

# Opérateurs de morphologie mathématique et exploitation des courbures discrètes pour la détection de tumeurs dans un modèle rénal

Valentin Leonardi <sup>1,2</sup>, Marc Daniel <sup>1</sup>, Vincent Vidal <sup>2</sup> et Jean-Luc Mari <sup>1</sup>

<sup>1</sup>Aix-Marseille Université - LSIS, UMR CNRS 7296

<sup>2</sup>Aix-Marseille Université - LIIE, EA 4264 - CERIMED

---

## Résumé

Nos précédents travaux [LMVD13] portaient sur la modélisation dynamique du rein afin de simuler les mouvements et les déformations que l'organe subit au cours de la respiration. Celle-ci était réalisée par une approche de type morphing entre trois modèles statiques du rein correspondant à trois phases respiratoires. Nous utilisons un morphing par contraintes pour surmonter la principale limite de notre approche qui induisait des approximations locales de modélisation, notamment pour l'excroissance tumorale. Les cartes de courbures des modèles rénaux permettaient de détecter les régions de fortes courbures moyennes négatives correspondant à l'excroissance tumorale et de forcer ces zones à se morpher l'une avec l'autre. Ce formalisme s'appuyait sur un a priori très fort sur la position de la tumeur et ne permettait pas une détection robuste. Nous proposons ici une nouvelle approche pour détecter plus efficacement la tumeur. Celle-ci consiste à marquer les sommets situés à la base de la tumeur afin de circonscrire l'excroissance et de définir un sous-ensemble du maillage comprenant tous les sommets de la tumeur. Le marquage initial s'effectue en exploitant les propriétés de courbures de l'excroissance dues à sa morphologie : sa base présente une forte concavité. La propagation de la région est faite par l'intermédiaire d'opérateurs de morphologie mathématique appliqués à un modèle 3D surfacique. Cette approche est ainsi plus robuste et moins restrictive du fait qu'aucun a priori sur la position ou la taille de la tumeur n'est fait.

In our previous paper [LMVD13] we presented a dynamic modeling method for the kidney in order to simulate the motion and deformation of the organ during the respiratory cycle. It was based on a mesh morphing between three static models corresponding to three breathing phases. Using a constrained mesh morphing allowed to overcome the main limitation of our approach which implied local modeling approximations, especially for the tumoral growth. We used the curvature maps for the three kidney models to detect region of high mean curvature corresponding to the tumoral growth and force these regions to morph with each other. This approach used a strong a priori tumor position and was therefore not robust. In this article we present a new method to detect efficiently the tumor. It is based upon the tag of the vertices defining the bottom of the tumor in order to confine the growth and to define a subset of the model containing all the vertices of the growth. Vertices tagging is done thanks to curvature properties of the tumor : its base shows high concavities. This initial region is then expanded through mathematical morphology operators applied to a 3D surface model. Thus, the approach is more robust and less restrictive since any a priori position or size of the tumor is made.

---

**Mots-clés :** Modélisation géométrique, courbures discrètes, morphologie mathématique, maillages surfaciques, mesh morphing

## 1. Introduction

Le projet KiTT (pour **K**idney **T**umor **T**racking), dans lequel nous sommes impliqués, s'inscrit dans un contexte de traitement mini-invasif des tumeurs rénales. Sa finalité est de développer une nouvelle approche *totale*

*non-invasive* en transmettant un agent physique (ondes de radiofréquence, ultrasons, ...) par voie transcutanée jusqu'à éradication de la tumeur. La principale difficulté est de maintenir le faisceau d'ondes continuellement focalisé sur la tumeur alors que celle-ci bouge en raison du mouvement et de la déformation du rein sous l'influence du cycle respiratoire ; un *tracking* temps-réel du rein (et donc de la tumeur) est alors nécessaire. Nos précédents travaux portaient ainsi sur la modélisation dynamique du rein et le suivi de la tumeur par une approche de type *morphing* entre trois modèles rénaux [LMVD13]. Nous proposons une méthode de *morphing* par contraintes afin de conserver une précision satisfaisante lors de la modélisation des tumeurs. Celle-ci était basée sur la détection automatique des excroissances via leurs propriétés de courbures discrètes. Un fort *a priori* était fait sur la position de la tumeur, mettant à défaut la robustesse de notre approche.

Nous présentons ici un nouveau formalisme original permettant de détecter les tumeurs automatiquement en s'appuyant uniquement sur les propriétés de courbures des tumeurs *exophytiques* (les tumeurs créant une *bosse* à la surface du rein) via des opérateurs de morphologie mathématique. Le but de cette approche est le même que celui de nos précédents travaux et vise à contraindre le *morphing* en forçant les excroissances des trois modèles à se *morpher* les uns avec les autres. Ainsi, la modélisation dynamique de l'excroissance tumorale est améliorée et sa précision reste satisfaisante. Aucun *a priori* n'est fait sur la position ou la taille de la tumeur ce qui permet une détection plus robuste et de couvrir ainsi la majorité des cas auxquels nous pourrions être confrontés. En revanche, cette robustesse est obtenue au détriment d'un temps d'exécution plus long, notamment à cause du fait que des modèles de haute résolution sont nécessaires. Ceci apparaît comme la principale limite de notre approche dont la finalité est son utilisation dans un environnement médical où la rapidité du temps d'exécution est un facteur primordial.

La partie 2 de cet article traite des travaux existants concernant la détection de tumeurs. Une présentation de la méthode est faite dans la partie 3. Les résultats obtenus sont présentés dans la quatrième partie. Enfin dans la partie 5, les performances de la méthode sont commentés et une discussion est faite concernant ses limites et les possibilités pour les contourner.

## 2. Etat de l'art

Pour notre état de l'art nous avons fait le choix de ne pas nous restreindre seulement aux méthodes de détection de tumeur mais de couvrir une littérature plus générale en tenant compte des méthodes de détection de lésions. En effet, d'un point de vue médical les tumeurs sont considérées

comme telles et les approches utilisées pour leur détection sont comprises dans celles visant à détecter les lésions.

Deux grands axes se dégagent des méthodes de détection de lésions et se distinguent par le type d'information considéré. La première famille s'appuie sur des informations 2D contenues dans des images issues d'acquisitions médicales et peut donc s'apparenter aux méthodes d'analyse d'images, notamment aux méthodes de segmentation. La deuxième famille exploite des informations tridimensionnelles et nécessitent donc, pour la plupart, la reconstruction 3D de l'objet d'intérêt au préalable.

### 2.1. Traitement d'information 2D : analyse d'images

Cette famille semble être la plus utilisée et relève de la segmentation d'images. Il est ainsi courant de retrouver les méthodes fréquemment utilisées dans ce domaine parmi lesquelles des méthodes de classification [CSD\*08], d'analyse de texture [JSM\*03] ou encore de croissance de région [JPF\*02]. La grande étendue des méthodes de segmentation conduit à trouver des approches de détection de lésions pour de nombreux organes : le sein [CSC\*09], le foie [MC08], les reins [KP04], le colon [JSM\*03] ou encore le cerveau [CSD\*08]. De même, il est possible de retrouver certaines modalités d'acquisition utilisées dans le cadre de la segmentation afin d'augmenter le contraste entre différents tissus et ainsi faciliter la détection des structures d'intérêt. Ainsi, les travaux décrits dans [FSD\*06] ou [LYG\*09] s'appuient sur des images contrastées par l'injection d'un produit radio-opaque. Par ailleurs, la tomographie à micro-ondes est une modalité de plus en plus utilisée pour la détection de tumeurs, notamment pour le cancer du sein [IMD09, BSS\*01, MPF00]. Elle repose sur la différences des propriétés diélectriques des tissus sains et malins dans le spectre des micro-ondes. À ces fréquences, la diffusion d'une tumeur est plus importante que celle d'un tissu sain ce qui permet une imagerie pour laquelle les contrastes entre ces tissus sont plus marqués.

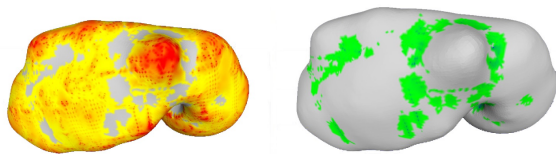
### 2.2. Traitement d'information 3D : analyse de forme

Les lésions situées près du bord d'un organe, notamment les tumeurs, ont la particularité de faire apparaître une protubérance à sa surface. Ainsi la seconde grande famille de méthodes de détection des lésions s'apparente aux méthodes d'analyse de forme et s'appuient sur des informations 3D. Il est ainsi possible de trouver certains travaux utilisant les courbures discrètes [LWS\*11], les harmoniques sphériques [ESM06] ou encore des méthodes s'appuyant sur le placage d'un modèle anisotrope [OCK05]. Au même titre que les courbures discrètes, les indices de formes représentent une mesure locale de la topologie de la surface

d'un modèle. Ils forment ainsi des outils pertinents et sont utilisés pour détecter les tumeurs du colon [YNM\*02] ou du sein [IMD09]. Cependant, le bruit inhérent aux images médicales peut conduire à la reconstruction d'un modèle bruité ce qui, dans certains cas, produit des faux-positifs. Bien que ces approximations peuvent être lissées, un sur-lissage entraînerait la disparition des petites lésions. Ainsi, un lissage s'appuyant sur la diffusion du noyau de chaleur [SCV10] se révèle être un formalisme efficace puisqu'il permet d'extraire efficacement les caractéristiques géométriques des modèles surfaciques et est de ce fait utilisé dans [LHL\*10] et [LYLS13]. Enfin l'approche présentée dans [ESDM07] ne nécessite pas de modèle puisqu'elle vise à reconstruire directement en 3D les tumeurs du sein.

### 3. Nouvelle approche de détection de tumeur

Au vu du manque de robustesse de nos travaux précédents, nous proposons une méthode de détection des tumeurs qui s'appuie également sur les propriétés de courbures discrètes du modèle. Contrairement aux travaux décrits dans [LWS\*11], notre approche est entièrement automatique et ne nécessite aucune modalité d'acquisition particulière (mutli-phase, injection d'un produit radio-opaque) puisqu'elle s'appuie sur des modèles et non des images. L'information de courbures nous semble être un facteur pertinent pour déterminer la zone de l'excroissance. Celle-ci est la conséquence d'une tumeur exophytique et fait apparaître deux altérations morphologiques à la surface du rein : la première (sur laquelle s'appuient nos travaux précédents) est l'émergence d'une zone de forte convexité en son sommet (voir figure 1-a). La deuxième est l'apparition d'une zone de concavité à sa base (voir figure 1-b). Cette nouvelle approche tire parti de ces régions de concavité qui encerclent l'excroissance et vise à la circonscrire entièrement afin de définir un sous-ensemble du modèle.



**Figure 1:** A (à gauche) - Carte de courbures moyennes négatives : l'excroissance présente la concentration la plus importante de fortes convexités. • B (à droite) - Carte de courbures moyennes positives : la zone de l'excroissance est entourée d'une région de concavité.

Dans cette perspective, les valeurs des courbures moyennes sont utilisées pour marquer les sommets : ceux dont la valeur est positive sont marqués à 1, les autres à

0. À ce stade, le modèle rénal peut être considéré comme un maillage binaire sur lequel il est possible d'appliquer des opérations de morphologie mathématique, notamment l'érosion et la dilatation. L'unique paramètre à déterminer pour ces opérations est leur taille  $t$ . Il n'est pas nécessaire de recourir à un élément structurant : la forme est spécifiée par le  $t$ -voisinage des sommets.

Du fait qu'aucun critère ne puisse garantir l'unicité de la composante connexe de la région encerclant l'excroissance, le principal intérêt de la méthode réside dans la propagation de cette zone afin qu'elle entoure *complètement* la protubérance tumorale. Ainsi, le modèle binaire subit en premier lieu une *fermeture* de taille 1 dans le but de consolider ces régions d'intérêt et les rendre homogènes. Dans un deuxième temps, leur expansion est réalisée par l'application d'une succession de *dilatations* de taille 1 au modèle binaire, dont le nombre est déterminé automatiquement (algorithme 3) : après l'application de chaque dilatation, les différentes régions connexes dont les sommets sont marqués à 0 sont *taguées* de manière à ce qu'elles soient différenciables les unes des autres (voir algorithme 2). Soit  $R$  l'ensemble des ces régions. La région d'intérêt  $R_i$  susceptible de définir la zone d'excroissance est celle dont la taille (en nombre de sommets) est la deuxième plus importante. Par ailleurs, elle doit satisfaire deux critères :

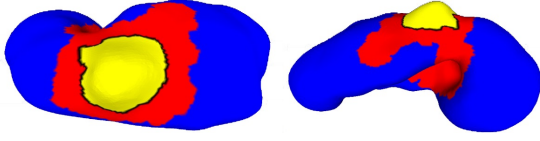
- Le premier est un critère de taille minimale : le nombre de sommets composant  $R_i$  doit être d'au moins 1% du nombre total de sommets. Cette condition permet de s'affranchir de petites zones parasites susceptibles de conduire à des faux-positifs.
- Le deuxième est un critère de courbures : la moyenne des valeurs des courbures moyennes en chaque sommet de  $R_i$  doit correspondre à une courbure moyenne négative forte.

Ces deux conditions sont capitales et suffisent à discriminer si la région d'intérêt correspond à l'excroissance (voir figure 2). Dans le cas où l'une de ces deux conditions n'est pas respectée, *i.e.* la zone correspondant à l'excroissance n'est pas détectée, alors une nouvelle opération de dilatation est appliquée au maillage binaire. Potentiellement,  $R$  peut n'être composé que d'une seule région. Cette éventualité suppose que la région concave n'encercle pas encore l'excroissance et conduit également à une nouvelle opération de dilatation.

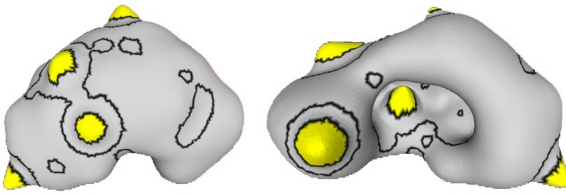
### 4. Résultats

Nous appliquons cette méthode sur un modèle rénal de haute résolution comprenant environ 30000 sommets et 60000 faces afin de détecter la tumeur exophytique présente à sa surface (voir figure 2). Face à la difficulté pour obtenir de telles données médicales, nous nous sommes appuyés

sur ce maillage pour modéliser manuellement des tumeurs et ainsi tester la robustesse de notre approche, même lorsque celle-ci est étendue au cas où plusieurs tumeurs sont présentes (voir figure 3).



**Figure 2 :** Présentation des résultats - Le modèle comporte trois régions : en rouge la zone de concavité à la base de l'excroissance ayant subi plusieurs dilatations. En jaune, la zone tumorale détectée automatiquement. En bleu, le reste du rein.



**Figure 3 :** L'extension de notre méthode à la présence de plusieurs tumeurs permet de détecter toutes les lésions du modèle.

```

Fonction propagation_tag (Sommet  $v$ , Tag  $t$ )
    Marquer  $v$  à  $t$ 
    pour tous les voisins  $v_i$  de  $v$  faire
        si  $v_i$  est marqué à 0 alors
            | propagation_tag( $v_i$ ,  $t$ )
        fin
    fin
fin

```

**Algorithme 1 :** Fonction de propagation d'un tag de voisins en voisins.

## 5. Conclusion

Nous avons présenté une approche de détection de tumeurs exophytiques. Elle présente l'avantage d'être entièrement automatique et outrepasser les limites de nos précédents travaux puisqu'elle ne repose sur aucun paramètre déterminé empiriquement ou manuellement. De plus, elle permet de couvrir tous les cas car aucune supposition n'est faite sur la localisation de l'excroissance. Néanmoins, son temps d'exécution long (environ 1 minute) se heurte partiellement à la contrainte de rapidité à laquelle doivent répondre nos travaux. La définition manuelle du nombre d'itérations peut être envisagée et permet de réduire significativement le temps d'exécution (3.5 ms par

```

Fonction marquer_regions ()
    Tag  $t = 2$ 
    répéter
        Sommet  $v$ 
         $v$  = un sommet marqué à 0
        propagation_tag( $v$ ,  $t$ )
         $t = t + 1$ 
    jusqu'à il n'existe plus de sommet marqué à 0
fin

```

**Algorithme 2 :** Fonction de marquage de toutes les régions connexes du maillage binaire.

```

Booléen excroissance_trouvee
excroissance_trouve = FAUX
répéter
    Appliquer une dilatation de taille 1
    marquer_regions()
    si il y a au moins deux régions alors
        Région  $R_i$ 
         $R_i$  = la deuxième région de plus grande taille
        si  $R_i$  correspond à l'excroissance alors
            | excroissance_trouvee = VRAI
        fin
    fin
    Marquer tous les sommets de tag différent de 1 à 0
jusqu'à NON(excroissance_trouvee)

```

**Algorithme 3 :** Détermination automatique du nombre d'opérations de dilatation à effectuer.

dilatation, pour 4 dilatations en moyenne). Cependant, cette solution induit que la seule difficulté surmontée par rapport à notre approche précédente repose sur l'*a priori* sur la localisation de la tumeur. Une autre solution serait de réduire la résolution du modèle même si cela impliquerait le choix d'un compromis entre nombre de sommets du maillage et la précision des calculs des courbures discrètes.

## Remerciements

Ces travaux sont financés par le groupe Novartis et par la fondation "Santé, Sport et Développement Durable d'Aix-Marseille Université" présidée par le Pr. Yvon Berland.

## Références

- [BSS\*01] BULYSHEV A., SEMENOV S., SOUVOROV A., SVENSON R., NAZAROV A., SIZOV Y., TATSIS G. : Computational modeling of three-dimensional microwave tomography of breast cancer. *IEEE Transactions on Bio-medical Engineering*. Vol. 48 (2001), 1053 – 1056.
- [CSC\*09] CUI J., SAHINER B., CHAN H.-P., NEES A., PARAMAGUL C., HADJIISKI L., ZHOU C., SHI J. : A new automated method for the segmentation and characterization of breast masses on ultrasound images. *Medical Physics*. Vol. 36 (2009), 1553 – 1565.
- [CSD\*08] CORSO J., SHARON E., DUBE S., EL-SADEN S., SINHA U., YUILLE A. : Efficient multilevel brain tumor segmentation with integrated bayesian model classification. *IEEE Transactions on Medical Imaging*. Vol. 27 (2008), 629 – 640.
- [ESDM07] EL-SHENAWE M., DORN O., MOSCOSO M. : Reconstruction of 3-D irregular shape of breast cancer tumor using the adjoint-field scheme in the microwave imaging algorithm. *Annual Review of Progress in Applied Computational Electromagnetics* (2007), 1288 – 1293.
- [ESM06] EL-SHENAWE M., MILLER E. : Spherical harmonics microwave algorithm for shape and location reconstruction of breast cancer tumor. *IEEE Transactions on Medical Imaging*. Vol. 25 (2006), 1258 – 1271.
- [FSD\*06] FRITZ G., SCHOELLNAST H., DEUTSCHMANN H., QUEHENBERGER F., TILICH M. : Multiphasic multidetector-row CT (MDCT) in detection and staging of transitional cell carcinomas of the upper urinary tract. *European Radiology*. Vol. 16 (2006), 1244 – 1252.
- [IMD09] IRISHINA N., MOSCOSO M., DORN O. : Microwave imaging for early breast cancer detection using a shape-based strategy. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*. Vol. 56 (2009), 1143 – 1153.
- [JPF\*02] JOSHI S., PIZER S., FLETCHER T., YUSHKEVICH P., THALL A., MARRON J. S. : Multiscale deformable model segmentation and statistical shape analysis using medial descriptions. *IEEE Transactions on Medical Imaging*. Vol. 21, Num. 5 (May 2002).
- [JSM\*03] JEREBKO A., SUMMERS R., MALLEY J., FRANSZEK M., JOHNSON C. D. : Computer-assisted detection of colonic polyps with CT colonography using neural networks and binary classification trees. *Medical Physics*. Vol. 30 (2003), 52 – 60.
- [KP04] KIM D., PARK J. : Computer-aided detection of kidney tumor on abdominal computed tomography scans. *Acta Radiologica*. Vol. 45 (2004), 791 – 795.
- [LHL\*10] LAI Z., HU J., LIU C., TAIMOURI V., PAI D., ZHU J., XU J., HUA J. : Intra-patient supine-prone colon registration in CT colonography using shape spectrum. *MICCAI*. Vol. 6361 (2010), 332 – 339.
- [LMVD13] LEONARDI V., MARI J.-L., VIDAL V., DANIEL M. : Recalage contraint par cartes de courbures discrètes pour la modélisation dynamique du rein. Dans *Journées du Groupe de Travail en Modélisation Géométrique, GTMG 2013* (2013), 149 – 158.
- [LWS\*11] LINGURARU M., WANG S., SHAH F., GAUTAM R., PETERSON J., LINEHAN W., SUMMERS R. : Automated noninvasive classification of renal cancer on multiphase CT. *Medical Physics*. Vol. 38 (2011), 5738 – 5746.
- [LYG\*09] LINGURARU M. G., YAO J., GAUTAM R., PETERSON J., LI Z., LINEHAN W. M., SUMMERS R. : Renal tumor quantification and classification in contrast-enhanced abdominal CT. *Pattern Recognition*. Vol. 42 (2009), 1149 – 1161.
- [LYLS13] LIU J., YAO S. W. W., LINGURARU M., SUMMERS R. : Manifold diffusion for exophytic kidney lesion detection on non-contrast CT images. *MICCAI*. Vol. 8149 (2013), 340 – 347.
- [MC08] MASSOPTIER L., CASCIARO S. : A new fully automatic and robust algorithm for fast segmentation of liver tissue and tumors from CT scans. *European Radiology*. Vol. 18 (2008), 1658 – 1665.
- [MPF00] MEANEY P., PAULSEN K., FANNING M. : Microwave imaging for breast cancer detection - preliminary experience. *Physics of Medical Imaging*. Vol. 3977 (2000), 308 – 319.
- [OCK05] OKADA K., COMANICIU D., KRISHNAN A. : Robust anisotropic gaussian fitting for volumetric characterization of pulmonary nodules in multislice CT. *IEEE Transactions on Medical Imaging*. Vol. 24 (2005), 409 – 423.
- [SCV10] SEO S., CHUNG M., VORPERIAN H. : Heat kernel smoothing using Laplace-Beltrami eigenfunctions. *MICCAI* (2010), 505 – 512.
- [YNM\*02] YOSHIDA H., NÄPPI J., MACENEANEY P., RUBIN D., DACHMAN A. : Computer-aided diagnosis scheme for detection of polyps at CT colonography. *Radiographics*. Vol. 22 (2002), 963 – 979.