

Identification automatique des régions d'intérêts sur des images tomographiques rénales

Automatic identification of regions of interest
on renal tomographic images

Djamal Boukerroui¹, Wala Touhami²
et Jean-Pierre Cocquerez¹

¹ Université de Technologie de Compiègne, CNRS UMR 6599 Heudiasyc
BP 20529 - 60205 Compiègne Cedex, France

² École Nationale d'Ingénieurs de Tunis
BP 37, Le Belvedere 1002 Tunis

djamal.boukerroui@hds.utc.fr, wala.touhami@gmail.com, jean-pierre.cocquerez@hds.utc.fr

Manuscrit reçu le 18 juin 2008

Résumé et mots clés

Nous proposons, dans le présent papier, une approche originale dans un cadre statistique pour l'identification automatique des reins (sains et pathologiques) sur des images tomographiques bidimensionnelles (CT). Notre approche est constituée de deux phases : une phase de localisation suivie d'une phase de délimitation. La phase de localisation est guidée, d'une part, par un modèle *a priori* spatial et d'autre part, par un modèle *a priori* sur les niveaux de gris, statistiquement appris. La seconde phase consiste à utiliser les résultats de la localisation afin de délimiter la région du rein en utilisant un ensemble de règles. Cette approche est testée sur des images cliniquement acquises et des résultats satisfaisants sont obtenus.

Détection automatique, approche statistique, modèles *a priori*, kyste de rein, CT.

Abstract and key words

We propose, in this paper, an original approach in a statistical framework, for fully automatic delineation of kidneys (healthy and pathological) in 2D CT images. Our approach has two main steps : a localisation step followed by a delineation step. The localisation step is guided by a statistically learned *prior* spatial model in one hand and a grey level *prior* model in a second hand. The second step, utilizes the localisation results in order to precisely delineate the kidney's regions using a set of learned IF-THEN rules. The proposed approach is tested on clinically acquired images and promising results are obtained.

Automatic detection, statistical approach, *prior* models, kidney cysts, CT.

Remerciements

Nous remercions le professeur A. Remond et toute l'équipe médicale du service radiologique du CHU d'Amiens pour les données. Nous remercions le professeur Christophe Ambroise du Laboratoire « Statistique et Génome » de l'université d'Évry pour les discussions sur les arbres de décision ainsi que les relecteurs de la revue *Traitement du Signal* pour leurs critiques constructives. Ce travail est financé dans le cadre d'un contrat de plan État-Région Picardie 2003-2009.

1. Introduction

Le développement et la prolifération rapide des technologies de l'imagerie médicale révolutionne la médecine. L'imagerie médicale permet aux scientifiques et aux médecins de recueillir des informations en scrutant d'une façon non invasive dans le corps humain. Le rôle de l'imagerie médicale est passé au delà de la visualisation simple et de l'inspection des structures anatomiques. Elle est devenue un outil pour la planification et la simulation chirurgicales, pour le dépistage des kystes et des tumeurs, pour le suivi de la progression des maladies, etc. Pour ces raisons, la communauté d'analyse d'images médicales s'est préoccupée du problème fastidieux de l'extraction et d'identification des structures anatomiques. En effet, les processus de segmentation des images médicales et d'identification des structures anatomiques sont des étapes primordiales. Les images scanner de l'abdomen sont particulièrement difficiles à traiter automatiquement pour de nombreuses et diverses raisons. Sans soucis d'exhaustivité, nous citerons les deux plus importantes. Malgré les récents progrès en Tomodensitométrie, les images cliniquement acquises sont caractérisées par la présence d'artefacts du processus de reconstruction, la présence d'artefacts de volume partiel et par un faible contraste entre les frontières de certains organes de densité électronique similaire. Ces caractéristiques écartent la possibilité d'utiliser les techniques standards, telles que la détection de contours ou de classification [15, 31], qui agissent d'une façon aveugle sur les niveaux de gris. La seconde difficulté majeure est anatomique. Elle est due au caractère mou et complexe des différents organes de l'abdomen, introduisant une grande variabilité des structures selon les images et les patients. Cette variabilité augmente sensiblement la difficulté de l'identification automatique des organes et les méthodes traditionnelles de reconnaissance des formes échouent. De plus, cette variabilité anatomique est augmentée par la présence de la pathologie ou par l'injection de produits de contraste. Cette problématique invite donc à une réflexion profonde sur les méthodes de traitements à utiliser. De nombreuses méthodes ont été proposées. Toutes reposent sur une utilisation plus efficace de l'*a priori* sur le problème à résoudre. Dans ce qui suit, nous présentons brièvement un état de l'art des travaux les plus importants qui se rapprochent de notre problématique.

1.1 État de l'art

À notre connaissance, Karssemeijer *et al.* sont les premiers à avoir proposé une approche exploitant des connaissances anatomiques pour extraire les organes sur des images CT de l'abdomen [20]. Une caractéristique importante de la méthode est l'utilisation de zones de recherche pour guider le processus de segmentation d'une structure anatomique donnée. La méthode a été appliquée pour la reconnaissance de la rate avec des résultats encourageants qui suggèrent l'efficacité d'une telle approche.

Kobashi *et al.* [21] ont étudié un système basé sur les connaissances anatomiques pour extraire les organes sur des images CT de l'abdomen. Ils proposent une approche algorithmique composée de deux modules : un module connaissances et un module moteur. Le premier contient les propriétés des organes : leur densité, position, voisinage, etc. Le second gère les méthodes de traitement d'images et d'extraction d'attributs. Le processus d'extraction des organes est incrémental, c'est-à-dire que chaque organe est extrait de toutes les coupes avant de procéder à l'extraction d'un autre organe. Pour cela, les auteurs adoptent une approche reposant sur un seuillage dynamique contrôlé en retour par les propriétés des régions résultantes (aire, position, largeur, etc.).

Archip *et al.* [1] proposent une approche semi-automatique, utilisant une base de connaissances *a priori*, pour la segmentation de la moelle épinière sur des séquences d'images CT. Le principe de leur système se base sur la construction d'une carte anatomique des structures (Anatomical Structures Map). Cette carte est constituée d'un ensemble de propriétés caractérisant les organes et les tissus sains (*e.g.* position relative, forme, plage de densité). L'arrangement spatial des différents organes est également représenté par un réseau sémantique exploitant des relations simples (*e.g.* Est-il gauche, est-il à l'intérieur, etc.). Ensuite, cette carte est introduite dans une architecture, appelée « plan solver », qui oriente le système vers la méthode de segmentation adéquate en utilisant les propriétés définies dans la carte anatomique (seuillage pour la détection des os ou croissance de régions pour le canal vertébral et la moelle épinière). L'équipe de Kaneko a une préférence pour l'utilisation des outils proposés par la théorie de la morphologie mathématique pour résoudre le problème de segmentation et de reconnaissance des organes abdominaux. Un nouvel outil, le chapeau haut de forme différentiel est proposé et utilisé pour la segmentation automatique des différentes structures abdominales. Une étape de séparation et de reconnaissance d'organes est effectuée basée essentiellement sur des statistiques *a priori* de position et de taille. La méthode est testée sur 4 séquences d'images [19]. Cette approche nous semble intéressante mais nécessite de plus amples expérimentations.

Lee *et al.* [23] proposent un système d'identification de différents organes abdominaux, présents sur des images tomographiques. Leur approche est basée sur des règles floues. En un premier lieu, les niveaux de gris et l'information contextuelle de voisinage sont utilisés pour classifier les pixels de l'image en utilisant un réseau de neurones. Ensuite, un ensemble de descripteurs flous de forme et de position (position relative, distance relative, compacité, etc.) est calculé sur les régions segmentées afin de reconnaître les différents organes.

Les relations spatiales des différentes structures abdominales sont également utilisées dans un algorithme hiérarchique de segmentation dans [6]. Dans cette approche, l'extraction d'un organe repose sur des informations issues d'autres informations plus simples à obtenir. En d'autres termes, l'algorithme exploite les organes déjà détectés afin de restreindre l'espace de recherche des structures restantes. Ainsi la peau, les structures

osseuses, les poumons, les reins puis le foie sont détectés automatiquement dans l'ordre.

Très récemment, la même équipe a présenté l'utilisation du formalisme flou pour la modélisation des relations spatiales, dans un algorithme automatique de segmentation du coeur, comme organe, sur des images CT [27]. L'originalité de ce travail réside dans l'emploi de ce formalisme pour la modélisation des connaissances anatomiques du coeur, en particulier sa position par rapport aux deux poumons. Cette connaissance est d'abord utilisée pour définir une région d'intérêt. Ensuite, un modèle déformable intégrant ces connaissances anatomiques, est initialisé dans la région d'intérêt pour segmenter le coeur. Le succès de cette méthode repose essentiellement sur la possibilité d'identifier les poumons sans difficulté et de pouvoir, par conséquent les utiliser comme une initialisation des modèles déformables. Par ailleurs, la stabilité relative de la position du coeur entre les poumons a permis l'élaboration d'un modèle de relations spatiales fiable pour la segmentation.

Park *et al.* [30] proposent une approche de segmentation d'images tomographiques 3D dans laquelle l'*a priori* est exprimé sous forme d'un atlas probabiliste des organes abdominaux. La segmentation est effectuée dans un cadre bayésien avec un *a priori* markovien exploitant l'information de l'atlas. L'association d'un atlas est largement répandu pour résoudre la segmentation du cerveau, mais son utilisation devient très problématique sur les régions abdominales car la construction de l'atlas nécessite la résolution d'un problème de recalage très difficile (voir *e.g.* [7, 42]). Dans ce travail, les auteurs ont proposé d'effectuer un recalage pour chaque organe séparément, ce qui nécessite l'intervention de l'utilisateur pour la détection de l'organe. L'atlas probabiliste, couplé avec une méthode de segmentation du type ensembles de niveaux, améliore les résultats [34].

Une autre façon de résoudre des problèmes de segmentation difficiles est de faire appel aux Modèles Actifs de Formes (MAF), initialement introduit dans [8, 9]. L'idée est de rechercher la solution dans un espace plus restreint en utilisant un modèle de forme paramétrique, obtenu par l'Analyse en Composantes Principales (ACP) d'un ensemble d'exemples représentatifs de la forme recherchée. Le problème de mise en correspondance des points, qui est un des inconvénients majeurs des MAF, a été solutionné – plus précisément évité – par le modèle implicite de forme de Leventon *et al.* [24]¹. Dans ce dernier, l'ACP est appliquée sur des représentations implicites des formes de l'objet, *i.e.* en utilisant la fonction distance signée. Ainsi, ils s'adaptent mieux aux récentes méthodes de segmentation variationnelles (voir [11] pour un état de l'art sur les différentes méthodes du domaine). L'application de ces modèles a permis de résoudre de nombreux problèmes de segmentation en imagerie médicale

(*e.g.* [16, 24, 35, 40, 41, 43]). Cependant les approches qui imposent des *a priori* statistiques de formes, souffrent de certaines limitations, notamment l'hypothèse gaussienne de la distribution des formes de l'ensemble d'apprentissage. Quelques travaux ont été faits pour palier à cet inconvénient majeur [10]. Très récemment, une autre alternative robuste au problème de mise en correspondance des points dans la création du modèle de forme, a été utilisée avec succès pour la segmentation 3D des reins sur des images CT. Une base de données de 41 acquisitions est exploitée [35]. L'information de forme, modélisée d'une façon plus classique, *i.e.* via un vecteur de caractéristiques locales, apparaît également dans [39], pour la segmentation des reins sur des images scanner 3D. Un modèle déformable paramétrique est utilisé. Cette approche a la particularité d'être automatique. Une méthode d'initialisation automatique du modèle déformable est proposée. Elle consiste principalement en deux étapes : la première définit une position *a priori* des régions des reins par rapport à la région abdominal ; la seconde recherche une position plus précise du rein en utilisant un motif (template). Lin *et al.* [25] proposent une variante de l'étape de localisation de Tsagaan *et al.* [39] pour localiser un germe dans le rein, puis ils utilisent un simple algorithme de croissance de région pour le segmenter. Les statistiques des résultats sont encourageantes, cependant, dans toutes les images de test les reins sont fortement contrastés.

Nous avons résumé ci-dessus quelques travaux développés récemment pour l'identification ou la segmentation avec une modélisation de l'information *a priori*. Notons que deux types d'information sont essentiellement utilisées. Une information de position de l'objet d'intérêt et une information sur la forme et/ou l'apparence de l'objet. Un autre point partagé par les approches présentées est leur application commune aux problèmes de segmentation où la variabilité de la région recherchée est limitée, *i.e.* des organes sains ou dont la pathologie n'introduit pas une grande variabilité de forme ou d'apparence. La nécessité de l'intervention de l'utilisateur, dans certaines d'entre elles, est également problématique pour notre application. Enfin, les quelques approches automatiques existantes, travaillent sur des données tridimensionnelles.

Dans ce travail, nous nous intéressons à identifier automatiquement les régions des reins sains ou pathologiques sur des images CT bidimensionnelles, avec ou sans produit de contraste. Nous entendons par pathologique, des reins avec un ou plusieurs kystes. Comme nous allons le voir sur les exemples présentés, les kystes introduisent une grande variabilité de forme et d'apparence, qui nous a contraint à abandonner les solutions présentées ci-dessus. Le fait de travailler sur des images 2D, augmente la variabilité de position et de forme du rein. Enfin, rappelons que notre but est seulement de détecter au mieux tout le rein et les kystes. Ainsi, nous tolérerons un rein grossièrement détecté mais pas partiellement détecté.

1. D'autres solutions existent bien sûr. Nous pensons par exemple aux travaux de Cootes et Taylor qui proposent l'application d'algorithmes de sélection de modèles (du type MDL). Voir également [35] pour une proposition plus récente.

2. Architecture globale de l'approche proposée

La méthode proposée pour l'identification automatique des reins s'inscrit dans un cadre statistique. L'observation des images CT de l'abdomen de notre base de données, ainsi que les différentes discussions échangées avec les radiologues nous ont permis de dégager différents descripteurs pertinents caractérisant les reins. En effet, les reins se situent généralement de part et d'autre de la colonne vertébrale et souvent dans la partie inférieure de l'abdomen, sauf dans certains cas où le rein est greffé. Par ailleurs, ils ont en moyenne une densité de 30 Unités Hounsfield (UH) sur les tissus sains, sans kyste ni tumeur. Ces propriétés suggèrent la possibilité de guider leur identification en utilisant un modèle *a priori* sur la position spatiale et un modèle *a priori* sur les niveaux de gris. La question qui se pose ensuite est de savoir utiliser les modèles construits pour détecter les reins. Pour y répondre, nous proposons une approche originale et automatique. Elle est composée de deux phases. Une première phase de localisation des reins et une deuxième phase de détection.

- **Phase de localisation des reins:** L'utilisation d'un modèle statistique de la position spatiale et des niveaux de gris des régions d'intérêt est la clé de succès de cette phase.

- **Phase de détection des reins:** Ici, tout le rein est détecté par une méthode de type agrégation de régions en partant de celles détectées dans la première phase.

3. Phase de localisation des reins

Elle est basée sur l'estimation de modèles statistiques *a priori* de la position spatiale et des niveaux de gris, qui seront utilisés pour conduire le processus de localisation. Le schéma de la figure 1 présente cette phase composée essentiellement de deux étapes :

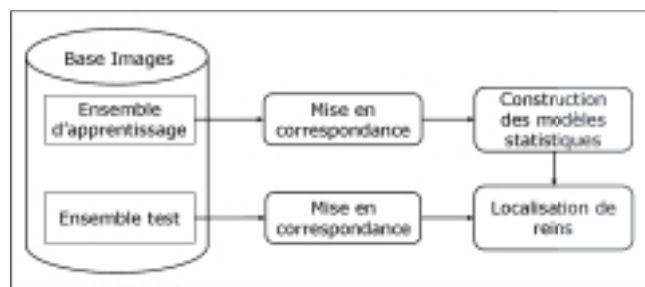


Figure 1. Organisation de la méthode de localisation des reins.

- Une étape de construction des modèles statistiques *a priori*: elle permet de modéliser les deux caractéristiques discriminantes des reins, à savoir la position spatiale et la distribution des niveaux de gris. Un ensemble d'apprentissage d'images CT de l'abdomen permet d'estimer un premier modèle *a priori* spatial et un second modèle *a priori* sur les niveaux de gris des reins.

- Une étape de localisation: le problème de la localisation prend la forme d'un problème d'optimisation d'un critère prenant en compte les modèles *a priori* déjà construits pour localiser deux fenêtres sur les régions des reins.

Nous décrivons en détail ces deux étapes dans les paragraphes suivants.

3.1 Modélisation de l'information *a priori*

La modélisation de l'*a priori* constitue la clé de notre approche d'identification automatique des reins. Nous souhaitons modéliser la variation de la forme ainsi que la variation des niveaux de gris des reins, à partir d'un ensemble d'apprentissage constitué de N images abdominales noté $A = \{A_i, i = 1...N\}$. Comme nous nous intéressons aux reins gauche et droit, la notation (g, d) est adoptée pour les désigner.

Soient Ω le support spatial d'une image et \mathcal{L} l'ensemble des niveaux de gris. Nous définissons un champ aléatoire $Y = \{y_s, s \in \Omega, y_s \in \mathcal{L}\}$, décrivant les observations et un champ aléatoire binaire $X = \{x_s, s \in \Omega\}$ tel que :

$$x_s = \begin{cases} 1 & \text{si le pixel } s \text{ appartient au rein} \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

Ainsi, l'image A_i est la réalisation y^i du champ aléatoire Y . Une réalisation x^i du champ X peut être construite en segmentant manuellement les régions des reins en utilisant les données y^i .

3.1.1 Modèle *a priori* spatial

Les régions des reins segmentées manuellement sont utilisées pour modéliser empiriquement l'*a priori spatial* en calculant le champ moyen en chaque site s :

$$p(s) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \frac{x_s^i}{n_i} \tag{1}$$

où n_i est le nombre de pixels de l'image A_i tel que $x_s^i = 1$. Ainsi, nous pouvons construire un modèle *a priori* pour les reins gauche et droit, à partir des images de l'ensemble d'apprentissage.

3.1.2 Modèle *a priori* des niveaux de gris

Soit ω une variable aléatoire, qui prend sa valeur dans \mathcal{L} . De façon similaire au modèle spatial, nous pouvons construire empiriquement un modèle *a priori* de la distribution des niveaux de gris à partir des images des reins segmentées

manuellement. Notons que cet *a priori*, désigné par $p_{\omega}(\cdot)$, est indépendant de la position du pixel dans l'image et il est donné par :

$$p_{\omega}(l) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \left\{ \frac{1}{n_i} \sum_{\{s/x_s^i=1\}} \delta_l(y_s^i) \right\}, \quad (2)$$

ici, y_s^i est la valeur du niveau de gris du pixel s de la $i^{\text{ème}}$ image et $\delta_l(\cdot)$ est la fonction delta en l , définie par :

$$\delta_y(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } x = y, \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

L'équation 2 représente l'espérance, évaluée sur l'ensemble d'apprentissage, des densités régionales de luminance, estimées empiriquement. Pour notre étude, nous disposons d'images injectées avec un produit de contraste, notées (+IV), et d'images non injectées, notées (-IV). Ces deux types d'images ont des plages de densités différentes, par conséquent, il est nécessaire de construire un modèle *a priori* pour chaque type de données. La figure 2 présente les distributions estimées sur une base de 67 images. Notons premièrement l'augmentation de la moyenne des niveaux de gris des images (+IV) due à l'injection du produit de contraste. Remarquons également que l'étendue de la distribution des images (+IV) est plus importante que celle des images (-IV). Ceci est dû essentiellement à l'hétérogénéité des niveaux de gris des régions des reins sur les images (+IV). En effet, nous disposons d'images acquises à différentes phases de la propagation du produit de contraste dans les tissus du rein, ce qui a pour effet d'augmenter l'hétérogénéité des tissus rénaux, et par conséquent la variance de la distribution des intensités observées.

3.2 Prétraitement des images

La construction d'un modèle spatial *a priori* des reins requiert un ensemble d'apprentissage constitué d'images bien recalées afin d'éviter au maximum les variations de position des diffé-

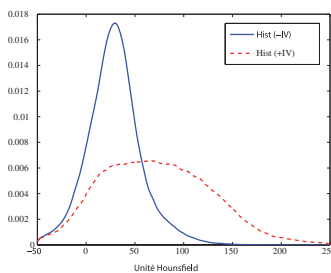


Figure 2. Modèle *a priori* des niveaux de gris pour les images sans produit de contraste (-IV) (courbe en trait continu) et pour les images avec produit (+IV) (courbe en trait discontinu).

rentes régions. Cette problématique relève du recalage d'images [18, 26, 29]. Notons qu'ici seules les régions des reins sont importantes pour la résolution du problème.

Le recalage d'image est un problème très difficile à résoudre et il l'est d'autant plus lorsque les données sont de nature médicale [18]. De nos jours, les performances des méthodes de recalage sont acceptables lorsque la transformation recherchée est globale (rigide, affine) ou quand le champ de déformation est très local (petits déplacements). Leur application reste donc problématique sur des images de l'abdomen et inter-sujet. La grande variabilité de leur contenu (présence de pathologies, morphologie du patient, niveau de coupe, etc.) et la nature molle des tissus rend cette tâche très délicate. En effet, l'hypothèse d'une correspondance point à point n'est manifestement pas réaliste et la recherche d'un homéomorphisme est une tâche illusoire [26]. Nous pouvons néanmoins citer les travaux de Park *et al.* [30]. Les auteurs effectuent un recalage élastique sur des images abdominales afin de construire un atlas probabiliste. Cependant, ce recalage est effectué sur chaque organe abdominal séparément, qui est détecté au préalable manuellement.

La construction de notre *a priori* spatial doit être précédée d'un recalage élastique des données. Cette étape est très délicate à réaliser automatiquement et nécessite que les deux images à recaler ne soient pas trop différentes. Notons qu'il est souvent précédé d'un recalage rigide. Pour cette raison, nous avons jugé utile de commencer par tester les performances d'un recalage rigide. Notre choix s'est porté sur une méthode relativement récente basée sur la maximisation de l'information mutuelle par une approche multirésolution [37]. Nos tests ont confirmé nos craintes quant à la précision et la robustesse des résultats. En effet, les paramètres de la transformation sont souvent mal estimés (minimum local) en particulier dans les situations où le foie occupe un grand espace dans l'abdomen. L'utilisation d'un critère global est donc mal adaptée. Une des récentes directions de recherche pour palier à ce problème est l'utilisation des mesures de similarités locales [7, 26].

Comme alternative, nous avons développé un prétraitement complètement automatique afin de réduire la variabilité spatiale des régions des reins². Ce dernier s'est avéré relativement efficace et bien adapté à notre application. Pour la compréhension de la méthode proposée, quelques définitions s'imposent. Nous présentons à la figure 3 une coupe de l'abdomen, sur laquelle nous avons marqué les différentes parties de l'image. On appelle *champ de vue*, l'image du corps reconstruite à partir des projections des rayons X. Cette image est constituée d'une première couche fine de *peau* ensuite d'une couche de *graisse* et enfin de la *région abdominale*. On entend par *région abdominale* l'enveloppe englobant les différentes structures abdominales sans la peau et sans la couche de graisse. Le trait situé en bas de l'image sous le *champ de vue*, représente la table sur

2. Ce travail est développé indépendamment des travaux de Tsagaan *et al.* [39]. Nous n'avons pris connaissance de ces travaux que depuis la publication de Lin *et al.* [25].

laquelle le patient est allongé. Notons que cette trace n'apparaît pas sur toutes les images.

L'observation des images de notre base de données (e.g. Fig. 5) nous a permis de constater que la variation de la position des reins dans l'abdomen est due essentiellement aux facteurs suivants :

- i) L'épaisseur de la couche de graisse se trouvant autour de la région abdominale, qui est spécifique à chaque patient.
- ii) La position du champ de vue dans l'image, qui dépend du processus d'acquisition.
- iii) La taille du champ de vue dans l'image, qui dépend de la physiologie du patient.
- iv) La variation de la résolution spatiale des différentes images de la base, qui s'étend de 0.5703 à 0.9746 mm par pixel.

Il apparaît évident que le prétraitement devra atténuer, voire éliminer, les effets de ces facteurs afin de réduire la variabilité de la position spatiale des reins. Pour ce faire, nous proposons une méthode qui commence par détecter la région abdominale dans chaque image. Puis, toutes les régions abdominales détectées sont rééchantillonnées pour qu'elles aient toutes la même dimension.

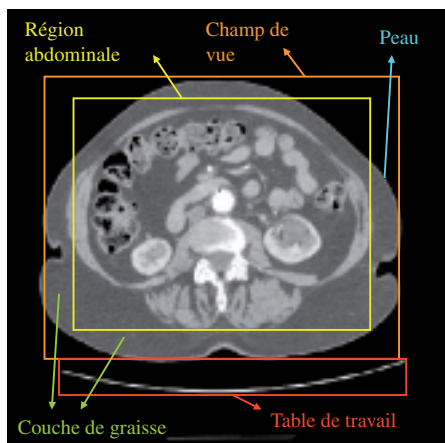


Figure 3. Un exemple d'image CT de l'abdomen avec une description des différentes parties la constituant.

3.2.1 Délimitation de la région abdominale

La première étape permet d'éliminer la couche de graisse ainsi que la fine couche de peau se trouvant autour. Les différentes phases de cette méthode sont détaillées ci-dessous :

- i) Un premier masque, appelé masque extérieur, est obtenu en appliquant un seuillage sur l'image. Le seuil est choisi égal à $-200 HU$, de telle sorte que toutes les structures abdominales et la table soient détectées. Une fois le masque créé, une opération d'ouverture, avec un disque de rayon 7 pixels, est appliquée afin d'éliminer la trace de la table. Ensuite, une opération d'érosion, avec un disque de rayon 10 pixels, est appliquée dans le but d'effacer, cette fois, la fine couche de peau. Le masque extérieur résultant est illustré par la figure 4(b).
- ii) La création d'un deuxième masque ne contenant pas les tissus graisseux, appelé masque intérieur, est obtenu avec une

seconde opération de seuillage. Sur des images CT, la densité de la graisse varie entre -50 et $-100 HU$. Nous avons donc choisi un seuil égal à $-40 HU$. Les pixels isolés restant suite à cette opération de seuillage sont éliminés en utilisant une opération d'ouverture avec un élément structurant carré de taille 3×3 pixels. Le masque créé est présenté à la figure 4(c).

iii) Finalement, les deux masques binaires résultant de ces deux opérations sont combinés avec un ET logique pour détecter la région abdominale, délimitant les différentes structures abdominales en éliminant la couche de graisse et la trace de la table. L'image résultante est présentée à la figure 4(d).

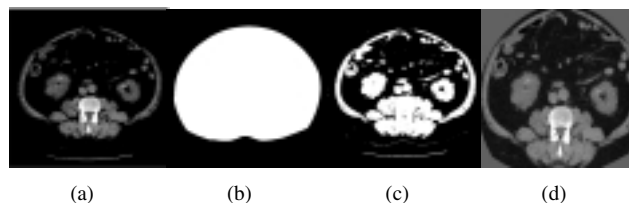


Figure 4. Détection de la région abdominale. a) Exemple d'une image CT; b) Le masque extérieur créé pour éliminer la peau et la table de travail; c) Le masque intérieur créé pour éliminer la couche de graisse sous la peau; d) La région abdominale détectée.

3.2.2 Redimensionnement

Les images dont nous disposons ont des résolutions spatiales différentes. Dans un premier temps, les régions abdominales détectées sont donc redimensionnées chacune à (dx^i, dy^i) , i étant le numéro de l'image, pour avoir la même résolution spatiale ($1mm^2$). Les régions ainsi obtenues sont ensuite redimensionnées pour avoir toutes les mêmes dimensions (\hat{dx}, \hat{dy}) que nous avons choisies d'approcher par la moyenne des (dx^i, dy^i) ; i.e.

$$(\hat{dx}, \hat{dy}) = (\mathbb{E}[dx^i], \mathbb{E}[dy^i])$$

où \mathbb{E} est l'espérance mathématique. Cela bien évidemment nécessite un rééchantillonnage des données. Nous avons jugé qu'une interpolation bilinéaire est suffisante pour notre application.

Quelques exemples d'images prétraitées sont montrés figure 5. Ce prétraitement est utilisé pour la construction des modèles spatiaux *a priori* pour les reins gauche et droit. Ces modèles sont présentés à la figure 6(b). La différence visuelle entre ces modèles et ceux construits en utilisant les images originales sans prétraitement (Fig. 6(a)) semble légère, mais quand ils sont utilisés pour la localisation des reins, cela aboutit à des taux de réussite très différents. Tous ces résultats sont présentés dans la section 5.

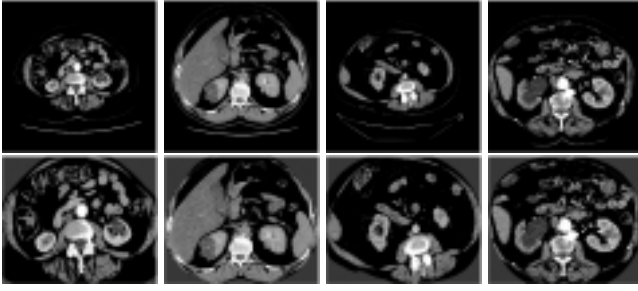


Figure 5. Exemples d'images CT et leurs régions abdominales détectées en utilisant la méthode de prétraitement proposée.
1^{ère} ligne) Images CT originales; 2^{ème} ligne) Régions abdominales détectées.

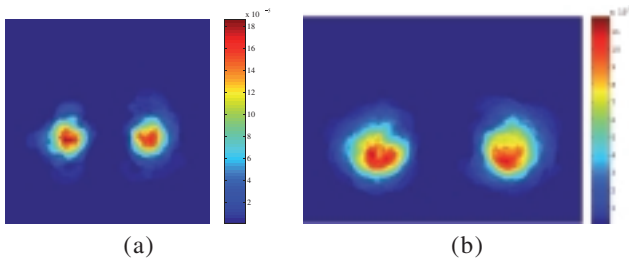


Figure 6. Modèles a priori spatiaux construits pour les reins gauche et droit en utilisant: a) les images sans prétraitement, b) les images prétraitées avec la méthode proposée.

3.3 Algorithme de localisation des reins

Nous avons formulé le problème de la localisation des reins comme un problème d'optimisation d'un critère qui permet de positionner deux fenêtres, notées f_g et f_d , respectivement sur les reins gauche et droit. L'appartenance d'un pixel s à une fenêtre f de support spatial $\Omega_f \subset \Omega$ est définie au sens statistique³, *i.e.* par une variable aléatoire $Z = \{z_s, s \in \Omega, z_s \in \mathbb{R}^2\}$, dont la densité de probabilité $p_Z(z_s)$, est caractérisée par :

$$\sum_{s \in \Omega} p_Z(z_s) = \sum_{s \in \Omega_f} p_Z(z_s) = 1$$

Le critère à optimiser prend en compte les modèles *a priori* de la position spatiale et des niveaux de gris d'une part et la propriété de symétrie des reins d'autre part. En effet, les reins se trouvent de part et d'autre d'une vertèbre et sont quasi symétriques. Cette symétrie sera caractérisée par une mesure de corrélation au sens statistique entre les niveaux de gris des deux fenêtres. Cette mesure est plus forte quand les deux fenêtres détectées contiennent des tissus de même nature. Nous proposons comme critère la fonction de coût suivante :

3. L'indice f relatif à la fenêtre sera occasionnellement remplacé par g ou d dans les expressions où la distinction sera nécessaire, et ce pour toutes les variables relatives à la fenêtre. Nous noterons par exemple par Ω_g le support spatial de la fenêtre gauche.

$$J(f_g, f_d, \Theta) = \frac{1}{2} \sum_{i \in \{g, d\}} \{E_{pdf}(f_i) + \lambda_1 E_{spat}(f_i)\} + \lambda_2 E_{sym}(f_g, f_d) \quad (3)$$

où $\lambda_1 \in \mathbb{R}^+$, $\lambda_2 \in \mathbb{R}^+$ sont des hyperparamètres, permettant de pondérer la contribution du terme spatial et du terme de symétrie dans la fonction de coût. Ce critère est minimisé par rapport à la variable $\Theta = \{s_g, s_d\}$ représentant respectivement les centres des fenêtres gauche f_g et droite f_d . Les différents termes qui le composent sont décrits ci-dessous.

3.3.1 Attache aux données, $E_{pdf}(f)$

Ce terme mesure la distance entre la distribution des niveaux de gris du modèle *a priori*, $p_\omega(l)$ et la distribution des niveaux de gris de la fenêtre f , notée $p_{\omega_f}(l)$, $l \in \mathcal{L}$, qui est définie par :

$$p_{\omega_f}(l) = \sum_{s \in \Omega_f} \delta_l(y_s) p_Z(z_s), \quad \forall l \in \mathcal{L}. \quad (4)$$

La théorie sur les tests d'hypothèses nous est particulièrement utile pour le choix de la mesure de distance entre les deux distributions [12, 28]. Plusieurs mesures statistiques existent, nous en avons choisi deux : la divergence de Kullback-Leiber et la mesure du test de Kuiper [32]. E_{pdf} sera donc égale à l'une des deux expressions suivantes :

$$D_{KL}(p_{\omega_f} \parallel p_\omega) = \sum_{l \in \mathcal{L}} p_{\omega_f}(l) \log \frac{p_{\omega_f}(l)}{p_\omega(l)}, \quad (5)$$

$$D_{KP}(p_{\omega_f}, p_\omega) = \max_{l \in \mathcal{L}} [F_{\omega_f}(l) - F_\omega(l)] \quad (6)$$

$$+ \max_{l \in \mathcal{L}} [F_\omega(l) - F_{\omega_f}(l)]. \quad (7)$$

où F_ω et F_{ω_f} sont les fonctions de répartition respectives aux distributions p_ω et p_{ω_f} .

3.3.2 Contrainte spatiale $E_{spat}(f)$

Soit $S = \{s \mid s \in \Omega, p(s) > 0\}$, où $p(s)$ est la probabilité du pixel s dans le modèle spatial *a priori* défini par l'équation 1. La probabilité que la fenêtre f soit incluse dans le rein (*i.e.* la probabilité que $\Omega_f \subset S$) est donnée par :

$$p(\Omega_f) = \sum_{s \in \Omega} p(s) p_Z(z_s) = \sum_{s \in \Omega_f} p(s) p_Z(z_s). \quad (8)$$

Nous définissons le terme spatial, à un signe près, comme étant le logarithme de cette probabilité :

$$E_{spat}(f) = -\ln p(\Omega_f). \quad (9)$$

Ainsi, si $p(\Omega_f)$ tend vers 1, alors $E_{spat}(f)$ tend vers 0 et inversement plus la probabilité est faible, plus le terme E_{spat} devient important.

3.3.3 Symétrie gauche-droite $E_{sym}(f_g, f_d)$

Le troisième terme permet de mesurer la similarité statistique entre les fenêtres gauche f_g et droite f_d . Pour ce faire, nous avons choisi parmi les mesures existantes, celles qui sont largement utilisées par la communauté de traitement d'images, à savoir l'information mutuelle et le coefficient de corrélation.

- **L'information mutuelle**: Elle mesure la dépendance statistique entre les deux fenêtres f_g et f_d . Elle est donnée par :

$$MI(f_g, f_d) = \sum_{l_g \in \mathcal{L}} \sum_{l_d \in \mathcal{L}} p(l_g, l_d) \log \frac{p(l_g, l_d)}{p_g(l_g) p_d(l_d)},$$

dans laquelle,

$$p(l_g, l_d) = \sum_{s \in \Omega_g} \delta_{l_g}(y_s) \delta_{l_d}(y_{\tilde{s}}) p_Z(z_s)$$

est la loi jointe et $p_g(\cdot)$ et $p_d(\cdot)$ sont les marginales respectives de f_g et f_d . \tilde{s} étant le pixel de la fenêtre droite correspondant au pixel s de celle de gauche. Comme le rein gauche est la version miroir du rein droit, un retournement gauche droite est effectué sur l'une des fenêtres avant le calcul du terme de symétrie.

- **Le coefficient de corrélation**: Il mesure la dépendance linéaire entre les deux fenêtres. Il est défini par :

$$\rho(f_g, f_d) = \frac{\sum_{l_g \in \mathcal{L}} \sum_{l_d \in \mathcal{L}} l_g l_d p(l_g, l_d) - \mu_g \mu_d}{\sigma_g \sigma_d}.$$

Ici, μ_i et σ_i sont respectivement la moyenne et l'écart type de $p_g(\cdot)$ et $p_d(\cdot)$. Nous cherchons à maximiser ces mesures ou encore à minimiser l'énergie suivante :

$$E_{sym}(f_g, f_d) = -MI(f_g, f_d), \text{ où } E_{sym}(f_g, f_d) = -\rho(f_g, f_d).$$

3.4 Mise en oeuvre de l'algorithme d'optimisation

Comme la fonction de coût telle qu'elle a été définie auparavant n'est pas dérivable, nous nous sommes orientés vers des méthodes d'optimisation qui utilisent seulement l'évaluation de la fonction (*i.e.* sans aucune information du gradient). Nous avons utilisé la méthode de Nelder-Mead [22]. Elle permet d'optimiser les fonctions non linéaires à n variables en utilisant seulement les valeurs de la fonction, sans aucune information du gradient (implicite ou explicite). Chaque itération commence avec un simplexe à $(n + 1)$ sommets et les valeurs de la fonction évaluées en chaque sommet. Un ou plusieurs points candidats sont calculés et l'itération se termine par un nouveau simplexe, différent, de telle sorte que les valeurs de la fonction en ces sommets satisfassent une condition de descente comparée au simplexe précédent. L'algorithme de Nelder-Mead est particulièrement parcimonieux – comparé à d'autres méthodes de recherche directe – puisque, en pratique, une ou deux évaluations sont effectuées pour construire le nouveau simplexe.

Le problème majeur de ce type de méthodes est l'initialisation. Pour cela, nous avons choisi d'initialiser l'algorithme avec M points tirés uniformément parmi ceux ayant une probabilité non nulle dans le modèle spatial *a priori* du rein (*i.e.* $p(s) > 0$). L'algorithme de minimisation converge en M minima locaux. Ensuite, le minimum optimal est sélectionné comme étant le minimum des minima locaux.

3.5 Choix de la forme de la fenêtre

Pour notre problème d'optimisation, nous fixons la même taille pour les deux fenêtres, nous cherchons donc à optimiser la fonction de coût par rapport aux centres de gravité s_g et s_d respectifs de deux fenêtres f_g et f_d .

a) Cas d'une fenêtre carrée :

La fenêtre f définie auparavant peut avoir n'importe quelle forme. Le cas le plus simple est celui d'un carré de taille fixe $(2n + 1) \times (2n + 1)$ avec une loi uniforme pour la densité de probabilité de la variable aléatoire Z :

$$p_Z(z_s) = \begin{cases} \frac{1}{\text{card}(\Omega_f)} & \text{si } s \in \Omega_f, \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

Tous les pixels de la fenêtre ayant le même poids, ils influent donc de manière identique sur la fonction de coût $J(f_g, f_d)$.

b) Cas d'une fenêtre gaussienne :

Nous avons considéré également un cas plus général où la variable aléatoire Z suit une loi gaussienne centrée et de variance σ^2 , fixée au préalable :

$$p_Z(z_s) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} \exp\left(-\frac{\psi(z_s - z_{s_i})^2}{2\sigma^2}\right), \quad (10)$$

où la fonction ψ mesure la distance spatiale entre le pixel s et s_i , le centre de gravité de la fenêtre f_i , $i \in \{g, d\}$. Ainsi la notion de fenêtre locale est progressive et elle est gouvernée par la valeur de σ .

4. Phase de délimitation du rein

Nous nous intéressons, dans cette section, à la seconde phase de l'approche d'identification automatique des reins. Cette phase permet la délimitation automatique des reins en utilisant les résultats de la phase de localisation. Le principe de notre approche consiste à déterminer un ensemble de régions candidates à partir de la fenêtre localisée sur le rein. Ensuite, un ensemble de règles sont apprises en se basant sur les descripteurs de ces régions afin de décider lesquelles appartiennent au rein. Le schéma global de cette phase est illustré par la figure 7. Ses différentes étapes sont décrites en détail dans les paragraphes suivants.

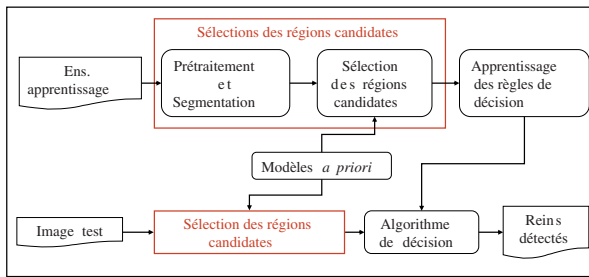


Figure 7. Architecture de la méthode de délimitation automatique des reins.

4.1 Segmentation

La segmentation est effectuée, dans un cadre bayésien, en utilisant le critère du maximum *a posteriori* (MAP) où les observations sont modélisées en utilisant un modèle de mélange de gaussiennes avec un *a priori* modélisé via un champ de Markov caché. En particulier, nous avons mis en oeuvre l'algorithme HMRF-Expectation-maximization, proposé par Zhang *et al.* [44] où l'estimation des paramètres du mélange est obtenue avec l'algorithme EM [13] et la minimisation de la fonction d'énergie est faite à l'aide de l'algorithme déterministe ICM (Iterated Conditional Mode) [2]. Par ailleurs, la minimisation exploite une stratégie hiérarchique des données basée sur une combinaison d'un modèle multi-résolution (pour les observations) et un modèle multiéchelle (pour les étiquettes) [3].

La segmentation est complètement automatique. Toutes les images sont segmentées en un nombre fixe de classes (4 classes) et avec les mêmes paramètres de régularisation markovienne et de l'algorithme de minimisation hiérarchique. Une opération d'étiquetage est ensuite effectuée à l'aide de l'algorithme proposé par Suzuki *et al.* [36]. Cet algorithme, récent, a l'avantage d'être simple et rapide.

4.2 Sélection de régions candidates

L'idée ici, est de considérer les résultats de la première phase de localisation comme un point de départ pour déterminer l'ensemble de régions candidates à une étape de post-traitement. Nous faisons donc l'hypothèse que la fenêtre est bien localisée sur la région du rein. Par conséquent, il est naturel de considérer que toutes les régions ayant une intersection non nulle avec la fenêtre f appartiennent au rein. L'ensemble de ces régions est noté S_1 . Le rectangle englobant l'union des régions de l'ensemble S_1 , noté R_{box} , est ensuite déterminé. Un deuxième ensemble S_2 est défini, il est constitué de toutes les nouvelles régions ayant une intersection non nulle avec le rectangle R_{box} et une intersection nulle avec l'ensemble S_1 , *i.e.* toutes les régions de R_{box} n'appartenant pas à S_1 . Cet ensemble S_2 représente l'ensemble des régions *candidates* qui seront utilisées par la suite dans une étape de post-traitement. Celle-ci est une étape de classification supervisée permettant une identification automatique des régions appartenant au rein.

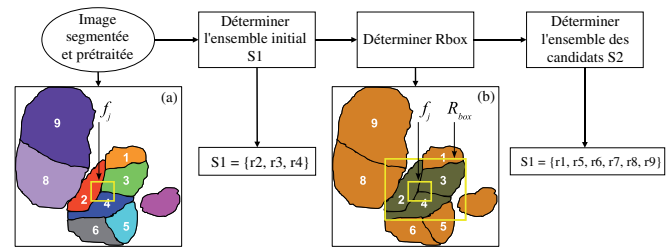


Figure 8. Algorithme de sélection des régions candidates. L'ensemble initial S_1 est déterminé en utilisant la fenêtre f_i localisée sur le rein de la figure (a). R_{box} est tracé sur la figure (b).

La figure 8 illustre l'algorithme de sélection des régions candidates. Pour une meilleure compréhension, nous présentons un exemple d'application de notre algorithme sur un prototype d'une partie de l'image de l'abdomen. Les résultats obtenus à chaque étape sont également affichés.

4.3 Calcul des attributs

Maintenant que l'ensemble des régions candidates est déterminé, nous procédons au calcul des attributs codant les caractéristiques de ces régions. Nous utilisons des attributs classiques de forme et de radiométrie tels que l'aire, le rectangle englobant ou la moyenne de la région considérée, et d'autres plus spécifiques à notre application. Ils sont plus pertinents car ils permettent de tirer profit des avantages apportés par l'introduction du modèle spatial *a priori* et du modèle *a priori* sur les niveaux de gris. En particulier, nous avons utilisé :

- Un attribut, noté $Spatial(r_i)$, qui représente l'énergie spatiale de la région r_i , calculée à l'aide de l'équation (9).
- Un attribut, noté $Pdf(r_i)$, qui représente l'énergie des niveaux de gris décrite à la section 3.3.1.
- Un attribut, noté $Vois(r_i)$, qui permet d'introduire une notion de voisinage entre les différentes régions candidates avec l'ensemble S_1 .

Ce dernier s'avère le plus discriminant. En effet, il est intuitif de penser que les régions les plus proches de S_1 peuvent appartenir au rein et que les régions les plus lointaines, voire non voisines, ont moins de chance d'appartenir au rein. Cette notion de voisinage est traduite par une mesure du degré de voisinage des régions candidates par rapport à S_1 . Nous avons défini le degré de voisinage d'une région r_i comme étant le plus court chemin⁴ entre cette région et l'ensemble S_1 .

Considérons d'abord, $S_2 = \{r_1, \dots, r_m\}$ l'ensemble des m régions candidates et considérons $R_{S_1} = \cup_{\{r_i \in S_1\}} r_i$, la région regroupant toutes les régions de l'ensemble initial S_1 . Le calcul

4. Ici, la longueur du chemin entre deux régions r_1 et r_2 est définie comme étant le nombre d'arcs ayant un poids 1 qui existent entre la région r_1 et r_2 dans le graphe d'adjacence.

de cet attribut utilise des outils de la théorie des graphes [17]. Après la construction de la matrice d'adjacence de l'ensemble des régions $A = \{R_{S_1}, r_1, \dots, r_m\}$, le plus court chemin est calculé avec, par exemple, l'algorithme de Dijkstra [14] entre toutes les régions de S_2 et R_{S_1} . Des résultats obtenus par application de cet algorithme sur l'exemple précédent sont fournis figure 9.

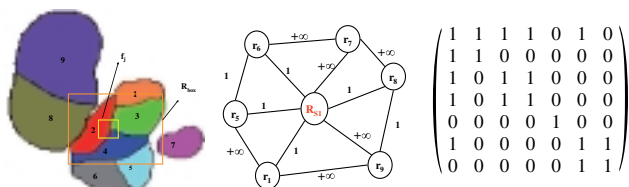


Figure 9. Exemple de calcul du degré de voisinage; de gauche à droite: image prototype; Graphe d'adjacence de l'ensemble $A = \{R_{S_1}, r_1, r_5, r_6, r_7, r_8, r_9\}$; Matrice d'adjacence et le degré d'adjacence de chaque région $r_i \in A$ par rapport à R_{S_1} est $Vois(A) = \{0, 1, 1, 1, +\infty, 1, 2\}$. Ici $+\infty$ est utilisé quand les deux régions ne sont pas voisines.

décision pour n'importe quel individu test, puisqu'elle est la conjonction de décisions prises tout au long du chemin parcouru, de la racine jusqu'à la feuille.

En particulier, nous nous sommes intéressés à la méthode d'arbre de décision binaire CART (Classification and Regression Tree) de Breiman *et al.* [5]. Cette approche est un partitionnement binaire et récursif des données; elle favorise la construction d'un arbre de décision très grand et procède ensuite à sa réduction d'une façon optimale.

L'algorithme CART procède en deux phases: une phase de construction ou d'expansion et une phase d'élagage. Pour la phase de construction, l'arbre est construit en divisant récursivement l'ensemble d'apprentissage jusqu'à ce qu'il devienne «pur», c'est-à-dire quand chaque partition contient des éléments de la même classe. L'idée fondamentale est de sélectionner chaque division d'un sous-ensemble de telle sorte que les sous-ensembles descendants sont plus «pur» que le sous-ensemble parent. La mesure de pureté s'effectue en utilisant une mesure de discrimination telle que l'entropie ou l'indice de Gini. Les parties les moins représentatives de l'arbre sont ensuite enlevées dans la phase d'élagage pour obtenir un arbre plus performant avec un plus fort pouvoir de généralisation.

S

4.4 Apprentissage de règles de décision

Nous cherchons à faire une classification binaire des régions candidates sélectionnées pour déterminer leur appartenance au rein. Vue la nature des données et des attributs des régions, il est intuitif d'essayer de classifier de tels objets à travers une séquence de règles.

Nous avons développé une première méthode basée sur un ensemble de règles de décision *si - alors* dont les attributs, les seuils et l'ordre des tests sont déterminés d'une façon empirique. Les règles sont établies de manière à retranscrire la connaissance des experts. Les tests de cette méthode ont abouti à des résultats satisfaisants, suggérant que cette approche est adaptée pour résoudre notre problème de classification [4, 38]. Cependant, son inconvénient majeur réside dans le choix empirique des attributs et des seuils, qui restent très dépendants des données. Cette méthode est donc peu robuste et très sensible au contenu de la base de données.

Un moyen efficace qui permet à la fois de renforcer la robustesse et de diminuer sa dépendance aux données, est d'utiliser des techniques d'apprentissage pour déterminer les règles et les seuils nécessaires. Parmi les techniques d'apprentissage existantes ayant le même mode opératoire que la méthode empirique proposée, les arbres de décision nous ont paru les mieux adaptés [5, 33].

Les arbres de décision présentent quelques avantages par rapport à d'autres techniques de classification supervisée, en particulier dans le cas de données hétérogènes et de grande taille. Ils permettent une classification rapide en utilisant une séquence de règles simples et surtout la possibilité d'interpréter facilement la

5. Résultats

Dans le cadre de ce travail, nous avons collaboré avec le service radiologique du CHU d'Amiens pour l'étude des kystes des reins sur des images tomographiques. Elles sont acquises par différents radiologistes sur une période s'étalant sur une année. Dans certains cas, un produit de contraste est injecté et une à trois acquisitions sont effectuées en trois temps (à 30-40s, à 60-90s et à 90-120s). Par conséquent, nous trouvons dans la base de données considérée des images extraites de séquences avec produit de contraste et d'autres non injectées. Les images sont acquises avec des résolutions spatiales différentes (de 0.5703 to 0.9746 mm) et des pas intercoupe différents. Les statistiques calculées sur notre base de données constituée de plus de 500 images, représentatives de différents kystes, sont résumées dans le tableau 1.

Cette base d'images est divisée en un ensemble d'apprentissage (67 images), nécessaire pour la construction des modèles *a priori*, et un ensemble test (434 images), utilisé pour l'évalua-

Tableau 1. Statistiques de la base d'images : âge des patients varie entre 19 et 88 ans, avec {55,66,74} comme 1^{er}, 2^{ème} et 3^{ème} quartiles.

	Homme	Femme	+IV	-IV
# Patients	64	20	45	68
# Images	399	102	275	226

tion des méthodes de localisation et de délimitation des reins, et l'estimation des différents paramètres de celles-ci.

Le taux de succès est utilisé comme critère d'évaluation des performances des algorithmes proposés. Il est toujours calculé en fonction du nombre de reins et non en fonction du nombre d'images. Dans la phase de localisation, nous considérons comme un succès le cas où au moins les trois quarts de la surface de la fenêtre localisée appartiennent à la région du rein. Concernant la phase de délimitation, nous pensons qu'il est beaucoup plus important que la région détectée contienne toutes les régions d'intérêts (rein + kystes) que l'inverse. Nous avons donc considéré comme succès le cas où au moins 85 % du rein est détecté et au plus 150 % de la surface du rectangle englobant le rein est détecté.

5.1 Approche de localisation des reins

La figure 10 présente quelques résultats obtenus en appliquant l'approche de localisation avec une fenêtre carrée sur les deux premières colonnes et avec une fenêtre gaussienne sur les troisième et quatrième colonnes. Apparaissent également sur cette figure: le cadre englobant la région abdominale, obtenue en appliquant la méthode de prétraitement proposée, et les petits carrés/cercles localisés automatiquement sur les reins.

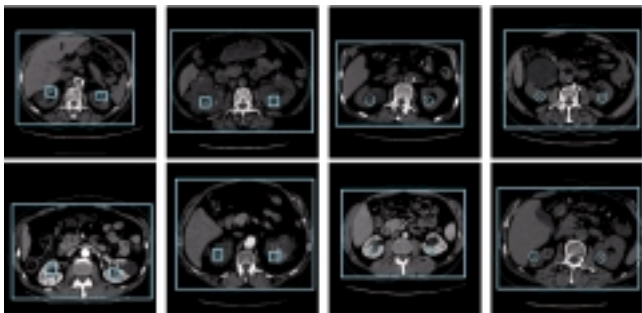


Figure 10. Exemples de localisation des reins dans le cas d'une fenêtre spatiale carrée avec $n = 16$ et dans le cas d'une fenêtre gaussienne avec $\sigma = 10$, sur des images (-IV) (1ère ligne) et des images (+IV) (2ème ligne). Toute les images possèdent un ou plusieurs kystes.

5.1.1 Choix des paramètres de la fonction de coût

La méthode de localisation dépend des hyperparamètres λ_1, λ_2 , définissant les poids accordés respectivement au terme spatial et au terme de symétrie dans la fonction d'énergie, et de la taille de la fenêtre recherchée. Nous avons mené plusieurs expériences afin de déterminer la meilleure combinaison de paramètres. Ces tests sont effectués pour les quatre combinaisons possibles des mesures statistiques (Kuiper-CC⁵), (Kuiper-

MI⁶), (Kullback-Leibler-CC) et (Kullback-Leibler-MI). La figure 11 nous montre quelques graphiques de la variation du taux de succès de localisation en fonction de la variation des hyperparamètres (λ_1, λ_2) et ce pour deux mesures du terme d'attache aux données: Kuiper et Kullback-Leibler. Les deux exemples montrés sont obtenus pour une fenêtre gaussienne isotrope avec un écart type spatial de 10 et l'information mutuelle pour l'estimation du terme de symétrie. Un comportement similaire est observé pour les autres combinaisons restantes et pour une fenêtre carrée.

L'observation de ces courbes nous permet de remarquer que: i) le taux de succès dépend étroitement du paramètre λ_1 , qui pondère la contribution de l'*a priori* spatial; ii) le terme de symétrie influe faiblement sur les résultats de localisation; iii) les résultats obtenus avec la mesure de Kuiper sont légèrement meilleurs que ceux obtenus en utilisant la divergence de Kullback-Leibler dans le calcul du terme d'attache aux données.

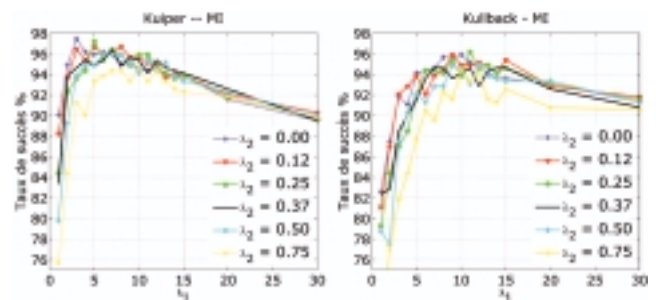


Figure 11. Évolution du taux de succès de la méthode de localisation du rein en fonction de l'hyperparamètre λ_1 pour différentes valeurs de λ_2 . Résultats obtenus pour une fenêtre spatiale gaussienne avec $\sigma = 10$.

Nous avons également effectué des tests sur la variation du taux de succès pour les différentes combinaisons statistiques, en fonction de la taille de la fenêtre. Nous avons observé que les paramètres optimaux correspondent à une taille de (33×33) pour le cas carré (*i.e.* $n = 16$) et un écart type $\sigma = 10$ pour le cas gaussien. Les meilleurs taux de succès pour les différentes combinaisons sont résumés au tableau 2. Nous remarquons que les performances de l'approche proposée sont légèrement meilleures sur les images sans produit de contraste. En effet, le produit de contraste accroît l'hétérogénéité de la région d'intérêt, ce qui se traduit par une augmentation de la difficulté du problème à résoudre. Par ailleurs, nous constatons une augmentation prévisible de l'importance de l'*a priori* spatial sur ce type d'image (λ_1 a toujours une valeur supérieure pour les images avec produit de contraste que sur celles sans produit).

5. CC désigne le coefficient de corrélation.

6. MI désigne l'information mutuelle.

Tableau 2. Meilleurs taux de succès pour l'approche de localisation: comparaison des différentes combinaisons des mesures statistiques.

	# images	fenêtre	Test Kuiper	Test Kullback
(-IV)	196	carrée	97.44% MI, $n = 16$ $\lambda_1 = 6, \lambda_2 = 0.12$ 96.93%	94.88% MI, $n = 16$ $\lambda_1 = 10, \lambda_2 = 0.37$ 95.40%
		gauss	CC, $\sigma = 10$ $\lambda_1 = 4, \lambda_2 = 0.00$	MI, $\sigma = 10$ $\lambda_1 = 9, \lambda_2 = 0.12$
(+IV)	238	carrée	95.13% MI, $n = 16$ $\lambda_1 = 10, \lambda_2 = 0.50$ 93.22%	91.74% MI, $n = 16$ $\lambda_1 = 12, \lambda_2 = 0.50$ 92.37%
		gauss	CC, $\sigma = 10$ $\lambda_1 = 12, \lambda_2 = 0.37$	MI, $\sigma = 10$ $\lambda_1 = 15, \lambda_2 = 0.25$

5.1.2 Influence du nombre de points d'initialisation

Les résultats de l'algorithme d'optimisation de Nelder-Mead dépendent étroitement de l'initialisation. Pour cette raison, nous avons jugé nécessaire d'initialiser l'algorithme d'optimisation avec plusieurs points choisis aléatoirement de telle sorte que leurs probabilités sur le modèle spatial soient non nulles (*i.e.* $p(s) > 0$). Afin de mesurer la dépendance des résultats du choix de la procédure d'optimisation, une petite analyse statistique s'impose. Nous présentons en figure 12 l'évolution de la moyenne, du maximum et du minimum des taux de succès en fonction du nombre de points d'initialisation de l'algorithme. L'évolution de la variance du taux de succès est également montrée. Cette expérience suggère d'utiliser une dizaine de points pour obtenir une variance du taux de succès inférieure à 0.8. Ainsi, les résultats du tableau 2 doivent être arrondis à une décimale.

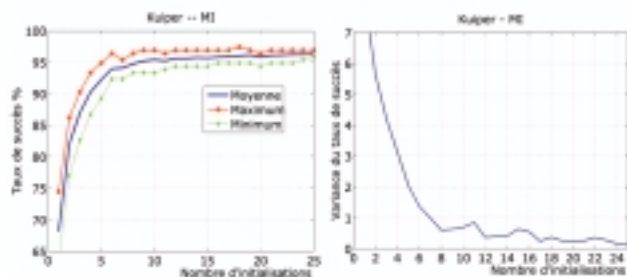


Figure 12. Influence du nombre de points d'initialisation de l'algorithme d'optimisation sur le taux de succès: variation du minimum, de la moyenne et du maximum (à gauche) et de la variance des taux de succès (à droite). Résultats estimés sur 20 expériences en utilisant une fenêtre gaussienne ($\sigma = 10$) et $(\lambda_1, \lambda_2) = (4, 0)$.

5.1.3 Importance du prétraitement

Un taux de succès de 82.6% seulement est obtenu si la méthode de localisation est testée sur les images originales; *i.e.* sans l'étape de prétraitement. Cette statistique est obtenue sur les 196 images non injectées en utilisant la combinaison Kuiper-MI avec une fenêtre carrée. L'analyse du tableau 2 montre que le prétraitement proposé permet une amélioration de presque 18% des performances de la méthode de localisation. En effet, dans les mêmes conditions nous obtenons une performance de 97.4%. Ainsi, l'efficacité de la méthode de prétraitement proposée est bien évidente.

5.2 Approche de délimitation des reins

Comme décrit dans la section 4, nous avons utilisé la méthode CART pour construire un arbre de décision afin de classifier les régions candidates et d'identifier celles appartenant à la région du rein. Par ailleurs, nous avons remarqué que les caractéristiques des régions se trouvant du côté gauche sont différentes de celles se trouvant du côté droit (*e.g.* les tailles des régions du côté droit sont plus importantes vue la présence du foie). Ainsi, il est préférable d'apprendre un arbre pour chaque coté. Outre le problème gauche/droit, nous sommes également confrontés au problème des images avec et sans produit de contraste. En effet ces deux types d'images n'ont pas les mêmes caractéristiques; notamment en terme des statistiques des niveaux de gris. Par conséquent, nous avons jugé nécessaire d'apprendre quatre arbres de décision: deux pour les régions gauches et droites des images (-IV) et deux autres pour les images (+IV). La figure 13 présente un exemple d'arbre de décision, appris pour les images (-IV) et pour les reins gauches. Notons la simplicité de l'arbre, ce qui permet une classification assez rapide. Notons également le fort pouvoir de discrimination des attributs proposés, *Spatial* et *Vois*, spécifiques à notre application. Ces remarques sont également vraies pour le reste des arbres appris.

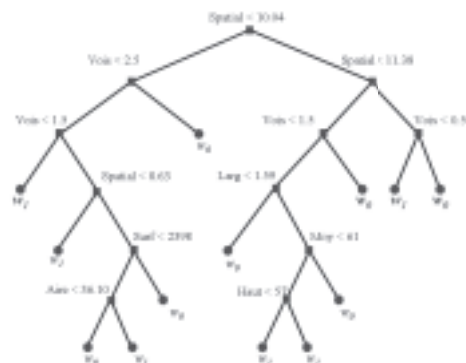


Figure 13. Arbre de décision optimal, construit avec la méthode CART en utilisant la validation croisée, pour la classification des régions du rein gauche sur des images sans produit de contraste. Ici, w_0 est la classe des régions n'appartenant pas au rein et w_1 est celle des régions appartenant au rein.

Nous présentons en figure 14 quelques exemples de détection des reins. Les fenêtres localisées en utilisant l'approche de localisation (petits carrés jaune), la région abdominale détectée lors de l'étape de prétraitement (carrés rouges) ainsi que les régions des reins avec les kystes (courbes rouges) détectées automatiquement sont représentées.

Le tableau 3 présente les statistiques calculées en utilisant les arbres de décision sur les images (- IV) et (+ IV). Nous illustrons les taux de succès de détection des reins gauche et droit. Par ailleurs, les taux des Vrais Positifs (VP) et des Vrais Négatifs (VN), également présentés dans le même tableau, sont calculés afin d'apprécier la précision et la sensibilité relatives de

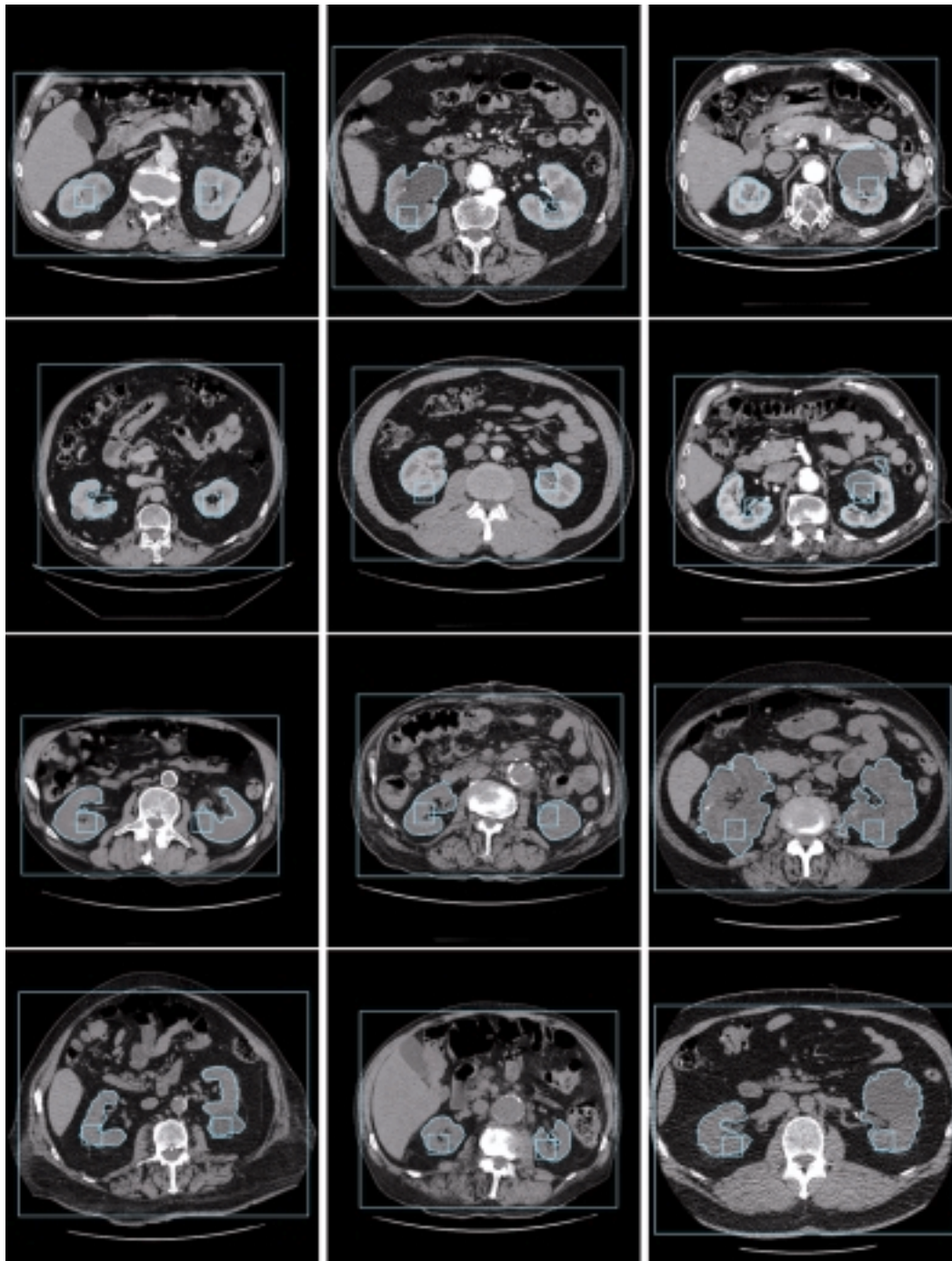


Figure 14. Exemples de résultats de délimitation des reins. Les deux premières lignes présentent des images avec produit de contraste et les deux dernières sans. Partant du haut vers le bas et ligne par ligne, les images 2, 3, 9 et 12 montrent des reins avec de gros kystes. L'image 4 montre l'exemple d'un petit kyste.

cette méthode. Les taux de classification sont acceptables. Nous remarquons une performance légèrement supérieure de notre algorithme sur des images avec produit de contraste (+IV). Nous pensons que cette amélioration provient des meilleures performances de l'algorithme de segmentation sur ce type d'images. En effet, nous constatons que le taux le plus faible de l'algorithme de délimitation est obtenu pour des reins droit sur des image non injectées. Cela est dû essentiellement à des erreurs de segmentation du rein lorsque ce dernier est complètement collé au foie (e.g. fig. 15 (d)). De telles erreurs de segmentation sont réduites voir éliminées par l'injection du produit de contraste ; ce qui explique l'amélioration du taux de bonne délimitation.

Tableau 3. Taux de succès de l'algorithme de délimitation des reins en utilisant les résultats de l'étape de localisation. Ici les taux des vrais positifs et des vrais négatifs sont donnés pour le nombre de régions classifiées.

	- IV			+ IV		
	VP %	VN %	Reins%	VP %	VN %	Reins%
Rein gauche	95.2	58.3	93.7	96.2	36.5	94.4
Rein droit	92.6	71.6	90.5	96.4	44.4	93.6

5.2.1 Influence de la position initiale de la fenêtre localisée

L'approche proposée de délimitation des reins utilise les résultats de la première phase, la localisation. Selon la position de la fenêtre dans le rein, un ensemble de régions candidates est déterminé, il est ensuite classifié pour identifier les régions appartenant au rein. Ceci dit, on pourrait penser que les résultats de l'approche de délimitation des reins risquent d'être affectés par la position de cette fenêtre. Cependant, les expériences ont montré le contraire, heureusement d'ailleurs. En effet, afin de montrer statistiquement que les résultats de la méthode de délimitation des reins ne dépendent pas de la position de la fenêtre localisée sur le rein, nous avons testé notre approche indépendamment des résultats de la première phase. Ceci est possible en choisissant aléatoirement des fenêtres sur chaque rein (i.e. avoir des fenêtres de positions très variables) et de tester ensuite l'approche de délimitation des reins. Les résultats obtenus sont présentés au tableau 4. Nous remarquons que les taux moyens de

Tableau 4. Taux de succès de l'algorithme de délimitation des reins en utilisant 10 initialisations aléatoires sur chaque rein (i.e. les résultats sont indépendants des ceux de la phase de localisation)

	- IV			+ IV		
	VP %	VN %	Reins%	VP %	VN %	Reins%
Rein gauche	94.6	58.4	91.8	95.8	40.8	94.9
Rein droit	92.0	71.8	89.7	96.1	46.4	94.1

bonne délimitation des reins restent dans le même ordre que ceux obtenus en utilisant les résultats de la phase de localisation (i.e. une variance très faible). Ceci nous permet de confirmer que l'approche proposée est très peu sensible à la position de la fenêtre sur le rein.

6. Discussion des cas d'échec

La figure 15 expose des exemples d'échec de notre approche d'identification. La première ligne montre des exemples de mauvaise localisation de la fenêtre sur le rein. Ceci est dû essentiellement à la taille minuscule des régions des reins (les vrais reins sont entourés par des cercles). La deuxième ligne montre des bonnes localisations des fenêtres sur les reins, cependant la phase de délimitation a échoué. Les deux premiers cas concernent la détection, en plus du rein, d'autres organes ou tissus avoisinant le rein. Ces échecs sont essentiellement dus à l'étape de segmentation. En effet, certaines images sont très bruitées et les organes adjacents ont des niveaux de gris et une texture identiques, ce qui ne permet pas une bonne séparation des tissus lors de la segmentation. Ceci engendre le problème de détection d'autres organes en plus du rein. Les seconds cas d'échec concernent la délimitation partielle des reins. Dans cette configuration, nous soulevons un problème qui porte sur la nature des kystes. Par exemple, la figure 15(f), présente un cas de polykystoses, une pathologie qui détériore tout le rein. Il est évident que dans ce cas, les régions segmentées seront fragmentées.

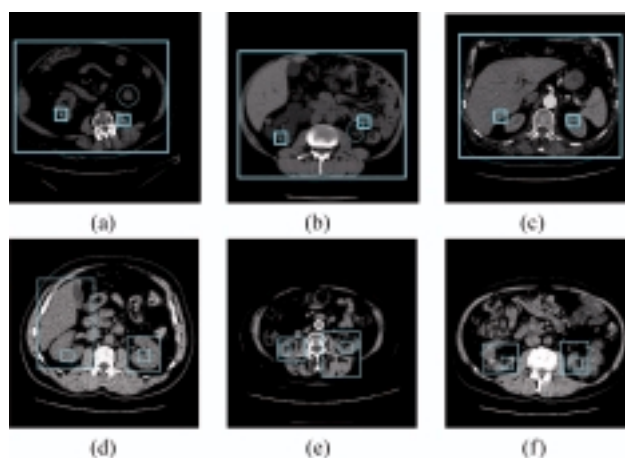


Figure 15. Quelques cas d'échec de l'approche d'identification des reins.

7. Conclusion

Une approche, complètement automatique, pour l'identification des reins avec des kystes sur des images scanner 2D est proposée. Elle est constituée de deux phases : une phase de localisa-

tion qui utilise des modèles *a priori* spatial et des niveaux de gris, suivie d'une phase de délimitation de tout l'organe d'intérêt. La première phase prend la forme d'un problème d'optimisation d'un critère statistique et la seconde, d'un algorithme de classification supervisé de régions.

Nos expériences ont montré que les résultats obtenus sont satisfaisants d'autant plus que nous travaillons sur des images cliniquement acquises, donc particulièrement complexes. Nous sommes convaincus que la démarche proposée, en plus de son originalité, est adéquate au problème. Néanmoins, divers aspects de ce travail méritent sans doute d'être approfondis. Entre autre, la prise en compte d'information tridimensionnelle ne peut qu'améliorer le résultat. La résolution du problème en 2D nous a été imposé par l'équipe médicale du CHU d'Amiens, en vue de l'utilisation de cette approche dans un système de recherche images par le contenu destiné à la formation de médecins⁷. Les résultats ont été jugés concluant par l'équipe médicale. La poursuite des travaux dépend maintenant des priorités de financement établies par la région.

Références

- [1] N. ARCHIP, P.J. ERARD, M. EGMONT-PETERSEN, J.M.HAEFLIGER, and J.F. GERMOND, A knowledge-based approach to automatic detection of the spinal cord in CT images, *IEEE Trans. Med. Imag.*, 21(12) : 1504-1516, December 2002.
- [2] J. BESAG. On the statistical analysis of dirty pictures, *Journal of the Royal Statistical Society. Series B*, 48(3) : 259-302, 1986.
- [3] D. BOUKERROUI, A. BASKURT, J.A. NOBLE, and O. BASSET, Segmentation of ultrasound images – multi-resolution 2D and 3D algorithm based on global and local statistics, *Pattern Recognition Letters*, 24(4-5) : 779-790, February 2003.
- [4] Djamal BOUKERROUI, Wala TOUHAMI, and Jean-Pierre COCQUEREZ, Automatic regions of interest identification and classification in CT images: Application to kidney cysts. In *First Workshops on Image Processing Theory, Tools and Applications*, pages 257-264, 2008.
- [5] L. BREIMAN, J.H. FRIEDMAN, R.A. OLSHEN, and C.J. STONE. *Classification And Regression Trees*, Belmont, CA, 1983.
- [6] O. CAMARA, O. COLLIOT, and I. BLOCH. Computational modeling of thoracic and abdominal anatomy using spatial relationships for image segmentation, *Real-Time Imaging*, 10(4) : 263-273, 2004.
- [7] Olivier COMMOWICK, Vincent ARSIGNY, Aurélie ISAMBERT, Jimena COSTA, Frédéric DHERMAIN, François BIDAULT, Pierre-Yves BONDIAU, Nicholas AYACHE, and Grégoire MALANDAIN, An efficient locally affine frame-work for the smooth registration of anatomical structures, *Medical Image Analysis*, 12(4) : 427-441, 2008.
- [8] T.T. COOTES, A. HILL, C.J. TAYLOR, and J. HASLAM, The use of active shape models for locating structures in medical images, *Image and Vision Computing*, 12(6) : 355-366, July 1994.
- [9] T.T. COOTES, C.J. TAYLOR, D.H. COOPER, and J. GRAHAM, Active shape models – their training and application, *Computer Vision and Image Understanding*, 61(1) : 38-59, January 1995.
- [10] D. CREMERS, S.J. OSHER, and S. SOATTO. Kernel density estimation and intrinsic alignment for shape priors in level set segmentation, *International Journal of Computer Vision*, 69(3) : 335-351, 2006.
- [11] Daniel CREMERS, Mikael ROUSSON, and Rachid DERICHE, A review of statistical approaches to level set segmentation: Integrating color, texture, motion and shape, *International Journal of Computer Vision*, 72(2) : 195-215, April 2007.
- [12] R. D'ÁGOSTINO and M. STEPHENS, *Goodness-of-fit techniques*, Marcel Dekker, NY, USA, 1986.
- [13] A. P. DEMPSTER, N. M. LAIRD, and D. B. RUBIN, Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm, *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 34 : 1-38, 1977.
- [14] E. W. DIJKSTRA, A note on two problems in connexion with graphs. *Numerische Mathematik*, 1 : 269-271, 1959.
- [15] J. DUNCAN and N. AYACHE, Medical image analysis: Progress over two decades and the challenges ahead, *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 22(1) : 85-106, 2000.
- [16] Igor DYDENKO, Fadi JAMAL, Olivier BERNARD, Jan D'HOOGHE, Isabelle E. MAGNIN, and Denis FRIBOULET, A level set framework with a shape and motion prior for segmentation and region tracking in echocardiography, *Medical Image Analysis*, 10(2) : 162-177, April 2006.
- [17] M. GONDRAN and M. MINOUX. *Graphes et algorithmes*, Eyrolles, 1^{ère} édition edition, 1995.
- [18] J. V. HAJNAL, D.L.G. HILL, and D.J. HAWKES, *Medical image registration*, CRC press, June 2001.
- [19] T. KANEKO, Lixu GU, and H. FUJIMOTO, Abdominal organ recognition using 3D mathematical morphology. In *Int. Conf. On Pattern Recognition*, pages 263-266, Barcelona, Spain, 2000.
- [20] L.J. KARSSEMEIJER, N. VAN ERNING and E.G. EIJKMAN, Recognition of organs in CT-image sequences: a model guided approach, *Comput Biomed Res.*, 21(5) : 434-448, October 1988.
- [21] M. KOBASHI and L.G. SHAPIRO, Knowledge-based organ identification from CT images. *Pattern Recognition*, 28(4) : 475-491, 1995.
- [22] J.C. LAGARIAS, J. A. REEDS, M. H. WRIGHT, and P. E. WRIGHT, Convergence properties of the Nelder-Mead simplex method in low dimensions, *SIAM Journal of Optimization*, 9(1) : 112-147, 1998.
- [23] C.C. LEE, P.C. CHUNG, and H.M. TSAI, Identifying multiple abdominal organs from CT image series using a multimodule contextual neural network and spatial fuzzy rules, *IEEE Trans. Inf. Technol. Biomed.*, 7(3) : 208-217, 2003.
- [24] M. LEVENTON, E. GRIMSON, and O. FAUGERAS, Statistical shape influence in geodesic active contours. In *Proceedings of the IEEE Computer Vision on Pattern Recognition*, volume 1, pages 316-323, Hilton Head, SC, USA, Jun 2000. IEEE Computer Society.
- [25] D.-T. LIN, C.-C. LEI, and S.-W. HUNG, Computer-aided kidney segmentation on abdominal CT images, *IEEE Trans. Inf. Technol. Biomed.*, 10(1) : 59-65, 2006.
- [26] Grégoire MALANDAIN, *Les mesures de similarité pour le recalage des images médicales*, Habilitation à diriger des recherches, Université Nice Sophia-Antipolis, March 2006.
- [27] 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 Letters*, 41(8) : 2525-2540, 2008.
- [28] A. PAPOULIS and S. U. PILLAI, *Probability, Random Variables and Stochastic Processes*, McGraw-Hill, 4 edition edition, 2001.
- [29] N. PARAGIOS, Y. CHEN, and O. FAUGERAS, *Handbook of Mathematical Models in Computer Vision*. Springer, (1st edition), October 31 2005.
- [30] H. PARK, P.H. BLAND, and C.R. MEYER, Construction of an abdominal probabilistic atlas and its application in segmentation, *IEEE Trans. Med. Imag.*, 22(4) : 483-492, February 2003.
- [31] D.L. PHAM, C. XU, and J.L. PRINCE, Current methods in medical image segmentation. *Annual Review of Biomedical Engineering*, 2 : 315-337, August 2000.
- [32] W.H. PRESS, S.A. TEUKOLSKY, W.T. VETTERLING, and B.P. FLANNERY, *Numerical Recipes in C : The Art of Scientific Computing*, Cambridge University Press, NY, 1992.
- [33] R. QUINLAN. *C4.5 : Programs for Machine Learning*, San Diego, 1993.

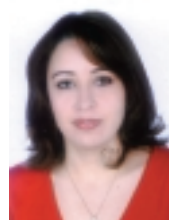
7. Système de communication pour la formation en médecine basé sur l'indexation d'images. Projet financé dans le cadre de l'article 29 du contrat de plan État-Région Picardie 2003-2009.

- [34] A. SHIMIZU, R. OHNO, T. IKEGAMI, H. KOBATAKE, S. NAWANO, and D. SMUTEK, Segmentation of multiple organs in non-contrast 3D abdominal CT images. *Computer-Assisted Radiology and Surgery*, 2(3-4): 135-142, 2007.
- [35] Martin SPIEGEL, Dieter A. HAHN, Volker DAUM, and JAKOB. Segmentation of kidneys using a new active shape model generation technique based on non-rigid image registration. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 33(1): 29-39, 2009.
- [36] K. SUZUKI, I. HORIBA, and N. SUGIE, Linear-time connected component labeling based on sequential local operations. *Computer Vision and Image Understanding*, 89(1): 1-23, 2003.
- [37] P. THÉVENAZ and M. UNSER, Optimization of mutual information for multiresolution image registration. *IEEE Trans. Image Process.*, 9(12): 2083-2099, December 2000.
- [38] Wala TOUHAMI, Djamel BOUKERROUI, and Jean-Pierre COCQUEREZ, Fully automatic kidneys detection in 2D CT images : A statistical approach. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 262-269, 2005.
- [39] Baigalmaa TSAGAAN, Akinobu SHIMIZU, Hidefumi KOBATAKE, and Kunihisa MIYAKAWA, An automated segmentation method of kidney using statistical information. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 556-563, 2002.
- [40] A. TSAI, W. WELLS, C. TEMPANY, E. GRIMSON, and A. WILLSKY, Mutual information in coupled multi-shape model for medical image segmentation. *Medical Image Analysis*, 8(4): 429-445, December 2004.
- [41] A. TSAI, A. YEZZI, W. WELLS, C. TEMPANY, D. TUCKER, A. FAN, W.E. GRIMSON, and A. WILLSKY, A shape-based approach to the segmentation of medical imagery using levels sets. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 22(2) :137-154, February 2003.
- [42] B. C. VEMURI, Y. CHENAND J. YE, and C. M. LEONARD, Image registration via level-set motion : Applications to atlas-based segmentation. *Medical Image Analysis*, 7(1) :1-20, March 2003.
- [43] J. XIE, Y. JIANG, and H.T. TSUI, Segmentation of kidney from ultrasound images based on texture and shape priors. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 24(1) : 45-57, January 2005.
- [44] Y. ZHANG, M. BRADY, and S. SMITH, Segmentation of brain MR images through a hidden Markov random field model and the expectation-maximization algorithm. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 20(1) : 45-57, January 2001.



Djamel Boukerroui

Djamel Boukerroui est titulaire du diplôme d'ingénieur de l'École Nationale Polytechnique (ENP) d'Alger (1995), a obtenu le DEA SIP (Signal, Image, Parole) au CREATIS de l'INSA de Lyon (1996) et le grade de Docteur de l'INSA de Lyon en 2000. Après un post-doctorat de 30 mois au "Medical Vision Laboratory" de l'Université d'Oxford, UK, il devient Maître de Conférences à l'Université de Technologie de Compiègne en septembre 2002 et intègre l'UMR 6599, Heudiasyc. Ses recherches portent sur la segmentation et la restauration d'images avec des applications en imagerie médicale et un intérêt particulier à l'imagerie ultrasonore.



Wala Touhami

Wala Touhami est née à Tunis (Tunisie) en 1977. Elle a obtenu le Dipl. Ingénieur en Génie Électrique à l'École Nationale d'ingénieurs de Tunis (ENIT) en 2001. Elle a eu son Doctorat en 2006 à l'Université de Technologie de Compiègne (France) avec une thèse sur l'identification et la classification des régions de reins kystiques sur des images tomographiques. Elle est Assistante à l'Institut Supérieur des Sciences Appliquées et de Technologie de Mateur (Tunisie). Elle est chercheur à l'ENIT, où elle travaille sur les problèmes de traitement d'images médicales, en particulier la segmentation et l'identification de région d'intérêt.



Jean-Pierre Cocquerez

Jean Pierre Cocquerez est Professeur des Universités, il a reçu le grade de docteur d'état de l'université de Paris XI Orsay en 1981. De 1989 à 1999, il a été directeur de l'UMR 8051 CNRS ETIS de l'Université de Cergy Pontoise. Depuis 1999, il a rejoint l'Université de Technologie de Compiègne et il est membre du laboratoire HEUDIASYC UMR 6599. De 2001 à 2007, il a été directeur du département Génie Informatique de l'UTC. Depuis 2007, il est responsable du Master « Sciences, Technologie, Santé ». Jean Pierre Cocquerez est aussi directeur du GDR 720 ISIS du CNRS depuis janvier 2006. Il est un relecteur régulier de IEEE ICIP et IEEE ICASSP. Ses domaines de recherche sont la segmentation d'images et la vision par ordinateur.