



Master Systèmes Dynamiques et Signaux

Rapport Bibliographique

Analyse d'IRM de porcelets et appariement d'hypergraphes

Auteur :

M. Alexandre DURANDEAU

Jury :

Pr. Laurent HARDOUIN

Dr. Jean-Baptiste FASQUEL

Dr. Paul RICHARD

Version du
27 juin 2019

Remerciements

J'aimerais remercier en premier lieu Mr.Jean-Baptiste.Fasquel pour son aide tout au long de la rédaction de ce rapport, notamment lorsque j'ai rencontré des difficultés de formalisme mathématique.

Je tiens également à remercier Mr.Mickaël.Dinonais pour ses explications et sa clarté sur le sujet à développer, Mr.Hans.Adriaensen et Mr.Edouard.Mazerand pour leurs explications concernant l'exploitation des IRM de porcelets. Enfin, Mme.Pauline.Ali pour m'avoir fourni une IRM d'adulte sain dans le cadre de mes recherches.

Table des matières

1	Introduction	3
2	Méthode	7
2.1	Vue d'ensemble	7
2.2	Détection des candidats pour les yeux et le nez	7
2.3	Détection des yeux et du nez	9
2.4	Segmentation du cerveau	12
3	Expérimentations	15
3.1	Données	15
3.2	Résultats	15
4	Conclusion	19

Table des figures

1.1	Vue d'ensemble sur le traitement envisagé, basé sur les connaissances a priori qualitatives (inclusion, photométrie et relations d'inclusions) qui se base sur plusieurs entités : MF-Head (Muscles+Graisses de la tête), L-eye (oeil gauche), R-eye (oeil droit) et nose (nez). A partir d'une IRM (A), nous arrivons à retrouver le nez et les deux yeux (B), en sachant que ces entités font parti du MF-Head (relations d'inclusion) et qu'ils sont plus foncés que le MF-Head (relations photométriques, ici ' \leftrightarrow ' signifie que l'intensité est égale). L'étape C utilise les relations spatiales (positions relatives) pour pouvoir reconnaître les deux yeux et le nez, sachant que ces trois entités forment un triangle isocèle. Enfin nous reconstituons le cerveau par modèles déformables initialisés à partir des positions relatives du nez et des yeux.	5
2.1	Vue de GMM sur 6 porcelets pour montrer l'impertinence des méthodes de seuillage dynamique.	8
2.2	Représentation 3D des candidats pour les yeux et le nez après application du seuillage binaire sur la région d'intérêt.	9
2.3	Schéma explicatif du graphe modèle et graphe réel et les composantes respectives.	10
2.4	Résultat de l'appariement sur 6 porcelets. On trouve bien les candidats recherchés $\{Nose, Left - Eye, Right - eye\}$	11
2.5	Schéma représentant le repère orthonormé \vec{i}, \vec{j} servant à l'initialisation de la sphère des modèles déformables.	13
3.1	Capture d'écran du logiciel ITK-SNAP utilisé pour étudier les images IRM des cerveaux.	16
3.2	Modèles 3D des cerveaux de porcelets extraits automatiquement.	17

Abstract

Dans le contexte d'une étude du développement du cerveau de l'enfant nouveau-né, ce rapport étudie les cerveaux de porcs nouveaux-nés qui possèdent une structure similaire à ceux des humains. A cause de la petite taille du cerveau de porc et de l'abondance de muscles et graisses autour de ce cerveau, il est impossible d'initialiser correctement l'algorithme de modèles déformables. Ainsi, il est donc impossible d'utiliser l'approche standard utilisée pour le cerveau humain.

Ce rapport a pour but de proposer une méthode originale d'extraction du cerveau basé sur les modèles déformables, initialisés par des connaissances *a priori* anatomiques sur la structure de la tête du porc. Ces connaissances *a priori* utilisent l'inclusion et la photométrie entre les yeux, le nez et les autres entités au sein de la tête du porc. Ces informations structurelles *a priori* impliquent également la position relative entre les deux yeux et le nez, que l'on considère invariante (formant un triangle) selon les différents porcs. En utilisant les informations structurelles, notre méthode détecte les yeux et le nez, qui vont déduire le centre du cerveau pour finalement initialiser les modèles déformables. Les structures anatomiques comme les yeux, le nez sont retrouvées à partir d'un matching entre les relations observées et celles du modèle structurel *a priori*. Ceci impliquant de l'appariement de graphes et d'hypergraphes, là où l'appariement d'hypergraphes concerne les positions des yeux et du nez qui sont contraints par une relation ternaire. La méthode a été implémentée et expérimentée sur un set de 13 porcelets pour évaluer la précision quant à la localisation du centre du cerveau, qui permet l'utilisation des modèles déformables. Le centre du cerveau est correctement localisé avec une erreur moyenne de 3mm, prouvant ainsi la véracité de l'approche. L'indice de similarité moyen a également été mesuré à 0.86. De manière plus générale, ce rapport montre le potentiel de l'utilisation des connaissances *a priori* de haut niveau, basées sur des constantes anatomiques et gérées par l'appariement de graphes et d'hypergraphes.

Chapitre 1

Introduction

Les cerveaux de porcelets sont de plus en plus considérés comme modèle animal pour représenter le cerveau humain, ceci à cause de leur structures et leur fonctions relativement similaires [9]. C'est pourquoi l'étude des cerveaux de porcelets permet de mieux comprendre le développement du cerveau des nouveaux-nés et ainsi anticiper les potentiels troubles neurologiques liés au cerveau [4].

L'imagerie à résonance magnétique (IRM) est une technique d'imagerie très utile pour pouvoir surveiller le développement du cerveau [9, 11]. L'une des grosses problématiques est la segmentation automatisée des structures du cerveau depuis les images IRM. Bien que de nombreux travaux aient été effectués pour segmenter les structures sur l'humain et l'enfant, très peu ont été réalisés pour les porcelets [11].

On peut ici mentionner un travail qui par la création d'un atlas de cerveaux de porcelets [9], a pour but d'automatiser la segmentation des structures internes utilisant une approche basée par atlas, une méthode souvent utilisée pour l'humain. Un problème concerne ici la segmentation automatisée de l'ensemble du cerveau, qui est une étape clé pour pouvoir segmenter les structures internes. Par exemple, dans les travaux [9], le cerveau est segmenté manuellement, impliquant la création d'un masque pour chaque coupe. Ceci prend énormément de temps et n'est pas pertinent pour la segmentation d'une grosse base de données de cerveaux de porcelets. A cause de l'abondance de muscles et de graisses dans la tête du porcelet [9], il est impossible d'utiliser les techniques utilisées pour le cerveau humain. C'est par exemple le cas de l'algorithme BET (Brain Extraction Tool)[14, 16]. Cet algorithme utilise les modèles déformables initialisés par une sphère centrée autour du centre de gravité de la tête entière de l'humain. Cette approche est pertinente pour la tête humaine puisque le crâne entoure le cerveau et par conséquent donne une estimation correcte du centre de gravité, c'est cependant compliqué pour le porcelet dû à l'abondance des muscles et graisses mentionnés ci-dessus. Ce rapport a pour but de passer outre cette limitation en initialisant les modèles déformables basés sur la position relative du cerveau par rapport aux yeux et

au nez que l'on considère facile à segmenter dû à leur faible intensité. Cette méthode est le principal travail de ce rapport pour pouvoir fournir une méthode de segmentation entièrement automatisée du cerveau et ainsi segmenter les structures internes [9]. L'approche utilisée pour cette méthode est basée sur les connaissances *a priori* photométriques, topologiques et spatiales de la tête du porcelet. Dans notre cas, nous avons par exemple les yeux qui apparaissent plus foncés que le reste des structures (relations photométriques), le nez et les yeux font parti de la tête du porcelet (relations d'inclusion). Aussi, le nez et les deux yeux représentent respectivement trois points que l'on peut représenter spatialement par un triangle (relations spatiales). Cette approche permet de faciliter la déclaration du modèle utilisé pour interpréter la scène réelle [8, 7, 2, 6, 12, 3, 13]. Cela permet donc de passer outre les limitations des techniques basées sur le deep learning (voir [1] pour un article récent sur ces méthodes dans le cadre du traitement d'images de cerveaux) qui sont connues pour être très efficaces mais nécessitent de très nombreuses données, souvent difficiles à acquérir. Ce genre d'approche structurelle a déjà démontré son potentiel dans le cadre d'analyse d'images médicales, comme par exemple les connaissances *a priori* spatiales et photométriques entre les structures anatomiques et pathologiques qui permettent d'aider à l'interprétation [2, 6, 12, 3, 13]. Une difficulté importante est de passer outre la différence de niveau entre les connaissances structurelles (haut niveau) et les propriétés de l'image (bas niveau) [8, 7]. Les informations structurelles sont souvent exprimées comme un graphe de relations entre les différentes structures et l'interprétation de l'image est considérée comme un problème d'appariement de graphes. Cet appariement de graphes peut être vu comme un ensemble de contraintes binaires que l'on cherche à vérifier par rapport aux relations d'inclusion et de photométrie dans notre cas. Dans ce rapport, nous considérerons plutôt des contraintes ternaires (triangle *Nez – Yeux*) que l'on exprimera à travers un problème d'appariement d'hypergraphes [5, 17]. Dans notre cas, l'appariement d'hypergraphe est nécessaire pour retrouver les trois structures (*Yeux – Nez*) qui sont déclarées comme étant similaires à un triangle isocèle (contrainte ternaire). La localisation de ces trois structures permet d'estimer le centre de gravité du cerveau considérant sa position relative par rapport aux yeux et au nez invariante. Les modèles déformables sont alors utilisés en initialisant ces derniers par une sphère centrée sur le centre de gravité trouvé préalablement, nous obtenons donc le cerveau complet du porcelet.

La section 2 présente l'approche considérée, incluant une vue d'ensemble du processus complet. Les expérimentations seront présentées dans la section 3 avant de conclure dans la section 4.

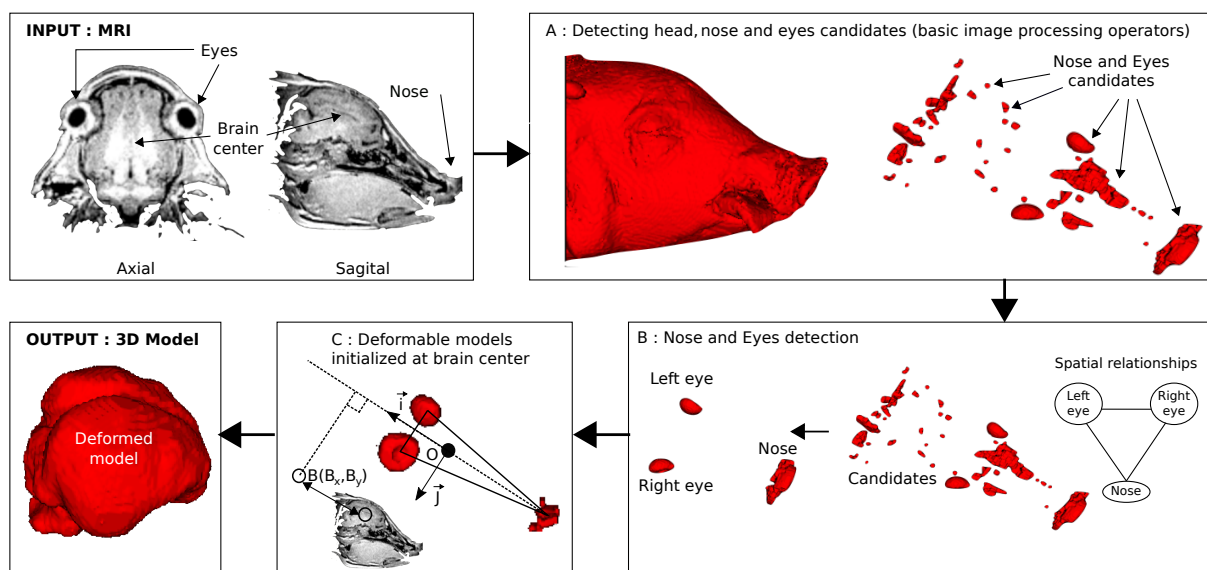


FIGURE 1.1 – Vue d’ensemble sur le traitement envisagé, basé sur les connaissances a priori qualitatives (inclusion, photométrie et relations d’inclusions) qui se base sur plusieurs entités : MF-Head (Muscles+Graisses de la tête), L-eye (oeil gauche), R-eye (oeil droit) et nose (nez). A partir d’une IRM (A), nous arrivons à retrouver le nez et les deux yeux (B), en sachant que ces entités font parti du MF-Head (relations d’inclusion) et qu’ils sont plus foncés que le MF-Head (relations photométriques, ici ' \leftrightarrow ' signifie que l’intensité est égale). L’étape C utilise les relations spatiales (positions relatives) pour pouvoir reconnaître les deux yeux et le nez, sachant que ces trois entités forment un triangle isocèle. Enfin nous reconstituons le cerveau par modèles déformables initialisés à partir des positions relatives du nez et des yeux.

Chapitre 2

Méthode

2.1 Vue d'ensemble

L'approche proposée décrit plusieurs étapes, résumées par la Figure 1.1. Ceci se base sur les connaissances *a priori* relationnelles, expliquées dans la section 2.3. A partir de l'image initiale (Figure 1.1-A), les candidats pour les yeux sont détectés (Figure 1.1-B, détaillée dans la section 2.2) en utilisant les connaissances *a priori* de photométrie (seuillage), tandis que le nez est détecté manuellement. La Figure 1.1-C représente un problème d'appariement d'hypergraphes [5, 17], dans le but de retrouver les deux yeux et le nez, ceci est détaillé dans la section 2.3. Le cerveau est finalement segmenté en utilisant les modèles déformables initialisés par une sphère placée au centre du cerveau, ce centre étant localisé relativement par rapport aux yeux et au nez précédemment estimés (Figure 1.1-D).

2.2 Détection des candidats pour les yeux et le nez

Cette étape correspond à la Figure 1.1-B. Le processus pour cette étape commence par une simple segmentation de la tête entière du porcelet, ceci s'apparentant à un simple seuillage binaire donnant les entités MF . Les candidats pour les yeux sont ensuite recherchés utilisant un seuillage binaire contraint par la région d'intérêt définie par la tête du porcelet (G_T, m) . Comme considéré dans [7], un seuillage binaire est considéré puisque l'on a, par rapport aux relations *a priori* photométriques, seulement deux classes C_1 et C_2 au sein de la région d'intérêt $(G_P = (S, A_{P,m}))$ et qui correspondent respectivement à : $C_1 = MF$ (clair) et $C_2 = Leye, Reye$ (foncé). Cette identification est effectuée par une simple approche d'appariement de graphes exact, basée sur les informations photométriques uniquement [7]. Ceci implique le graphe photométrique $G_{P,r} = (M, B_{P,r})$ (où le "r" signifie l'image réelle), formé par les intensités mesurées des deux classes ($M = C_1, C_2$). Ce

graphe est ensuite apparié avec le graph modèle G_P, m , pour identifier automatiquement que C_2 correspond bien aux yeux.

Plusieurs techniques ont également été testées pour la détection des candidats pour les yeux. Plutôt qu'un simple seuillage binaire, un seuillage adaptatif et la méthode top hat ([10]) ont été essayées dû à la dynamique de l'image qui n'était pas la même selon les différentes images IRM. L'étude de la dynamique de l'image par machine learning (GMM - [15]) a permis de voir que les deux approches proposées par seuillage dynamique n'étaient pas pertinentes (Figure 2.1).

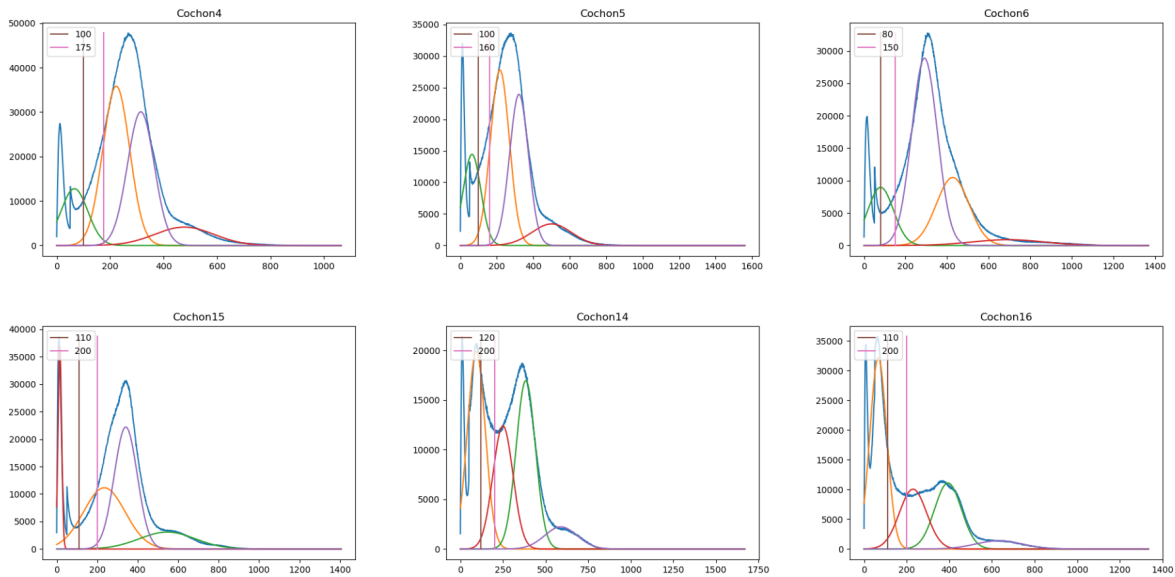


FIGURE 2.1 – Vue de GMM sur 6 porcelets pour montrer l'impertinence des méthodes de seuillage dynamique.

La détection du nez se fait quant à elle manuellement en prenant 12,5 mm selon le plan sagittal. Ainsi on ne garde que le bout du nez du porcelet et ceci implique une contrainte en moins pour l'appariement d'hypergraphes puisque la position du nez est connue. La Figure 2.2 montre les résultats des candidats pour les yeux et le nez pour 6 porcelets après application de la méthode.

Même si le traitement d'image utilisé repose sur des principes simples, le but de cette approche est de faciliter le guidage des opérations (Détection de la région d'intérêt, nombre de classes pour le seuillage) et la détection des candidats, basés simplement sur une déclaration de relations observées.

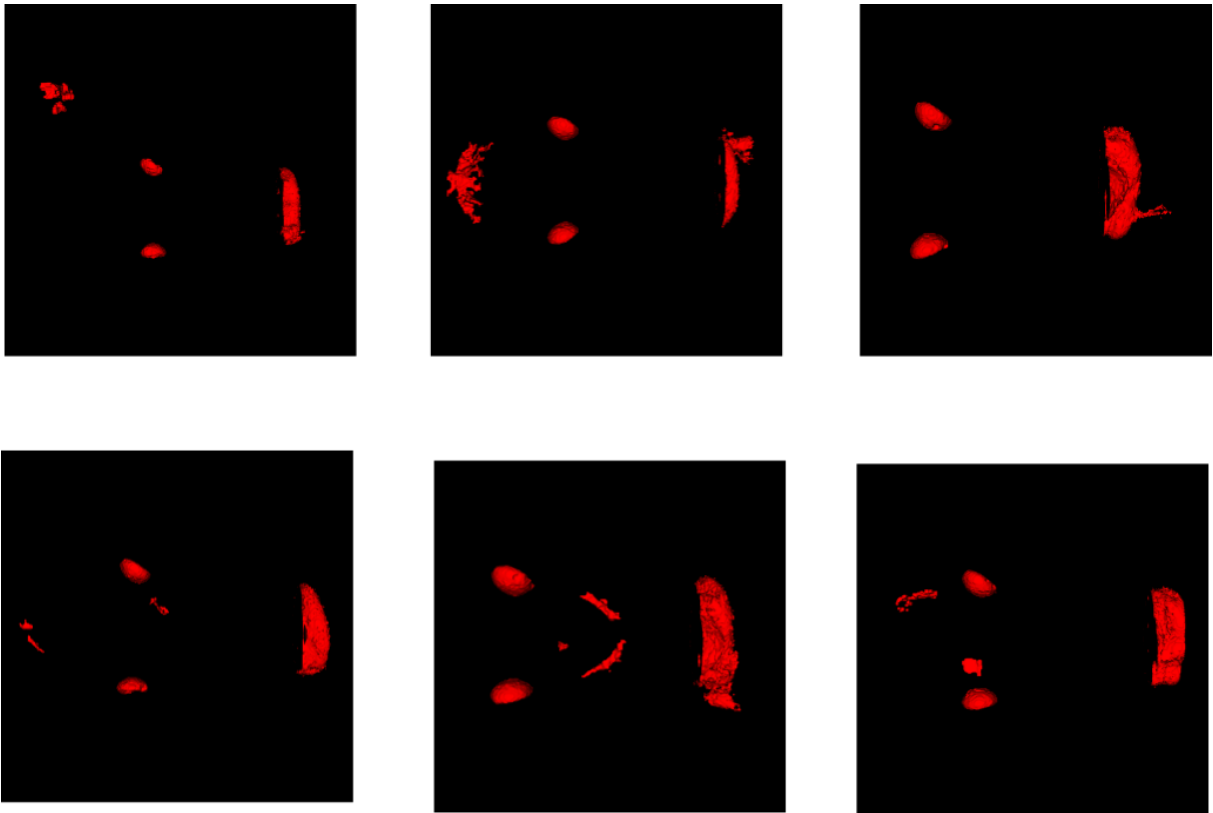


FIGURE 2.2 – Représentation 3D des candidats pour les yeux et le nez après application du seuillage binaire sur la région d'intérêt.

2.3 Détection des yeux et du nez

Cette étape correspond à la figure 1.1-C. Le but ici est de trouver les trois régions correspondant à $N_s = Leye, Reye, Nose$ qui sont initialement confondus avec les artefacts faisant tous parti de la catégorie mentionnée ci-dessus C_2 (voir Figure 2.2).

Le modèle a priori structurel est basé sur les relations entre quatre structures de la tête du porcelet : Le nez, les deux yeux et les structures internes de la tête (principalement des graisses et muscles). On considère que l'image I est composé d'un ensemble de régions $R(u), u \in N$, avec $N = \{MF, Leye, Reye, Nose\}$ (MF, Leye et Reye qui signifient respectivement "Muscles et graisses", "Œil gauche" et "Œil droit"). Les relations sont représentées par un graphe de relations spatiales ($G_{S,m} = (N_s, A_{S,m}, \mu_m)$ où l'indice "S" signifie spatial). Les relations spatiales concernent la position relative des structures. Pour $G_{S,m}$, l'ensemble des nœuds est $N_s = N \setminus \{MF\}$, puisque l'on considère que les relations spatiales n'impliquent pas les muscles ou les graisses (voir Figure 1.1-C). L'indice m signifie modèle. Ces relations sont issues d'une description qualitative de la scène, qui peut être

exprimée par des notions comme "la distance entre A et B est d'environ 50 mm" (relation spatiale et description semi-qualitative).

Concernant $G_{S,m} = (N_S, A_{S,m}, \mu_m)$, les arêtes ($A_{S,m}$) correspondent aux distances entre les régions, liées aux attributs des arêtes définies par la fonction μ_m :

$$\forall (i, j) \in A_S, \mu_m(i, j) = d(R(i), R(j)). \quad (2.1)$$

Dans notre cas, on considère que les distances sont des distances euclidiennes entre les barycentres des différentes régions.

Ce graphe $G_{S,m}$ est alors utilisé pour retrouver les deux yeux et le nez à partir de la région.

On propose alors d'exploiter les connaissances *a priori* spatiales qui correspondent au graphe $G_{S,m}$.

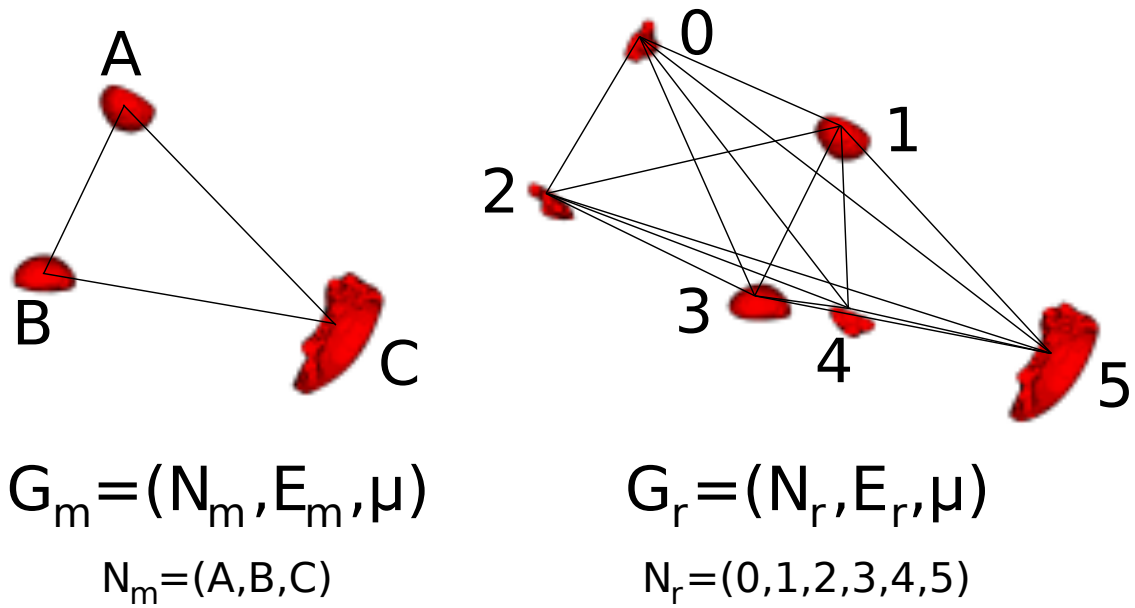


FIGURE 2.3 – Schéma explicatif du graphe modèle et graphe réel et les composantes respectives.

Pour cela, on construit d'abord le graphe associé à l'image réelle : $G_{S,r} = (M, B_{S,r}, \mu_r)$, avec "r" signifiant l'image réelle. Le but est de trouver le meilleur appariement g entre les ensembles N_S et M . Puisque $M \neq N_S$, on est confronté à un problème d'appariement de graphe inexact [8]. Dans notre cas, nous avons la contrainte suivante sur g : $\forall i \in N_S, \exists ! j \in M \mid g(i) = j$ et $\forall (i, j) \in N_S^2, i \neq j \Leftrightarrow g(i) \neq g(j)$. En considérant la matrice d'association X ($X_{i,j} = 1 \Leftrightarrow j = g(i)$), on peut définir l'ensemble P de tous les appariements possible

vérifiant ces contraintes [5] :

$$P = \{X \in \{0, 1\}^{|N_S| \times |M|} \mid \sum_{i=1}^{|N_S|} X_{ij} \leq 1, \sum_{j=1}^{|M|} X_{ij} = 1\} \quad (2.2)$$

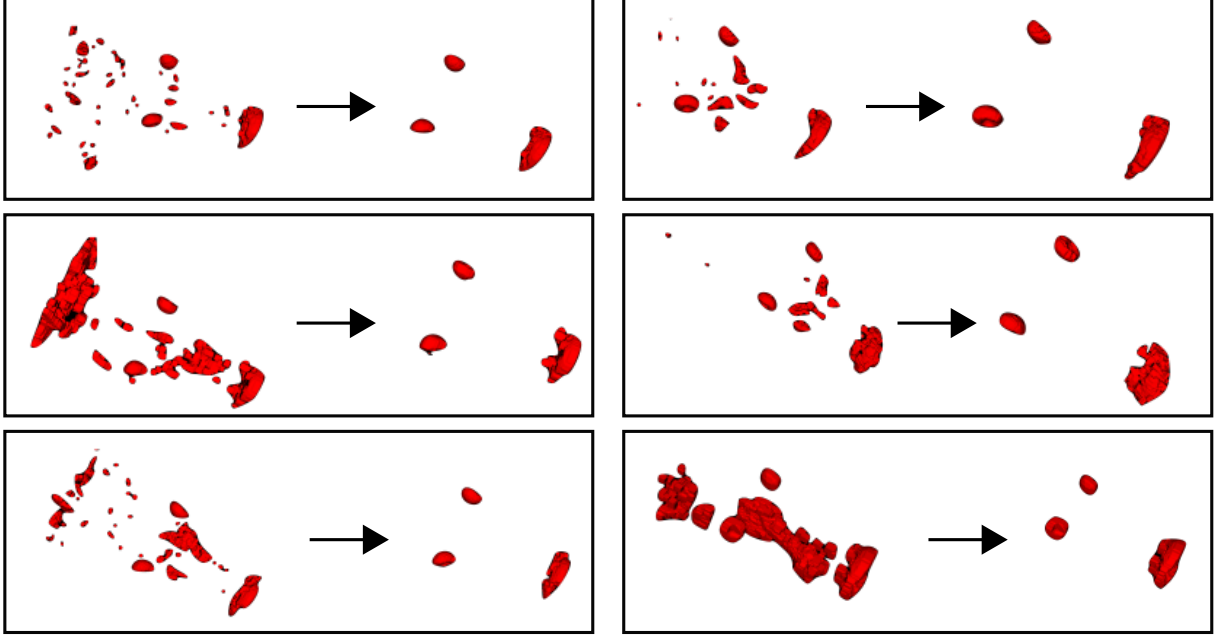


FIGURE 2.4 – Résultat de l'appariement sur 6 porcelets. On trouve bien les candidats recherchés $\{Nose, Left - Eye, Right - eye\}$

Dans notre cas, on peut exploiter les propriétés entre les arêtes comme par exemple la symétrie des yeux. Ceci signifie que l'appariement doit être exprimé de façon à supporter ces contraintes ternaires (i.e. contraintes concernant les trois nœuds et arêtes du modèle). Ceci peut être formulé par un problème d'appariement d'hypergraphes [5, 17], correspondant aux hypergraphes $\bar{G}_{S,m} = (N_S, \bar{A}_{S,m})$ et $\bar{G}_{S,r} = (N_S, \bar{A}_{S,r})$. Dans notre cas, une hyper arête est définie par un ensemble de trois nœuds. L'ensemble des hyper arêtes $\bar{A}_{S,m}$ contiennent un seul élément : $\bar{A}_{S,m} = \{(Leye, Reye, Nose)\}$. L'ensemble des hyper arêtes $\bar{A}_{S,r}$ contient tous les ensembles possibles de trois éléments M : $\bar{A}_{S,r} = \{(i, j, k) \in M^3\}$.

Comme dans [5], on considère une formulation d'appariement d'hypergraphes à partir de tenseur, utilisant un tenseur super symétrique de dimension 6 H , utilisé pour évaluer le score S du matching $X \in P$:

$$S(X) = \sum_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2} H_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2} X_{i_1, i_2} X_{j_1, j_2} X_{k_1, k_2} \quad (2.3)$$

Le produit $X_{i_1, i_2} X_{j_1, j_2} X_{k_1, k_2}$ est égal à 1 si et seulement si les points $(i_1, j_1, k_1) \in \bar{A}_{S, m}$ sont respectivement appariés avec les points $(i_2, j_2, k_2) \in \bar{A}_{S, r}$. Dans ce cas, cela va ajouter $H_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2}$ au score total de la fonction et 0 sinon. A noter que le tenseur H est super symétrique puisqu'il est invariant aux permutations dans (i_1, j_1, k_1) ou (i_2, j_2, k_2) . H représente une mesure de similarité entre les triangles appariés :

$$\forall (i_1, j_1, k_1) \in \bar{A}_{S, m}, (i_2, j_2, k_2) \in \bar{A}_{S, r},$$

$$H_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2} = \exp(-d_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2}) \quad (2.4)$$

où $d_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2}$ peut être considéré comme la distance de similarité entre pour l'appariement considéré. Ce terme est censé intégrer les propriétés associées à la structure géométrique sous-jacente (triangle isocèle). Dans ce rapport, par question de temps, nous considérerons uniquement les différences entre la longueur des arêtes des triangles appariés :

$$d_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2} = |\mu_m(i_1, j_1) - \mu_r(i_2, j_2)|$$

$$+ |\mu_m(i_1, k_1) - \mu_r(i_2, k_2)| + |\mu_m(j_1, k_1) - \mu_r(j_2, k_2)| \quad (2.5)$$

L'appariement final X^* est l'appariement $X \in P$ maximisant le score S :

$$X^* = \operatorname{argmax}_{X \in P} (S(X)) \quad (2.6)$$

A noter que, dû à la symétrie du triangle, les deux yeux identifiés peuvent être retournés par l'appariement par rapport au modèle. Dans notre cas, ceci est géré en comparant leur position relative aux bornes de la tête par rapport au barycentre de la tête du porcelet.

2.4 Segmentation du cerveau

Cette étape correspond à la figure 1.1-D, où un algorithme de modèle déformable est utilisé pour retrouver les contours du cerveau. Un aspect clé de cette étape concerne l'initialisation des modèles déformables par une sphère automatiquement placée au centre du cerveau. On considère un système de coordonnées 2D (O, \vec{i}, \vec{j}) lié au triangle : Le centre O est le centre de masse du triangle et les deux vecteurs orthonormaux sont associés à deux plans orthogonaux dont l'intersection correspond à la droite passant par O et le barycentre du nez (voir Figure 1.1-D). Le premier plan est coplanaire avec le triangle. Le deuxième est donc perpendiculaire au triangle. Le centre estimé du cerveau B est alors défini, par rapport à O par :

$$\overrightarrow{OB} = B_x \vec{i} + B_y \vec{j} \quad (2.7)$$

où B_x et B_y sont supposés être des constantes anatomiques.

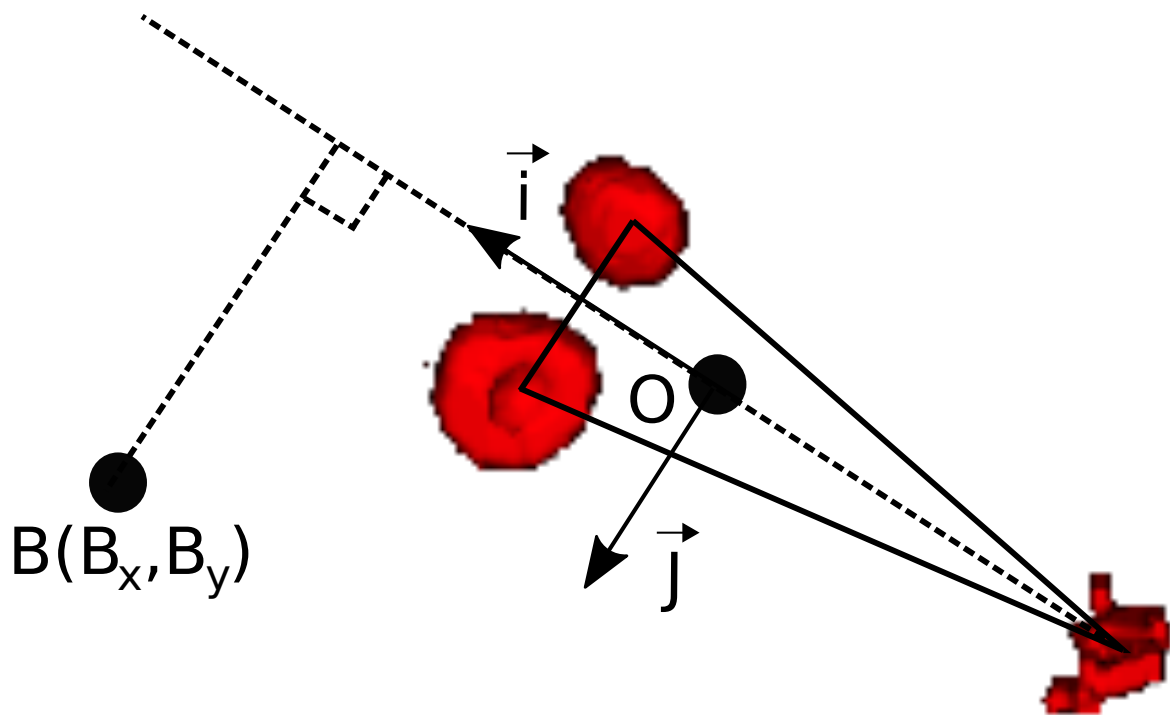


FIGURE 2.5 – Schéma représentant le repère orthonormé \vec{i}, \vec{j} servant à l'initialisation de la sphère des modèles déformables.

Chapitre 3

Expérimentations

Les expérimentations préliminaires ont pour but d'évaluer la pertinence de l'approche en se concentrant principalement sur la recherche du centre du cerveau à partir de l'image initiale, ainsi que la précision de l'extraction. On propose d'étudier en premier lieu la pertinence et l'efficacité de l'appariement d'hypergraphes, basé sur le graphe modèle qui est supposé stable par rapport à tous les porcelets (constantes anatomiques par rapport aux yeux et au nez). On vérifie également que la position du centre du cerveau par rapport au triangle est stable pour s'assurer une initialisation acceptable des modèles déformables. Finalement, on évalue la précision du cerveau résultant de l'extraction.

3.1 Données

Ces expérimentations préliminaires ont été effectuées sur un ensemble de 13 images IRM, correspondant à 13 porcelets différents (Porcelets âgés de 2 semaines). A des fins d'évaluation, les coordonnées du barycentre pour les deux yeux et pour le nez ont été estimés manuellement. Ceci a permis de calculer le modèle $G_{S,m}$ (distances relatives moyennes). On a également trouvé les coordonnées d'un point à l'intérieur du cerveau (barycentre des deux ventricules latérales), que l'on utilisera pour l'initialisation des modèles déformables. Le cerveau a également été segmenté manuellement pour évaluer l'entièreté du processus.

3.2 Résultats

L'approche proposée a été implémentée en utilisant le langage Python combiné aux bibliothèques scientifiques adaptées et au logiciel ITK-SNAP, logiciel permettant de capturer manuellement les coordonnées références. Pour l'étape d'appariement d'hypergraphes, le nombre de candidats a été réduit en ne gardant que les 6 plus grosses composantes connexes,

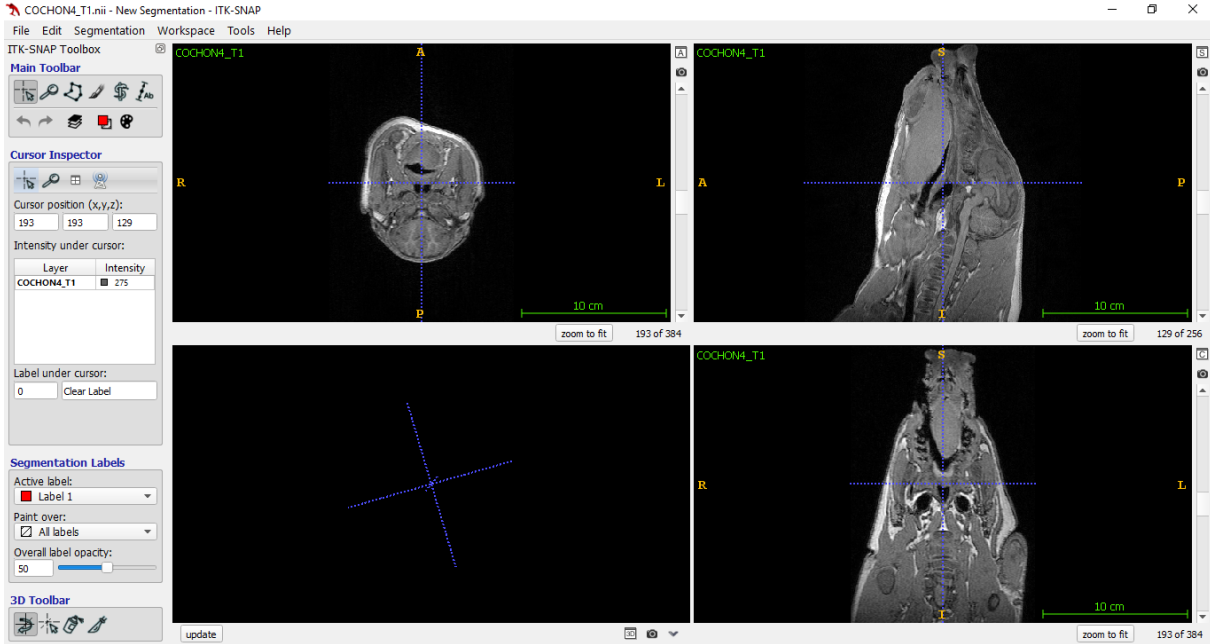


FIGURE 3.1 – Capture d’écran du logiciel ITK-SNAP utilisé pour étudier les images IRM des cerveaux.

ceci dans le but de réduire le temps de calcul. L’appariement d’hypergraphes a été fait en testant tous les cas possibles (ensemble P dans l’équation 2.2), sans optimisation [5, 17] puisque ces travaux se concentrent sur la pertinence de l’appariement d’hypergraphes plutôt que sur l’optimisation de son implémentation.

Le modèle *a priori* $G_{S,m}$ est reporté sur la Table 3.1 (fonction $\mu_{S,m}$, correspondant aux distances). A noter le faible écart type qui montre que les relations spatiales semblent stables pour les différents porcelets. Bien que la propriété de symétrie des yeux ne soit pas exploitée dans ces travaux pour l’appariement d’hypergraphes, il apparaît que l’hypothèse que le triangle soit isocèle est pertinente (La distance entre les deux yeux par rapport au nez est sensiblement similaire).

Distance ($\mu_{S,m}$)	Moyenne (écart type)
(Leye, Reye)	45.96 (3.5)
(Leye, Nose)	79.8 (4.3)
(Reye, Nose)	79.9 (4.6)

TABLE 3.1 – Modèle spatial $G_{S,m}$ calculé pour les 13 porcelets des données expérimentales (distance moyenne en millimètres et l’écart type)

Sur l'ensemble des porcelets, l'appariement d'hypergraphes a amené à une identification réussie sur 11 des 13 porcelets des deux yeux et du nez, par rapport aux structures identifiées manuellement (voir Figure 2.4).

Les valeurs de B_x et B_y ont été mesurées respectivement comme 2.42 mm et 46.79 mm en moyenne sur les données. Cette position relative a été utilisée pour évaluer la précision de l'estimation du centre du cerveau : La localisation de ce point de référence a été calculée en utilisant ces valeurs moyennes et a été comparé aux coordonnées 3D capturées manuellement. L'erreur moyenne mesurée est de 3,0 mm (compris entre 1,3 et 6,2, avec un écart type de 1,5 mm) ce qui est négligeable par rapport à la taille approximative du cerveau (environ 50 mm de largeur, estimé manuellement sur une image).

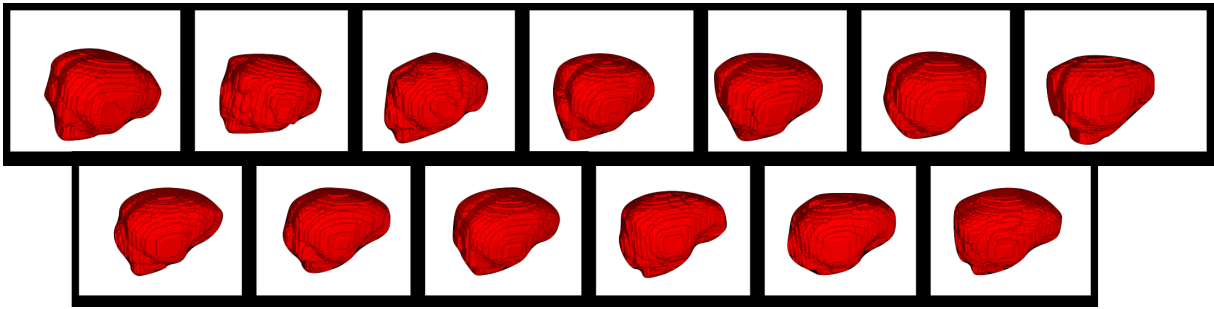


FIGURE 3.2 – Modèles 3D des cerveaux de porcelets extraits automatiquement.

Pour chaque porcelet, la sphère a été placée sur le point référence calculé précédemment pour initialiser les modèles déformables et ainsi extraire le cerveau (voir les cerveaux 3D résultant de l'extraction Figure 3.2). Les cerveaux de porcelets automatiquement extraits ont été comparés aux cerveaux segmentés manuellement en utilisant l'indice de similarité. L'indice de similarité moyen a été mesuré à 0.86 (classés entre 0.81 et 0.91, avec un écart type de 0,04). La qualité du résultat ayant également été vérifié visuellement. L'indice de similarité étant calculé à partir de :

$$SI = 2 * \frac{\sum(A \cap M)}{\sum(A)/\max(M) + \sum(M)/\max(A)} \quad (3.1)$$

avec *auto* l'image 3D du cerveau extrait automatiquement et *manual* l'image 3D du cerveau extrait manuellement.

Bien que ces résultats soient prometteurs, il est nécessaire de faire d'autres expérimentations sur des bases de données plus grandes (seulement 13 porcelets ont été considérés dans ce rapport) pour pouvoir valider l'approche proposée. Concernant la dernière étape qui consiste à extraire le cerveau utilisant les modèles déformables, les paramètres ont été ajustés manuellement pour obtenir un modèle 3D du cerveau visuellement acceptable. Expérimenter sur une plus grosse base de données nécessiterait néanmoins une optimisation

automatique de ces paramètres, dans le but de quantifier objectivement le meilleur indice de similarité. L'hypothèse initiale sur l'invariabilité anatomique des positions relatives entre les deux yeux et le nez apparaît donc pertinente par rapport à notre objectif de retrouver une estimation acceptable du centre du cerveau (comparé à une estimation basée sur le barycentre de la tête entière). De plus, les variations observées sur les positions relatives apparaissent suffisamment faibles pour effectuer un appariement d'hypergraphes correct basé sur la détection des deux yeux et du nez.

Chapitre 4

Conclusion

A la suite de ces expérimentations sur 13 porcelets, l'approche que l'on a utilisée semble prometteuse, notamment puisque l'on se base sur des connaissances *a priori* qui sont faciles à formuler puisqu'elles sont qualitatives. D'un point de vue méthodologique, ce travail permet également d'illustrer comment la perception d'une scène (i.e les relations qualitatives de haut niveau : "Les yeux et le nez forment un triangle", "Les yeux sont plus foncés que le reste de la tête") peut être reliée aux propriétés de bas niveau d'une image (Les intensités et coordonnées de l'image dans notre cas) et aux algorithmes (Par exemple, un seuillage binaire dans notre cas).

L'étape suivante serait l'évaluation complète du processus sur une base de données beaucoup plus importante. La méthode proposée est basée sur les relations spatiales entre les structures de la tête du porcelet qui pourraient changer de manière significative, par exemple, avec l'âge du porcelet (La distance entre les yeux et le nez). Pour passer outre cette limitation, une amélioration serait l'adaptation du score utilisé pour l'appariement d'hypergraphes pour que ce dernier ne soit pas dépendant des distances entre les structures. On prévoit alors de favoriser d'autres aspects de la structure crânienne comme la symétrie du triangle et la sphéricité des yeux (Le score dépendant alors des deux arrêts et nœuds de l'hypergraphe)

Une des perspectives d'amélioration de ce travail serait l'application de cette approche sur d'autres animaux ou d'autres régions anatomiques.

Bibliographie

- [1] Jose Bernal, Kaisar Kushibar, Daniel S. Asfaw, Sergi Valverde, Arnau Oliver, Robert Martí, and Xavier Lladó. Deep convolutional neural networks for brain image analysis on magnetic resonance imaging : a review. *Artificial Intelligence in Medicine*, pages 64–81, 2019.
- [2] I. Bloch. Fuzzy sets for image processing and understanding. *Fuzzy Sets and Systems*, 281 :280–291, 2015.
- [3] O. Colliot, O. Camara, and I. Bloch. Integration of fuzzy spatial relations in deformable models - application to brain MRI segmentation. *Pattern Recognition*, 39 :1401–1414, 2006.
- [4] Chelli N. Devi, Anupama Chandrasekharan, Sundararaman V.K., and Zachariah C. Alex. Automatic segmentation of infant brain MR images : With special reference to myelinated white matter. *Biocybernetics and Biomedical Engineering*, 37(1) :143 – 158, 2017.
- [5] O. Duchenne, F. Bach, I. Kweon, and J. Ponce. A tensor-based algorithm for high-order graph matching. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 33(12) :2383–2395, 2011.
- [6] J.-B. Fasquel, V. Agnus, J. Moreau, L. Soler, and J. Marescaux. An interactive medical image segmentation system based on the optimal management of regions of interest using topological medical knowledge. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 82 :216–230, 2006.
- [7] J.-B. Fasquel and N. Delanoue. An approach for sequential image interpretation using a priori binary perceptual topological and photometric knowledge and k-means based segmentation. *Journal of the Optical Society of America A*, 2018.
- [8] J.-B. Fasquel and N. Delanoue. A graph based image interpretation method using a priori qualitative inclusion and photometric relationships. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2019.
- [9] Hexia Gan, Quanzeng Zhang, Han Zhang, Yue Chen, Jianzhong Lin, TaiShan Kang, Jiaying Zhang, Frederic A. Troy, and Bing Wang. Development of new population-averaged standard templates for spatial normalization and segmentation of MR images for postnatal piglet brains. *Magnetic Resonance Imaging*, 32(10) :1396 – 1402, 2014.

-
- [10] H Hassanpour, Najmeh Samadiani, and Seyed Mahdi Salehi. Using morphological transforms to enhance the contrast of medical images. *Egyptian Journal of Radiology and Nuclear Medicine*, 46 :481–489, 02 2015.
 - [11] A. Makropoulos, S. J. Counsell, and D. Rueckert. A review on automatic fetal and neonatal brain MRI segmentation. *NeuroImage*, 170 :231 – 248, 2018.
 - [12] A. Moreno, C.M. Takemura, O. Colliot, O. Camara, and I. Bloch. Using anatomical knowledge expressed as fuzzy constraints to segment the heart in CT images. *Pattern Recognition*, 41(8) :2525 – 2540, 2008.
 - [13] Olivier Nempont, Jamal Atif, and Isabelle Bloch. A constraint propagation approach to structural model based image segmentation and recognition. *Information Sciences*, 246 :1–27, 2013.
 - [14] Jesper D. Nielsen, Kristoffer H. Madsen, Oula Puonti, Hartwig R. Siebner, Christian Bauer, Camilla Gøbel Madsen, Guilherme B. Saturnino, and Axel Thielscher. Automatic skull segmentation from MR images for realistic volume conductor models of the head : Assessment of the state-of-the-art. *NeuroImage*, 174 :587 – 598, 2018.
 - [15] Douglas Reynolds. *Gaussian Mixture Models*, pages 827–832. Springer US, Boston, MA, 2015.
 - [16] Stephen M. Smith. Fast robust automated brain extraction. *Human Brain Mapping*, 17(3) :143–155, 2002.
 - [17] Jun Zhou, Tao Wang, Congyan Lang, Songhe Feng, and Yi Jin. A novel hypergraph matching algorithm based on tensor refining. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 57 :69 – 75, 2018.

Résumé — Les cerveaux de porcelets sont de plus en plus considérés comme modèle animal pour représenter le cerveau humain, c'est pourquoi l'étude des cerveaux de porcelets permet de mieux comprendre le développement du cerveau des nouveaux-nés. L'imagerie à résonance magnétique (IRM) est une technique d'imagerie très utile pour pouvoir surveiller le développement du cerveau, c'est pourquoi nous traitons ici les images IRM. L'étude du cerveau se base sur la segmentation interne des structures du cerveau. Pour pouvoir étudier et segmenter ces structures internes, une étape importante est la segmentation du cerveau dans sa globalité. L'un des gros verrous quant à l'étude du cerveau des porcelets est l'extraction automatisée du cerveau dans les IRM. C'est pourquoi l'objectif principal de ce rapport est la création d'une méthode automatisée d'extraction du cerveau dans les IRM. Nous utilisons ainsi les modèles déformables qui ne peuvent pas, dans le cas du porcelet, être initialisés comme pour l'humain. Pour ce faire, nous nous basons sur une méthode originale basée sur l'appariement d'hypergraphes pour initialiser les modèles déformables.

Mots clés : (IRM) Imagerie par résonance magnétique, porcelet, segmentation, modèles déformables, traitement d'image

Abstract — Piglet brains are increasingly considered as an animal model to represent the human brain, so the study of piglet brains provides a better understanding of neonat brain development. Magnetic resonance imaging (MRI) is a very useful imaging technique for monitoring brain development, that is why we are processing MRI images. The study of the brain is based on the internal segmentation of brain structures. In order to be able to study and segment these internal structures, an important step is the segmentation of the whole brain. The main problem of studying the brain of piglets is the automated extraction of the brain in MRIs. That is why the main objective of this report is to create an automated method for brain extraction in MRIs. We use deformable models that cannot be initialized as for humans. To do this, we use an original method based on hypergraph matching to initialize deformable models.

Keywords : (MRI) Magnetic resonance imaging, piglet, segmentation, deformable models, image processing

Structural information and (hyper)graph matching for MRI piglet brain extraction

A. Durandeu¹, J.-B. Fasquel¹, I. Bloch², E Mazerand³, P Menei^{3,4}, C. Montero-Menei³, M. Dinomais^{1,5}

¹ LARIS EA7315, Université d'Angers, France

² LTCI, Télécom ParisTech, Université de Paris-Saclay, France

³ CRCINA, INSERM, Nantes University, Université d'Angers, France

⁴ Departement of neurosurgery, Centre Hospitalier Universitaire d'Angers, France

⁵ Department of physical and rehabilitation medicine, Centre Hospitalier Universitaire d'Angers, France

Keywords: Structural information, graph matching, hypergraph matching, brain imaging, MRI, piglet

Abstract

In the context of the study of the maturation process of the infant brain, this paper focuses on postnatal piglet brain, whose structure is similar to the one of an infant. Due to the small size of the piglet brain and the abundance of surrounding fat and muscles, the automatic brain extraction using correctly initialized deformable models is tedious, and the standard approach used for human brain does not apply. The paper proposes an original brain extraction method based on a deformable model, whose initialization is guided by *a priori* known relationships between some anatomical structures of the head. This concerns a structural model related to *a priori* known inclusion and photometric relationships between eyes, nose and other internal head entities (fat and muscles). This *a priori* structural information also involves the relative position of both eyes and nose, assumed to be an anatomical invariant similar to a triangle. Using this structural model, our proposal detects both eyes and nose, from which one deduces the brain center, for finally initializing deformable models. Anatomical structures are retrieved by matching observed relationships with those embedded in the *a priori* structural model. This involves graph and hypergraph matching, where hypergraph matching concerns relative position of eyes and nose (ternary constraint related to these 3 entities). The method has been implemented and preliminary experiments have been performed on a set of 6 piglets, to evaluate the accuracy of the brain center localization, the one of the final brain extraction using deformable models. The brain center is correctly localized with a mean error of 1.7 mm, underlying the relevance of the approach. The mean similarity index has been measured to be of 0.85 (with a standard deviation of 0.04). More generally, this work illustrates the potential of considering high level *a priori* known relationships, related to anatomical invariants, managed using graph and hypergraph matching.

1 Introduction

Piglets are increasingly used as an animal model for human infants due to the fact that their brain structure and function are similar to the ones of infants [1]. Therefore, studying piglet brain helps to better understand the maturation process of infant brains, and to anticipate future neuro-developmental disorders [2]. Magnetic resonance imaging (MRI) is a useful image modality for monitoring this maturation process [1, 3]. A major difficulty concerns the automated segmentation of brain structure from MR images. Although many works have been achieved for human infant brains [3], few has been done for piglets. We can mention a recent work which focused on the building of piglet brain atlas [1], in order to automate the segmentation of internal brain structures using an atlas-based approach, as often considered for human brains. A difficulty concerns the automated segmentation of the entire brain, being a crucial preliminary step before segmenting internal structures. For instance, in [1], the entire brain mask is manually drawn, this being really time consuming, and unappropriate for building of large databases of segmented piglet brains. Due to the abundance of muscle and fat in the piglet's head [1], techniques considered for human brain cannot be applied. For instance, we can mention the widely used BET algorithm (Brain Extraction Tool) [4, 5]. This algorithm uses deformable models initialized by a sphere centered on the center of mass of the entire human head. This is appropriate for human head due to the surrounding thin skull allowing a relevant estimate of the brain center of mass, this being difficult for piglet, due to the previously mentioned abundance of muscle and fat.

This work aims at overcoming this limitation, by initializing deformable models using the relative position of piglet brain with respect to eyes and nose, appearing as dark anatomical structures that are assumed to be easy to segment. This proposal constitutes the main contribution of this work, providing an entire fully automated brain segmentation technique, allowing to then perform the segmentation of internal brain structures [1]. The proposed approach is based on the *a priori* knowledge of the photometric, topological and spatial structure of piglet head. In our case, we consider another approach based on a qualitative *a priori* knowledge related to the perception of

the structure of the head in the image (spatial relationships as well as photometric and inclusion ones). For instance, eyes and nose appear darker than any other structure (photometric relationships), and belong to the piglet head (inclusion relationships). The nose and both eyes represent three points, that are spatially similar to a triangle (spatial relationships). Such a kind of approach facilitates the declaration of the model (i.e. *a priori* relationships) used for interpreting the scene content [6, 7, 8, 9, 10, 11, 12]. This overcomes the limitation of techniques based on deep learning (see [13] for a recent review of such a technique for brain imaging) that is well known to be efficient but requires a really large learning database, often difficult to acquire and to annotate. Such a structural approach has already shown its potential for medical image analysis, where, for instance, the *a priori* knowledge of spatial and photometric relationships between anatomical and pathological structures can help in guiding interpretation [8, 9, 10, 11, 12]. A major difficulty is to fill the gap between the high level structural knowledge and low level image properties (i.e. at voxels level) [6, 7]. Structural information is often expressed as a graph of relationships between structures and image interpretation is regarded as a graph matching problem. This graph matching can be seen as a set of binary constraints to be verified, regarding inclusion and photometric relationships in our case. In this work, we also consider ternary constraints that we propose to express as a hypergraph matching problem [14, 15]. In our case, hypergraph matching is required to recover the three structures (both eyes and the nose) that are declared to be similar, in terms of spatial relationships, to an isosceles triangle (ternary constraint). The localization of these three structures allows to estimate the center of mass of the brain, assuming that its relative position (with respect to eyes and nose) is stable over piglets. Deformable models, initialized by a sphere centered at this center of mass, are finally used, as for the human brain, to recover the entire piglet brain.

Section 2 presents the proposed approach, including an overview of the entire processing sequence. Preliminary experiments are presented in Section 3, before concluding in Section 4.

2 Method

2.1 Overview

The proposed approach depicts several steps, summarized by Figure 1. It is based on *a priori* known relationships, detailed in Section 2.2. From the initial MR image (Figure 1-A), nose and eyes candidates are first recovered (Figure 1-B, detailed in Section 2.3) using *a priori* inclusion and photometric relationships, with an approach that is similar to one recently proposed [7]. Step C, being formulated as a hypergraph matching problem [14, 15], aims at recovering the nose and both eyes, this being detailed in Section 2.4. The brain is finally segmented using a deformable model initialized by a sphere placed at brain center, this center being estimated relatively to previous localized nose and eyes (Figure 1-D, detailed in Section 2.5).

2.2 A priori structural model

The *a priori* structural model is based on relationships between four structures of the piglet head: nose, both eyes and remaining internal head structures (mainly muscles and fat). We consider that the image I is composed of a set of regions $R(u)$, $u \in N$, with $N = \{\text{MF}, \text{Leye}, \text{Reye}, \text{Nose}\}$ (MF, Leye and Reye respectively stands for “muscles and fat”, “left eye” and “right eye”). Relationships are represented by three graphs, embedding inclusion relationships ($G_{T,m} = (N, A_{T,m})$ graph, where the subscript “T” stands for topology), photometric relationships ($G_{P,m} = (N, A_{P,m})$ graph, where the subscript “P” stands for photometry) and spatial relationships ($G_{S,m} = (N_S, A_{S,m}, \mu_m)$ graph, where the subscript “S” stands for spatial). Spatial relationships concern the relative position of structures. For $G_{S,m}$, the set of nodes is $N_S = N \setminus \{\text{MF}\}$, because the considered spatial relationships do not involve muscles nor fat (see Figure 1-C). The subscript m stands for model. These relationships are related to a qualitative description of the scene content, that could be expressed by notions such as “A is included in B” (inclusion relationships), “A is brighter than B” (photometric relationships), “A is similarly bright as B” (photometric relationships), “the distance between A and B is about 50 mm” (spatial relationships and semi-qualitative description).

Concerning $G_{T,m} = (N, A_{T,m})$, edges (A_T set) correspond to inclusion relationships [6, 7], defined by (see Figure 1-B):

$$i \xrightarrow{T} j \Leftrightarrow R(i) \subsetneq R(j). \quad (1)$$

Concerning $G_P = (S, A_{P,m})$, edges ($A_{P,m}$ set) denote order relations between mean intensities of regions [6, 7], and are defined by (see Figure 1-B):

$$i \xrightarrow{P} j \Leftrightarrow \bar{R}(i) \leq \bar{R}(j), \quad (2)$$

$$i \xleftrightarrow{P} j \Leftrightarrow \bar{R}(i) \simeq \bar{R}(j), \quad (3)$$

where $\bar{R}(i)$ is the mean intensity value of region $R(i)$:

$$\bar{R}(i) = \sum_{p \in R(i)} \frac{I(p)}{|R(i)|} \quad (4)$$

Concerning $G_{S,m} = (N_S, A_{S,m}, \mu_m)$, edges ($A_{S,m}$ set) correspond to distances between regions, related to edges attributes defined by the μ_m function:

$$\forall (i, j) \in A_S, \mu_m(i, j) = d(R(i), R(j)). \quad (5)$$

In our case, the considered distance is the euclidean distance between region barycenters.

Both $G_{T,m}$ and $G_{P,m}$ graphs are only used to detect nose and eyes candidates, merged into a single image region (Figure 1-B, detailed in next Section 2.3). The $G_{S,m}$ graph is then used to retrieve each eye and the nose from this region (detailed in Section 2.4).

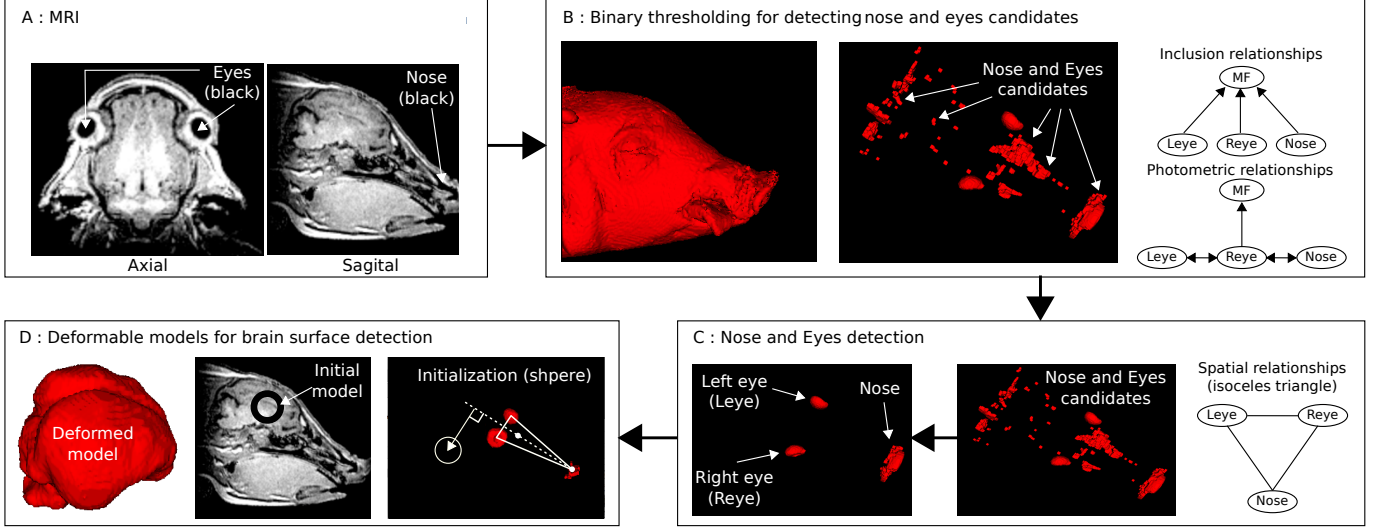


Figure 1. Overview of the proposed brain segmentation approach, based on *a priori* known relationships (inclusion, photometric and spatial relationships) between different entities: MF (standing for muscles and fat), Leye (left eye), Reye (right eye) and Nose. From the MR image (A), one detects nose and eyes candidates (B), knowing that they are included in MF (inclusion relationships) and darker than MF (photometric relationships, where ‘ \leftrightarrow ’ declares similar intensities). The C step recognizes the nose and both eyes, by analyzing the relative position of candidates. The D step aims at recovering brain boundaries using deformable models initialized by a sphere placed at the brain center, being estimated from the position of the nose and both eyes.

2.3 Nose and eyes candidates detection

This step corresponds to Figure 1-B. The processing line for this step starts by segmenting the entire head of the piglet, mainly based on a binary thresholding, leading to the MF entity. Nose and eyes candidates are then searched using a binary thresholding constrained to the region of interest defined by this head region, according to inclusion relationships declaring that targets (i.e. eyes and nose) belong to head ($G_{T,m}$). The region of interest is automatically computed from the *a priori* knowledge (inclusion relationships) and the contextual knowledge (fact that the region $R(\text{MF})$ is identified), as detailed in [7]. As considered in [7], a binary thresholding is considered because, according to *a priori* photometric relationships, only two classes C_1 and C_2 of photometrically different structures are assumed to belong to the region of interest (declared in $G_P = (S, A_{P,m})$): $C_1 = \{\text{MF}\}$ (bright) and $C_2 = \{\text{Leye}, \text{Reye}, \text{Nose}\}$ (black). This identification is performed by a simple exact graph matching approach, based on photometric information only [7]. It involves the photometric graph $G_{P,r} = (M, B_{P,r})$ (“r” stands for real image), built from measured intensities of both classes ($M = \{C_1, C_2\}$). This graph is then matched with the model graph $G_{P,m}$, to automatically identify that C_2 corresponds to the nose and both eyes.

Even if only basic image processing operators are involved, this approach aims at facilitating the guidance of operators (i.e. ROI, number of classes for thresholding) and the identification of outputs (i.e. nose and eyes candidates), based on a simple preliminary declaration of observed relationships.

2.4 Nose and eyes detection

This step corresponds to Figure 1-C. The purpose is to find the three regions corresponding to $N_S = \{\text{Leye}, \text{Reye}, \text{Nose}\}$, that are initially merged, together with artefacts, within the region corresponding to the previously mentioned C_2 entity. We propose to exploit *a priori* known spatial relationships, corresponding to the undirected graph $G_{S,m}$. For this, one first builds the graph associated with the real image: $G_{S,r} = (M, B_{S,r}, \mu_r)$, where “r” stands for real image. The purpose is to find the best matching g between the sets N_S and M . Because $M \neq N_S$, one faces an inexact graph matching problem [6]. In our case, we have the following constraint on g : $\forall i \in N_S, \exists! j \in M \mid g(i) = j$ and $\forall (i, j) \in N_S^2, i \neq j \Leftrightarrow g(i) \neq g(j)$. By considering an association matrix X ($X_{i,j} = 1 \Leftrightarrow j = g(i)$), we can define the set P of all possible matchings verifying these constraints [14]:

$$P = \{X \in \{0, 1\}^{|N_S| \times |M|} \mid \sum_{i=1}^{|N_S|} X_{i,j} \leq 1, \sum_{j=1}^{|M|} X_{i,j} = 1\} \quad (6)$$

In our case, one can exploit some inter-edge properties such as the symmetry of both eyes. This means the matching must be expressed so that it can support such ternary constraints (i.e. constraints regarding simultaneously the three nodes and edges of the model). This can be formulated as a hypergraph matching problem [14, 15], corresponding to hypergraphs $\bar{G}_{S,m} = (N_S, \bar{A}_{S,m})$ and $\bar{G}_{S,r} = (N_S, \bar{A}_{S,r})$. In our case, a hyperedge is defined by a set of three nodes. The set of hyperedges $\bar{A}_{S,m}$ contains a single element: $\bar{A}_{S,m} = \{(\text{Leye}, \text{Reye}, \text{Nose})\}$. The set of hyperedges $\bar{A}_{S,r}$ contains all possible sets of three

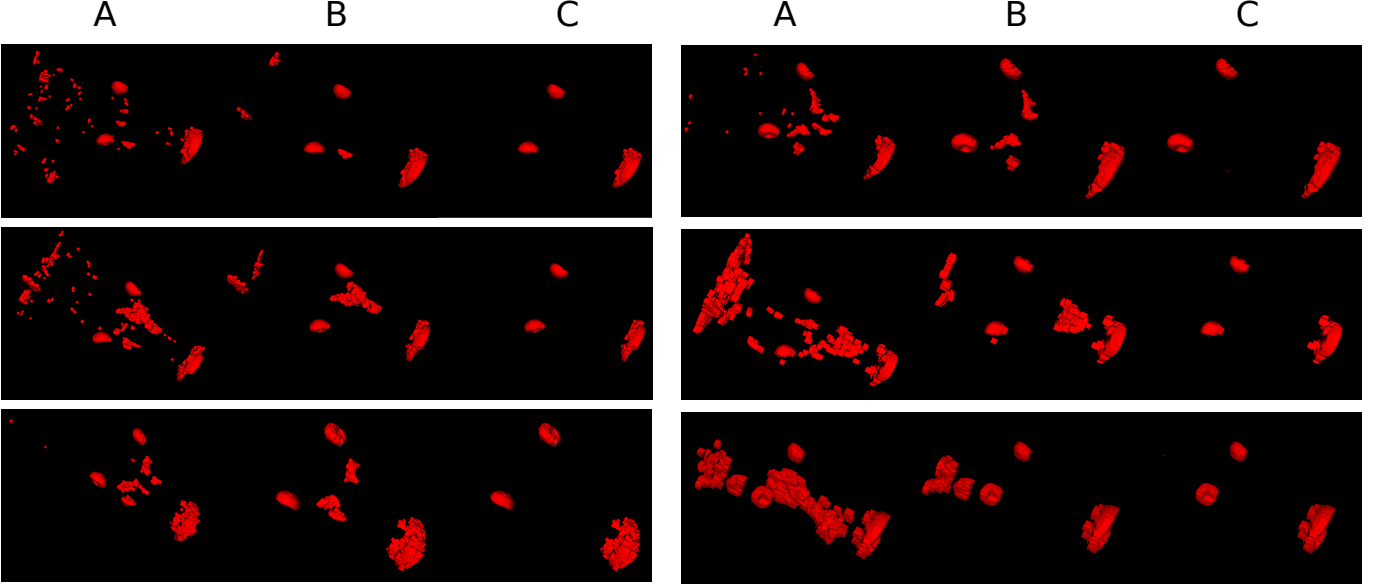


Figure 2. Matching results over the 6 piglets. A: After thresholding. B: After filtering (removal of small connected components). C: Recovered eyes and nose, resulting from the hypergraph matching with the model.

elements of M : $\bar{A}_{S,r} = \{(i, j, k) \in M^3\}$.

As in [14], we consider a tensor formulation of hypergraph matching, using a 6D supersymmetric tensor H , used to evaluate a score S of a matching $X \in P$:

$$S(X) = \sum_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2} H_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2} X_{i_1, i_2} X_{j_1, j_2} X_{k_1, k_2} \quad (7)$$

The product $X_{i_1, i_2} X_{j_1, j_2} X_{k_1, k_2}$ is equal to 1 if and only if points $(i_1, j_1, k_1) \in \bar{A}_{S,m}$ are, respectively, matched to the points $(i_2, j_2, k_2) \in \bar{A}_{S,r}$. In this case, it will add $H_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2}$ to the total score function and 0 otherwise. Note that the tensor H is supersymmetric because invariant under permutations in (i_1, j_1, k_1) or (i_2, j_2, k_2) . H represents a similarity measure between matched triangles:

$$\forall (i_1, j_1, k_1) \in \bar{A}_{S,m}, (i_2, j_2, k_2) \in \bar{A}_{S,r}, \\ H_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2} = \exp(-d_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2}) \quad (8)$$

where $d_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2}$ can be considered as the similarity distance for the considered matching. This term is assumed to embed the properties related the underlying geometric structure (i.e. isosceles triangle). In this paper, focusing on a preliminary study, we only consider the difference between edges length of matched triangles:

$$d_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2} = |\mu_m(i_1, j_1) - \mu_r(i_2, j_2)| \\ + |\mu_m(i_1, k_1) - \mu_r(i_2, k_2)| + |\mu_m(j_1, k_1) - \mu_r(j_2, k_2)| \quad (9)$$

The final matching X^* is the matching $X \in P$ maximizing the score S :

$$X^* = \operatorname{argmax}_{X \in P} (S(X)) \quad (10)$$

Note that, due to the symmetry of the triangle, both identified eyes can be flipped by the matching, with respect to the model. In our case, this is managed by comparing their relative position, at head boundaries, with respect to the barycenter of the piglet head.

2.5 Brain segmentation

This step corresponds to Figure 1-D, where a 3D deformable model is used to retrieve brain boundaries. A key aspect of this step concerns the initialization of the 3D deformable model by a sphere automatically placed at the center of the brain. We consider the 2D coordinate system (O, \vec{i}, \vec{j}) related to the triangle: the center O is the center of mass of the triangle and the two orthonormal vectors are associated to two orthogonal planes the intersection of which corresponding to the line passing through O and the barycenter of the nose (see Figure 1-D). The first plane is coplanar with the triangle. The second one is therefore perpendicular to the triangle. The estimated brain center B is defined, relatively to O by:

$$\vec{OB} = B_x \vec{i} + B_y \vec{j} \quad (11)$$

where B_x and B_y are assumed to be anatomical constants.

3 Experiments

Preliminary experiments aim at evaluating the relevance of this approach, focusing on the retrieval of the brain center from the initial image, as well as on the accuracy of the final brain extraction. One proposes to first study the relevance and the efficiency of the hypergraph matching step, based on the model graph that is assumed to be stable over piglets (anatomical invariant regarding distances between eyes and nose). One also

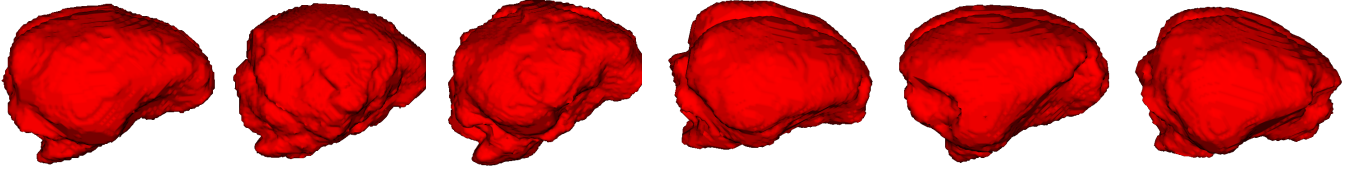


Figure 3. 3D models of automatically extracted piglet brains.

verifies that the position of the brain center with respect to the triangle is stable, to ensure an acceptable initialization of the deformable model. Finally, one evaluates the accuracy the resulting brain extraction.

3.1 Database

These preliminary experiments have been performed on a set of 6 3D MRI images, corresponding to 6 different piglets (2 weeks old piglets). For evaluation purposes, the coordinates of the barycenter of each eyes and of the nose have been manually estimated. This enabled to compute the model $G_{S,m}$ (mean relative distances). One also manually captured the coordinates of a reference point within the brain (barycenter of both lateral ventricles), to be used for deformable model initialization. The brain has also been manually segmented, for evaluating the entire procedure.

3.2 Results

The proposed approach has been implemented using the Python language together with appropriate scientific packages, and the ITK-SNAP software for manually capturing reference coordinates. For the hypergraph matching step, the number of candidates has been reduced by keeping the seven largest ones, in order to reduce computation time. Hypergraph matching has been done by testing all possible cases (set P , in equation 6), without any optimization [14, 15] because the paper focuses on showing the relevance of this hypergraph-matching-based problem formulation rather than on optimizing its implementation.

The *a priori* $G_{S,m}$ model is reported in Table 1 ($\mu_{S,m}$ function, corresponding to distances). Note the weak standard deviation, underlying that spatial relationships seem to be stable over piglets. Although the property of symmetry is not exploited in this preliminary work for hypergraph matching, it appears that the hypothesis of facing an isocles triangle is relevant (distances of both eyes with respect to the nose are strongly similar).

On this set of piglets, the hypergraph matching led to a perfect identification of both eyes and nose, compared to manually identified structures (see Figure 2).

Values of B_x and B_y have been measured to be respectively 3.6 mm and 48.5 mm, averaged over the experimental database. This relative position has been used to evaluate the accuracy of the estimation of the brain center (reference point): the location of this reference point has been computed using

Distance ($\mu_{S,m}$)	Mean (standard deviation)
(Leye, Reye)	47.4 (1.9)
(Leye, Nose)	83.3 (2.3)
(Reye, Nose)	83.8 (2.2)

Table 1. Spatial model $G_{S,m}$, computed for the 6 piglets of the experimental database (mean distance, in millimeters, and standard deviation).

these mean values, and has been compared to manually captured 3D coordinates. The mean error has been measured to be of 1.7 mm (ranging between 0.5 mm and 4.4 mm, with a standard deviation of 1.6 mm), which is negligible with respect to approximative brain size (about 50 mm wide, manually estimated on one image).

For each piglet, the sphere has then been placed at the estimated reference point, to initialize the deformable model to finally extract the brain (see resulting 3D brain models reported in Figure 3). Automatically extracted piglet brains have been compared to manually segmented ones using the similarity index. The mean similarity index has been measured to be of 0.85 (ranging between 0.8 and 0.9, with a standard deviation of 0.04). The quality of the result has also been visually controlled.

Although these preliminary results are promising, additional experiments are required on a larger database (only 6 piglets are considered in this paper), to validate the proposed approach. Concerning the last step regarding entire brain segmentation using deformable models, parameters have been manually tuned to obtain visually acceptable brain surfaces. Experiments on a larger database will involve an automated optimization of these parameters, in order to objectively quantify the best reachable similarity index, maybe better than the one observed on this small database. The initial hypothesis of the anatomical invariance of the relative position between the nose and both eyes appears relevant with respect to our purpose of retrieving an acceptable estimate of the brain center (compared to an estimate based on the barycenter of the entire head). Moreover, observed variations of these relative positions appear low enough to achieve a correct hypergraph-matching-based detection of the nose and both eyes.

4 Conclusion

According to these preliminary experiments, the proposed approach appears to be promising, with the advantage of being based on *a priori* knowledge that is easy to acquire and to formulate. From a methodological point of view, this work also illustrates how the perception of the scene (i.e. qualitative high-level relationships: “brighter than” and “included in”, “triangular structure”) can be connected to low level image features (intensities and coordinates in our case) and algorithms (e.g. binary thresholding in our case).

The next step will concern the experimental evaluation of the entire processing line on a larger database. Our proposal is based on spatial relationships that may significantly vary with, for instance, the age of the piglet (distances between eyes and nose). To overcome this limitation, an improvement would concern the adaptation of our proposal so that the score used for hypergraph matching does not depend on these distances. We plan to favor other aspects such as the symmetry of the triangle and the sphericity of eyes (score depending on both edges and nodes of the hypergraph).

The perspective of this work concerns the application of this approach to other animals and other anatomical regions.

References

- [1] H. Gan, Q. Zhang, H. Zhang, Y. Chen, J. Lin, T. Kang, J. Zhang, F. A. Troy, and B. Wang, “Development of new population-averaged standard templates for spatial normalization and segmentation of MR images for postnatal piglet brains,” *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 32, no. 10, pp. 1396 – 1402, 2014.
- [2] C. N. Devi, A. Chandrasekharan, S. V.K., and Z. C. Alex, “Automatic segmentation of infant brain MR images: With special reference to myelinated white matter,” *Biocybernetics and Biomedical Engineering*, vol. 37, no. 1, pp. 143 – 158, 2017.
- [3] A. Makropoulos, S. J. Counsell, and D. Rueckert, “A review on automatic fetal and neonatal brain MRI segmentation,” *NeuroImage*, vol. 170, pp. 231 – 248, 2018.
- [4] J. D. Nielsen, K. H. Madsen, O. Puonti, H. R. Siebner, C. Bauer, C. G. Madsen, G. B. Saturnino, and A. Thielscher, “Automatic skull segmentation from MR images for realistic volume conductor models of the head: Assessment of the state-of-the-art,” *NeuroImage*, vol. 174, pp. 587 – 598, 2018.
- [5] S. M. Smith, “Fast robust automated brain extraction,” *Human Brain Mapping*, vol. 17, no. 3, pp. 143–155, 2002.
- [6] J.-B. Fasquel and N. Delanoue, “A graph based image interpretation method using a priori qualitative inclusion and photometric relationships,” *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2019.
- [7] J.-B. Fasquel and N. Delanoue, “An approach for sequential image interpretation using a priori binary perceptual topological and photometric knowledge and k-means based segmentation,” *Journal of the Optical Society of America A*, 2018.
- [8] I. Bloch, “Fuzzy sets for image processing and understanding,” *Fuzzy Sets and Systems*, vol. 281, pp. 280–291, 2015.
- [9] J.-B. Fasquel, V. Agnus, J. Moreau, L. Soler, and J. Marescaux, “An interactive medical image segmentation system based on the optimal management of regions of interest using topological medical knowledge,” *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 82, pp. 216–230, 2006.
- [10] A. Moreno, C. Takemura, O. Colliot, O. Camara, and I. Bloch, “Using anatomical knowledge expressed as fuzzy constraints to segment the heart in CT images,” *Pattern Recognition*, vol. 41, no. 8, pp. 2525 – 2540, 2008.
- [11] O. Colliot, O. Camara, and I. Bloch, “Integration of fuzzy spatial relations in deformable models - application to brain MRI segmentation,” *Pattern Recognition*, vol. 39, pp. 1401–1414, 2006.
- [12] O. Nempont, J. Atif, and I. Bloch, “A constraint propagation approach to structural model based image segmentation and recognition,” *Information Sciences*, vol. 246, pp. 1–27, 2013.
- [13] J. Bernal, K. Kushibar, D. S. Asfaw, S. Valverde, A. Oliver, R. Mart, and X. Lladó, “Deep convolutional neural networks for brain image analysis on magnetic resonance imaging: a review,” *Artificial Intelligence in Medicine*, pp. 64–81, 2019.
- [14] O. Duchenne, F. Bach, I. Kweon, and J. Ponce, “A tensor-based algorithm for high-order graph matching,” *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 33, no. 12, pp. 2383–2395, 2011.
- [15] J. Zhou, T. Wang, C. Lang, S. Feng, and Y. Jin, “A novel hypergraph matching algorithm based on tensor refining,” *Journal of Visual Communication and Image Representation*, vol. 57, pp. 69 – 75, 2018.

Structural information and hypergraph matching for MRI piglet brain extraction

A. Durandeu¹, J.-B. Fasquel¹, I. Bloch², E. Mazerand³, P. Menei^{3,4}, C. Montero-Menei³, M. Dinomais^{3,5}

¹LARIS EA7315, Université d'Angers, France

²LTCI, Télécom ParisTech, Université de Paris-Saclay, France

³CRCINA, INSERM, Université de Nantes, Université d'Angers, France

⁴Department of neurosurgery, CHU d'Angers, France

⁵Department of physical and rehabilitation medicine, CHU d'Angers, France



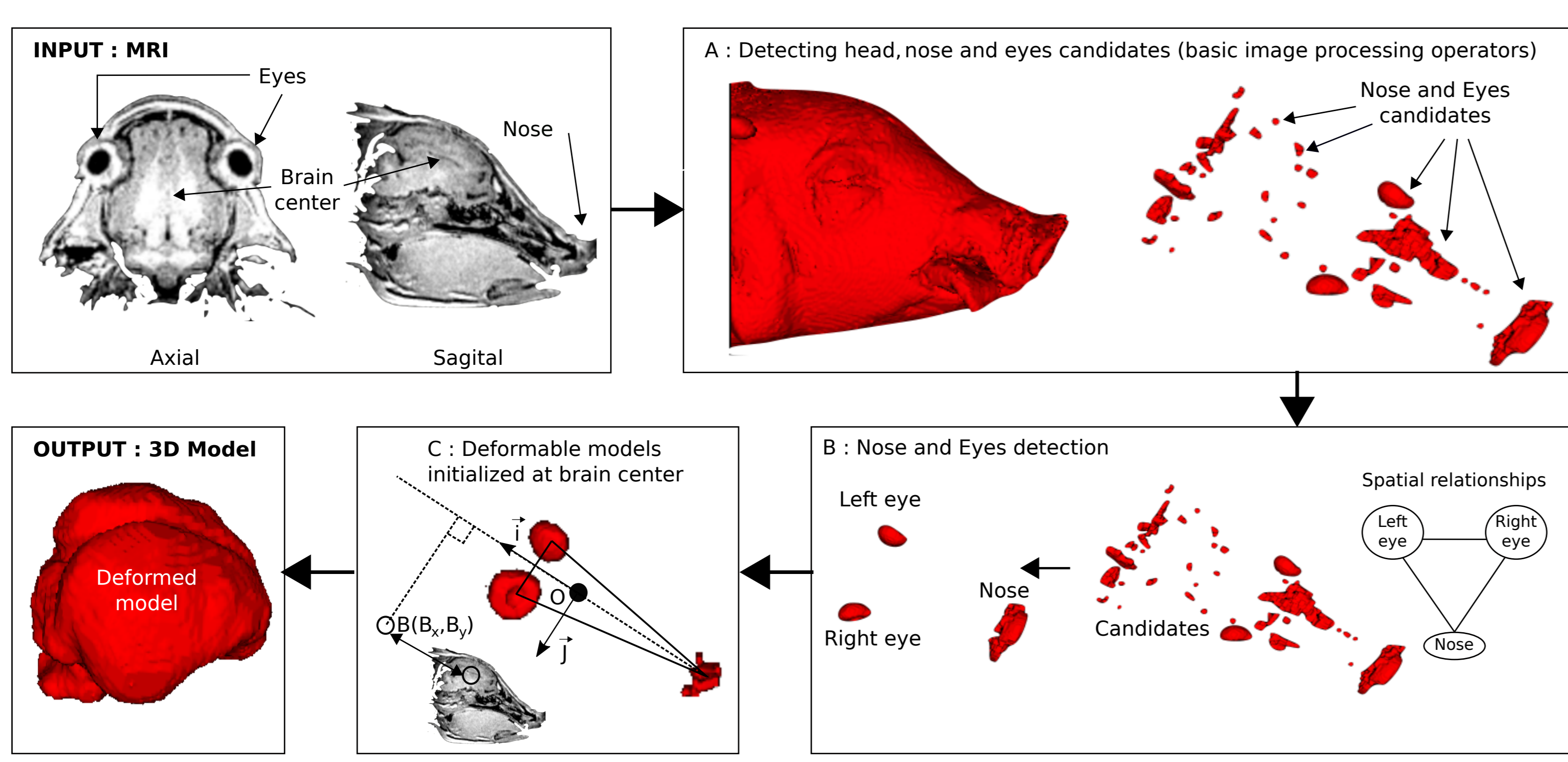
UNIVERSITÉ
angers



Introduction

- Context
 - Study of the maturation process of the infant brain : piglet as a brain model
- Difficulty
 - Piglet brain segmentation : inefficiency of methods used for human brain [1]
- Contribution
 - Use of structural information for automatic piglet brain segmentation [2, 4, 5]
- Proposed approach
 - Hypothesis : stable relative position between brain, nose and eyes
 - Exploitation of this invariance using hypergraph matching

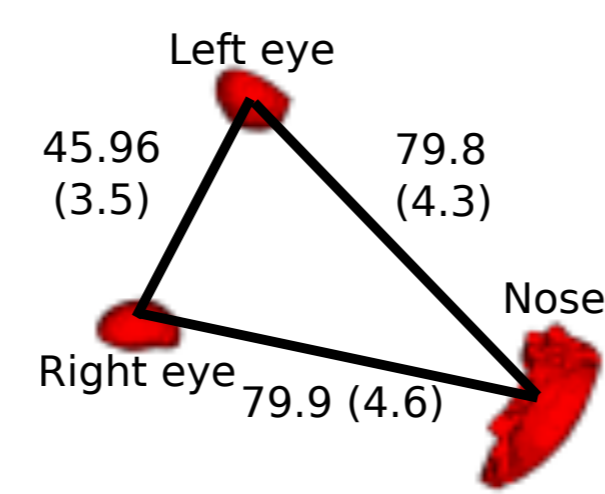
Overview : 3 steps



Experiments

Evaluation protocol

- 13 Piglets (2 weeks old)
- Comparison with :
 - Manual detection of nose and eyes
 - Manual brain segmentation
 - Initialization from head barycenter [3]



Measured distances (mm - mean, SD)

Results

- List of correctly detected nose and eyes (Yes/No)

Piglet	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
Detection	Yes	Yes	Yes	No	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	No	Yes	Yes

- Brain center localization error in millimeters (brain diameter ~ 50 mm)

Piglet	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	Mean
Proposal	2.4	7.0	9.7	46.2	6.3	4.3	1.8	8.3	1.4	2.8	20.4	4.5	3.4	9.1
Head	15.3	9.1	7.2	11.5	16.3	3.3	9.4	7.8	6.3	11.3	8.7	16.0	16.4	10.7

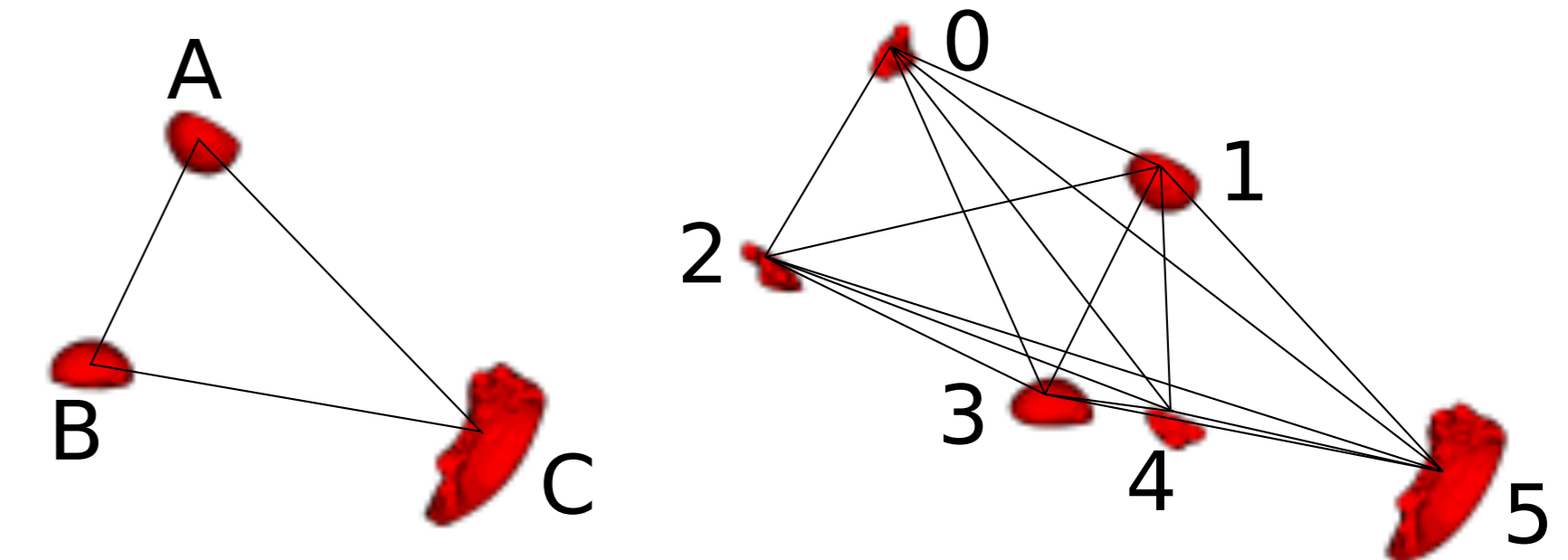
- Accuracy of the brain segmentation (similarity index)

Piglet	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	Mean
Proposal	0.87	0.83	0.89	0	0.87	0.81	0.85	0.92	0.9	0.9	0.31	0.92	0.86	0.76
Head	0.72	0.77	0.9	0.75	0.03	0.83	0.79	0.87	0.87	0.8	0.84	0.09	0.62	0.68

- Conclusion : our proposal leads to better results, except two outliers

Nose and Eyes detection

- Considered information : distance between regions [5]
 - Graphs from model (m) and from real image (r)
 - $G_m = (N_m, E_m, \mu)$ and $G_r = (N_r, E_r, \mu)$
 - Edges are weighted by $\mu: \forall (i, j) \in E, \mu(i, j) = d(R(i), R(j))$



$$G_m = (N_m, E_m, \mu)$$

$$N_m = (A, B, C)$$

$$G_r = (N_r, E_r, \mu)$$

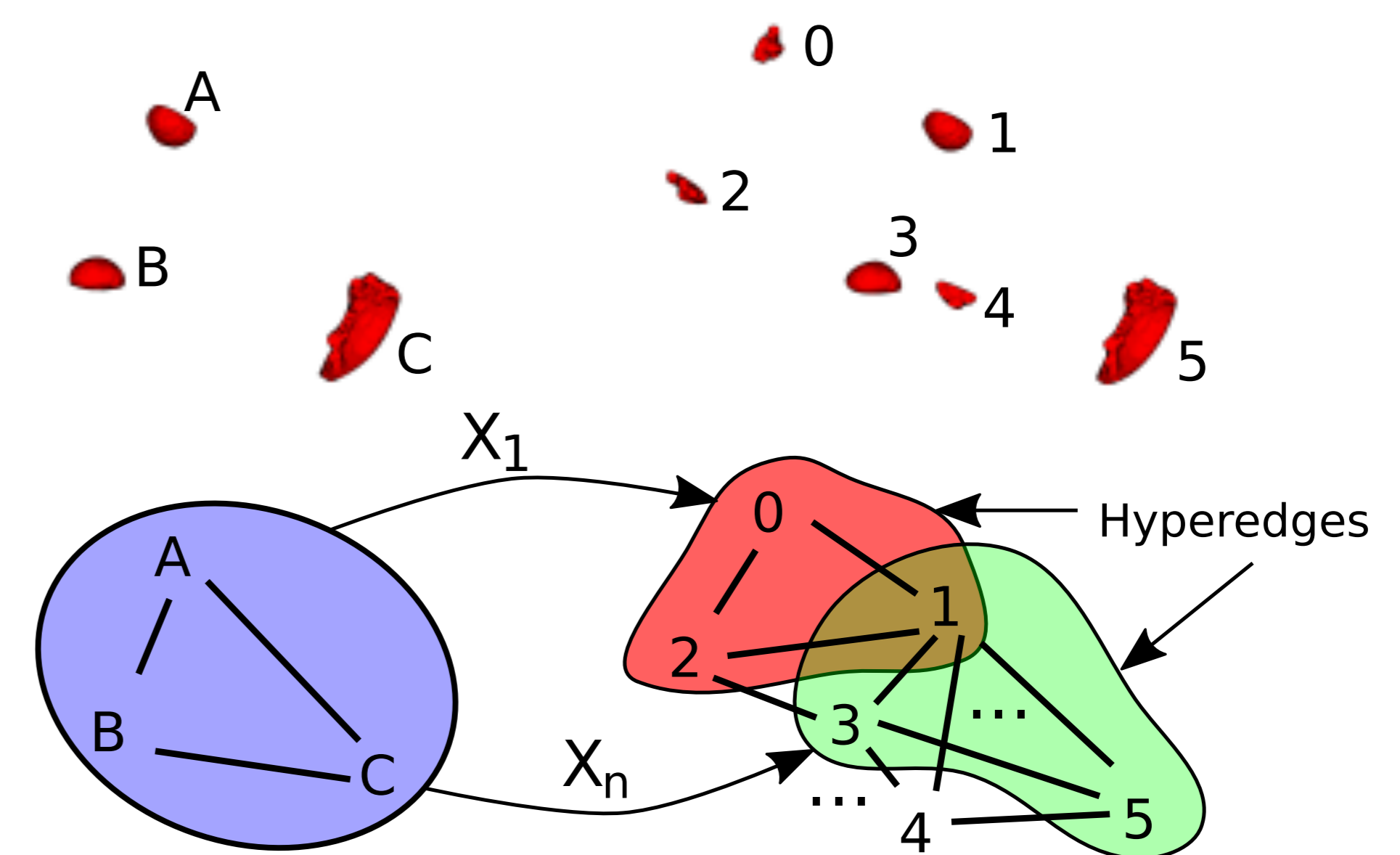
$$N_r = (0, 1, 2, 3, 4, 5)$$

- Identification by hypergraph matching [4]
 - Motivation : ternary constraints on detecting nose and both eyes
 - Hypergraphs $\bar{G}_m = (N_m, A_m)$ and $\bar{G}_r = (N_r, A_r)$ where $A = \{(i, j, k) \in N^3\}$
 - Matching = $\text{argmax}_{X \in P} (S(X))$:
 - $X = \{0, 1\}^{|N_m| \times |N_r|} : (i_1, j_1, k_1) \in N_m^3 \rightarrow (i_2, j_2, k_2) \in N_r^3$
 - $P = \{X \in \{0, 1\}^{|N_m| \times |N_r|} \mid \sum_{i=1}^{|N_m|} X_{ij} \leq 1, \sum_{j=1}^{|N_r|} X_{ij} = 1\}$
 - Tensor formulation of $S(X)$:

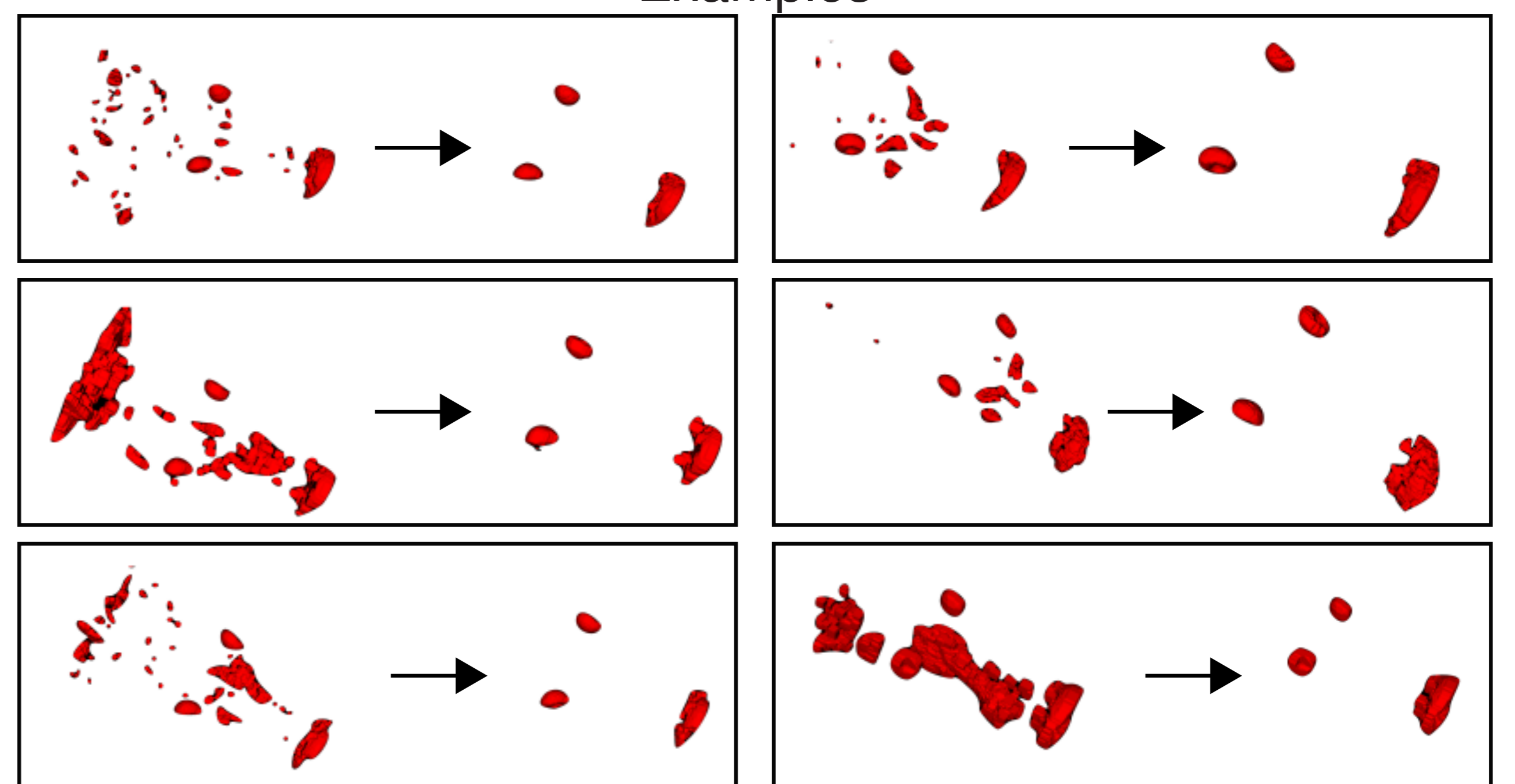
$$S(X) = \sum_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2} H_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2} X_{i_1, i_2} X_{j_1, j_2} X_{k_1, k_2}$$

where

$$H_{i_1, i_2, j_1, j_2, k_1, k_2} = \exp(-(|\mu_m(i_1, j_1) - \mu_r(i_2, j_2)| + |\mu_m(i_1, k_1) - \mu_r(i_2, k_2)| + |\mu_m(j_1, k_1) - \mu_r(j_2, k_2)|))$$



Examples



Conclusion : promising approach for brain localization and segmentation

- Hypothesis of anatomical invariance : observed stability of distances between anatomical structures
- Relevance of hypergraph matching for exploiting anatomical invariance related to relative positions
- Need of hypergraph matching refinement : relative size and sphericity of eyes ?

References

[1] H. Gan et al, "Development of new population-averaged standard templates for spatial normalization and segmentation of MR images for postnatal piglet brains", *Magnetic Resonance Imaging*, 2014

[2] J.B. Fasquel et al, "A graph based image interpretation method using a priori qualitative inclusion and photometric relationships", *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2019

[3] S. M. Smith, "Fast robust automated brain extraction", *Human Brain Mapping*, 2002

[4] J. Zhou et al, "A novel hypergraph matching algorithm based on tensor refining", *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 2018

[5] I. Bloch, "Fuzzy sets for image processing and understanding", *Fuzzy Sets and Systems*, 2015