

Analyse Structurale en Angiographie cardiaque

C. Toumoulin, J. Brieva, J.J Bellanger

Laboratoire Traitement du Signal et de l'image, INSERM, Université de Rennes1,
Campus de Beaulieu, 35042 Rennes Cedex, France.

christine.toumoulin@univ-rennes1.fr, jorge.brieva@univ-rennes1.fr ,
Jean-jacques.bellanger@univ-rennes1.fr

Résumé : Ce travail traite de la formation d'entités cohérentes, les segments ou les branches vasculaires, dans des images coronarographiques obtenues par rayon X. Son objectif est d'une part d'extraire l'information pertinente, préalable à une reconstruction tridimensionnelle à partir de deux projections, et d'autre part d'éliminer les objets extrinsèques présents dans les images. L'approche proposée s'appuie sur des techniques de mise en correspondance de chaînes pour former des triplets constitués de deux lignes contour et d'une ligne centrale. Nous exploitons des chaînes attribuées. La mesure de similarité entre chaînes est obtenue à partir de l'algorithme de Wagner & Fischer. Deux méthodes sont testées, la première opère une mise en correspondance en considérant des associations de chaînes par paires, la seconde propose une mise en correspondance simultanée des trois chaînes.

Abstract : This work is aimed at the extraction of vascular structures and the formation of high level structural entities, i.e vascular branches. The proposed approach is based on a string matching technique to associate two types of lines : contours and centerlines. We use attributed strings and the measure of similarity between these strings is performed using Wagner and Fischer's algorithm. The pairing is first performed from pairwise comparisons, then from the simultaneous three lines matching.

1. Introduction

Parmi les difficultés majeures auxquelles nous sommes confrontés en analyse d'images, les deux premières étapes, comprenant la détection (ou la segmentation) des objets et la formation d'entités structurales décrivant ces objets sont les plus critiques. Ce sont elles qui vont permettre par la suite de les reconnaître, de les reconstruire, de les suivre ou encore d'interpréter globalement les scènes dans lesquelles ils apparaissent. Nous nous plaçons ici dans le cadre de l'extraction des structures vasculaires en angiographie cardiaque (FIG. 1). Les données d'entrées sont des lignes issues d'une détection préalable sur laquelle aucun retour, dans un premier temps n'est envisagé (FIG. 2). La première partie de ce processus de formation d'entités [1] est menée dans un plan image et a pour but de construire des ensembles structurels dénommés « triplets ». L'objectif est d'exploiter la cohérence entre deux types de lignes, les contours et les lignes centrales, pour à la fois éliminer les objets parasites tels que ceux correspondant aux zones de reflux de produit de contraste ou aux artefacts de soustraction et repérer les objets d'intérêt ou tout au moins une partie d'entre eux. Des segments vasculaires cohérents sont ainsi extraits puis associés en s'appuyant sur l'information ligne centrale pour reconstituer des ensembles ou sous ensembles de branches vasculaires.

Une première approche présentée dans [2] [3] s'appuyait sur des concepts de groupements perceptuels. La formation de triplets, menée sur chaque image de la séquence, était obtenue par association de lignes sur la base de critères tels que la proximité, la similarité de forme, la continuité et le parallélisme. Une mise en correspondance spatio-temporelle était ensuite réalisée qui permettait d'exploiter l'information

portée par la séquence pour prolonger les ensembles extraits et reconstituer l'entité branche vasculaire. Elle s'appuyait sur les trajectoires de jonctions élaborées à partir d'une mise en correspondance temporelle des points de bifurcation et sur une mesure de similarité entre lignes centrales. La mise en œuvre effectuée, malgré la pertinence des résultats obtenus (FIG. 3), a souligné la difficulté de formuler de manière suffisamment générique les critères de groupement mentionnés précédemment d'une part et d'autre part de définir des règles de décision robustes pour des primitives de formes libres, bruitées, à faible contraste.

Ce constat nous a amené à nous placer dans le cadre de l'analyse structurale. L'approche proposée s'appuie sur les techniques de mise en correspondance de chaînes. Ces méthodes sont très utilisées en traitement de la parole [4], pour la reconnaissance syntaxique et l'édition de documents [5], l'indexation de systèmes de bases de données ou encore la compression des signaux [6], mais très peu de travaux ont été reportés dans la littérature sur des applications en traitement d'images [7] [8] excepté en biologie cellulaire ou elles sont très utilisées pour la classification de séquences de protéines [9] ou pour l'identification des chromosomes [10].

2. Méthode

L'objectif consiste à évaluer le degré de similarité entre deux chaînes A et B, à travers une métrique dérivée de celle de Damereau-Levenshtein et désignée sous le terme de distance d'édition. Cette distance est définie comme la séquence d'opérations d'édition de coût minimal nécessaire pour transformer la chaîne A en B. Les opérations d'édition considérées sont l'insertion, la suppression et la substitution de symboles. Un coût est associé à chaque opération et la

recherche de l'appariement optimal est formulé comme un problème d'optimisation. Parmi les techniques standards, celle proposée par Wagner & Fischer [11] est la plus classique: elle utilise un algorithme de programmation dynamique pour la recherche d'un chemin de coût minimal dans un graphe.

Cette mise en correspondance nécessite au préalable de définir :

- 1) Le type codage appliqué au signal : chaînes symboliques ou chaînes attribuées. Les premières proposent un codage syntaxique du signal. Les symboles sont alors prédéfinis sur un alphabet borné. Les secondes associent des valeurs numériques à la description symbolique des éléments.
- 2) La fonction de coût: Les coûts reflètent la dissimilarité entre les deux entités représentées par les chaînes A et B. Dans la comparaison des chaînes symboliques, ces coûts sont généralement fixés a priori. La mise en correspondance de chaînes attribuées utilise un fonction de coût dont les valeurs dépendent des attributs calculés sur chaque élément de la chaîne.

Les méthodes de mise en correspondances appliquées dans le cadre de la reconnaissance de formes considèrent des chaînes attribuées pour prendre en considération les propriétés des signaux traités. Il ne s'agit pas de trouver un alignement optimal avec une chaîne prototype ou un sous ensemble commun aux deux chaînes [12], mais d'évaluer un degré de similarité entre des lignes géométriques de longueurs quelconques, ouvertes, représentées par une suite de symboles afin de les associer et de reconstituer des entités de plus haut niveau. La particularité de ce travail réside dans le nombre de lignes impliquées dans l'appariement (nous cherchons à associer trois chaînes, constituées à partir de deux lignes contours et d'une ligne centrale) et dans les caractéristiques de ces lignes. Elles peuvent être spatialement décalées et des contraintes d'ordre topologique sont à respecter comme la position de la ligne centrale entre deux lignes contours ou la distance entre ces lignes, limitée par le diamètre maximal de l'Aorte. Deux méthodes sont comparées, la première fondée sur des associations classiques par paire à partir de l'algorithme de Wagner & Fischer, la seconde propose une mise en correspondance simultanée des trois chaînes en appliquant un algorithme inspiré de ceux développés dans la littérature pour généraliser celui de Wagner & Fischer [13].

2.1 Techniques de Mise en Correspondance

2.1.1 Codage et Fonction de Coût

Codage: Chaque segment de courbe, représenté par une séquence connexe de points $p_q(i)$, est assimilé à une suite de caractères S_q dont le symbole $s_q(i)$ est fonction de la direction du pixel $p_q(i)$ par rapport au pixel $p_q(i+1)$. Les huit directions associées a un voisinage 8-connexes sont codées selon le code de Freeman sur un alphabet fini $\mathcal{R} = \{a, b, c, d, e, f, g, h\}$:

$$S_q = s_q(1)s_q(2)...s_q(i)s_q(i+1)...s_q(n_q-1) \quad (1)$$

ou n_q représente le nombre de pixels dans un segment.

Les attributs associés, caractérisent la direction du gradient ($\vec{g}_q(i)$), la courbure en chaque point du segment ($\vec{t}_q(i)$) et la position du point ($\vec{d}_q(i)$). Un vecteur d'attributs est ainsi définie par :

$$\vec{\xi}_q(i) = [\vec{d}_q(i), \vec{t}_q(i), \vec{g}_q(i)]$$

Fonction de Coût : Une fonction de coût est ensuite définie sur des paires ou des triplets de symboles, associant des mesures de similarité entre les attributs des points à appairer et des mesures évaluant localement le parallélisme et la cohérence de l'appariement. Les coûts introduits sont variables et fonction de la configuration du voisinage.

- 1) Ecart directionnel entre deux symboles $s_q(i)$ et $s_q(j)$ appartenant respectivement aux chaînes S_q et S_q :

$$f_{direction}(s_q(i), s_q(j)) = \frac{1}{2} \text{Min}(v^1, v^2) \quad (2)$$

avec

$$v^1(s_q(i), s_q(j)) = \left| 4 - \left| \text{asc}(s_q(i)) + 4 - \text{asc}(s_q(j)) \right| \right|$$

$$v^2(s_q(i), s_q(j)) = 8 - v^1(s_q(i), s_q(j))$$

où $\text{asc}()$ représente la valeur ascii du symbole. Cette fonction retourne une valeur comprise entre 0 et 2 qui exprime l'écart de direction entre les deux symboles considérés.

- 2) Ecart angulaire entre les tangentes associées à chaque symbole $s_q(i)$ et $s_q(j)$:

$$f_{angulaire}(s_q(i), s_q(j)) = \left| \text{Cos}(\alpha_i) - \text{Cos}(\alpha_j) \right| \quad (3)$$

$$\text{avec : } \cos \alpha_i = \frac{\vec{t}_{S_q(i)} \cdot \vec{d}_{ij}}{\left\| \vec{t}_{S_q(i)} \right\| \left\| \vec{d}_{ij} \right\|}, \quad \cos \alpha_j = \frac{\vec{t}_{S_q(j)} \cdot \vec{d}_{ji}}{\left\| \vec{t}_{S_q(j)} \right\| \left\| \vec{d}_{ji} \right\|}$$

\vec{d}_{ij} représente le vecteur porté par la droite joignant les deux symboles ($s_q(i), s_q(j)$). Cette fonction retourne une valeur nulle lorsque les tangentes sont parallèles et 2 lorsqu'elle sont opposées. La fonction de coût globale, représentant un coût de substitution, est obtenue par la somme des coûts issus des mesures précédentes:

$$\gamma(s_q(i), s_q(j)) = \alpha f_{angulaire}(s_q(i), s_q(j)) + (\alpha - 1) f_{direction}(s_q(i), s_q(j))$$

Où α représente un coefficient de pondération.

Un certain nombre de contraintes sont introduites sous forme de pénalités. Un coût maximal est arbitrairement affecté à une paire ($s_q(i), s_q(j)$) ou à un triplet

(($s_q(i), s_q(j), s_q(k)$) de symboles, lorsque l'une des situations suivantes est rencontrée:

- 1) La distance entre les pixels concernés, est supérieure au diamètre maximal mesuré sur l'Aorte.
- 2) La ligne centrale est localisée en dehors de la région délimitée par les lignes contours.
- 3) Les vecteurs direction du gradient en ces points, présentent un écart angulaire supérieur à $90^\circ \pm \Delta$ (fixé a priori). En effet si les deux contours appartiennent à un même vaisseau, les directions du gradient aux deux points situés sur ces deux segments sont opposées et dirigée vers l'intérieur du vaisseau.

2.1.2 Mise en correspondance d'une ligne centrale avec une paire de contours

Nous considérons par la suite, les ensembles de courbes paramétrées $X = \{C_l = (x_l(s), y_l(s)), l = 1..N\}$ pour les contours et $\Lambda = \{L_r = (x_r(s), y_r(s)), r = 1..M\}$ pour les lignes centrales.

Une première méthode propose la mise en correspondance de L_r , C_t et $C_{t'}$ en procédant à des appariements classiques par paires. La similarité entre trois chaînes est évaluée en utilisant deux fois l'algorithme de W. F [Wagner, 74], pour mettre en correspondance deux des trois chaînes puis pour mettre en correspondance la trace ainsi obtenue avec la troisième chaîne. L'inconvénient de cette approche est qu'elle est sensible au choix des deux premières chaînes parmi les trois et que la première étape peut rejeter des informations utiles. De plus, elle n'est pas adaptée à une manipulation de lignes de nature différentes.

Une deuxième méthode propose la mise en correspondance simultanée des trois chaînes. L'objectif est d'établir un appariement optimal représenté par une Trace et une mesure de similarité pour les trois chaînes L_r , C_t et $C_{t'}$. Pour cela un coût Γ est associé à chaque triplet de symboles :

$$\Gamma(c_q(i), c_{q'}(j), l_r(k)) = \gamma(c_q(i), c_{q'}(j)) + \gamma(c_q(i), l_r(k)) + \gamma(c_{q'}(j), l_r(k)) \quad (4)$$

où i, j, k représentent les indices des caractères dans les chaînes. L'appariement optimal est obtenu au moyen d'un algorithme de programmation dynamique qui recherche un chemin optimal dans un treillis parallépipédique pour minimiser la somme des coûts associés à la séquence d'opérations d'édition appliquées aux trois chaînes. La trace obtenue permet de représenter graphiquement les correspondances pour des paires ou des triplets de symboles.

2.2 Procédure de décision globale

Une première étape consiste, pour chaque ligne centrale $L_r \in \Lambda$, à sélectionner un sous-ensemble V_r inclus dans l'ensemble X de segments de contours C_t situés dans son voisinage en appliquant un critère de décision basée sur un calcul de distance euclidienne entre des points de C_t et L_r . Pour chaque ligne centrale L_r , un ensemble de triplets ($L_r, C_t, C_{t'}$) est ensuite constitué en considérant toutes les paires de

contours appartenant à l'ensemble V_r . La trace pour chaque triplet est calculée. Ceux menant à une trace vide sont éliminés. Les triplets pertinents sont retenus sur un critère de similarité de forme fondé sur un coefficient d'intercorrélacion.

3. Résultats

Des tests préliminaires ont été effectués sur des jeux d'images coronarographiques acquises en biplan (General Electric) après opacification par produit de contraste. Les contours et les lignes centrales sont préalablement détectées (FIG. 2). La formation des triplets est illustrée FIG. 4 sur des ensembles de lignes (ou détails) extraits de la FIG. 2. Les exemples sont représentatifs de situations où seule une mise en correspondance partielle est pertinente. La qualité du résultat est visuellement soulignée par la représentation graphique sous forme de segments de droite ou traces obtenues soit en traitant simultanément les trois lignes (FIG. 4 a et c), soit en procédant par paire (FIG. 4 b et d). Les deux méthodes fournissent des résultats comparables. Les traces sont globalement plus homogènes et plus parallèles dans le cas du traitement des trois chaînes. La figure 5 donne un aperçu des segments vasculaires formés sur l'image globale.

4. Conclusion

L'approche par mise en correspondance de chaînes de caractères proposée s'avère à la fois efficace et robuste. Sa mise en œuvre est simple comparativement aux groupements perceptuels et ne nécessite pas l'introduction de seuil a priori. Les résultats sont très proches de la solution fournie par l'approche groupement perceptuel (FIG. 3). Les zones complexes relatives aux bifurcations ou aux croisements de vaisseaux n'ont pas été traitées à ce niveau. Outre la poursuite de la comparaison avec l'approche perceptuelle, l'étape suivante consistera à utiliser l'information portée par la séquence pour établir des relations à la fois spatiales et temporelles entre les triplets et reconstituer l'arbre vasculaire. Cette extension, en cours de développement, s'avère naturelle dans le cadre méthodologique proposé soit en considérant une approche multiligne, soit en s'appuyant sur les traces extraites dans chaque image de la séquence.

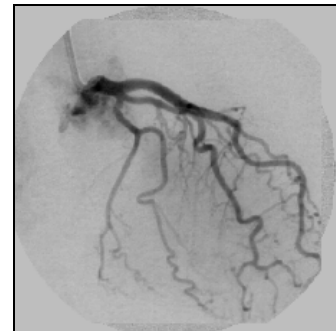


FIG. 1 : Image angiographique cardiaque

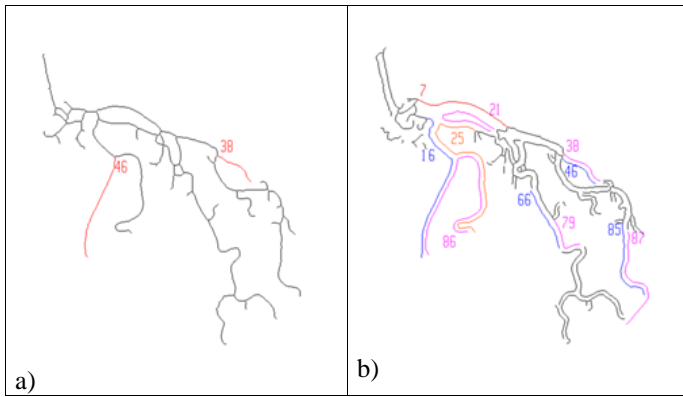


FIG. 2 : (a) Image Ligne Centrale obtenue à partir d'un filtrage adapté, (b) Image Contour obtenue à partir d'un filtre de Carbox

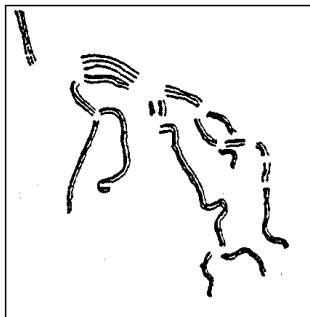


FIG.3 : Triplets obtenus à partir des techniques de groupement perceptuels

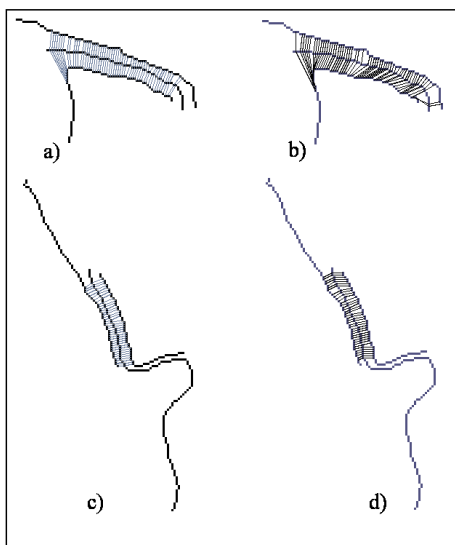


FIG. 4 : L'appariement simultané de trois lignes apparaît en (a) et en (c)., l'appariement par paire en (b) et (d).

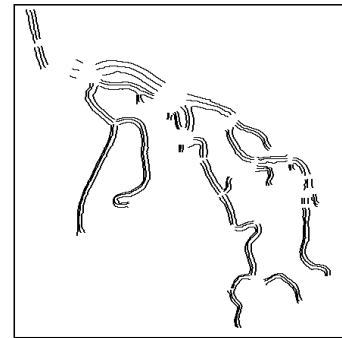


FIG. 5 : Triplets obtenus sur l'ensemble de l'image

Références

- [1] Coatrieux J.L., Toumoulin C., *Computational vision and structural modelling in cardiac vascular network reconstruction*, Medical Imaging Processing, Edited by Yves Goussard, Editions de l'école polytechnique de Montreal, 1998
- [2] Mao F., Toumoulin C., *Fusion de données en coronarographie par groupement perceptuel*, Innovation Tech. Biol. Med., 17, (6) 1996 : 527-540.
- [3] Toumoulin C., Mao F., *Spatio-temporal grouping for the formation of vascular segments in coronarography image sequences*, Technology and Health Care (5), 1997 :383-406
- [4] Rabiner L.R., Juang B.H., *Fundamentals of speech recognition*, Prentice Hall, Englewood Cliffs, N.J., 1998
- [5] Wilfond G. Sinden F., Ruedisueli L., *On line recognition of Handwritten Symbols*, IEEE Trans. PAMI, 18(9), 1996 : 935-940
- [6] Ukkonen E., *A linear time algorithm for finding approximate shortest Common Superstrings*, Algorithmica, 5, 1990 : 313 -323
- [7] Bunke H., Buhler U. *Applications of approximate string Matching to 2D shape recognition*. Pattern Recognition, 26(12), 1993 : 1797-1812
- [8] Chen S.W, Tung S.T., Fang C.Y., *Extended Attributed String Matching for Shape Recognition*, Comp. Vision and Image Understanding, 70(1) 1998 :36-50
- [9] Needleman S.B., Wunsch C.D., *A general method applicable to the search for similarities in the Amino Acid Sequence of Two proteins*, J. Mol. Biol. 48, 1970 : 443 - 453
- [10] Stanley R.J., Keller J.M., Gader P., Caldwell C.W., *Data driven homologue Matching for Chromosome identification*, IEEE Trans. On Medical Imaging, 17(3), 1998 : 451- 462
- [11] Wagner R.A., Fischer M.J., « *The string to string correction problem* », J. ACM 21, 1974 :168-173
- [12] Landraud A., Avril J.F., Chretienne P., *An algorithm for finding a common structure shared by a family of strings*, IEEE Trans. PAMI, 11(8), 1989 : 890-895
- [13] Gotoh O., *Alignment of three Biological Sequences with an efficient traceback Procedure*, J. Theo. Biol., 121, 1986 :327-337