus petit est préférable en réalité. En effet, les images A et B jouent un rôle symétrique, donc si notre région déborde, le résultat est le même que si elle était légèrement plus petite. Or, dans un contexte médical, nous pensons qu'il est préférable d'avoir une région sous-estimée plutôt que surestimée. Les différents coefficients de DICE ont été stockés dans un fichier JSON sous la forme présentée dans la figure 10.


```

"077": {
  "Dice coefficient for slice 0": "0.927899685203761",
  "Dice coefficient for slice 1": "0.9349200446262551",
  "Dice coefficient for slice 2": "0.9363080244692336",
  "Dice coefficient for slice 3": "0.9360887868350555",
  "Dice coefficient for slice 4": "0.9326765188834154",
  "Dice coefficient for slice 5": "0.9087809036658141",
  "Dice coefficient for slice 6": "0.8978978978978979",
  "Dice coefficient for slice 7": "0.22784810126582278",
  "Mean dice coefficient": "0.8378024955204839",
  "Group": "NOR"
},
"078": {
  "Dice coefficient for slice 0": "0.9627641730962764",
  "Dice coefficient for slice 1": "0.9626474442988204",
  "Dice coefficient for slice 2": "0.931208515967438",
  "Dice coefficient for slice 3": "0.949044589872612",
  "Dice coefficient for slice 4": "0.9386281588447654",
  "Dice coefficient for slice 5": "0.9603004291845494",
  "Dice coefficient for slice 6": "0.9308176100628931",
  "Dice coefficient for slice 7": "0.872466960352423",
  "Mean dice coefficient": "0.938446243638319",
  "Group": "NOR"
}

```

FIGURE 10 – Coefficients de DICE des patients 077 et 078.

6 Interprétation des Résultats

6.1 Résultats pour DCM

Les patients atteints de cardiomyopathie dilatée ont une dilatation de leurs cavités cardiaques, cela permet donc un meilleur placement du seed point initial. Nous obtenons les résultats suivants (figure 14) :

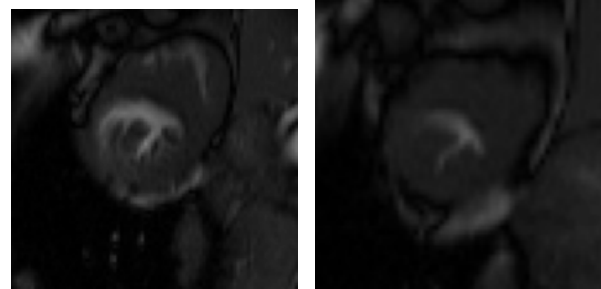
- DICE moyen : 82%
- DICE maximum : 93%
- DICE minimum : 39%
- Nombre de DICE < 40% : 1

6.2 Résultats pour HCM

Les patients atteints de cardiomyopathie hypertrophique ont leur myocarde épaissi de manière anormale. Nous obtenons les résultats suivants (figure 15) :

- DICE moyen : 73%
- DICE maximum : 93%
- DICE minimum : 34%
- Nombre de DICE < 40% : 1

Le patient 022 ayant le DICE le plus faible (34%) illustre bien le problème du myocarde (figure 11) On remarque en effet que dès la coupe du milieu le région growing sera difficile à calculer. Cela entraine donc aussi une propagation des seeds points difficiles. À noter que nous avons essayé certaines méthodes de pré-traitement de bas niveau tel que l'égalisation d'histogramme afin d'améliorer ces résultats. Cela a mené à de meilleurs résultats pour le patient 022, mais a compromis les résultats moyens. Nous avons donc décidé de ne pas l'utiliser.



(a) Image IRM de la coupe du milieu du patient 022 (b) Image IRM de la coupe milieu+1 du patient 022

FIGURE 11 – IRMs du patient 022 qui mettent en évidence l'anormal taille du myocarde

6.3 Résultats pour MINF

Les patients ayant fait un infarctus du myocarde donc ayant subi des dommages au cœur dus à un manque prolongé d'oxygène, ont une contraction anormale et donc une faible fraction d'éjection. Nous obtenons les résultats suivants (figure 16) :

- DICE moyen : 76%
- DICE maximum : 91%
- DICE minimum : 17%
- Nombre de DICE < 40% : 1

6.4 Résultats pour NOR

Pour les sujets normaux, nous obtenons les résultats suivants (figure 17) :

- DICE moyen : 81%
- DICE maximum : 94%
- DICE minimum : 47%
- Nombre de DICE < 40% : 0

6.5 Résultats pour RV

Les patients ayant un ventricule droit anormal dû à un dysfonctionnement voient leurs ventricules droits être dilatés. Nous obtenons les résultats suivants (figure 18) :

- DICE moyen : 73%
- DICE maximum : 90%
- DICE minimum : 0%
- Nombre de DICE < 40% : 1

Les résultats sur ces patients sont inférieurs à la moyenne, car cette pathologie rend très difficile le positionnement du seed point initial. En effet, le seul patient ayant un DICE inférieur à 0,4 est le patient 089 avec un résultat de 0%. Cela s'explique par le fait que la transformée de Hough a tendance à détecter le ventricule droit qui est anormalement dilaté au lieu du ventricule gauche (figure 12).

Nous avons aussi relevé la présence d'un patient "mobile" durant l'IRM, ce qui affecte grandement les résultats. En effet, l'une de nos hypothèses fortes était l'immobilité des patients (figure 13).

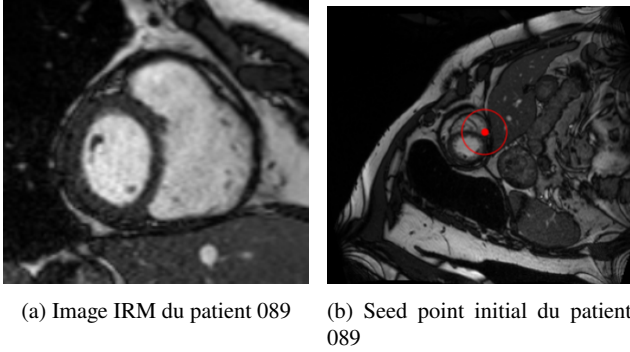


FIGURE 12 – Influence du ventricule droit sur le positionnement du Seed point initial chez les patients atteints de RV

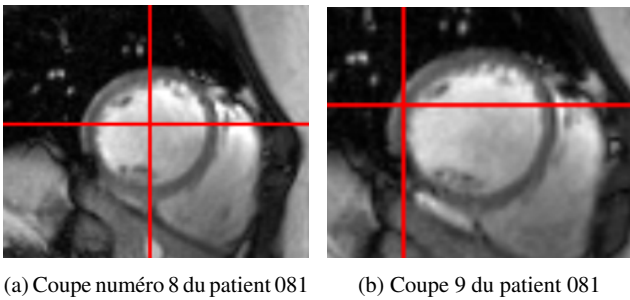


FIGURE 13 – Illustration d'un patient mobile durant l'IRM. Le curseur en rouge n'a pas bougé entre les deux coupes.

6.6 Résultats globaux

Pour les 100 patients d'entraînement, nous obtenons les résultats suivants (figure 19) :

- DICE moyen : 77%
- DICE maximum : 94%
- DICE minimum : 0%
- Nombre de DICE < 40% : 4

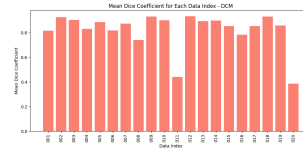


FIGURE 14 – Le DICE pour les patients DCM

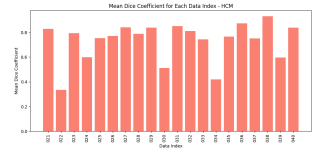


FIGURE 15 – Le DICE pour les patients HCM

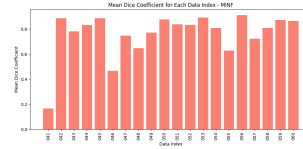


FIGURE 16 – Le DICE pour les patients MINF

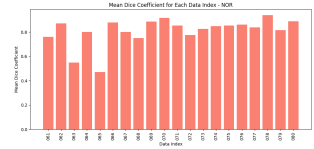


FIGURE 17 – Le DICE pour les Patients NOR

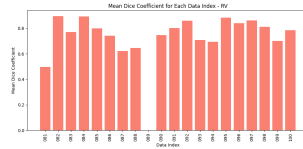


FIGURE 18 – Le DICE pour les Patients RV

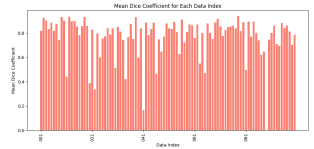


FIGURE 19 – Le DICE pour tous les patients

7 Amélioration de la Méthode

Une piste d'amélioration globale de la méthode pourrait être de changer notre algorithme afin qu'il prenne en compte la maladie du patient. En effet, on a vu dans un premier temps dans la figure 6 que le rayon structurant qui optimisait nos résultats était de 3. Cependant, pour les patients NOR le meilleur rayon est de 2. De plus, nous avons aussi remarqué qu'une calibration du seed point initial pour les patients RV pourrait améliorer les résultats. En effet, leurs seeds point initiaux sont souvent légèrement décalés vers le ventricule droit en haut à droite. Nous avons cependant fait le choix d'avoir une méthode ne prenant pas un compte la maladie du patient afin d'améliorer le plus possible les performances générales de notre algorithme. Par ailleurs, la connaissance de la pathologie d'un patient n'est pas forcément acquise dans un cas réel.

8 Limite de la méthode

L'approche que nous avons utilisée pour la segmentation de l'IRM cardiaque repose sur des techniques de traitement d'image de bas niveau, telles que la transformée de Hough et le détecteur de contours de Canny. Bien que ces méthodes soient simples à mettre en œuvre et efficaces dans des cas bien définis, elles présentent plusieurs limitations. L'une des principales contraintes est la sensibilité au choix

des paramètres critiques, comme les seuils pour Canny ou les tolérances de détection pour la transformée de Hough. Ces paramètres furent souvent ajustés manuellement en fonction des caractéristiques spécifiques des images, ce qui a entraîné une variabilité des résultats. Un temps considérable a été accordé aux choix de ces paramètres. Un aspect hasardeux, c'est donc invité. Les différents paramètres, que ce soit pour les filtres bilinéaires ou encore pour les seuils de Canny, ont tous été choisis afin d'obtenir les meilleurs résultats, sans pour autant pouvoir affirmer qu'ils sont optimaux. En particulier, l'automatisation des choix pour les seuils de Canny a été une question cruciale de notre travail. Nos recherches nous ont permises de nous rendre compte de la nécessité d'approches par apprentissage supervisée afin de répondre à ce type de problème complexe. Ces méthodes, n'étant présentées dans le cours, nous ne voulions pas les explorer avant d'utiliser tous les outils bas niveaux étudiés durant cette période.

Références

- [GD10] Wang GUOQIANG et Wang DONGXUE. "Segmentation of Brain MRI Image with GVF Snake Model". In : *Journal Name* Volume Number (2010), Pages if applicable.
- [Lee+10] Hae-Yeoun LEE et al. *Automatic Left Ventricle Segmentation Using Iterative Thresholding and an Active Contour Model With Adaptation on Short-Axis Cardiac MRI*. Conference Paper or Journal details if available. 2010.
- [KKK18] Mahendra KHENED, Varghese Alex KOLLERATHU et Ganapathy KRISHNAMURTHI. "Fully convolutional multi-scale residual DenseNets for cardiac segmentation and automated cardiac diagnosis using ensemble of classifiers". In : *Journal Name* Volume Number (2018), Pages if applicable.