

THÈSE

préparée à

L'INRIA Sophia-Antipolis

et présentée à

L'UNIVERSITÉ de NICE SOPHIA-ANTIPOLIS

pour obtenir le grade de

DOCTEUR

Spécialité

Sciences de l'ingénieur

par

Jérôme DECLERCK

Sujet de la thèse :

ÉTUDE DE LA DYNAMIQUE CARDIAQUE PAR ANALYSE D'IMAGES TRIDIMENSIONNELLES

Soutenue le 17 Novembre 1997 devant un jury composé de :

M.	Jacques	DARCOURT	Président
Mme	Isabelle	MAGNIN	Rapporteurs
M.	Michael	BRADY	
M.	Nicholas	AYACHE	Directeur
MM.	Michael	GORIS	Examineurs
	Jean-Marc	TALBOT	

À mes grands-parents,

LA BALLADE DES THÉSARDS

Frères Docteurs, qui après nous bossez
Ne faites travail contre nous maudit
Et si pitié de nous, thésards, avez,
Offrez-nous plutôt un boulot, merci.
Vous faites des heures bosser, neuf, dix
Quant aux papiers, que trop avons écrits
Ils sont déjà dépassés et proscrits
Nos démos ne font que cacher, paraître.
Et notre thèse, personne ne la lit
Mais priez Dieu que tous nous veuille admettre!

Frères, si vous copions, pas n'en devez
Avoir dédain, quoique fûmes inscrits
Par une erreur. Toutefois vous savez
Que bons sujets déjà ont été pris.
Excusez-nous, car nous sommes finis
Près de tous les profs de la fac d'ici
Que leur accueil ne soit pour nous "nenni!"
Nous préservant de cet avenir piètre.
Nous sommes morts, autour, que de mépris!
Mais priez Dieu que tous nous veuille admettre!

La thèse nous a usés et crevés
Et le soleil desséchés et noircis.
Et DEC et Sun nous ont les yeux brûlés
Attachés à l'écran et la souris.
Toujours, à tout moment, sommes assis
Par ci, par là, comme les confs varient
Questionnés par le program committee
Et très impressionnés par tous ces maîtres.
Ne jugez mal nos résultats pourris
Mais priez Dieu que tous nous veuille admettre!

Cher directeur, qui sur nous a maîtrise
Du jury garde-nous de la furie
A ses questions ne voulons nous soumettre.
Ô docteurs, ici n'est que gabegie
Mais priez Dieu que tous nous veuille admettre!

Remerciements

Je tiens tout d'abord à adresser ma plus vive gratitude aux membres de mon jury :

- à Nicholas Ayache, mon directeur de thèse, qui m'a accueilli dans son laboratoire dans des conditions plus que favorables à une recherche fructueuse et qui a su, pendant ces trois ans, conseiller et orienter habilement mes travaux vers leur aboutissement,
- à Isabelle Magnin et Mike Brady, qui ont eu la gentillesse d'accepter la lourde tâche de rapporteurs auprès du jury; je les remercie tout particulièrement pour l'attention et le temps qu'ils y ont consacrés, ainsi que pour leurs encouragements chaleureux et la lucidité de leurs conseils,
- à Jacques Darcourt, qui m'a fait sentir la réalité du travail de praticien et qui m'a permis de comprendre la place que des travaux comme le mien doivent avoir au sein d'un hôpital,
- à Michael Goris, qui m'a accueilli pendant un mois dans son service de Médecine Nucléaire à Stanford et avec lequel nous avons eu des discussions constructives dans une ambiance très chaleureuse et amicale,
- à Jean-Marc Talbot, qui a montré dès le départ l'intérêt d'un industriel à mes travaux.

Je tiens ensuite à remercier tout particulièrement Gérard Subsol qui a relu ce manuscrit avec l'attention et le perfectionnisme qu'on lui connaît. Sa censure redoutable a permis d'éclaircir les zones d'ombres que recelaient les premières versions.

J'exprime également ma plus sincère amitié à Stéphane Cotin, avec lequel j'ai partagé mon espace de travail pendant la presque totalité de nos thèses : ce partage fut toujours franc, très riche, parfois ludique et... quelquefois confortable et arrosé. J'admire son infinie patience devant les multiples symphonies, sonates, airs et autres quatuors dont il a dû subir l'écoute : il a résisté avec talent à ma mélomanie. Dieu sait ce qu'il pense de moi (Cotin, 1997) !

La réalisation du travail présenté dans ce manuscrit a été l'occasion de découvrir le milieu médical, ses contraintes et ses enjeux. Je voudrais remercier tout spécialement le Dr. Jean-Marie Rocchisani, du Service de Médecine Nucléaire de l'hôpital Avicenne à Bobigny, ainsi qu'Octave Mignéco et le Dr. Renaud Vidal, du Centre Antoine Lacassagne à Nice qui m'ont prouvé leur intérêt pour ces techniques nouvelles et n'ont pas hésité à me consacrer de leur précieux temps pour discuter avec moi. J'espère que ce temps passé avec moi leur a été autant profitable qu'à moi, j'ai énormément appris grâce à eux.

Dès lors qu'on s'approche des ordinateurs, il faut être sûr d'être bien armé contre leurs sautes d'humeurs. Un grand merci au personnel des Services Généraux et du Semir qui s'acharne à nous préparer des machines aux petits oignons ou à réparer les conséquences de certaines commandes malheureuses.

J'ai eu la joie et le plaisir de rencontrer beaucoup d'amitié dans notre petit monde de l'INRIA qui rassemble une grande variété de personnalités : qu'il faille discuter musique (avec Éric ou Diane), danser du rock, de la valse ou de la samba (avec Maria-Cristina, Tania ou Mabel), jouer au tennis (avec Luc ou Stéphane) ou au billard (avec Hervé), manger un bon couscous (avec Alexis, Éric, Grégoire, Valérie, Gérard et Serge) ou discuter de tout (avec Luc), j'ai toujours trouvé partenaires, ami(e)s, voire frère.

Pour reprendre sur une note plus sérieuse, j'exprime ma reconnaissance à toutes les personnes qui ont contribué de près ou de loin à ce travail en participant à des discussions toujours fructueuses. Je pense particulièrement à Éric, Jacques et Mike qui n'ont pas hésité à me consacrer plusieurs heures de leur précieux temps, mais je n'oublie pas les autres membres du projet Epidaure, cela va de soi. Enfin, je voudrais remercier ma famille qui m'a prouvé une fois de plus sa présence et son amour au cours de ces trois années d'une vie. C'est finalement là le plus important.

Que ceux que j'ai oubliés dans cette longue litanie me pardonnent.

**ÉTUDE DE LA DYNAMIQUE CARDIAQUE
PAR ANALYSE D'IMAGES TRIDIMENSIONNELLES**

Jérôme DECLERCK

INRIA, B.P. 93, F-06902 Sophia-Antipolis Cédex, France.

Les maladies cardiovasculaires demeurent à ce jour la première cause de mortalité dans les pays occidentaux développés. Le diagnostic d'une pathologie permet de prescrire au patient une thérapie adaptée avec un succès d'autant plus grand que la détection est précoce.

Nous nous intéressons dans cette thèse à l'étude de la dynamique cardiaque par analyse d'images tridimensionnelles, plus précisément à l'étude du ventricule gauche, la pompe principale du système de circulation sanguine. La première partie de ces travaux porte sur l'étude de la perfusion myocardique par tomoscintigraphie (SPECT) : dans cette étude, deux images 3D fonctionnelles du ventricule gauche sont acquises afin de détecter, par comparaison, d'éventuelles ischémies ou infarctus. Un outil a été développé pour mettre en correspondance ces images de façon automatique et de normaliser la géométrie de ces images dans un coeur de référence, en vue d'une quantification objective en 3D de l'étendue d'une pathologie. Cet outil a été mis au point sur une base de données d'entraînement de 40 cas et évalué sur une base de données de routine de 250 cas avec un succès de 97 %. La seconde partie de ces travaux porte sur l'étude du mouvement du ventricule gauche : nous décrivons une classe de transformations planisphériques 4D qui permettent de décrire le mouvement du ventricule en 4D (espace + temps). Ces transformations sont continues, définies grâce à la donnée d'un nombre réduit de paramètres. Elles sont décrites dans une géométrie particulièrement adaptée, permettant une écriture simple de la transformation. De plus, il est possible de réaliser une décomposition du mouvement dont la description spatiale et temporelle fournit des paramètres quantitatifs en vue d'une analyse objective et, potentiellement, et d'un diagnostic indépendant de l'opérateur. La méthode a été testée sur des séquences d'images tomoscintigraphiques synchronisées à l'électro-cardiogramme (gated SPECT) et par IRM marquées (tagged MRI).

Mots clés : *cœur, ventricule gauche, mouvement 3D, continuité temporelle, perfusion myocardique, mise en correspondance, atlas.*

STUDY OF CARDIAC DYNAMICS USING THREE-DIMENSIONAL IMAGES

Cardiovascular diseases remain the leading cause of mortality in western developed countries. The diagnosis of such a pathology allows one to provide a patient with a therapy that is more even likely to succeed when performed early.

In this thesis, we study cardiac dynamics using three-dimensional images, we are more precisely interested in the left ventricle, the main pump of the blood circulation system. The first part of the work is dedicated to myocardial perfusion studies using single photon emission computed tomography (SPECT): in this clinical study, two 3D functional images of the left ventricle are acquired in order to detect potential ischemiae or infarcts from a pixel to pixel comparison. A tool has been developed to automatically match and resample those images in a normalised geometry, allowing an objective 3D quantification of the extent and the evolution of a pathology. It has been tested on a training database of 40 cases and clinically evaluated on a routine database of 250 cases, with a success rate of 97 %, according to an expert. The second part of this work is dedicated to the tracking and the analysis of left ventricular motion: we describe a class of 4D planispheric transformations which are continuous in time and space, leading to a 4D description of the motion. These transformations are determined using a reduced number of control points and the equations are written in a geometry adapted to the shape of the left ventricle. Thanks to this geometry, it is also possible to split the motion into canonical components whose spatial and temporal description leads to an objective analysis of the motion. The method has been tested on a series of gated SPECT and tagged MRI sequences.

Keywords: *heart, left ventricle, 3D motion, temporal continuity, myocardial perfusion, matching, atlas.*

Table des matières

Introduction	1
1 Cadre général	2
2 Présentation du manuscrit	4
I Étude de la perfusion myocardique par tomoscintigraphie	7
1 Présentation du problème	9
1.1 La détection de la fonction cardiaque	10
1.1.1 Les maladies cardiovasculaires	10
1.1.2 La détection des pathologies	10
1.2 La classification des états de perfusion	11
1.2.1 L'examen clinique par tomoscintigraphie	12
1.2.2 Automatisation de l'analyse	12
2 Transformations volumiques B-splines	15
2.1 Définition de l'approximation B-spline de la déformation	16
2.1.1 Les B-splines	16
2.1.2 Les transformations volumiques B-splines	19
2.2 Détermination des points de contrôle	19
2.2.1 Le choix de la base de splines	19
2.2.2 Système régissant le choix des points de contrôle	21
2.3 Étude et résolution du système linéaire	23
2.3.1 L'assemblage	23
2.3.2 La résolution	24
2.3.3 Complexité algorithmique	28
3 Mise en correspondance et alignement sur un modèle	33
3.1 Présentation de la méthode	34
3.2 Extraction des primitives	35
3.2.1 Les images	35

3.2.2	Détection de contours dans la géométrie polaire 3D	37
3.2.3	Filtrage des points de contour	40
3.3	Mise en correspondance robuste	43
3.3.1	Le critère de mise en correspondance	43
3.3.2	Minimisation du critère	43
3.3.3	Définition du point le plus proche	45
3.3.4	La classe de transformations	46
3.3.5	La transformation initiale	47
3.4	Rééchantillonnage des images	49
3.5	Quantification de la pathologie	50
3.5.1	Définition d'une référence 2D sur une population normale	50
3.5.2	Limitations de la méthode 2D	51
3.5.3	Adaptation de la méthode 2D à une méthode 3D	52
3.6	Retour sur quelques points sensibles de la méthode	53
3.6.1	Quelques explications	53
3.6.2	Le cœur modèle	55
4	Expériences et conclusion	57
4.1	La base de données	58
4.2	Évaluation des résultats	58
4.2.1	Extraction de contours	58
4.2.2	Recalage repos-effort	59
4.2.3	Alignement sur le modèle	59
4.2.4	Quantification de la pathologie	70
4.2.5	Temps de calcul	70
4.3	Des résultats connexes	72
4.3.1	Une segmentation dans l'image originale	72
4.3.2	Le volume du ventricule gauche	73
4.4	Autres applications	73
4.4.1	Test "repos-redistribution"	73
4.4.2	Détection de l'embolie pulmonaire	76
4.4.3	Évaluation de l'effet d'un médicament sur le cerveau	77
4.5	Conclusion	77
4.5.1	Évaluation des performances	77
4.5.2	Perspectives	78
II	Étude de la dynamique du ventricule gauche	79
5	Présentation du problème	81

5.1	Calcul local du mouvement	82
5.1.1	Une modélisation préliminaire	82
5.1.2	Le suivi proprement dit	84
5.2	Analyse du mouvement	85
5.3	Contributions	85
6	Transformations Planisphériques 3D et 4D	87
6.1	Objectifs	88
6.1.1	Définition d'une transformation 4D	88
6.1.2	Description locale du mouvement	88
6.1.3	Utilisation d'une géométrie adaptée	89
6.2	La géométrie planisphérique 3D	90
6.3	La transformation en coordonnées planisphériques 3D	95
6.3.1	Analyse du mouvement	95
6.3.2	Degrés de liberté des paramètres, dépendance temporelle intrinsèque	96
6.4	Estimation d'une transformation planisphérique 4D	97
6.4.1	Le critère aux moindres carrés	97
6.4.2	Minimisation du critère	97
7	Suivi du mouvement 4D : méthode géométrique	101
7.1	L'information de mouvement dans la séquence	102
7.1.1	Les données	102
7.1.2	L'information de mouvement : comment la retrouver?	102
7.1.3	Schéma de l'algorithme	103
7.2	Extraction des primitives 4D	104
7.3	La mise en correspondance 4D	104
7.3.1	Le critère de mise en correspondance	104
7.3.2	Minimisation du critère	105
7.3.3	Définition du point le plus proche	106
7.3.4	La transformation initiale	106
7.4	Détermination d'un système de coordonnées planisphériques optimal	109
7.4.1	Le système d'axes	109
7.4.2	Choix du facteur σ_r	111
8	Suivi du mouvement par IRM marquée	113
8.1	L'information de mouvement dans les images marquées	114
8.1.1	Les données	114
8.1.2	L'information de mouvement : comment la retrouver?	115
8.1.3	Schéma de l'algorithme	119
8.2	Localisation des lignes de marquage	120

8.2.1	Une segmentation préliminaire manuelle	120
8.2.2	Critère de détection	120
8.2.3	Échantillonnage des points marqués	123
8.2.4	Étiquetage des points	124
8.2.5	Le jeu de lignes complet	127
8.3	Reconstruction du champ de déplacement	130
8.3.1	Le problème	130
8.3.2	Estimation d'une transformation B-spline	131
8.3.3	Estimation des transformations $\Phi_{n \rightarrow M}$	134
8.4	Estimation de la transformation planisphérique 4D	134
9	Expériences : méthode géométrique	135
9.1	Les données	136
9.2	Extraction des primitives	137
9.3	Suivi du mouvement	139
9.3.1	Les points dans les images	139
9.3.2	Déformation des points caractéristiques	146
9.3.3	Déformation de la surface du ventricule gauche	147
9.3.4	Les appariements trouvés par l'algorithme PPPI	150
9.4	Analyse du mouvement	152
9.4.1	Les paramètres canoniques en fin de systole	152
9.4.2	Le mouvement radial au cours de la systole	152
9.4.3	Analyse de Fourier	155
10	Expériences : images IRM marquée	159
10.1	Les données	160
10.1.1	Les images et leur géométrie	160
10.1.2	Sélection de la région d'intérêt	161
10.1.3	Calcul du système de coordonnées planisphériques	161
10.2	Détection et étiquetage des lignes de marquage	162
10.2.1	Les points dans les images	162
10.2.2	Représentation des points en 3D	166
10.3	Reconstruction du mouvement	168
10.3.1	Déformation vers l'instant t_M : cas normal	168
10.3.2	Déformation vers l'instant t_M : cas pathologique	176
10.3.3	Déformation vers l'instant t_M : cas pathologique, points de Mike Guttman	181
10.4	Estimation d'une transformation planisphérique 4D	186
10.4.1	Déformation de la surface du ventricule gauche : cas pathologique	188
10.4.2	Déformation des plans de marquage : cas normal	193
10.4.3	Déformation des plans de marquage : cas pathologique	196

10.5	Analyse du mouvement	198
Conclusion		207
1	Rappel des travaux présentés	210
2	Comment évaluer ces travaux?	210
2.1	Le réglage des paramètres	211
2.2	La validation par l'expérience	213
3	Perspectives	214
3.1	Des applications cliniques connexes	214
3.2	Une étude de la dynamique des fluides	215
3.3	Un problème important : comparer deux transformations	215
Annexes		219
A Éléments d'anatomie cardiaque		221
A.1	Le cœur et le ventricule gauche	222
A.1.1	Le ventricule gauche	223
A.1.2	Le myocarde	225
A.1.3	Les géométries de visualisation	227
A.1.4	Le cycle cardiaque	229
A.2	Les artères coronaires	231
A.2.1	Anatomie	231
A.2.2	Les principales pathologies	232
B Compléments sur les modalités d'imagerie cardiaque		233
B.1	La tomographie par émission monophotonique	234
B.1.1	Le traceur radioactif	234
B.1.2	La construction des images	237
B.1.3	Disponibilité de la modalité TEMP	238
B.2	L'imagerie par résonance magnétique	238
B.2.1	La résonance magnétique nucléaire	238
B.2.2	Construction d'une image	239
B.2.3	Le marquage (tagging)	240
B.2.4	Disponibilité de la modalité IRM	242
C Coordonnées planisphériques 3D : quelques détails		245
C.1	Détermination du centre mobile	246
C.2	Équations des surfaces $r = C^t$	249
C.2.1	Équations des surfaces	249

C.2.2 Équations des vecteurs normal et tangents	251
Bibliographie	251

Introduction

Les protocoles cliniques d'évaluation d'une maladie cardiovasculaire font de plus en plus appel à des techniques d'imagerie. Les outils d'analyse classiques (stéthoscope, électro-cardiogramme) sont complétés par des images en 2, 3 ou 4 dimensions (espace + temps) qui décrivent la fonction ou l'anatomie du cœur.

Dans ce chapitre nous donnons une vision globale de l'ensemble des travaux développés durant

cette thèse qui aborde des problèmes cliniques existant et montre l'intérêt d'utiliser des techniques et des images multi-dimensionnelles (3D et 4D) : nous nous sommes intéressés aux études de perfusion myocardique par tomoscintigraphie et à l'étude et l'analyse du mouvement du ventricule gauche à partir de séquences d'images tridimensionnelles. Nous présentons les motivations, l'état de l'art des travaux qui nous ont servi comme source d'inspiration ou comme base et nous précisons nos contributions.

HEART ATTACKS!

1 Cadre général

Le cœur est un organe vital dont les éventuels dysfonctionnements peuvent avoir des conséquences fatales : les maladies cardiovasculaires sont parmi les plus meurtrières dans les pays développés. La détection et la prévention de telles pathologies constitue donc un enjeu majeur de la médecine moderne.

Grâce aux progrès de la technologie, les outils classiques comme le stéthoscope ou l'électrocardiogramme ont été complétés par des images de l'intérieur du corps humain, ce qui permet au praticien de s'appuyer sur un sens supplémentaire – la vue – pour rendre son diagnostic alors qu'il ne disposait auparavant que du toucher et de l'ouïe.

Des techniques modernes d'imagerie ont été mises au point spécialement pour acquérir des images du cœur en fonctionnement, en deux ou trois dimensions, anatomiques ou fonctionnelles. Les données se présentent sous la forme de séquences d'images bi- ou tridimensionnelles qui couvrent tout ou une partie du cycle cardiaque, constituant ainsi, pour reprendre une analogie photographique, des clichés 3D ou des films 2 ou 3D du cœur en mouvement (table 1). En général, l'acquisition de ces images n'est pas invasive pour le patient.

Dans l'établissement de son diagnostic, le praticien doit analyser un examen externe (image, son, signal) grâce à sa connaissance et son expérience. Il doit comparer le cas qu'il étudie à sa propre définition de la normalité afin de décider si ce cas est pathologique ou non, et à quel degré. Il doit pour cela réaliser deux tâches :

1. *mettre en correspondance l'examen par rapport un modèle de référence étiqueté* : avant de réaliser une comparaison entre deux objets, il est nécessaire d'établir une correspondance entre eux. Dans le cas du son du stéthoscope, il s'agit de reconnaître les bruits entendus afin de savoir avec certitude à quelle fonction ils sont attachés. Dans le cas de l'électrocardiogramme, il faut identifier à quelle partie du muscle est reliée la fonction électrique détectée par les capteurs. Dans le cas d'une image, il faut savoir à quelle partie du cœur correspond la région située à tel endroit dans l'image. Toutes ces informations permettent d'étiqueter les structures qui composent le signal ou l'image de l'examen ;
2. *comparer l'examen à la référence* : une fois le cas et la référence identifiés, ils sont comparés. Si, pour une même structure, la différence d'information entre le cas et la référence est trop importante, le cas est suspecté d'être pathologique. Dans la majorité des situations, le médecin connaît une référence pathologique qui est comparable elle aussi au cas, ce qui lui permet de nommer la pathologie et de se conforter dans son opinion.

Ces tâches sont des processus cognitifs très complexes qui nécessitent, pour être maîtrisés, un nombre important d'années d'études. Les années de pratique complètent ce qui ne peut être expliqué dans les cours, dans les livres ou devant des cadavres... La méthode d'analyse du médecin s'appuie donc sur une base *commune* de connaissances (disponible dans une bibliothèque) qu'il a perfectionnée par son expérience *personnelle*. Le diagnostic que rend un médecin est une information qui dépend de lui, certains détecteront des éléments que d'autres ne sauront déceler.

Modalité	Dimension	Nature	Fréquence d'utilisation	Observations
Échographie Écho. Doppler	2, 2+T	Anat.	++++	Fonction ventriculaire - cavités (++++) - raccourcissement musc. (++) - fonction valvulaire (++++)
Ventriculographie X (inj. de produit de contraste)	2, 2+T	Anat.	++	Fonction ventriculaire (cavités)
Coronarographie X (inj. de produit de contraste)	2, 2+T	Anat.	+++	Anatomie et fonction des coronaires
IRM	3, 3+T	Anat. Anat. Fonc. Anat.	+	- Anatomie ventriculaire (+++) - Cinétique musculaire (+++) - Perfusion (+) - Grands vaisseaux (++)
Imagerie isotopique (ventriculographie)	2, 2+T 3, 3+T	Anat.	++	Fonction ventriculaire (cavités)
Imagerie isotopique (perfusion myocardique)	3, (3+T)	Fonc.	++	Perfusion du myocarde

TAB. 1 – Les modalités d'imagerie cardiaque et quelques unes de leurs caractéristiques : la dimension des images, leur nature intrinsèque (anatomique ou fonctionnelle), la fréquence d'utilisation et le type d'examen pratiqué.

L'utilisation d'informations de plus en plus complexes à interpréter et denses comme les images tridimensionnelles accroît la *subjectivité* du diagnostic. La recherche en vision par ordinateur a déjà apporté une aide importante aux praticiens pour les aider à analyser les images (Ayache, 1995). Les objectifs de ces études sont, d'une part, de rendre les processus d'analyse des images plus *rapides* et plus *précis* et d'autre part, plus *automatiques* afin de réduire cette subjectivité.

2 Présentation du manuscrit

Les deux étapes de l'élaboration du diagnostic que nous avons présentées plus haut touchent des domaines bien précis de la vision par ordinateur sur lesquels de nombreuses équipes de chercheurs travaillent depuis quelques décennies :

1. *mettre en correspondance l'examen par rapport un modèle de référence étiqueté* : cette opération nécessite d'abord une *segmentation* de l'image (détection de la région d'intérêt) et une *mise en correspondance* avec la référence, qui permet l'étiquetage des structures,
2. *comparer l'examen avec la référence* : il s'agit d'une opération de *quantification* et de *reconnaissance*.

Les travaux que nous présentons dans cette thèse s'inscrivent dans ce cadre. Nous abordons deux problèmes de traitement des images cardiaques 3D :

1. *Étude de perfusion myocardique par tomoscintigraphie*

Nous nous intéressons à l'amélioration d'un protocole clinique bien connu en Médecine Nucléaire. Le but de cet examen est de détecter les zones du myocarde atteinte d'ischémie (due en général au rétrécissement du diamètre d'une artère coronaire qui irrigue le cœur) ou d'infarctus (nécrose). L'examen est réalisé par acquisition d'images 3D fonctionnelles par Tomographie d'Émission Mono-Photonique (TEMP, ou Single Photon Emission Computed Tomography (SPECT) en anglais) prises à différents états de fonctionnement du cœur : une image est acquise au repos (dépense métabolique minimale) et l'autre à l'effort, chaque image étant une photographie 3D de la perfusion du ventricule gauche. Le praticien détecte les zones pathologiques par comparaison visuelle des deux images.

Nous avons *automatisé* le processus de segmentation et de mise en correspondance sur un modèle de référence en tirant pleinement profit de la nature réellement *tridimensionnelle* des données, ce qui est une nouveauté par rapport aux études qui constituent l'état de l'art (Declercq et al., 1996). Grâce à cette normalisation automatique des données, le cas étudié et la référence sont mis en correspondance (étape 1). Nous étudions ensuite un processus de quantification de la pathologie grâce à des considérations statistiques. La comparaison de l'examen avec une référence de normalité (étape 2) est alors elle aussi automatisée. L'ensemble du processus d'évaluation de l'examen est alors plus *objectif*.

La première partie de ce manuscrit est dédiée à la présentation de la méthode et des résultats qui ont été obtenus. Nous présentons de façon plus détaillée le protocole clinique et les problèmes de subjectivité qu'il soulève avant de présenter notre méthode et les expériences qui ont été réalisées sur de larges bases de données (40 et 250 cas).

2. *Suivi et analyse du mouvement cardiaque*

L'étude de perfusion myocardique constitue un moyen d'évaluation de la maladie cardiovasculaire qui ne s'appuie que sur des images *statiques tridimensionnelles* affranchies de toute information de mouvement. En effet, dans le protocole que nous avons utilisé pour l'étude de perfusion myocardique, les images sont acquises sans corriger le mouvement de respiration du patient ni le mouvement de pompage du cœur. Or, les cardiologues constatent qu'une pathologie du muscle cardiaque induit en général un mouvement anormal de ce muscle pendant le cycle de contraction. Nous pouvons légitimement supposer qu'à l'inverse, un mouvement anormal est révélateur d'une pathologie. Pour cela, il nous faut travailler avec des images *dynamiques tétra-dimensionnelles* (3D de l'espace plus le temps). Dans la deuxième partie de ce manuscrit, nous étendons les techniques présentées dans la première partie : nous nous intéressons à la détection et à l'analyse du mouvement dans les séquences d'images tridimensionnelles, par exemple en Médecine Nucléaire (TEMP synchronisée, ou gated SPECT en anglais) ou en Imagerie par Résonance Magnétique (IRM marquée, tagged MRI en anglais). Bien que l'état de l'art soit fourni, aucune étude n'a encore été poussée assez loin pour établir un protocole clinique de routine d'évaluation d'une pathologie cardiaque par analyse cinématique. Les problèmes qu'il reste à résoudre sont encore trop nombreux.

Nous définissons une *classe* de transformations de l'espace et du temps appelées "planisphériques 4D" qui permettent de modéliser le mouvement du ventricule gauche (Declerck et al., 1997). Nous imposons une continuité temporelle dans notre modèle de mouvement, nous définissons les transformations dans une géométrie adaptée à la forme du ventricule gauche par un nombre réduit de paramètres et avec des équations simples. L'imposition d'une contrainte de continuité temporelle est une nouveauté par rapport à l'état de l'art. À partir de ces transformations, nous définissons des paramètres "canoniques" de mouvement liés à la définition des transformations planisphériques 4D. Ce sont ces paramètres qui devront servir au praticien afin qu'il puisse rendre son diagnostic.

La seconde partie de ce manuscrit est dédiée à l'étude de ces transformations planisphériques 4D. Outre les définitions mathématiques, nous présentons deux méthodes d'évaluation d'une telle transformation : l'une à partir de séquences d'images tridimensionnelles quelconques (par exemple, la TEMPS) et l'autre à partir de séquences d'images IRM marquées. Cette dernière modalité d'imagerie fournit directement une information de mouvement dans l'image et nécessite un processus de traitement particulier.

Des expériences ont été menées sur quelques séquences d'images, permettant de montrer la faisabilité de chacune des méthodes d'évaluation et la pertinence de l'information qui est

extraite grâce aux paramètres de mouvement. La méthode présentée est une solution pour résoudre une partie des problèmes posés par l'étape 1 de l'établissement du diagnostic. Grâce aux paramètres du mouvement, le praticien dispose d'une information quantitative sur le cas qu'il étudie : il faut encore qu'il l'identifie à une référence (quelques solutions partielles sont proposées) et qu'il quantifie la pathologie.

Nous avons réservé pour chacune des deux parties du manuscrit une section préliminaire qui présente avec plus de détails les motivations et les contributions de notre travail à l'état de l'art : les discussions engagées dans ces sections sont trop techniques pour être argumentées dans cette introduction générale. En conclusion de cette thèse, nous rappelons les résultats obtenus et nous les situons par rapport aux objectifs fixés. Pour chacun des problèmes abordés, nous suggérons une méthode de validation que nous comptons mettre en œuvre pour qualifier notre approche.

Enfin, des annexes sur l'anatomie du cœur et sur les techniques attachées aux modalités d'imagerie utilisées dans nos expériences complètent ce manuscrit.

Première partie

ÉTUDE DE LA PERFUSION MYOCARDIQUE
PAR TOMOSCINTIGRAPHIE

Chapitre 1

Présentation du problème

La Tomographie par Émission MonoPhotonique (SPECT en anglais) au ^{201}Tl ou au $^{99\text{m}}\text{Tc}$ est utilisée pour localiser et mesurer l'importance de zones ischémiées ou infarctées du muscle cardiaque (le ventricule gauche).

Nous présentons le principe de l'étude de perfusion myocardique par tomoscintigraphie: deux

images tridimensionnelles montrant une carte de perfusion du ventricule gauche sont acquises, une image au "repos" et l'autre à l'effort" afin d'établir une comparaison des intensités dans les images. La mesure de différence entre les intensités des deux images caractérise l'ischémie. Nous discutons des problèmes liés à la subjectivité du traitement des images dans l'évaluation de l'examen.

1.1 La détection de la fonction cardiaque

1.1.1 Les maladies cardiovasculaires

Dans de très nombreux cas, le premier symptôme de maladie cardiovasculaire est un infarctus du myocarde, lequel est souvent mortel. La détection et la prévention de l'infarctus est donc un enjeu majeur de la médecine moderne.

En général, l'*infarctus*, qui est une nécrose d'une partie d'un organe, est la conséquence d'un rétrécissement progressif d'une artère coronaire. Au début, le rétrécissement n'interfère pas avec le débit sanguin normal que l'artère doit assurer, mais lors d'un exercice physique pour lequel la demande métabolique du myocarde augmente, le vaisseau partiellement obstrué ne peut fournir le débit exigé. La portion du myocarde *ischémique* en aval de ce vaisseau oblitéré est donc asphyxiée sous l'effet d'une demande métabolique plus importante. L'*ischémie d'effort* est la phase durant laquelle le patient montre des symptômes de maladie cardiovasculaire. Cet état est réversible avec l'appui d'une bonne thérapie, mais le patient risque cependant l'infarctus, étape critique durant laquelle la partie asphyxiée meurt soudainement. Cette nécrose locale soudaine entraîne un dérèglement de l'onde électrique qui régit la contraction cardiaque, ce dérèglement est douloureux mais n'est pas mortel si l'infarctus n'est pas trop grave : la zone se nécrose, le cœur cicatrise la plaie et l'ensemble peut continuer à battre, assurant la survie du patient. La fonction de pompage est moins efficace, mais elle est toujours significative et suffisante. Si l'infarctus est plus grave, le mouvement de contraction du cœur est dérégulé et peut s'arrêter de pomper, entraînant la mort par arrêt cardiaque.

Les signes classiques de l'ischémie d'effort sont une douleur à la poitrine lors d'un exercice soutenu (angine de poitrine, ou angor d'effort), ainsi qu'un changement dans le signal de l'électrocardiogramme (ECG) à l'effort (McGoon, 1993, partie 4). Quelquefois, les symptômes sont moins spécifiques, voire complètement absents ou encore ces signes ne sont pas dus à une ischémie.

1.1.2 La détection des pathologies

L'artériographie coronarienne permet de détecter d'éventuels rétrécissements des artères, elle est nécessaire pour planifier une intervention chirurgicale (angioplastie¹ ou pontage²). Ce procédé, quoique donnant un diagnostic précis et fiable, est très invasif et n'est pas sans risque pour le patient (l'intervention est douloureuse, il y a toujours un risque de percer une artère avec le cathéter). Pour les cas où les risques dus à l'état de santé du patient, les signes cliniques et les résultats de l'électrocardiogramme sont tels qu'il est impossible de rendre un diagnostic sûr, il est nécessaire de définir une étape intermédiaire de détection fondée sur un protocole supportable pour le patient.

Les images de médecine nucléaire (tomoscintigraphie) fournissent des images tridimensionnelles de perfusion (apport de sang) de façon non-invasive (aucun acte chirurgical, seulement quelques doses limitées de radiation). Dans l'étude de perfusion myocardique, deux images de perfusion du myocarde sont acquises, l'une au repos (image **repos**) et l'autre sous exercice maximal (image

1. dilatation du vaisseau rétréci à l'aide d'une sonde dont l'embout se gonfle pour écarter le vaisseau

2. court-circuit par suture d'un vaisseau (veine saphène ou mammaire) de part et d'autre du bouchon

effort). La comparaison de ces deux images fournit une classification des zones du myocarde en trois niveaux (figure 1.1) :







	Repos	Effort
Normal		
Ischémique		
Infarcté		

FIG. 1.1 – Classification de l'état de perfusion du myocarde d'après l'étude de perfusion myocardique par scintigraphie. Un rectangle plein signifie une intensité élevée dans l'image.

- l'intensité est normale dans les deux images repos et effort, la zone est *normale*,
- l'intensité est anormalement basse dans l'image dans l'image effort, mais normale dans l'image repos, l'anomalie est alors appelée *ischémie d'effort*,
- l'intensité est anormalement basse dans les deux images, l'anomalie est *fixe*, la zone est *infarctée* dans le cas le plus simple (absence de signal dans les images), ou bien la zone est atteinte par une sténose très étroite de l'artère coronaire amont, elle est appelée dans ce cas *hibernante* ou *assomée* et il y a urgence dans ces cas précis d'ischémie de repos (figure 1.2).

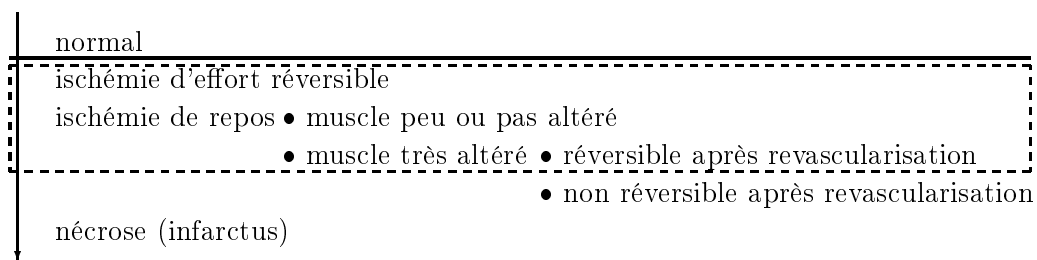


FIG. 1.2 – Classification nuancée de l'état du myocarde selon la gravité de la pathologie (graduée le long de la flèche). Le cadre pointillé rassemble les cas pour lesquels une thérapie adaptée (médicaments, angioplastie ou pontage) peut être bénéfique.

1.2 La classification des états de perfusion

Pour établir son diagnostic, le praticien doit réaliser deux comparaisons: la première entre l'image repos et l'image effort (comparaison interne), la seconde entre l'image repos et une image de distribution de perfusion normale, compte tenu des variabilités naturelles (comparaison externe).

1.2.1 L'examen clinique par tomoscintigraphie

L'examen clinique, dans sa version courante, se décompose en trois étapes principales :

1. *identification de la région d'intérêt* et réorientation de l'image dans une géométrie adaptée à l'examen,
2. *mise en correspondance* des images par comparaison de forme de quelques coupes centrales,
3. *comparaison visuelle* des coupes recalées pour détecter les différences d'intensité.

Bien qu'étant largement pratiqué, faute de mieux, ce procédé a plusieurs inconvénients majeurs :

- la comparaison est approximative à cause du manque de précision et de la subjectivité dans le recalage 2D visuel opéré pour pouvoir comparer les coupes (figure 1.3),

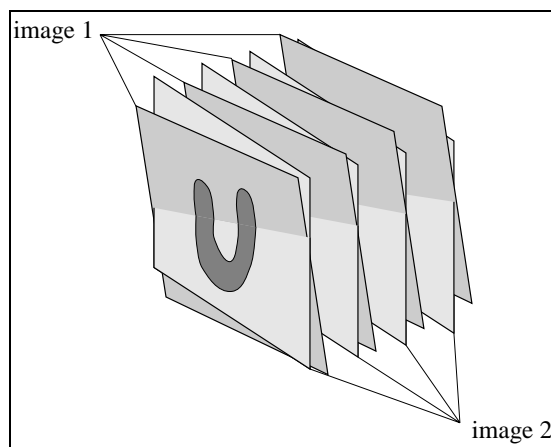


FIG. 1.3 – *Les directions des plans de coupe ne sont pas forcément identiques, le recalage coupe à coupe est donc imprécis car les coupes ne sont pas exactement comparables.*

- seules quelques coupes centrales sont comparées, écartant du même coup des zones intermédiaires (figure 1.4),
- il est très difficile de comparer objectivement différents jeux de données du même patient pris à des instants différents, par exemple pour suivre l'évolution d'une pathologie ou l'efficacité d'une thérapie, car il manque une *référence*.

Il est donc nécessaire de construire un outil qui puisse permettre de corriger les problèmes liés au traitement bidimensionnel des images et à la dépendance à l'opérateur de certaines étapes du processus.

1.2.2 Automatisation de l'analyse

Différentes études proposent une automatisation de quelques étapes de l'analyse :

- pour l'*identification de la région d'intérêt*, (Germano et al., 1995; Mullick et Ezquerra, 1995; Mullick et Ezquerra, 1992) décrivent des méthodes automatiques pour segmenter le myocarde

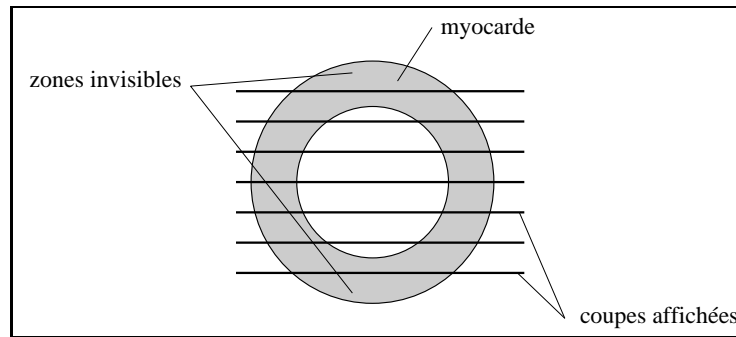


FIG. 1.4 – Sur cette coupe petit-axe, quelques zones du muscle ne sont pas intersectées par les plans de coupes (lignes horizontales) servant à l'étude comparative.

directement depuis les images transaxiales, ou pour définir un centre et le grand axe comme dans (Cauvin et al., 1992). Une fois le grand axe identifié, les différents murs (voir annexe A) sont faciles à repérer dans la géométrie originale, la réorientation est donc aisée ;

- pour la *mise en correspondance*, (Perault et al., 1995), inspiré par (Woods et al., 1993) présente une méthode de calcul automatique d'une mise en correspondance rigide grâce à la minimisation d'un critère de corrélation entre les images repos et effort. Dans (Venot et al., 1987), la méthode est également fondée sur un critère de corrélation avec changement de signe stochastique. Dans (Slomka et al., 1995), un critère de corrélation est également utilisé pour calculer une transformation non-rigide (rotation + translation + mise à l'échelle non-uniforme suivant les trois axes) pour recalibrer des images de patients différents entre eux. Un modèle est construit en normalisant et moyennant les images rééchantillonnées. Dans (Thirion, 1995a), une méthode fondée sur des "démons" est définie pour mettre en correspondance deux images de patients différents avec une transformation libre (free-form deformation) contrainte par un lissage.

Toutes ces méthodes s'appuient sur une utilisation directe de l'information de l'intensité, ce qui peut poser des problèmes sachant que le principe même de l'analyse est d'estimer des différences d'intensités que ces méthodes cherchent à minimiser.

L'objectif de la méthode que nous allons décrire est de répondre au besoin d'automatisation de certaines étapes de l'analyse :

1. *identification de la région d'intérêt* : nous nous sommes contentés de définir une méthode d'extraction de points caractérisant les limites du ventricule gauche à partir des images déjà réorientées ;
2. *mise en correspondance* : notre contribution est ici la plus importante. Nous utilisons les points extraits pour mettre en correspondance automatiquement et en 3D les images repos et effort. Nous utilisons également ces points pour aligner la géométrie des ventricules gauches sur un modèle de référence ;

3. *comparaison* : grâce à la géométrie normalisée, il est possible de comparer objectivement les images entre elles et par rapport à une normale.

Cette méthode a été développée en collaboration avec le Dr. Jacques Feldmar (projet Epidaure), le Pr. Michael L. Goris (Service de Médecine Nucléaire, Hôpital Universitaire de Stanford, Californie) et Fabienne Betting (projet Epidaure). Elle a fait l'objet d'une publication (Declerck et al., 1996).

Tout d'abord, nous présentons dans le chapitre 2 les transformations volumiques B-splines qui sont un outil indispensable dans la méthode d'alignement. Le chapitre 3 décrit ensuite les détails de la méthode d'extraction de points caractéristiques de la région d'intérêt et de la méthode de mise en correspondance et d'alignement sur un modèle des images repos et effort. Nous présentons enfin dans le chapitre 4 les expériences que nous avons réalisées sur une base de données de 40 études de perfusion myocardique. Nous présentons également des applications de la méthode à des problèmes similaires et nous dressons une conclusion sur ces travaux.

Chapitre 2

Transformations volumiques B-splines

Nous présentons dans ce chapitre les transformations splines locales définies comme des produits tensoriels de courbes B-splines cubiques.

Nous discutons des propriétés de continuité, de localité et nous exposons la technique d'évaluation de telles transformations à partir d'un couple de listes de points de correspondance.

Le problème est ici d'approximer une déformation d'un objet identifié dans deux images Image 1 et Image 2. Cette déformation est estimée en un *nombre fini de points* éparpillés dans l'Image 1 grâce, par exemple, à des méthodes de mise en correspondance comme celle exposée au chapitre 3. L'objectif est d'*étendre la déformation à tous les points de l'espace* de la région d'intérêt afin de définir une correspondance point à point dans toute l'image et de pouvoir déformer celle-ci dans son ensemble.

Nous pouvons modéliser le problème de la façon suivante : il s'agit de déterminer une transformation f de l'espace :

$$\begin{aligned} f : \mathbb{R}^3 &\longrightarrow \mathbb{R}^3 \\ P_i &\longmapsto Q_i \end{aligned}$$

en s'appuyant sur des correspondances éparses entre des couples $(P_i; Q_i)$. Nous disposons de deux listes L_1 et L_2 de points se correspondant deux à deux.

Nous choisissons d'utiliser des transformations volumiques B-splines définies comme des produits tensoriels de courbes B-splines. Nous détaillons dans ce chapitre les motivations de ce choix et les propriétés mathématiques de cet outil d'approximation de déformation.

2.1 Définition de l'approximation B-spline de la déformation

2.1.1 Les B-splines

Généralités

Considérons n et K deux entiers positifs, et $n + K + 1$ réels t_0, t_1, \dots, t_{n+K} formant une suite ordonnée. On définit, pour les entiers i compris entre 0 et $n - 1$, les fonctions d'une variable appelées **B-splines** de la manière suivante récurrente sur K :

$$\left\{ \begin{array}{l} B_i^0(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } t_i \leq x < t_{i+1} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \\ B_i^K(x) = \frac{x - t_i}{t_{i+K} - t_i} B_i^{K-1}(x) + \frac{t_{i+K+1} - x}{t_{i+K+1} - t_{i+1}} B_{i+1}^{K-1}(x) \quad \text{pour } K \geq 1 \end{array} \right.$$

étant convenu que si un dénominateur de la fraction est nul, la fraction entière est nul. Les réels t_i s'appellent les **nœuds** associées à l'ensemble des n fonctions B_i^K , K le **degré** des B-splines et $K + 1$ l'**ordre** de ces fonctions (figure 2.1).

Il découle de cette définition un peu artificielle un algorithme simple d'évaluation de ces fonctions. Leur intérêt réside dans leurs propriétés dont nous soulignons celles qui nous intéressent (voir (Risler, 1991) pour un exposé plus détaillé) :

- B_i^K est un polynôme de degré K par morceaux.
- $B_i^K(x) > 0 \iff x \in]t_i, t_{i+K+1}[$, sinon $B_i^K(x) = 0$. Le support de ces fonctions est donc connu et "petit".

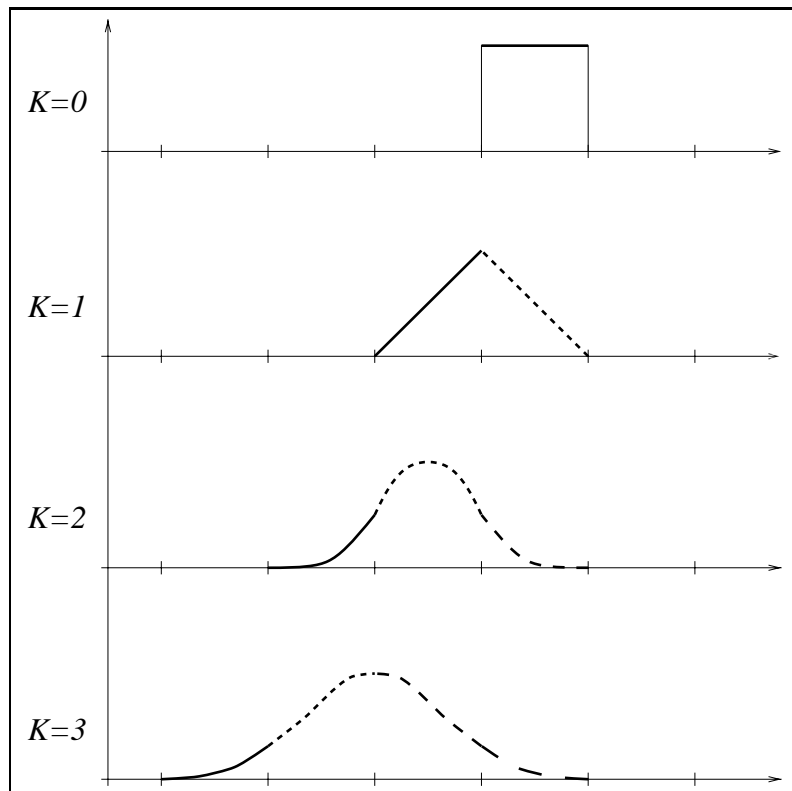


FIG. 2.1 – Une fonction de base de spline est définie récursivement de $K = 0$ jusqu'à $K = 3$. Chaque portion de ligne est un polynôme de degré K par morceaux, avec raccord C^{K-1} dans le cas de nœuds simples.

- $B_i^K(t_i) = 0$ sauf si $t_i = \dots = t_{i+K} < t_{i+K+1}$, auquel cas cette expression vaut 1.
- Pour tout $x \in [t_K, t_n[$, on a

$$\sum_{i=0}^{n-1} B_i^K(x) = 1$$

- B_i^K est infiniment dérivable à droite pour tout x réel. On a, en effet :

$$\left[B_i^K(x) \right]' = K \cdot \left[\frac{1}{t_{i+K} - t_i} B_i^{K-1}(x) - \frac{1}{t_{i+K+1} - t_{i+1}} B_{i+1}^{K-1}(x) \right]$$

Cette équation permet de définir récursivement les dérivées d'ordre supérieur.

- B_i^K est infiniment dérivable à gauche pour tout x réel sauf les t_i , la dérivabilité est alors limitée à l'ordre $K - m_i$, où m_i désigne la multiplicité du nœud t_i : m_i est égal au nombre de nœuds égaux à t_i ($t_{i-1} \neq t_i = \dots = t_{i+m_i-1} \neq t_{i+m_i}$). m_i est compris entre 1 (on parle alors de nœud simple) et K .

Les fonctions B-splines sont donc C^{K-m_i} .

Ces propriétés font de cet ensemble de fonctions une **partition de l'unité facile à évaluer et à dériver**, chacune des fonctions ayant un **petit support**.

Interpolation et courbes B-splines

Considérons maintenant un ensemble de points $(\tau_0, \tau_1, \dots, \tau_l)$ ordonné strictement, et E l'espace vectoriel des fonctions polynômiales de degré K par morceaux définies sur l'intervalle $[\tau_0, \tau_l]$, avec **raccord** C^{r_i-1} en τ_i (r_i entier compris entre 0 et K). Choissant correctement un ensemble de nœuds t_i (Risler, 1991, page 24), les fonctions B_i^K forment alors une **base de l'espace vectoriel** E . Pour cette raison nous appellerons l'ensemble des fonctions B_i^K la **base de B-splines** associée aux nœuds t_i . Une courbe B-spline est alors une combinaison linéaire de ces vecteurs (fonctions) de base, les coordonnées de la courbe dans cette base sont appelées **points de contrôle** de la courbe.

Rigidité

Enfin, dernière propriété remarquable des courbes B-splines, concernant le cas où K vaut 3 (on parle alors de B-splines cubiques) : parmi l'ensemble des fonctions vérifiant les propriétés :

$$\begin{cases} f(\tau_i) = y_i & \text{pour } 0 \leq i \leq l \\ f'(\tau_0) = \alpha \\ f'(\tau_l) = \beta \end{cases}$$

la courbe B-spline est l'unique élément qui minimise

$$\int_{\tau_0}^{\tau_l} [f''']^2$$

intégrale qui s'assimile à l'énergie de flexion d'une "baguette" (*spline*, en anglais) qui passe par certains points (τ_i, y_i) du plan et dont on fixe les directions des bouts. Cette propriété assure une certaine élasticité intrinsèque de la courbe, la meilleure au sens du critère énoncé.

2.1.2 Les transformations volumiques B-splines

Le problème traité revient à déterminer les fonctions coordonnées du point M_2 de Image 2 en fonction des coordonnées de M_1 :

$$\begin{cases} x_2 = f^x(x_1, y_1, z_1) \\ y_2 = f^y(x_1, y_1, z_1) \\ z_2 = f^z(x_1, y_1, z_1) \end{cases}$$

Ce sont ces fonctions coordonnées que nous approximerons par des produits tensoriels de courbes B-splines :

$$\begin{aligned} f^x(x, y, z) &\simeq \sum_{i=0}^{n^x-1} \sum_{j=0}^{n^y-1} \sum_{k=0}^{n^z-1} PC_{ijk}^x \cdot B_i^{K,x}(x) \cdot B_j^{K,y}(y) \cdot B_k^{K,z}(z) \\ f^y(x, y, z) &\simeq \sum_{i=0}^{n^x-1} \sum_{j=0}^{n^y-1} \sum_{k=0}^{n^z-1} PC_{ijk}^y \cdot B_i^{K,x}(x) \cdot B_j^{K,y}(y) \cdot B_k^{K,z}(z) \\ f^z(x, y, z) &\simeq \sum_{i=0}^{n^x-1} \sum_{j=0}^{n^y-1} \sum_{k=0}^{n^z-1} PC_{ijk}^z \cdot B_i^{K,x}(x) \cdot B_j^{K,y}(y) \cdot B_k^{K,z}(z) \end{aligned}$$

où PC^x désigne le vecteur des points de contrôle associés à la coordonnée x , $B_i^{K,x}$ la i -ème fonction de base de spline d'ordre K associée à la coordonnée x , etc...

Le produit tensoriel de courbes B-splines ont déjà été proposées dans (Guéziec, 1993). Dans cette étude, une méthode particulièrement efficace et élégante permet de résoudre le problème de l'approximation d'une surface par un tel produit dans le cas de données régulièrement échantillonnées dans l'espace. Dans notre problème, nous considérons que l'approximation des hypersurfaces f^x , f^y et f^z s'appuie sur des données réparties de façon quelconque. La méthode présentée dans (Guéziec, 1993) n'est pas adaptée sous cette condition, il faut modifier la méthode de résolution.

2.2 Détermination des points de contrôle

La connaissance de l'approximation de la fonction repose entièrement sur celle de la base de splines (donc des nœuds) et de la matrice des points de contrôle.

2.2.1 Le choix de la base de splines

Le degré des fonctions splines a été choisi égal à 3, car les splines cubiques offrent un bon compromis entre dérivabilité et simplicité de calcul. En effet, les B-splines cubiques à nœuds simples nous assurent une transformation au moins C^2 , ce qui fournit une régularité satisfaisante.

Distribution régulière non-périodique

Pour le problème des transformations volumiques, les nœuds ont été choisis classiquement suivant la distribution régulière suivante (figure 2.2) :

$$\begin{aligned} t_0^x &= \dots = t_K^x = \min^x \\ t_i^x &= \min^x + (\max^x - \min^x) \frac{i - K}{n^x - K} \quad \text{pour } K < i < n^x \\ t_{n^x}^x &= \dots = t_{n^x+K}^x = \max^x \end{aligned}$$

où \min^x et \max^x désignent respectivement les bornes inférieures et supérieures de l'espace dans lequel on approxime. Ces valeurs sont fixées par le problème étudié (limites de l'organe, de l'image...).

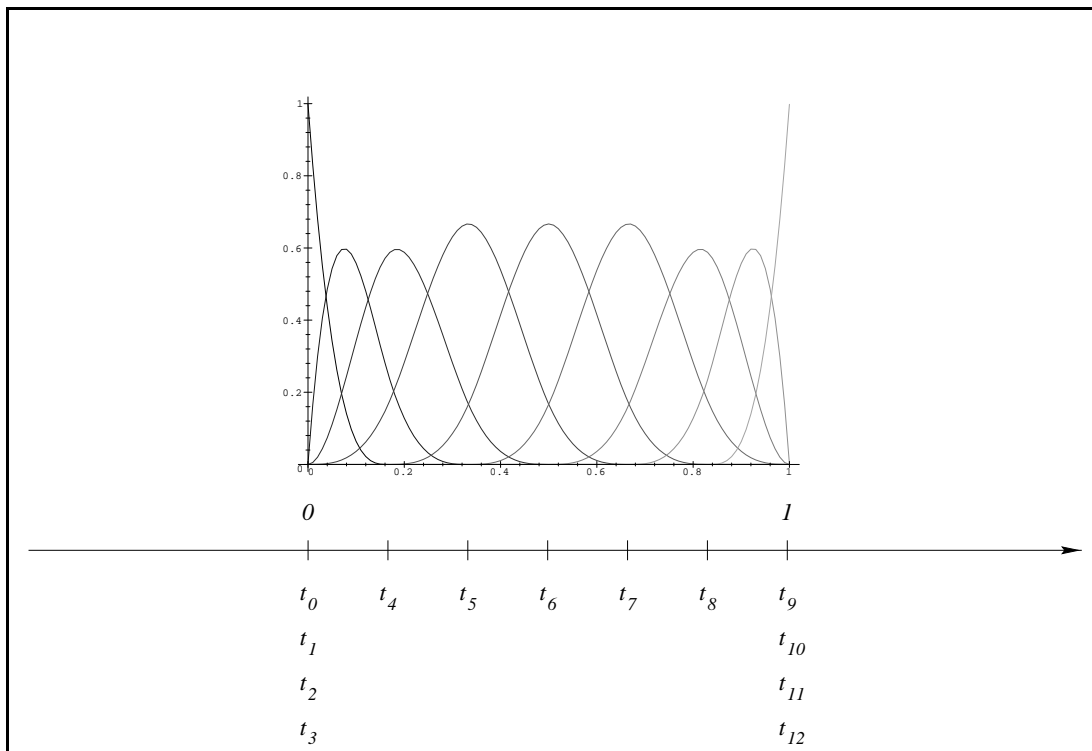


FIG. 2.2 – La base de splines sur $[0,1]$ pour $n = 9$ et $K = 3$ dans le cas non-périodique.

Ce choix a été motivé par la faible importance de la répartition des nœuds pour le problème posé. Cette dernière devient cruciale lorsqu'il s'agit de définir la topologie de la courbe que l'on souhaite approximer (fermée ou ouverte), ou lorsque l'on souhaite que certaines parties de la courbe se raccordent avec un degré de dérivabilité inférieur à C^{K-1} , ou bien encore lorsqu'il s'agit de définir une transformation avec différents niveaux de finesse de description : en effet, on peut placer beaucoup de nœuds là où la transformation est très "déformante".

Dans le cas de nos transformations volumiques B-splines, les courbes qui servent de support au produit tensoriel sont toujours ouvertes et C^{K-1} , la topologie de la surface (ou de l'hypersurface dans le cas tridimensionnel) que l'on désire approximer est plane. La discussion ne se pose donc pas dans

un premier temps. Nous n'avons pas jugé utile de définir une transformation avec une distribution de nœuds hétérogène, la déformation est supposée être du même ordre de finesse partout. Il est de plus souhaitable d'avoir une approximation définie de façon homogène dans tout l'espace dans lequel on travaille. Cependant, l'algorithme a été écrit de telle sorte qu'on puisse choisir une répartition des nœuds quelconque.

Distribution régulière périodique

Pour le cas des transformations polaires 4D (chapitre 6), nous utilisons une distribution périodique de nœuds pour définir des courbes fermées, les nœuds sont régulièrement espacés (figure 2.3) :

$$t_i^x = \min^x + (\max^x - \min^x) \frac{i - K}{n^x - K} \quad \text{pour tout } i$$

avec comme contrainte que $t_i = t_{i+n^x-K} + T$, pour tout i , avec $T = \max^x - \min^x$ la période. Pour l'implantation pratique, on se limite à définir les t_i pour $0 \leq i \leq n^x + K$ et ramenant la variable t entre \min^x et \max^x .

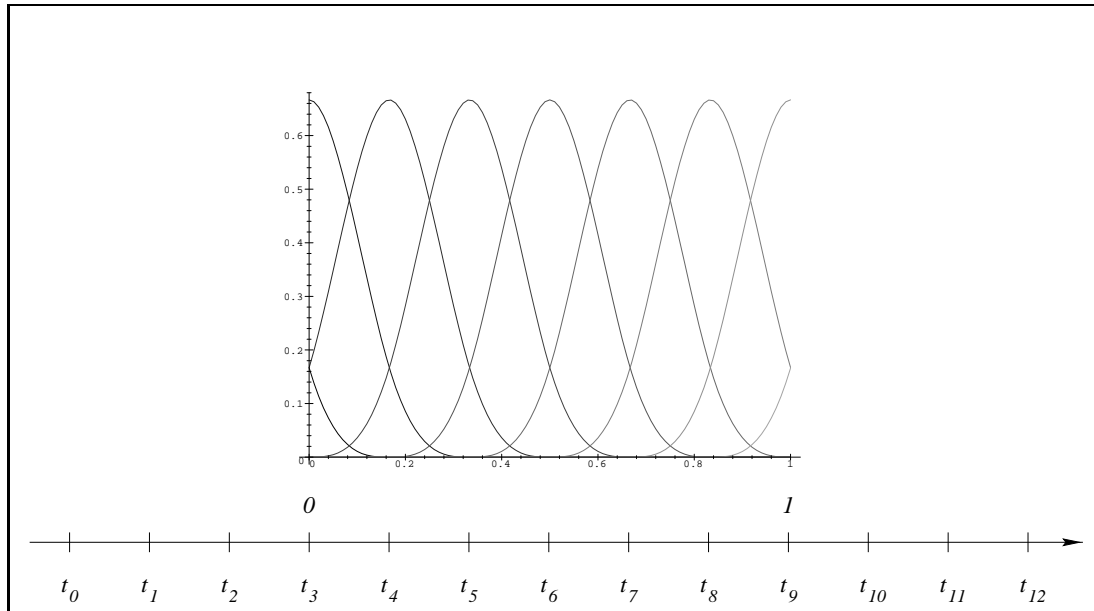


FIG. 2.3 – La base de splines sur $[0,1]$ pour $n = 9$ et $K = 3$ dans le cas périodique.

2.2.2 Système régissant le choix des points de contrôle

Les points de contrôle sont obtenus en minimisant un critère aux moindres carrés contenant les différentes contraintes à respecter. Dans la suite, pour alléger les expressions, nous omettons de rappeler le degré K dans la notation des fonctions de base B-splines. Le nombre de points de données est noté N . Le critère est exprimé pour la fonction f^x , l'écriture du critère pour f^y et f^z se faisant de façon similaire. Nous imposons une contrainte d'*attache aux données* et de *régularité* :

Terme d'attache aux données

La fonction f^x doit approcher les valeurs des abscisses des points de L_2 . Le terme d'attache aux données est la somme des carrés des distances résiduelles. Pour normaliser le terme, on le divise par le nombre de points et par le carré d'une distance D caractéristique de la distribution. Ce terme s'écrit ainsi :

$$J_{don.}(f^x) = \frac{1}{N.D^2} \sum_{l=1}^N \left(f(x_l^1, y_l^1, z_l^1) - x_l^2 \right)^2$$

ce qui, en développant, nous donne :

$$J_{don.}(f^x) = \frac{1}{N.D^2} \sum_{l=1}^N \left(\sum_{i=0}^{n^x-1} \sum_{j=0}^{n^y-1} \sum_{k=0}^{n^z-1} PC_{ijk}^x \cdot B_i^x(x_l^1) \cdot B_j^y(y_l^1) \cdot B_k^z(z_l^1) - x_l^2 \right)^2$$

Dans nos expériences, D est choisie comme l'écart-type de la distribution de distances des points de L_1 à leur centre de gravité, définissant ainsi une "taille" caractéristique du nuage de points de L_1 .

Terme de régularité

Ce terme est analogue à une énergie de flexion de la plaque que représente l'hyper-surface $x^2 = f(x^1, y^1, z^1)$. Pour normaliser le terme qui est homogène à un volume, on le divise par le cube de la distance caractéristique D . Il s'exprime sous la forme :

$$J_{rég.}(f^x) = \frac{1}{D^3} \int_{\mathbb{R}^3} \left[(f^x)_{xx}^2 + (f^x)_{yy}^2 + (f^x)_{zz}^2 + 2(f^x)_{xy}^2 + 2(f^x)_{yz}^2 + 2(f^x)_{xz}^2 \right]$$

en désignant par $(f^x)_{xx}$ la dérivée partielle seconde par rapport à la variable x de f^x , etc...

Il est à noter que ce terme est nul pour une transformation rigide ou affine. Il mesure donc une "distance" de f^x à une transformation affine.

Le critère complet

Le critère à minimiser prend donc la forme suivante :

$$J(f) = J_{don.}(f) + \rho \cdot J_{rég.}(f)$$

où ρ est un coefficient de pondération entre les deux parties du critère, selon la contrainte que l'on veut imposer préférentiellement.

Restreint aux fonctions produits tensoriels de courbes B-splines, ce critère est une forme quadratique positive en les points de contrôle PC_{ijk}^x . Elle est définie positive si les données sont "suffisamment" régulièrement réparties. Il suffit en fait qu'entre deux nœuds consécutifs, il y ait au moins un point de donnée (Guéziec, 1993). Le minimum sera obtenu en annulant les dérivées de J par rapport à toutes les variables PC_{ijk}^x . Ce calcul aboutit à $n^x \cdot n^y \cdot n^z$ équations (les dérivations) à $n^x \cdot n^y \cdot n^z$ inconnues (les variables PC_{ijk}^x). Ce minimum sera unique si le critère est défini positif.

Ainsi, pour des entiers a, b, c tels que $0 \leq a < n^x, 0 \leq b < n^y$ et $0 \leq c < n^z$, après rassemblement des PC_{ijk}^x , on obtient l'équation suivante :

$$\sum_{i,j,k} PC_{ijk}^x \cdot \left(\begin{aligned} & \frac{1}{N \cdot D^2} \sum_{l=1}^N B_a^x(x_l^1) \cdot B_b^y(y_l^1) \cdot B_c^z(z_l^1) \cdot B_i^x(x_l^1) \cdot B_j^y(y_l^1) \cdot B_k^z(z_l^1) \\ & + \frac{\rho}{D^3} \left(I_{abc,ijk}^{xx} + I_{abc,ijk}^{yy} + I_{abc,ijk}^{zz} + 2 \cdot I_{abc,ijk}^{xy} + 2 \cdot I_{abc,ijk}^{yz} + 2 \cdot I_{abc,ijk}^{xz} \right) \end{aligned} \right) \\ = \sum_{l=1}^N B_a^x(x_l^1) \cdot B_b^y(y_l^1) \cdot B_c^z(z_l^1) \cdot x_l^2$$

avec les notations simplifiées :

$$\begin{aligned} I_{abc,ijk}^{xx} &= \int_{\mathbb{R}^3} B_a^{''x} \cdot B_b^y \cdot B_c^z \cdot B_i^{''x} \cdot B_j^y \cdot B_k^z \\ I_{abc,ijk}^{xy} &= \int_{\mathbb{R}^3} B_a^{'x} \cdot B_b^{'y} \cdot B_c^z \cdot B_i^{'x} \cdot B_j^{'y} \cdot B_k^z \\ &\dots \end{aligned}$$

On constate que le système d'équations est symétrique par permutation de (a,b,c) et de (i,j,k) , ce qui n'a rien de surprenant puisque J est une forme quadratique.

Pour clarifier l'écriture de ce système linéaire, on considère que le terme associé à PC_{ijk}^x dans l'équation écrite pour le couple d'entiers (a,b,c) est l'élément (p,q) d'une matrice carrée \mathcal{A} , avec $p = a + n^x \cdot b + n^x \cdot n^y \cdot c$ et $q = i + n^x \cdot j + n^x \cdot n^y \cdot k$ les indices des lignes et des colonnes de \mathcal{A} . Cette matrice a pour taille $(n^x \cdot n^y \cdot n^z)^2$. De la même façon, le coefficient (i,j,k) de PC^x est l'élément q du vecteur d'inconnues $\chi : PC_{ijk}^x = \chi_{i+n^x \cdot j+n^x \cdot n^y \cdot k} = \chi_q$.

La résolution du problème passe donc par l'assemblage et la résolution de ce système linéaire :

$$\mathcal{A} \chi = \mathcal{B}$$

2.3 Étude et résolution du système linéaire

Nous étudions maintenant la matrice et le second membre du système linéaire à résoudre.

2.3.1 L'assemblage

L'assemblage traite chaque terme du critère séparément :

Terme d'attache aux données

En chaque point de données, le produit des fonctions de base n'est non nul que si chacune des fonctions de base évaluées est non nulle, c'est à dire si les conditions suivantes sont réunies :

$$\begin{aligned} x_l^1 &\in [t_a^x, t_{a+K+1}^x] \cap [t_i^x, t_{i+K+1}^x] \\ y_l^1 &\in [t_b^y, t_{b+K+1}^y] \cap [t_j^y, t_{j+K+1}^y] \\ z_l^1 &\in [t_c^z, t_{c+K+1}^z] \cap [t_k^z, t_{k+K+1}^z] \end{aligned}$$

L'évaluation de ce produit ne se fera que dans ce cas. De plus, par souci d'économie de calcul, on sauve les valeurs des fonctions de base en les points de données dans un vecteur de réels.

Terme de régularité

Les intégrales à calculer sont séparables en un produit de deux intégrales de fonctions d'une variable. Par exemple, pour $I_{abc,ijk}^{xx}$, on a :

$$I_{abc,ijk}^{xx} = \int_{\mathbb{R}} B_a^{''x} \cdot B_i^{''x} \cdot \int_{\mathbb{R}} B_b^y \cdot B_j^y \cdot \int_{\mathbb{R}} B_c^z \cdot B_k^z$$

Les valeurs des intégrales des produits des fonctions de base seront regroupées dans des vecteurs, le calcul du terme $I_{abc,ijk}^{xx}$ revenant alors à une simple multiplication. Les intégrales seront calculées par la méthode de Gauss-Legendre qui présente le double avantage d'être économe en évaluations de l'intégrande et de fournir un résultat exact pour les fonctions polynômes jusqu'à un certain degré (Press et al., 1992, page 151) : en évaluant p fois l'intégrande en certains points bien choisis, le calcul de l'intégrale est exact pour un polynôme de degré $2.p + 1$. L'intervalle d'intégration a bien sûr été réduit à l'intersection des domaines de définition des bases de B-splines, sur chaque intervalle de nœuds consécutifs $[t_i, t_{i+1}]$, l'intégrande est de degré $2.K$ au plus, le nombre d'évaluations a donc été choisi égal à K .

2.3.2 La résolution

Description de la matrice

La matrice de rigidité du système à résoudre est symétrique positive (définie positive s'il y a au moins un point de donnée par intervalle de nœuds consécutifs).

Le profil de \mathcal{A} est une matrice $(2K + 1)$ -diagonale par blocs $(2K + 1)$ -diagonaux de blocs $(2K + 1)$ -diagonaux, ces derniers étant de taille $(n^x)^2$ (figure 2.4). On aurait pu exploiter cette structure pour adopter une sauvegarde économique des éléments de la matrice. Nous avons choisi en fait de sauver les éléments de la matrice dans un vecteur qui stocke linéairement les diagonales de \mathcal{A} les unes à la suite des autres, comme si \mathcal{A} était une matrice bande de largeur de bande $n^x \cdot n^y (K - 1) + n^x (K - 1) + K$. Le fait de conserver beaucoup d'éléments nuls dans ce vecteur n'est pas ennuyeux, car la taille du système est de l'ordre de 1000×1000 pour les problèmes qui nous intéressent, ce que supporte parfaitement la capacité mémoire d'une station de travail classique. L'avantage est qu'il permet d'écrire une procédure de multiplication matrice-vecteur simple et rapide.

L'algorithme de résolution

Nous avons choisi l'algorithme du gradient conjugué pour résoudre le système, d'après la version de Fletcher et Reeves (Elman, 1982).

Algorithme du gradient conjugué

Choisir χ_0

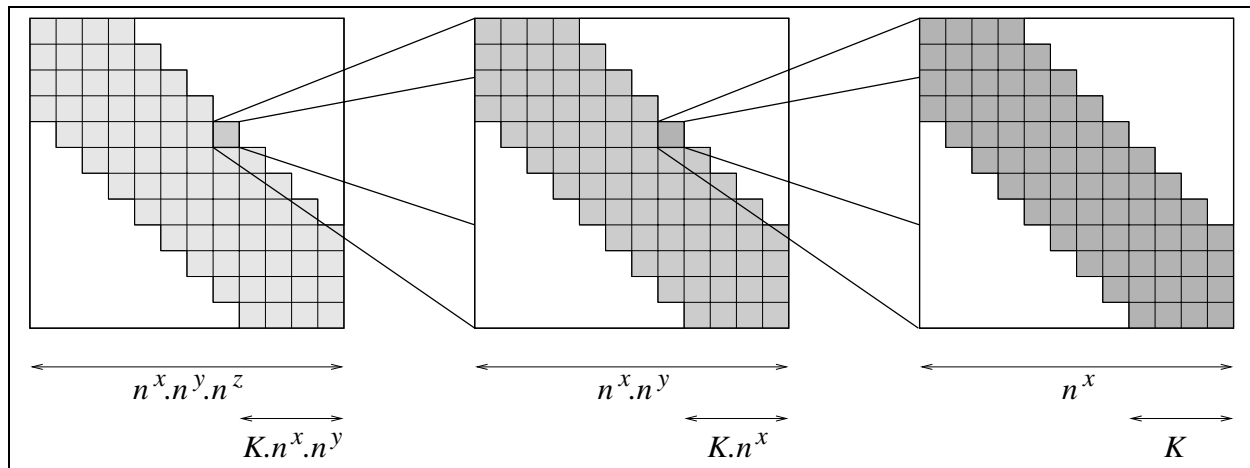


FIG. 2.4 – La matrice \mathcal{A} est $(2K+1)$ -diagonale par blocs $(2K+1)$ -diagonaux de blocs $(2K+1)$ -diagonaux, représentée ici pour $K=3$ et $n^x = n^y = n^z = 12$.

Fixer $r_0 = b - \mathcal{A}\chi_0$

Fixer $p_0 = r_0$

Pour chaque itération i

$$a_i = \frac{\langle r_i; r_i \rangle}{\langle p_i; \mathcal{A}p_i \rangle}$$

$$\chi_{i+1} = \chi_i + a_i \cdot p_i$$

$$r_{i+1} = r_i - a_i \cdot \mathcal{A}p_i$$

$$b_i = \frac{\langle r_{i+1}; r_{i+1} \rangle}{\langle r_i; r_i \rangle}$$

$$p_{i+1} = r_{i+1} + b_i \cdot p_i$$

Cet algorithme nécessite $5.n^x.n^y.n^z$ multiplications et une multiplication matrice-vecteur par itération. Ce choix est motivé par la capacité de cet algorithme à prendre avantageusement en compte une solution initiale. De plus, quand les données sont mal réparties, la matrice contient des lignes nulles et est donc singulière. La solution calculée à une itération i n'est donc pas déviée de son estimation initiale.

Si χ_∞ est la solution du système et si la fonctionnelle d'erreur E s'écrit :

$$E(\chi) = \|\chi - \chi_\infty\|_{\mathcal{A}} = \langle \chi - \chi_\infty; \mathcal{A}(\chi - \chi_\infty) \rangle$$

on montre alors qu'à l'itération i , cette erreur est majorée par la relation :

$$E(\chi_i) \leq 2 \cdot \left[\frac{1 - \frac{1}{\sqrt{\kappa(\mathcal{A})}}}{1 + \frac{1}{\sqrt{\kappa(\mathcal{A})}}} \right]^i \cdot E(\chi_0)$$

où $\kappa(\mathcal{A})$ désigne le conditionnement de la matrice \mathcal{A} . Le nombre d'itérations I nécessaires pour atteindre une précision relative ε donnée est donc majoré par :

$$I \leq \frac{1}{2} \sqrt{\kappa(\mathcal{A})} \ln\left(\frac{2}{\varepsilon}\right) \quad (2.1)$$

$$(2.2)$$

Pour accélérer la convergence, nous avons réalisé quelques prétraitements :

1. *Préconditionnement du système linéaire.* Posons \mathcal{P} une matrice symétrique inversible. Le système linéaire

$$\mathcal{A}\chi = \mathcal{B}$$

se réécrit en multipliant à gauche par \mathcal{P} :

$$\mathcal{P}\mathcal{A}\chi = \mathcal{P}\mathcal{B}$$

Posons :

$$\mathcal{A}' = \mathcal{P}\mathcal{A}\mathcal{P}$$

$$\mathcal{B}' = \mathcal{P}\mathcal{B}$$

On peut alors résoudre le système :

$$\mathcal{A}'\chi' = \mathcal{B}'$$

la solution du système original vaut alors simplement :

$$\chi = \mathcal{P}\chi'$$

Cette série d'opérations, qui ne semble être qu'un jeu d'écriture, permet de lancer l'algorithme du gradient conjugué avec la matrice \mathcal{A}' , dont le conditionnement κ est différent de celui de \mathcal{A} . Le but de l'opération est de changer la matrice sur laquelle le gradient conjugué opère pour une matrice de plus petit conditionnement afin d'accélérer la convergence. La solution trouvée sera de surcroît plus fiable numériquement.

Nous utilisons un preconditionnement diagonal, pour simplifier les calculs :

$$\mathcal{P}_{ii} = \frac{1}{\sqrt{\|\mathcal{A}_i\|_2}}$$

où \mathcal{A}_i désigne la i -ème ligne de \mathcal{A} .

2. *Estimation d'une solution initiale.* Nous choisissons de partir d'une transformation affine, qui est une transformation spline particulière. Cette transformation est déterminée aux moindres carrés. Nous présentons l'expression sous la forme de produit tensoriel B-spline de cette solution, valable seulement pour la distribution des nœuds classique régulière et non-périodique que nous utilisons.

Supposons dans un premier temps que f soit l'identité. Nous avons donc en particulier :

$$f^x(x, y, z) = \sum_{i=0}^{n^x-1} \sum_{j=0}^{n^y-1} \sum_{k=0}^{n^z-1} PC_{ijk}^x \cdot B_i^x(x) \cdot B_j^y(y) \cdot B_k^z(z) = x$$

Comme $\frac{\partial f^x}{\partial y} = 0$ et $\frac{\partial f^x}{\partial z} = 0$, l'expression du produit tensoriel est indépendante de y et de

z . Il vient donc que PC_{ijk}^x est indépendant de j et de k . En utilisant le fait que $\sum_{j=0}^{n^y-1} B_j^y(y) =$

$\sum_{k=0}^{n^z-1} B_k^z(z) = 1$ pour $y \in [t_K^y, t_{n^y}^y[$ et $z \in [t_K^z, t_{n^z}^z[$, il vient :

$$f(x, y, z) = \sum_{i=0}^{n^x-1} PC_i^x \cdot B_i^x(x) = x$$

Il nous faut donc trouver l'expression des PC_i^x qui correspond à cette fonction. Elle est définie

ainsi : posons d'abord $q = \frac{max^x - min^x}{K(n^x - K)}$. On a alors :

- $PC_0^x = min_x$
- $PC_{n^x-1}^x = max^x$
- les autres PC_i^x sont tels que $\frac{PC_{i+1}^x - PC_i^x}{q}$ décrit la suite suivante, pour $i = 0 \dots n^x - 2$

$$\{1, 2, \dots, K-1, K, K, K, \dots, K, K-1, \dots, 2, 1\}$$

ce qui donne finalement les expressions suivantes :

$$\begin{aligned} PC_0^x &= min^x \\ PC_1^x &= min^x + q \\ PC_2^x &= min^x + 3.q \\ &\vdots \\ PC_{K-1}^x &= min^x + \frac{K(K-1)}{2}q \\ PC_K^x &= min^x + \frac{K(K+1)}{2}q \\ PC_{K+1}^x &= min^x + \frac{K(K+1)}{2}q + K.q \\ PC_{K+2}^x &= min^x + \frac{K(K+1)}{2}q + 2.K.q \end{aligned} \tag{2.3}$$

$$\begin{array}{c}
\vdots \\
\vdots \\
\vdots \\
PC_{n^x-K}^x = max^x - \frac{K(K+1)}{2}q \\
PC_{n^x-K+1}^x = max^x - \frac{K(K-1)}{2}q \\
\vdots \\
\vdots \\
\vdots \\
PC_{n^x-2}^x = max^x - q \\
PC_{n^x-1}^x = max^x
\end{array}$$

La figure 2.5 illustre ces formules pour $n^x = 10$ et $K = 3$. Pour les autres coordonnées,

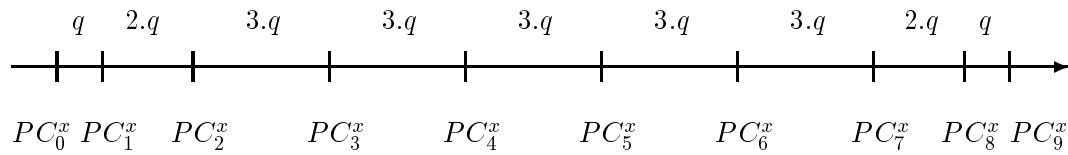


FIG. 2.5 – La répartition des nœuds pour $n^x = 10$ et $K = 3$ le long de l'axe des paramètres.

l'expression est évidemment similaire.

Dans le cas général, par linéarité de l'expression du produit tensoriel en les points de contrôle, les PC_{ijk} sont les images des points de contrôle de la solution identité transformés par la transformation affine.

Nous n'avons pas réussi à prouver théoriquement les expressions 2.3 de la solution initiale. Cela permet de gagner une vingtaine d'itérations au départ, ce qui n'est pas négligeable. De plus, lorsque le système contraint peu la répartition des points de contrôle (à cause d'un manque de données dans la zone où l'on cherche à définir les points de contrôle), les valeurs restent autour de celles que leur a données la solution initiale. Il est donc important que celle-ci soit satisfaisante.

Le temps de calcul pour les applications que nous avons définies ($K = 3$, 1000 points de contrôle, 3000 points de données, typiquement) est de l'ordre d'une dizaine de secondes sur une station de travail DEC Alpha cadencée à 166 MHz.

2.3.3 Complexité algorithmique

Évaluation d'une transformation spline

Pour évaluer la fonction de base de splines avec l'algorithme de De Casteljau, il faut effectuer $\frac{K(K+1)}{2}$ combinaisons convexes de valeurs, chacune de ces combinaisons nécessite deux multi-

plications, une division, une soustraction, d'après (Risler, 1991, page 30). Le comptage est résumé dans la table 2.1.

Opération	Nombre	Équivalence
*	$K(K + 1)$	K^2
/	$\frac{K(K + 1)}{2}$	$\frac{1}{2}K^2$
+ -	$\frac{K(K + 1)}{2}$	$\frac{1}{2}K^2$

TAB. 2.1 – Nombre d'opérations nécessaires pour évaluer les bases de spline en un point.

Pour évaluer une transformation spline en un point, il faut trois fois les bases de spline, 2 multiplications pour évaluer le produit tensoriel, 3 multiplications par les coordonnées du point de contrôle, tout ceci réalisé $n^x.n^y.n^z$ fois. Enfin, la sommation des contributions de chaque point de contrôle comptabilise $n^x.n^y.n^z - 1$ additions. Le comptage est résumé table 2.2, pour simplifier, on suppose que $n^x = n^y = n^z = n$.

Opération	Nombre	Équivalence
*	$n^3(3.K(K + 1) + 5)$	$3.n^3.K^2$
/	$\frac{3.n^3.K(K + 1)}{2}$	$\frac{3}{2}n^3.K^2$
+ -	$n^3(3\frac{K(K + 1)}{2} + 1) - 1$	$\frac{3}{2}n^3.K^2$

TAB. 2.2 – Nombre d'opérations nécessaires pour évaluer une transformation spline en un point.

Assemblage de la matrice

1. Terme d'attache aux données

Pour chaque paire de points, la contribution à la matrice est calculée en évaluant les bases de spline en ce point. Il faut 6 multiplications et une addition supplémentaires pour calculer la contribution à un élément $\mathcal{A}_{abc,ijk}$, et 3 multiplications et une addition supplémentaires pour calculer la contribution à un élément \mathcal{B}_{abc} . Les entiers a, b, c, i, j, k peuvent prendre $K + 1$ valeurs, il faut donc multiplier le décompte des opérations par $(K + 1)^6$ pour les différents $\mathcal{A}_{abc,ijk}$ et par $(K + 1)^3$ pour \mathcal{B}_{abc} . Le comptage est résumé table 2.3.

2. Terme de régularité

Pour chaque évaluation de l'intégrande par la méthode de Gauss-Legendre, il faut calculer les bases de spline et leurs dérivées. Le calcul de ces dérivées est direct par l'algorithme de

Opération	Nombre		Équivalence
*	$3.N [K(K+1) + (K+1)^3 + 2.(K+1)^6]$		$6.N.K^6$
/	$\frac{3}{2}.N.K(K+1)$		$\frac{3}{2}.N.K^2$
+ -	N	$\frac{3}{2}K(K+1) + (K+1)^3 + (K+1)^6$	$N.K^6$

TAB. 2.3 – Nombre d'opérations nécessaires pour calculer le terme d'attache aux données.

De Casteljaou et ne nécessite pas d'opération supplémentaire. Pour chaque intégrale de type $\int_{\mathbb{R}} B_a^x . B_i^x$, on calcule pour $a = 0 \dots n^x - 1$ et $i = 0$ ou $a - K \dots a$ l'intégrale sur l'intervalle $[t_a, t_{i+K+1}]$, ce qui représente en tout $(n^x - 1)(K + 1) + (n^x - 2)K + \dots (n^x - K + 1)1 = \frac{n^x . K(K + 1)}{2} - \frac{(K + 1)(K + 2)(2.K + 3)}{6}$ intervalles sur lesquels sera appliquée la méthode de Gauss-Legendre. Cette dernière nécessite K évaluations de l'intégrande, K multiplications et $K - 1$ additions.

Pour le calcul de l'intégrande, les bases de splines sont précalculées en les différents points où l'intégrande est évaluée, ce qui fait donc $K.(n^x - K)$ évaluations des fonctions de base B-spline. Le calcul de l'intégrande est donc réduit à une simple multiplication.

Enfin, il faut additionner les intégrales élémentaires entre elles pour calculer $\int_{\mathbb{R}} B_a^x . B_i^x$ ($\frac{K(K + 1)}{2}$ additions), puis multiplier ces intégrales entre elles (2 multiplications). Le terme de régularité complet est calculé avec 5 additions et 4 multiplications supplémentaires. Le comptage est résumé table 2.4.

Pour nos applications, $K = 3$, $n = 8$, N est de l'ordre de 2000. Les coûts en opérations sont donc de 8 750 000 pour le terme d'attache aux données et de 121 500 pour le terme de régularité. Le terme d'attache aux données est donc largement plus coûteux en opérations.

Résolution du système linéaire

La matrice est de taille $T \times T = n^3 \times n^3$. L'algorithme du gradient conjugué nécessite, pour chaque itération, 3 produits scalaires (T multiplications, $T - 1$ additions), $2.T$ multiplications, $2.T$ additions/soustractions, 2 divisions et une procédure de multiplication matrice-vecteur. Cette dernière, si elle est bien optimisée au regard du nombre d'éléments nuls de la matrice, contient $T.L$ multiplications et additions, où L est le nombre d'éléments non nuls par ligne. Pour les matrices de nos systèmes linéaires, ce nombre vaut $(2.K + 1)^3$.

Le nombre d'itérations I nécessaires pour assurer la convergence de l'algorithme est théoriquement T , la taille de la matrice. En pratique, le critère d'arrêt stoppe les calculs avant d'arriver si

Opération	Nombre	Équivalence
*	$\left[\frac{3}{2}.n.K(K+1) - \frac{(K+1)(K+2)(2.K+3)}{2} \right]$ $\left[K + 3.K^2(K+1)(n-K) \right] + 7$	$\frac{9}{2}.n^2.K^5$
/	$\left[\frac{3}{2}.n.K(K+1) - \frac{(K+1)(K+2)(2.K+3)}{2} \right]$ $\left[\frac{3}{2}K^2(K+1)(n-K) \right]$	$\frac{9}{4}.n^2.K^5$
+ -	$\left[\frac{3}{2}.n.K(K+1) - \frac{(K+1)(K+2)(2.K+3)}{2} \right]$ $\left[K + \frac{3}{2}K^2(K+1)(n-K) \right] + 5$	$\frac{9}{4}.n^2.K^5$

TAB. 2.4 – Nombre d’opérations nécessaires pour calculer le terme de régularité.

loin, le nombre I varie selon la “quantité” de déformation de la transformation que l’on cherche. Le comptage est résumé table 2.5.

Opération	Nombre	Équivalence
*	$n^3 [I(2.K+1)^3 + 5]$	$8.n^3.K.I$
/	2	2
+ -	$n^3 [I(2.K+1)^3 + 5] - 1$	$8.n^3.K.I$

TAB. 2.5 – Nombre d’opérations nécessaires pour une itération de gradient conjugué.

Bilan : qu’est-ce qui coûte cher ?

L’assemblage du système nécessite donc de l’ordre de $6.N.K^6$ multiplications, la résolution du système en nécessite $8.n^3.K.I$. Dans nos expériences, $K = 3$, $n = 8$, N est de l’ordre de 2000, I de l’ordre de 50 ou 100. Les nombres d’opérations sont donc de 8 748 000 contre 2 400 000, l’assemblage de la matrice est donc *quatre fois plus coûteux* que la résolution du système.

Pour accélérer l’estimation d’une transformation volumique B-spline, il faut optimiser la partie d’assemblage du système linéaire qui est l’étape limitante (d’autant plus limitante que le nombre de points de données est important). Il est par exemple possible de paralléliser complètement cette étape, puisque chaque contribution d’un point est indépendante de celle des autres points.

Chapitre 3

Mise en correspondance et alignement sur un modèle

Dans ce chapitre, nous présentons la méthode que nous avons développée pour l'étude de la perfusion myocardique par TEMP.

Des points caractérisant les parois du ventricule gauche sont extraits dans les images repos et effort. Celles-ci sont recalées entre elles à partir d'une mise en correspondance affine, puis alignées sur une image modèle à partir d'une mise en cor-

respondance volumique B-spline. La mise en correspondance est réalisée à l'aide d'une adaptation de l'algorithme du Point le Plus Proche Itéré (PPPI, ou *Iterative Closest Point*, en anglais). Les images originales sont enfin rééchantillonnées dans la géométrie du modèle afin de réaliser une quantification objective et tridimensionnelle des éventuels défauts de perfusion.

3.1 Présentation de la méthode

Compte tenu du fait qu'il faut mettre en correspondance des objets dont on n'a qu'une représentation *fonctionnelle*, laquelle est donc variable selon l'état, il apparaît logique de ne pas utiliser des méthodes fondées sur une comparaison d'intensité. Cela est d'autant plus justifié dans ce cas que l'objectif d'un critère serait de rendre minimale la différence entre les intensités, ce qui est contradictoire avec le principe même de la détection de l'ischémie. L'idée est plutôt d'éliminer les différences de taille et de forme sans perturber les différences de densités. Notre méthode s'appuie donc sur la détection de contours et de gradients en formulant l'hypothèse que, même si l'intensité est faible, il existe un contour mesurable et que ces contours sont comparables d'une image à l'autre quel que soit le niveau des intensités. Enfin, afin de pouvoir comparer différents ventricules gauches, il nous faudra normaliser la géométrie dans laquelle la comparaison sera effectuée.

La méthode se décompose en deux processus :

- Le couple d'images repos/effort est mis en correspondance grâce à un algorithme de recalage de primitives géométriques (points, points orientés). La transformation recherchée $t_{E \rightarrow R}$ est une transformation globale affine, elle définit une comparaison point à point entre l'image à l'effort et l'image au repos.
- Une image modèle est mise en correspondance avec l'image effort, la transformation utilisée $t_{M \rightarrow R}$ est locale spline (voir chapitre 2). Les deux images repos et effort sont enfin rééchantillonnées dans cette géométrie modèle.

Comme produit de cette succession de recalages, deux images repos et effort dans une géométrie normalisée dans laquelle il est possible de faire une comparaison tridimensionnelle point à point. L'hypothèse est donc qu'après rééchantillonnage des images originales, le point de coordonnées cartésiennes (x, y, z) correspond à une zone anatomique du myocarde identique dans chacune des trois images (modèle, repos et effort rééchantillonnées, figure 3.1). Il est ainsi possible de *comparer des examens de patients différents*.

Chacun des processus de mise en correspondance se décompose lui-même en trois étapes :

- extraction automatique de primitives géométriques des images 1 et 2 grâce à un détecteur de contours de Canny-Deriche (Monga et al., 1991a; Monga et al., 1991b) appliqué dans une géométrie particulière,
- mise en correspondance des ensembles de primitives grâce à une amélioration (Feldmar et Ayache, 1996; Feldmar, 1995) de l'algorithme du Point le Plus Proche Itéré (Iterative Closest Point, en anglais) (Besl et McKay, 1992; Zhang, 1994). Le résultat est une transformation de l'espace tridimensionnel transformant chaque point de l'Image 1 vers un point de l'Image 2,
- rééchantillonnage de l'Image 2 dans la géométrie de l'Image 1. Cette image est comparable point à point à l'Image 1, permettant ainsi de mesurer des différences de perfusion.

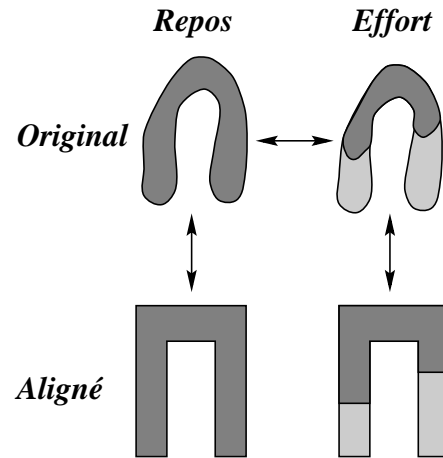


FIG. 3.1 – Le recalage entre le repos et l’effort et entre l’effort et le modèle de référence fournit une correspondance identique entre les trois images (modèle, repos et effort rééchantillonnées). La géométrie est normalisée, mais l’information de perfusion est conservée.

3.2 Extraction des primitives

3.2.1 Les images

Quelques caractéristiques

Nous décrivons ici quelques caractéristiques de l’acquisition des images. Des détails supplémentaires sont donnés en annexe B, section B.1, nous n’aborderons ici que les points qui permettent de comprendre les difficultés rencontrées lors de l’extraction robuste des primitives à partir des images tomoscintigraphiques.

- comme toute image fonctionnelle, l’intensité n’est pas forcément représentative de l’anatomie du moment que des défauts de perfusion peuvent exister,
- il existe des zones “chaudes” (de forte intensité), cela est dû à l’accumulation du traceur dans des organes voisins (foie, rate, rein) et rend aléatoire une segmentation par simple seuillage,
- les images peuvent être assez différemment bruitées à cause des différents processus de reconstruction tomographique.

Quelques traitements manuels

L’image reconstruite comprend le volume du thorax complet du patient. Dans une première étape de sélection de la région d’intérêt, le cœur est extrait comme un sous-ensemble de l’image originale, une nouvelle image orientée selon les axes du ventricule gauche est rééchantillonnée (figure 3.2 et 3.3).

Pour éviter d’inclure dans les images d’autres organes comme le foie, la rate ou les reins, qui sont proches du cœur et absorbent eux aussi le traceur, l’opérateur réduit la région d’intérêt à l’aide d’un

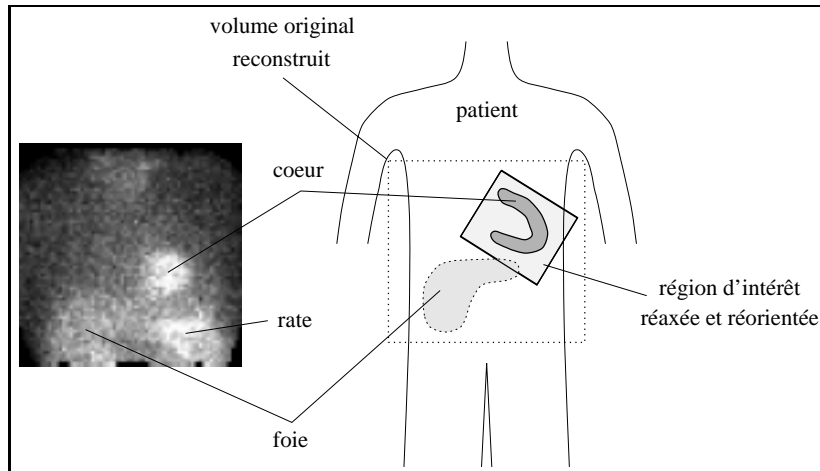


FIG. 3.2 – *Le cœur repose sur le diaphragme. À droite, un image originale (extraite du sinogramme qui rassemble les projections acquises), à gauche, le schéma des dispositions des organes. Le cube grisé définit la région d'intérêt, celle-ci est extraite du volume complet. Un morceau du foie, très proche du cœur, est fréquemment inclus dans cette zone.*

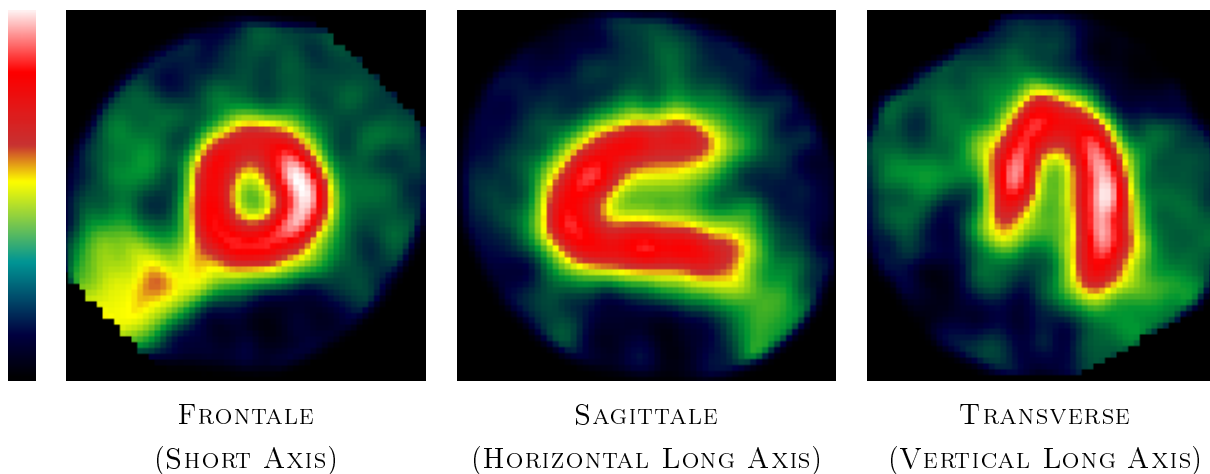


FIG. 3.3 – *Le cœur réorienté: les coupes montrent différentes vues du cœur ainsi qu'elles sont affichées dans les interfaces conventionnelles des machines de médecine nucléaire (table de couleurs Sokolof, intensités croissantes des couleurs froides (bleu, vert) vers les couleurs chaudes (jaune, rouge, blanc)). Sue la vue frontale, en bas à gauche, un morceau de foie à côté du cœur (mur inféro-septal).*

masque binaire. L'édition d'un tel masque est disponible sur l'ordinateur qui accompagne la machine d'acquisition : le masque est un ellipsoïde dont les trois axes sont réglables indépendamment et dont la position et la taille sont réglées sous contrôle visuel sur trois vues orthogonales. En dehors du masque, l'intensité est mise à zéro.

Qualité des images

D'une façon générale, l'image au repos donne une meilleure définition de l'anatomie de muscle que l'image effort. Dans cette dernière, d'éventuelles zones ischémiques apparaissent comme des régions de faible intensité, ou quelquefois n'apparaissent pas du tout. Le myocarde est donc, dans ce cas, plus difficile à identifier. L'image effort a cependant un meilleur contraste que l'image repos parce que la capture du traceur est meilleure dans les régions saines, car elles sont plus fortement perfusées qu'au repos. Les zones saines ressortent donc plus sur le bruit de fond.

3.2.2 Détection de contours dans la géométrie polaire 3D

Les primitives que nous désirons extraire des images sont supposées caractériser les bords du myocarde (endocarde, épicarde). La détection d'une telle frontière ne peut être que d'une précision limitée dans la mesure où les images ne montrent qu'une information fonctionnelle et non anatomique et où les images sont acquises sans compenser les mouvements de respiration et de pompage. Les images sont donc intrinsèquement floues et ne représentent le cœur que dans une position moyenne. Les points que nous détectons sont donc une approximation grossière mais stable de ce que les vraies limites devraient être. Il est à noter de surcroît qu'un problème important en matière de recalage est de détecter des primitives qui représentent la *même information* : plus précisément, il faut s'assurer de mettre en correspondance des primitives homologues qui peuvent être mises en correspondance, qu'elles représentent un bord, une surface extrême, etc. Nous *supposons* que les points que nous détectons sont *homologues* dans chacune des images et qu'ainsi, cela a un sens de les mettre en correspondance.

L'extraction de tels points est fondée sur un filtre récursif détecteur de contours de Canny-Deriche (Monga et al., 1991a; Monga et al., 1991b) utilisé dans une géométrie polaire 3D particulière. Cette carte polaire 3D est l'image originale rééchantillonnée dans des coordonnées sphériques (r, θ, φ) (figure 3.4). À partir de l'image originale 64x64x64, nous construisons une image 128x128x32, les valeurs (X, Y, Z) des coordonnées du point dans la nouvelle image sont données par le jeu de relations :

$$\begin{aligned} X &= \frac{\theta}{\pi} \cdot \cos(\varphi) \\ Y &= \frac{\theta}{\pi} \cdot \sin(\varphi) \\ Z &= r \end{aligned} \tag{3.1}$$

Les équations qui définissent X et Y sont celles utilisées dans les projections cartographiques

classiques (comme une carte polaire), Z est défini par la profondeur. L'image représente donc une succession de cartes polaires.

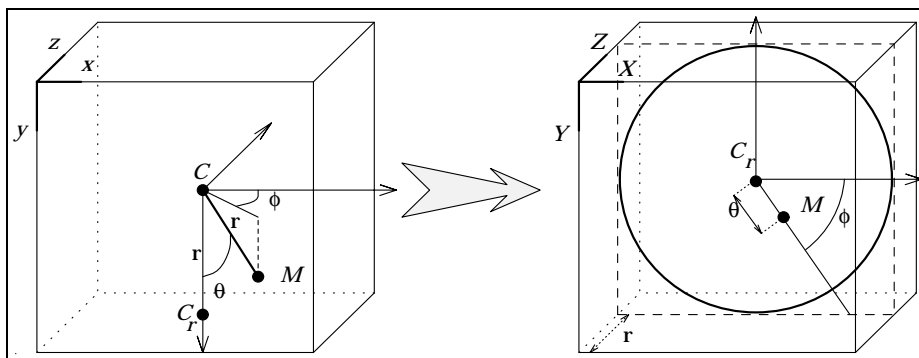


FIG. 3.4 – Les coordonnées cartésiennes (x,y,z) du point M sont converties en coordonnées polaires (r,θ,φ) . Pour construire l'image, les coordonnées (X,Y,Z) sont données par équation 3.1.

Grossièrement, le cœur est sphérique autour de l'apex et cylindrique à mesure qu'on s'approche de la base. Dans la carte polaire 3D, il a une forme d'assiette plate épaisse dont les bords sont l'endocarde et l'épicarde (figure 3.5).

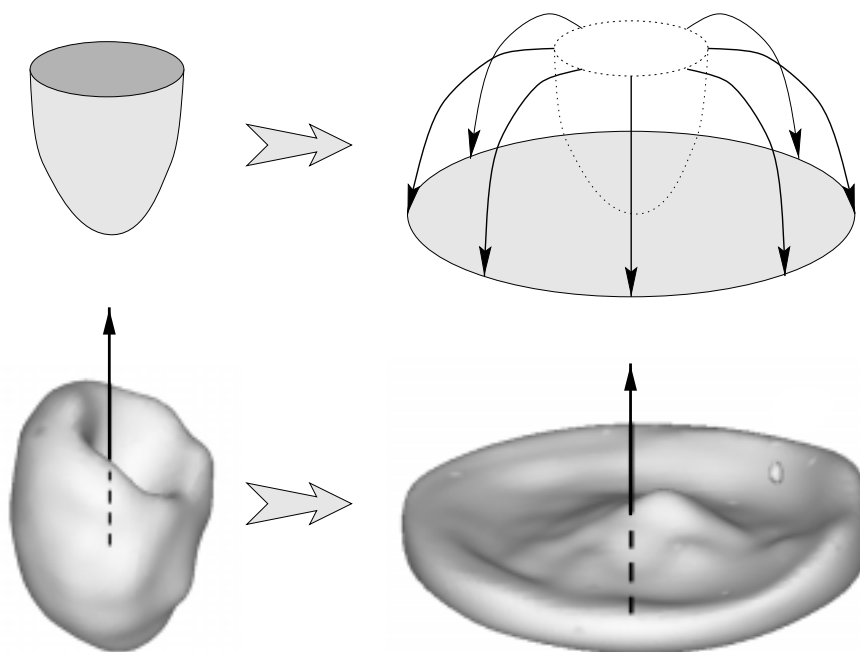


FIG. 3.5 – À gauche, une représentation du cœur de la figure 3.3 en géométrie cartésienne, à droite, le même cœur dans la géométrie polaire 3D. Le centre de projection est situé au milieu de la cavité ventriculaire. D'une forme de "flûte à champagne", il prend une forme de crêpe.

La détection de contours dans cette géométrie fournit des points en lesquels la norme du gradient est extrémale dans la direction du gradient. La figure 3.6 montre le profil des intensités le long de

deux rayons différents : dans le cas idéal, sur ce profil en forme de cloche, l'endocarde est le premier point de gradient extrême, l'intensité croissant en partant du centre. L'épicarde est le point de gradient extrême suivant, l'intensité décroissant en partant du centre. La présence d'autres organes, d'artéfacts de reconstruction, de bruit, etc. nous ont contraint à filtrer les points extraits en intégrant de fortes contraintes a priori sur le profil attendu.

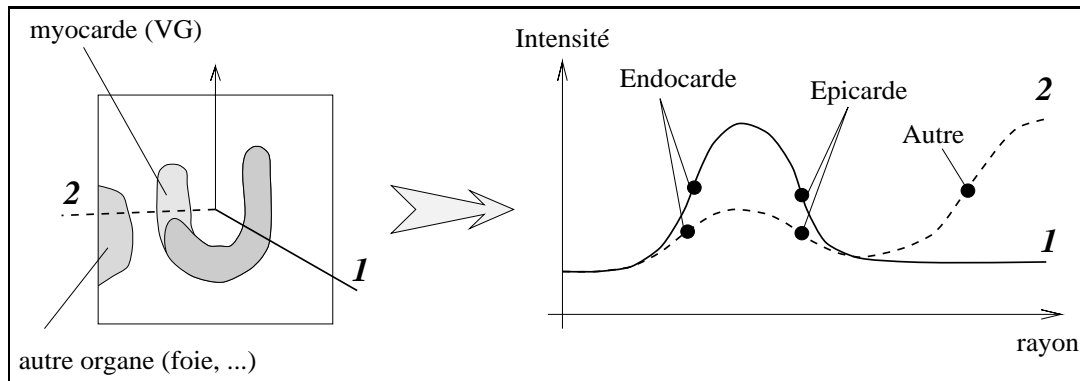


FIG. 3.6 – 2 profils d'intensité le long de deux rayons différents partant du centre de la cavité. Les points noirs sur chacun des profils sont des points extraits avec le détecteur de contour. Profil 1, cas idéal où le rayon traverse un myocarde bien perfusé et bien contrasté. Profil 2, cas où le rayon traverse une zone hypoperfusée et un autre organe.

Si le masque ne cache pas suffisamment une zone chaude non-cardiaque ou tout simplement si le bruit de fond est élevé, des contours artificiels sont créés, la valeur du gradient est élevée (l'intensité chute d'une valeur au moins égale au bruit de fond (de l'ordre de 10 % de la valeur maximale) à 0 en un pixel). Pour effacer ces points, les zones d'intensité nulle du masque sont détectées et le profil d'intensité est "rallongé" en prenant comme valeur l'avant-dernière valeur non-nulle (pour éviter les effets de volume partiel qui corrompent la dernière valeur non-nulle ; figure 3.7).

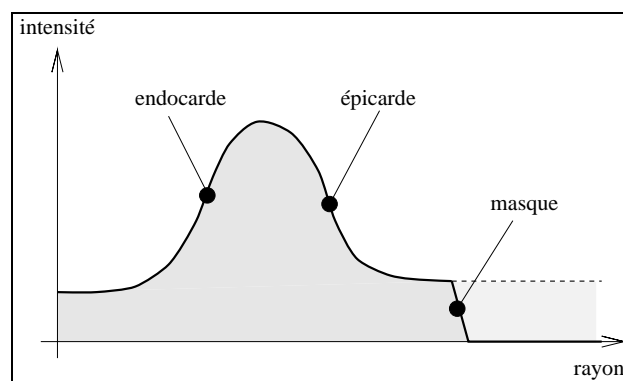


FIG. 3.7 – Le profil original est montré en traits pleins, les points noirs sont les points de contours détectés. La ligne en pointillé montre le profil modifié de façon à éliminer le point de contour artificiel créé par le masque.

Le filtre de Canny-Deriche est appliqué sur l'image polaire 3D rééchantillonnée. De nombreux points sont détectés, parmi eux, les points que l'on cherche, mais aussi des points attachés au bruit de fond, au processus de remplissage de l'image, à certains organes qui n'ont pas été éliminés par le masque, etc. L'étape suivante se résume à l'application d'un filtre qui élimine les points aberrants grâce à l'imposition de contraintes a priori sur la forme attendue du profil d'intensité.

3.2.3 Filtrage des points de contour

Quelques points ne correspondent pas à des bords cardiaques, ainsi que le montre le profil en pointillé de la figure 3.6 : un point figurant un autre organe a été détecté. Pour éliminer ce type de points, nous partons des constatations suivantes :

1. le cœur a une forme de *flûte à champagne épaisse*, forme qui est représentée comme une *assiette* dans l'image polaire,
2. le long d'un rayon qui traverse le cœur, le *premier* extremum de gradient *significatif* correspondant à une intensité croissante est supposé appartenir à l'endocarde, l'extremum de gradient correspondant à une intensité décroissante *qui suit ce point* le long du rayon est supposé appartenir à l'épicarde.

Dans l'implantation du filtre, ces contraintes empiriques ont été traduites en termes mathématiques. Dans l'ordre, nous procédons comme suit :

1. pour traiter le cas de la base, tout point de contour situé dans un **cone de 15 degrés** de centre le centre de projection polaire et de direction le vecteur apico-basal est éliminé ; ce cone est supposé traverser les valvules et l'oreillette gauche et non le ventricule gauche,
2. la procédure de remplissage de l'image polaire pour éliminer les effets du masque a créé des points de contours dans les zones complétées, car il existe des gradients d'intensité de direction perpendiculaire au rayon d'échantillonnage ; les points sont donc facilement différenciables des points "cardiaques" dont la direction du gradient est censée être parallèle au rayon. Pratiquement, en partant du plan de rayon maximal ($Z = 32$), on considère que les points de contour dans ce plan ne sont pas cardiaques et on **remonte vers le centre le long du rayon** en éliminant tous les points dont la norme du gradient est identique à 10 % près à la valeur du gradient du point de départ. D'après nos expériences, 80 % de tels points ont ainsi été éliminés,
3. les points restant sont triés par ordre croissant suivant la coordonnée Z du gradient (le long du rayon : le rayon d'échantillonnage traverse le ventricule gauche à peu près perpendiculairement). Un **seuillage** est appliqué en éliminant les 20 % de gradients de normes les plus faibles et les **composantes connexes trop petites** (moins de 500 points). Ces chiffres ont été réglés sur la base de données en évaluant, d'un côté l'importance de la valeur du gradient dans la caractérisation des points (d'où le 20 %) et, d'autre part, en mesurant la taille maximale des zones assurément non-cardiaques (d'où le 500),

4. une **contrainte d'ordre** est appliquée :

- suivant la description empirique du profil idéal, les points correspondant à une intensité décroissante placés trop près du centre ($Z < 5$) sont éliminés : l'échantillonnage est tel que l'épicarde est plus loin que $Z = 5$. De tels points sont des points de bruit, des points des muscles papillaires ou encore des points de l'endocarde du rayon opposé, au cas où le centre est mal placé,
- les points situés après le premier point correspondant à une intensité décroissante sont éliminés : après l'épicarde, il n'y a plus rien !

La figure 3.8 illustre différents cas de figure couramment rencontrés et explique le comportement du filtre devant de telles situations.

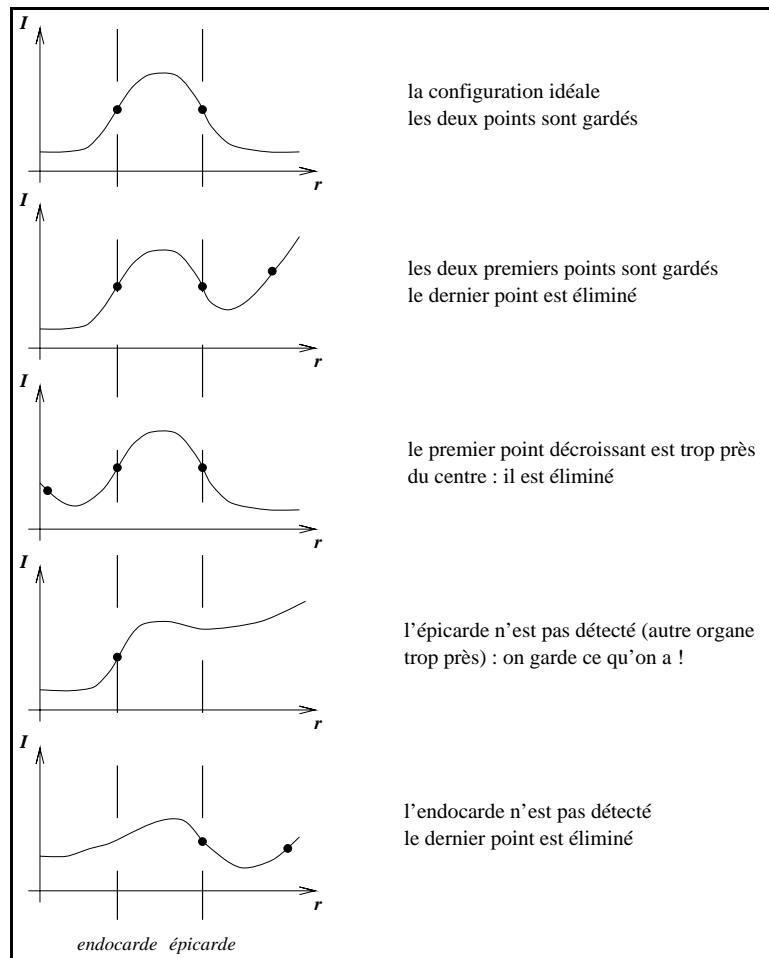


FIG. 3.8 – À gauche, quelques configurations classiques du profil d'intensité. À droite, la décision prise pour le filtrage.

La figure 3.9 illustre différentes étapes du processus de filtrage sur un exemple réel.

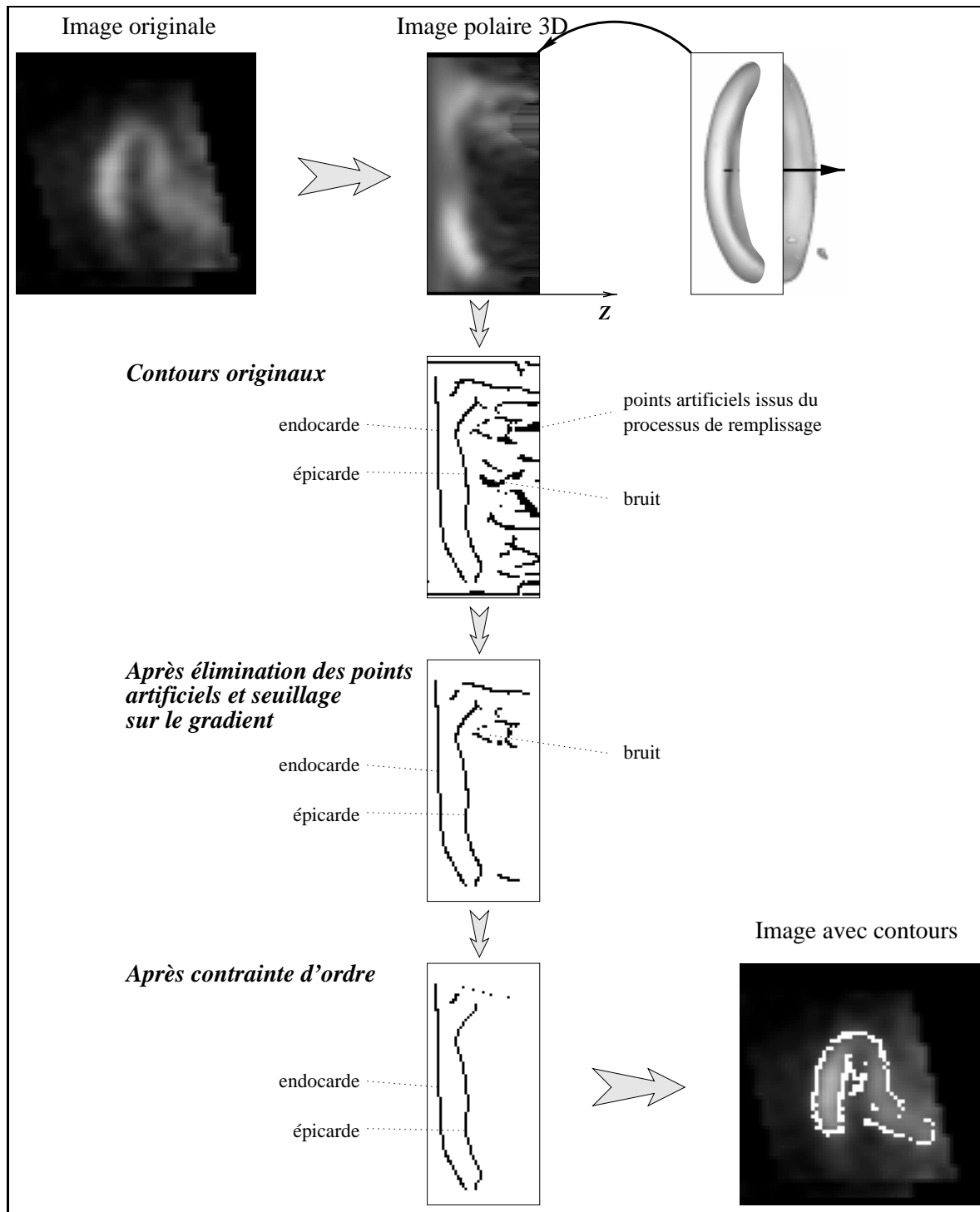


FIG. 3.9 – La détection et le filtrage des points. Ce dernier est appliqué dans l'image polaire 3D, une coupe est représentée de haut en bas au cours des différentes étapes. Les points aberrants sont progressivement éliminés.

Les valeurs qui ont été fixées dans cette étape de filtrage ont été ajustées lors de nos expériences sur les 40 paires d'images dont nous disposons pour cette étude. Le résultat n'est pas parfait, l'exigence première est de donner un résultat robuste, quitte à laisser encore quelques points aberrants : le processus de mise en correspondance doit être capable de traiter ce genre de situation.

Comme dernier traitement, les points sont convertis en coordonnées cartésiennes, nous ne gardons qu'un seul point par voxel. Les *primitives* qui servent pour le recalage sont, les points seuls ou les points orientés (position plus direction du gradient, laquelle caractérise le type de paroi).

Pour une image 64x64x64, environ 3500 points sont extraits par cette méthode. La figure 3.10 montre quelques résultats obtenus sur différents cœurs. La proportion de points corrects est satisfaisante compte tenu des capacités de l'algorithme de mise en correspondance.

3.3 Mise en correspondance robuste

Les points de contours sont extraits dans les images repos et effort ainsi que dans l'image de notre ventricule gauche modèle. Pour être plus précis, notre ventricule gauche modèle n'est défini pour l'instant *que* par cette liste de points.

L'algorithme de mise en correspondance est une amélioration (Feldmar, 1995) de la méthode du Point le Plus Proche Itéré (Besl et McKay, 1992; Zhang, 1994). Nous rappelons dans cette section le principe de l'algorithme et nous précisons les adaptations nécessaires pour résoudre notre problème.

3.3.1 Le critère de mise en correspondance

Nous cherchons une fonction F telle que, étant donné un point M dans l'Image 1, $F(M)$ est un point *équivalent*. Pour calculer F , nous supposons qu'une primitive de l'Image 1 est déformée en une primitive de l'Image 2. À partir d'une liste de correspondances discrètes acceptables entre des primitives des images 1 et 2, une extrapolation est faite pour définir la F dans tout l'espace \mathbb{R}^3 .

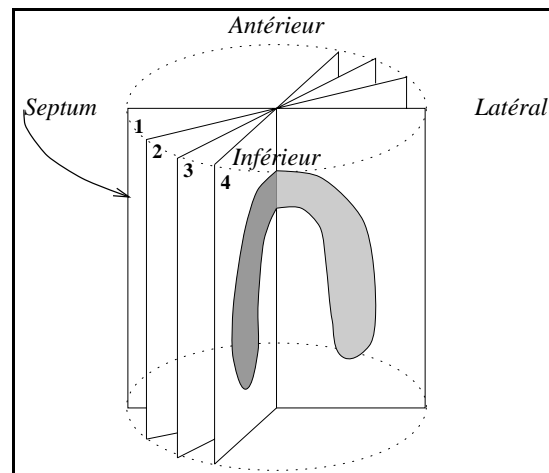
Dans l'algorithme PPPI, un critère est défini sur la base de correspondances entre plus proches voisins :

$$C(F) = \sum_{M_i \in L_1} \|F(M_i) - PPP_2(F(M_i))\|^2$$

F doit transformer une primitive de l'Image 1 en un point aussi proche que possible d'une primitive de l'Image 2. La fonction PPP_2 calcule la primitive de l'Image 2 la plus proche du point argument de la fonction. Le critère est exprimé comme la somme des carrés des distances résiduelles, la somme étant étendue sur un sous-ensemble L_1 de primitives pour lesquelles la mise en correspondance est jugée acceptable.

3.3.2 Minimisation du critère

La minimisation du critère C est un processus itératif, étant donnée une estimation initiale F_0 de F . Dans ce cas, la transformation initiale est une simple mise à l'échelle sans



septum à gauche, latéral à droite ... latéral à gauche, septum à droite
 inférieur à gauche, antérieur à droite

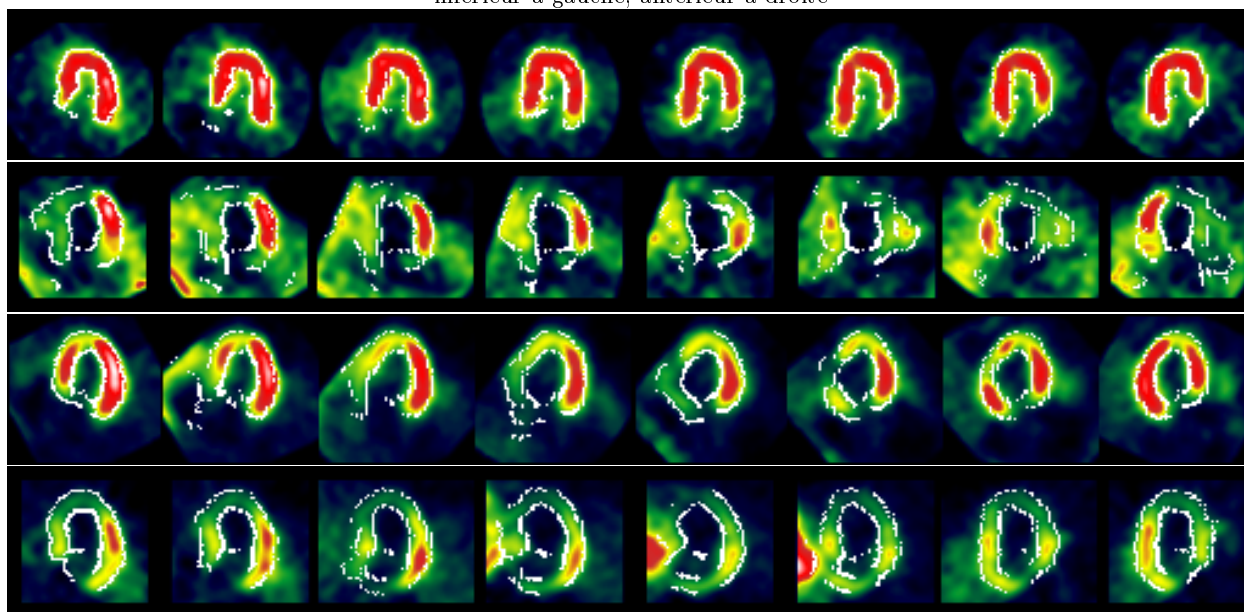


FIG. 3.10 – Les contours (en blanc) extraits automatiquement avec la méthode : quatre exemples sont montrés, un par ligne. Chaque image montre une série de coupes échantillonnées régulièrement autour du grand axe, ainsi que l'explique le schéma du haut. Un tel affichage est plus adapté à la géométrie du ventricule gauche et permet de mieux le visualiser, évitant les problèmes des procédés d'affichage classiques (figure 1.4). Ligne 1, un cœur normal, lignes 2, 3 et 4, des cœurs ischémiques ou infarctés : des points sont quand même détectés, il reste aussi quelques points aberrants au centre de la cavité et vers la base.

rotation, pour mettre en correspondance des listes de points d'étendue spatiale comparable (voir section 3.3.5). Chaque itération n se décompose en trois étapes :

1. pour chaque primitive M_i ,

- (a) évaluation de $F_{n-1}(M_i)$,
- (b) calcul de la primitive la plus proche dans l'Image 2.

Cela fournit donc une liste de correspondances ponctuelles,

2. nous calculons pour chaque paire la distance résiduelle et nous décidons si la paire est acceptable ou non :

- (a) nous éliminons en premier les paires pour lesquelles la distance résiduelle dépasse un seuil fixe assez élevé (une dizaine de pixels pour une image 64x64x64, distance qui est de l'ordre de grandeur du diamètre d'un ventricule gauche),
- (b) nous calculons la moyenne μ et l'écart-type σ de la distribution des distances résiduelles. Les points de la queue de la distribution, c'est-à-dire les points pour lesquels la distance dépasse un seuil égal à $\mu + c.\sigma$ sont éliminés. Le paramètre c peut être fixé en utilisant une table du χ^2 (Feldmar et Ayache, 1996; Feldmar, 1995).

Nous obtenons en fin de compte une liste $S_{1,n}$ de paires de points de correspondance acceptables. Il est à noter au passage que des points mis en correspondance à une itération n peuvent ne pas être mis en correspondance à la suivante et réciproquement,

3. enfin, la meilleure transformation au sens des moindres carrés est calculée grâce à $S_{1,n}$. La classe de transformations choisie dépend du problème posé (rigide, affine ou locale spline, voir section 3.3.4).

Le processus itératif est arrêté lorsque la convergence est constatée ($S_{1,n} = S_{1,n-1}$) ou qu'un nombre maximum d'itérations est atteint. Des détails supplémentaires sur l'adaptation de l'algorithme PPPI sont fournis dans (Feldmar et Ayache, 1996; Feldmar, 1995).

3.3.3 Définition du point le plus proche

La fonction de mise en correspondance PPP_2 peut tenir compte non seulement de la position géométrique du point mais aussi de la direction du gradient calculé lors de l'extraction de contours. La distance entre deux points est alors 6D au lieu d'être simplement 3D. Considérons deux points M et N et deux directions \vec{n}_M et \vec{n}_N qui leur sont respectivement attachées, la distance entre ces deux points est alors exprimée :

$$d(M, N)^2 = \|\overline{MN}\|^2 + \alpha \cdot \|\vec{n}_M - \vec{n}_N\|^2$$

où α est un coefficient de pondération entre la distance cartésienne 3D géométrique normalisée et la distance entre les directions. Dans nos expériences, nous avons pris $\alpha = 0,2$ (les coordonnées spatiales ayant été normalisées), la position ayant ainsi quatre fois plus d'importance que la direction.

L'utilisation de points orientés comme primitives géométriques raffine la mise en correspondance et la rend plus robuste contre les cas particuliers d'initialisation grossière, comme le montre par exemple (figure 3.11).

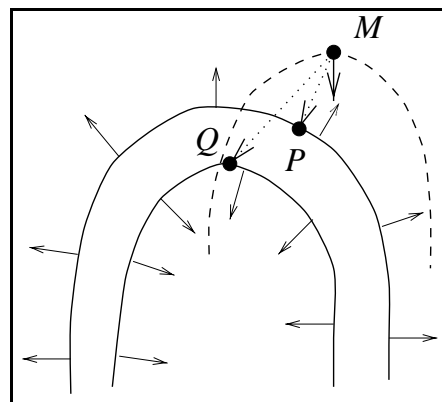


FIG. 3.11 – En pointillé, les points de la liste 1, en trait plein, les points de la liste 2. P est le point le plus proche de M selon la distance $3D$, ce qui crée un appariement erroné entre un point de l'endocarde et un point de l'épicarde. Q est le point le plus proche de M selon la distance $6D$ prenant en compte le gradient.

L'utilisation d'une telle distance pour les points orientés n'est pas rigoureuse ainsi que le montre (Pennec et Thirion, 1997; Pennec, 1996), lequel propose la définition d'un cadre mathématique précis pour mettre en correspondance des primitives appartenant à une variété différentielle (points orientés) et non un espace vectoriel (comme les points 3D). L'objectif est ici d'assurer une meilleure sélection pour la mise en correspondance, mais le recalage est, lui, réalisé avec un critère aux moindres carrés avec des distances 3D.

L'utilisation d'une distance différente pour la mise en correspondance et pour le recalage aux moindres carrés peut générer des oscillations de l'algorithme PPPI : nous n'avons pas cependant constaté ce genre de comportement dans nos expériences. Plus précisément, les points orientés permettent une sélection plus fine que les simples points 3D lors de la recherche de correspondance. Cette sélection est de moins en moins cruciale à mesure que l'on progresse dans les itérations ; en fin de processus, la transformation n'est que raffinée. Si des oscillations étaient constatées, il suffirait au bout d'un certain nombre d'itérations de revenir aux points 3D.

3.3.4 La classe de transformations

Le recalage est défini à partir d'un critère aux moindres carrés défini sur un ensemble de transformation choisi parmi les classes suivantes :

- transformation rigide (6 paramètres définissent la transformation),

- transformation affine (12 paramètres définissent la transformation),
- transformation volumique B-spline : la transformation F est un produit tensoriel 3D de B-splines cubiques (chapitre 2). $3.n_x.n_y.n_z$ paramètres définissent la transformation, dans nos expériences, nous avons choisi $n_x = n_y = n_z = 8$, ce qui fait 1536 paramètres (512 points de contrôle).

Pour nos problèmes de recalage, nous avons choisi une combinaison de ces classes de transformations, allant de la plus contrainte à la moins contrainte pour raffiner la mise en correspondance :

- Mise en correspondance effort sur repos : les formes des objets dans les images sont semblables, puisqu'il s'agit du ventricule gauche du même patient. Bien qu'il s'agisse du ventricule gauche du même patient, nous définissons donc F comme une transformation *affine*. Il est possible que le cœur grossisse à l'effort et que ce grossissement soit visible dans l'image (dilatation trans-ischémique possible en cas de maladie cardiovasculaire grave), cela justifie le choix d'une transformation plus générale qu'un simple déplacement. De plus, il est apparu à l'expérience que les transformations affines fournissaient un résultat nettement plus satisfaisant que les transformations rigides ou les homothéties.

L'évaluation de la transformation est d'abord réalisée avec 10 itérations de l'algorithme PPPI avec une transformation rigide, puis 10 itérations avec une transformation affine, la transformation rigide servant de transformation affine initiale. Une transformation rigide ou une similitude aurait pu suffire a priori, mais les cœurs n'ont pas été pris dans les mêmes conditions (le patient peut être plus essoufflé lors de l'acquisition de l'image effort, etc...) et l'expérience a montré que les échecs étaient trop nombreux avec ces classes de transformations.

- Mise en correspondance modèle sur effort : les formes des objets dans les images peuvent être différentes, puisqu'il s'agit de ventricules gauches de patients différents. Nous définissons donc F comme une transformation *locale spline*. Son évaluation est d'abord réalisée avec 10 itérations de l'algorithme PPPI avec une transformation rigide, puis 10 itérations avec une transformation affine, la transformation rigide servant de transformation affine initiale, puis 6 itérations avec une transformation locale spline, la transformation affine servant de transformation locale spline initiale.

Le nombre des itérations a été fixé empiriquement, jugeant que le critère d'erreur ne baisse plus de façon significative.

3.3.5 La transformation initiale

Définition

Selon le protocole d'acquisition, nous supposons que les ventricules gauches sont approximativement remis dans un repère unique (réorientation manuelle, voir section 3.2.1), nous avons donc

choisi comme transformation initiale une *mise à l'échelle uniforme sans rotation*. Le coefficient de la mise à l'échelle est calculé comme la **médiane de la distribution des distances au barycentre** de la liste des points de contours. Cette valeur donne une idée de la “*taille*” du ventricule gauche, la valeur médiane est choisie car elle est plus robuste qu’une simple moyenne.

Le choix sommaire de la transformation peut surprendre, car il est connu (Feldmar, 1995) que l’initialisation peut être cruciale dans le processus de l’algorithme PPPI : la minimisation du critère peut tomber dans un minimum local inacceptable. Le processus d’initialisation (réorientation manuelle puis mise à l’échelle automatique) s’est révélé suffisant dans nos expériences, nous n’avons pas jugé utile d’approfondir cette étape. L’essentiel est d’entrer dans les limites de robustesse de l’algorithme PPPI.

Réalisation pratique

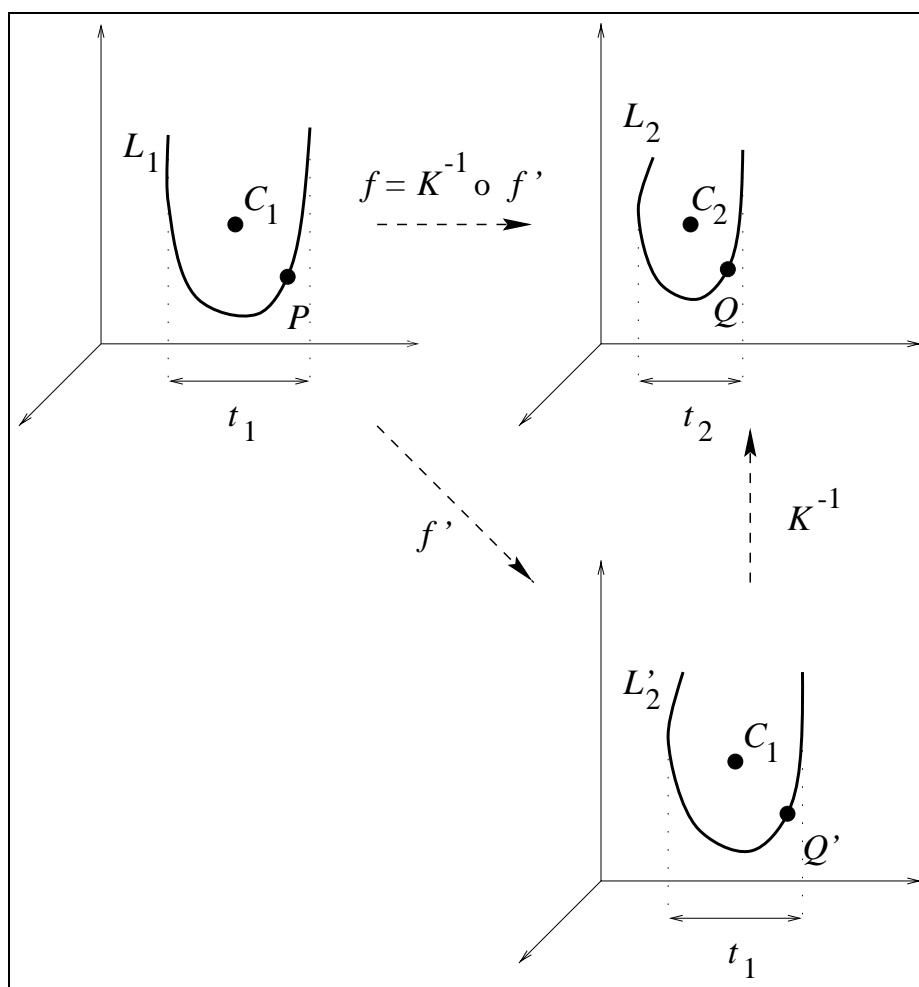


FIG. 3.12 – Les listes L_1 et L_2 sont caractérisées par des tailles t_1 et t_2 et des centres C_1 et C_2 respectivement. Par la transformation K , L_2 est mise dans la géométrie de L_1 (taille et position), la mise en correspondance est établie entre L_1 et L'_2 .

Les listes des primitives L_1 et L_2 sont extraites dans chacune des images 1 et 2, à partir de centre C_1 et C_2 . Nous calculons une “taille” caractéristique t_1 ou t_2 pour chacune de ces listes.

Au lieu de chercher une correspondance directe entre L_1 et L_2 , nous mettons L_2 à la taille et dans la position de L_1 et nous cherchons la correspondance entre L_1 et la liste rééchantillonnée L'_2 . La fonction de mise à l'échelle K est une homothétie composée d'une translation (pas de rotation, car trop peu robuste). En posant $k = \frac{t_1}{t_2}$, nous avons :

$$K = \begin{bmatrix} k.I_3 & C_1 - k.C_2 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

de sorte que $K.C_2 = C_1$ et que la nouvelle liste $L'_2 = K.L_2$ soit de taille t_1 , celle de L_1 . Ainsi, l'algorithme PPPI est utilisé avec L_1 et L'_2 pour trouver une transformation f' . La transformation f est alors définie par l'équation $f = K^{-1} \circ f'$, avec

$$K^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{k}.I_3 & C_2 - \frac{1}{k}.I_3.C_1 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Selon le type de transformation, il faut donc calculer f à partir de f' :

- f **rigide** ou **affine** :

$$f' = \begin{bmatrix} A & T \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

donc f s'écrit :

$$f = \begin{bmatrix} \frac{1}{k}.A & C_2 - \frac{1}{k}.(T - C_1) \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

- f **spline** :

$$f' = \sum_{i,j,k} PC'_{ijk} . B_{i,K}^x(x) . B_{j,K}^y(y) . B_{k,K}^z(z)$$

donc f s'écrit aussi comme un produit tensoriel de B-splines, avec des points de contrôle PC_{ijk} définis par :

$$PC_{ijk} = \frac{1}{k} . PC'_{ijk} + C_2 - \frac{1}{k} . C_1$$

3.4 Rééchantillonnage des images

Le résultat de l'algorithme PPPI est une transformation $t_{1 \rightarrow 2}$ de l'Image 1 vers l'Image 2. Grâce à cette transformation, il est possible de générer une $(\text{Image } 2)_1$ qui est l'Image 2 rééchantillonnée dans la géométrie de l'Image 1 (figure 3.13).

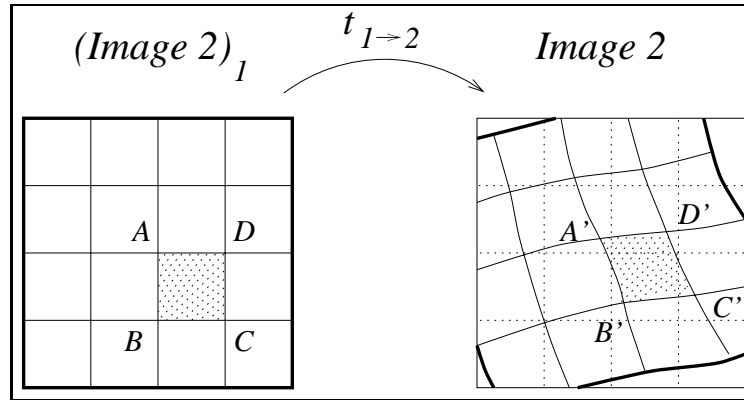


FIG. 3.13 – Le schéma 2D du rééchantillonnage : l'intensité d'un pixel de l'Image 2₁, schématisé par le carré $ABCD$, est égale à l'intégrale de l'intensité de l'Image 2 dans la zone $(A'B'C'D')$, qui est l'image par $t_{1 \rightarrow 2}$ de $(ABCD)$.

Nous avons calculé les transformations $t_{M \rightarrow E}$, de la géométrie du modèle vers l'effort et $t_{E \rightarrow R}$, de l'effort vers le repos, il est donc possible de rééchantillonner l'image effort dans la géométrie modèle (avec $t_{M \rightarrow E}$) et l'image repos dans la même géométrie par composition des transformations ($t_{M \rightarrow R} = t_{E \rightarrow R} \circ t_{M \rightarrow E}$).

Le rééchantillonnage est une transformation purement géométrique. Nous n'imposons pas de conservation de l'intensité (coût) lors du rééchantillonnage. Celle-ci n'a pas de sens dans notre situation où la déformation est une opération géométrique et non anatomique.

3.5 Quantification de la pathologie

3.5.1 Définition d'une référence 2D sur une population normale

Une fois la forme des ventricules gauches normalisée, nous calculons une images de moyenne et une image d'écart-type sur une population de patients normaux.

Pour évaluer la pathologie, une méthode proposée dans (Goris et al., 1989; Goris et al., 1986) rééchantillonne les images repos et effort dans une géométrie polaire bidimensionnelle. L'échantillonnage est réalisée comme pour les images polaires 3D (3.2.2) pour les coordonnées X et Y , l'intensité qui est reportée dans la carte est l'intensité *maximale le long du rayon*. Les segments du ventricule gauche (figure A.3) apparaissent clairement sur la carte (figure 3.14). Cette image est comparable à la projection "bull's eye" décrite dans la littérature (Mahmarijan et al., 1990; Van Train et al., 1990; Maddahi et al., 1989; Van Train et al., 1986; Garcia et al., 1985; Van Train et al., 1982; Garcia et al., 1981; Vogel, 1980), à la différence près que la distance au centre dans cette image représente une élévation angulaire en 3D et non une position dans la série de projection en petit-axe.

La méthode propose une évaluation grâce à deux comparaisons par rapport à une normale dans une géométrie polaire bidimensionnelle. La normale est définie de façon suivante :

1. calcul d'une image de moyenne et une image d'écart-type calculées sur les *images normalisées*

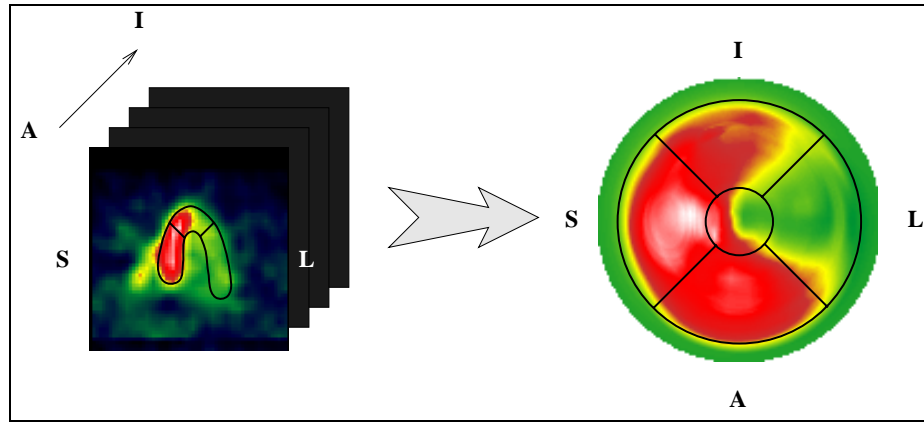


FIG. 3.14 – Une image polaire est échantillonnée à partir d’une image 3D par recherche de l’intensité maximale le long des rayons partant du centre. Les segments (apex au centre, **S**eptum, mur **L**atéral, mur **A**ntérieur et mur **I**nférieur) sont superposés sur la carte polaire.

à l’effort,

2. calcul d’une image de moyenne et une image d’écart-type calculées sur les *différences normalisées repos – effort* (sachant que si, pour un pixel, l’intensité à l’effort est supérieure à l’intensité au repos, la différence est considérée nulle).

La limite de normalité est calculée comme l’image de moyenne moins deux fois l’écart-type ($\mu - 2\sigma$). Pour un patient donné :

1. l’image effort est comparée à l’image limite inférieure normale effort pour détecter les zones *hypoperfusées à l’effort*,
2. l’image de différence repos – effort est comparée à l’image limite inférieure normale de différence pour évaluer les zones *ischémiques à l’effort*.

La classification (figure 1.1) est réalisée grâce la comparaison de ces deux images.

3.5.2 Limitations de la méthode 2D

Ce calcul est possible car la forme est normalisée et qu’il y a correspondance point à point entre toutes les images sur lesquelles les opérations sont effectuées. Cependant, la méthode a ses limites inhérentes à la normalisation des images qui est une *projection*. La création de la carte peut être biaisée par différents facteurs :

1. positionnement du pôle de projection : si on décale le centre, les structures les plus proches seront suréchantillonnées et apparaîtront plus grosses (figure 3.15-a).
2. positionnement de l’axe : si l’axe est tourné, les structures seront déplacées dans la carte de façon irrégulière (figure 3.15-b).

3. direction d'échantillonnage : si la lésion est relativement petite et n'est pas très bien alignée par rapport à la direction d'échantillonnage, elle peut être sous-évaluée (figure 3.16-a).
4. non-équivalence angulaire : les différentes parties du ventricule gauche varient en proportion. Des coordonnées angulaires égales ne correspondent pas forcément à la même partie du muscle (figure 3.16-b).

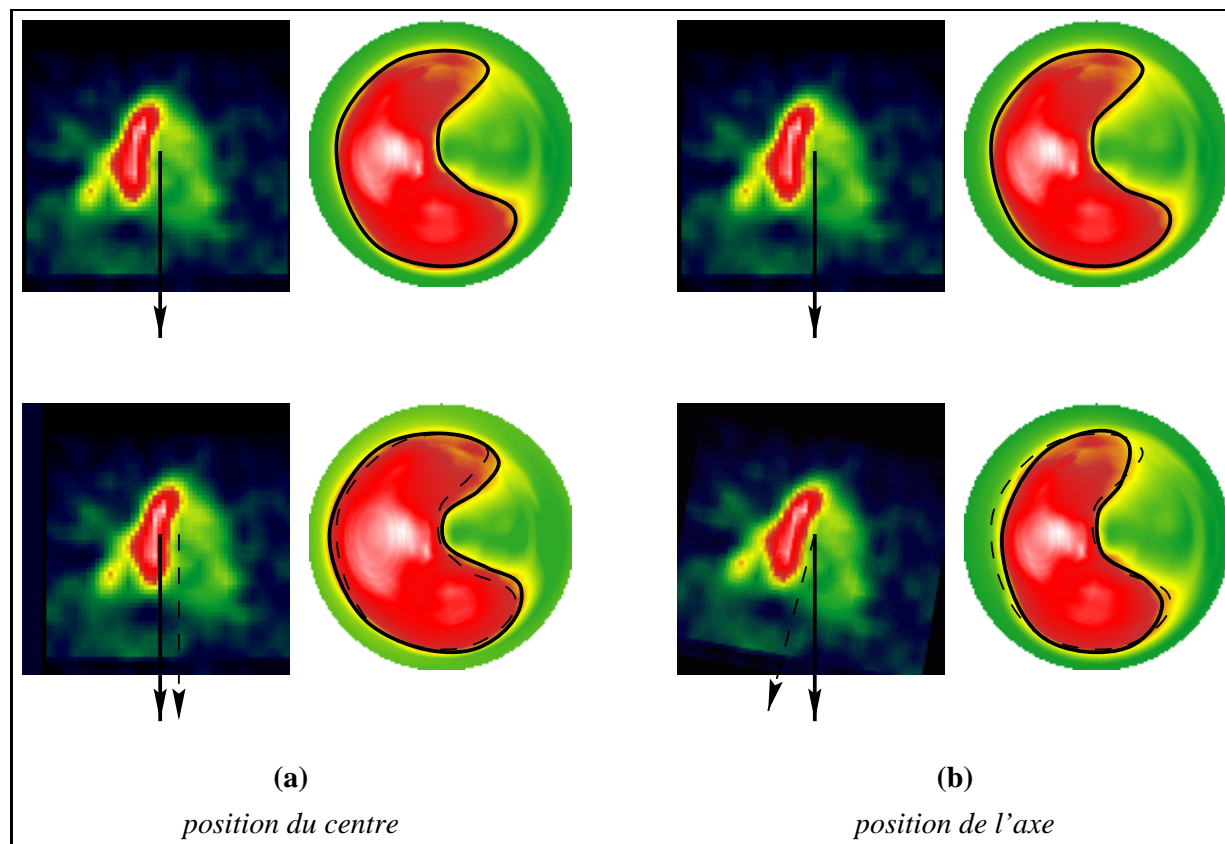


FIG. 3.15 – Limitation dans les positionnements (a) du centre et (b) de l'axe de projection polaire.

3.5.3 Adaptation de la méthode 2D à une méthode 3D

La méthode que nous avons développée et présentée dans les sections précédentes permet de réaliser la même étude en utilisant non pas une normalisation polaire 2D mais une *normalisation 3D* grâce au processus d'alignement sur le modèle.

Il est ainsi possible de définir des images de moyenne et d'écart-type en 3D et de quantifier la pathologie dans la géométrie normalisée. Les trois premières limitations n'ont ainsi plus lieu d'être, car elles sont liées au processus de projection polaire. La dernière limitation relevée sur la non-équivalence angulaire est supposée être résolue dans le principe même de l'alignement sur le modèle : dans la géométrie normalisée, des points de coordonnées égales sont censés être anatomiquement équivalents.

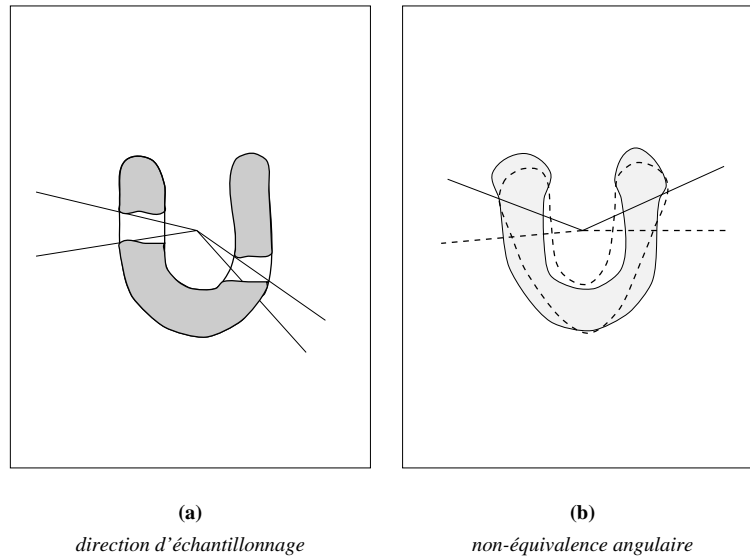


FIG. 3.16 – Problèmes liés (a) à la direction de l'échantillonnage, (b) à la non-équivalence angulaire.

3.6 Retour sur quelques points sensibles de la méthode

3.6.1 Quelques explications

Deux approches possibles

Dans une situation idéale où le recalage entre l'image repos ou effort le modèle est parfait, la mise en correspondance entre l'image repos et l'image effort est implicite. En pratique, la mise en correspondance est imparfaite et n'est seulement qu'une approximation du cas idéal. Nous pouvons donc considérer deux stratégies (figure 3.17) :

1. (a) chacune des images repos et effort est mise en correspondance avec le modèle, fournissant deux images rééchantillonnées dans la géométrie du modèle,
 - (b) ensuite, les deux images rééchantillonnées sont mises en correspondance pour corriger d'éventuelles erreurs lors des deux premiers recalages.
2. (a) les images repos et effort sont mises en correspondance,
 - (b) l'une des deux images repos ou effort est mise en correspondance avec l'image modèle, et les deux images sont rééchantillonnées par composition des transformations.

Deux raisons nous ont poussés à choisir le schéma 2 plutôt que le schéma 1 :

- le schéma 1 est plus complexe et coûteux en terme de mises en correspondances (3 contre 2), même s'il est théoriquement plus satisfaisant et symétrique,
- dans la mesure où les images repos et effort montrent des cartes de perfusion du même ventricule, la mise en correspondance entre ces deux images est plus facile qu'entre le repos ou

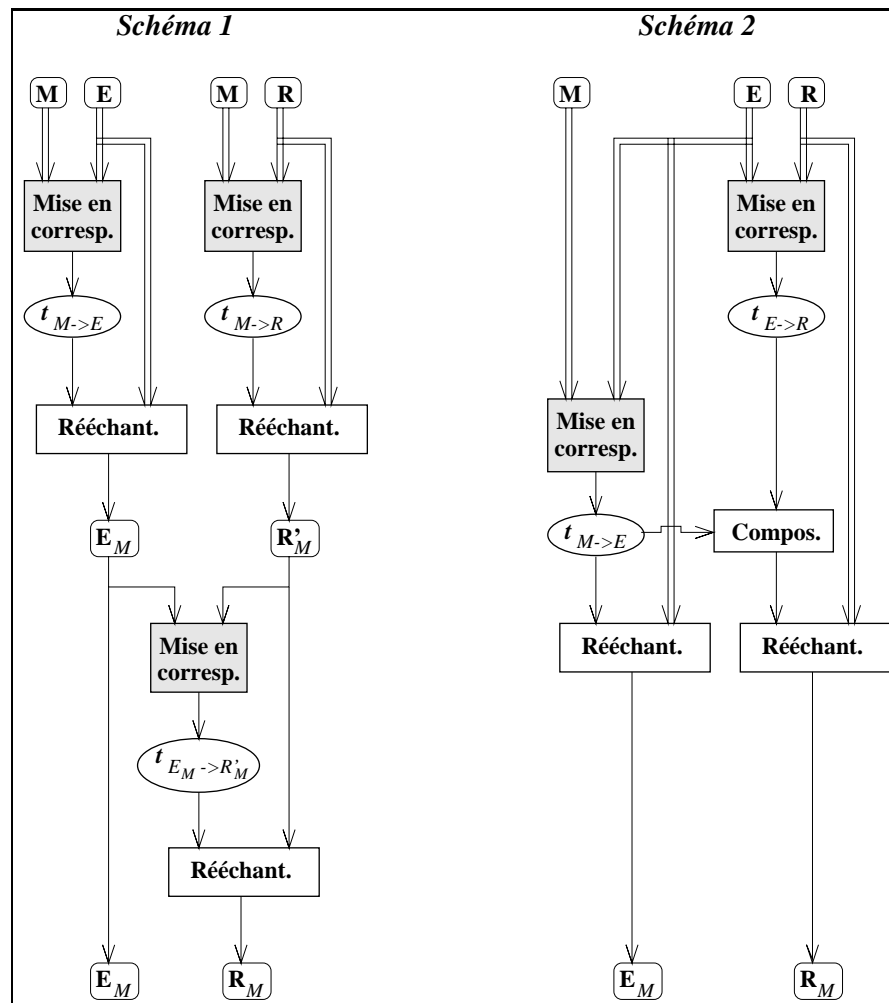


FIG. 3.17 – Deux schémas possibles pour la méthode d'alignement des images sur le modèle, R est l'image repos, E est l'image effort, M le modèle, R_M et E_M sont les images rééchantillonnées dans la géométrie modèle.

l'effort et le modèle. En terme d'accumulation d'erreur, il est préférable de commencer par le recalage le plus facile et de finir avec le plus difficile.

Un processus asymétrique

La mise en correspondance entre le repos et l'effort est un processus dissymétrique, car il faut déterminer si on recalc l'effort sur le repos ou le repos sur l'effort. À cause des éventuels défauts de perfusion, il est plus probable que la détection des contours du ventricule gauche fournisse des résultats incomplets sur le cœur à l'effort. Le processus de mise en correspondance est un processus naturellement injectif dans le sens où, pour chaque point de l'Image 1, il cherche un correspondant dans l'Image 2. Il est donc préférable de calculer la transformation en choisissant comme espace de départ celui dans lequel l'extraction des primitives a donné le résultat le plus incomplet, sinon, la mise en correspondance sera forcément erronée pour les points qui n'ont pas de correspondant dans l'espace cible. Nous calculons donc la transformation de l'effort vers le repos.

3.6.2 Le cœur modèle

Notre choix

La seule information importante concernant la définition du modèle dans le processus d'alignement est la liste des primitives qui servent pour la mise en correspondance. Peu importe donc que cette liste soit extraite à partir d'une image d'un unique patient sain ou d'une image moyenne d'une population saine. Dans la mesure où la liste de points choisie est qualitativement d'une forme moyenne (ni trop gros, ni trop petit, ni trop fin, ni trop épais, etc.), le recalage fonctionne.

Dans nos expériences, nous avons choisi une image d'un cœur sain au repos (celui de la figure 3.3) de telle façon qu'elle est bien contrastée et facile à segmenter. Les paramètres de l'étape d'extraction de contours sont spécialement fixés pour qu'elle fournisse une liste avec un nombre minimal de points aberrants et de trous. La liste de points est donc quasi-idéale.

Autres possibilités

Il est cependant possible de définir un modèle à partir d'une image moyenne dans (Slomka et al., 1995). Les auteurs définissent le modèle ("template") comme une moyenne d'images normalisées recalées entre elles par des techniques de corrélation d'intensité en choisissant des transformations non-rigides (rotation + translation + homothétie non uniforme suivant trois axes orthogonaux). Nous avons débuté nos expériences avec un patient sain, la qualité des résultats que nous avons obtenus ne nous a pas poussé à explorer plus loin ce thème.

Chapitre 4

Expériences et conclusion

Les paramètres de la méthode ont été mis au point sur une base de données de 40 cas sélectionnés pour toucher une large distribution de pathologies et d'anomalies dans les images. Un taux de réussite de 80 % a été atteint, la mesure de qualité étant assurée par un expert. Une autre série de tests, sur une base de données de routine cette fois, a donné des résultats satisfaisants dans 97 % des

cas.

Nous présentons également les premières expériences de quantification de pathologie.

Sous réserve d'une validation clinique de ce travail, cette méthode est un outil qui permet, en aval, d'analyser et d'interpréter de façon objective (indépendante de l'opérateur) les images de perfusion myocardiques par scintigraphie.

4.1 La base de données

Pour mettre au point les paramètres de la méthode, nous avons utilisé une base de données de 32 cas choisis par un expert (Pr. Michael Goris) dans la base dont il dispose (au Service de Médecine Nucléaire de l'École de Médecine de l'Université Stanford, Californie). Ces images ont été sélectionnées pour couvrir un large éventail de tailles, de pathologies, de problèmes liés à la qualité des images, etc. Les cas pathologiques ont été choisis particulièrement difficiles et nombreux pour mettre à l'épreuve la méthode.

8 cas supplémentaires ont été ajoutés pour vérifier la première mise au point. Sur les 40 cas que rassemble cette base de données, 20 sont des cas normaux et 20 autres, des cas pathologiques d'origine diverse. La base ainsi constituée rassemble donc un fort taux de cas pathologiques.

Les images ont été acquises avec des traceurs au ^{201}Tl et $^{99\text{m}}\text{Tc}$ et réorientées manuellement par l'expert. La contrainte imposée à l'expert est que le centre de la cavité du ventricule gauche soit au centre de l'image (en tout cas, que le centre de l'image ne soit pas dans le myocarde) et que la direction apico-basale soit dans la direction \mathbf{y} de l'image (par convention). Le respect de ces contraintes est crucial pour la procédure d'extraction de contours, mais elles sont assez faciles à respecter.

4.2 Évaluation des résultats

4.2.1 Extraction de contours

Sur les figure 4.5 et 4.6, colonnes 1 et 2, une série de coupes centrales quatre cavités dans la géométrie originale, c'est-à-dire avant mise en correspondance et alignement sur le modèle des images repos et effort de deux patients. Les points de contour sont incrustés dans les images en blanc, ils se superposent sur l'endocarde et l'épicarde. On peut noter la présence de quelques points erronés (vers la base du cœur au repos figure 4.5, à cause du bruit de fond, vers le mur inféro-latéral du cœur au repos figure 4.6, à cause d'un organe voisin). L'algorithme PPPI modifié doit être capable d'éliminer ces erreurs résiduelles.

figure 4.9 et 4.10, une coupe centrale est extraite de l'image 3D, chaque ligne montre une étude différent. À part quelques points erronés, la méthode d'extraction de points se comporte bien dans des cas difficiles car peu perfusés et fortement bruités.

Il faut noter que les points de contours ne se superposent pas à la limite visuelle que l'échelle de couleurs Sokolof¹ semble montrer : le rouge représente naturellement le myocarde sain bordé par un isocontour jaune, à 60 % du maximum. Ce phénomène est très visible sur la figure 4.6. Cela est normal, le bord visible du myocarde est dans ce cas délimités par une isovaleur (couleur "jaune", à 60 % du maximum), alors que nos contours sont définis par des gradients d'intensité. Les limites sont donc différentes, il est impossible d'argumenter en faveur de l'une ou de l'autre. L'important

1. L'intensité croît des couleurs froides (bleu, vert) vers des couleurs chaudes (jaune, rouge, blanc).

est que la définition de la limite soit stable et qu'elle fournisse des points équivalents dans les images qu'il faut recalcer.

Les figure 4.1 et 4.2 montrent les points de contours des ventricules gauches des études RIDOMPA et RYALMPA, un point orienté par le gradient est représenté par un petit carreau dont le centre est le point de contour et dont le vecteur normal au plan est le vecteur gradient, ce qui permet de reconstruire à l'œil la surface censée limiter du myocarde.

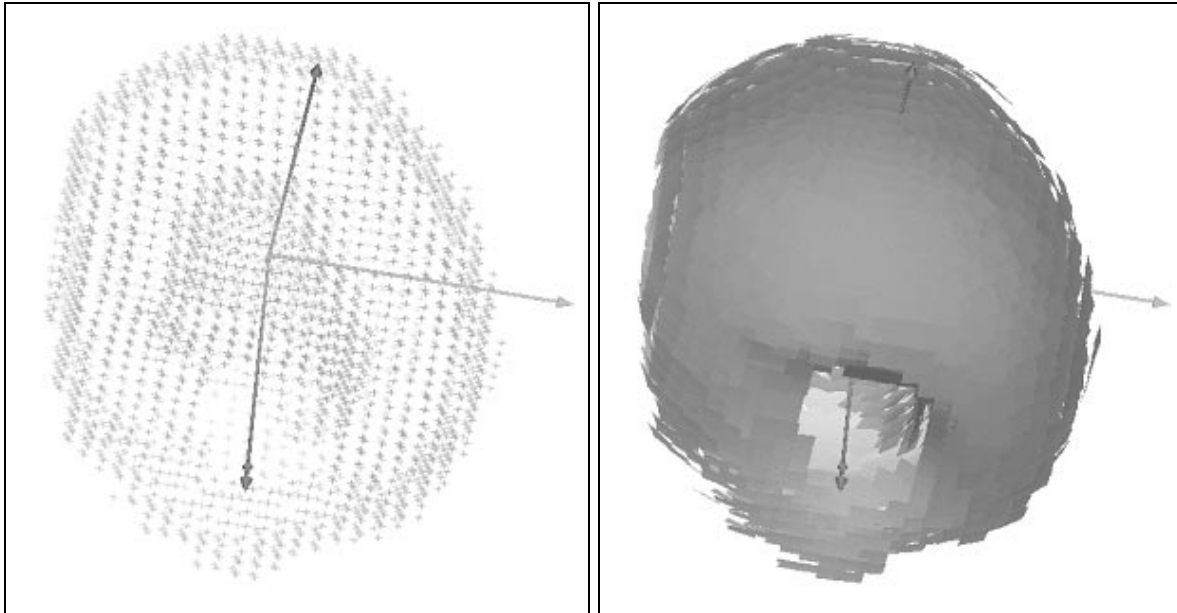


FIG. 4.1 – Les points de contours du ventricule gauche de l'étude RIDOMPA, image effort, vue inféro-basale. À gauche, les points, à droite, les points orientés représentés comme des petits carreaux.

4.2.2 Recalage repos-effort

Les figures 4.3 et 4.4 montrent des reconstructions 3D des listes de points de contours avant et après recalage (l'image de droite montre les points effort déformés par $t_{E \rightarrow R}$). La visualisation avec des carreaux permet de mieux comprendre la forme de la surface, les angles de rotation et les translations sont faibles (quelques degrés, quelques pixels), mais significatifs de l'insuffisance du réaligement 2D sur plusieurs coupes pour assurer une correspondance robuste.

Le recalage entre les images repos et effort a fonctionné correctement dans 39 cas sur 40. Le cas d'échec est un cas particulièrement difficile, les images ont probablement mal été orientées.

4.2.3 Alignement sur le modèle

Les figures 4.5 à 4.8 montrent une série de coupes centrales quatre cavités avant et après mise en correspondance et alignement sur le modèle des images repos et effort de quatre études : la première (RIDOMPA, figure 4.5) apparaît normale, les trois suivantes sont pathologiques. Le septum

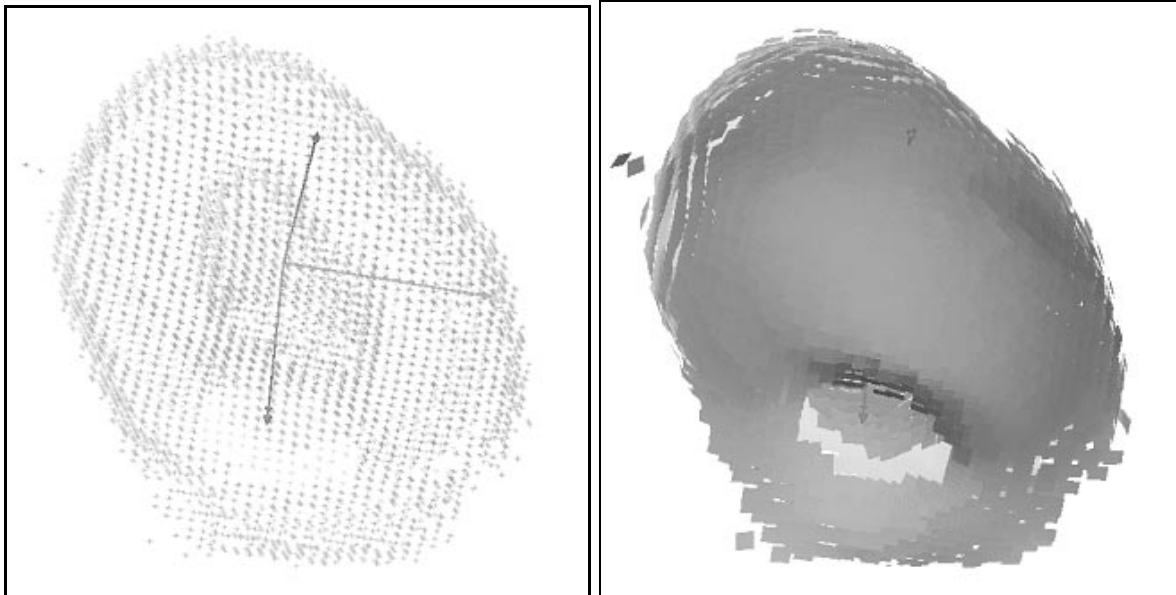


FIG. 4.2 – Les points de contours du ventricule gauche de l'étude RYALMPA, image effort, vue inféro-basale. À gauche, les points, à droite, les points orientés représentés comme des petits carreaux.

apparaît à droite, le mur latéral à gauche, les coupes sont prises du mur antérieur (en haut) vers le mur inférieur (en bas). Les niveaux de gris sont montrés dans l'échelle de couleurs Sokolof. Les colonnes 1 et 2 montrent les images repos et effort dans la géométrie originale, avant toute opération de mise en correspondance, après le réaligement opéré par l'expert. Les colonnes 3 et 4 montrent les mêmes images repos et effort dans la géométrie du modèle, colonne 5. La forme est normalisée, l'information de perfusion est conservée : le déficit de perfusion antéro-latéral à l'effort du ventricule gauche de l'étude RYALMPA (figure 4.6) est toujours visible sur l'image effort rééchantillonnée.

Sur les figures 4.9 et 4.10, chaque ligne montre une étude différente, le nom (codé) du patient apparaît sur la gauche. Sur la gauche de chaque planche, colonnes 1 et 2, les images repos et effort dans la géométrie originale, avant toute opération de mise en correspondance, après le réaligement opéré par l'expert. La succession verticale des ventricules gauches montre leur grande disparité de forme et de taille. Les colonnes 3 et 4 montrent ces mêmes images rééchantillonnées dans la géométrie du cœur modèle après alignement. *La disparité de formes est réduite, l'information de perfusion est conservée*, il est possible de comparer les images repos et effort entre elles et avec le modèle (horizontalement : comparaison *intra-patient*) et de comparer les images de la base de données entre elles (verticalement : comparaison *inter-patient*).

Sur les figures 4.9 et 4.10, il faut prendre garde qu'une seule coupe a été extraite des images 3D originales ou rééchantillonnées. Ces coupes ont été choisies arbitrairement au milieu de l'image. Il n'y a donc aucune raison pour qu'il y ait correspondance point à point dans la représentation proposée, sauf pour les images rééchantillonnées, bien sûr. Une pathologie qui apparaît sur la coupe extraite de l'image originale peut disparaître de la coupe de même numéro dans l'image rééchantillonnée, et vice-versa. Pour une illustration de ce phénomène, voir entre autres la figure 4.10, planche de

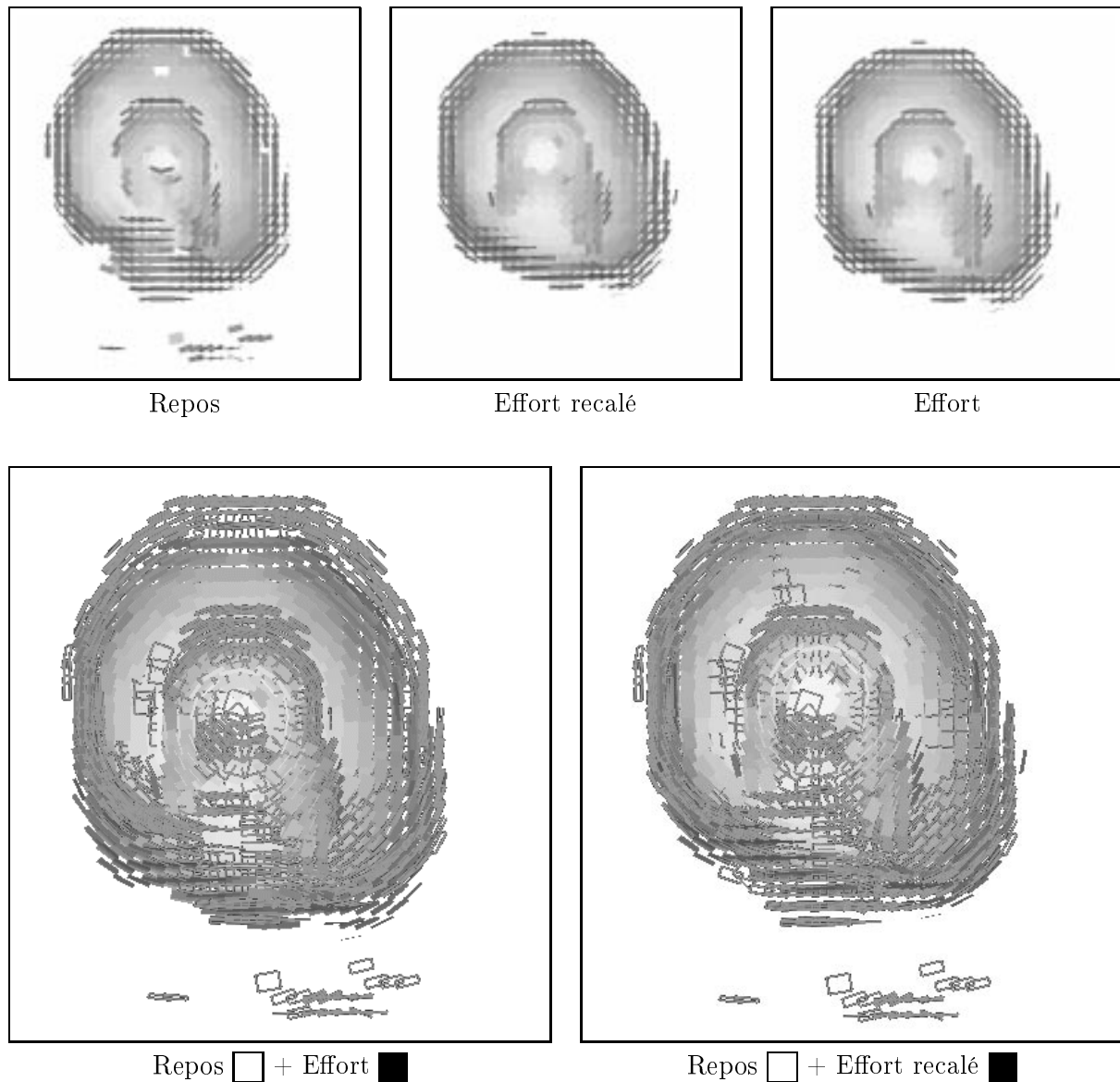


FIG. 4.3 – Les points de contours du ventricule gauche de l'étude RIDOMPA. En haut, de gauche à droite, les contours repos, effort recalé et effort. En bas, de gauche à droite, le repos avec l'effort avant et après recalage (les points transformés sont légèrement translétés vers le haut). Les contours repos sont en carrés vides, les contours effort et effort recalé sont en carreaux pleins. Le mur latéral a été enlevé pour voir l'endocarde.

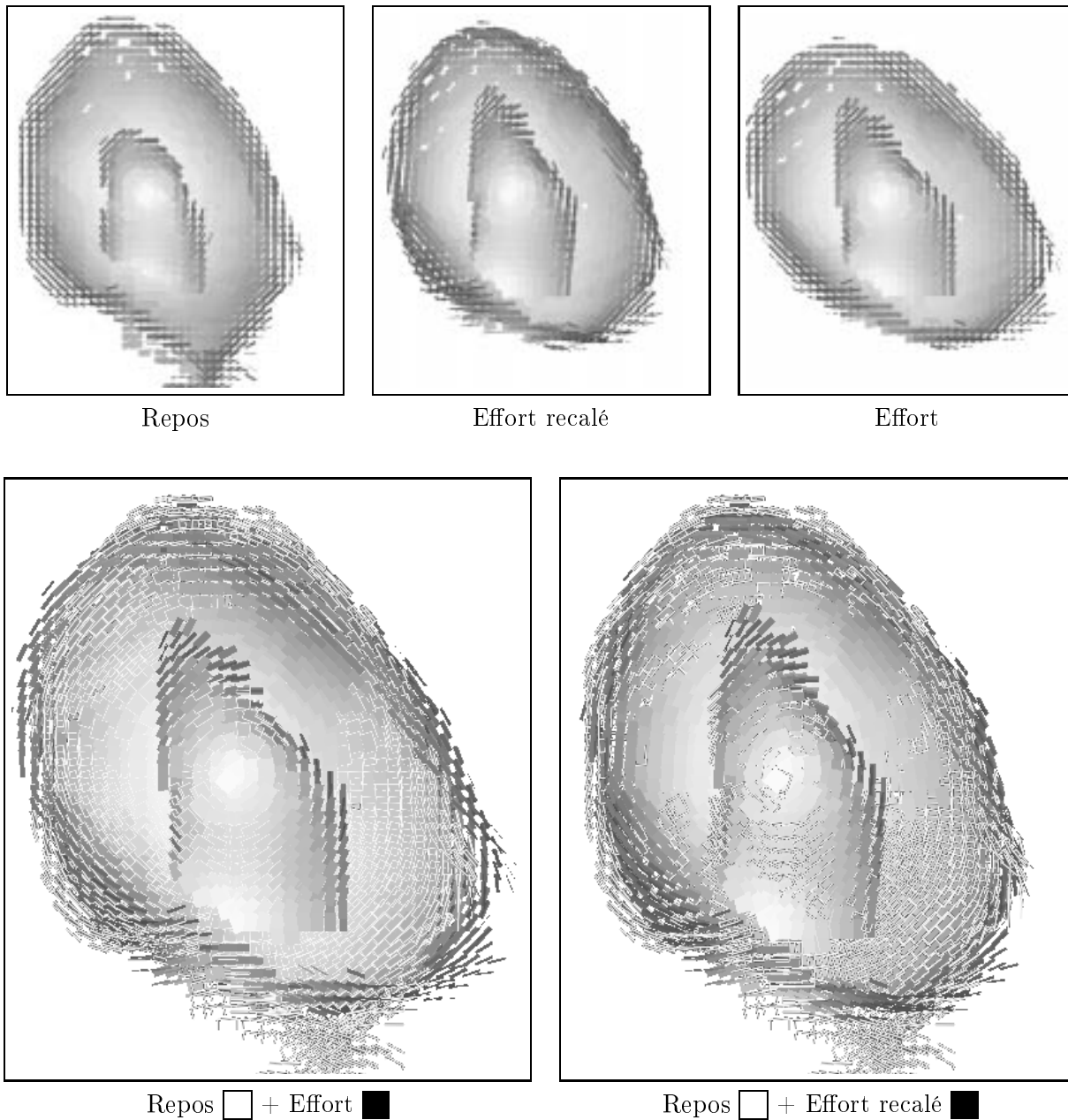


FIG. 4.4 – Les points de contours du ventricule gauche de l'étude RYALMPA. En haut, de gauche à droite, les contours repos, effort recalé et effort. En bas, de gauche à droite, le repos avec l'effort avant et après recalage (les points déformés sont légèrement tournés pour être réalignés). Les contours repos sont en carrés vides, les contours effort et effort recalé sont en carreaux pleins. Le mur latéral a été enlevé pour voir l'endocarde.

gauche, colonne 9 (étude LOJUMPA) : le patient semble être hypoperfusé à l'apex dans les images originales, mais pas dans les images rééchantillonnées. La zone malade est juste tangente à la coupe sélectionnée dans les images originales, comme on peut s'en rendre compte sur la figure 4.7.

D'après un expert, la méthode d'alignement a été jugée satisfaisante dans 80 % des cas. Le critère d'appréciation est visuel : les contours du modèle sont déformés par la transformation $t_{M \rightarrow E}$ et superposés sur l'image du cœur à l'effort. Les contours déformés doivent se superposer aux contours détectés, et plus précisément, l'expert s'est appliqué à vérifier si des zones du myocarde ont été écartées dans la superposition ou, réciproquement, si des zones externes ont été incluses. La même méthode testée sur une base de données de routine de 250 cas, le succès est en revanche de 97 % (243/250). Cette différence de score est due au fait que la base de routine contient beaucoup de cas normaux et que les cas difficiles ne sont pas sur-représentés comme dans la base de données utilisée pour la mise au point.

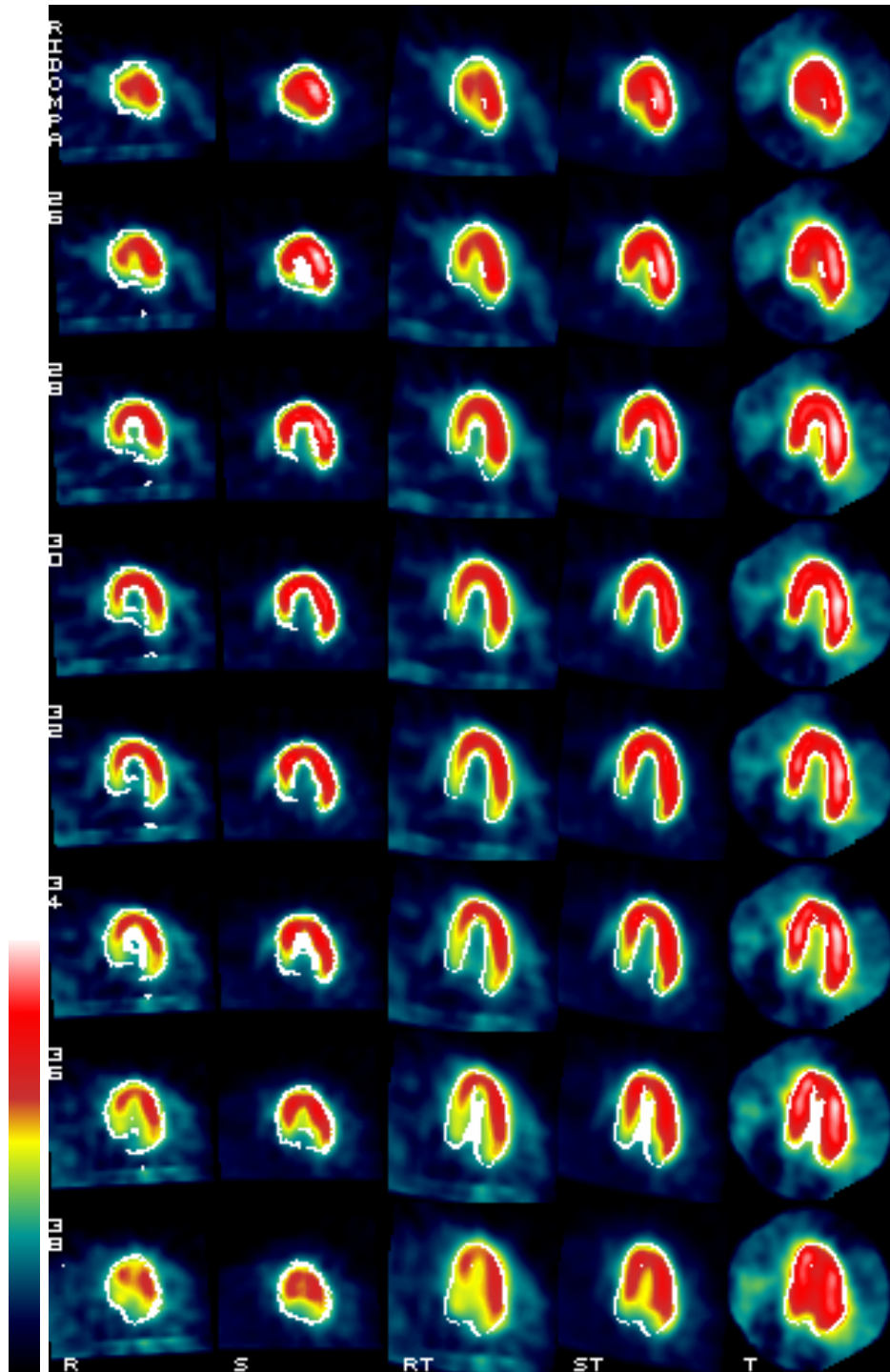


FIG. 4.5 – *Le recalage et le réalignement, étude RIDOMPA (cas normal). De haut en bas, une série de coupe quatre cavités du mur antérieur au mur inférieur. Les colonnes 1 et 2 montrent le ventricule gauche dans la géométrie des images originales (R, repos et S, effort), les contours sont superposés en blanc. Les colonnes 3 et 4 montrent les images rééchantillonnées dans la géométrie du modèle (RT, repos et ST, effort), lui-même représenté colonne 5 (T).*

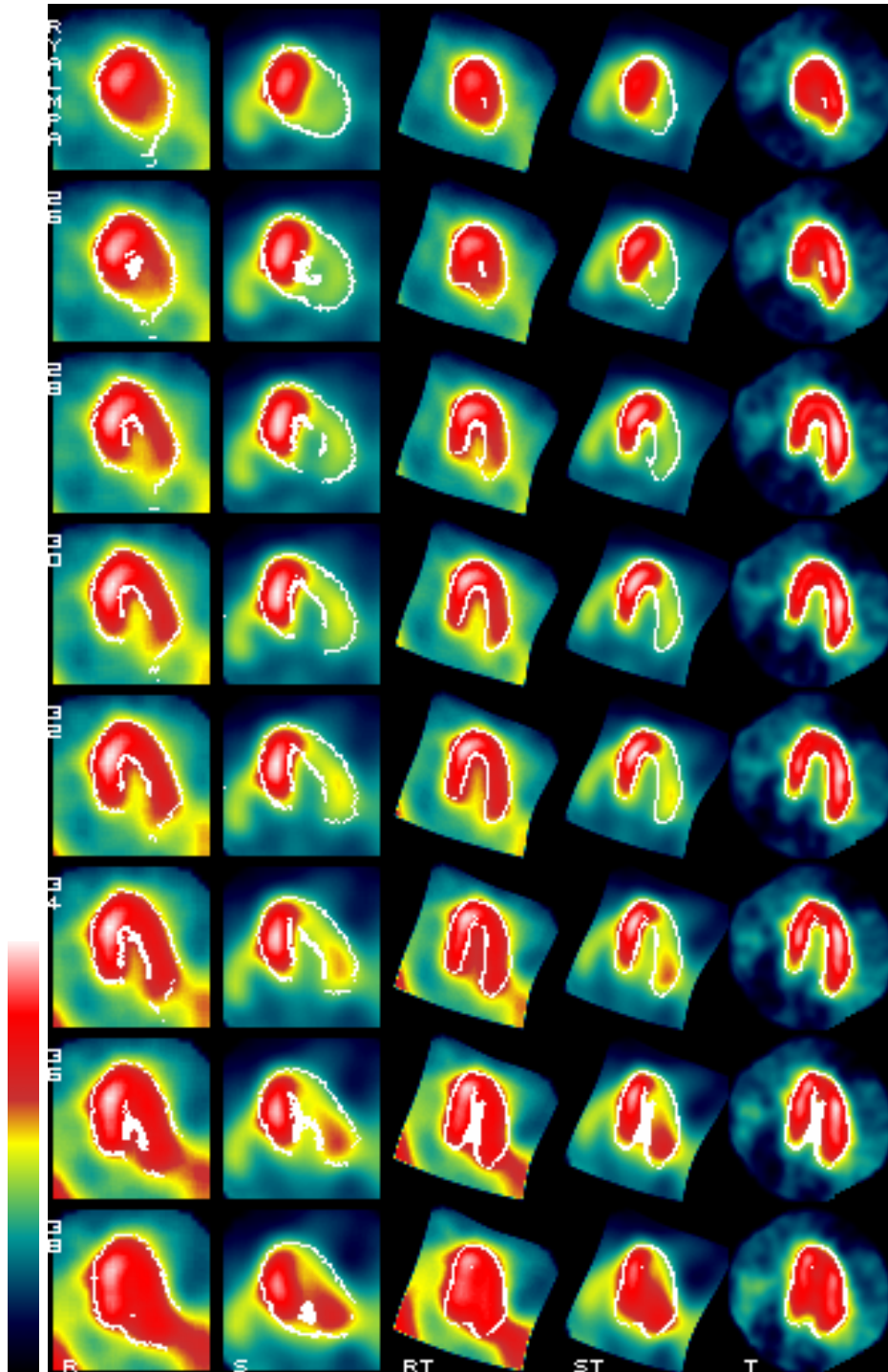


FIG. 4.6 – Le recalage et le réalignement, étude RYALMPA (cas pathologique, forte ischémie antéro-latérale). La disposition est identique à celle de la figure 4.5.

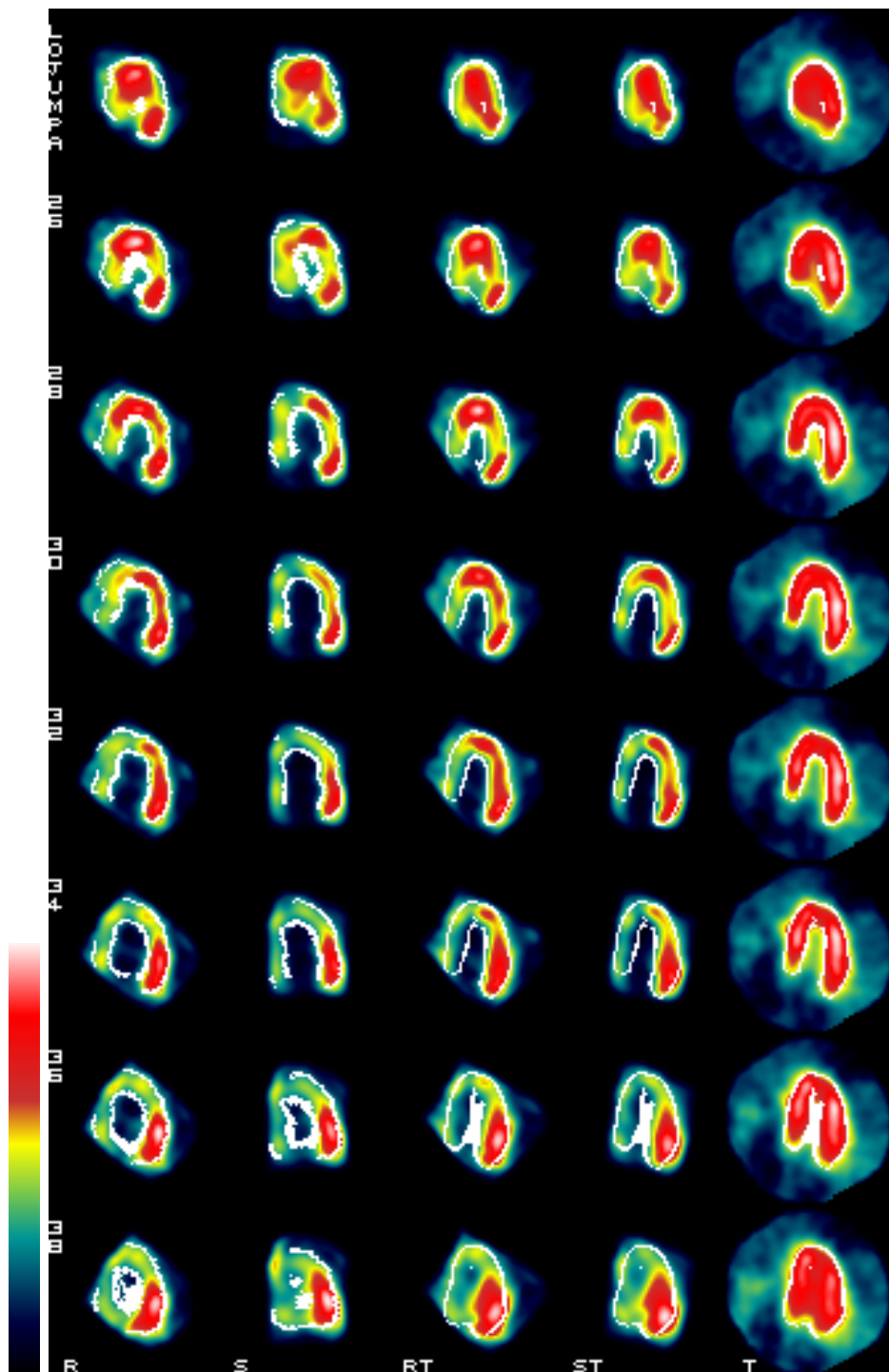


FIG. 4.7 – Le recalage et le réalignement, étude LOJUMPA (cas pathologique). La disposition est identique à celle de la figure 4.5.

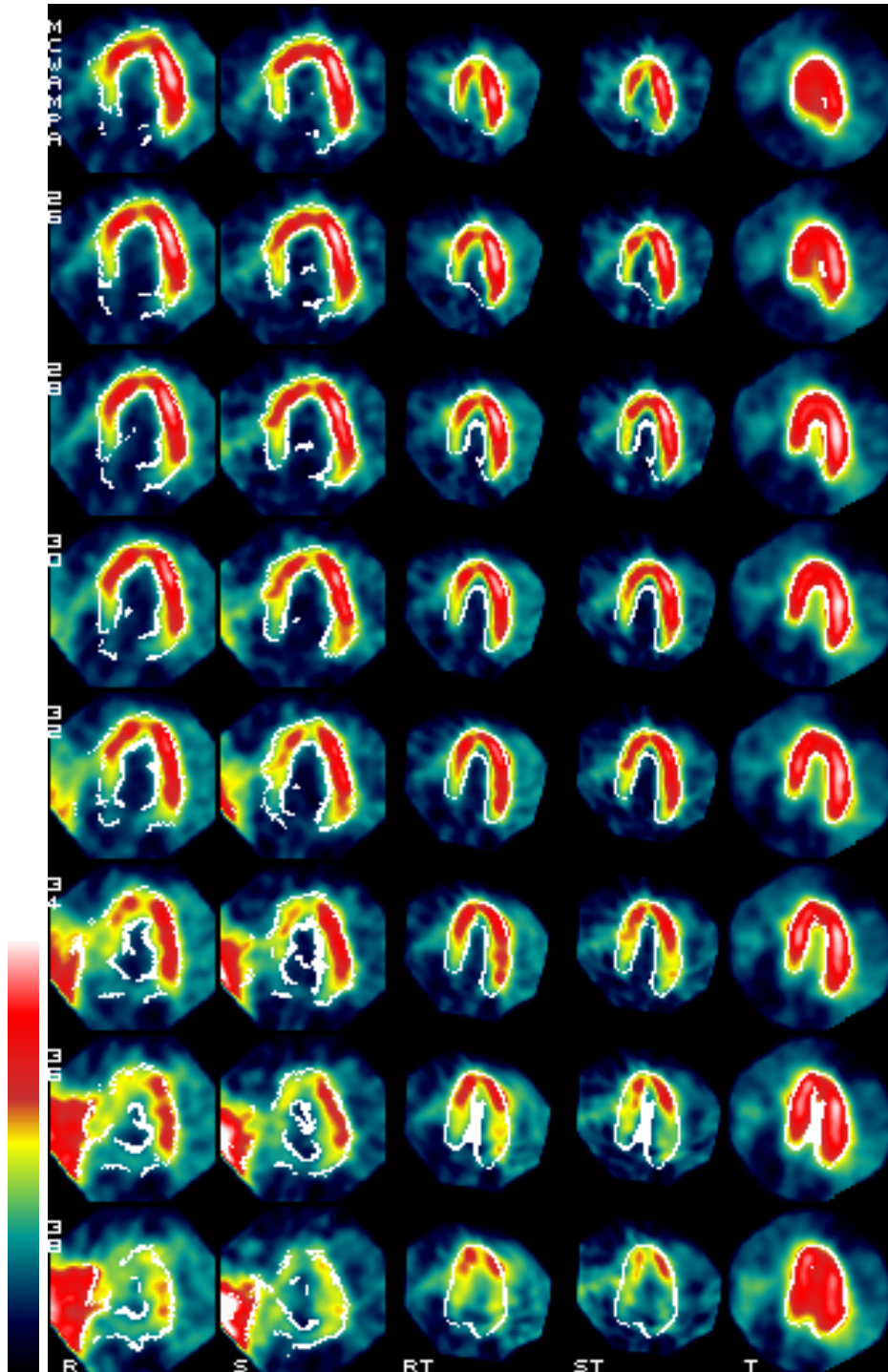


FIG. 4.8 – Le recalage et le réalignement, étude MCWAMPA (cas pathologique). La disposition est identique à celle de la figure 4.5.

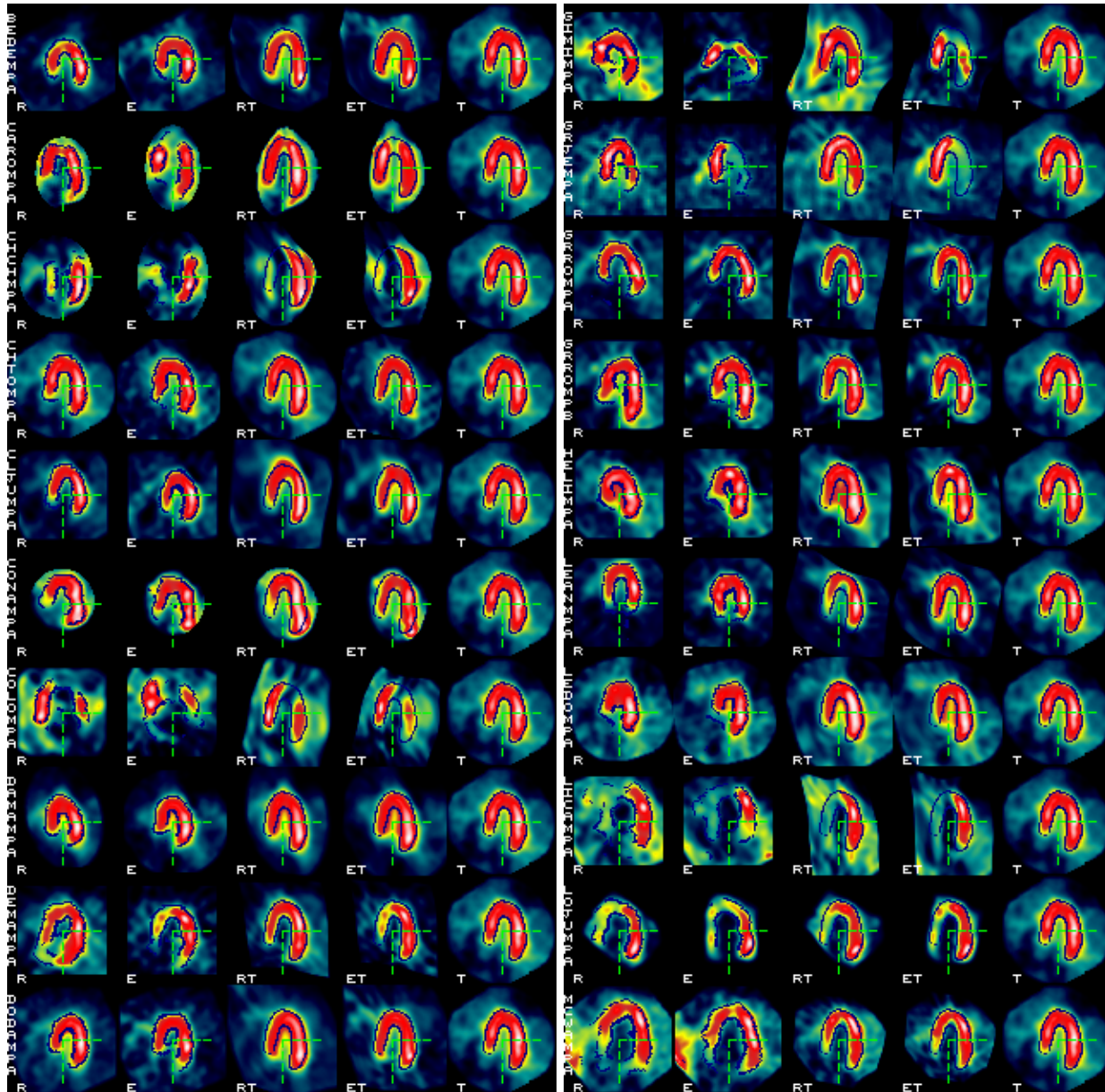


FIG. 4.9 – Le recalage et le réalignement, sur la base de données complète, (I). La disposition en colonnes est identique à celle de la figure 4.5. Chaque ligne est une coupe centrale de l'image 3D et ne reflète donc que très partiellement l'état de perfusion. Il faut juste constater la différence de forme avant le traitement entre les ventricules gauches des différentes études, la différence est éliminée après traitement.

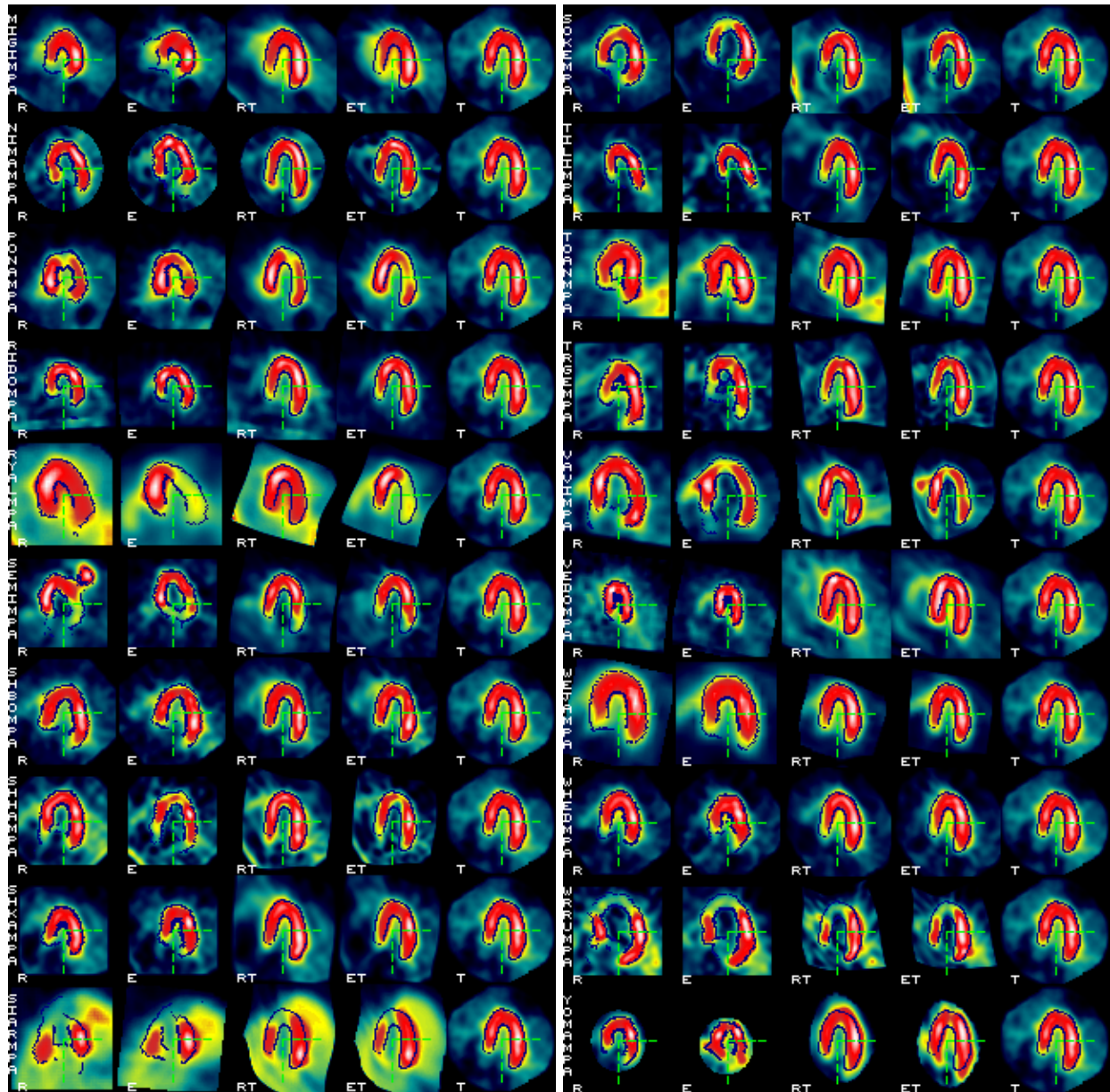


FIG. 4.10 – Le recalage et le réalignement, sur la base de données complète, (II).

4.2.4 Quantification de la pathologie

L'outil qui est présenté permet de normaliser la géométrie des images de perfusion myocardique. Il est ainsi possible de réaliser des *statistiques* sur les images.

L'image moyenne et l'image d'écart-type est calculée sur une population de 10 images de patients normaux choisis sur la base de données d'entraînement.

La figure 4.11 montre une représentation 3D de la zone ischémique dans l'étude RYALMPA (dont on peut voir les images sur la figure 4.6) grâce à l'adaptation 3D de la méthode exposée dans (Goris et al., 1986; Goris et al., 1989; Goris et Bretille, 1993). La représentation 3D est plus performante que la projection polaire, car les limitations inhérentes à l'approche bidimensionnelle sont ainsi levées. La quantification des pathologies est en cours d'évaluation et de validation sur la base de données de routine de 250 cas.

4.2.5 Temps de calcul

Le temps de calcul est de l'ordre d'une minute sur une DEC Alpha 500 cadencée à 400 Mhz, le programme occupe au maximum 22 Mo de mémoire vive dans l'implantation actuelle. Le temps se répartit en :

- 10 secondes pour l'extraction des points repos,
- 10 secondes pour l'extraction des points effort,
- 25 secondes pour la mise en correspondance modèle-effort,
- 5 secondes pour la mise en correspondance repos-effort,
- 6 secondes pour le calcul de la transformation composée $t_{M \rightarrow R}$,
- 3 secondes pour le rééchantillonnage de l'image repos dans la géométrie modèle,
- 3 secondes pour le rééchantillonnage de l'image effort dans la géométrie modèle.

Des optimisations du code ont déjà été entreprises, diminuant d'un facteur deux le temps dépensé à l'extraction des points. Les 20 secondes (le tiers du temps) de différence entre les deux processus de mise en correspondance en utilisant l'algorithme PPPI sont dépensés à calculer les 6 itérations spline. Le temps le plus long dans le calcul de la transformation est l'assemblage de la matrice. On peut noter que d'une itération à l'autre, les points utilisés pour la mise en correspondance sont sensiblement les mêmes, surtout lors des dernières itérations. L'assemblage de la matrice du système linéaire est donc une opération en grande partie redondante. Il est possible, pour gagner du temps, d'assembler partiellement la matrice d'un itération à l'autre, en *additionnant* dans les éléments de la matrice les nouvelles contributions et en *soustrayant* les contributions qui ont disparu.

Par exemple, à l'itération k , la liste 1 L_k^1 contient 1000 points, à l'itération $k + 1$, la liste 1 L_{k+1}^1 en contient 1000 dont 900 sont communs à L_k . À l'itération $k + 1$, on reprend la matrice à l'itération k A_k , on ajoute les contributions des 100 nouveaux points et on retire les contributions des 100 points qui ont été écartés. L'assemblage de A_{k+1} est réduit au calcul de 200 contributions au lieu de

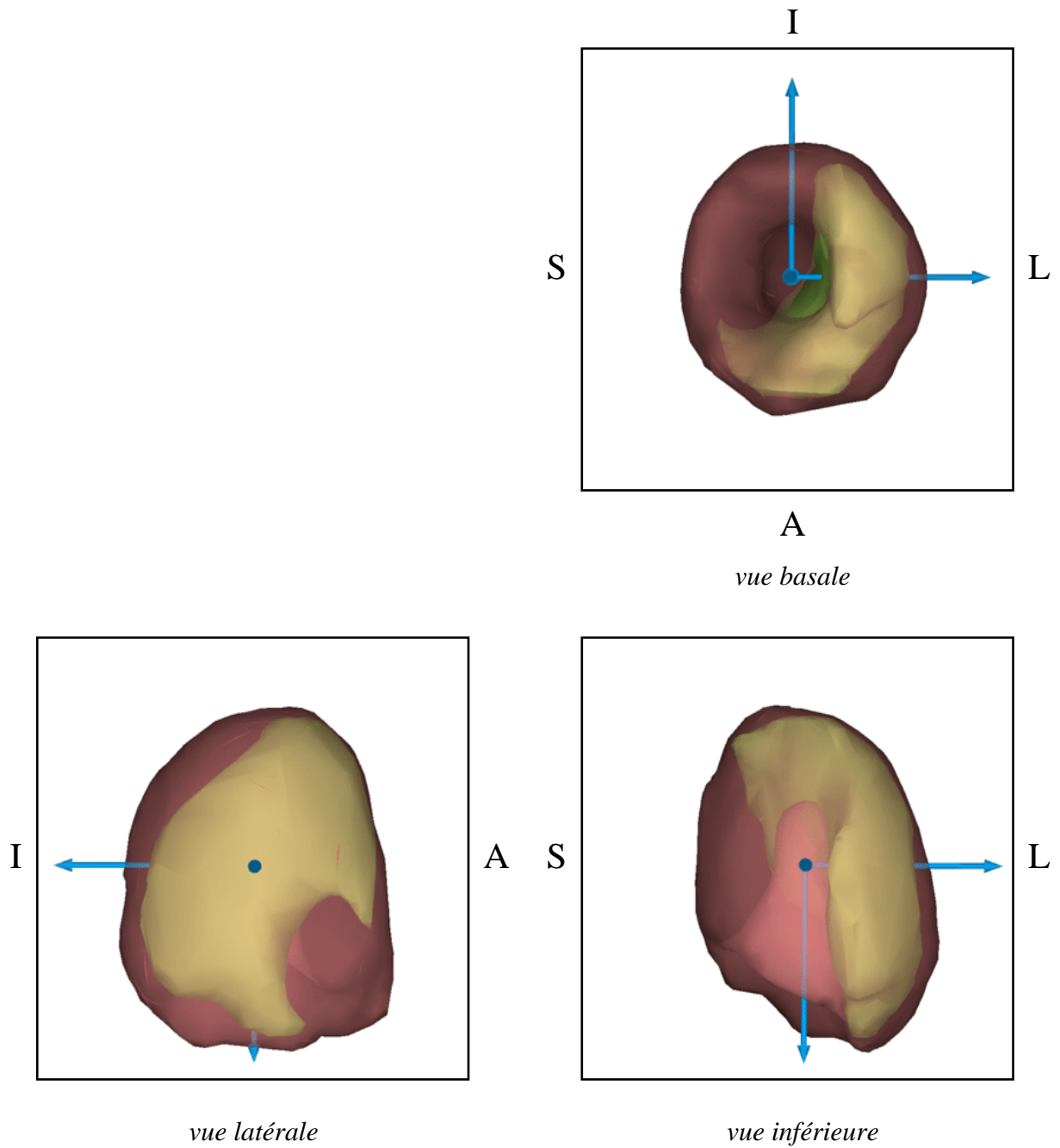


FIG. 4.11 – Différentes vues du volume qui apparaît ischémique (en jaune) dans l'étude RYALMPA (ischémie antéro-latérale). La visualisation est réalisée dans la géométrie du modèle.

1000. Le gain de temps peut être important, surtout lors des dernières itérations : on peut imaginer par conséquent de faire plus d'itérations spline.

La mise en œuvre est simple, nous ne l'avons cependant pas réalisée, car cela ne fait pas partie des objectifs que nous nous sommes fixés pour ce travail. Une telle adaptation de la méthode est intéressante dans l'optique d'une industrialisation.

On peut noter que ce raisonnement est valable aussi pour l'assemblage de la matrice utilisée pour calculer les transformations rigide et affine. Le calcul est cependant très rapide et le gain de temps serait négligeable.

4.3 Des résultats connexes

4.3.1 Une segmentation dans l'image originale

figure 4.12 montre la surface du ventricule gauche modèle. Cette surface est calculée en déformant une iso-surface vers les points de contours avec la technique de mise en correspondance utilisée pour l'alignement. Le seuil de cette iso-surface est choisi à la main pour être suffisamment proche de la forme de l'ensemble des points de contours. Comme pour l'alignement sur le modèle, nous avons fait tourner l'algorithme PPPI avec 10 itérations de transformation rigide, 10 de transformation affine et 6 de transformation spline.

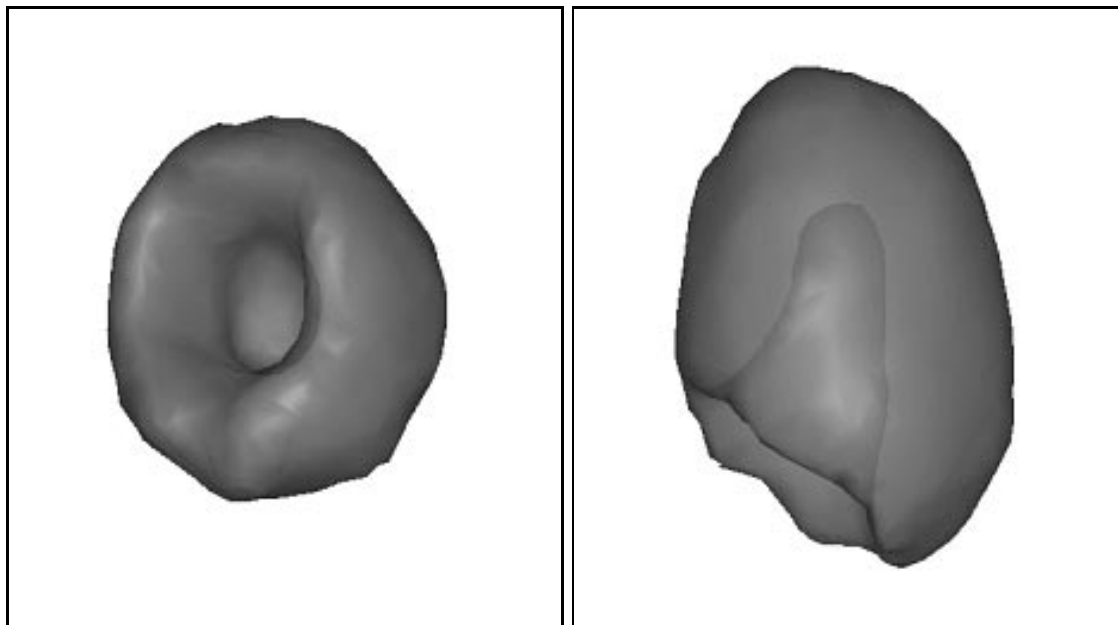


FIG. 4.12 – La surface du ventricule gauche modèle après déformation. À gauche, vue basale, à droite, vue grand axe.

Cette surface définit une segmentation du ventricule gauche modèle dans l'image. Pour un ventricule gauche donné, en déformant cette surface avec les transformations $t_{M \rightarrow E}$ et $t_{M \rightarrow R}$, on obtient une surface qui définit une segmentation de l'image du ventricule gauche du patient au repos ou

à l'effort. figure 4.13 montre les surfaces des ventricules gauches à l'effort de 4 études (LOJUMPA, MCWAMPA, RIDOMPA and RYALMPA) selon deux angles de vue.

figure 4.13, colonne de droite, montre également une grille 10x10x10 définie sur le volume entier de l'image et déformée par la transformation $t_{M \rightarrow E}$ pour chaque ventricule gauche. Cette grille est fortement déformée, mais la transformation est régulière.

4.3.2 Le volume du ventricule gauche

Grâce à la méthode d'alignement, il est possible de définir un volume du myocarde, en calculant le volume de la surface du modèle déformée par $t_{M \rightarrow E}$ ou $t_{M \rightarrow R}$.

Cette définition du volume doit être validée, bien entendu. Il faut noter que les limites du myocarde que la surface impose sont liées aux points de contour extraits et que ces derniers ne suivent pas forcément les limites anatomiques du myocarde. Ce volume ne sera donc pas bien défini anatomiquement.

4.4 Autres applications

La méthode est générique, la technique d'extraction de points caractéristiques est spécialement adaptée au problème des images de perfusion myocardique. Il est possible cependant, avec quelques modifications de détail, d'appliquer la méthode à trois autres problèmes cliniques : l'étude de perfusion myocardique "repos-redistribution", l'évaluation de l'embolie pulmonaire grâce à des images de perfusion et de ventilation par tomoscintigraphie et le test de fluence verbale utilisant des images de perfusion cérébrale.

4.4.1 Test "repos-redistribution"

Au lieu d'être appliquée sur un couple d'images repos-effort, la méthode est appliquée sur un couple d'images "repos-redistribution". L'image au repos est acquise de la même façon que précédemment, juste après injection du produit de marquage radioactif. L'image de redistribution est acquise, elle, après redistribution du traceur au ^{201}Tl dans le sang. L'intérêt de ce test est de détecter les zones très peu irriguées mais encore viables après un accident cardiaque grave (infarctus). Cela permet d'évaluer les dégâts et de repérer ce qui peut être sauvé par traitement médical ou chirurgical. Sur l'image au repos, ces zones n'ont pas fixé autant de marqueur que les zones saines. En revanche, sur l'image de redistribution qui est prise plusieurs heures plus tard, ces zones ont eu le temps de fixer du produit et sont visibles sur les images. La figure 4.14 montre les résultats de l'alignement sur le modèle de référence des images du l'unique cas dont nous disposons pour nos essais. Nous remercions le Professeur Jacques Darcourt et Octave Mignéco, Centre Antoine Lacassagne, Nice, France, pour ces images.

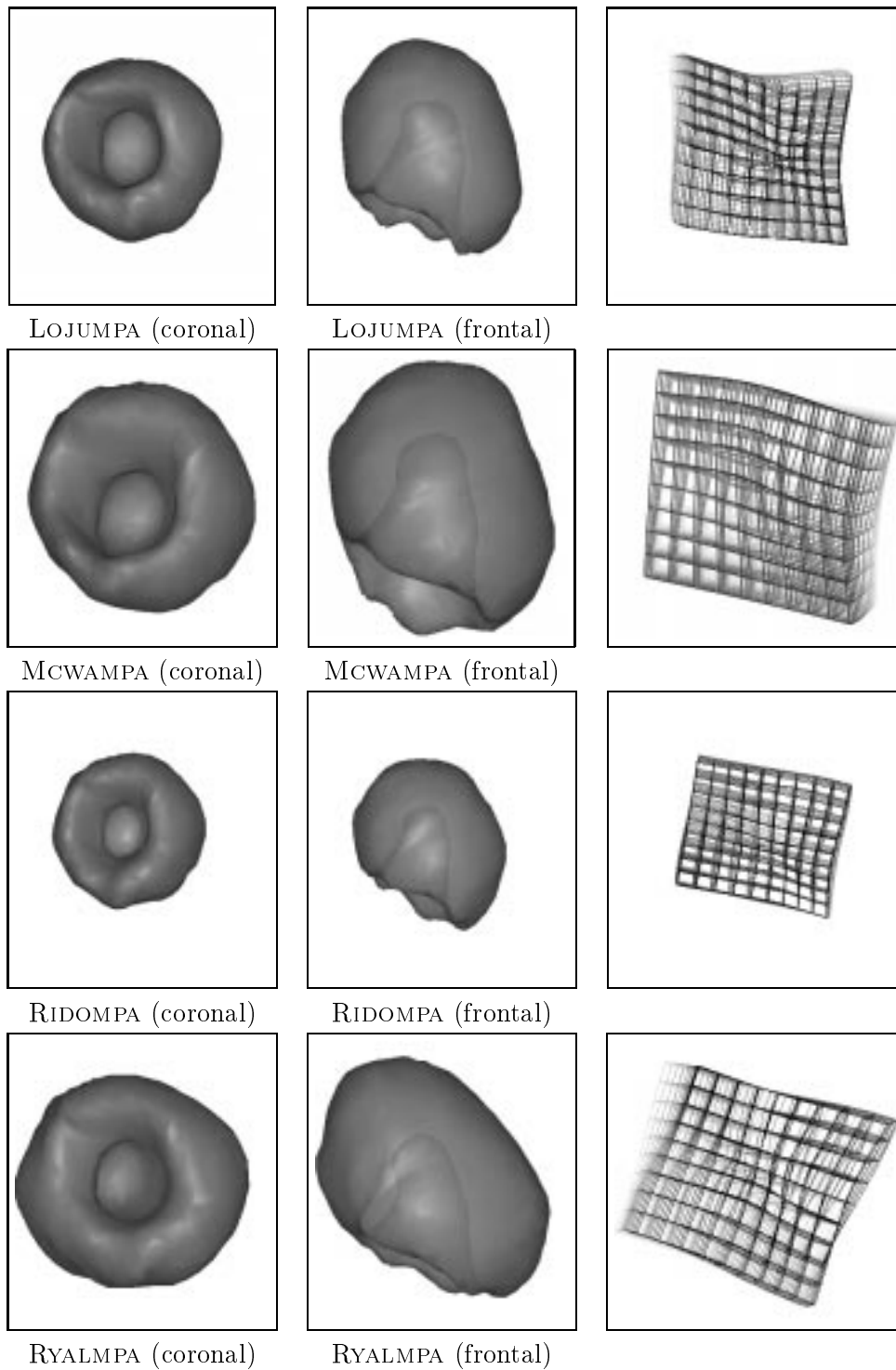


FIG. 4.13 – La surface du ventricule gauche modèle déformée pour définir la segmentation des ventricules dans les images originales effort. Chaque ligne montre un ventricule gauche d'une étude différente, à gauche, vue basale, au centre, vue grand axe. À gauche, une grille régulière a été déformée.

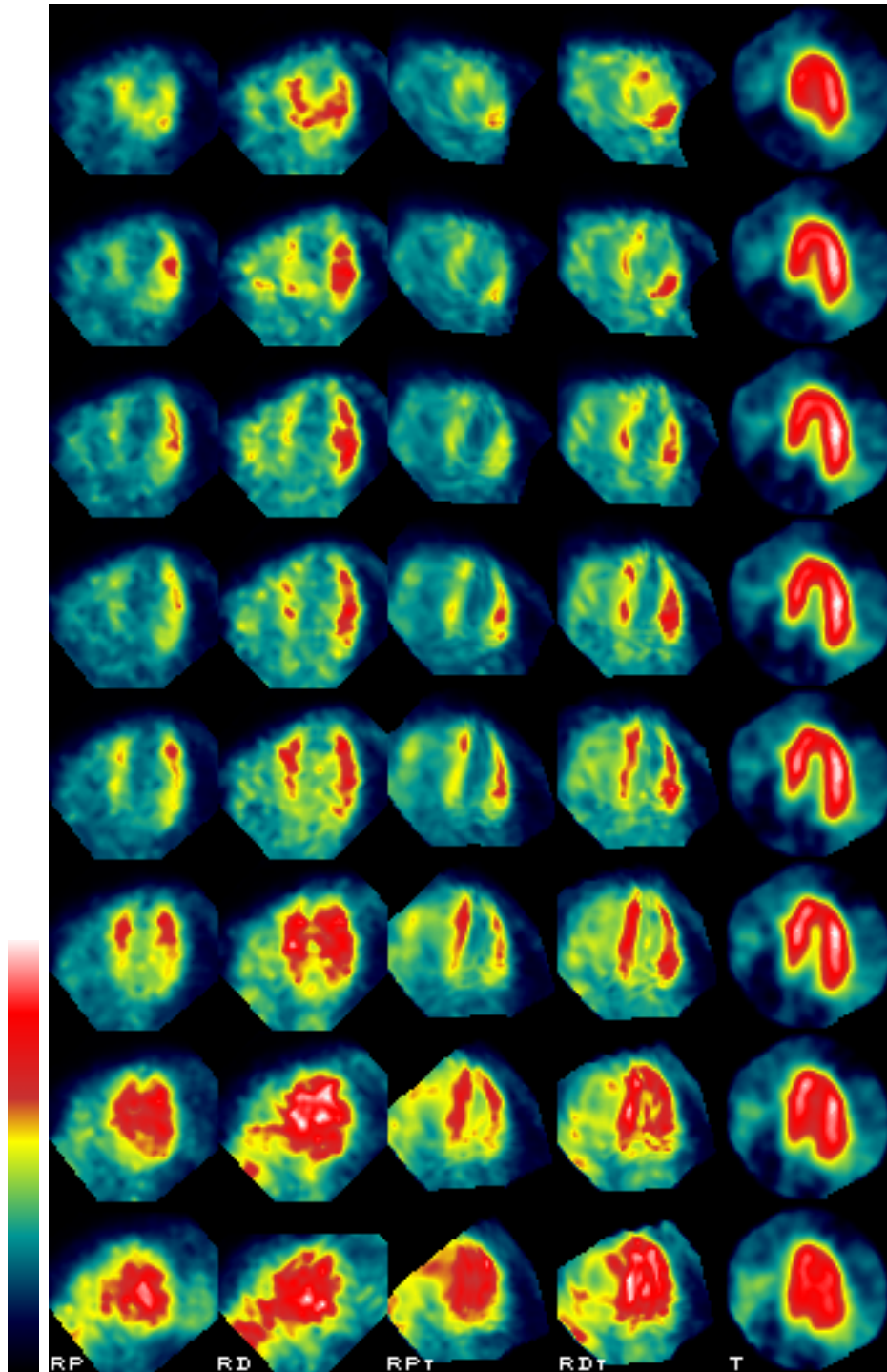


FIG. 4.14 – Le recalage et le réalignement, étude repos-redistribution. La disposition est identique à celle de la figure 4.5.

4.4.2 Détection de l'embolie pulmonaire

Nous traitons dans ce cas précis deux images de poumons. L'embolie pulmonaire est une obstruction des canaux qui irriguent le poumon (en général par un caillot de sang). Les embolies accidentelles peuvent être grave, car le caillot de sang peut être gros (jusqu'à plusieurs dizaines de centimètres de long) et boucher une grosse artère, entraînant une insuffisance respiratoire grave qu'il faut combler en urgence. Les caillots de sang qui arrivent dans les poumons viennent de la pompe droite du cœur, qui récolte le sang des veines.

Dans cette étude, une image de perfusion et une image de ventilation sont acquise par tomoscintigraphie.

- l'image de perfusion est obtenue par injection d'un traceur avec un marqueur radioactif. Le traceur, qui est une grosse molécule, se bloque dans les petits capillaires des alvéoles pulmonaires. L'image montre donc le niveau d'irrigation des segments du poumon ;
- l'image de ventilation est obtenue en faisant inspirer au patient un gaz marqué radioactivement (un marqueur au ^{99m}Tc ou du ^{133}Xe). L'image montre la quantité d'air que chaque région du poumon fait circuler.

Comme pour l'étude de perfusion myocardique, nous pouvons distinguer trois classes en comparant les deux images :

1. la région est *normale* si les niveaux de perfusion et de ventilation sont équivalents ;
2. la région est *nécrosée* si l'intensité est faible dans les deux images, montrant un défaut de perfusion et de ventilation ;
3. la région est atteinte d'*embolie* lorsque le vaisseau qui l'irrigue est bouché alors que l'air circule encore. Cette région est encore vivante, mais inefficace. L'intensité dans l'image de perfusion est donc faible alors que l'intensité dans l'image de ventilation est élevée.

Il est possible d'imaginer qu'une région soit irriguée mais pas ventilée, mais ce cas est exceptionnel et ne se produit jamais sur le long terme : la perfusion va là où va la ventilation.

Par analogie avec l'étude de perfusion myocardique, nous pouvons appliquer la même méthode de mise en correspondance et d'alignement en transposant l'image de ventilation comme image effort et l'image de perfusion comme image repos.

La méthode d'extraction des points caractéristiques est différente, car l'organe étudié n'a pas la forme simple du myocarde. Nous utilisons donc un simple filtre de Canny-Deriche dans la géométrie cartésienne 3D, nous éliminons les points de bruit par un filtrage analogue sur la norme du gradient. Les autres étapes sont identiques.

La principale différence vient de la forme et de l'importance du volume d'intérêt. Le myocarde est un organe unique, plutôt fin. Le volume qu'il définit est faible. Les poumons sont, eux, des organes épais, presque ronds. De plus, il y en a deux, il faut faire attention de ne pas mettre en

correspondance le droit avec le gauche, ce qui peut arriver si les images ont un faible contraste et que la distribution de points caractéristiques extraits est lacunaire.

Le Pr. Goris a testé la méthode sur une base de données de petite importance (une vingtaine de cas). Dans la moitié d'entre eux, l'alignement est un succès, mais dans l'autre moitié, une distribution de points caractéristiques trop lacunaire fait que la transformation spline se comporte mal. D'une façon générale, une distribution régulière et complète de points caractéristiques n'entraîne pas d'échec d'alignement. Nous pouvions déjà faire cette constatation pour l'étude de perfusion myocardique.

4.4.3 Évaluation de l'effet d'un médicament sur le cerveau

Nous changeons à nouveau d'organe pour évaluer l'effet d'un médicament sur le cerveau. Le médicament concerné est censé soigner une pathologie comportementale caractérisée par une incapacité pour un patient d'être attentif et concentré sur une tâche précise. Deux images sont acquises avant et après traitement. Les images caractérisent l'activité cérébrale locale. Le traceur est du glucose dont un des atomes d'oxygène est radioactif.

Dans ce cas précis, il s'agit de comparer deux populations entre elles: d'un côté, celle pour laquelle le traitement a un effet sur l'activation cérébrale et l'autre pour laquelle le médicament ne change rien. Compte tenu des variations d'intensité inhérentes à la modalité d'acquisition et aux états psychologiques du patient différents au moment où les images ont été acquises, une étude statistique permet de quantifier les différences et de définir une moyenne et un écart-type. De la même façon que pour l'étude de perfusion myocardique, nous définissons un seuil de normalité grâce à ces valeurs.

Le Pr. Goris a testé la méthode sur une vingtaine de cas, il n'a constaté aucun échec dans le recalage et l'alignement. Le succès vient là encore d'une très bonne distribution de points caractéristiques. Dans les images d'activation cérébrale normales, le cerveau apparaît très contrasté (par rapport aux images de ventricule gauche), les points caractéristiques sont distribués sur la surface externe du cortex et à l'intérieur du cerveau. La distribution est donc relativement dense, ce qui aide considérablement l'algorithme de mise en correspondance.

4.5 Conclusion

4.5.1 Évaluation des performances

Nous avons présenté une méthode automatique de mise en correspondance et d'alignement sur un modèle d'images de perfusion myocardique par tomoscintigraphie. Pour rééchantillonner des images de "meilleures" qualité pour l'évaluation de l'examen, des points caractéristiques sont extraits dans les images, ces points sont utilisée comme support de la mise en correspondance. Le recalage entre le repos et l'effort est assuré par une transformation affine, l'alignement sur le modèle est assuré par une transformation volumique B-spline. Les nouvelles images sont rééchantillonnées dans la

géométrie du modèle.

La méthode a été mise au point sur une base de données de 32 cas, 8 cas supplémentaires ont permis de réaliser une première validation des paramètres. Le résultat est vérifié visuellement par un expert, lequel a constaté un taux de réussite de 80 %. Une évaluation sur une base de données de routine a été réalisée de la même manière et a montré un taux de succès de 97 % (243/250).

4.5.2 Perspectives

La méthode est en cours d'industrialisation par l'entreprise Focus Imaging (anciennement Focus Médical), le produit est baptisé CardioMatchTM. Le logiciel présente une interface qui permet l'édition de dossiers attachés aux patients, il inclut le processus de mise en correspondance et d'alignement ainsi que l'évaluation quantitative de la pathologie.

La méthode doit être validée cliniquement dans son ensemble, depuis la création des images rééchantillonnées jusqu'à la quantification tridimensionnelle de la pathologie. Le protocole de validation sera défini de façon à montrer que la méthode d'évaluation polaire (Goris et al., 1986; Goris et al., 1989) permet une ségrégation plus fine entre les cas pathologiques et les cas normaux.

Dans une seconde étape, une fois la méthode validée, une étude statistique de la quantification permettra de raffiner celle-ci (Houston et al., 1994; Strother et al., 1995).

Deuxième partie

ÉTUDE DE LA DYNAMIQUE DU
VENTRICULE GAUCHE

Chapitre 5

Présentation du problème

Les cardiologues supposent que l'analyse du mouvement du muscle cardiaque (plus précisément, du ventricule gauche) peut donner des informations locales sur la santé du myocarde : un muscle défaillant doit être animé d'un mouvement

anormal. L'objectif est de retrouver l'éventuelle défaillance grâce à l'estimation du mouvement.

Nous introduisons dans ce chapitre les données et les diverses techniques qui ont été développées dans ce but et nous situons notre travail par rapport à l'état de l'art.

Les cardiologues supposent que l'analyse du mouvement du muscle cardiaque (plus précisément, du ventricule gauche) peut donner des informations locales sur la santé du myocarde : un muscle défaillant peut être animé d'un mouvement anormal (Tennant et Wiggers, 1935). L'objectif des études sur le mouvement cardiaque est de retrouver l'éventuelle défaillance grâce à l'analyse du mouvement et de sa comparaison par rapport à une référence normale.

Des techniques modernes d'imagerie ont été mises au point pour acquérir des images du cœur en fonctionnement, en deux ou trois dimensions, anatomiques ou fonctionnelles. Les données se présentent sous la forme de séquences d'images bi- ou tridimensionnelles qui couvrent tout ou une partie du cycle cardiaque, constituant ainsi de vrais films 2 ou 3D du cœur en mouvement.

De nombreuses méthodes de calcul et d'analyse du mouvement à partir de séquences d'images bi- ou tridimensionnelles ont été publiées dans la littérature spécialisée, montrant ainsi l'intérêt que porte la communauté scientifique à ce domaine précis. Nous présentons une classification des principales méthodes qui ont marqué la littérature. Nous présentons également les grandes lignes de nos travaux et les contributions qu'ils apportent.

5.1 Calcul local du mouvement

5.1.1 Une modélisation préliminaire

Les techniques de suivi de mouvement cardiaque utilisent naturellement des paires d'images successives dans la séquence pour trouver une correspondance point à point. La plupart définissent un modèle géométrique du ventricule gauche et s'appuient sur des caractéristiques liées à leur modèle pour établir la correspondance. Seul les auteurs de (Thirion, 1995b; Benayoun et al., 1995; Benayoun, 1994) n'adoptent pas cette approche, ils utilisent d'autres critères de mise en correspondance (points de d'extremum de courbure, similarité de forme des surfaces d'iso-intensité) qui ne nécessitent pas de modélisation de forme géométrique du ventricule gauche.

Modèles paramétriques

Les modèles paramétriques les plus populaires dans la littérature sont issus des superquadriques déformables présentées dans (Metaxas et Terzopoulos, 1991). Le super-ellipsoïde tronqué, grâce à la définition d'un nombre réduit de paramètre, peut en effet servir à la définition d'un modèle réaliste du ventricule gauche. Les auteurs de (Bardinet et al., 1996; Bardinet, 1995) utilisent un superellipsoïde et appliquent des déformations libres (FFD, en anglais) pour ajuster la forme à des données préalablement segmentées. De même, dans (Park et al., 1996; Park et al., 1994), le ventricule gauche est modélisé par un superellipsoïde volumique, il est déformé cette fois par des paramètres variables de l'équation qui définit la superquadrique. Les paramètres qui définissent la forme du modèle sont peu nombreux (une centaine) et permettent cependant de définir une forme suffisamment complexe comme celle du ventricule gauche. Cette économie est utile dans le processus de suivi ou d'analyse que proposent ces deux méthodes.

D'autres modèles paramétriques ont été également présentés dans (Staib et Duncan, 1992), le contour est alors défini à partir de séries harmoniques d'ellipses, de la même façon qu'une courbe est approchée par des séries de Fourier.

L'avantage de telles méthodes est la simplicité de la définition, le contrôle de la topologie et surtout un comportement facilement contrôlable en cas de données lacunaires. Bien sûr, un tel contrôle nécessite d'imposer des contraintes a priori sur la forme attendue de l'objet que l'on veut modéliser.

Modèles non-paramétriques

Une segmentation plus simple est fondée sur des iso-surfaces ou des contours déformables (snakes, en anglais).

- les *iso-surfaces* (Thirion et Gourdon, 1992) ne sont utilisables que dans les images pour lesquelles l'information d'intensité est invariante pour chaque point d'un même tissu. De plus, pour que la séparation soit précise, il faut que la frontière de la région d'intérêt soit bien contrastée et l'image faiblement bruitée. L'image classique du cœur de chien de la Mayo Clinic obtenue par un scanographe X dédié aux images 4D (le Dynamic Spatial Reconstructor) se prête parfaitement à une segmentation de ce type. En revanche, les images fonctionnelles comme les images tomoscintigraphiques contiennent une information d'intensité qui est identique dans deux régions si ces deux régions ont la même fonction : une isosurface ne fournira donc pas forcément de segmentation anatomique, la correspondance entre deux images de patients différents est alors hasardeuse. Dans le cas des images IRM, le contraste et le rapport signal sur bruit sont en général insuffisants pour permettre une bonne segmentation grâce à des iso-surfaces : il est difficile de contrôler la topologie de la surface de séparation ;
- les *contours déformables* : les études (Cohen, 1992; Cohen et al., 1992a; Kass et al., 1987) ont servi de base à la plupart des autres : ces contours non paramétriques permettent de définir des formes plus libres. La convergence de ces modèles est fondée sur une minimisation d'énergie. Cette énergie combine un potentiel de forme (énergie externe) lié aux données de l'image et une énergie de régularité (énergie interne) qui pénalise les formes trop irrégulières et rend le modèle plus robuste au bruit de l'image ou aux occultations. La topologie de ces contours est fixée ou plus généralement contrôlable au cours des itérations de convergence.

De tels modèles ont été adoptés sous la forme de snakes classiques dans (McInerney et Terzopoulos, 1995; Amini et Duncan, 1992), les auteurs de (Nastar, 1994a; Nastar, 1994b) ont adapté la méthode à des maillages masses-ressorts.

Certains travaux (Matheny et Goldgof, 1995; Schudy et Ballard, 1979) utilisent des harmoniques de surfaces pour modéliser la forme et le déplacement du ventricule gauche.

5.1.2 Le suivi proprement dit

Le cas général

Le suivi du mouvement est réalisé à partir de paires d'images successives, les correspondances sont définies à partir de points caractéristiques supposés invariants pendant la séquence. Ainsi, les auteurs de (Bardinet et al., 1996; Bardinet, 1995) supposent que les points conservent leurs coordonnées paramétriques d'une image à l'autre, alors que la correspondance est établie grâce à des contraintes de proximité. Certaines méthodes utilisent les propriétés différentielles (notamment la courbure) des hypersurfaces d'iso-intensité dans l'image (Subsol et al., 1996; Thirion, 1995b; Benayoun et al., 1995; Benayoun, 1994) ou de la surface de l'objet modélisé (Clarysse et al., 1997; Gorce et al., 1997; McEachen et Duncan, 1997; Gorce et al., 1994; Kambhamettu et Goldgof, 1994; Shi et al., 1994; Friboulet et al., 1993; Friboulet et al., 1992; Amini et Duncan, 1992; Goldgof et al., 1988).

Il est clair que ces méthodes font une hypothèse forte de conservation d'une information géométrique (paramétrisation, courbure) au cours de la séquence. Cette hypothèse est difficile à vérifier et à valider, surtout que le ventricule gauche possède un axe qui est presque de symétrie (dans sa partie basale, le ventricule gauche est presque un cylindre d'axe le grand axe), ce qui rend délicate la détection des mouvements qui laissent l'objet invariant (rotation autour de l'axe de symétrie). Les contraintes géométriques ne suffisent alors plus pour identifier un tel mouvement.

Des modalités particulières

Pour combler cette lacune, deux méthodes d'IRM ont été adaptées pour apporter une nouvelle information sur le mouvement :

1. **IRM à contraste de phase** (Pelc et al., 1989)

Cette modalité fournit une carte du champ des vitesses instantanées au point de coordonnées de l'image. Il est ainsi possible de connaître la vitesse en un point du myocarde. Les méthodes présentées dans (McEachen, 1996; McEachen et al., 1995; Meyer et al., 1995; Shi et al., 1995; Todd Constable et al., 1994) exploitent cette information de vitesse en la couplant éventuellement avec une information différentielle géométrique (McEachen, 1996).

2. **IRM marquée** (Zerhouni et al., 1988; Axel et Dougherty, 1989)

Cette modalité fournit des images dans lesquelles une grille de lignes est accrochée au tissu et se déforme avec lui (voir annexe B). Les méthodes présentées dans (Kraitichman et al., 1995; Guttman et al., 1994; Young et al., 1995; Young et al., 1994a; Kumar et Goldgof, 1994) permettent d'identifier les lignes de marquage à partir desquelles il est possible de reconstruire le champ de déplacement (Radeva et al., 1997; Park et al., 1996; Denney, 1995; Denney et Prince, 1995; Young et al., 1995; Reynard et al., 1995; Park et al., 1994).

Ces modalités fournissent des informations supplémentaires qui permettent d'obtenir une information plus précise sur le mouvement.

5.2 Analyse du mouvement

À partir de l'information de mouvement, quelques méthodes proposent une analyse afin d'extraire des éléments pouvant aider au diagnostic, soit à partir d'une décomposition géométrique du mouvement (Bardinet et al., 1996; Park et al., 1996; Bardinet, 1995; Reynard et al., 1995; Park et al., 1994), soit à partir d'une modélisation mécanique du tenseur des contraintes de la déformation (McVeigh, 1996; Young et al., 1995; McVeigh et al., 1994; Young et al., 1994a), soit à partir d'une de calculs de modes de vibrations de maillages masses-ressorts (Nastar, 1994b; Nastar, 1994a).

Aucune étude n'a encore vraiment prouvé sa supériorité quant à la qualité des paramètres qu'elles déterminent, l'objectif étant de pouvoir localiser et quantifier la pathologie de la façon la plus automatique possible : plus une méthode est automatique, moins elle dépend de l'opérateur et plus les résultats de la méthode sont objectifs et répétables. Les études les plus avancées sont à ce jour (Guttman et al., 1997; Park et al., 1996; Young et al., 1994b).

5.3 Contributions

D'une façon générale, la contrainte de continuité temporelle n'est pas imposée dans la méthode de suivi. Parmi les diverses méthodes de segmentation d'images cardiaques, quelques rares études (O'Donnell et al., 1994) en 2D et (de Murcia, 1996; Matheny et Goldgof, 1995; Schudy et Ballard, 1979) en 3D font exception en incluant la dépendance en temps dans leur modèle. Certaines méthodes de suivi du mouvement proposent un filtrage a posteriori pour prendre en compte la continuité et l'éventuelle périodicité du mouvement (Thirion, 1995b; Todd Constable et al., 1994; McEachen et al., 1994; Nastar, 1994b), qui sont des éléments intrinsèques au mouvement cardiaque. De plus, seules quelques études (Park et al., 1994; Park et al., 1996) proposent une décomposition du mouvement relativement intuitive.

Dans cette partie, nous proposons une modélisation du mouvement cardiaque sous la forme de transformations planisphériques 4D. Ces transformations doivent respecter quatre objectifs :

1. définir une classe de transformations de l'**espace** et du **temps** dans laquelle la **continuité** et l'éventuelle **périodicité en temps** sont imposées,
2. définir une classe de transformations contraintes de façon à décrire le mouvement du ventricule gauche grâce à la donnée d'un **nombre réduit de paramètres**,
3. décomposer le mouvement en mouvements "canoniques", permettant une **analyse quantitative** facile à interpréter,
4. écrire la transformation dans une géométrie adaptée dans laquelle les **équations** sont **simples** (linéaires) afin de rendre le calcul pratique d'une telle transformation robuste et facile.

Nous présentons dans le chapitre 6 les définitions mathématiques attachées aux transformations planisphériques 4D.

Nous présentons alors deux méthodes d'estimation d'une transformation planisphérique 4D à partir de séquences d'images (données 4D) :

1. le chapitre 7 détaille une méthode de suivi de mouvement à partir de séquences d'images **tomoscintigraphiques synchronisées** (TEMPS, ou gated SPECT). L'information de mouvement doit être extraite à partir de points caractéristiques géométriques, nous utilisons pour cela une adaptation de l'algorithme du Point le Plus Proche Itéré (PPPI, ou Iterative Closest Point, en anglais (Feldmar, 1995)),
2. le chapitre 8 présente une méthode de suivi de mouvement à partir d'images **IRM marquées**.

Les chapitres 9 et 10 décrivent les expériences qui ont été menées avec chacune de ces deux méthodes et commente les résultats. Les perspectives de ce travail, notamment sur la validation statistique des paramètres de mouvement qui sont extraits sont présentées dans la conclusion.

La méthode présentée au chapitre 7 a été développée en collaboration avec le Dr. Jacques Feldmar (projet Epidaure). Elle a fait l'objet d'une publication (Declerck et al., 1997).

Chapitre 6

Transformations Planisphériques 3D et 4D

Dans ce chapitre, nous définissons une classe de transformations de l'espace et du temps appelées transformations planisphériques 4D pour décrire le mouvement du ventricule gauche.

Cette transformation est décrite dans un système de coordonnées planisphériques 3D adapté à la forme du ventricule, qui est définie par un nombre réduit de paramètres et par des relations linéaires

simples. La transformation est continue et régulière dans l'espace et le temps, la périodicité temporelle peut être imposée dans les équations. Le mouvement local d'un point du myocarde peut être facilement décomposé en mouvements élémentaires canoniques (mouvement radial, rotation autour du grand axe, élévation) à des fins d'analyse quantitative.

L'objectif de cette étude est de définir un modèle continu dans l'espace et le temps de la déformation du ventricule gauche au cours du cycle cardiaque. La transformation est décrite par un nombre réduit de paramètres, suffisant cependant pour décrire un mouvement aussi complexe que le mouvement myocardique. Ce modèle de déformation du ventricule gauche est une approximation grossière en comparaison du modèle biomécanique sophistiqué de (Hunter et Smayda, 1988) ou des modèles cinématiques très descriptifs de (Arts et al., 1992; Meier et al., 1980).

6.1 Objectifs

6.1.1 Définition d'une transformation 4D

La transformation déforme un point P de coordonnées cartésiennes (x, y, z) à un instant t en un point Q de coordonnées (x', y', z') qui définit la position du point P au temps t .

$$\begin{aligned} f : \mathbb{R}^3 \times \mathbb{R} &\longrightarrow \mathbb{R}^3 \\ (P, t) &\longmapsto Q = f(P, t) \end{aligned}$$

Le mouvement cardiaque est supposé *continu* dans l'espace, *continu* et éventuellement *périodique* en temps. Nous imposons donc que la fonction soit **différentiable** en les coordonnées spatiales x , y et z , et qu'elle soit **différentiable** et éventuellement **périodique** en la variable temporelle t .

La définition d'une telle transformation 4D induit la définition de deux autres fonctions plus simples qui sont également régulières (figure 6.1) :

$$\begin{aligned} T_P &= f(P, \cdot) \text{ est la trajectoire du point } P \text{ au cours du temps,} \\ &\text{ nous cherchons des trajectoires } \textit{lisses} \\ D_t &= f(\cdot, t) \text{ est la fonction de transformation à l'instant } 0 \text{ de l'objet à l'instant } t, \\ &\text{ nous cherchons des déformations } \textit{régulières}. \end{aligned}$$

6.1.2 Description locale du mouvement

La transformation f est définie de façon à décrire localement des mouvements spécifiques des points du muscle du ventricule gauche. La forme des parois du ventricule gauche sont approximées par des sphères allongées dans la direction du grand axe. L'approximation est évidemment grossière, la forme étant bien plus complexe, mais l'objectif est ici de *décrire les mouvements dans une géométrie plausible* et non de décrire la forme précise du ventricule.

A cet effet, nous décomposons le mouvement d'un point en trois mouvements canoniques (figure 6.2) :

- mouvement 1: un **mouvement radial** qui décrit la contraction ou la dilatation par rapport un centre,
- mouvement 2: une **rotation apico-basale** autour du grand axe, qui décrit le mouvement de torsion,

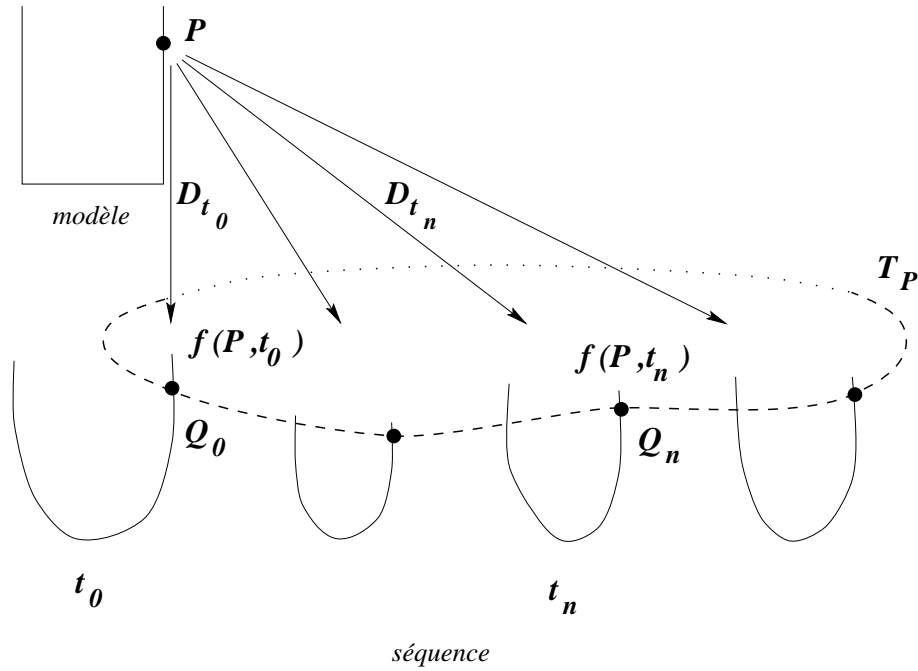


FIG. 6.1 – Le modèle est déformé au cours du temps, le point P à l’instant t_n devient le point Q_n . Les fonctions de déformation instantanée D_{t_n} et la fonction de trajectoire T_P sont illustrées.

- mouvement 3: un mouvement tangentiel d’**élévation** le long du grand axe, qui décrit le mouvement de raccourcissement (écrasement) au cours de la systole.

6.1.3 Utilisation d’une géométrie adaptée

La géométrie choisie

Les équations de ces mouvements sont écrits simplement dans des coordonnées adaptées que nous baptisons “planisphériques 3D”. Ce système est une combinaison entre les coordonnées sphériques et cylindriques.

f est donc une combinaison de trois fonctions :

$$f = P2C \circ F \circ C2P$$

La fonction $C2P$ passe des coordonnées cartésiennes aux coordonnées planisphériques 3D, la fonction $P2C$ fait l’opération inverse (évidemment, $C2P = P2C^{-1}$). F est la fonction de déformation décrite dans les coordonnées planisphériques 3D. Les paragraphes suivants détaillent les définitions de ces fonctions.

Cylindrique, sphérique ou planisphérique ?

L’approche est inspirée de celle proposée dans (Park et al., 1996; Park et al., 1994) : dans cette étude, les équations de la déformation d’un modèle superquadrique volumique sont exprimées dans

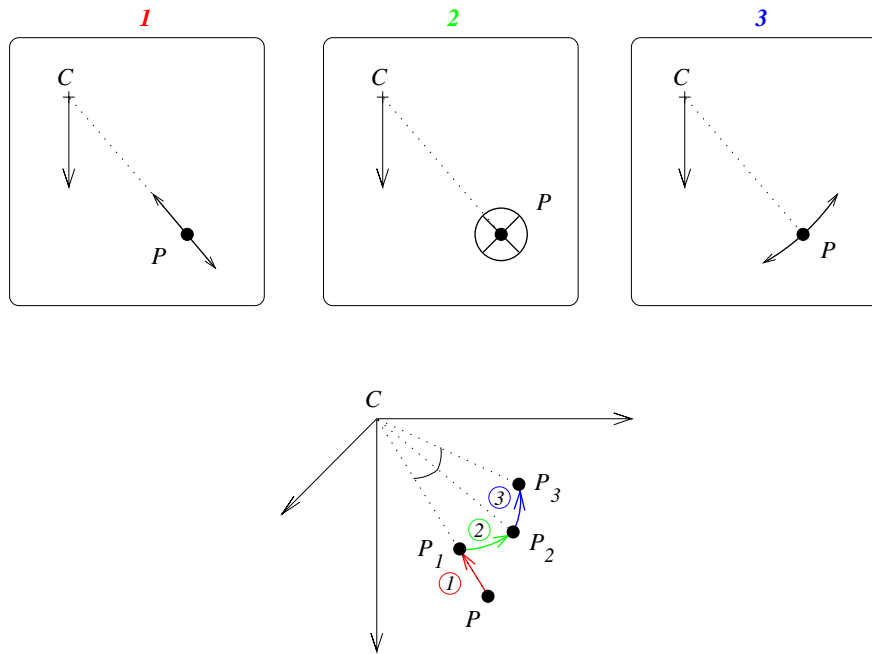


FIG. 6.2 – Les trois cadres supérieurs illustrent indépendamment les mouvements canoniques. Au dessous, le point P est transformé en P_1 par le mouvement 1 (radial), P_1 est transformé en P_2 par le mouvement 2 (rotation apico-basale), P_2 est transformé en P_3 par le mouvement 3 (élévation).

des coordonnées cylindriques, aboutissant à une décomposition similaire en mouvements indépendants. Dans ces coordonnées, la décomposition n'a pas la même signification en tout point du ventricule. En effet, pour un point des murs latéraux (partie cylindrique du ventricule gauche), le mouvement 1 de contraction vers le centre correspond bien à une contraction perpendiculaire aux surfaces des parois. En revanche, le même mouvement qui anime un point de l'apex décrit plutôt un mouvement tangentiel de glissement (mouvement 2 ou 3) plutôt qu'une contraction vers un centre. Le centre situé sur l'axe ne correspond pas à un centre de contraction perpendiculaire aux parois (figure 6.3).

Nous introduisons donc des coordonnées planisphériques 3D pour décrire le mouvement de façon à ce que les mouvements canoniques conservent leur signification pour tout point du ventricule gauche.

6.2 La géométrie planisphérique 3D

Nous décrivons ici les fonctions de passage entre coordonnées cartésiennes et planisphériques.

C2P: le système de coordonnées planisphériques 3D est défini par la donnée d'un centre C , d'un point de base B et d'un vecteur \mathbf{v} orthogonal à $\mathbf{CB} = \|\mathbf{CB}\|\mathbf{u}$.

Pour décrire le mouvement cardiaque, on impose que \mathbf{u} soit dirigé de l'apex vers la base (il dirige le grand axe), et que \mathbf{v} soit dirigé du septum vers le mur latéral. C est choisi au centre de la cavité

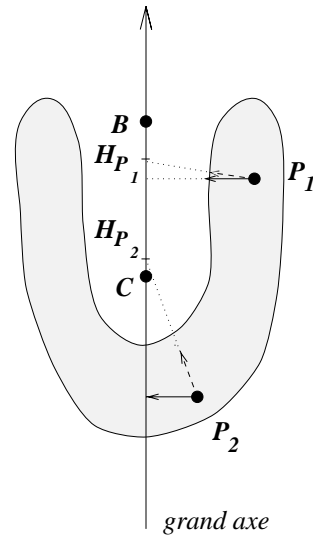


FIG. 6.3 – P_1 appartient au mur latéral, P_2 est à l'apex, tous deux animés du mouvement 1. Les flèches en trait plein montrent le mouvement en coordonnées cylindriques (centre projeté sur l'axe), les flèches en pointillé montrent le mouvement en coordonnées planisphériques (centre mobile H_P). Le mouvement 1 décrit une contraction pour P_1 , mais pas pour P_2 .

ventriculaire, B au centre de la base. Le troisième vecteur du repère est défini comme le produit vectoriel $\mathbf{w} = \mathbf{u} \times \mathbf{v}$, il est donc dirigé du mur antérieur vers le mur inférieur (figure 6.4).

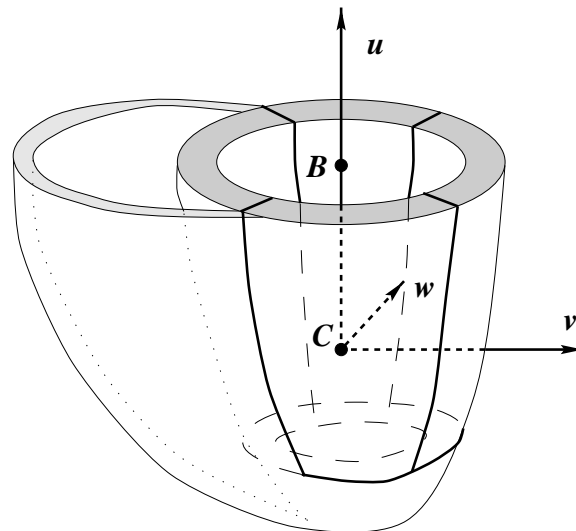


FIG. 6.4 – Le système de coordonnées planisphérique est défini par un centre C , un point de base B , un vecteur septo-latéral \mathbf{v} .

Pour un point P de coordonnées cartésiennes (x, y, z) , on définit un centre mobile H_P sur la demi-droite $[CB)$. De ce centre, on définit une distance (r) et deux angles (latitude θ et longitude φ) pour repérer P ainsi qu'on le ferait dans un système de coordonnées sphériques classique. Dans

le système sphérique, par exemple, H_P est le point C . Dans le système cylindrique, H_P est le point P projeté sur l'axe (CB). Nous proposons ici une **combinaison des deux** de façon à décrire le point P en coordonnées “à peu près” cylindriques quand il est près de la base et en coordonnées “à peu près” sphériques quand il est près de l'apex, pour respecter la forme du ventricule gauche (figure 6.5).

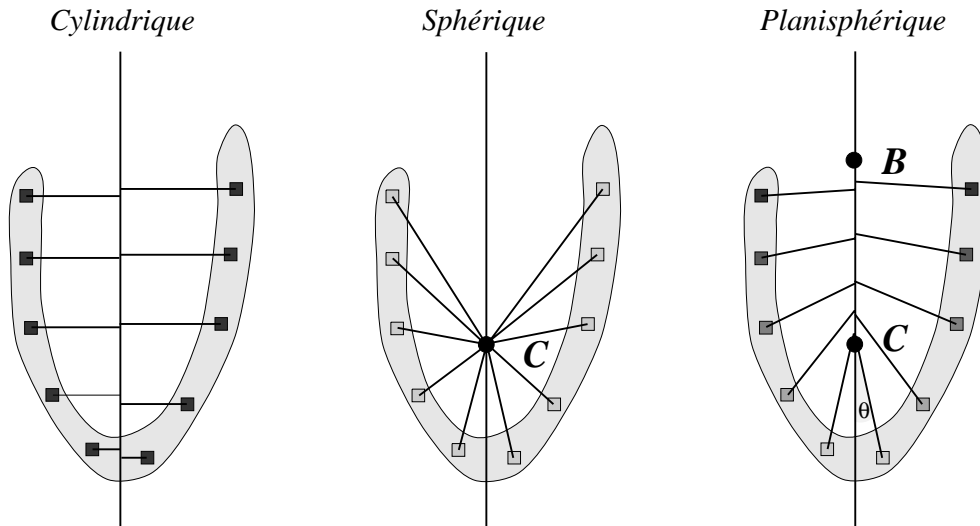


FIG. 6.5 – La géométrie planisphérique est une combinaison des géométries sphériques et cylindriques.

La position de H_P est donnée par l'équation :

$$CH_P = (1 - \cos\theta) CB \quad (6.1)$$

où θ désigne la latitude du point P .

- Pour des faibles valeurs de θ (P proche de l'apex), H_P est proche de C et dérive lentement de C en proportion de $\frac{\theta^2}{2}$: proche de l'apex, le système de coordonnées planisphériques 3D est semblable à un système sphérique.
- Pour des valeurs de θ autour de $\frac{\pi}{2}$ (P proche de la base), H_P est proche de B , la distance BH_M varie linéairement avec $\theta - \frac{\pi}{2}$ et \mathbf{PH}_P est presque orthogonal à \mathbf{CB} : autour de la base, le système de coordonnées planisphériques 3D est semblable à un système cylindrique (figure 6.6).

Bien entendu, équation 6.1 est une formule implicite : une fois H_P connu, θ est connu, mais il faut θ pour déterminer H_P . L'annexe C détaille la méthode qui a été développée pour résoudre ce problème.

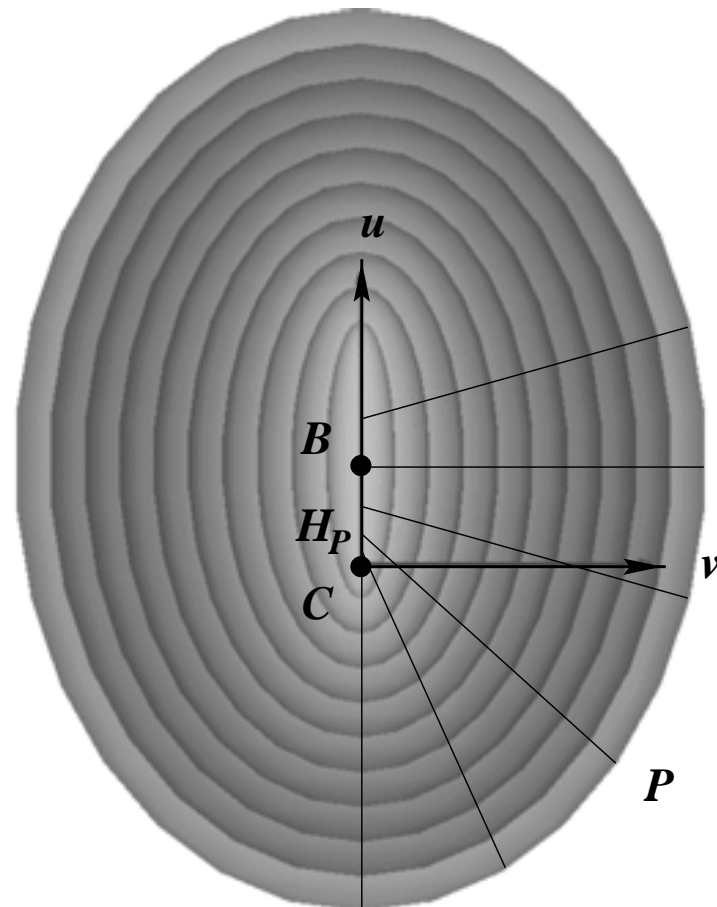


FIG. 6.6 – Une représentation de 10 surfaces ($r = C^{te}$) coupées par un plan $\varphi = 0[\pi]$. Les segments montrent différents points P et les centres H_P associés.

Dans nos coordonnées planisphériques 3D, une surface ($r = \text{Constante}$) est représentée comme un disque plan. Les coordonnées X , Y et R sont définies ainsi :

$$\begin{aligned} X &= \frac{\theta}{\pi} \cos(\varphi) \\ Y &= \frac{\theta}{\pi} \sin(\varphi) \\ R &= \frac{r}{\sigma_r} \end{aligned} \tag{6.2}$$

où σ_r est un coefficient de normalisation. Ainsi, X , Y et R sont des valeurs sans dimension évoluant dans le même intervalle (entre -1 et 1 pour X et Y). Ces équations rappellent la projection polaire 3D vue au chapitre 3.

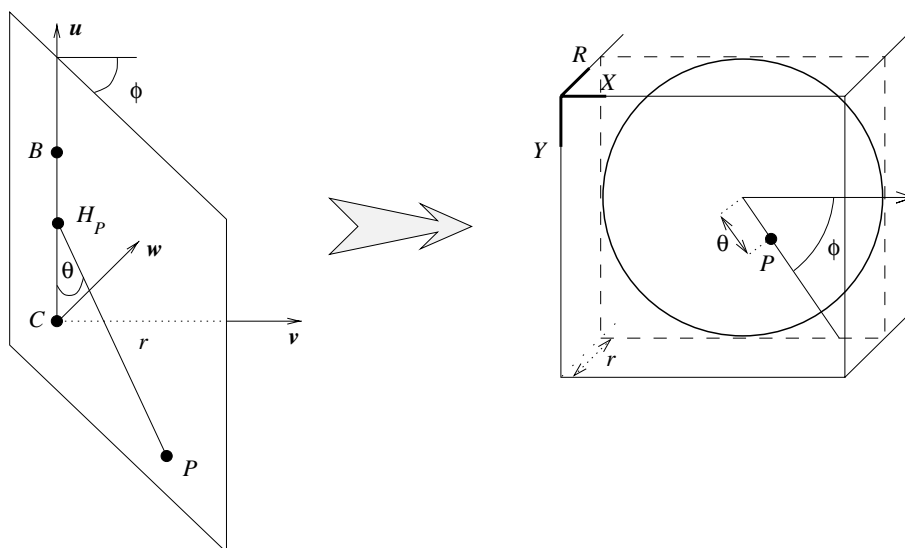


FIG. 6.7 – Les coordonnées cartésiennes (x, y, z) du point P sont converties en coordonnées planisphériques 3D. La profondeur R est proportionnelle à la distance PH_P , la position X, Y dans le plan $R = Ct$ est définie par les angles de position θ et φ .

La figure 6.7 illustre la correspondance entre les coordonnées cartésiennes (x, y, z) et les coordonnées planisphériques 3D (X, Y, R) . Les points $(X = 0, Y = 0, R)$ décrivent la partie inférieure du grand axe (la demi-droite $(C, -\mathbf{u})$, traversant l'apex).

P2C: inversement, étant donné un point (X, Y, R) en coordonnées planisphériques 3D, avec la contrainte $X^2 + Y^2 < 1$, il est possible de calculer les coordonnées cartésiennes (x, y, z) grâce aux relations entre X et Y et les angles θ et φ : $\theta = \pi\sqrt{X^2 + Y^2}$ et φ est déterminé sans ambiguïté avec les expressions 6.2 donnant $\cos(\varphi)$ et $\sin(\varphi)$. Le point H_P est calculé avec l'équation 6.1.

6.3 La transformation en coordonnées planisphériques 3D

Dans le système planisphérique 3D, étant donné un point P de coordonnées (X, Y, R) et un instant t , le point $Q (X', Y', R')$ transformé de P par F est calculé comme suit :

$$\begin{aligned} X' &= a_0X - a_1Y + a_2 \\ Y' &= a_1X + a_0Y + a_3 \\ R' &= a_4R + a_5 \end{aligned} \quad (6.3)$$

Les équations donnant X' et Y' définissent une **similitude** plane¹ appliquée à X et Y . R' est une fonction **affine** de R . Les coefficients a_i sont des fonctions continûment différentiables des variables r, θ, φ pour une transformation planisphérique 3D comme D_t , de r, θ, φ et t pour une transformation planisphérique 4D comme f .

Ainsi, la définition de F fournit :

1. des expressions linéaires des coefficients a_p ,
2. une décomposition simple des paramètres du mouvement à partir des a_p ,
3. une description compacte de l'information.

6.3.1 Analyse du mouvement

Les mouvements canoniques sont retrouvés grâce aux formules suivantes :

1. le rapport de **contraction radiale** (mouvement 1) est défini par :

$$\frac{R'}{R} = a_4 + \frac{a_5}{R} \quad (6.4)$$

2. les équations de la similitude plane sont telles que :

$$k = \sqrt{a_0^2 + a_1^2} \quad (6.5)$$

$$\alpha = \operatorname{atan2}\left(\frac{a_1}{k}, \frac{a_0}{k}\right) \quad (6.6)$$

α est l'angle de **rotation** autour du grand axe (mouvement 2).

3. k est le facteur multiplicatif de latitude correspondant à l'**élévation** (mouvement 3). Dans nos expériences, nous calculons en fait $\theta' - \theta$

La transformation f est définie dès que les coefficients sont définis. Grâce à la simplicité des équations 6.5 et 6.6, l'analyse en mouvements canoniques est aisée.

Les coefficients a_p dépendent régulièrement des variables r, θ, φ and t , les paramètres locaux de mouvement ainsi calculés ont eux aussi une variation régulière en espace et en temps.

1. une combinaison d'une rotation 2D d'angle α , d'une homothétie de rapport k et d'une translation.

6.3.2 Degrés de liberté des paramètres, dépendance temporelle intrinsèque

La dépendance des a_p en la position et en t est définie par des fonctions polynomiales en r et θ et des B-splines quadratiques en φ et t :

$$a_p(r, \theta, \varphi, t) = \sum_{i=0}^{n_r-1} \sum_{\substack{j=0 \\ j \neq 1}}^{n_\theta} \sum_{k=0}^{n_\varphi-1} \sum_{l=0}^{n_t-1} A_{i,j,k,l}^p \left(\frac{r}{\sigma_r}\right)^i \left(\frac{\theta}{\pi}\right)^j B_k^\Phi(\varphi) \cdot B_l^T(t) \quad (6.7)$$

pour $p = 0 \dots 4$. Pour a_5 , la formule est un peu plus simple (la dépendance en r est supprimée pour éviter de lier les coefficients a_4 et a_5 par l'équation 6.3) :

$$a_5(r, \theta, \varphi, t) = \sum_{\substack{j=0 \\ j \neq 1}}^{n_\theta} \sum_{k=0}^{n_\varphi-1} \sum_{l=0}^{n_t-1} A_{j,k,l}^5 \left(\frac{\theta}{\pi}\right)^j B_k^\Phi(\varphi) \cdot B_l^T(t) \quad (6.8)$$

avec les notations suivantes :

- n_r est le nombre de paramètres qui définissent le polynôme en r . Celui-ci est donc de degré $n_r - 1$.
- n_θ est le nombre de paramètres qui définissent le polynôme en θ . Pour que la fonction soit différentiable en $\theta = 0$, le polynôme n'a pas de terme linéaire ($a_p(\theta) = a_p^0 + a_p^2\theta^2 + a_p^3\theta^3 \dots$). a_p est donc un polynôme en θ de degré n_θ .
- n_φ est le nombre de points de contrôle de la courbe B-spline périodique de la variable φ . B^Φ sont les fonctions de base de B-spline associée à une distribution de nœuds régulière 2π -périodique (voir chapitre 2).
- n_t est le nombre de points de contrôle de la courbe B-spline de la variable t . B^T sont les fonctions de base de B-spline associée à une distribution de nœuds régulière, périodique ou pas, au besoin.

L'originalité de cette transformation réside dans le fait que la continuité et éventuellement la périodicité sont intrinsèques. Nous cherchons **implicitement** des transformations continues et périodiques en temps.

L'utilisation de B-splines quadratiques assure une continuité \mathcal{C}^1 des fonctions a_p en φ et t ; la fonction $a_p(r, \theta, \varphi, \cdot)$ est une fonction polynomiale par morceaux éventuellement périodique. De plus, grâce à l'utilisation de splines, l'influence de points reste locale (Risler, 1991).

Enfin, la continuité en $\theta = 0$ impose que pour chaque i, l, p , $A_{i,0,k,l}^p = A_{i,0,0,l}^p$ pour tout k . Finalement, la transformation est définie par la donnée de $(5.n_r + 1).(n_\varphi.(n_\theta - 1) + 1).n_t$ **points de contrôle** $A_{i,j,k,l}^p$, d'un centre C , d'un **point de base** B et d'un **vecteur** (septo-latéral) v .

Dans le cas 3D, la dépendance en t est supprimée, la fonction est une transformation planisphérique 3D, comme la fonction D_t présentée section 6.1.1. Les propriétés spatiales sont identiques à celles des transformations planisphériques 4D.

6.4 Estimation d'une transformation planisphérique 4D

6.4.1 Le critère aux moindres carrés

Pour chaque instant d'échantillonnage t_n ($n = 0 \dots N - 1$), nous disposons d'une liste de correspondances $(P_m, Q_{n,m})$ entre un point P_m d'un modèle et un point $Q_{n,m}$ à l'instant t_n . Nous définissons un critère aux moindres carrés pour estimer une transformation planisphérique 4D qui respecte au mieux ces correspondances :

$$\begin{aligned} \forall n \in 0 \dots N - 1, \quad \forall m \in 0 \dots M - 1, \\ f(P_m, t_n) \simeq Q_{n,m} \end{aligned} \quad (6.9)$$

Le critère s'écrit donc :

$$J(f) = \sum_{n=0}^{N-1} \sum_{m=0}^{M-1} \alpha_{n,m} \cdot d(f(P_m, t_n); Q_{n,m})^2 \quad (6.10)$$

où $d(\cdot; \cdot)$ est la distance et $\alpha_{n,m}$ est un coefficient de pondération lié à la confiance apportée à la correspondance $[(P_m, t_n), Q_{n,m}]$. $\alpha_{n,m}$ vaut 0 si la correspondance n'existe pas.

Si nous choisissons pour d la distance euclidienne cartésienne, le critère n'est pas quadratique en les $A_{i,j,k,l}^p$. Ses dérivées par rapport à ces variables sont difficiles à linéariser. Nous utilisons pour simplifier la distance euclidienne planisphérique 3D ($X^2 + Y^2 + R^2$). Le critère est donc quadratique en les $A_{i,j,k,l}^p$. d est une distance si et seulement si $X^2 + Y^2 < 1$, c'est-à-dire si et seulement si le point n'est pas sur la demi-droite $[CB)$, auquel cas $\theta = \pi$. Cette contrainte est facilement satisfaite du moment que C est bien au centre la cavité et que B est bien au centre de la base. Ainsi, les points dans le système planisphérique 3D sont dans un "cylindre de sécurité" (la valeur maximale de θ est autour de $\frac{\pi}{2}$, voir figure 6.8).

6.4.2 Minimisation du critère

Le critère exprimé avec la distance d en coordonnées planisphériques 3D est quadratique en les $A_{i,j,k,n}^p$. Par différentiation en ces variables, on aboutit à un système linéaire de taille $(5.n_r + 1).(n_\varphi.(n_\theta - 1) + 1).n_t$, autant que d'inconnues. En fait, grâce à l'indépendance des équations donnant X' et Y' et celles donnant R' , le système linéaire est séparable en deux sous-systèmes indépendants, le premier pour a_0, a_1, a_2, a_3 et le second pour a_4 and a_5 .

La dérivation du critère peut s'écrire, pour chaque indice de paramètre p , pour chaque indice

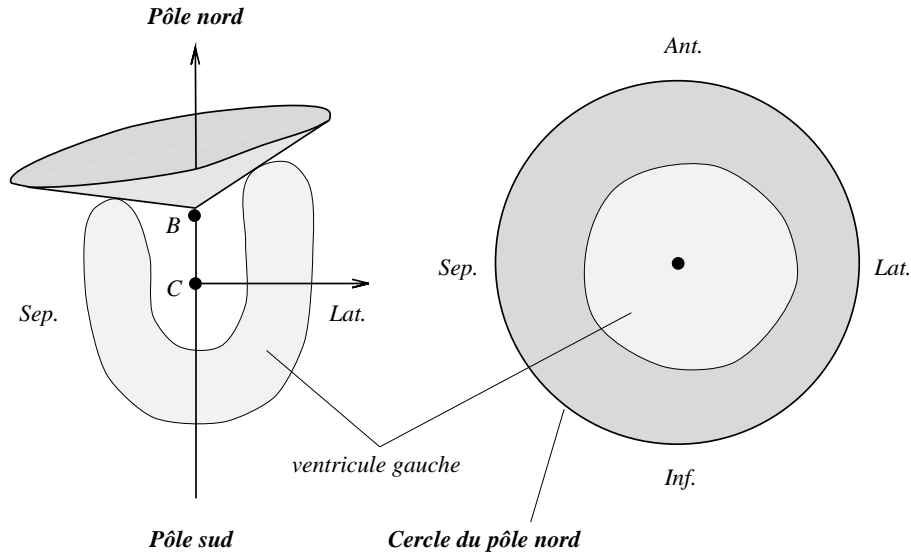


FIG. 6.8 – À gauche, le ventricule gauche. La limite de la base dessine un cône autour du vecteur CB . Dans le système de coordonnées planisphériques 3D, le cône devient un ruban autour de la forme circulaire du ventricule gauche aplati.

d'équation du système linéaire a, b, c et d :

$$\begin{aligned}
 & \sum_{i=0}^{n_r-1} \sum_{j=0}^{n_\theta} \sum_{k=0}^{n_\varphi-1} \sum_{l=0}^{n_t-1} \left[\sum_{n=0}^{N-1} \sum_{m=0}^{M-1} (r_m)^a \cdot (\theta_m)^b \cdot B_c^\Phi(\varphi_m) \cdot B_d^T(t_n) \cdot (r_m)^i \cdot (\theta_m)^j \cdot B_k^\Phi(\varphi_m) \cdot B_l^T(t_n) \cdot \left(\sum_{q=0}^5 [\mathcal{P}_m]_{pq} A_{i,j,k,l}^q \right) \right] \\
 = & \sum_{n=0}^{N-1} \sum_{m=0}^{M-1} (r_m)^a \cdot (\theta_m)^b \cdot B_c^\Phi(\varphi_m) \cdot B_d^T(t_n) \cdot [\mathcal{Q}_{n,m}]_p
 \end{aligned}$$

où la matrice \mathcal{P}_m et le vecteur $\mathcal{Q}_{n,m}$ représentent les contributions de chaque couple de point $[(P_m, t_n); \mathcal{Q}_{n,m}]$ au paramètre a_p . En notant respectivement (X_m, Y_m, R_m) et $(X'_{n,m}, Y'_{n,m}, R'_{n,m})$ les coordonnées de P_m et $Q_{n,m}$, on a :

$$\mathcal{P}_m = \begin{bmatrix} X_m^2 + Y_m^2 & 0 & X_m & Y_m & 0 & 0 \\ 0 & X_m^2 + Y_m^2 & -Y_m & X_m & 0 & 0 \\ X_m & -Y_m & 1 & 0 & 0 & 0 \\ Y_m & X_m & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R_m^2 & R_m \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R_m & 1 \end{bmatrix} \quad \mathcal{Q}_{n,m} = \begin{bmatrix} X_m \cdot X'_{n,m} + Y_m \cdot Y'_{n,m} \\ -Y_m \cdot X'_{n,m} + X_m \cdot Y'_{n,m} \\ X'_{n,m} \\ Y'_{n,m} \\ R_m \cdot R'_{n,m} \\ R'_{n,m} \end{bmatrix}$$

La figure 6.9 montre le profil de la matrice pour une transformation planisphérique 3D avec $n_r = 5$, $n_\theta = 6$, $n_\varphi = 8$. Pour simplifier l'écriture des indices, les blocs matriciels rassemblant les équations de a_5 sont stockés dans une matrice de taille identique aux blocs matriciels des autres

paramètres, ces blocs étant simplement comblés avec des 0 pour les indices ne représentant aucune équation. Cela crée des lignes et des colonnes blanches dans le profil de la matrice.

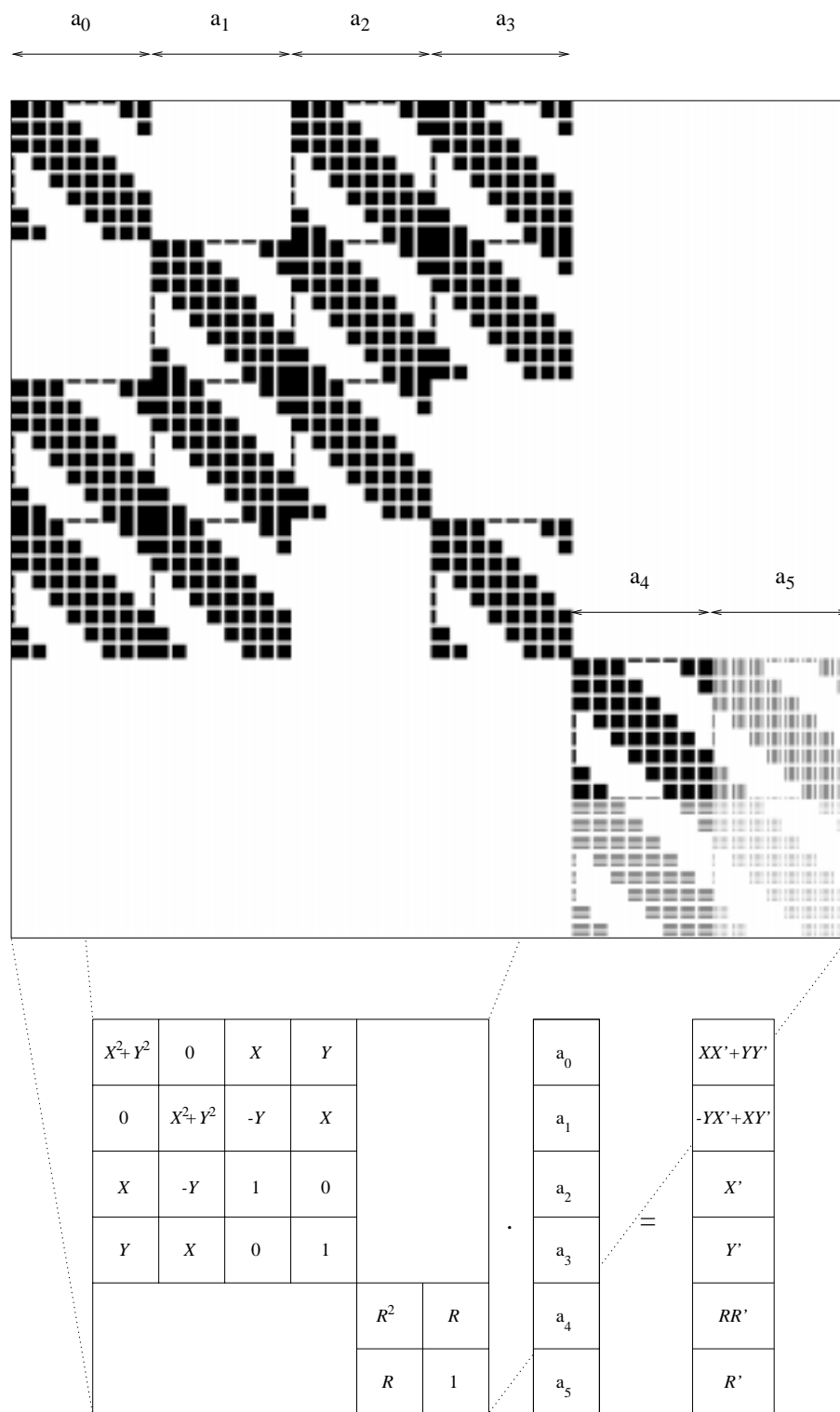


FIG. 6.9 – La matrice du système linéaire d'une transformation planisphérique 3D, pour $n_r = 5$, $n_\theta = 6$, $n_\varphi = 8$.

Chapitre 7

Suivi du mouvement 4D : méthode géométrique

Nous présentons dans ce chapitre une méthode d'estimation d'une transformation planisphérique 4D à partir de données pour lesquelles la correspondance temporelle point à point n'est pas directement lisible dans les images. Cette correspondance s'appuie sur des critères uniquement géométriques.

La méthode est fondée sur une adaptation de l'algorithme du Point le Plus Proche Itéré (PPPI, ou *Iterative Closest Point* en anglais) à notre problème 4D. Le résultat des itérations de l'algorithme est une estimation aux moindres carrés d'une transformation planisphérique 4D. Nous nous inspirons de l'algorithme décrit dans le chapitre 3.

7.1 L'information de mouvement dans la séquence

7.1.1 Les données

Dans ce chapitre, nous traitons le problème de l'estimation du mouvement à partir d'une séquence d'images tridimensionnelles. Les données sont constituées d'images acquises au cours du cycle cardiaque, ces données couvrant tout ou une partie du cycle. Nous faisons l'hypothèse que les images représentent l'objet dans une *position identique à tous les instants de la séquence*, ne révélant ainsi que son *mouvement propre*. Cette hypothèse est forte et n'est cependant pas vérifiée en général :

- dans les images de médecine nucléaire (tomoscintigraphie), le mouvement de respiration du patient n'est pas compensé lors de l'acquisition des projections (voir annexe B), ce qui a pour effet de rendre les images floues,
- dans les images d'IRM, les mouvements du patient entre deux acquisitions d'une séquence de coupe ne sont pas compensés (voir annexe B), ce qui a pour effet de décaler les coupes les unes par rapport aux autres.

7.1.2 L'information de mouvement : comment la retrouver ?

Pour extraire l'information de mouvement dans la séquence, il faut s'appuyer sur des primitives stables dans les différentes images (points, points orientés, points + une information différentielle...). Ensuite, la mise en correspondance de ces primitives fournit une estimation du mouvement. Dans les méthodes classiques, les primitives sont extraites dans chacune des images de la séquence et leur mise en correspondance est réalisée entre des paires d'images prises à des instants successifs, comme dans une méthode de suivi traditionnelle. Il faut noter que selon le type de primitive utilisé, le mouvement estimé sera différent. De plus, dans un milieu non texturé comme le myocarde (que ce soit en TEMP ou en IRM), seuls les mouvements perpendiculaires aux parois sont estimables, l'absence de points d'ancrage ou de marquage ne permet pas de retrouver les mouvements tangents ou de glissement de l'objet dans ses symétries. Ce problème d'"ouverture" empêche d'estimer le vrai mouvement des structures internes, mais l'hypothèse qui est réalisée ici est que le mouvement estimé, même inexact, contient des informations sur la santé du muscle. Les chapitres suivants jettent les bases d'une méthode pour vérifier cette hypothèse.

Notre approche, comme les autres, s'appuie sur des primitives extraites des images, mais le principe de leur mise en correspondance est différent des méthodes classiques puisqu'il est fondé sur l'évaluation itérée d'une transformation 4D qui prend *toutes* les données ensemble pour réaliser le recalage. La mise en correspondance utilise ainsi les données de façon équivalente pour tous les instants.

Les transformations planisphériques 4D sont utilisées dans le processus d'estimation du mouvement afin de réaliser une analyse de ce dernier sans calcul supplémentaire.

7.1.3 Schéma de l'algorithme

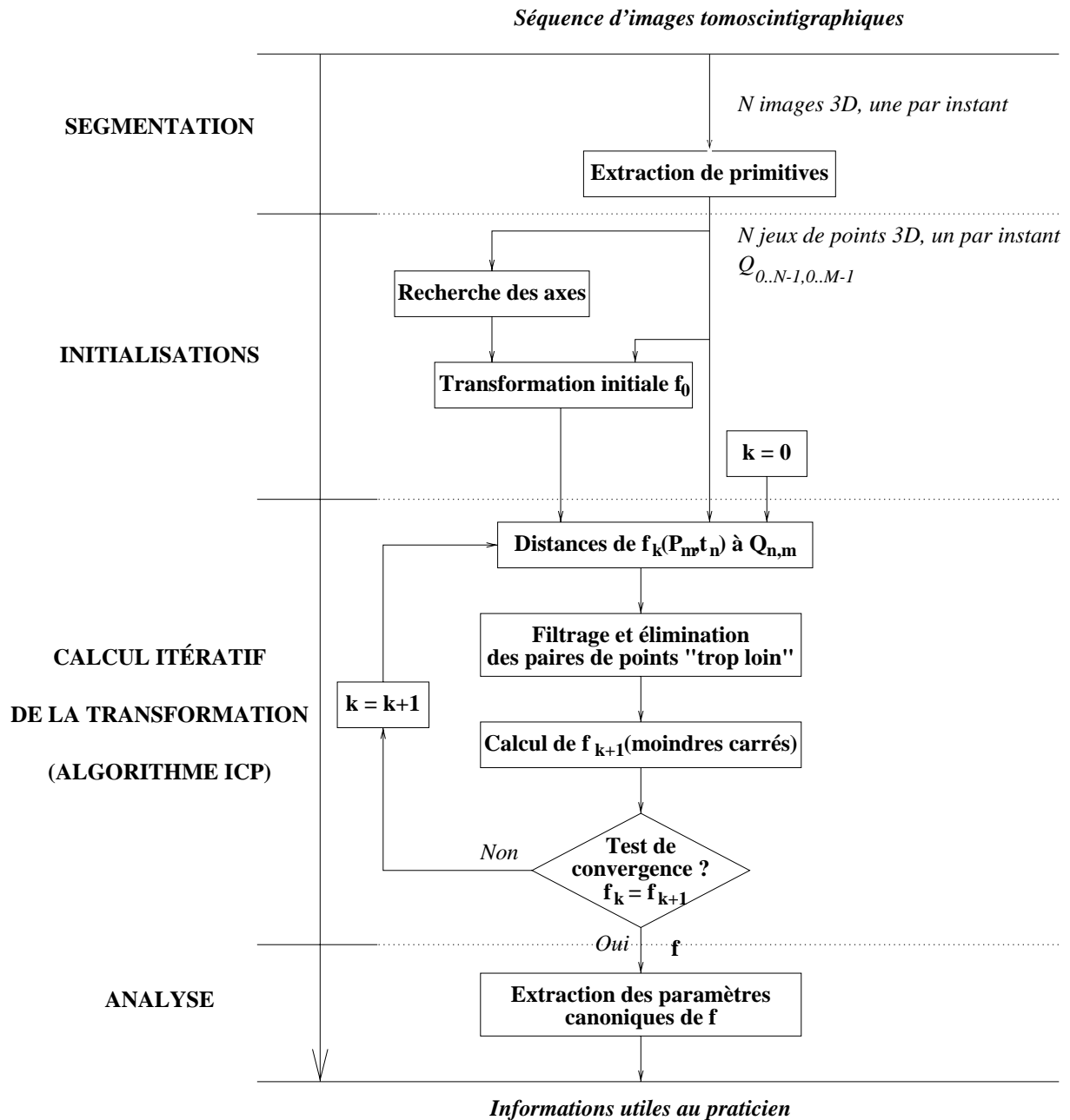


FIG. 7.1 – L'algorithme de traitement complet des images de tomoscintigraphie, des données originales aux informations utiles au médecins.

7.2 Extraction des primitives 4D

Nous avons réalisé des expériences sur des images de tomoscintigraphie synchronisée à l'ECG (gated SPECT). Pour extraire les primitives, nous avons utilisé la même méthode que celle exposée au chapitre 3. Pour chaque instant de la séquence, les primitives sont extraites de l'Image n . Nous disposons donc d'une série de listes de primitives L_n .

Pour adapter la méthode à une autre modalité, il faudrait écrire une procédure d'extraction de primitives stables au cours de la séquence (qui puissent être mises en correspondance d'un instant à l'autre). Nous faisons cette hypothèse pour la procédure écrite pour les images de tomoscintigraphie.

7.3 La mise en correspondance 4D

7.3.1 Le critère de mise en correspondance

La méthode de mise en correspondance est une adaptation à notre problème 4D de l'algorithme PPPI présenté au chapitre 3 dans le cas 3D-3D. D'un point P de coordonnées cartésiennes (x, y, z) et d'un instant t , la transformation planisphérique 4D f fournit un point Q de coordonnées (x', y', z') , lequel est supposé être à la position de P à t . Pour estimer une telle transformation, il faut établir une série de mises en correspondances entre des points P_m d'un modèle associés à un instant t_n (soit des points 4D (P_m, t_n)) et des points 3D de la séquence $Q_{n,m}$. La fonction f sera telle que :

$$f(P_m, t_n) \simeq Q_{n,m}$$

Nous écrivons le critère d'attache aux données de la façon suivante :

$$C(f) = \sum_{n=0}^{N-1} \sum_{m=0}^{M-1} \alpha_{n,m} \cdot d[f(P_m, t_n) ; \text{PPP}_n(f(P_m, t_n))]^2. \quad (7.1)$$

où PPP_n calcule la primitive la plus proche parmi la liste extraite de l'Image n de la séquence. Le critère est donc la somme des carrés des distances résiduelles entre les estimations de la position des points P_m aux différents instants t_n et les primitives extraites des images à ces instants (figure 7.2). Chaque terme de la somme est pondéré par un coefficient $\alpha_{n,m}$ qui quantifie le potentiel de chaque point 4D à s'apparier.

Pour attacher le plus possible aux données et pour pouvoir extraire des paramètres du mouvement et les analyser au cours du cycle, le modèle (l'ensemble des points P_m) est défini par la donnée des primitives extraites à l'instant t_0 , à la télédiastole. Ainsi, les paramètres seront calculés en référence à cet instant du cycle cardiaque.

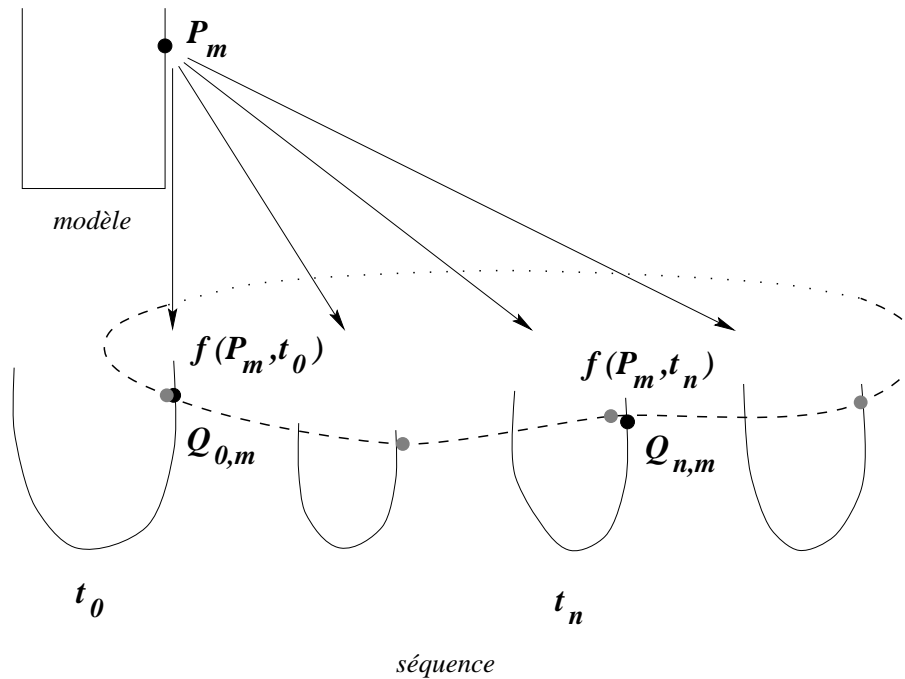


FIG. 7.2 – Le critère de mise en correspondance mesure pour chaque point et chaque instant, la somme des distances entre $f(P_m, t_n)$, la position estimée de P_m à l'instant t_n et $Q_{n,m}$, la primitive de l'Image n la plus proche.

7.3.2 Minimisation du critère

La minimisation est un procédé itératif, à partir d'une transformation initiale f_0 . Comme dans le chapitre 3, à chaque itération k , le processus se décompose en trois étapes :

1. pour chaque primitive P_m , pour chaque instant t_n ,
 - (a) évaluation de $f_{k-1}(P_m, t_n)$,
 - (b) calcul de la primitive la plus proche dans l'Image n .

Cela fournit donc une série de listes de correspondances ponctuelles,

2. pour chaque instant t_n , nous calculons pour chaque paire la distance résiduelle et nous décidons si la paire est acceptable ou non :
 - (a) nous éliminons en premier les paires pour lesquelles la distance résiduelle dépasse un seuil fixe assez élevé,
 - (b) nous calculons la moyenne μ_n et l'écart-type σ_n de la distribution des distances résiduelles. Les points de la queue de la distribution, c'est-à-dire les points pour lesquels la distance dépasse un seuil égal à $\mu_n + c \cdot \sigma_n$ sont éliminés. Le paramètre c peut être fixé en utilisant une table du χ^2 (Feldmar et Ayache, 1996; Feldmar, 1995).

Nous obtenons en fin de compte une série de listes $S_{k,n}$ de paires de points de correspondance acceptables. Il est à noter au passage que des points mis en correspondance à une itération k peuvent ne pas être mis en correspondance à la suivante et réciproquement,

3. enfin, la meilleure transformation f_k au sens des moindres carrés est calculée grâce aux $S_{k,n}$.

Le processus itératif est arrêté lorsque la convergence est constatée ($\forall n, S_{k,n} = S_{k-1,n}$) ou qu'un nombre maximum d'itérations est atteint.

7.3.3 Définition du point le plus proche

Dans le chapitre 3, nous avons pris en compte une direction et une position pour définir la distance entre deux primitives suivant la formule :

$$d(P, Q)^2 = \|\mathbf{PQ}\|^2 + \alpha \cdot \|\mathbf{n}_P - \mathbf{n}_Q\|^2$$

où α est un coefficient de pondération entre la distance cartésienne 3D géométrique normalisée et la distance entre les directions.

Le principal avantage de cette extension à six dimensions est d'éviter des appariements désastreux (un point de l'endocarde est mis en correspondance avec un point de l'épicarde). Dans le cas du suivi de la structure du ventricule gauche au cours du temps, les différences de forme entre les objets à mettre en correspondance sont moins importantes que dans l'étude de perfusion myocardique. Nous avons donc choisi de simplifier la définition du point le plus proche en adoptant la *distance euclidienne 3D*. Pour éviter les erreurs grossières, toutefois, nous avons séparé la recherche du point correspondant selon qu'il appartient à l'endocarde ou qu'il appartient à l'épicarde, puisque la procédure d'extraction de points caractéristiques permet de les différencier. Pratiquement, cette opération revient à construire deux arbres de distance 3D par instant de la séquence (des kd-Tree, (Preparata et Shamos, 1985)) plutôt qu'un seul arbre de distance 6D deux fois plus gros. La recherche sera donc plus rapide sans perdre en efficacité.

7.3.4 La transformation initiale

Le processus d'estimation d'une transformation planisphérique 4D est sensible au choix d'une transformation initiale f_0 . De plus, il se démarque des algorithmes de suivi de mouvement classiques dans lesquels le mouvement est calculé instant par instant, l'estimation s'appuyant en général sur les résultats obtenus jusqu'à l'instant courant pour prédire la position à l'instant suivant. L'estimation aux moindres carrés d'une transformation planisphérique 4D nécessite la connaissance de *toutes* les correspondances $[t_0, t_n]$.

Au début de la contraction, la forme du ventricule gauche ne s'est pas encore vraiment modifiée, la correspondance a peu de chances d'être aberrante, mais pour des instants plus éloignés dans le cycle, la correspondance devient plus hasardeuse (figure 7.3).

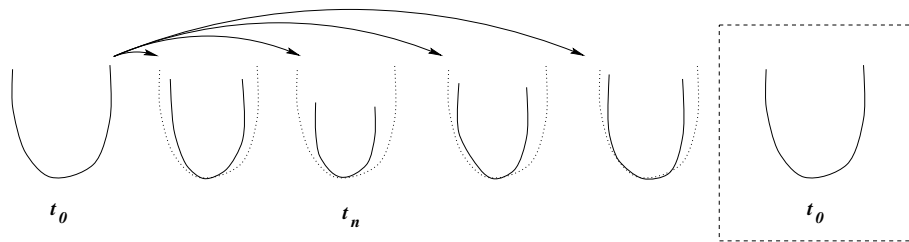


FIG. 7.3 – Le ventricule gauche n'est pas encore très déformé au début du cycle, mais à mesure que l'on avance, la correspondance est établie avec des objets de forme de plus en plus différente.

Nous définissons donc une transformation initiale en s'inspirant de l'idée d'un suivi de mouvement classique. Nous utilisons des transformations planisphériques 3D. Le processus se décompose en deux ou trois étapes, selon que la fonction est périodique ou non :

1. (a) Pour chaque indice croissant n (indexant les instants t_n , de 0 à $N - 1$), évaluation d'une transformation planisphérique 3D D_n^+ entre les listes de primitives L_0 (le modèle) et L_n . Le calcul est réalisé grâce à l'algorithme PPPI modifié (voir chapitre 3). La transformation initiale servant à l'évaluation de D_n^+ est la transformation D_{n-1}^+ trouvée lors du processus itératif précédent. Bien évidemment, au départ ($n = 0$), D_0^+ est la fonction identité et le processus est arrêté quand n vaut $N - 1$ (on ne boucle pas sur le cycle).

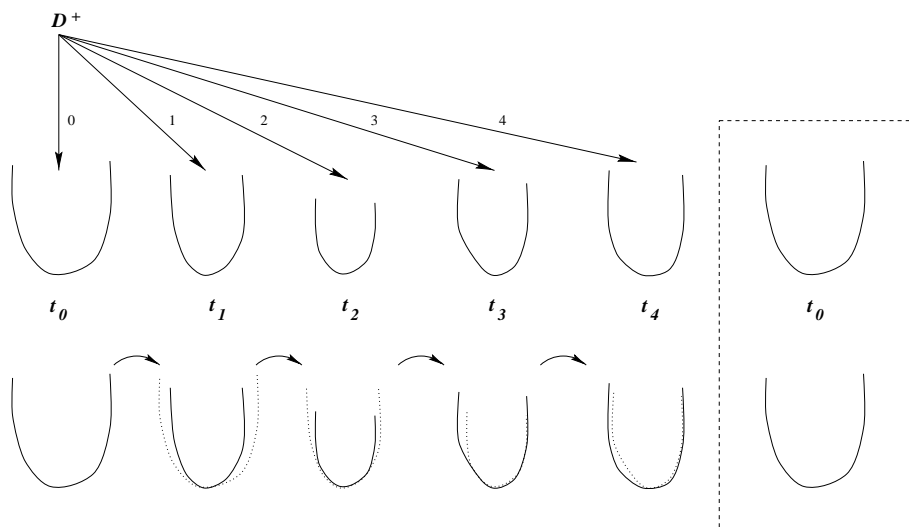


FIG. 7.4 – Évaluation des transformations planisphériques 3D dans le sens direct (illustration avec $N = 5$).

L'évaluation de ces fonctions les unes à la suite des autres constituent un procédé de *suivi direct* de mouvement le long du cycle cardiaque.

- (b) Au cas où la transformation cherchée est périodique, un processus analogue est défini pour suivre le mouvement dans le sens *rétrograde*.

Pour chaque indice décroissant n (de N à 1), évaluation d'une transformation planisphé-

rique 3D D_n^- entre les listes de primitives L_0 et L_n . Le calcul est aussi réalisé grâce à l'algorithme PPPI modifié. La transformation initiale servant à l'évaluation de D_n^- est la transformation D_{n+1}^- trouvée lors du processus itératif précédent. Bien évidemment, au départ ($n = N$), $D_N^- = D_0^-$ est la fonction identité, et le processus est arrêté quand n vaut 1 (on ne boucle pas sur le cycle).

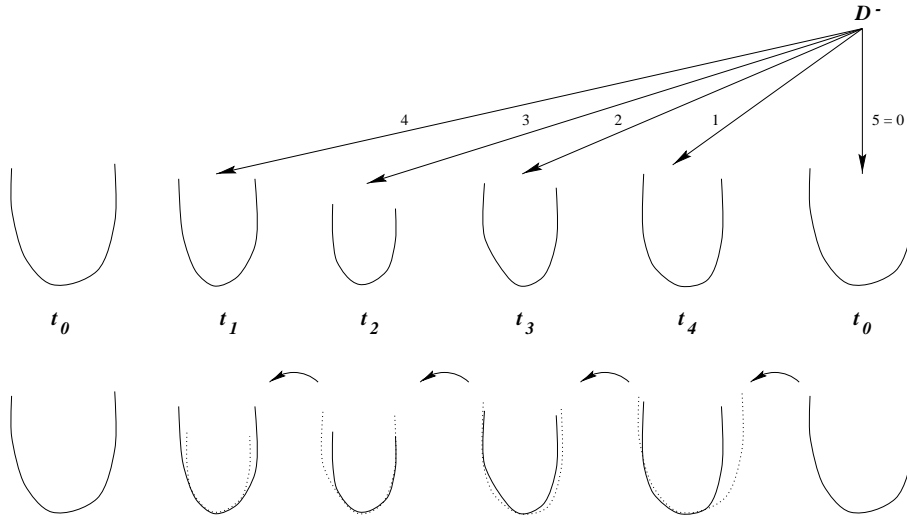


FIG. 7.5 – Évaluation des transformations planisphériques 3D dans le sens rétrograde (illustration avec $N = 5$).

2. À partir des transformations planisphériques 3D, évaluation d'une transformation planisphérique 4D aux moindres carrés. Les points de contrôle des transformations planisphériques 3D $[A_n^+]_{ijk}^p$ et éventuellement $[A_n^-]_{ijk}^p$ sont une estimation des valeurs des points de contrôle de la fonction D_{t_n} (section 6.1.1). Les points de contrôle $A_{i,j,k,l}^p$ de la transformation planisphérique 4D sont donc évalués comme les points de contrôle d'une courbe spline passant au mieux au sens des moindres carrés par les valeurs estimées (celles des transformations planisphériques 3D) :

- si f_0 est non-périodique, la valeur estimée est simplement :

$$\sum_{l=0}^{n_t-1} A_{i,j,k,l}^p \cdot B_l^T(t_n) \simeq [A_n^+]_{ijk}^p$$

- si f_0 est périodique, la valeur estimée est une combinaison des points de contrôle des transformations directes et rétrogrades, de façon à assurer la périodicité :

$$\sum_{l=0}^{n_t-1} A_{i,j,k,l}^p \cdot B_l^T(t_n) \simeq \left(1 - \frac{n}{N}\right) [A_n^+]_{ijk}^p + \left(\frac{n}{N}\right) [A_n^-]_{ijk}^p$$

La pondération est un facteur linéaire qui dépend de la distance entre l'instant initial t_0 et l'instant t_n auquel la transformation est calculé. Cette distance est calculée dans le

sens de propagation de l'estimation $((1 - \frac{n}{N})$ pour les transformations directes, $\frac{n}{N}$ pour les rétrogrades). Ainsi, plus la transformation 3D est estimée avec une transformation initiale loin de la transformation de départ (D_0^+ ou D_N^-), plus le facteur est faible, car plus la transformation a des chances d'être erronée parce que les éventuelles erreurs s'étant accumulées au cours des itérations. Cette pondération linéaire est la plus simple que l'on puisse imaginer, elle est inspirée de l'étude (McEachen et al., 1994) qui opère un filtrage temporel a posteriori pour la mise en correspondance. Ici, une méthode similaire est utilisée, mais pour initialiser un processus qui tient compte intrinsèquement des contraintes temporelles de continuité et d'éventuelle périodicité.

Nous obtenons donc une transformation planisphérique 4D initiale qui tient compte de l'information de mouvement grâce à un algorithme de suivi de mouvement simple. L'algorithme PPPI adapté en 4D doit perfectionner cette estimation en prenant en considération la continuité et éventuellement la périodicité temporelle. Tous les instants de la séquence contribuent à l'évaluation de façon équivalente en non plus de façon déséquilibrée.

7.4 Détermination d'un système de coordonnées planisphériques optimal

La définition d'un système de coordonnées planisphériques est cruciale pour l'estimation d'une transformation planisphérique 4D. Il faut choisir un système d'axes, une longueur de cavité et un facteur de normalisation σ_r de la façon la plus objective possible.

7.4.1 Le système d'axes

Dans la partie I, nous avons décrit une méthode pour mettre en correspondance et aligner une image de ventricule gauche par tomoscintigraphie sur un modèle grâce à des transformations non-rigides. Cette méthode fournit une transformation des coordonnées du modèle vers l'espace du cas étudié.

Du moment que la transformation est suffisamment libre (produit tensoriel de B-splines, chapitre 2), on peut choisir une forme simpliste pour modéliser le ventricule gauche. Dans notre cas, nous définissons le modèle comme deux demi-ellipsoïdes, l'un figurant l'endocarde et l'autre l'épicarde. Les paramètres de ces ellipsoïdes ont été grossièrement réglés à la main. L'idée est simplement de définir une forme qui *ressemble* à un ventricule gauche. Grâce à ce modèle, nous définissons un centre, un point de base et un point dans le mur latéral afin de définir un système de référence $[C, \mathbf{u}, \mathbf{v}]$.

Le modèle est mis en correspondance avec les points de contour du ventricule gauche en fin de diastole (là où la forme est la plus volumineuse et par conséquent la mieux résolue). Grâce à la transformation, le système de référence est déformé sur le cas étudié (figure 7.6).

Nous notons \mathcal{F} (pour forme) la transformation volumique B-spline du modèle vers le patient. Le système de référence pour le patient est défini ainsi :

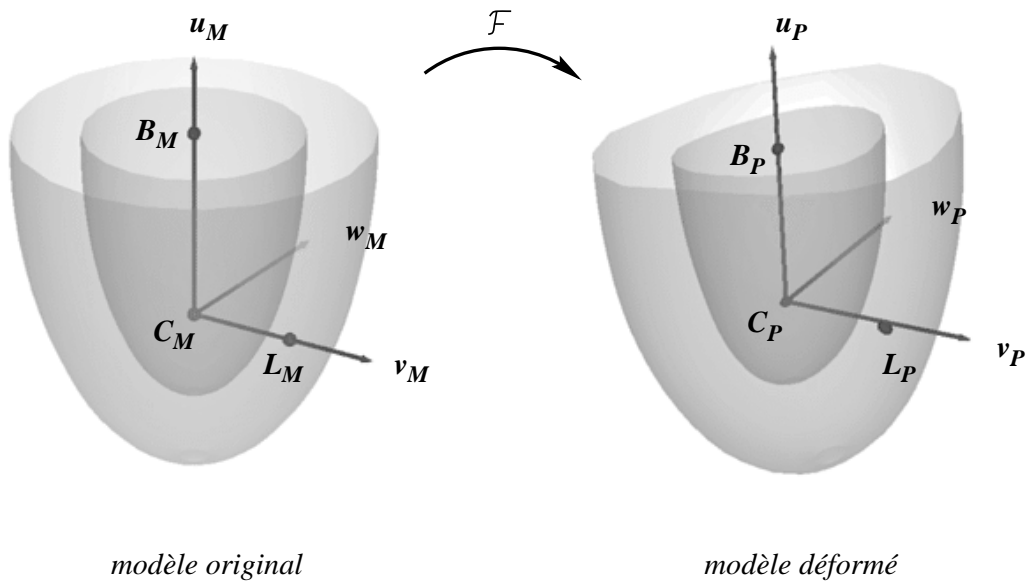


FIG. 7.6 – Le modèle et les trois points utiles pour définir le système planisphérique. Par \mathcal{F} , le modèle et les trois points sont déformés, le modèle prend la forme du ventricule gauche du patient, les trois points déformés définissent le système planisphérique attaché au patient.

– Pour le modèle

– centre : C_M

– base : B_M

– point du mur latéral : L_M

– vecteur apico-basal : $\mathbf{u}_M = \frac{\mathbf{C}_M \mathbf{B}_M}{\|\mathbf{C}_M \mathbf{B}_M\|}$

– vecteur septo-latéral : $\mathbf{v}_M = \frac{\mathbf{C}_M \mathbf{L}_M}{\|\mathbf{C}_M \mathbf{L}_M\|}$ (de façon que $\mathbf{u}_M \cdot \mathbf{v}_M = 0$)

– vecteur inféro-antérieur : $\mathbf{w}_M = \mathbf{u}_M \times \mathbf{v}_M$

– Pour le patient étudié

– centre : $C_P = \mathcal{F}(C_M)$

– base : $B_P = \mathcal{F}(B_M)$

– point latéral : $L_P = \mathcal{F}(L_M)$

– vecteur apico-basal : $\mathbf{u}_P = \frac{\mathbf{C}_P \mathbf{B}_P}{\|\mathbf{C}_P \mathbf{B}_P\|}$

– vecteur septo-latéral : $\mathbf{v}_P = \frac{\mathbf{C}_P \mathbf{B}_P - \langle \mathbf{u}_P | \mathbf{C}_P \mathbf{B}_P \rangle \cdot \mathbf{u}_P}{\|\dots\|}$ (de façon que $\mathbf{u}_P \cdot \mathbf{v}_P = 0$)

– vecteur inféro-antérieur : $\mathbf{w}_P = \mathbf{u}_P \times \mathbf{v}_P$

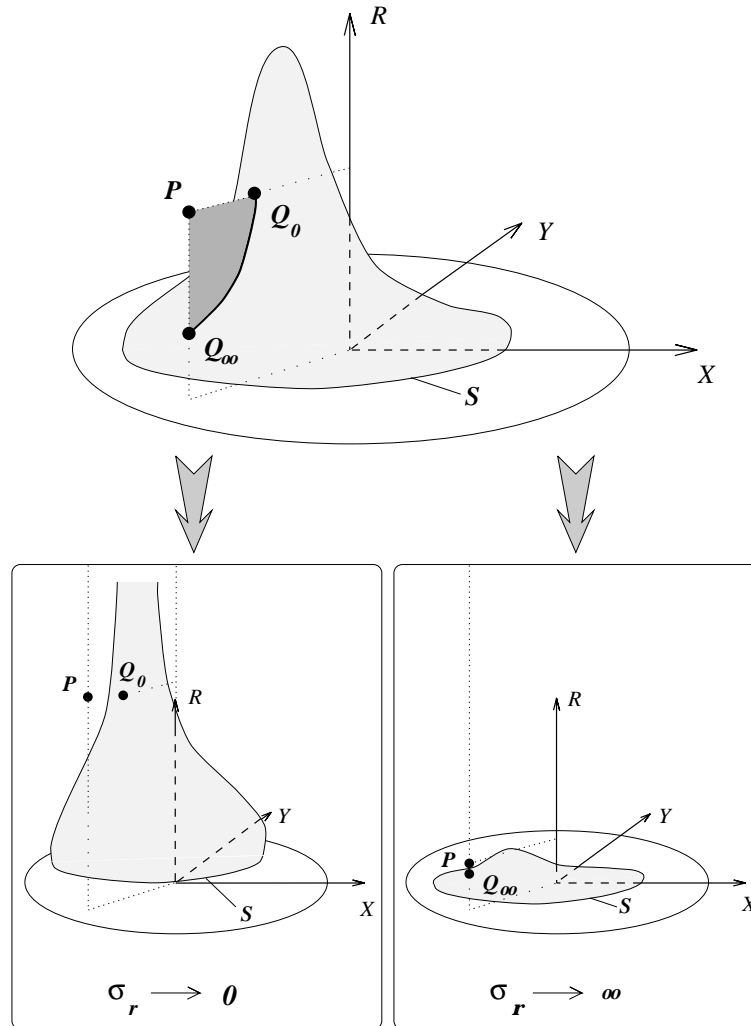
7.4.2 Choix du facteur σ_r 

FIG. 7.7 – La surface S est représentée dans des coordonnées planisphériques. Dans cette géométrie, le point le plus proche Q sur la surface S d'un point quelconque P de l'espace dépend de σ_r . Q décrit le segment courbe $[Q_0Q_\infty]$ quand σ_r varie, avec Q_0 et Q_∞ les points Q pour les valeurs extrêmes de σ_r (0 et ∞ respectivement).

Le facteur de normalisation σ_r est utilisé pour rendre la variable R sans dimension, ainsi que le sont X et Y dans le système de coordonnées planisphériques 3D. Considérons une surface S dans la géométrie planisphérique, changer σ_r change la forme de la surface en l'élevant plus ou moins dans la direction R : plus σ_r est petit, plus la surface est élevée. Le point le plus proche sur la surface d'un point de l'espace varie donc avec σ_r (figure 7.7) :

- Quand σ_r tend vers 0 , R devient infini comparé à X ou Y , le point le plus proche Q_{σ_r} d'un point P tend vers un point Q_0 de même R (s'il existe, comme l'illustre la figure 7.7, à gauche). Cela implique que si de tels points sont utilisés pour la mise en correspondance, les mouvements *tangentiels* (ceux qui font varier X et Y) seront favorisés par rapport au mouvement *radial*

(qui fait varier R).

- Quand σ_r tend vers ∞ , R devient petit comparé à X ou Y , le point le plus proche Q_{σ_r} d'un point P tend vers un point Q_∞ de mêmes X et Y (s'il existe, comme l'illustre la figure 7.7, à droite). Cela implique que si de tels points sont utilisés pour la mise en correspondance, le mouvement *radial* sera favorisé par rapport aux mouvements *tangentiels*.

Le choix de la valeur de σ_r revient donc à définir une *pondération entre les mouvements purement tangentiels et le mouvement radial*.

Dans le système de coordonnées planisphériques 3D, les points de la base sont les plus élevés (au sens du terme "élévation") avec une latitude de l'ordre de $\frac{\pi}{2}$, X et Y sont donc limités en valeur absolue à une valeur voisine de 0.5. De plus, il apparaît que la forme d'un ventricule gauche est telle que la distance maximale (r des coordonnées planisphériques) est de l'ordre de grandeur de CB . Choisisant une valeur de $\sigma_r = 2.CB$, nous imposons que la valeur maximale de R soit elle aussi de l'ordre de 0.5, comme pour X et Y . Les trois coordonnées évoluent donc dans des intervalles de valeur de taille comparable. Ce réglage est bien entendu empirique, il serait nécessaire, pour être complet, d'étudier la variabilité des résultats en fonction de ce paramètre. Nous n'avons pas réalisé ces tests dans ce manuscrit.

Chapitre 8

Suivi du mouvement par IRM marquée

Nous présentons dans ce chapitre une méthode d'estimation d'une transformation planisphérique 4D à partir de données d'IRM marquée. La méthode se démarque de celle présentée dans le chapitre 7, car l'information de mouvement est déjà contenue dans le marquage des images.

Nous décrivons d'abord une méthode pour extraire des points dans les lignes de marquage, puis nous montrons comment on peut estimer le mouvement à partir de la donnée de tels points. Enfin, à partir des champs de déplacements entre l'instant initial et les différents instants de la séquence, nous estimons une transformation planisphérique 4D.

8.1 L'information de mouvement dans les images marquées

Les images IRM marquées contiennent l'information de mouvement des tissus mous grâce à une série de lignes qui se déforment avec le tissu. L'annexe B présente les bases de la technique et la physique de l'acquisition de telles images, nous nous concentrons ici sur le seul problème d'extraire cette information de mouvement à partir des images, de façon à pouvoir l'analyser avec une transformation planisphérique 4D.

8.1.1 Les données

Les séquences

Le marquage est généré à un instant t_M proche de la télédiastole, les images sont acquises après la séquence de marquage, à des instants suffisamment proches de t_M pour que les lignes soient encore visibles. Pratiquement, il n'est possible d'acquérir des images exploitables que jusqu'en télésystole.

Les données sont constituées de trois séquences d'images IRM à pondération T_1 , avec chacune une série de lignes à peu près parallèles plus ou moins complètes, dont le contraste diminue et dont les formes se compliquent à mesure que l'on avance dans la séquence (figure B.6). Les séquences doivent satisfaire aux conditions suivantes pour être exploitables :

1. les trois séries montrent des images acquises avec *trois directions de marquage perpendiculaires entre elles*, par exemple deux parallèles au grand-axe (PA0, PA90) et une parallèle au petit-axe (GA),
2. les séquences sont *parallèles*, c'est-à-dire que les images qui les composent sont prises à des instants identiques.

Il est actuellement possible de générer deux types de données marquées :

- 3 séquences parallèles avec des motifs de marquages sous forme de lignes parallèles (ou en étoile) (présenté dans (Zerhouni et al., 1988)),
- 2 séquences parallèles avec des motifs de marquages sous forme de grilles formées de deux séries perpendiculaires de lignes parallèles (SPAMM¹, présenté dans (Axel et Dougherty, 1989)).

En pratique, le marquage n'est exploitable que pendant une durée de l'ordre de T_1 , soit à peu près 400 ms pour le myocarde, ce qui est trop court pour couvrir le cycle cardiaque complet. Les séquences d'images marquées sont donc limitées à la couverture de la systole (il manque trop d'instant pour pouvoir exploiter la périodicité du cycle).

Nous présentons une méthode qui utilise les données marquées à 3 séquences parallèles. Cette méthode est adaptable avec quelques modifications mineures à la technique SPAMM.

1. **SP**Atial **M**odulation of **M**agnétization.

Les lignes de marquage

Les lignes de marquage sont les intersections des plans de marquage avec les plans de coupe. À l'instant t_M , les motifs marqués sont des plans parallèles entre eux et perpendiculaires au plan de coupe. Leur intersection génère donc des *lignes parallèles*.

À mesure qu'on avance dans la séquence, les plans de marquage se déforment avec les tissus sur lesquels ils sont attachés et deviennent des portions de surfaces continues par morceaux : les surfaces sont continues dans chaque portion de tissu connexe, elles sont coupées aux interfaces (le myocarde bouge, les organes voisins ne bougent pas) et dans les vaisseaux (les mouvements de fluide font que les atomes marqués se déplacent et sont remplacés par des atomes non marqués). L'intersection des surfaces avec le plan de coupe génère donc des *portions de lignes continues*.

Les lignes qui sont accrochées au volume du myocarde traduisent donc le mouvement du muscle par leur déplacement, de la même façon qu'on peut suivre le mouvement d'un zèbre dans la savane en suivant les lignes de sa robe... Cependant, l'information d'une seule séquence ne suffit pas à cause d'un problème analogue au *problème d'ouverture* classique en flot optique : il est seulement possible de repérer un mouvement *normal* à la surface de marquage, mais il est impossible d'estimer un mouvement *dans le plan tangent* à la surface. L'information de mouvement contenu dans une séquence simple est donc partielle, puisque réduite à *une seule dimension* (deux dans le cas de SPAMM, puisqu'il y a deux jeux de surfaces marquées par séquence). Pour estimer le mouvement sans ambiguïté, il est donc nécessaire d'avoir au moins *trois séquences* avec des directions de marquage perpendiculaires (deux seulement en SPAMM, ce qui donne d'ailleurs une information redondante).

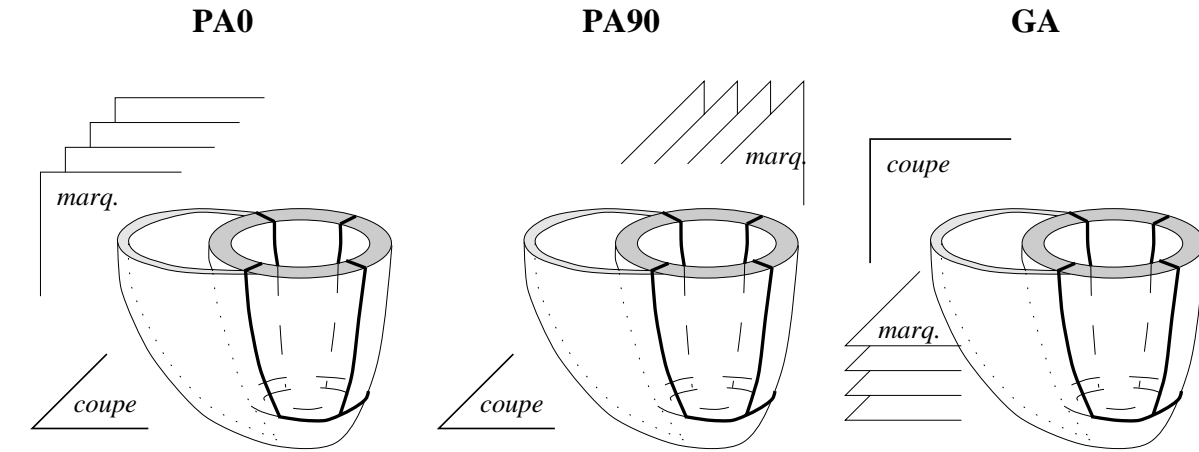
8.1.2 L'information de mouvement : comment la retrouver ?

Introduisons quelques notations : notons \mathcal{M}_n une surface de marquage dans une séquence à $t = t_n$. À $t = t_M$, \mathcal{M}_M est un plan qui intersecte le plan de coupe en une ligne droite L_M . À l'instant n , ce plan s'est déformé avec le tissu en une surface \mathcal{M}_n qui coupe le plan de l'image en une ligne L_n (figure 8.2).

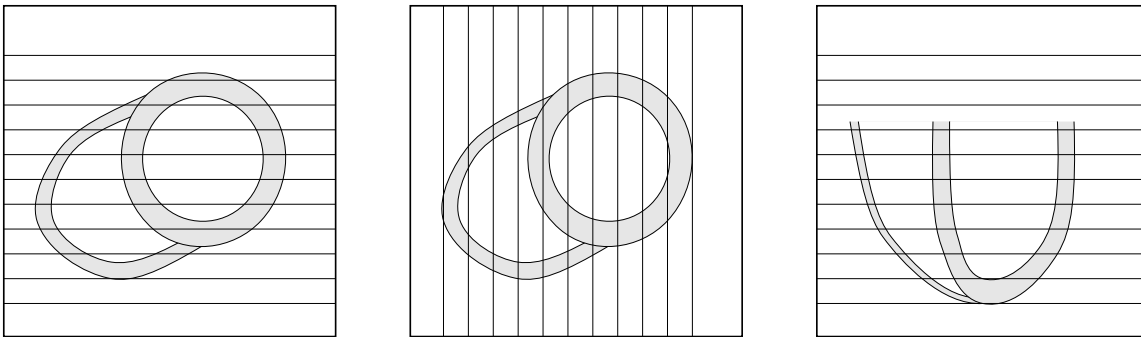
La seule chose que l'on puisse écrire concernant le point $P_M \in L_M \in \mathcal{M}_M$ est qu'à $t = t_n$, c'est un point P'_n quelque part dans le plan \mathcal{M}_n . En particulier, il n'y a aucune raison que ce point soit sur la ligne L_n , ce que l'on est tenté de croire en regardant une même coupe évoluer aux instants successifs de la séquence. Le mouvement réellement tridimensionnel du muscle cardiaque fait que cette assertion ($P'_n \in L_n$) est généralement fausse.

De même que l'on a écrit que P'_M est un point de \mathcal{M}_n à l'instant t_n , on peut écrire que $P_n \in L_n \in \mathcal{M}_n$ est un point P'_M de \mathcal{M}_M à l'instant t_M .

Il est donc possible d'aborder ce problème de deux façons différentes : on estime le mouvement des points des L_M pour calculer leur position à l'instant t_n (approche *directe* pour estimer D_{t_n}) ou bien on calcule la position des lignes L_n à l'instant 0 (approche *inverse*, pour estimer $[D_{t_n}]^{(-1)}$) (figure 8.3).



Images à $t=t_M$



Images à $t=t_n$

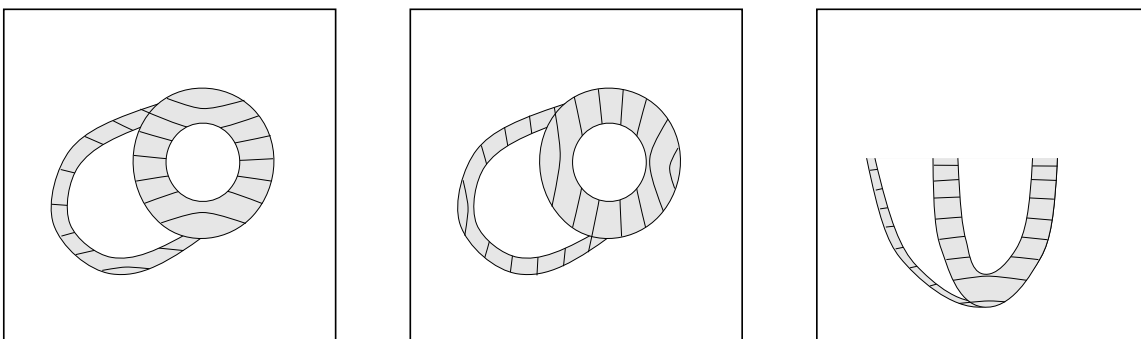


FIG. 8.1 – Une série de séquences IRM marquée. Les plans de marquage sont orthogonaux aux plans de coupe (PA0, PA90 et GA), les trois directions de marquage sont orthogonales entre elles. Les images sont schématiquement montrées en t_M (proche de la télédiastole) et à un instant éloigné du cycle. Voir aussi figure B.6.

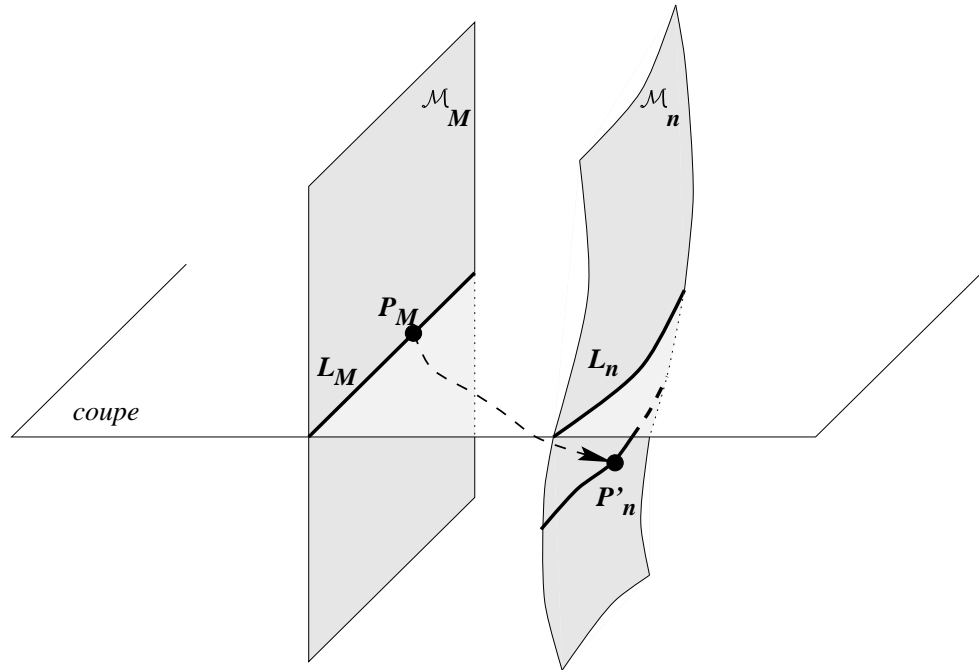


FIG. 8.2 – Un plan de marquage \mathcal{M}_M est déformé à l'instant t_n en une surface \mathcal{M}_n , qui intersecte le plan de coupe en une ligne L_n . Un point P_M de cette ligne est à $t = t_n$ un point P'_n de \mathcal{M}_n qui n'est pas forcément sur L_n .

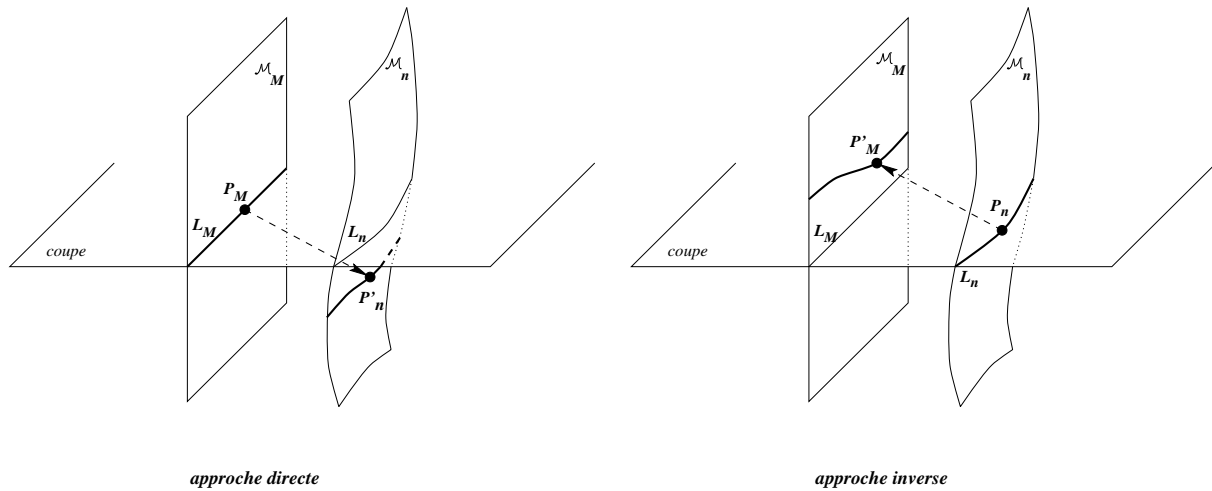


FIG. 8.3 – À gauche, *approche directe* : on estime la déformation de L_M au temps n . À droite, *approche inverse* : on estime la déformation de L_n sachant qu'elle appartient au plan \mathcal{M}_M à $t = t_M$.

La déformation est alors estimée par recoupement des informations partielles qu'il est possible d'extraire de chacune des deux ou trois séquences.

Une fois les déformations D_{t_n} ou $[D_{t_n}]^{(-1)}$ estimées pour tous les instants t_n , il est possible d'estimer une transformation planisphérique 4D aux moindres carrés. L'information de mouvement contenue dans les images permet une *estimation directe* de la transformation 4D.

8.1.3 Schéma de l'algorithme

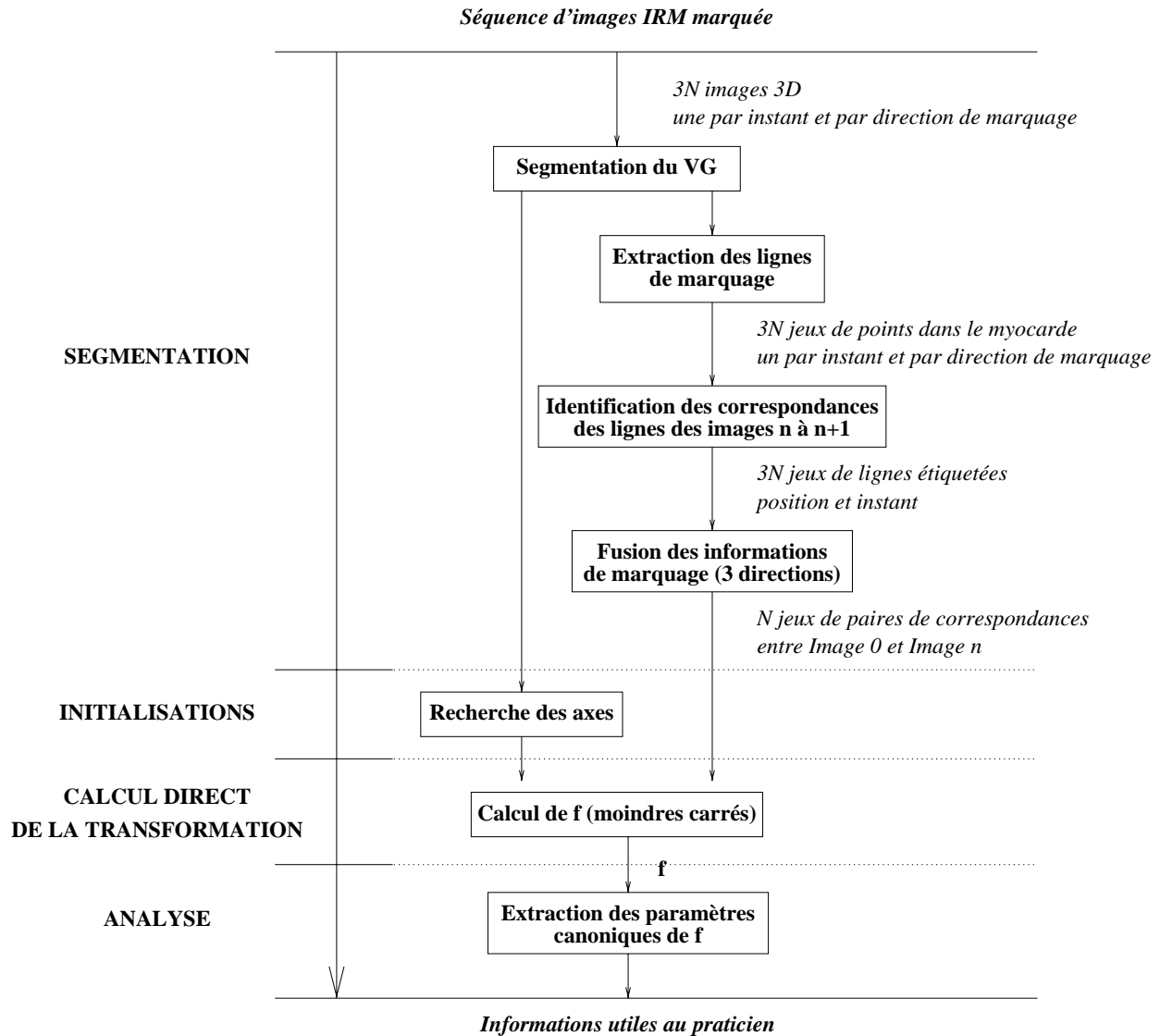


FIG. 8.4 – L'algorithme de traitement complet des images d'IRM marquée, des données originales aux informations utiles au médecins.

Dans cette méthode, le problème de la localisation des lignes de marquage est séparé du problème de la reconstruction du mouvement. La localisation des lignes suppose une segmentation préalable du ventricule gauche dans les images, laquelle est un problème extrêmement complexe. Nous n'avons pas voulu aborder ce problème en profondeur : la littérature est fournie en techniques qui utilisent des contours déformables (Robert, 1996; Robert, 1995; Ranganath, 1995; Goshtasby et Turner, 1995; McInerney et Terzopoulos, 1995; Staib et Duncan, 1992; Cohen et al., 1992b; Cohen, 1992; Kass et al., 1987). Ces techniques ne fonctionnent pas correctement sans une interaction lourde. Nous nous sommes concentrés sur les méthodes de localisation des lignes de marquage et de reconstruction

de mouvement, de façon à pouvoir utiliser les transformations planisphériques 4D pour l'analyse du mouvement.

8.2 Localisation des lignes de marquage

Nous présentons ici les problèmes liés à la détection des lignes de marquage. Pour les résoudre, nous opérons d'abord une segmentation, puis nous décrivons le critère de détection des lignes et la méthode d'étiquetage. Nous obtenons en fin de processus un jeu de lignes étiquetées dans le myocarde.

8.2.1 Une segmentation préliminaire manuelle

Pour une reconstruction correcte du mouvement, les points des lignes extraits doivent appartenir au myocarde. Il est donc nécessaire de réaliser une étape préalable de segmentation sur l'ensemble des images (cela fait un volume de données considérable par étude), ou bien d'éliminer a posteriori les points qui ne sont pas dans le myocarde comme dans (Denney, 1997), où l'auteur réalise une première analyse sur les distributions d'intensité pour éliminer une grande partie du bruit de fond et une seconde sur la cohérence temporelle des points. La plupart des autres méthodes utilisent une segmentation a priori et des modèles de contours déformables : dans (Kraitchman et al., 1995; Young et al., 1995; Kraitchman et al., 1995; Amini, 1994; Kumar et Goldgof, 1994) les auteurs utilisent une grille déformable 2D pour suivre les motifs des images SPAMM. Dans (Radeva et al., 1997), les auteurs utilisent une énergie semblable à celle utilisée dans les contours déformables pour attirer les points de contrôle d'une déformation B-spline volumique ("B-solid"). L'approche de (Guttman et al., 1994), appliquée aux images marquées classiques, définit un modèle de ligne dont la position est calculée en minimisant un parcours de graphe grâce à un algorithme de programmation dynamique. Le coût tient compte de la continuité (on désire une ligne lisse), du gradient (pour s'accrocher aux lignes), de la direction du gradient par rapport à la direction de la ligne (pour être sûr que la ligne longe la frontière de fort gradient).

Pour la plupart de ces méthodes, il est nécessaire d'opérer une segmentation préalable qui est coûteuse et pénible, même avec un outil interactif : certaines images (GA) sont telles que le myocarde est indiscernable de la cavité, particulièrement en début de séquence (figure 8.5). Nous avons préféré nous concentrer sur la méthode de reconstruction de mouvement et passer peu de temps sur une segmentation manuelle, car l'objectif de cette étude est de montrer l'efficacité des transformations planisphériques 4D sur des images IRM marquées.

8.2.2 Critère de détection

Plusieurs études comme (Denney, 1997; Guttman et al., 1994) proposent un profil de ligne de marquage conforme à la théorie présentée dans (Zerhouni et al., 1988). Nous avons préféré utiliser un critère de détection qui s'appuie sur la dérivée seconde de l'intensité dans l'image (Radeva et al., 1997).

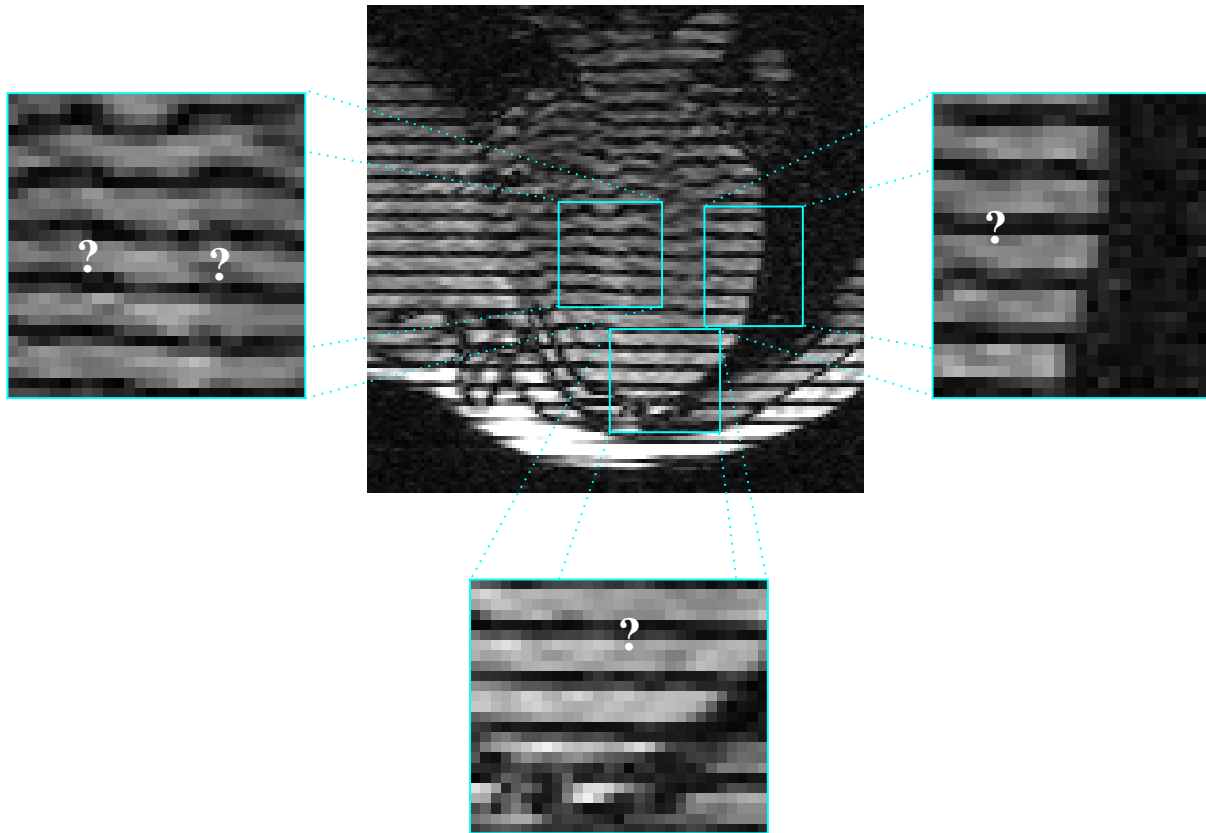


FIG. 8.5 – Sur certaines zones de cette coupe, le contour du myocarde est difficilement identifiable.

Notons $I(x, y)$ l'intensité du pixel de position x et y dans l'image. Nous calculons H , le hessien de I :

$$H = \begin{bmatrix} I_{xx} & I_{xy} \\ I_{xy} & I_{yy} \end{bmatrix}$$

en notant avec des indices les opérateurs de dérivation. Les valeurs propres s'écrivent :

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= \frac{1}{2}(I_{xx} + I_{yy}) + \frac{1}{2}\sqrt{(I_{xx} - I_{yy})^2 + 4.I_{xy}^2} \\ \lambda_2 &= \frac{1}{2}(I_{xx} + I_{yy}) - \frac{1}{2}\sqrt{(I_{xx} - I_{yy})^2 + 4.I_{xy}^2} \end{aligned}$$

avec $\lambda_1 > \lambda_2$. Les vecteurs propres associés s'écrivent :

$$\mathbf{v}_i = \begin{pmatrix} I_{xy} \\ \lambda_i - I_{xx} \end{pmatrix} // \begin{pmatrix} \lambda_i - I_{yy} \\ I_{xy} \end{pmatrix}$$

pour $i = 1$ ou 2 .

Avec les valeurs de $\lambda_1(x, y)$, nous construisons une image. Nous procédons ensuite à l'élimination des points pour lesquels des contraintes d'appartenance à une ligne de marquage ne sont pas respectées. Ces contraintes sont les suivantes : en représentant l'intensité dans l'image comme une surface d'élévation de l'intensité, les lignes de marquage (sombres) sont des *vallées* dont la direction est à *peu près perpendiculaire* à \mathbf{n}_M . Ces contraintes sont traduites mathématiquement de la façon suivante :

1. *vallée* :

$$\lambda_1 > |\lambda_2|$$

ce qui signifie que λ_1 est positif : la surface est donc localement concave. De plus λ_1 est supérieur à λ_2 en valeur absolue, donc \mathbf{v}_1 est le petit axe de l'ellipsoïde (ou de l'hyperboloïde si $\lambda_2 < M$) et \mathbf{v}_2 en est le grand axe. La surface est bien une "vallée" (figure 8.6, à gauche).

2. *direction* :

en notant enfin \mathbf{n}_M le vecteur normal au plan de marquage, ce vecteur est colinéaire au plan de coupe et perpendiculaire aux lignes de marquage. Au cours de la séquence, les lignes se déforment : nous mesurons l'angle entre la direction normale à la direction de la vallée et le vecteur \mathbf{n}_M . Comme les lignes ne se déforment pas trop, cet angle est supposé majoré par une valeur θ_{max} (figure 8.6, à droite) :

$$|(\mathbf{v}_1; \mathbf{n}_M)| < \theta_{max}$$

Dans nos expériences, cette valeur a été choisie égale à 45 degrés pour les images des séquences PA0 et PA90 et à 30 degrés pour les images de la séquence GA (il y a très peu de rotation du tissu dans cette direction de coupe).

Nous disposons donc, à la fin de cette étape, d'une image I_{λ_1} des valeurs de λ_1 en certains points qui sont susceptibles d'appartenir à des lignes de marquage.

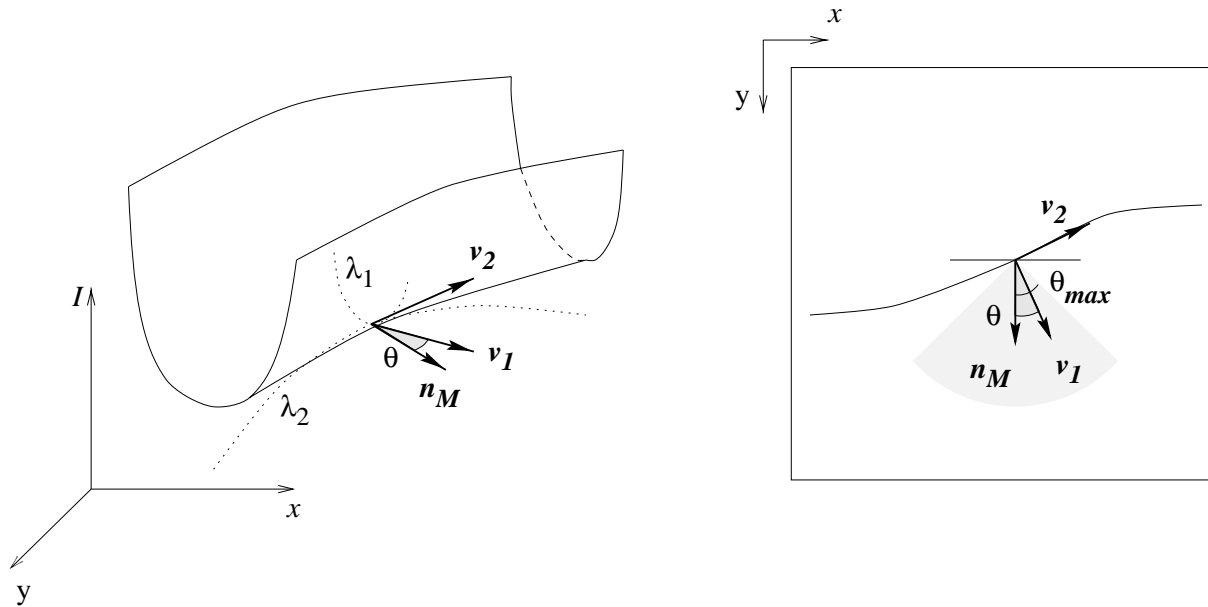


FIG. 8.6 – Le critère de détection des lignes de marquage. À gauche, on recherche une “vallée”, à droite, la direction de cette vallée doit être à peu près perpendiculaire à la direction de marquage.

8.2.3 Échantillonnage des points marqués

En pratique, les points sont détectés le long de segments parallèles à \mathbf{n}_M dans l'image I_{λ_1} . Deux segments successifs d'échantillonnage sont séparés d'un pixel pour couvrir l'image entière. Cet intervalle d'échantillonnage doit être comparé à l'épaisseur d'une ligne (dans le sens perpendiculaire à la vallée) qui est d'environ 2,5 mm (à peu près deux pixels), devant l'intervalle entre deux lignes consécutives qui est de 7 mm (à peu près 5 pixels) et devant l'épaisseur du myocarde qui est de l'ordre de 1 cm, soit à peu près 7 pixels (figure 8.7). Sans perte de généralité, nous pouvons supposer que $\mathbf{n}_M = \mathbf{y}$ (les plans sont horizontaux, voir figures 8.5 et B.6). Chaque segment sera noté S_x .

Le long de chaque segment S_x , nous repérons les positions y des différents maxima locaux de $\lambda_1(y)$. Le segment est échantillonné tous les pixels, mais les positions de ces maxima locaux sont calculées en approximant localement la courbe par une parabole $\lambda = a.y^2 + b.y + c$. Les points qui servent à l'approximation sont le point courant et ses deux voisins (figure 8.8). Si la distance entre le sommet de la parabole $-\frac{b}{2.a}$ et le point courant y est inférieure à un demi-pixel, le point est

considéré comme maximum local, sa position est alors $-\frac{b}{2.a}$ sur le segment (figure 8.8, à gauche).

Enfin, seuls les points qui appartiennent au myocarde sont conservés, car ce sont ceux-là seulement qui portent l'information de mouvement du ventricule gauche. Le processus de masquage est réalisé au dernier moment pour éviter de polluer les calculs par des effets de bord. Nous disposons donc d'une *liste de points marqués du myocarde*, déterminés avec une précision sub-pixelique. Il faut ensuite identifier le plan de marquage auquel ils appartiennent.

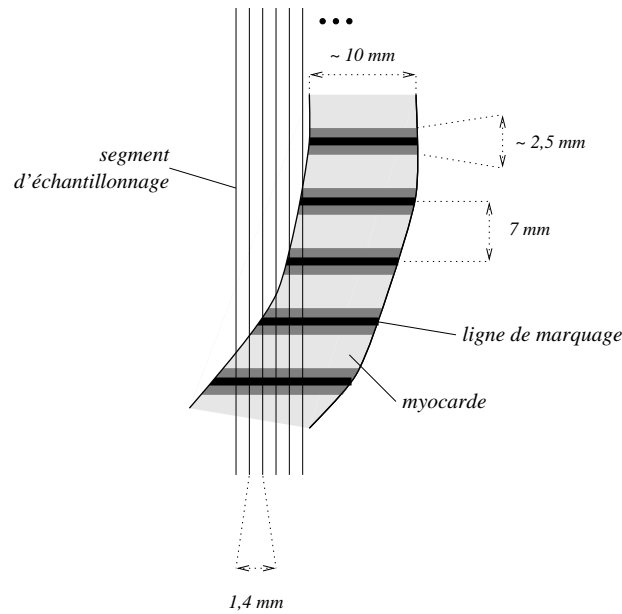


FIG. 8.7 – La séparation entre les segments d'échantillonnage comparée aux dimensions caractéristiques du problème : épaisseur des lignes, séparation entre les lignes, épaisseur du myocarde.

8.2.4 Étiquetage des points

Pour étiqueter les points, la méthode employée est fondée sur une idée simple : connaissant l'étiquette des points de marquage à l'instant t_M (car les lignes sont presque dans leur position d'origine et l'étiquetage est trivial), l'étiquetage est propagé vers les images suivantes correspondants aux instants successifs de la séquence.

Pour pouvoir réaliser cette propagation, il faut que l'échantillonnage temporel de la séquence soit suffisamment fin pour qu'entre deux instants successifs, le mouvement d'un point soit "faible" devant l'intervalle entre deux lignes successives. Sinon, l'identification est plus complexe, car il faut alors faire intervenir des connaissances a priori sur le mouvement attendu.

Recherche des lignes

Nous cherchons d'abord à reconstituer les lignes de marquage à partir des points qui ont été extraits. Ce processus est réalisé en calculant les composantes connexes de l'ensemble des points extraits. La connexité est définie de façon à identifier les lignes sensiblement perpendiculaires à \mathbf{n}_M .

Le calcul est effectué de façon progressive : pour un point P_x d'un segment S_x , un point P_{x+1} de S_{x+1} est susceptible d'appartenir à la même composante connexe si l'angle α que fait le vecteur $\mathbf{P}_x \mathbf{P}_{x+1}$ avec la direction perpendiculaire à \mathbf{n}_M est borné en valeur absolue par un seuil α_{max} (figure 8.9). Dans nos expériences, $\alpha_{max} = \theta_{max}$.

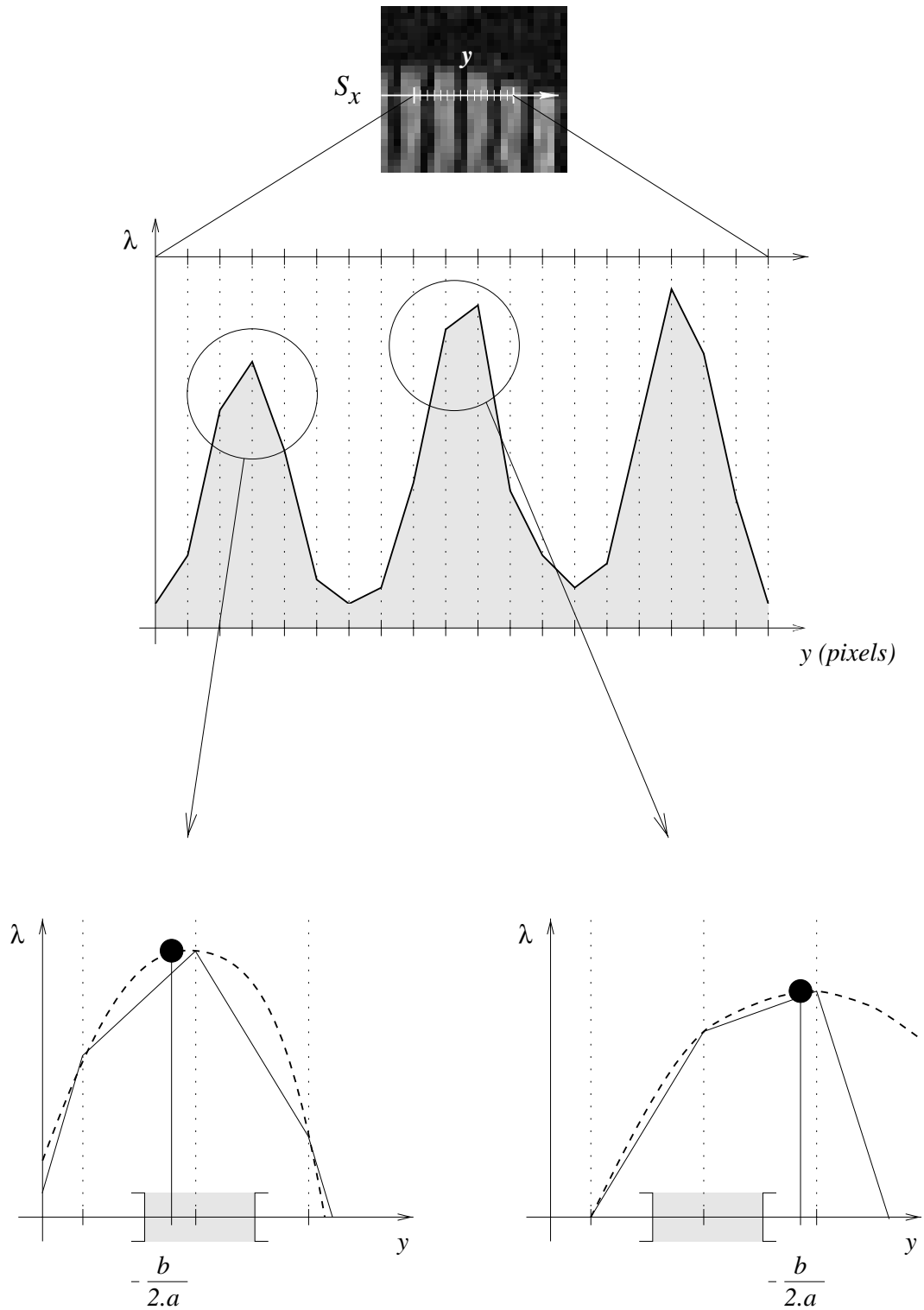


FIG. 8.8 – Le long d'un segment S_x , on cherche les maxima locaux en approximant le profil par une parabole. Si le sommet est suffisamment proche du point milieu (à gauche), le maximum de la parabole est conservé, sinon, il est rejeté (à droite).

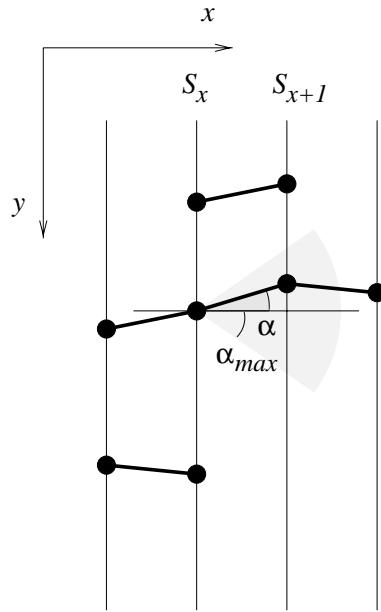


FIG. 8.9 – La contrainte de connexité pour une ligne.

Propagation de l'étiquetage

Nous supposons que l'échantillonnage temporel est suffisamment fin. Nous pouvons mettre en œuvre un processus de suivi de lignes simple fondé sur des considérations de proximité : le numéro de la ligne L_n à l'instant t_n est le numéro de la ligne à l'instant t_{n-1} la plus proche L_{n-1} .

Pour rendre l'étiquetage plus robuste à un éventuel sous-échantillonnage temporel, nous avons modifié la méthode de propagation en ajoutant une procédure d'estimation de la position de la ligne dans l'image à étiqueter. Le jeu de lignes estimées L'_{n-1} est calculé comme suit (figure 8.10) :

- Supposons étiquetées les lignes jusqu'à l'instant t_{n-1} . La ligne L'_{n-1} est la position estimée à l'instant t_n de la ligne L_{n-1} . Cette ligne est la ligne L_{n-1} tradatée le long des segments d'échantillonnage (c'est-à-dire dans la direction de marquage \mathbf{n}_M) d'un certain déplacement. Ce déplacement est calculé en supposant que la ligne se déplace à la même vitesse entre les instants t_{n-1} et t_n qu'entre t_{n-2} et t_{n-1} . La vitesse de déplacement entre t_{n-2} et t_{n-1} est évidemment calculée sur des lignes de même étiquette.

Le déplacement est calculé sur la ligne complète, pour que son estimation soit plus robuste. Il est calculé comme la moyenne des déplacements individuels des points du même segment d'échantillonnage et de même numéro d'étiquette. Seuls contribuent à l'évaluation de la vitesse de déplacement les points de L_{n-1} pour lesquels a été trouvé un correspondant sur le même segment dans L_{n-2} . La vitesse est calculée en divisant par l'intervalle de temps entre les deux instants successifs.

- Pour le premier instant t_1 , enfin, la vitesse est considérée nulle.

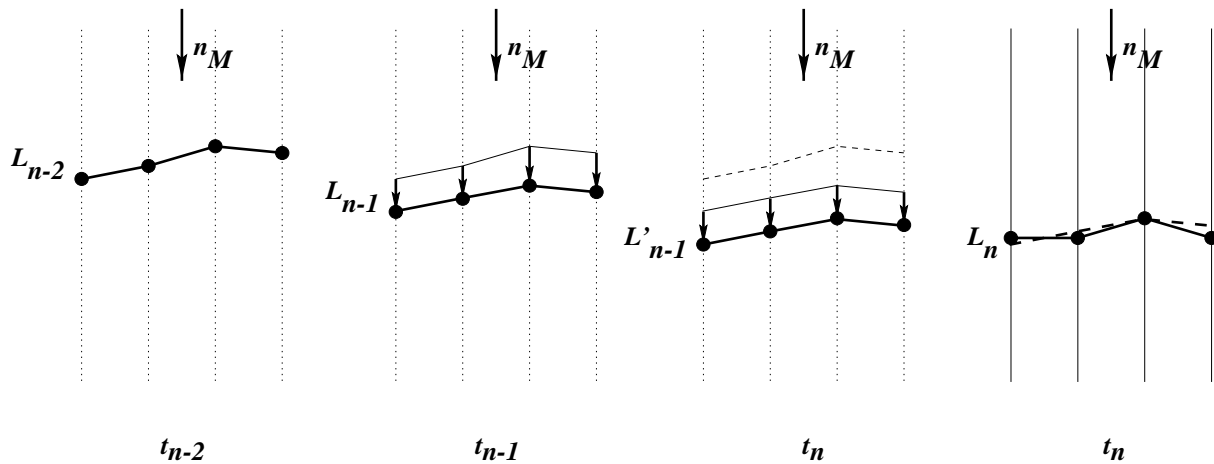


FIG. 8.10 – La méthode de propagation de l'étiquette des lignes de marquage. On suppose que la vitesse de déplacement de la ligne entre les instants t_{n-1} et t_n est la même qu'entre t_{n-2} et t_{n-1} .

L'approximation du déplacement à vitesse constante est grossière, mais elle suffit pour propager le numéro d'étiquette grâce à l'estimation de la position de la ligne à l'instant t_n : le numéro d'un point de L_n est le numéro du point de L'_{n-1} le plus proche.

Enfin, les composantes connexes les plus petites (moins de trois éléments) sont supprimées.

8.2.5 Le jeu de lignes complet

Assemblage des données

Une fois les points des lignes localisées dans l'image, les ensembles de points pour les différentes coupes et les différentes séquences sont mis en commun à chaque instant pour former les données utiles à la procédure de reconstruction du champ de déplacement tridimensionnel.

Les données image dans nos expériences sont constituées :

- PA0 : une série de coupes perpendiculaires au grand axe, la direction de marquage est parallèle au grand axe,
- PA90 : une série de coupes perpendiculaires au grand axe, la direction de marquage est perpendiculaire à la précédente mais est toujours parallèle au grand axe,
- GA : une série de coupes parallèles au grand-axe, la direction de marquage est perpendiculaire au grand axe. Pour obtenir des images dans lesquelles la géométrie du ventricule gauche est facilement identifiable, les plans des images sont échantillonnés en étoile autour du grand axe. Ainsi, le plan de coupe est toujours à peu près orthogonal à la portion de myocarde qu'il traverse.

Les points extraits forment donc l'ensemble illustré sur la figure 8.11.

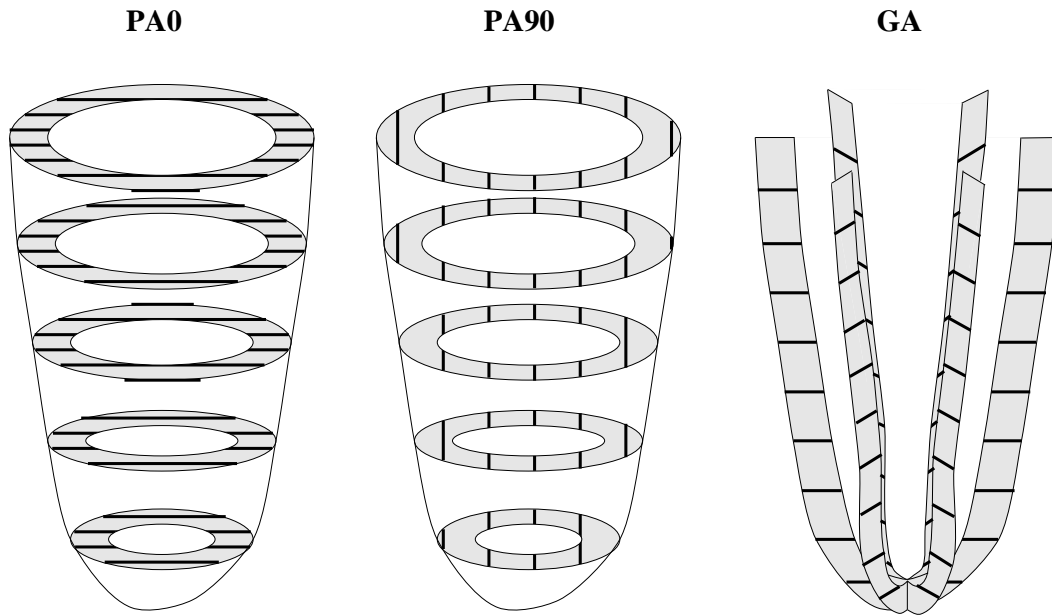


FIG. 8.11 – Les points de marquage d'un même instant des trois séquences PA0, PA90 et GA sont rassemblés pour pouvoir reconstruire le déplacement tridimensionnel du myocarde.

Un problème lié au protocole d'acquisition

L'assemblage présenté dans la section précédente suppose implicitement que les données sont recalées dans un même système de référence, c'est-à-dire :

1. pour chaque séquence, on suppose que chaque coupe est une image d'un objet acquise *depuis une référence identique*, la séquence de coupes est donc un film 2D (même référence dans le temps),
2. à chaque instant, chaque image 2D IRM qui compose une image 3D d'une des séquences PA0, PA90 et GA est une coupe d'un objet qui se trouve *exactement à la même position*, le volume est donc une photographie 3D (même référence dans l'espace), l'ensemble constituant un film 3D.

Dans le protocole d'acquisition (voir annexe B), les images 2D sont acquises en séquence sur une apnée qui couvre plusieurs cycles cardiaques. Pour reconstruire une séquence tridimensionnelle, il faut autant de prises en apnée que de coupes dans le volume. Ainsi, la *première condition est remplie*: les coupes génèrent des films 2D (en supposant bien entendu que les cycles cardiaques sont exactement identiques dans une même apnée). En revanche, d'une apnée à l'autre, le cœur a inévitablement bougé car le patient ne retient pas sa respiration exactement dans la même position : la *deuxième condition n'est pas respectée*. Le décalage peut être important (plusieurs millimètres).

Pour résoudre ce problème, il faut réaliser un recalage croisé entre les coupes des trois séquences. La mise en correspondance fonctionnerait comme suit entre une séquence petit axe et une séquence grand axe : les coupes petit axe doivent être recalées en se servant des formes dessinées par les

coupes grand axe, ce qui donne une transformation qui réaligne les coupes petit-axe. Ensuite, par une opération symétrique, les coupes grand axe sont réalignées grâce aux coupes petit axe réalignées et on peut itérer le processus jusqu'à ce que l'on trouve un alignement satisfaisant. La transformation d'alignement est une transformation coupe à coupe, on la suppose rigide pour simplifier (figure 8.12) (elle n'est d'ailleurs pas forcément plane).

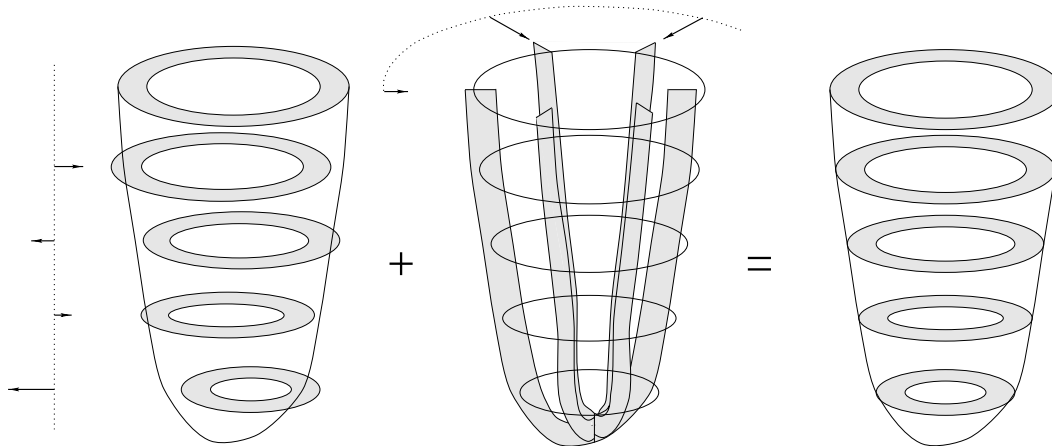


FIG. 8.12 – Le réalignement croisé des coupes IRM petit axe et grand axe. Les flèches indiquent le décalage des coupes à corriger.

En utilisant les deux séquences petit axe disponibles (si l'on n'utilise pas les données SPAMM), on peut retrouver deux transformations de réalignement des coupes grand axe. Pour définir le réalignement unique des coupes grand axe, on peut calculer la moyenne des transformations ou encore estimer l'alignement en utilisant les trois séquences simultanément (le problème est alors plus complexe mathématiquement, mais l'estimation plus rigoureuse).

Le problème posé par un tel processus est qu'il s'appuie sur la *donnée exacte de la forme du ventricule gauche dans les coupes*. Comme nous l'avons précisé au début de ce chapitre, nous n'avons pas trouvé de moyen fiable pour segmenter le ventricule gauche et l'opération a été réalisée à la main. La segmentation a été réalisée moins dans l'objectif de définir une "belle" forme du ventricule gauche que dans celui de l'isoler de façon à ce que le processus d'extraction des points de marquage ne donne *pas de points erronés* (on tolère les faux négatifs, pas les faux positifs). La forme n'est donc pas le but de cette segmentation. Sachant cela, nous ne nous sommes pas plus concentrés sur le problème du réalignement et nous avons, là aussi, réalisé cette opération à *la main* (sur les conseils du Dr. Elliot McVeigh qui a fourni les images). Cette opération nous a pris une quinzaine de minutes, ce temps pourrait être considérablement réduit avec une interface utilisateur adéquate.

8.3 Reconstruction du champ de déplacement

8.3.1 Le problème

Approche directe

L'approche directe consiste donc, en reprenant les notations de la section 6.1.1, à estimer la transformation D_{t_n} à partir de la donnée de certains points sur les lignes L_M et des lignes L_n . La condition ($P_n \in M_n$) nécessite de connaître l'équation de cette surface, et donc de modéliser sa forme.

Les auteurs de (Kerwin et Prince, 1997) approximent la surface \mathcal{M}_n par une surface spline plaque-mince, ils se servent des trois séquences pour recouper les informations sur la forme de la surface. Une fois le modèle estimé, ils calculent l'intersection des surfaces de marquage pour déterminer des points caractéristiques qui sont les intersections des surfaces de marquage issus des trois séquences. Ces points sont en effet stables dans la séquence : les intersections de surfaces de marquage restent des intersections de surfaces de marquage, pourvu que les mouvements décrits dans les trois séquences soient identiques.

Les auteurs de (Radeva et al., 1997) définissent un modèle de la déformation D_{t_n} en utilisant des transformations volumiques B-spline de la déformation D_{t_n} (chapitre 2). L'identification des lignes de marquage est ici combinée avec le problème de la reconstruction du mouvement. Le "B-solid", comme ils l'appellent, est soumis à l'évolution dans un champ de potentiel dont la distribution de valeurs est proportionnelle à la dérivée seconde directionnelle de l'intensité dans l'image (laquelle est élevée là où il y a des lignes de marquage). Les forces, exprimées comme dans un algorithme de contour déformable classique ("snake"), attirent le B-solid de façon à déformer le volume complet avec les lignes. Les surfaces isoparamétriques du B-solid sont censées correspondre aux surfaces de marquage. La méthode proposée est appliquée à des images SPAMM, mais les auteurs ne montrent cependant pas comment il est possible de fusionner les données issues de projections différentes, ce qui est nécessaire pour avoir une estimation complète du déplacement : en utilisant seulement deux directions de marquage telles qu'elles sont générées par le SPAMM, le déplacement reste indéterminé dans la troisième direction.

Approche inverse

Dans cette optique, il est naturel d'introduire la fonction $\Phi_{n \rightarrow M}$ qui définit la position à l'instant t_M d'un point P_n pris à l'instant n . Avec nos notations, nous avons :

$$\Phi_{n \rightarrow M}(P_n) = P'_M \quad (8.1)$$

On remarquera au passage que $\Phi_{n \rightarrow M}$ est l'inverse de la transformation 4D fixée à l'instant t_n :

$$\Phi_{n \rightarrow M} = [D_{t_n}]^{(-1)}$$

L'équation 8.1 se décompose en trois équations scalaires indépendantes qui permettent de définir la valeur de $\Phi_{n \rightarrow M}$ en P_n . Mais d'après l'information contenue dans l'image, on ne peut écrire qu'une

seule des trois équations scalaires (celle le long de \mathbf{n}_M , la normale au plan de marquage), car il n'est pas possible de déterminer le déplacement du point dans la surface (figure 8.13) :

$$\Phi_{n \rightarrow M}(P_n) \in \mathcal{M}_M \quad (8.2)$$

Comme l'équation de \mathcal{M}_M est un plan, la contrainte 8.2 est bien plus facile à écrire que dans le cas de l'approche directe, où l'équation de la surface \mathcal{M}_n est inconnue. Si l'équation du plan \mathcal{M}_M est notée, pour un point $P(x,y,z)$,

$$\begin{aligned} a.x + b.y + c.z - d &= 0 \\ \iff \mathbf{P} \cdot \mathbf{n}_M &= d \end{aligned}$$

l'équation 8.2 se réécrit :

$$\Phi_{n \rightarrow M}(P_n) \cdot \mathbf{n}_M = d \quad (8.3)$$

Grâce à trois équations de ce type prises avec des directions \mathbf{n}_M perpendiculaires, il est possible de reconstruire un champ de déplacement de l'instant n vers l'instant initial t_M .

Différentes méthodes ont été développées en partant des contraintes 8.3 que l'on peut écrire pour toutes les surfaces de marquage. Dans (Young et al., 1995; Young et al., 1994a), les auteurs modélisent le ventricule gauche par un maillage d'éléments finis dont les fonctions de base sont des fonctions définies par heuristiques. Les auteurs de (O'Dell et al., 1995) utilisent une approche inverse également, mais ils utilisent des déformations génériques dans une géométrie de sphère allongée ("prolate sphéroid"). Dans (Denney et Prince, 1995; Denney et Prince, 1994), les auteurs formulent le même problème comme un problème d'estimation stochastique. Le champ de déplacement trouvé grâce à toutes ces méthodes doit être inversé pour être exploitable (pour des calculs de mécanique, notamment).

Nous définissons ici un modèle de déformation B-spline, en adaptant simplement le critère défini au chapitre 2 à notre problème. Nous n'inversons pas le champ de déplacement trouvé, car l'information de la transformation inverse est directement utilisable pour estimer la transformation planisphérique 4D à partir de laquelle l'analyse du mouvement est réalisée.

8.3.2 Estimation d'une transformation B-spline

Nous cherchons ici à estimer, pour chaque instant t_n de la séquence, la fonction de déformation $\Phi_{n \rightarrow M}$. Pour alléger les notations, nous laissons de côté l'indice et appelons simplement Φ la transformation que l'on cherche.

Les transformations B-splines volumiques sont utilisées pour reconstruire le champ de déplacement à partir des points de marquage. L'estimation est fondée sur la minimisation d'un critère aux moindres carrés qui est une somme d'un terme d'attache aux données dérivant de la contrainte 8.3 et d'un terme de régularité.

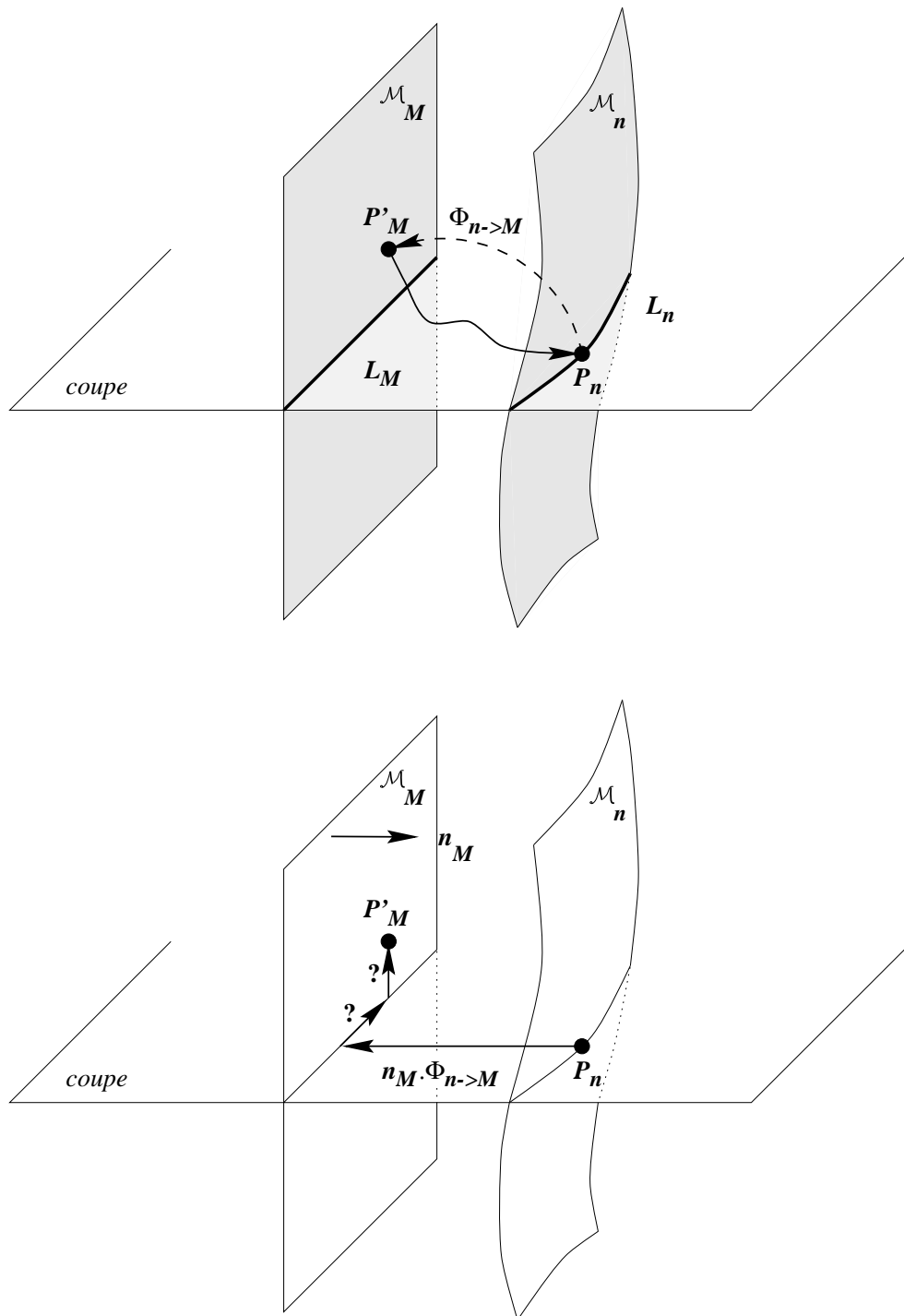


FIG. 8.13 – Un plan de marquage \mathcal{M}_M est déformé à l'instant t_n en une surface \mathcal{M}_n , qui intersecte le plan de coupe en une ligne L_n . Un point P_n de cette ligne est à $t = t_M$ un point P_M de \mathcal{M}_M . En bas, il est seulement possible d'estimer le déplacement de $P_n P_M$ le long de la normale n_M au plan de marquage \mathcal{M}_M , mais pas dans le plan \mathcal{M}_M .

Le critère aux moindres carrés

1. terme d'appartenance à un plan de marquage

Notons (Φ^x, Φ^y, Φ^z) les coordonnées de la fonction Φ . Les équations des plans sont notées $a_p \cdot x + b_p \cdot y + c_p \cdot z - d_p = M$, l'indice p décrivant les plans de marquage de chacune des trois séquences PA0, PA90 et GA. Enfin, chaque point de marquage appartenant au plan \mathcal{M}_p est noté $P_{p,q} = (P_{p,q}^x, P_{p,q}^y, P_{p,q}^z)$. Le terme s'écrit donc comme la somme des distances résiduelles des points déformés au plan de marquage auquel ils appartenaient au temps t_M :

$$J_{plans}(\Phi) = \frac{1}{N \cdot D^2} \sum_{p=1}^P \sum_{q=1}^{Q_p} (a_p \cdot \Phi^x(P_{p,q}) + b_p \cdot \Phi^y(P_{p,q}) + c_p \cdot \Phi^z(P_{p,q}) - d_p)^2$$

$Q = \sum_{p=1}^P Q_p$ est le nombre de points de donnée. Dans nos expériences, la distance de normalisation D est choisie comme l'écart-type de la distribution des distances des points de marquage à leur centre de gravité, définissant ainsi une "taille" caractéristique du nuage de points.

2. terme de régularité

Comme pour les transformations volumiques B-splines classiques,

$$J_{rég.}(\Phi) = \frac{1}{D^3} \int_{\mathbb{R}^3} [\Phi_{xx}^2 + \Phi_{yy}^2 + \Phi_{zz}^2 + 2\Phi_{xy}^2 + 2\Phi_{yz}^2 + 2\Phi_{xz}^2]$$

Le critère s'écrit enfin comme somme des deux termes pondérée par un coefficient.

$$J(\Phi) = J_{plans}(\Phi) + \rho \cdot J_{rég.}(\Phi)$$

Le critère est quadratique en les points de contrôle de la transformation volumique B-spline. La dérivation du critère par rapport à ces derniers fournit un système linéaire dont les équations sont les suivantes :

$$\begin{aligned} & \sum_{i,j,k} \left(\begin{aligned} & \frac{1}{Q \cdot D^2} \sum_{p=1}^P \sum_{q=1}^{Q_p} (B_a^x(P_{p,q}^x) \cdot B_b^y(P_{p,q}^y) \cdot B_c^z(P_{p,q}^z) \cdot B_i^x(P_{p,q}^x) \cdot B_j^y(P_{p,q}^y) \cdot B_k^z(P_{p,q}^z) \cdot [\mathcal{P}_p]) \\ & + \frac{\rho}{D^3} (I_{abc,ijk}^{xx} + I_{abc,ijk}^{yy} + I_{abc,ijk}^{zz} + 2I_{abc,ijk}^{xy} + 2I_{abc,ijk}^{yz} + 2I_{abc,ijk}^{xz}) [\mathcal{I}_3] \end{aligned} \right) \begin{bmatrix} \Phi_{i,j,k}^x \\ \Phi_{i,j,k}^y \\ \Phi_{i,j,k}^z \end{bmatrix} \\ & = \frac{1}{Q \cdot D^2} \sum_{p=1}^P \sum_{q=1}^{Q_p} B_a^x(P_{p,q}^x) \cdot B_b^y(P_{p,q}^y) \cdot B_c^z(P_{p,q}^z) \cdot [\mathcal{Q}_p] \end{aligned}$$

où $\Phi_{i,j,k}^x, \Phi_{i,j,k}^y, \Phi_{i,j,k}^z$ sont les points de contrôle de la transformation Φ , la matrice \mathcal{P}_p et le vecteur \mathcal{Q}_p représentent les contributions de chaque plan \mathcal{M}_p au système et \mathcal{I}_3 l'identité :

$$\mathcal{P}_p = \begin{bmatrix} a_p^2 & a_p \cdot b_p & a_p \cdot c_p \\ a_p \cdot b_p & b_p^2 & b_p \cdot c_p \\ a_p \cdot c_p & b_p \cdot c_p & c_p^2 \end{bmatrix} \quad \mathcal{Q}_p = \begin{bmatrix} a_p \cdot d_p \\ b_p \cdot d_p \\ c_p \cdot d_p \end{bmatrix} \quad \mathcal{I}_3 = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Les autres notations sont celles du chapitre 2.

La matrice est singulière

Sans le terme de régularité, la matrice est singulière. En effet, les contraintes de type 8.2 sont partielles, il faut trois contraintes orthogonales pour que le déplacement du point soit fixé. Or, sur les bords du domaine de définition (défini par les points de marquage eux-même, il y a deux (ou une) seulement des conditions qui sont nourries par des données au lieu de trois. Certaines coordonnées du point déformé sont donc indéterminées (d'où la singularité de la matrice) et doivent donc être extrapolées des données voisines. Le terme de régularité remplit ce rôle et rend la matrice inversible (et par là-même diminue son conditionnement, ce qui est important pour la convergence du gradient conjugué).

8.3.3 Estimation des transformations $\Phi_{n \rightarrow M}$

Les différentes transformations $\Phi_{n \rightarrow M}$ ($n = 0..N-1$) sont estimées séquentiellement à partir des données des points marqués. Grâce à l'algorithme du gradient conjugué, il est possible de prendre en compte une solution initiale. Pour l'estimation de $\Phi_{n \rightarrow M}$, l'estimation initiale est évidemment $\Phi_{(n-1) \rightarrow M}$ (l'identité si $n = 0$).

Après ces N processus d'estimation, nous disposons de N transformations volumiques B-splines qui transforment respectivement l'espace au temps t_n vers l'espace au temps t_M .

8.4 Estimation de la transformation planisphérique 4D

Nous utilisons les données des points de marquage à l'instant t_n pour estimer la transformation 4D en définissant des paires de correspondance entre des points à $t = t_M$ et des points à $t = t_n$. Pour un indice d'instant n , pour chaque point de marquage $P_{n,q}$ estimé à $t = t_n$, la paire de correspondance est définie comme le couple de points $[\Phi_{n \rightarrow M}(P_{n,m}); P_{n,m}]$. Le critère aux moindres carrés pour estimer une transformation planisphérique 4D f s'écrit alors simplement :

$$J(f) = \sum_{n=0}^{N-1} \sum_{m=0}^{M_n-1} \alpha_{n,m} \cdot d(f(\Phi_{n \rightarrow M}(P_{n,m}), t_n); P_{n,m})^2 \quad (8.4)$$

où $d(\cdot; \cdot)$ est la distance et $\alpha_{n,m}$ est un coefficient de pondération lié à la confiance apportée à la correspondance $[(\Phi_{n \rightarrow M}(P_{n,m}), t_n); P_{n,m}]$.

La procédure de minisation est identique à celle exposée au chapitre 6. L'estimation est donc directe, sans itération, car il n'y a pas besoin d'estimer le mouvement autrement que par la détection des lignes de marquage.

Chapitre 9

Expériences : méthode géométrique

Nous présentons dans ce chapitre les résultats des expériences menées sur différentes images du ventricule gauche avec la méthode géométrique. Les images proviennent d'images de tomoscintigra-

phie synchronisée à l'ECG.

Nous présentons les résultats aux différentes étapes de la détection du mouvement et nous montrons l'analyse réalisée à partir du mouvement reconstruit sur des cas normaux et pathologiques.

9.1 Les données

Les données sont constituées de 8 images qui sont des volumes $64 \times 64 \times 64$. La taille du pixel est de 2,5 mm, les instants sont régulièrement répartis sur le cycle cardiaque : la séquence couvre donc la systole (de t_0 à t_2) et la diastole (de t_3 à t_7). Chaque image 3D qui compose la séquence est une image de tomoscintigraphie classique, elle possède donc les mêmes propriétés que celles que nous avons exposées dans le chapitre 3.

Nous disposons dans notre base de données de 3 cas normaux et de 3 cas pathologiques. Les images nous ont été fournies par le Professeur Michael Goris de l'École de Médecine de l'Université de Stanford (Californie). Nous l'en remercions chaleureusement.

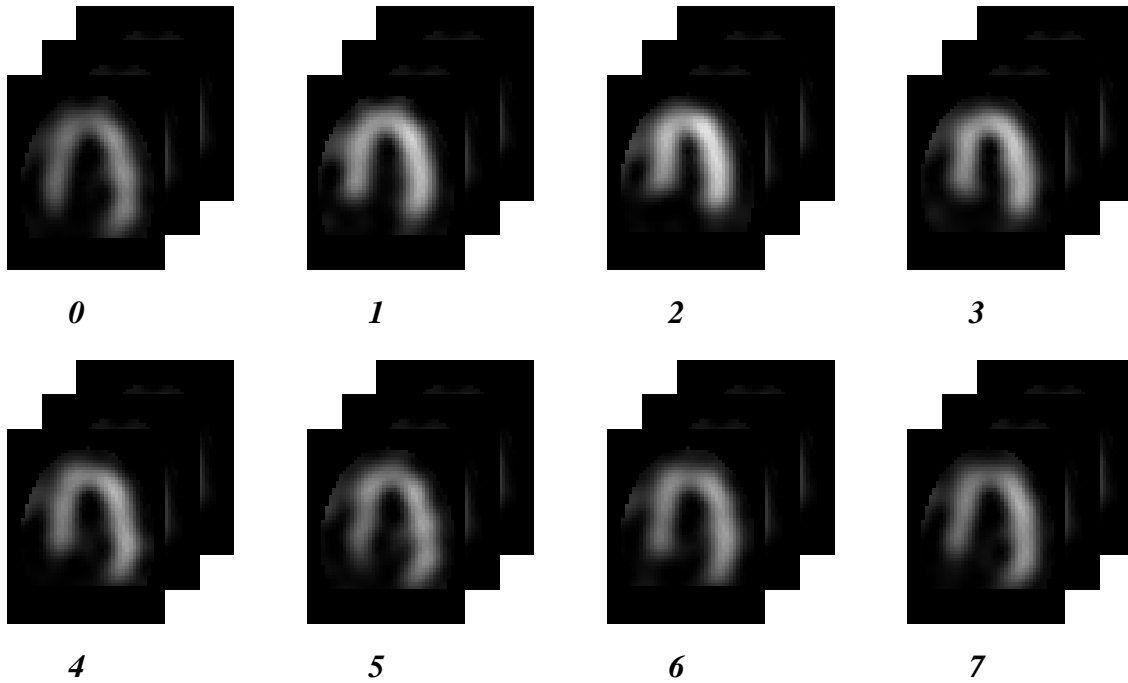
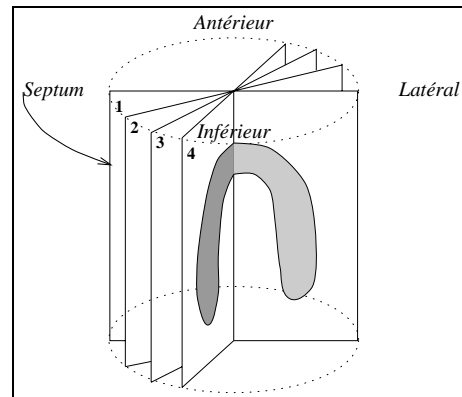


FIG. 9.1 – Les données de la séquence *TEMPS* d'un cœur normal (VANN).

9.2 Extraction des primitives

La procédure est identique à celle qui a été utilisée pour les études de perfusion myocardique. La figure 9.2 montre les points de contour incrustés dans les images pour quatre instants de la séquence.



septum à gauche, mur latéral à droite ... mur latéral à gauche, septum à droite
mur inférieur à gauche, mur antérieur à droite

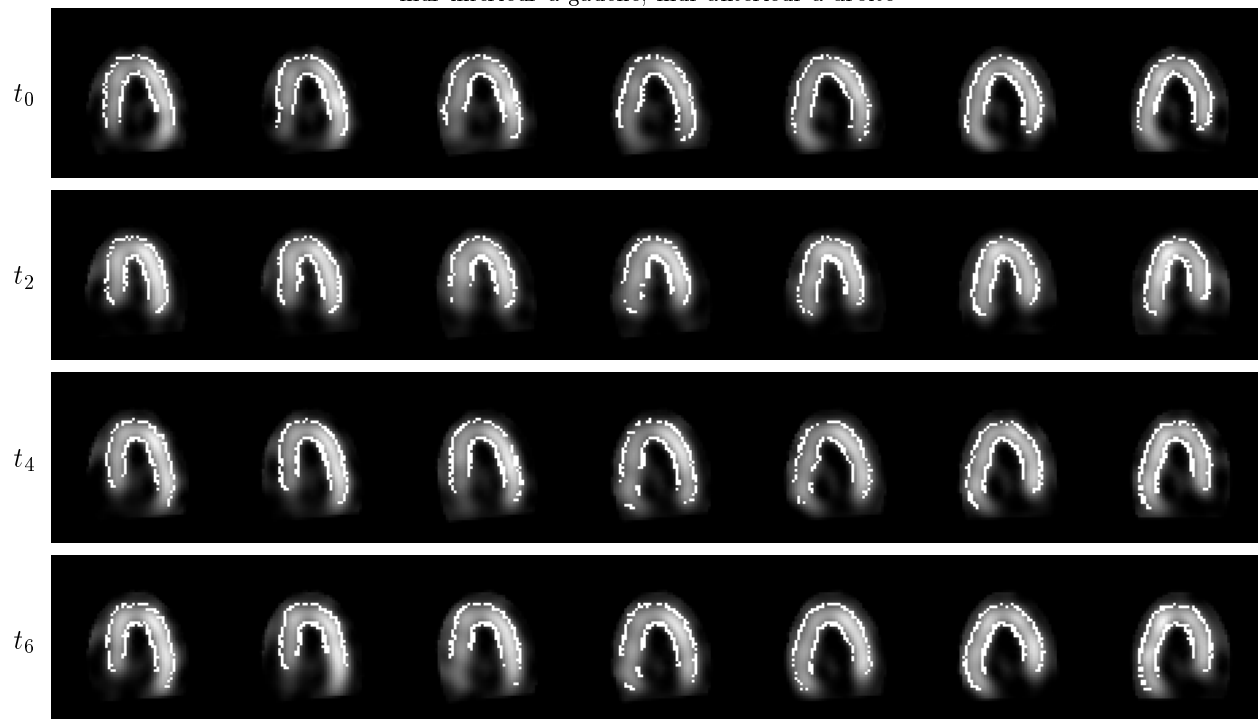


FIG. 9.2 – Les contours incrustés dans les images à quatre instants de la séquence (t_0 , t_2 , t_4 et t_6). Sur chaque ligne, une série de coupes échantillonnées en étoile autour du grand-axe. Cas normal (VANN).

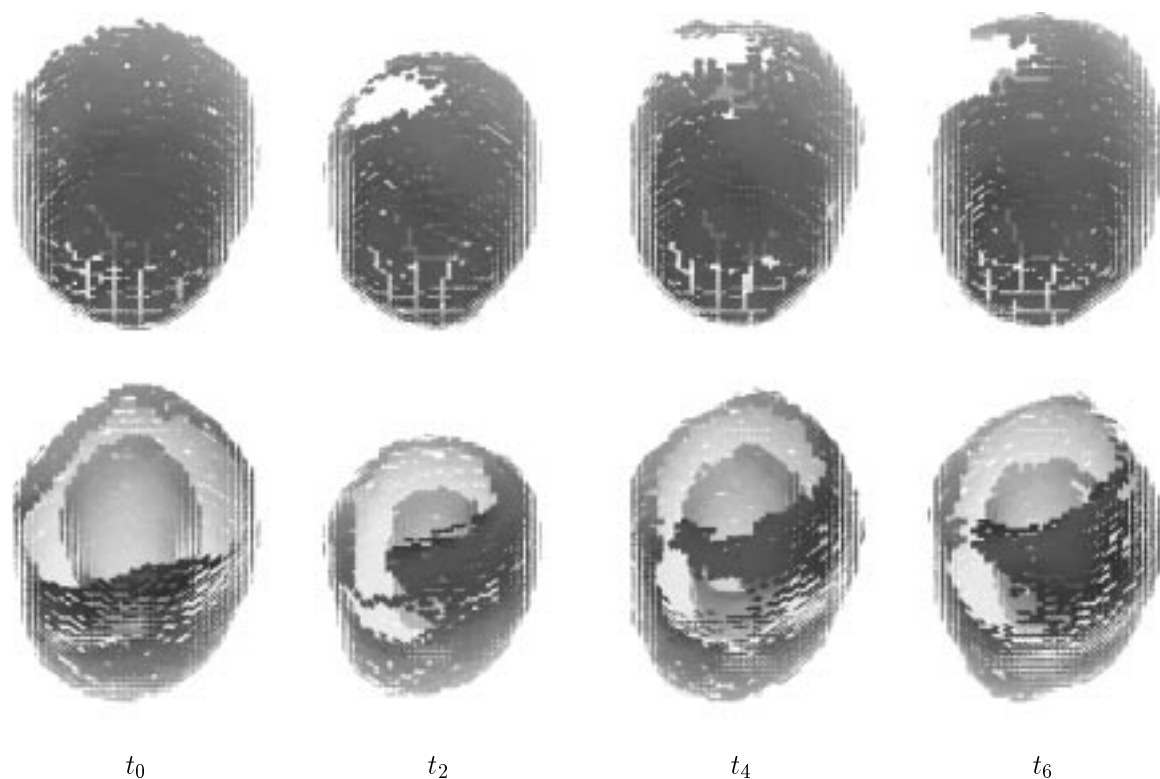


FIG. 9.3 – Les contours à quatre instants de la séquence (t_0 , t_2 , t_4 et t_6) représentés suivant deux vues (en haut, antéro-apicale, en bas, antéro-basale). Chaque point orienté est représenté comme un carré plein orthogonal à sa direction, donnant ainsi l'illusion d'une portion de surface. Noter le trou vers la base de l'épicarde antéro-septal. Cas normal (VANN).

9.3 Suivi du mouvement

9.3.1 Les points dans les images

Nous montrons dans les figures 9.4 à 9.9 les contours incrustés dans les images de 3 cas normaux et 3 cas pathologiques. Chaque ligne représente un échantillon du volume de l'image, pour chaque instant, les images sont incrustées avec les points originaux et avec les points de l'instant t_0 déformés par la transformation planisphérique 4D. Les contours déformés sont censés suivre la position des points originaux.

Sur la figure 9.4, nous pouvons observer que la base n'est bien segmentée qu'au temps t_3 . Au temps t_0 , elle n'est pas représentée par des points caractéristiques. La mise en correspondance peut alors donner des erreurs, certains points de l'endocarde (à t_0) étant mis en correspondance avec des points de la base (à t_3). Les figures 9.5 et 9.7 illustrent également ce phénomène.

Sur la figure 9.7, des points parasites sont détectés dans la cavité aux instants t_0 , t_1 et t_2 . Ces points peuvent influencer l'évaluation de la transformation planisphérique 4D, mais cela ne s'est pas produit de façon visible sur cette figure. L'algorithme mise en correspondance s'est apparemment bien comporté.

Sur les figures 9.7 et 9.8, vers le septum (à gauche et à droite sur les figures), des points parasites sont détectés aux temps t_1 , t_2 et t_3 mais pas à t_0 . Pour la plupart, ce sont des points du ventricule droit. Les contours déformés par la transformation planisphérique 4D sont apparemment correctement placés, les points de l'épicarde septal n'ont pas été attirés par ces points parasites.

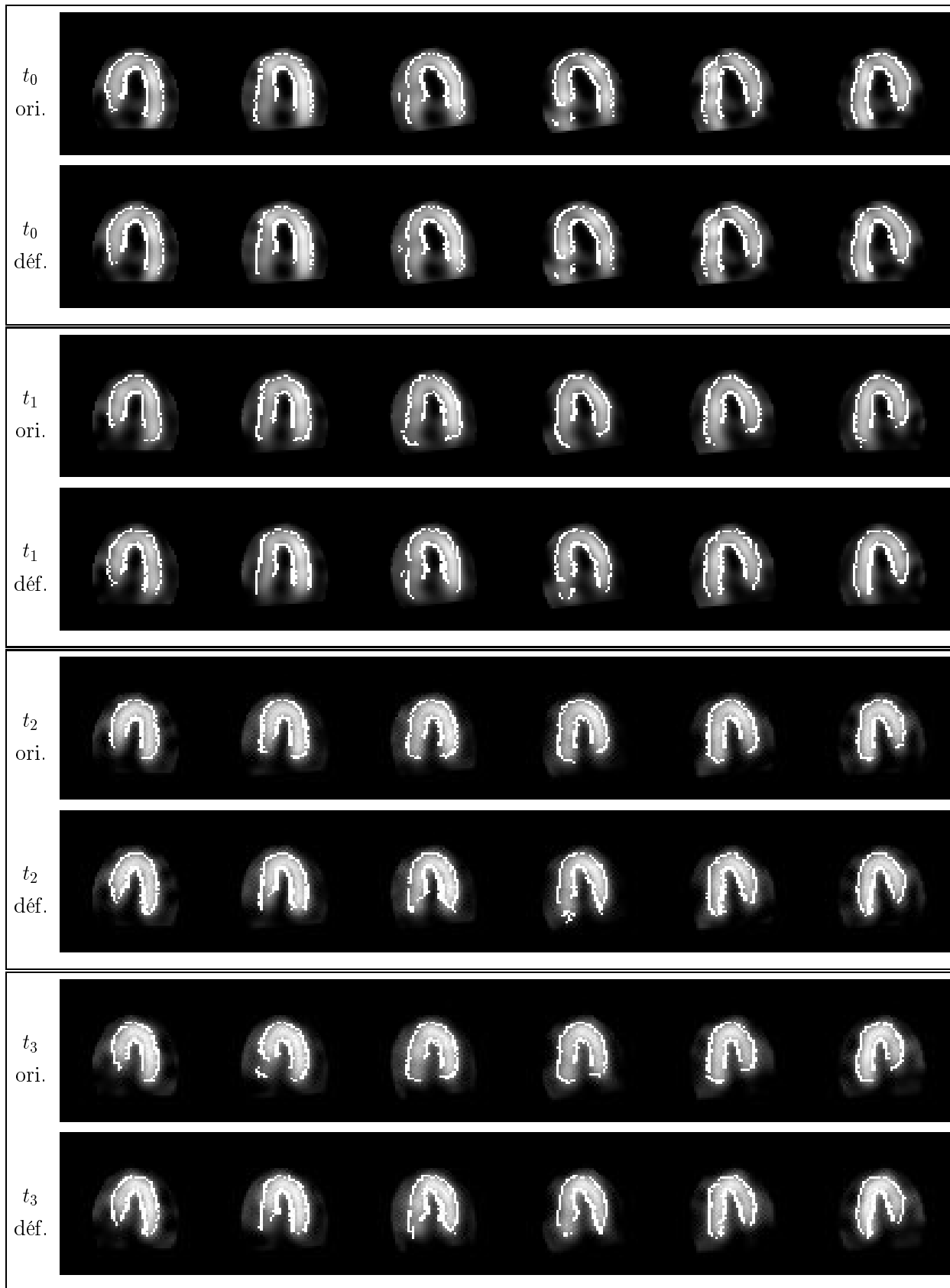


FIG. 9.4 – Les contours incrustés dans les images à quatre instants de la séquence couvrant la systole (de t_0 à t_3 , cas normal CRIR). Sur chaque ligne, une série de coupes échantillonnées en étoile autour du grand-axe, d’abord les contours originaux (lignes paires) puis les contours de l’instant t_0 déformés (lignes impaires).

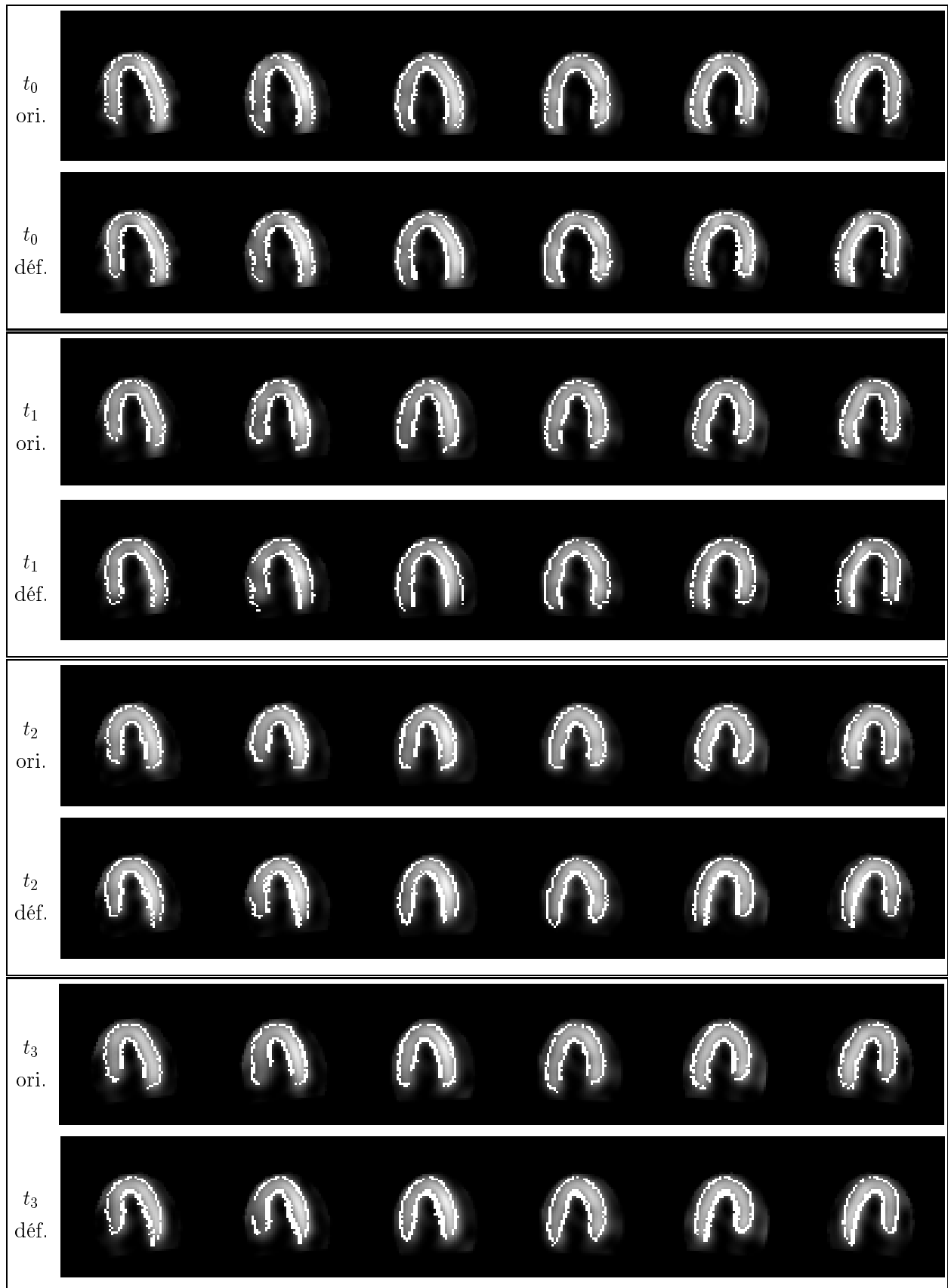


FIG. 9.5 – Les contours incrustés dans les images à quatre instants de la séquence couvrant la systole (de t_0 à t_3 , cas normal HUVM).

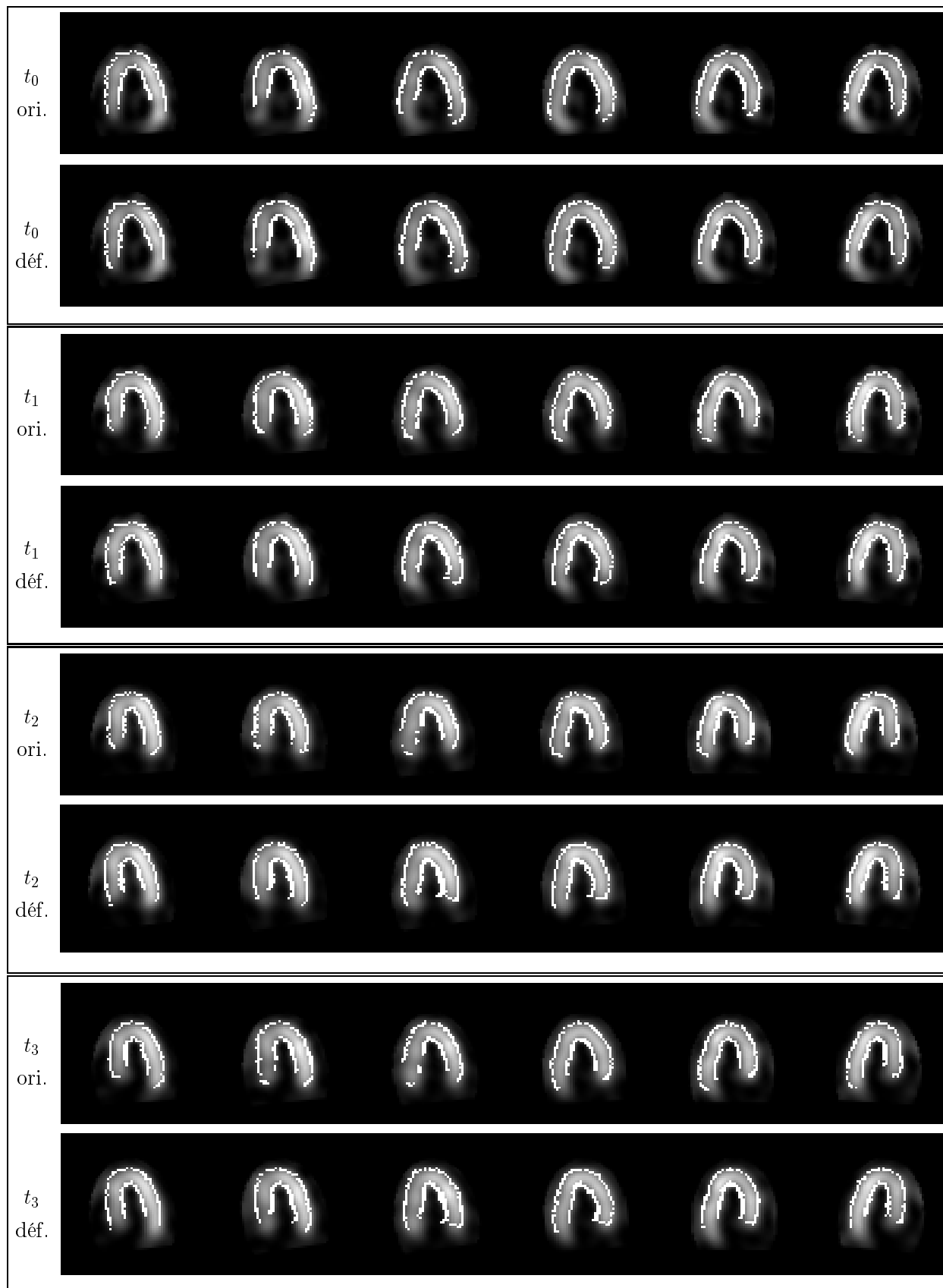


FIG. 9.6 – Les contours incrustés dans les images à quatre instants de la séquence couvrant la systole (de t_0 à t_3 , cas normal VANN).

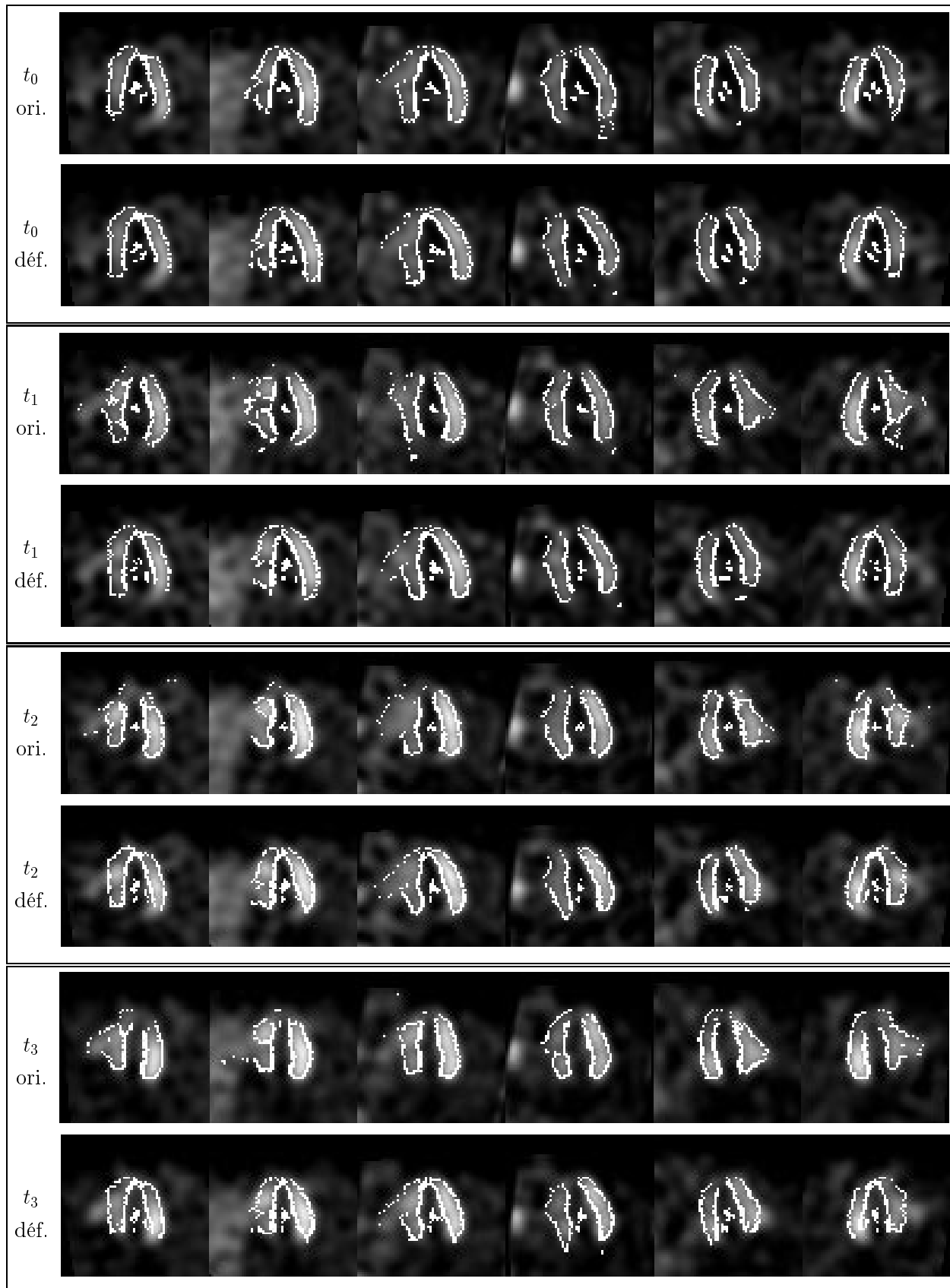


FIG. 9.7 – Les contours incrustés dans les images à quatre instants de la séquence couvrant la systole (de t_0 à t_3 , cas pathologique BOJO).

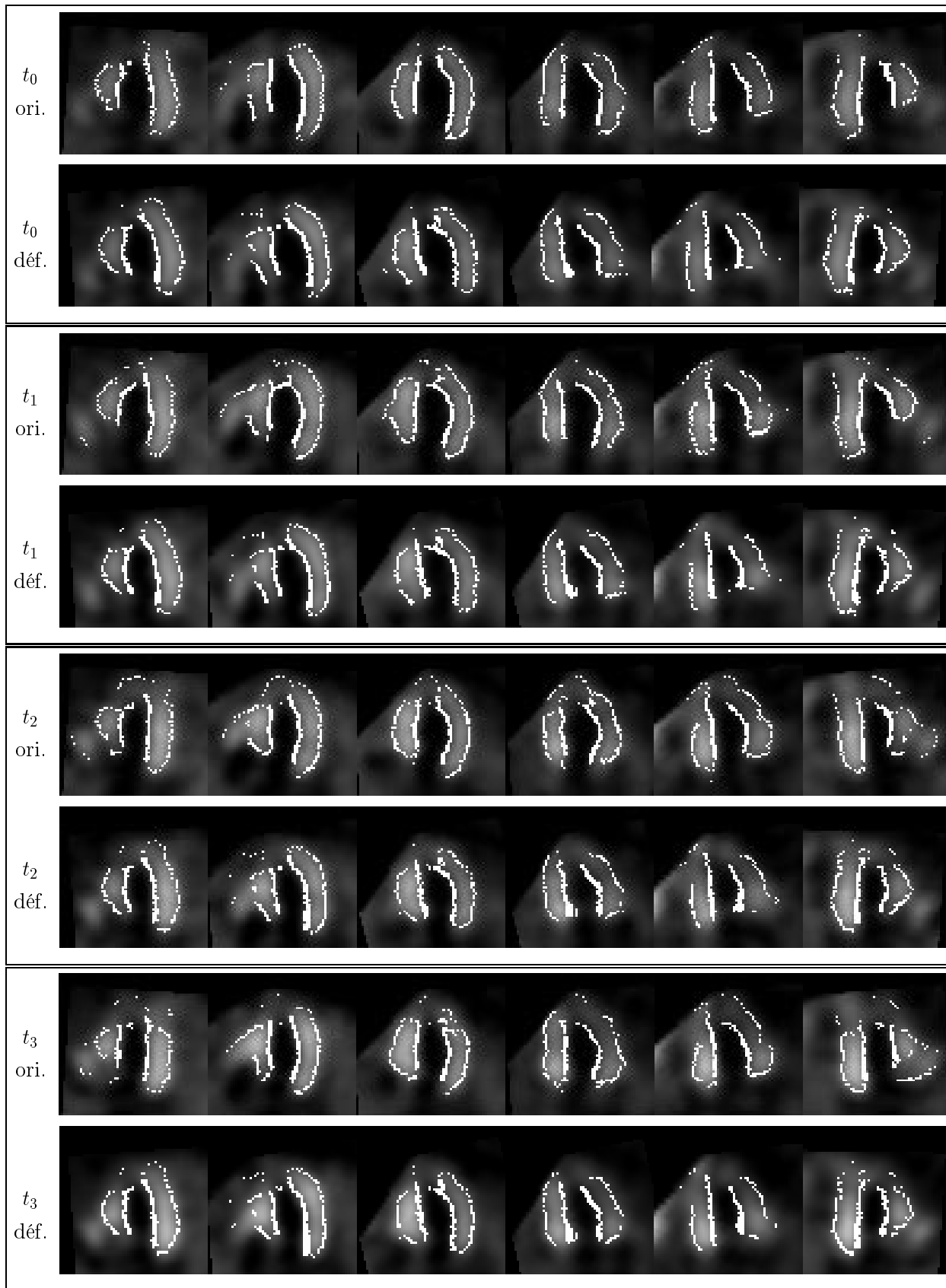


FIG. 9.8 – Les contours incrustés dans les images à quatre instants de la séquence couvrant la systole (de t_0 à t_3 , cas pathologique *COLL*).

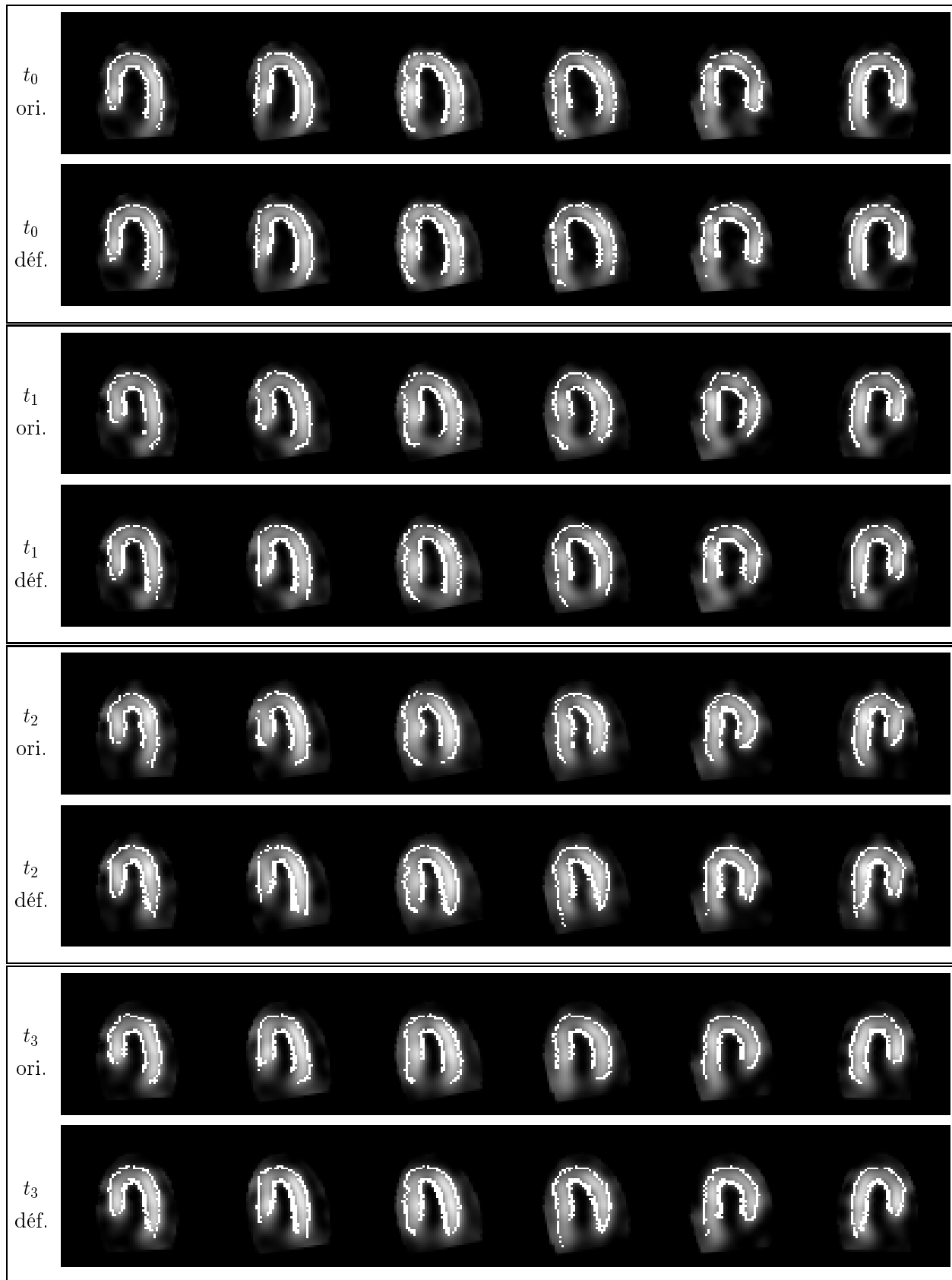


FIG. 9.9 – Les contours incrustés dans les images à quatre instants de la séquence couvrant la systole (de t_0 à t_3 , cas pathologique DEG).

9.3.2 Déformation des points caractéristiques

La figure 9.10 montre les points caractéristiques extraits à t_0 sur le cœur normal VANN déformés par la transformation planisphérique 4D à quatre instants de la séquence. Cette figure est à comparer à la figure 9.3 qui montre les points caractéristiques aux mêmes instants, ces points servant à la mise en correspondance. Le trou apparent vers la partie antéro-septale de l'épicarde a été comblé.

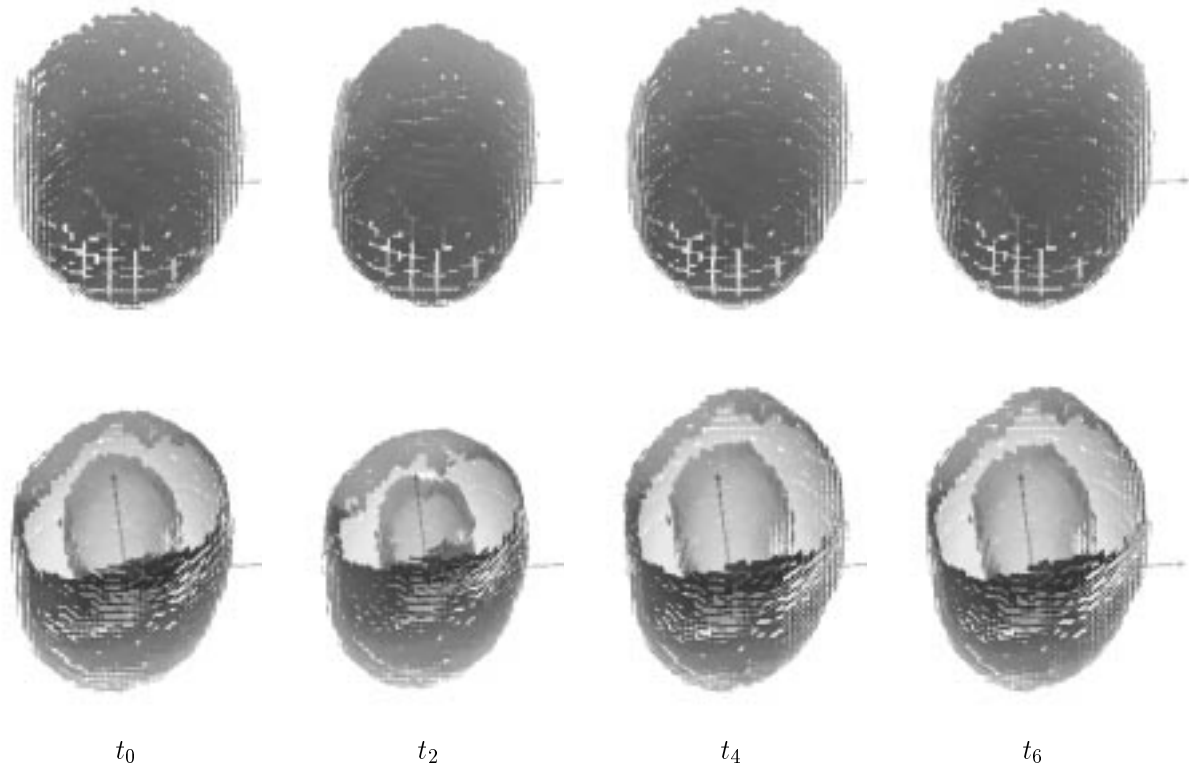


FIG. 9.10 – Les contours de l'instant t_0 déformés par la transformation planisphérique 4D à quatre instants de la séquence (t_0 , t_2 , t_4 et t_6), représentés suivant deux vues (en haut, antéro-apicale, en bas, antéro-basale). Cette figure est à comparer aux données exposées sur la figure 9.3. Cas normal (VANN).

9.3.3 Déformation de la surface du ventricule gauche

Avec la méthode présentée dans la première partie, nous avons transformé un ventricule gauche synthétique vers les données à t_0 de façon à disposer d'une surface pour la visualisation. La représentation du ventricule gauche est plus agréable que les points orientés des figures 9.3 et 9.10.

À partir des points extraits des images, nous cherchons une transformation planisphérique 4D avec $n_r = 2$, $n_\theta = 3$, $n_\varphi = 6$, $n_t = 5$ (ce qui fait 715 points de contrôle pour environ 60000 points de données). La figure 9.11 montre la surface reconstruite déformée par la transformation planisphérique 4D. Les trajectoires sont continues en espace et en temps, elles sont périodiques. La figure 9.13 présente des trajectoires calculées sur quelques points de la surface pour montrer leurs propriétés de continuité et de périodicité.

La figure 9.12 montre la surface de la figure 9.11 en coordonnées planisphériques qui sont les coordonnées dans lesquelles le critère de proximité est écrit. On peut noter que l'endocarde est clairement séparé de l'épicarde dans cette géométrie, le ventricule gauche prend bien une forme de galette.

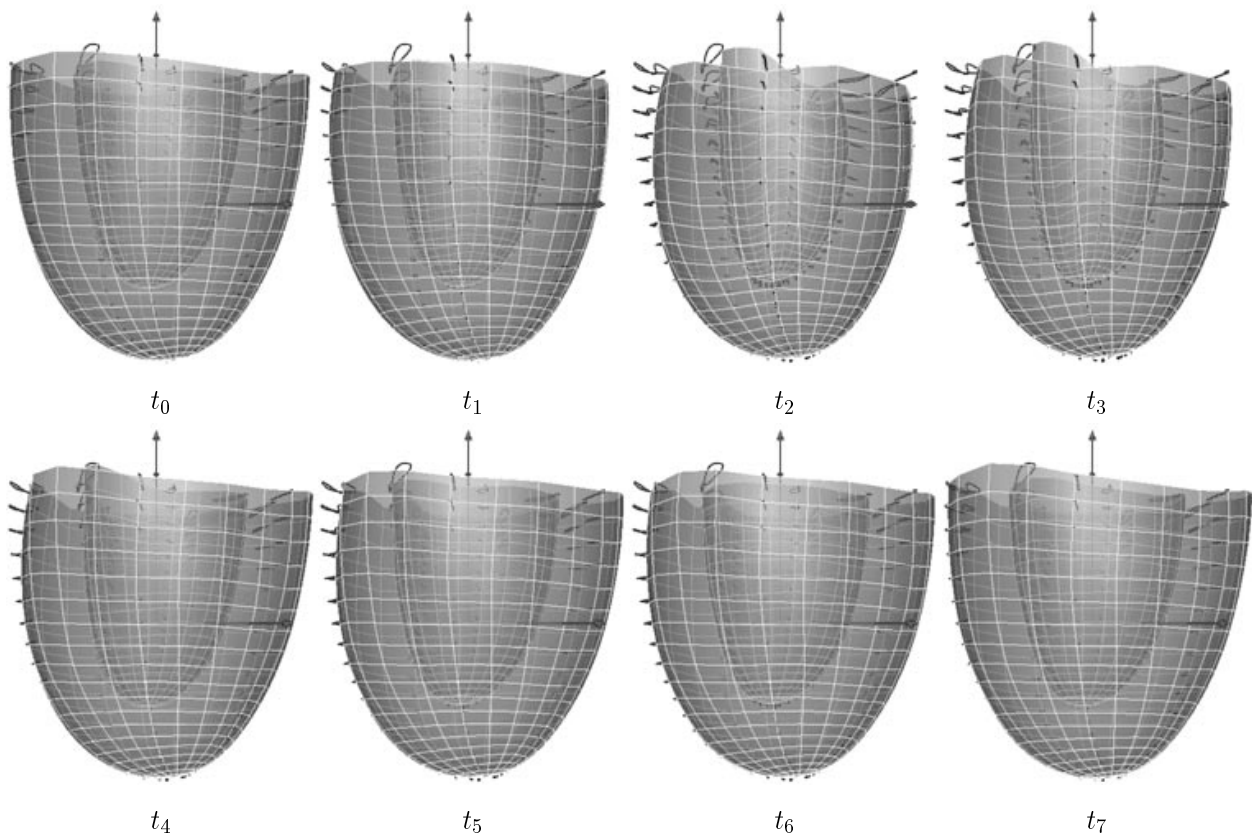


FIG. 9.11 – La surface du ventricule gauche reconstruite (il s'agit d'un modèle déformé vers les données, comme dans la partie I) et déformée par la transformation planisphérique 4D aux instants de la séquence, vue du mur antérieur (cas normal, VANN). Les trajectoires de quelques points sont également affichées.

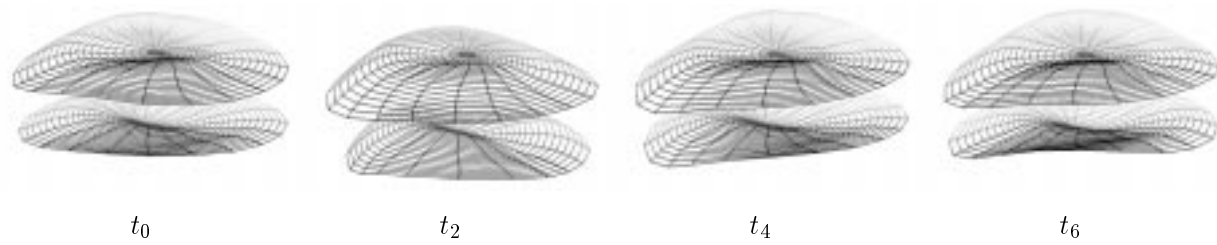


FIG. 9.12 – La surface reconstruite du ventricule gauche déformée par la transformation planisphérique $4D$, représentée dans les coordonnées planisphériques à quatre instants de la séquence (t_0 , t_2 , t_4 et t_6). Sur chaque figure, la distance R croît de bas en haut, l'endocarde apparaît donc en dessous, l'épicarde au dessus.

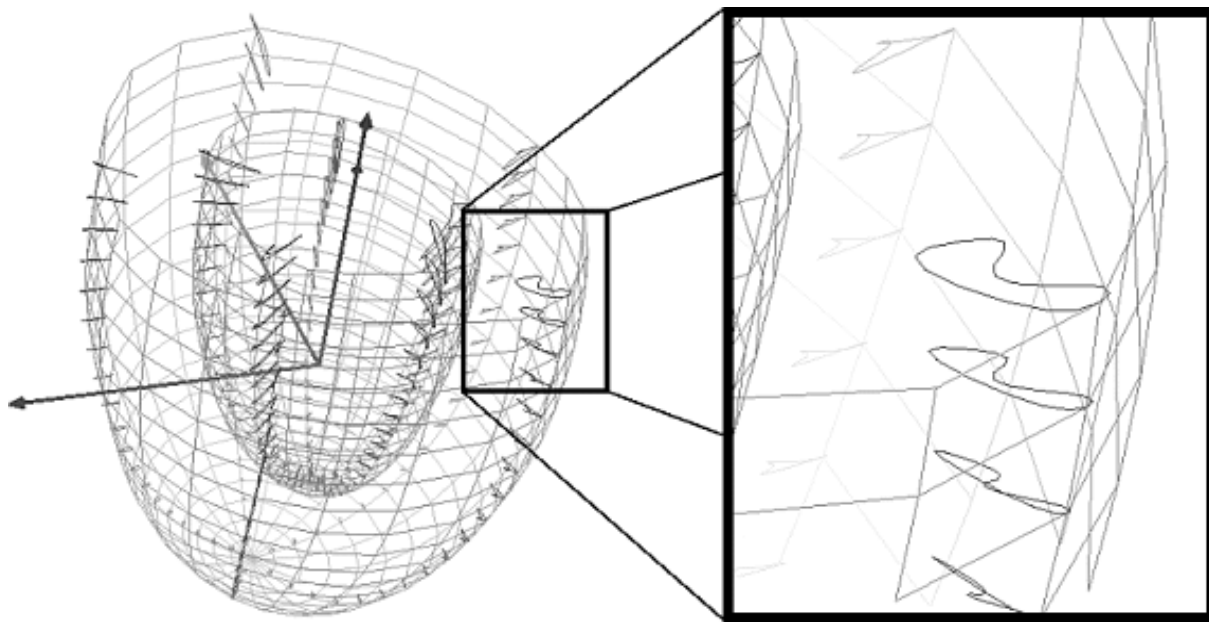


FIG. 9.13 – La surface reconstruite du ventricule gauche et les trajectoires de quelques points. Sur la droite, un agrandissement qui permet de constater la régularité temporelle et spatiale des courbes : 20 segments dessinent la trajectoires alors que 8 instants composent la séquence et les points voisins ont des trajectoires voisines.

La figure 9.14 montre la surface du ventricule gauche du cas pathologique BOJOMPS animée par la transformation planisphérique 4D. Le mouvement montre une akinésie septale, ce dont on peut se rendre compte en comparant le déplacement radial du mur latéral (à droite) par rapport à celui du septum (à gauche) pendant la systole : les trajectoires sont beaucoup plus courtes à gauche qu'ailleurs. L'analyse du mouvement confirmera cette constatation.

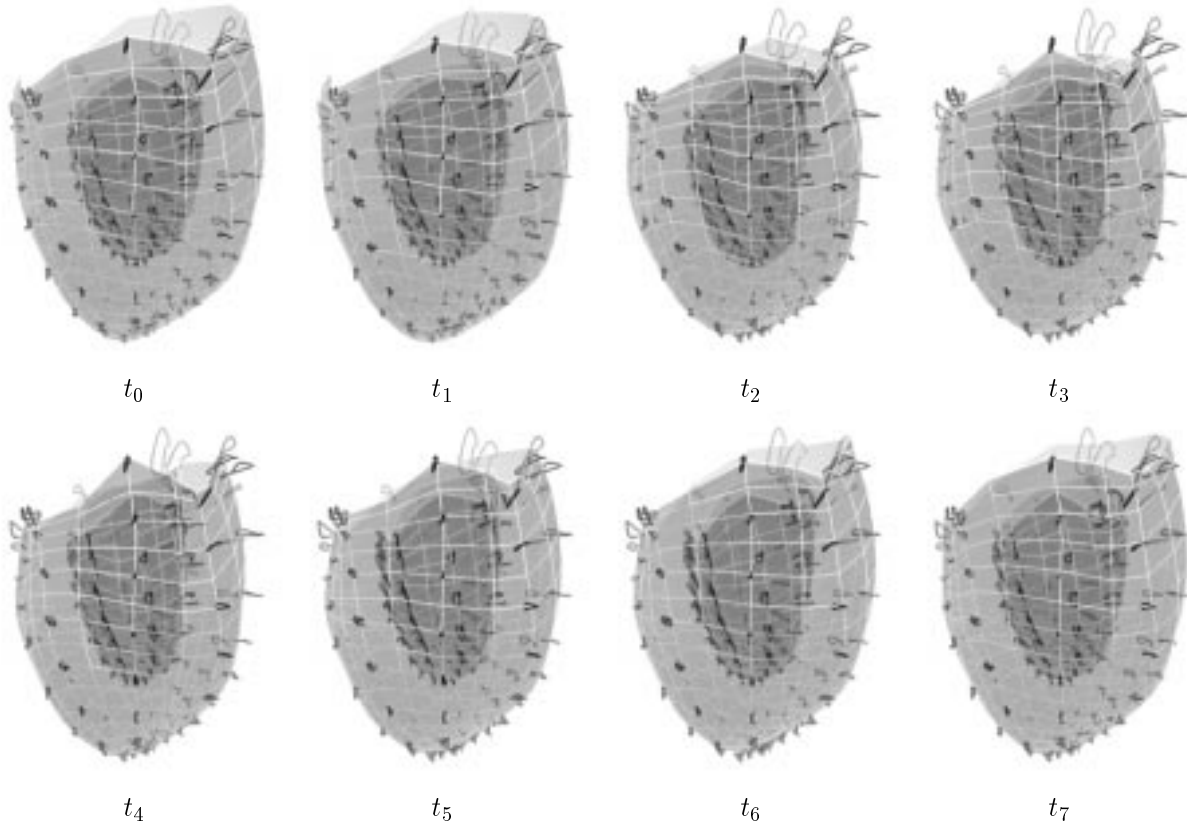


FIG. 9.14 – La surface du ventricule gauche reconstruite et déformée par la transformation planisphérique 4D aux instants de la séquence, vue du mur antérieur (cas pathologique BOJOMPS). Les trajectoires de quelques points sont également affichées.

Avec les paramètres choisis, le temps de calcul est d'environ huit minutes sur une station de travail DEC Alpha cadencée à 400 MHz. Après différents essais, nous avons choisi de fixer le nombre maximum d'itérations à 4. Le nombre de points de données est d'environ 60 000, ce qui est considérable. Pour nos essais, nous n'avons pas cherché à optimiser le temps de calcul, sachant qu'il est possible de le réduire en diminuant le nombre de points à prendre en compte. La densité de points est telle qu'il serait sans doute possible de prendre un point sur cinq sans perdre en précision. Nous n'avons pas réalisé ces tests dans ce manuscrit.

De plus, comme nous l'avons exposé dans la section 4.2.5 du chapitre 4, nous rappelons qu'un grand nombre de calculs sont redondants d'une itération à l'autre. L'économie de temps que propose la méthode présentée dans cette même section permettrait là aussi d'augmenter le nombre

d'itérations sans augmenter la longueur du calcul.

9.3.4 Les appariements trouvés par l'algorithme PPPI

La figure 9.15 montre, pour quatre instants de la séquence, les paires de points mis en correspondance : ces segments qui joignent les points de l'instant t_0 déformés à t_n par la transformation planisphérique 4D et les points de l'instant t_n les plus proches trouvés par l'algorithme PPPI. Cette figure montre le bon comportement de l'algorithme en présence d'occultation. Dans les données originales (figure 9.3), une zone de l'épicarde (vers la base antéro-septale) n'a pas été correctement détectée par l'algorithme d'extraction de primitives, créant ainsi un trou. Aucun point du contour initial déformé n'a trouvé de correspondant dans cette zone, c'est pourquoi aucune paire n'apparaît dans cette région sur la figure 9.15. La 9.16 montre un détail de cette région occultée.

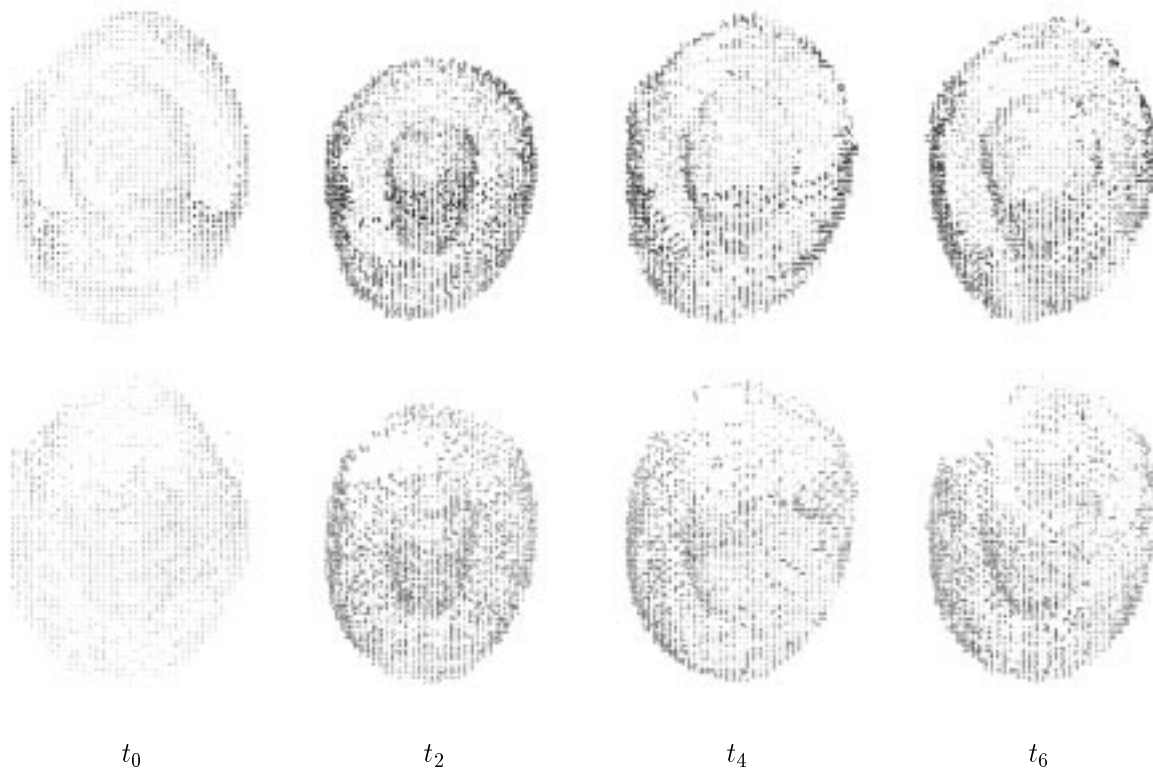


FIG. 9.15 – Chaque colonne représente les appariements trouvés par l'algorithme PPPI à quatre instants de la séquence (t_0 , t_2 , t_4 et t_6 , en haut, vue antéro-apicale, en bas, vue antéro-basale). Les segments joignent les points de l'instant t_0 déformés par la transformation planisphérique 4D et les points de l'instant t_n trouvés par l'algorithme PPP (représentés respectivement sur les figures 9.10 et 9.3). Noter qu'aucun point du trou de la base de la partie antéro-septale de l'épicarde n'a trouvé de correspondant, montrant ainsi le bon comportement de l'algorithme en cas d'occultation de données.

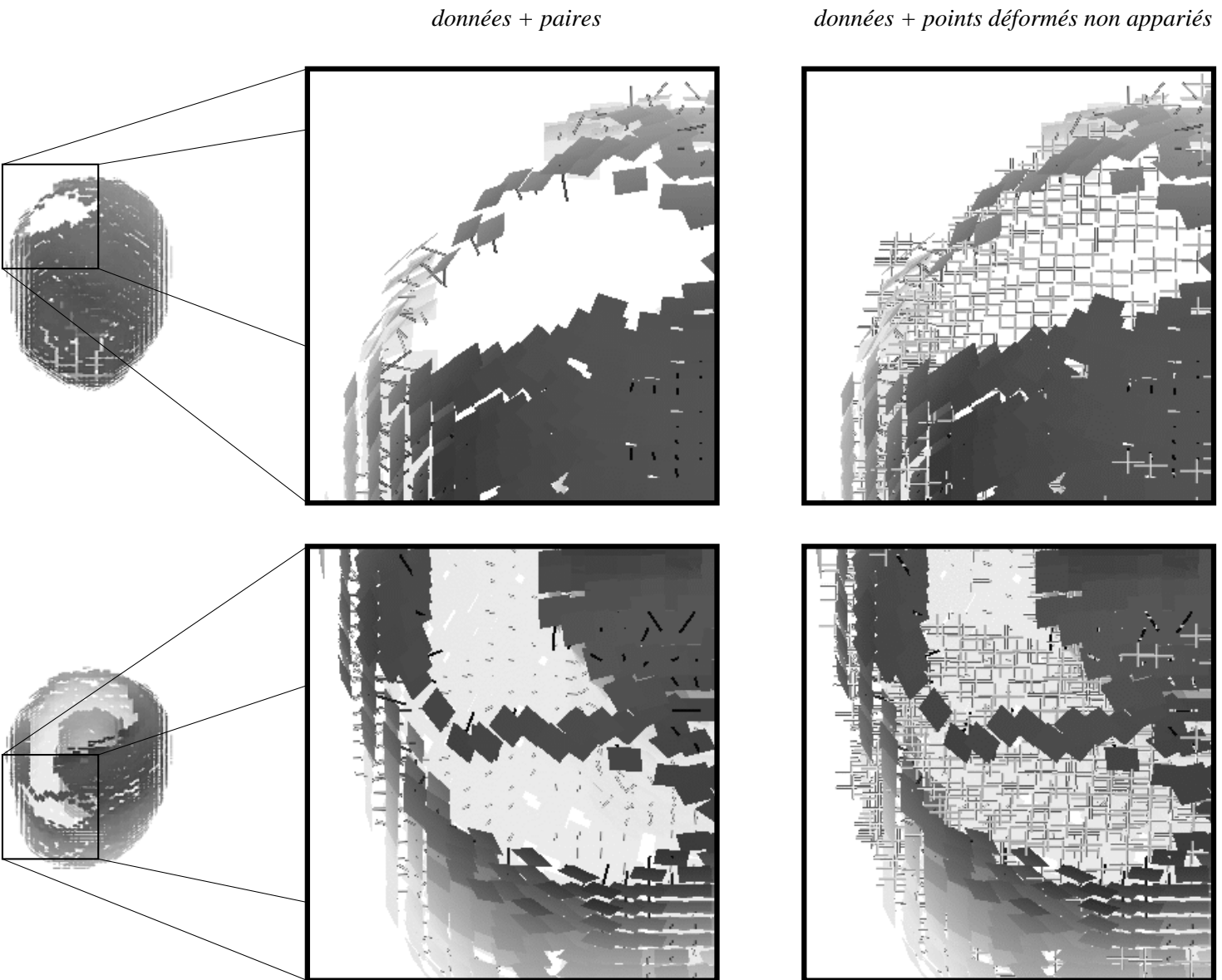


FIG. 9.16 – Agrandissement des figures 9.3 et 9.15 pour les points à l'instant t_2 . En tournant la figure, en haut, vue antéro-apicale, en bas, vue antéro-basale. Les figures agrandies montrent, à gauche, les points originaux (carrés pleins) et les appariements (lignes) trouvés par l'algorithme PPI et à droite, les points originaux (carrés pleins) avec les points de l'instant t_2 déformés à t_2 (croix) qui n'ont pas trouvé de correspondant.

9.4 Analyse du mouvement

9.4.1 Les paramètres canoniques en fin de systole

Nous calculons ici les paramètres présentés dans le chapitre 6 pour le ventricule gauche normal. Nous montrons sur la figure 9.17 les paramètres en fin de systole (mouvement radial, élévation, rotation apico-basale) pour un cœur normal (cas VANN) et pour un cœur pathologique (cas BOJO). Nous constatons que la quantification du mouvement radial est la seule qui donne des résultats sensés, conformes à ce que nous attendons. Les mouvements tangents (élévation et rotation) sont plus surprenants :

- *mouvement radial*: le mouvement du ventricule gauche du cas BOJO révèle une akinésie septale. Cette akinésie (absence de mouvement) est visible sur la carte des paramètres qui présente le mur septal en couleur bleu sombre, signifiant une faible valeur ($0 - 0,05$). Dans le cas normal, la même partie est colorée entre le cyan et le vert ($0,1 - 0,2$).
- *mouvements tangents*: les valeurs trouvées pour l'élévation et la rotation apico-basale sont plus inattendues et doivent d'être considérées avec précaution. Les valeurs calculées sont très différentes, ce qui est visible sur les cartes de couleur. Nous n'arrivons pas à expliquer ces différences, une expérimentation plus systématique sur un grand nombre de cas doit être réalisée pour comprendre la variabilité.

Il est probable que le mouvement qui est calculé à partir des données soit sous-estimé parce que le critère de proximité qui sert à définir les appariements ne permet pas de retrouver les mouvements tangents dans la surface : ces mouvements laissent la géométrie du ventricule gauche quasi-invariante à cause des symétries du ventricule gauche et sont donc difficile à détecter. Cependant, il est possible d'extraire une information sur le mouvement, même si celui-ci est inexact. Notre intérêt est de chercher cette information plutôt que de retrouver un mouvement parfait.

9.4.2 Le mouvement radial au cours de la systole

Les figures précédentes montrent la répartition spatiale des paramètres à un instant fixé. Grâce à la transformation 4D, il est possible, pour un point fixé, de calculer l'évolution d'un paramètre au cours du temps. Par exemple, les figures 9.19 et 9.20 montrent l'évolution du paramètre de mouvement radial au cours de la systole, pour un cas normal (VANN) et pathologique (BOJO) respectivement.

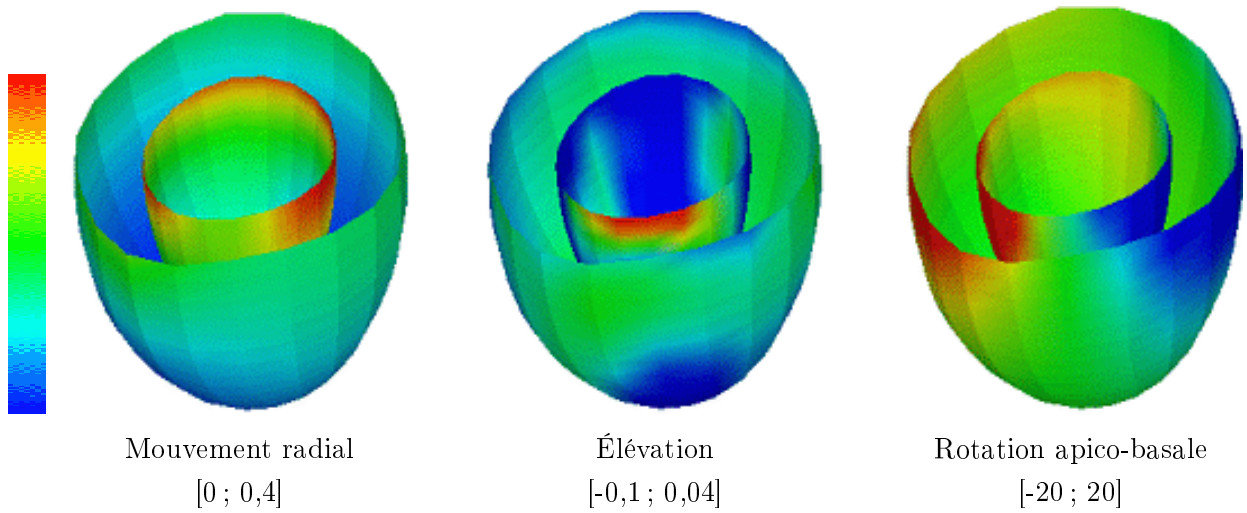


FIG. 9.17 – La surface du ventricule gauche coloriée avec les valeurs des paramètres en fin de systole. À droite, le mouvement radial, au centre, l'élévation, à droite, la rotation apico-basale. L'échelle montre les couleurs des valeurs croissantes de bas en haut. Cas normal (VANN).

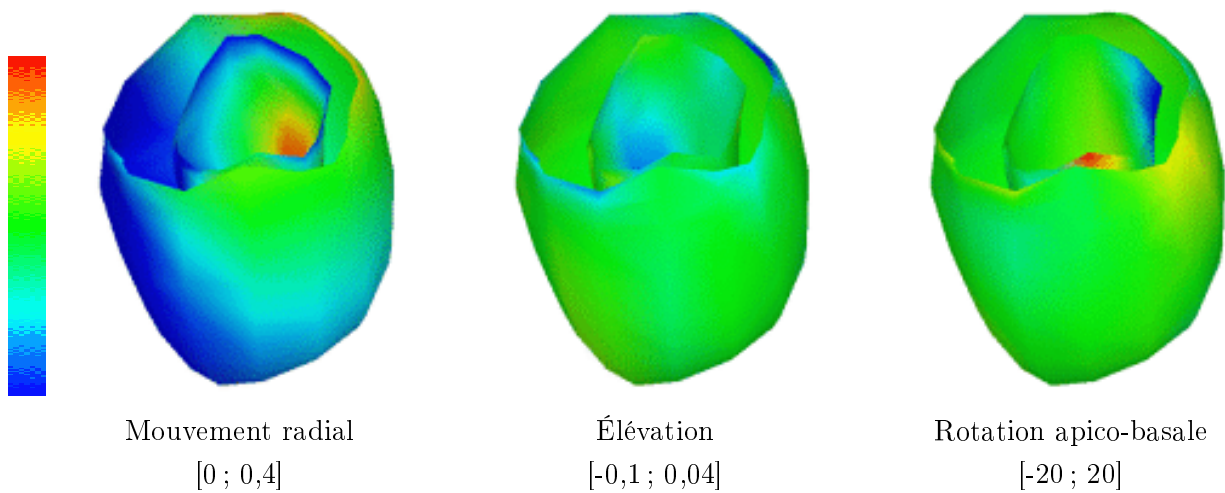


FIG. 9.18 – La surface du ventricule gauche coloriée avec les valeurs des paramètres en fin de systole. À droite, le mouvement radial, au centre, l'élévation, à droite, la rotation apico-basale. L'échelle montre les couleurs des valeurs croissantes de bas en haut. Cas pathologique (BOJO).

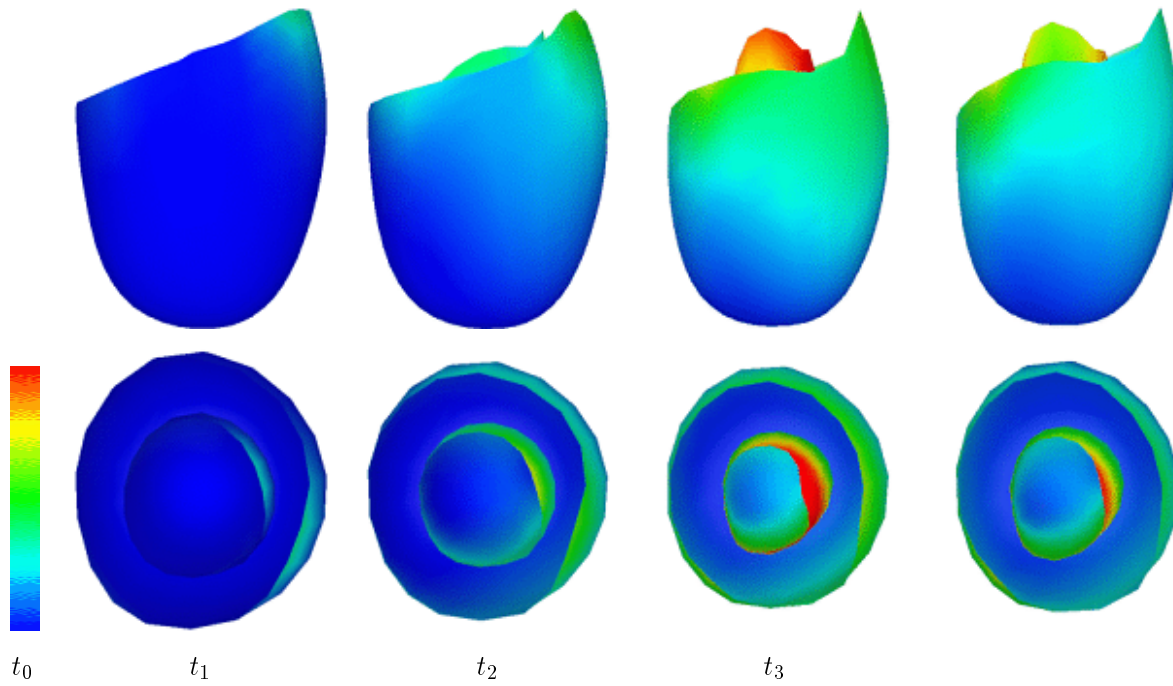


FIG. 9.19 – La surface du ventricule gauche coloriée par le paramètre de mouvement radial pendant la systole, suivant deux vues (en haut, du mur antérieur, en bas, de la base). Cas normal (VANN).

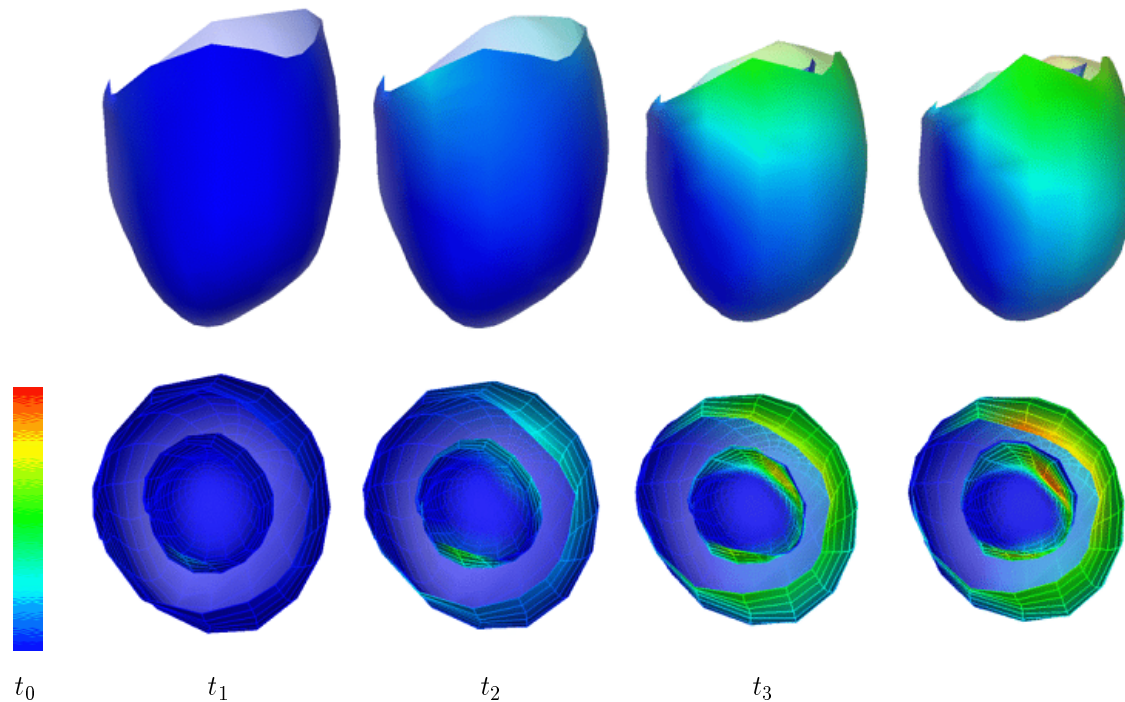


FIG. 9.20 – La surface du ventricule gauche coloriée par le paramètre de mouvement radial pendant la systole, suivant deux vues (en haut, du mur antérieur, en bas, de la base). Cas pathologique (BOJO).

9.4.3 Analyse de Fourier

L'évolution temporelle est une information qui peut être condensée en réalisant une analyse de Fourier des courbes ainsi obtenues, puisque la séquence est périodique. Les figures 9.21 et 9.22 montrent, pour les cas normaux et le cas pathologique BOJO respectivement, l'amplitude et la phase de la première harmonique de Fourier de la variation du paramètre de mouvement radial en fonction du temps : l'évolution de ce paramètre est donc approximé par une sinusoïde. Cette première harmonique a la fréquence du cycle cardiaque et montre l'évolution à une échelle grossière des paramètres au cours du cycle.

Dans les cas normaux, il existe une certaine variabilité entre les valeurs des différents paramètres retrouvés :

- les valeurs calculées à la base sont hasardeuses, il ne faut pas y prêter attention car le mouvement calculé à cet endroit est sensible aux occultations : la base est un bord, il est délicat de déterminer si une absence de points est dû à une contraction de la surface ou à un échec de la détection des points caractéristiques. Grâce à une meilleure identification de la base, le calcul du mouvement sera plus robuste ;
- hormis ces régions sensibles, les valeurs d'*amplitude* calculées ont une distribution relativement homogène entre les différents cas, elle permet d'identifier les régions *akinétiques*. Nous constatons que les parties proches de l'endocarde se contractent plus que les parties proches de l'épicarde. Également, nous observons que les régions septales et surtout apicales se contractent moins que les autres murs ;
- la *phase* permet de détecter des régions *dyskinétiques*. Le calcul montre que le septum se déplace vers le centre légèrement plus tard que les autres murs : cela est surtout visible sur les cas VANN et HUVVM. Le cas HUVVM est globalement déphasé par rapport aux autres d'environ 40 degrés, ce qui est à peu près équivalent la durée d'un intervalle $t_{n+1} - t_n$. Cela est peut-être dû à une mauvaise numérotation de l'image de fin de diastole qui fixe l'origine de la variable temps.

Les mouvements que nous avons calculés sur ces trois cas normaux ne sont toutefois pas suffisamment semblables pour que nous puissions conclure avec certitude sur la sensibilité des paramètres que nous calculons. Il faudra éprouver la méthode sur une base de données plus grande (une quarantaine de cas devraient suffire). Cela étant, nous pouvons faire quelques remarques sur le cas pathologique BOJO (figure 9.22) :

- l'*amplitude* : les faibles valeurs de déplacement radial font apparaître le septum en sombre, révélant ainsi l'akinésie qui touche cette région ;
- la *phase* : les valeurs très différentes calculées dans la région septale doivent être considérées avec précaution, car l'amplitude du paramètre est faible à cet endroit : la sinusoïde qui approxime la valeur du paramètre est donc presque plate, son origine est peu marquée.

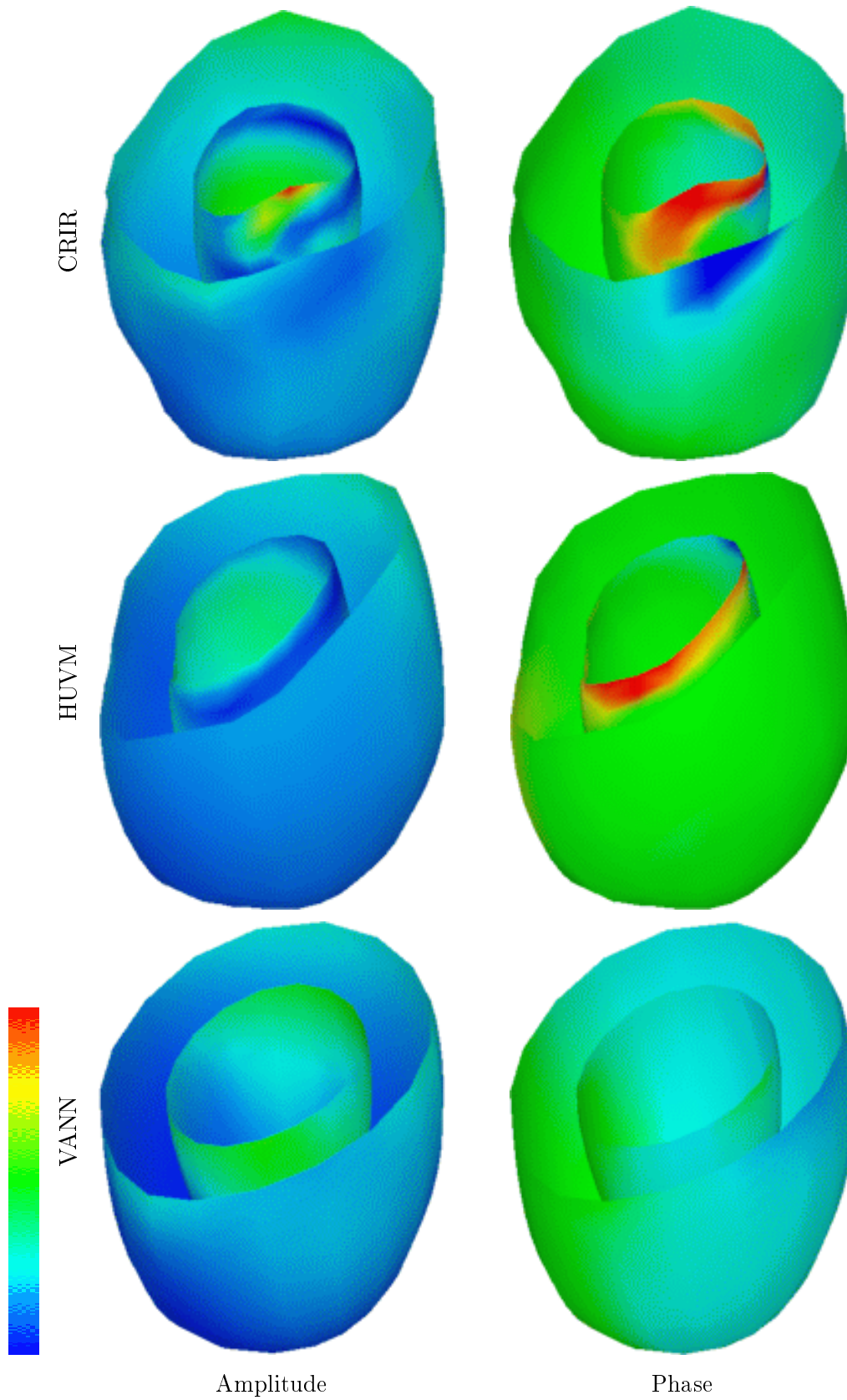


FIG. 9.21 – La surface du ventricule gauche coloriée avec l'amplitude (à gauche) et la phase (à droite) de la première harmonique de Fourier du mouvement radial. Cas normaux (CRIR, HUVM et VANN).

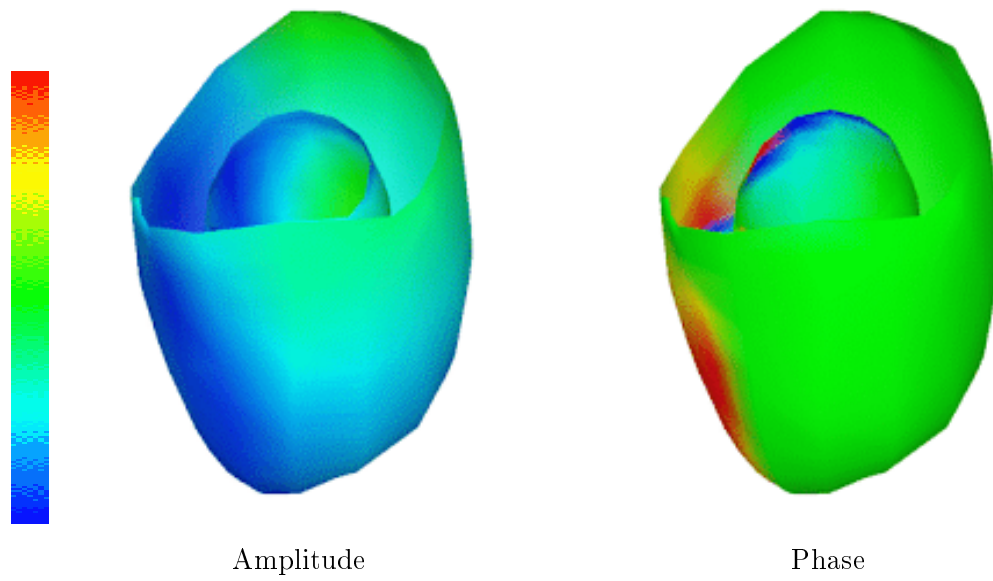


FIG. 9.22 – La surface du ventricule gauche coloriée avec l'amplitude (à gauche) et la phase (à droite) de la première harmonique de Fourier du mouvement radial. Cas pathologique (BOJO)

Chapitre 10

Expériences : images IRM marquée

Nous présentons dans ce chapitre les résultats des expériences menées sur des images de ventricule gauche acquises par IRM marquée. Nous disposons d'un cas normal et d'un cas pathologique.

Nous présentons les résultats aux différentes étapes de la détection du mouvement selon la modalité employée et nous montrons l'analyse réalisée à partir du mouvement reconstruit.

10.1 Les données

10.1.1 Les images et leur géométrie

La figure 10.1 montre les plans de coupe des images dans la géométrie originale du patient. Les plans en coupe petit-axe sont parallèles et régulièrement espacés le long du grand axe. Les plans en coupe grand axe sont régulièrement distribués autour de cet axe en lequel ils s'intersectent. Pour le cas normal, nous disposons de 9 plans de coupe dans chacune des projections (PA0, PA90

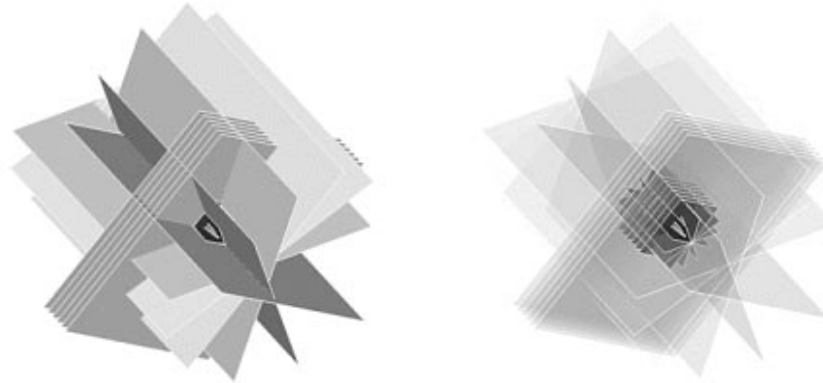


FIG. 10.1 – Les plans de coupe des images dans la géométrie originale (transverse, sagittal, coronal). La région d'intérêt apparaît en sombre.

et GA), 10 volumes sont acquis toutes les 32,5 millisecondes, couvrant la systole (de $t_0 = 51,25$ ms à $t_8 = 311,25$ ms) et le début de la diastole ($t_9 = 343,75$ ms). Nous rappelons que l'origine de l'échelle de temps est prise à la génération des plans de marquage ($t_M = 0$).

Pour le cas pathologique, nous disposons de 6 plans de coupe dans chacune des projections, 12 volumes sont acquis toutes les 33 millisecondes, couvrant la systole (de $t_0 = 38$ ms à $t_8 = 298$ ms) et une partie de la diastole ($t_9 = 330$ ms à $t_{11} = 395$ ms). La pathologie qui atteint le patient est un infarctus du mur inférieur qui a eu lieu 8 jours avant l'acquisition de l'image. Un examen complémentaire a montré une sténose grave de l'artère coronaire gauche descendante et de l'artère coronaire droite. Un examen échographique a montré une réduction du mouvement du mur.

Dans les deux cas, la taille du pixel est de 1,4 mm dans le plan de coupe, l'épaisseur de la coupe est de 8 mm. L'observation des images nous a permis de constater que le cas pathologique est de moins bonne qualité que le cas normal : le contraste est moins bon entre le sang de la cavité ventriculaire et le myocarde, les lignes de marquage sont moins visibles et plus diffuses.

Les images nous ont été fournies par le Docteur Elliot McVeigh de l'École de Médecine de l'Université Johns Hopkins, à Baltimore (États-Unis). Nous l'en remercions chaleureusement.

10.1.2 Sélection de la région d'intérêt

La sélection de la région d'intérêt (une boîte cylindrique autour du ventricule gauche) a été réalisée manuellement. Cette opération est simple à réaliser et réduit considérablement la taille des images à traiter : typiquement, la région d'intérêt couvre une surface de 90x90 pixels alors que l'image originale est 256x256 (figure 10.2).

Enfin, la dernière étape de préparation des données consiste à segmenter le myocarde, opération que nous avons réalisée à la main grâce à un logiciel de dessin d'image. Cette étape est la plus critique de la méthode puisqu'il s'agit de segmenter un grand nombre de coupes (270 dans le cas normal, 216 dans le cas pathologique) un organe qui n'est pas toujours facilement identifiable, ainsi que nous l'avons expliqué au chapitre 8 (section 8.2.1). Cette opération peut prendre plusieurs heures à un expert.

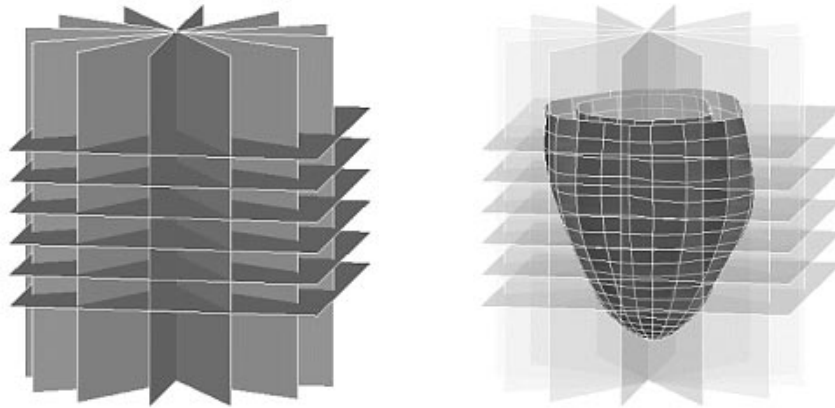


FIG. 10.2 – Les plans de coupe de la région d'intérêt dans la géométrie cardiaque (grand-axe, petit-axe, quatre cavités). La surface du ventricule gauche extraite du masque binaire apparaît en sombre.

10.1.3 Calcul du système de coordonnées planisphériques

Une fois le myocarde segmenté, il est possible de générer une surface limitant les parois du myocarde. Nous utilisons cette surface pour définir un système d'axes pour le système de coordonnées planisphériques 3D. Nous définissons un modèle simpliste constitué de deux demi-ellipsoïdes (un par paroi) pour lesquels nous avons identifié un centre C , un point de base B et un point du mur latéral L . Ce modèle est ensuite déformé vers la surface générée par la segmentation. Pour cela, nous appliquons la méthode de mise en correspondance exposée dans la première partie en faisant jouer aux points du modèle le rôle du modèle de référence et aux points de la surface segmentée celui des points de l'image effort. Ainsi, nous calculons une transformation volumique B-spline du modèle vers la surface segmentée (figure 10.3). Par cette transformation, nous calculons les images C' , B' et L' des points C , B et L pour définir le système de coordonnées planisphériques (voir section 7.4.1).

Pour éviter les appariements erronés et accélérer la convergence, nous définissons quatre classes de points entre lesquelles nous calculons la mise en correspondance : nous identifions les points de

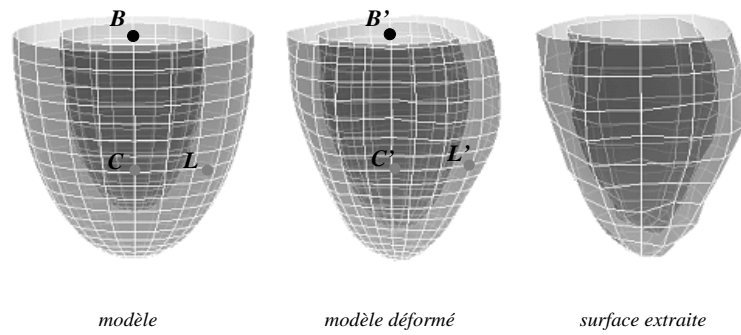


FIG. 10.3 – Le modèle simpliste (à gauche) est déformé (au centre) de façon à se rapprocher de la surface extraite des masques de segmentation (à droite). Le système de coordonnées planisphériques est calculé à partir des points C' , B' et L' .

l'endocarde, de l'épicarde, de la base de l'endocarde et de la base de l'épicarde. Chaque point d'une classe ne peut être mis en correspondance qu'avec un point de même classe. Le calcul de cette transformation prend quelques secondes sur une station de travail DEC cadencée à 400 Mhz (720 points par surface).

10.2 Détection et étiquetage des lignes de marquage

10.2.1 Les points dans les images

Nous avons utilisé la méthode présentée au chapitre 8 pour extraire les points de marquage dans les deux séries de séquences (normale et pathologique). La figure 10.4 montre les points extraits des images du cas normal à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole et télésystole). Les lignes sont de couleur alternativement jaune et bleue pour montrer la propagation de l'étiquetage au cours de la séquence. La figure 10.5 montre les résultats de la méthode dans le cas pathologique, résultats que l'on peut comparer sur la figure 10.6 à ceux de la méthode de Mike Guttman détaillée dans (Guttman et al., 1994). On constate sur la figure 10.4 l'absence de détection dans une région latérale sur les coupes grand axe. La méthode de Mike Guttman, qui est une approche plus globale puisque procédant le long de la ligne entière, est plus robuste que notre méthode locale.

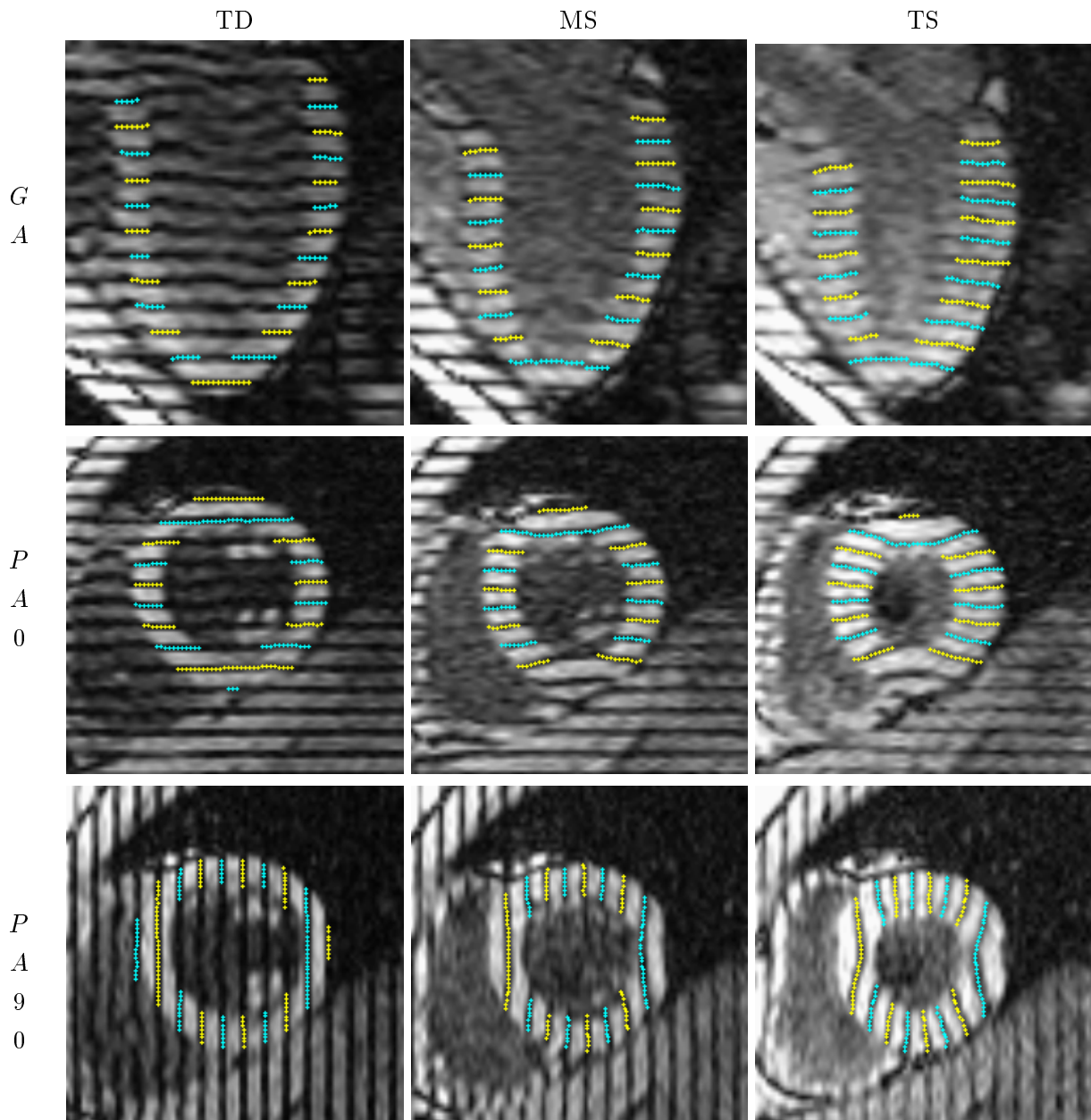


FIG. 10.4 – Les points de marquage suivant les trois directions de marquage (GA, PA0 et PA90) à trois instants différents (télédiastole, mi-systole et télésystole). Cas normal. Dans les coupes grand axe, le septum est à gauche, le mur latéral à gauche. Dans les coupes petit axe, le septum, est à droite, le mur antérieur en haut, le mur latéral à droite et le mur inférieur en bas.

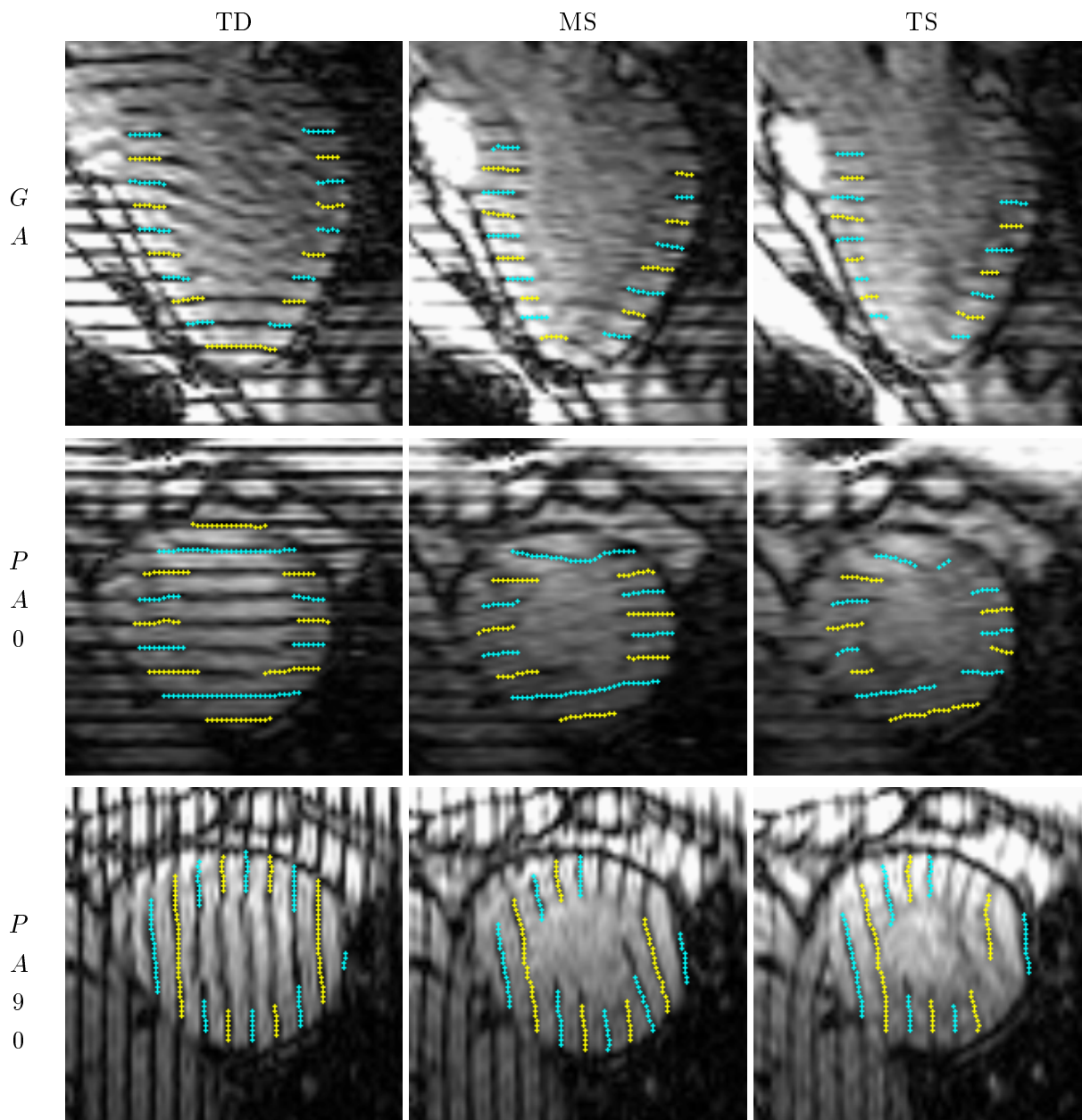


FIG. 10.5 – Les points de marquage suivant les trois directions de marquage (GA, PA0 et PA90) à trois instants différents (télédiastole, mi-systole et télésystole). Cas pathologique. Certaines lignes ne sont pas détectées (mur antérieur sur les coupes PA90, ce mur est en haut).

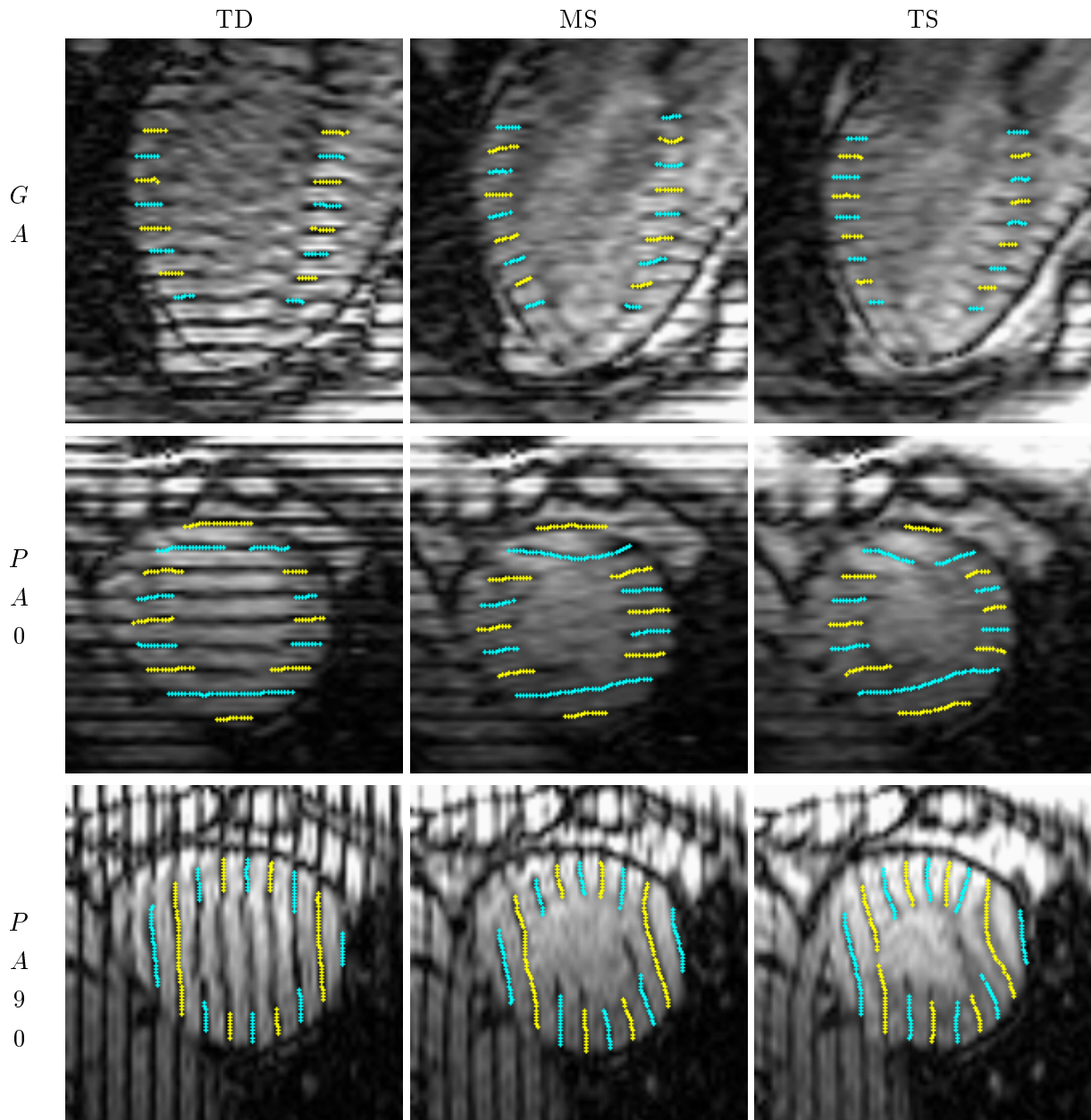


FIG. 10.6 – Les points de marquage extraits avec la méthode de Mike Guttman suivant les trois directions de marquage (GA, PA0 et PA90) à trois instants différents (télédiastole, mi-systole et télésystole). Cas pathologique. Cette figure est à comparer avec la figure précédente.

Dans le cas pathologique, nous avons constaté une erreur sur une coupe petit axe, la ligne se sépare en une fourche au bord de l'endocarde, vers le mur antérieur (figure 10.7). La méthode de Mike Guttman empêche ce genre de phénomène mais ne fournit pas une meilleure estimation de la position : l'espacement entre deux lignes consécutives est trop irrégulier. D'une façon générale, les dernières images du cas pathologique prises pendant la diastole sont difficile à exploiter car les lignes de marquage ont un contraste très faible. L'identification des lignes est donc hasardeuse.

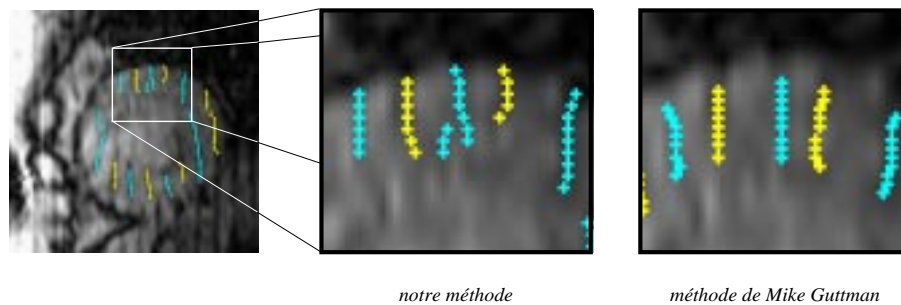


FIG. 10.7 – La coupe petit axe PA0 à l'instant t_9 . Une erreur est constatable dans la détection des lignes avec notre méthode (création d'une fourche). Sur la droite de la fourche, parce que le signal est trop faible, le segment détecté par notre méthode est plus court que le segment trouvé par la méthode de Mike Guttman, car cette méthode impose de calculer un segment entre deux points des parois : la ligne sera ainsi extrapolée même s'il n'y a pas d'information de marquage.

Le temps de calcul de notre méthode est de l'ordre d'une dizaine de secondes par séquence d'images sur une station de travail DEC cadencée à 400 Mhz.

10.2.2 Représentation des points en 3D

La figure 10.8 montre les points de marquage détectés par notre méthode sur le cœur normal à trois instants de la séquence (t_M , télédiastole et télésystole). Ce sont ces points qui servent à la reconstruction du mouvement.

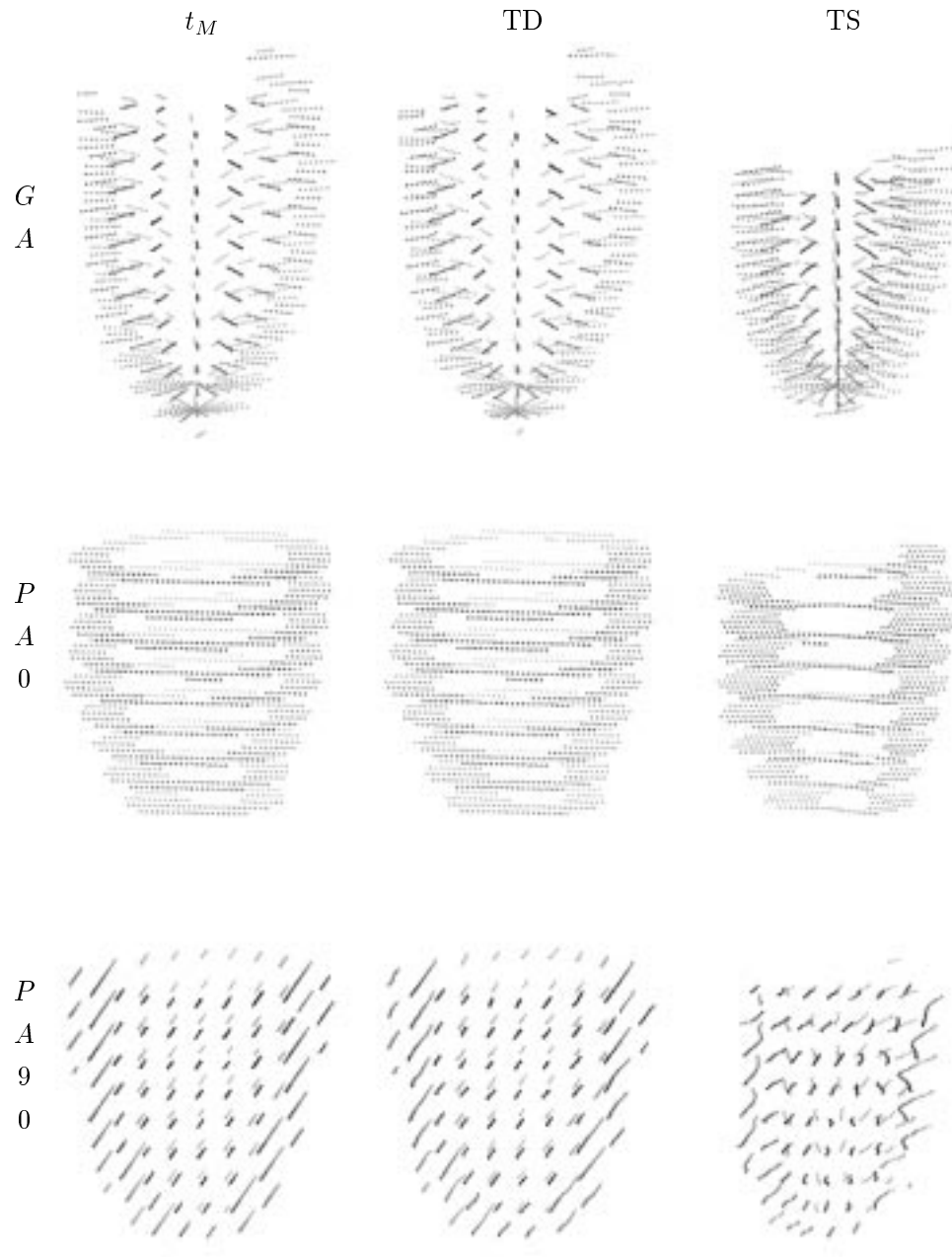


FIG. 10.8 – La série de points de marquage suivant les trois directions de marquage (GA, PA0 et PA90) à trois instants différents (t_M , télédiastole et télésystole).

10.3 Reconstruction du mouvement

10.3.1 Déformation vers l'instant t_M : cas normal

Visualisation des résultats

La figure 10.9 montre les points de marquage de la séquence GA à trois instants de la séquence avant et après reconstruction du champ de déplacement (transformations $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement). Le point de vue est pris depuis le mur antérieur, les plans de marquage sont vus par la tranche. Le mouvement d'affaissement vertical du ventricule gauche est bien visible sur les données originales. Nous constatons bien qu'après application des transformations $\Phi_{n \rightarrow M}$, les points sont alignés dans les plans de marquage. La figure 10.11 montre les points déformés selon une vue de l'apex et une vue de la base. Le mouvement de torsion est bien visible, mais inversé puisque les $\Phi_{n \rightarrow M}$ sont des transformations inverses du temps t_n vers le temps initial $t_M = 0$.

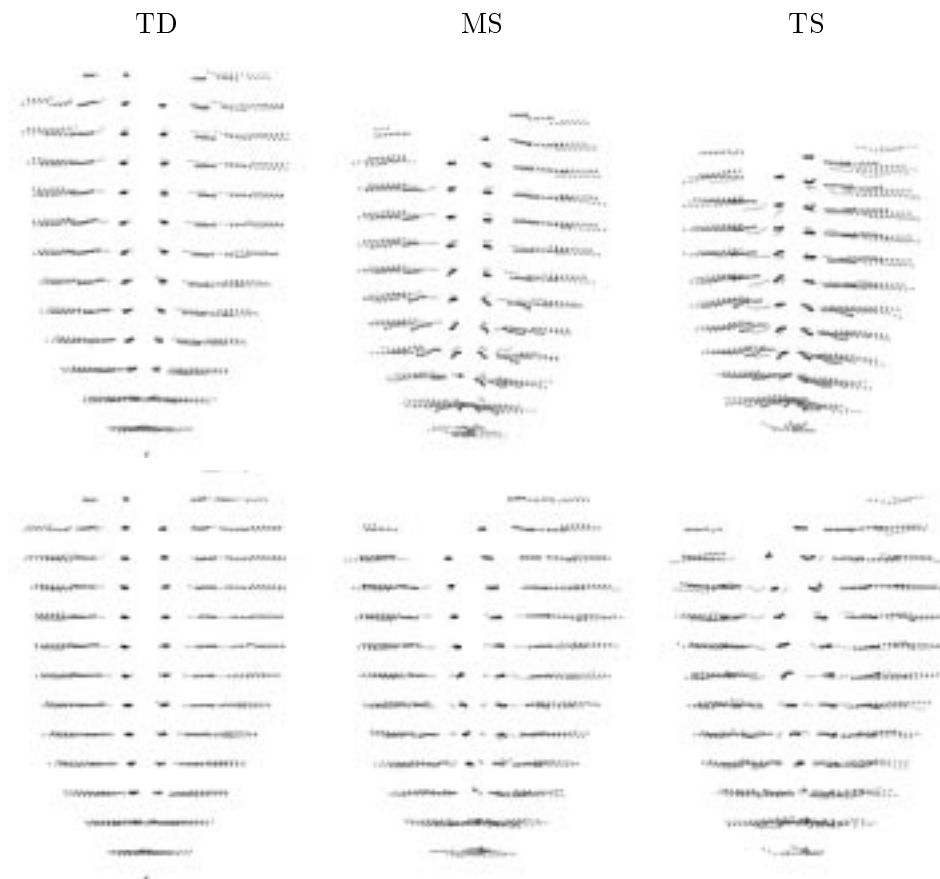


FIG. 10.9 – De gauche à droite, les points de marquage de la séquence GA à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, télésystole) suivant une vue du mur antérieur. En haut, les données originales, en bas, les points déformés par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement. Les points déformés sont en général bien alignés dans leurs plans de marquage respectifs. Quelques points (notamment vers le mur latéral (à droite) en fin de systole) ne sont pas bien réalignés parce la détection est un peu erronée.

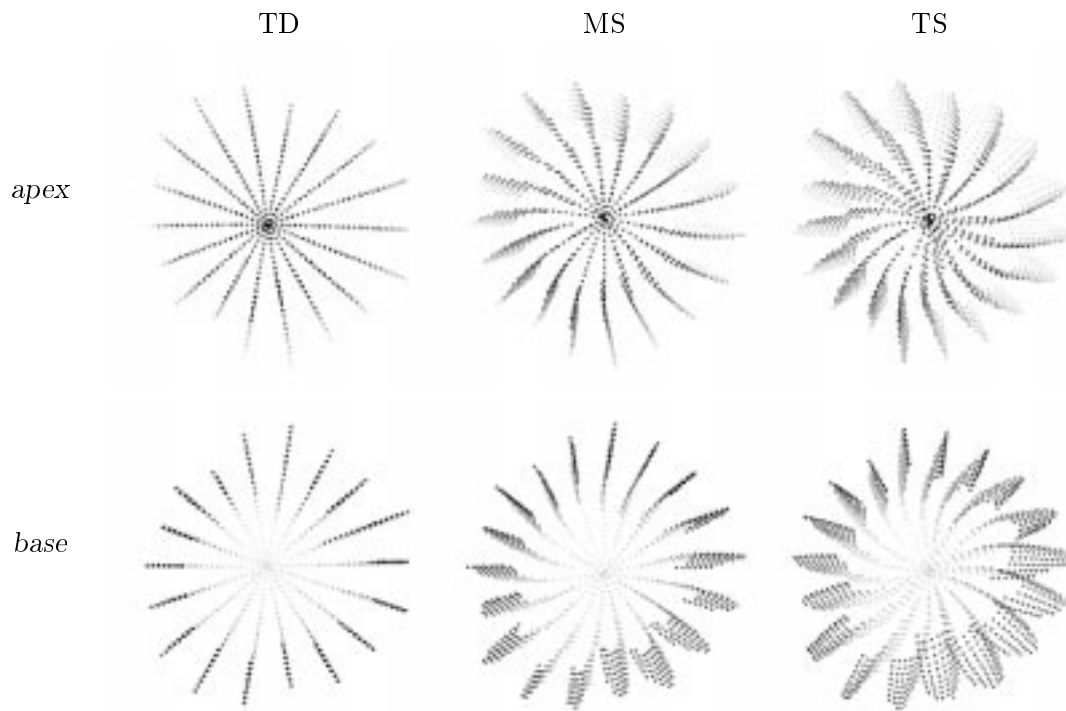


FIG. 10.10 – De gauche à droite, les points de marquage de la séquence GA à trois instants de la séquence (té-lédiastole, mi-systole, télésystole) suivant deux vues (apex et base), après déformation par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement.

Les figure 10.11 et 10.12 montrent les points de marquage des séquences PA0 et PA90 à trois instants de la séquence avant et après reconstruction du champ de déplacement (transformations $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement). Le point de vue est depuis l'apex pour la figure 10.11 et depuis la base pour la figure 10.12, les directions de ces deux vues sont parallèles aux plans de marquage. Le mouvement de torsion du ventricule gauche est bien visible sur les données originales. Les points après application des transformations sont alignés dans les plans de marquage. La figure 10.13 montre les points déformés selon une vue du mur antérieur. Le mouvement d'affaissement vertical est bien visible, mais inversé puisque les $\Phi_{n \rightarrow M}$ sont des transformations inverses du temps t_n vers le temps initial $t_M = 0$.

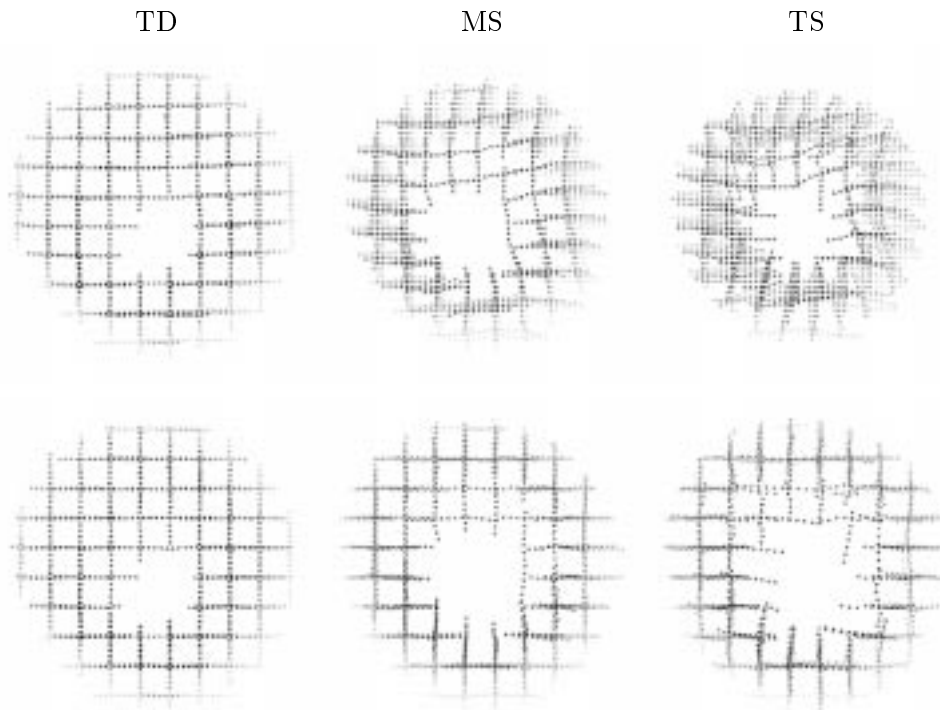


FIG. 10.11 – De gauche à droite, les points de marquage des séquences PA0 et PA90 à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, télésystole) suivant une vue de l'apex. En haut, les données originales, en bas, les points déformés par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement. Les points déformés sont bien alignés dans leurs plans de marquage respectifs.

Appréciation des erreurs

La figure 10.14 montre des statistiques réalisées sur les distances résiduelles des points de marquage déformés par les transformations $\Phi_{n \rightarrow M}$ aux plans de marquage. La distance résiduelle est, en moyenne, égale à 0,3 mm au maximum, l'écart-type maximal est de valeur comparable. Ces valeurs sont inférieures à l'ordre de grandeur de la précision de l'estimation de la détection des points de marquage (faute d'expérience précise sur l'estimation de cette valeur, elle est prise égale à la

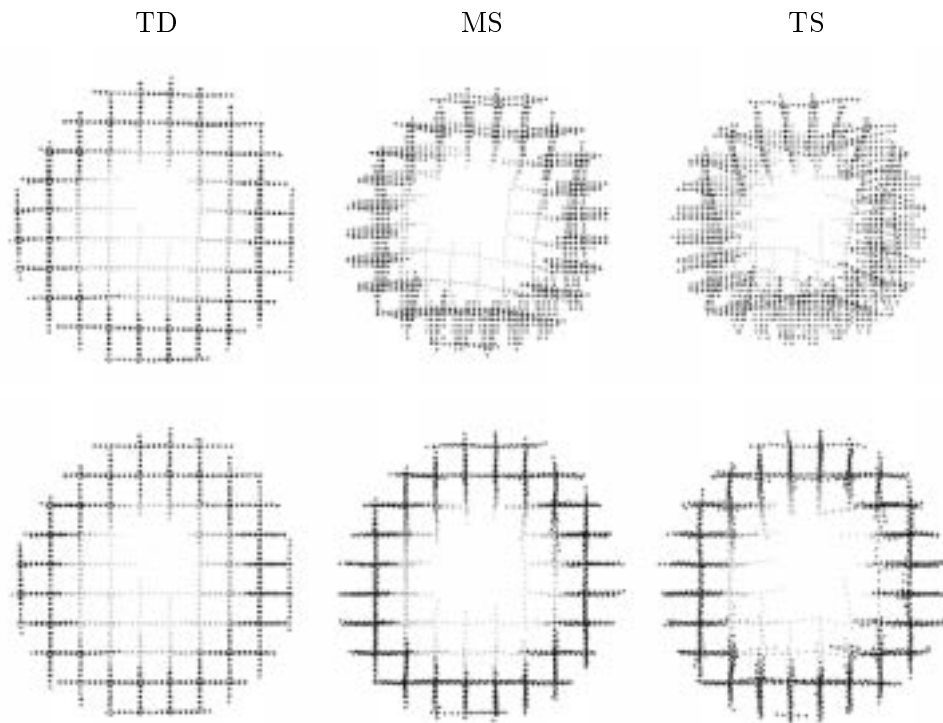


FIG. 10.12 – De gauche à droite, les points de marquage des séquences PA0 et PA90 à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, télé-systole) suivant une vue de la base. En haut, les données originales, en bas, les points déformés par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement. Les points déformés sont bien alignés dans leurs plans de marquage respectifs.

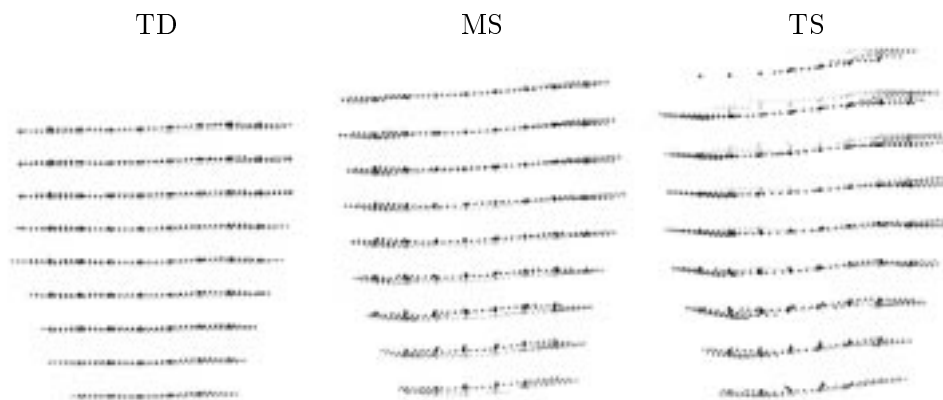


FIG. 10.13 – De gauche à droite, les points de marquage des séquences PA0 et PA90 à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, télé-systole) suivant une vue du mur inférieur, après déformation par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement.

dimension du pixel, soit 1,4 mm).

Les valeurs maximales de distances résiduelles sont élevées (quelques millimètres) pour plusieurs raisons :

- *certaines points* détectés sont *erronés* (ligne de marquage difficile à détecter, détection dans une région non-myocardique à cause d’une erreur de segmentation, etc.). Comme ils ne sont pas censés appartenir à une ligne de marquage, ils ne sont pas censés non plus être alignés sur le plans de marquage après déformation par les $\Phi_{n \rightarrow M}$ et la distance de ces points déformés au plan de marquage n’est donc pas significative,
- la transformation spline est une *approximation lissée* du champ de déplacement, créant inévitablement des erreurs.

Le calcul de la proportion de points en queue de distribution (ceux pour lesquels la distance résiduelle dépasse la moyenne plus deux fois l’écart-type) permet d’isoler ces points aberrants. Les valeurs reportées sur la figure 10.14 n’excèdent pas 5 %.

Choix des paramètres de calcul

Le nombre de points de contrôle qui définissent la transformation spline ainsi que le coefficient de régularisation sont des paramètres importants à régler pour reconstruire le champ de déplacement. Dans nos expériences, nous avons choisi un nombre de points de nœuds le long du grand axe égal au nombre de coupes (soit 9). Ainsi, il y a un nœud par coupe, donc une série de points de contrôle par plan de coupe. Nous avons également choisi le nombre de nœuds dans les deux autres directions égal à 9, pour des raisons de cohérence de résolution spatiale. Les essais que nous avons réalisés n’ont pas montré une grande sensibilité des erreurs résiduelles devant ces nombres.

La détection des points de marquage fournit à peu près 1000 points par image, soit 3000 points par instant, valeur à comparer aux 729 points de contrôle qui définissent la transformation.

Le coefficient de régularisation est, lui, beaucoup plus critique à fixer. Ainsi que nous l’avons souligné dans le chapitre 8, section 8.3.2, la matrice du système linéaire à résoudre est singulière sans terme de régularisation. Dans nos expériences, nous avons choisi un coefficient de pondération égal à 0,1. Au dessus de cette valeur, la contrainte de régularité est trop importante et les déformations locales ne sont pas bien récupérées. En dessous de cette valeur, la matrice est de moins en moins bien conditionnée à mesure que le coefficient diminue et l’approximation est de plus en plus fantaisiste même si les distances résiduelles aux plans de marquage diminuent : les moyennes et écarts-types passent de 0,3 mm pour un coefficient de 0,1 à 0,04 mm pour un coefficient de 0,001, mais les effets de bords sont très importants là où les contraintes de positionnement imposées par les lignes de marquage sont insuffisantes (figure 10.15). Dans ces expériences, nous supposons que des écarts successifs entre deux points voisins le long d’une ligne ne doivent pas différer de plus d’une dizaine de %. Cette valeur empirique décrit une forte discontinuité dans la déformation, elle est largement dépassée lorsque le terme de lissage est trop faible.

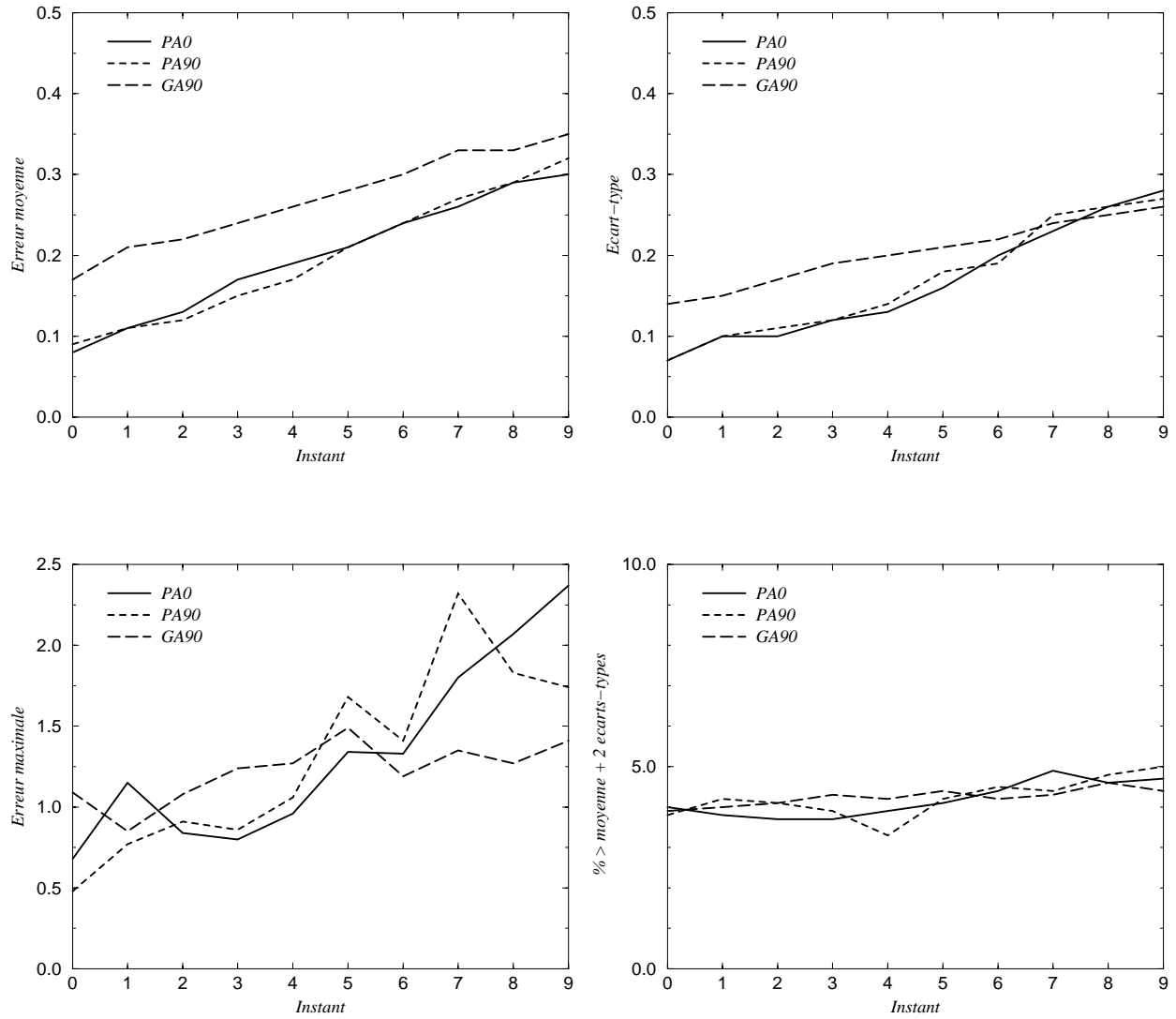


FIG. 10.14 – Statistiques sur les distances résiduelles des points déformés aux plans de marquage. La moyenne, l'écart-type et le maximum sont exprimés en millimètres. Cas normal.

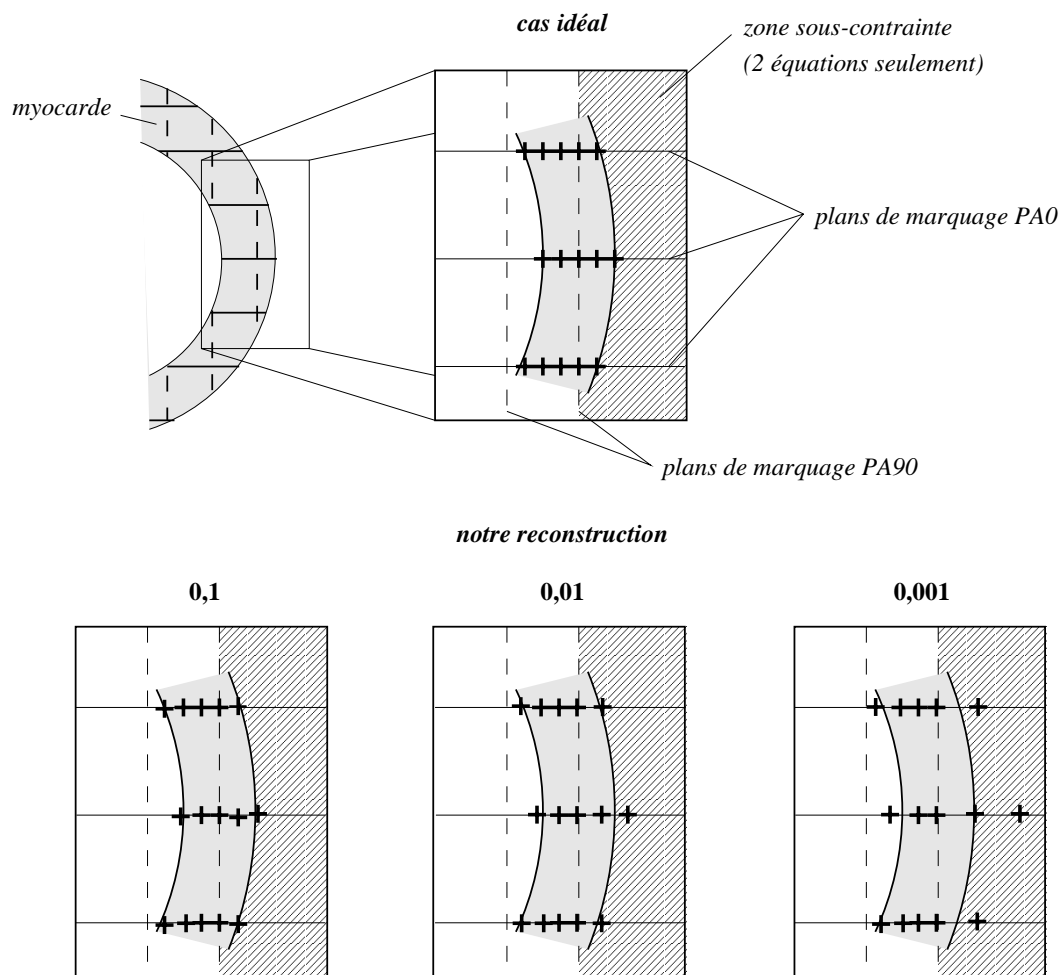


FIG. 10.15 – Les points de marquage déformés par $\Phi_{n \rightarrow M}$. Dans le cas idéal, les points de marquage sont alignés avec les plans. Dans le cas de notre méthode, quand la valeur du coefficient de régularisation de la transformation spline décroît, les points déformés sont de mieux en mieux alignés avec le plan mais leur position est de plus en plus hasardeuse dans les zones où les contraintes de positionnement par le marquage sont incomplètes.

Avec les paramètres choisis, le temps de calcul d'une transformation volumique B-spline est de l'ordre d'une trentaine de secondes sur une station de travail DEC Alpha cadencée à 400 Mhz. Ce temps est à multiplier par le nombre d'instantes de la séquence pour obtenir le temps complet nécessaire pour calculer toutes les $\Phi_{n \rightarrow M}$.

10.3.2 Déformation vers l'instant t_M : cas pathologique

La figure 10.16 montre les points extraits de la séquence GA du cas pathologique avant et après reconstruction suivant la même disposition que la figure 10.9. La figure 10.17, homologue de la figure 10.10, montre les points déformés suivant deux vues orthogonales au plan de marquage : le mouvement de torsion est encore bien visible, mais il apparaît moins important dans le mur inférieur (en bas dans les vues de l'apex, en haut dans les vues de la base). La pathologie qui atteint cet région est ainsi détectable par un mouvement sensiblement différent.

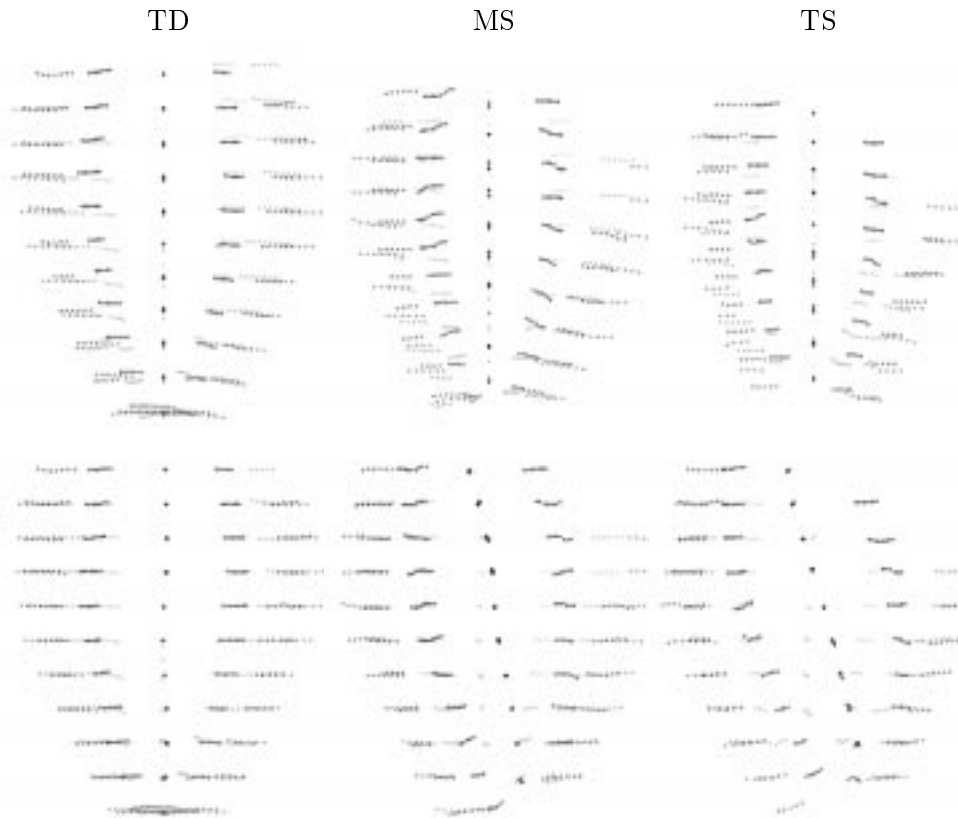


FIG. 10.16 – De gauche à droite, les points de marquage de la séquence GA à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, télésystole) suivant une vue du mur antérieur. En haut, les données originales, en bas, les points déformés par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement. Les points déformés sont bien alignés dans leurs plans de marquage respectifs.

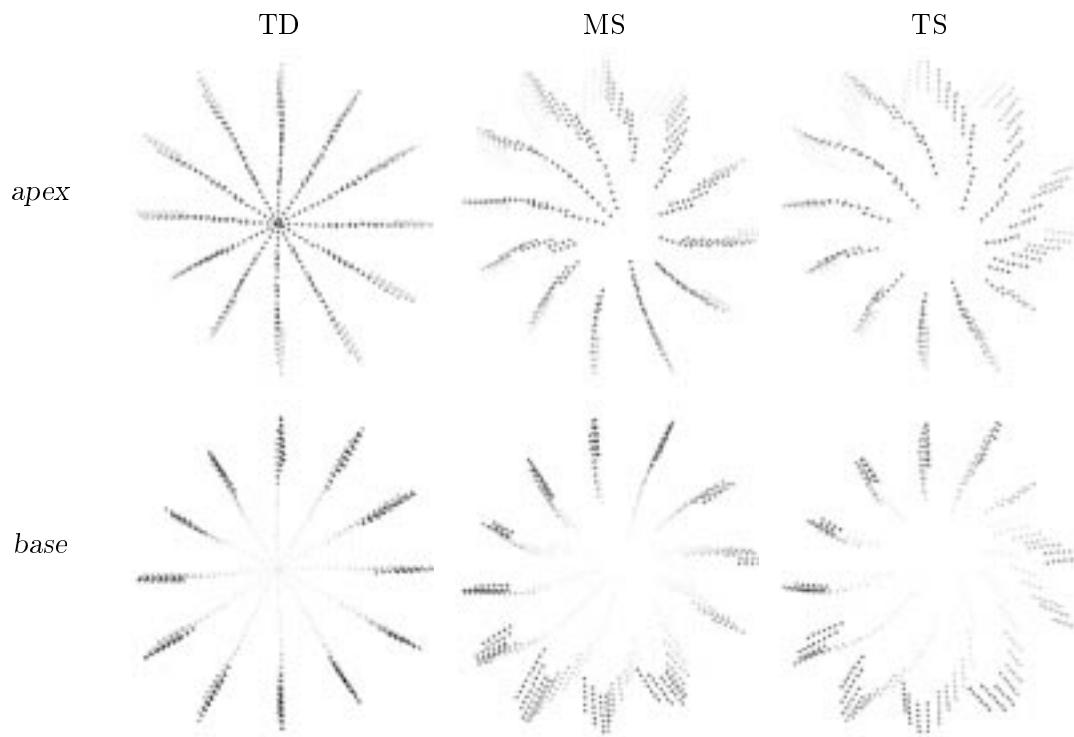


FIG. 10.17 – De gauche à droite, les points de marquage de la séquence GA à trois instants de la séquence (té-lédiastole, mi-systole, télésystole) suivant deux vues (apex et base), après déformation par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement.

Les figures 10.18 et 10.19 montrent les points extraits des séquences PA0 et PA90 du cas pathologique avant et après reconstruction suivant les mêmes dispositions que les figure 10.18 et 10.19. Les points de marquage déformés sont moins bien recalés dans les plans de marquage, surtout en téléstole : cela est dû principalement à la moindre qualité des images et au faible contraste des lignes de marquage dans les images qui font que les lignes sont mal détectées. La transformation ainsi trouvée ne fait qu'approximer la position aux moindres carrés, mais ne réalise pas d'interpolation précise.

La figure 10.17, homologue de la figure 10.10, montre les points déformés suivant deux vues orthogonales au plan de marquage : le mouvement de torsion est encore bien visible, mais il apparaît moins important dans le mur inférieur (en bas dans les vues de l'apex, en haut dans les vues de la base).

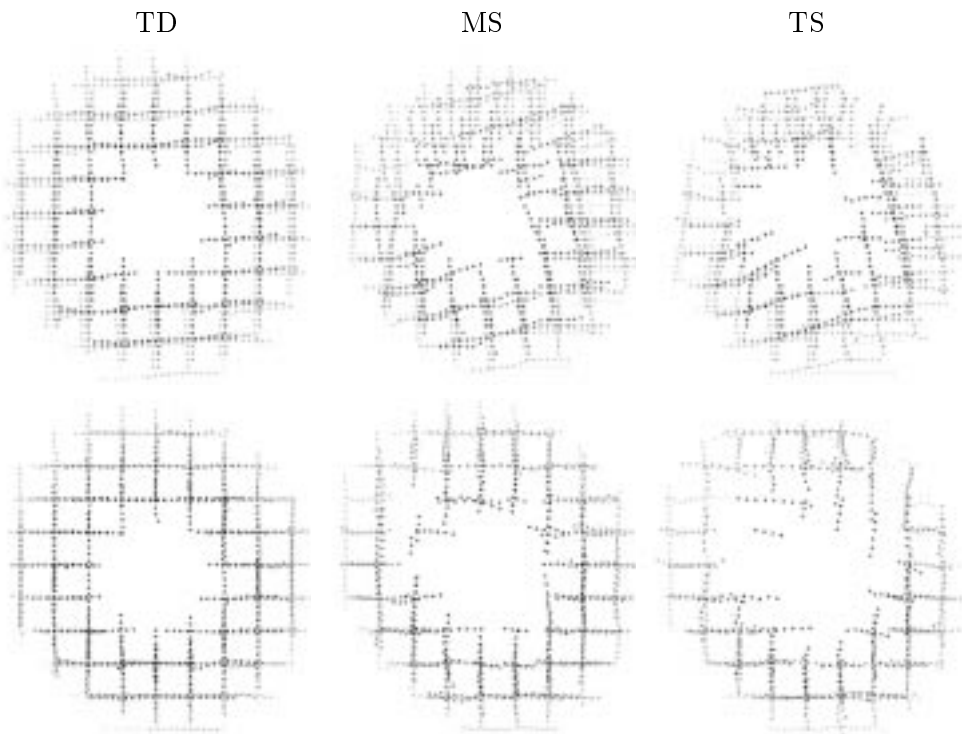


FIG. 10.18 – De gauche à droite, les points de marquage des séquences PA0 et PA90 à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, téléstole) suivant une vue de l'apex. En haut, les données originales, en bas, les points déformés par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement. Les points déformés sont en général bien alignés dans leurs plans de marquage respectifs. Comme dans la figure 10.9, certains mal détectés sont mal réalignés, cela est particulièrement visible vers l'endocarde, dans sa partie apicale.

La figure 10.21 montre des statistiques réalisées sur les distances résiduelles des points de marquage déformés par les transformations $\Phi_{n \rightarrow M}$ aux plans de marquage. Les valeurs et les commentaires associés sont identiques à ceux exposés pour le cas normal.

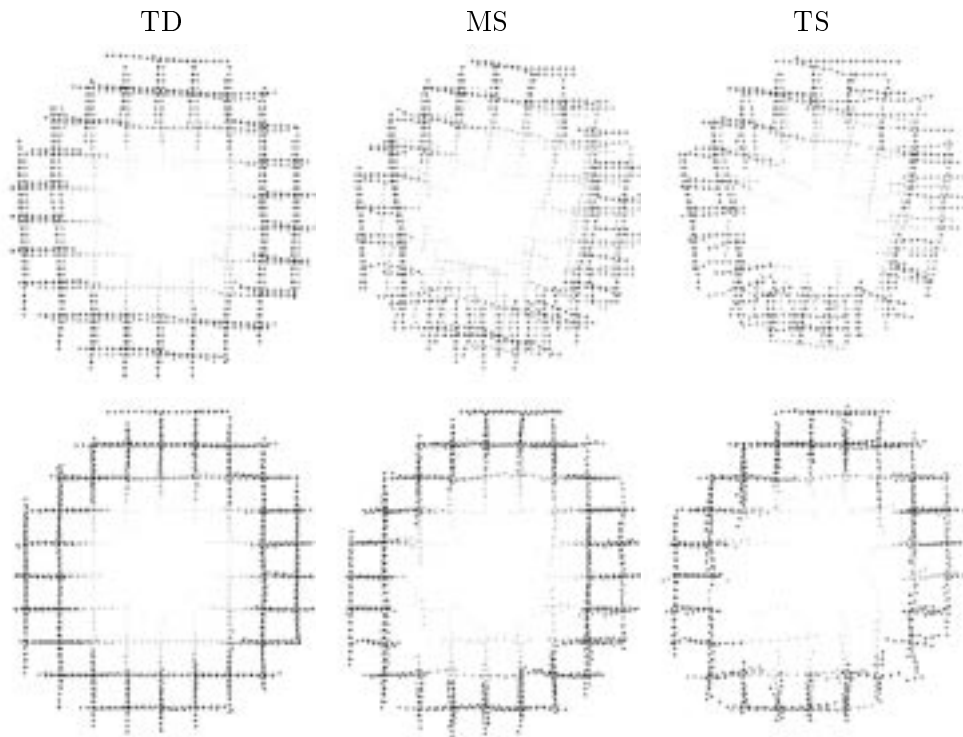


FIG. 10.19 – De gauche à droite, les points de marquage des séquences PA0 et PA90 à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, télésystole) suivant une vue de la base. En haut, les données originales, en bas, les points déformés par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement. Les points déformés sont bien alignés dans leurs plans de marquage respectifs.

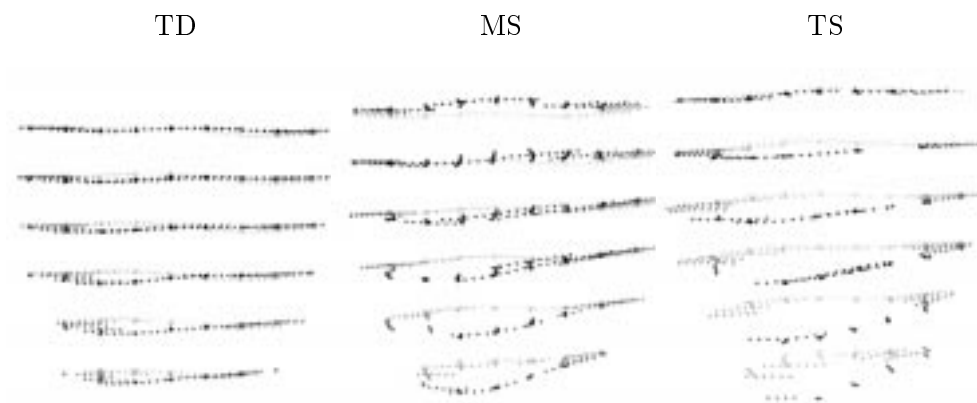


FIG. 10.20 – De gauche à droite, les points de marquage des séquences PA0 et PA90 à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, télésystole) suivant une vue du mur inférieur, après déformation par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement.

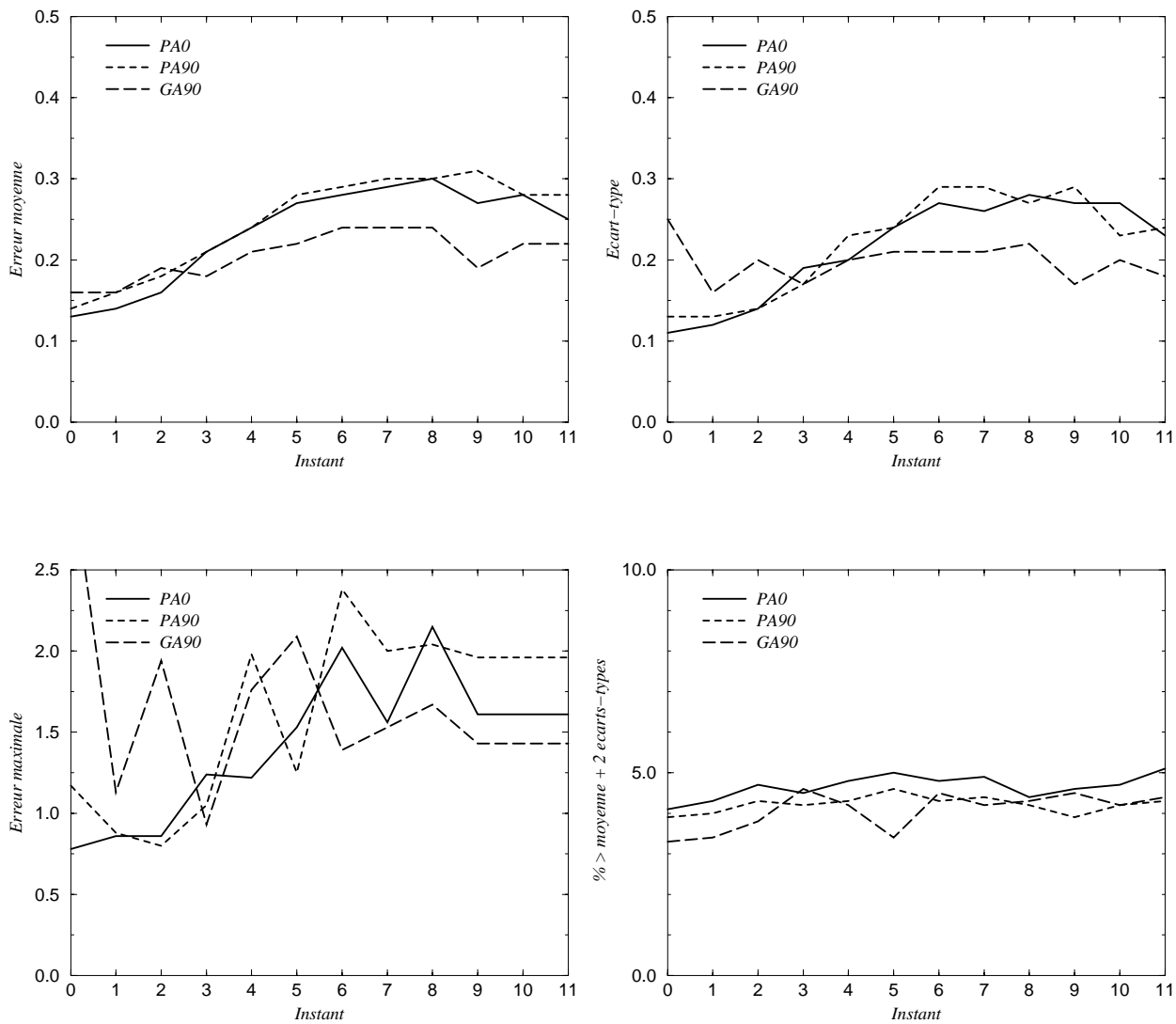


FIG. 10.21 – Statistiques sur les distances résiduelles des points déformés aux plans de marquage. La moyenne, l'écart-type et le maximum sont exprimés en millimètres. Cas pathologique.

10.3.3 Déformation vers l'instant t_M : cas pathologique, points de Mike Guttman

Les figures 10.22 à 10.26 montrent les résultats sous la même forme que dans les figures 10.16 à 10.20, mais avec les points de marquage extraits avec la méthode de Mike Guttman.

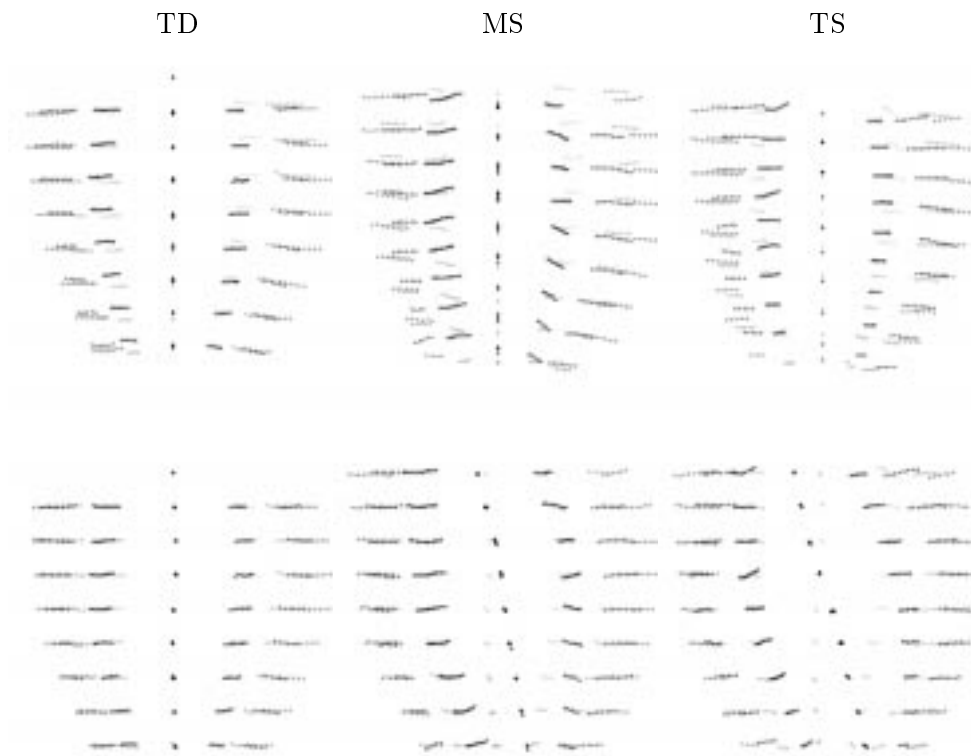


FIG. 10.22 – De gauche à droite, les points de marquage (méthode de Mike Guttman) de la séquence GA à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, télésystole) suivant une vue du mur antérieur. En haut, les données originales, en bas, les points déformés par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement. Les points déformés sont bien alignés dans leurs plans de marquage respectifs.

La figure 10.27 montre des statistiques réalisées sur les distances résiduelles des points de marquage déformés par les transformations $\Phi_{n \rightarrow M}$ aux plans de marquage, elle est à comparer directement à la figure 10.21. Les valeurs des moyennes sont meilleures de l'ordre de 10 % en comparant la méthode de Mike Guttman à notre méthode, les valeurs des écarts-types sont sensiblement identiques. La raison est que la position des points extraits par Mike Guttman est régularisée le long de la ligne, ce qui n'est pas le cas dans notre méthode. Ainsi, l'erreur résiduelle due à l'approximation par la transformation spline est inférieure puisque c'est une erreur de régularisation déjà contenue dans la position des points.

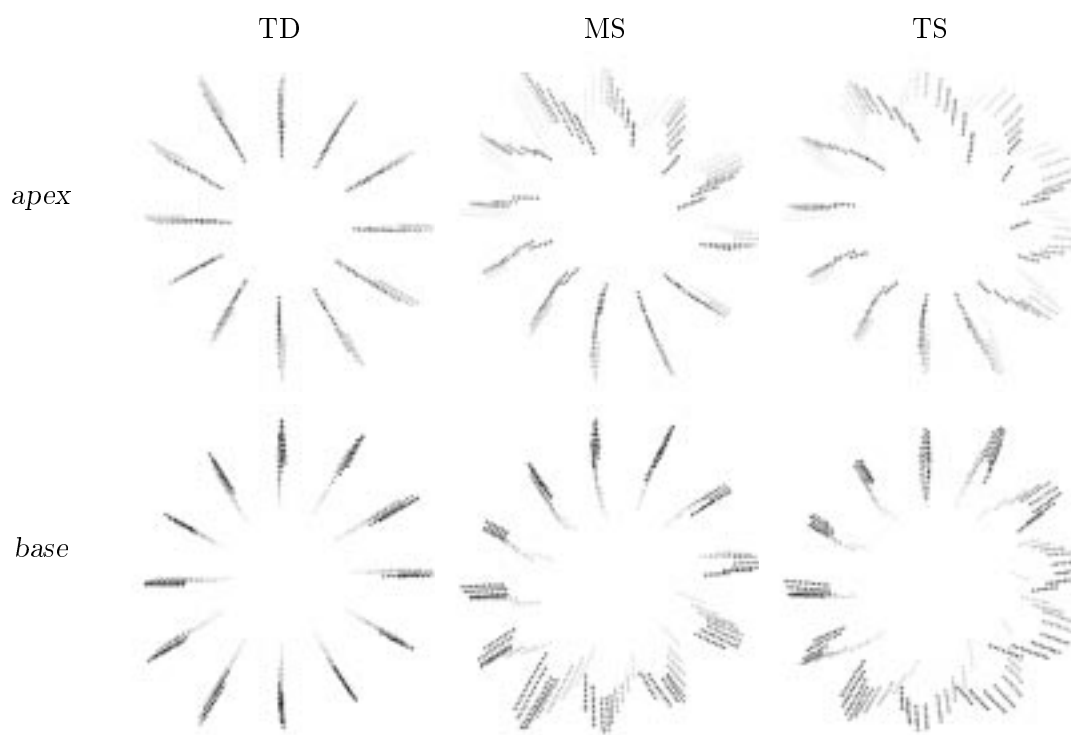


FIG. 10.23 – De gauche à droite, les points de marquage (méthode de Mike Guttman) de la séquence GA à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, télésystole) suivant deux vues (apex et base), après déformation par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement.

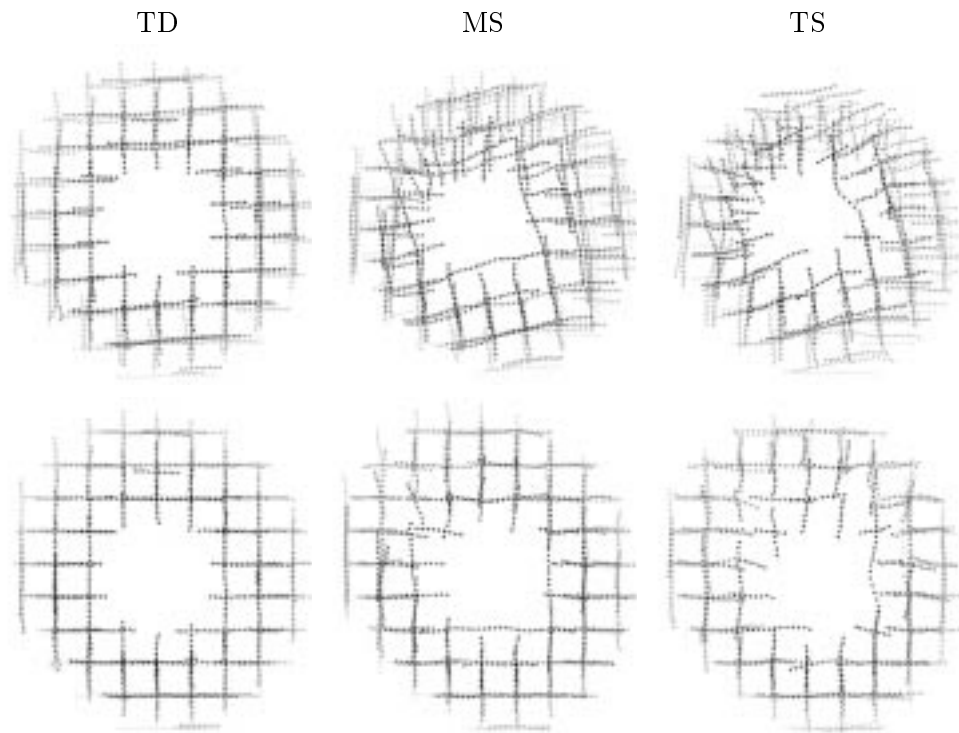


FIG. 10.24 – De gauche à droite, les points de marquage (méthode de Mike Guttman) des séquences PA0 et PA90 à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, télésystole) suivant une vue de l’apex. En haut, les données originales, en bas, les points déformés par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement. Les points déformés sont bien alignés dans leurs plans de marquage respectifs.

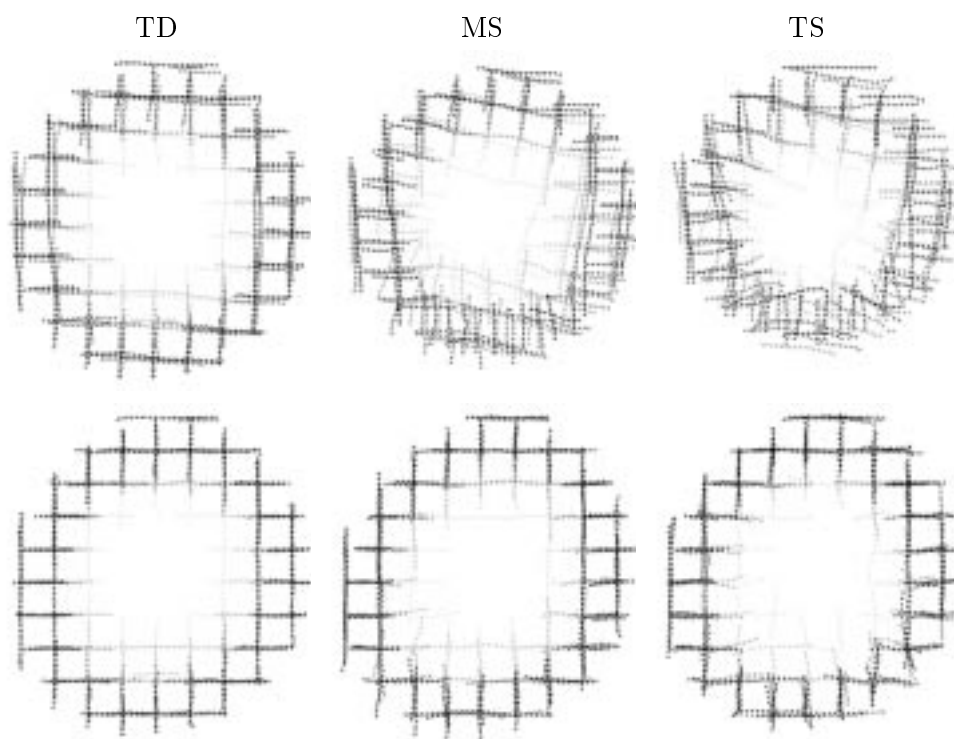


FIG. 10.25 – De gauche à droite, les points de marquage (méthode de Mike Guttman) des séquences PA0 et PA90 à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, télésystole) suivant une vue de la base. En haut, les données originales, en bas, les points déformés par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement. Les points déformés sont bien alignés dans leurs plans de marquage respectifs.

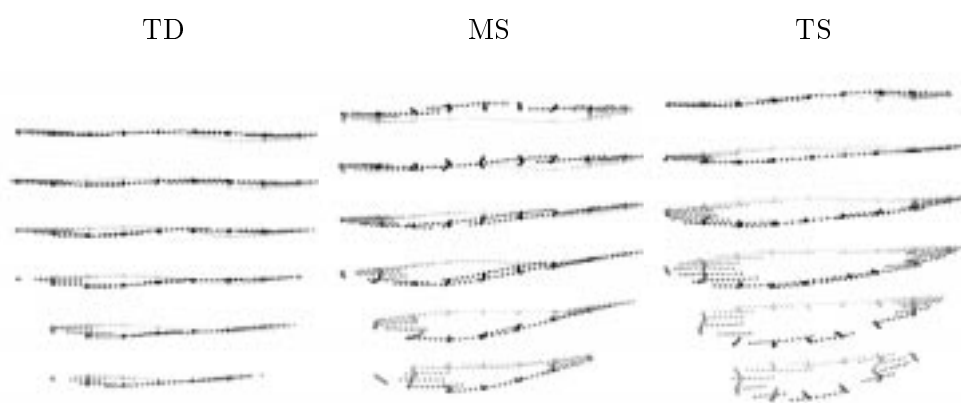


FIG. 10.26 – De gauche à droite, les points de marquage (méthode de Mike Guttman) des séquences PA0 et PA90 à trois instants de la séquence (télédiastole, mi-systole, télésystole) suivant une vue du mur inférieur. après déformation par $\Phi_{TD \rightarrow M}$, $\Phi_{MS \rightarrow M}$ et $\Phi_{TS \rightarrow M}$ respectivement.

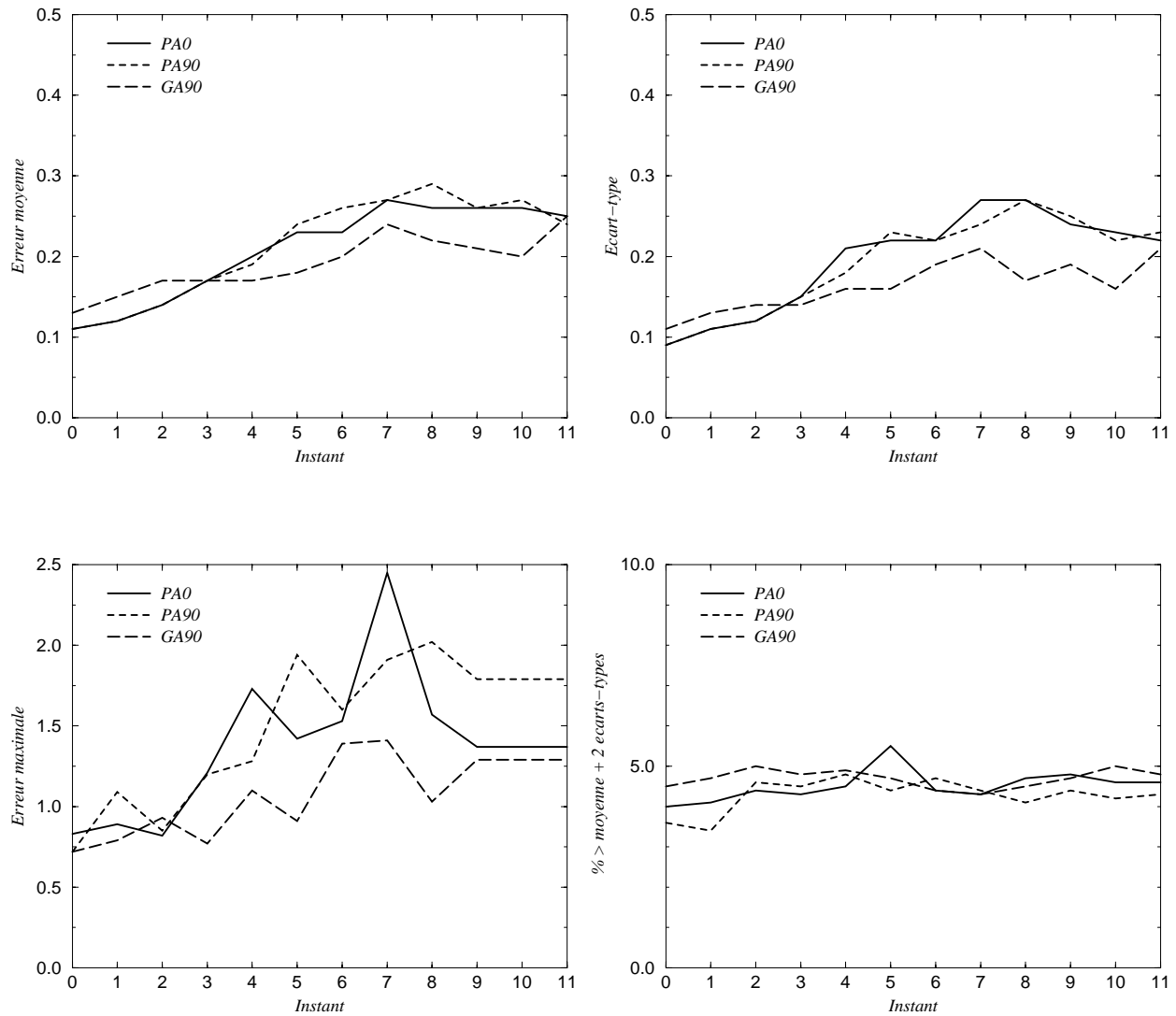


FIG. 10.27 – Statistiques sur les distances résiduelles des points (méthode de Mike Guttman) déformés aux plans de marquage. La moyenne, l'écart-type et le maximum sont exprimés en millimètres. Cas pathologique.

10.4 Estimation d'une transformation planisphérique 4D

Déformation de la surface du ventricule gauche : cas normal

La figure 10.28 montre trois vues de la surface du ventricule gauche animée par la transformation planisphérique 4D calculée avec les $\Phi_{n \rightarrow M}$, à trois instants différents de la séquence. Le mouvement d'affaissement vertical et de torsion est visible surtout sur la figure 10.29 qui montre les trajectoires de quelques points au cours de la séquence.

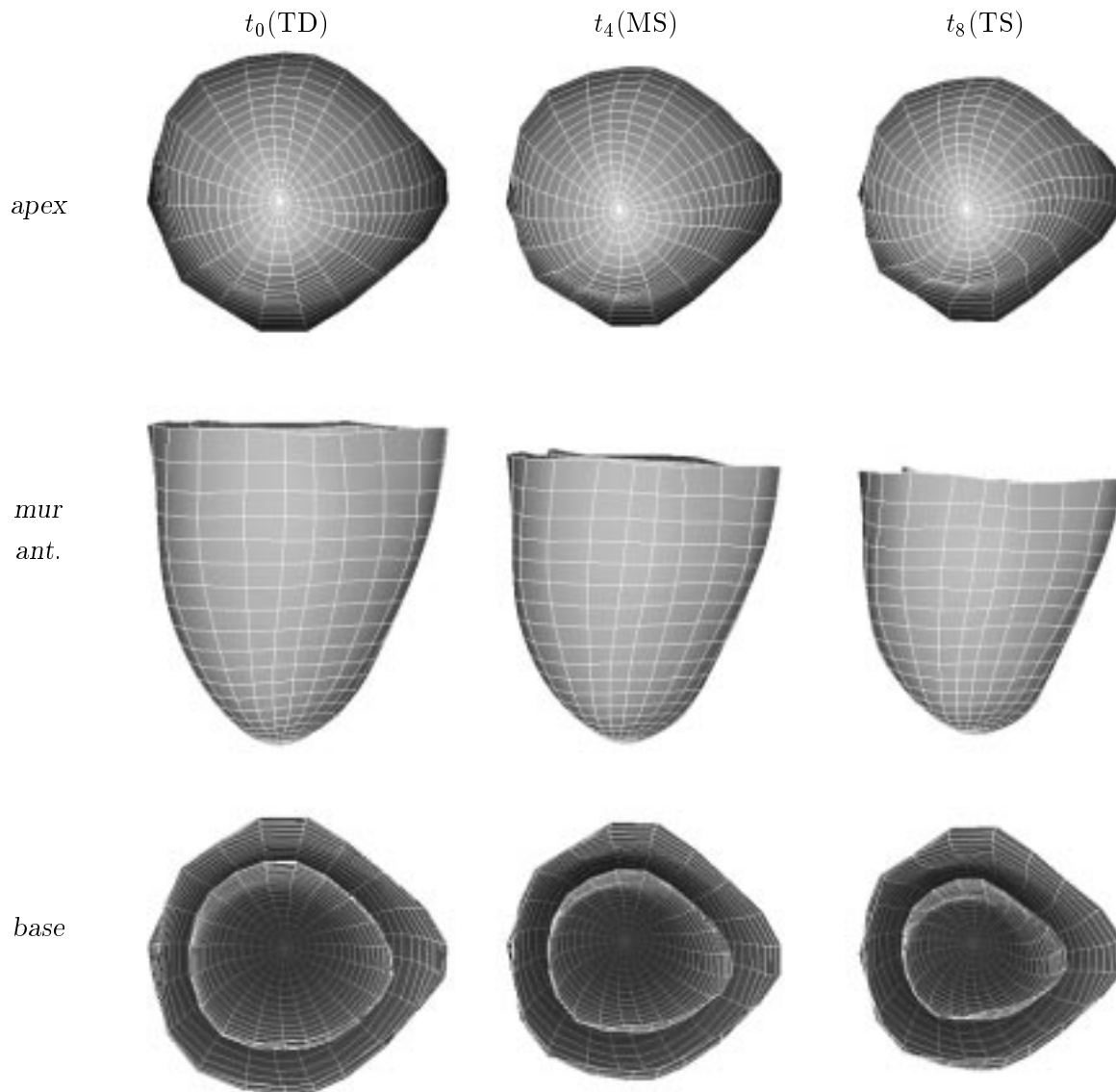


FIG. 10.28 – La surface du ventricule gauche représentée suivant trois vues (*apex*, *mur antérieur* et *base*) au cours de la séquence. De gauche à droite, trois instants de la systole sont représentés (*télédiastole*, *mi-systole* et *téléstole*). Cas normal.

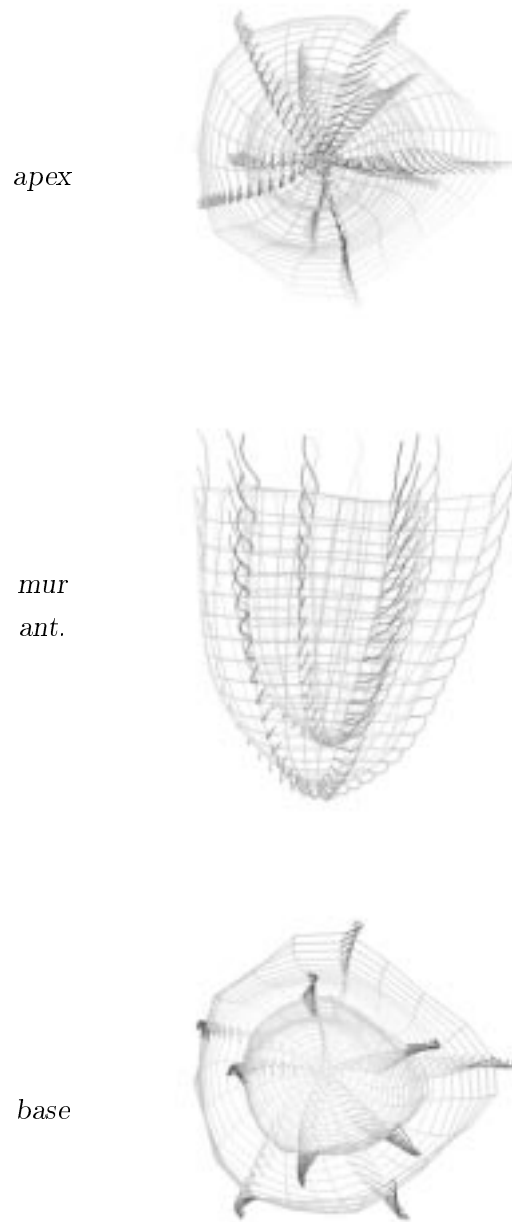


FIG. 10.29 – La surface du ventricule gauche représentée suivant trois vues (apex, mur antérieur et base) avec les trajectoires de quelques points au cours de la séquence.

10.4.1 Déformation de la surface du ventricule gauche : cas pathologique

Les figures 10.30 et 10.31 sont comparables aux figures 10.28 et 10.29. Le mouvement est manifestement différent : dans le cas pathologique, l'apex est animé d'un mouvement de glissement vers le mur antéro-septal (figure 10.30, vue de l'apex) et la paroi inférieure s'épaissit moins que les autres pendant la systole (figure 10.30, vue de la base). La figure 10.31 illustre ce phénomène avec une représentation des trajectoires de quelques points au cours de la séquence.

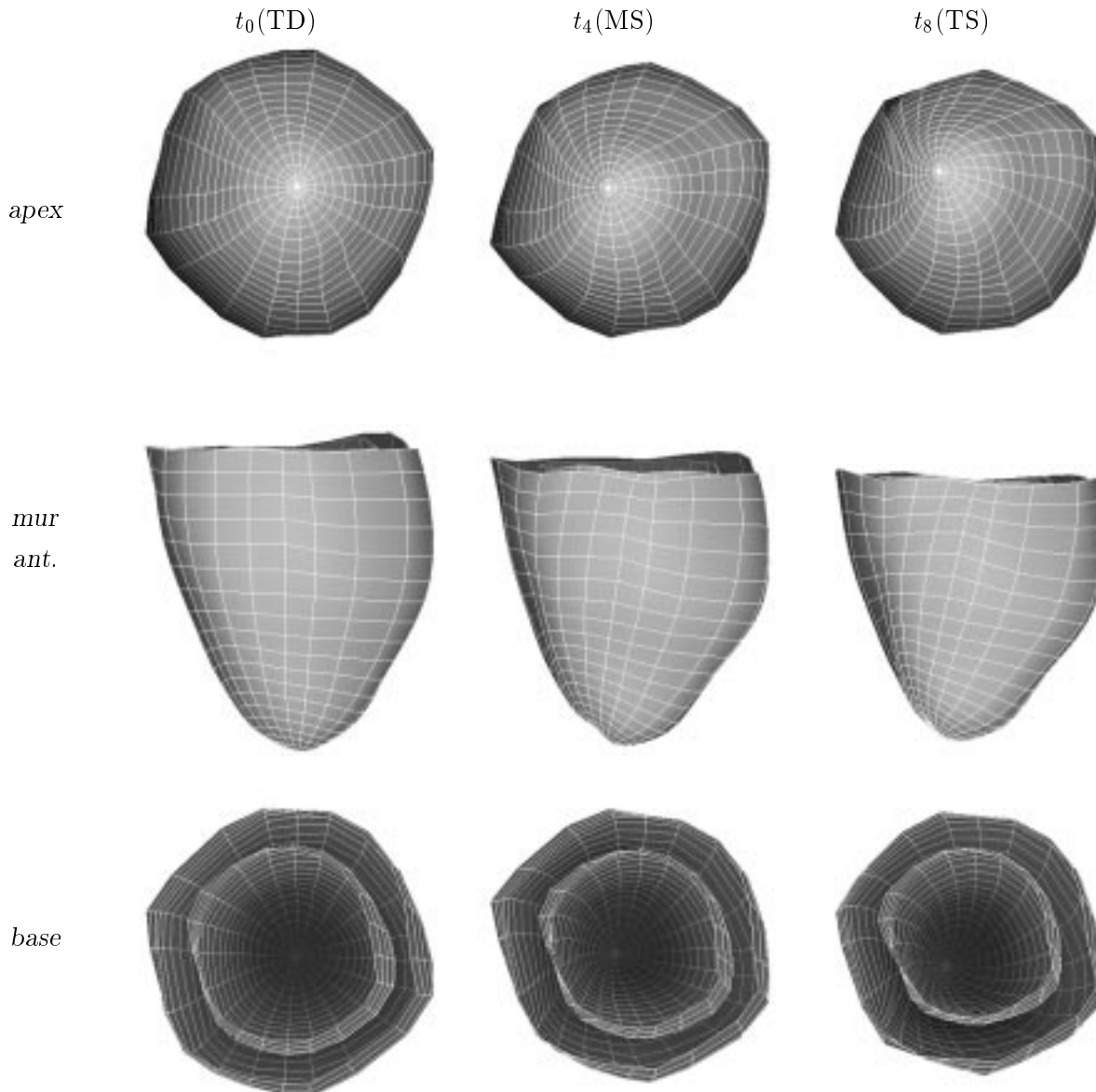


FIG. 10.30 – La surface du ventricule gauche représentée suivant trois vues (apex, mur antérieur et base) au cours de la séquence. De gauche à droite, trois instants de la systole sont représentés (télédiastole, mi-systole et télésystole). Cas pathologique.

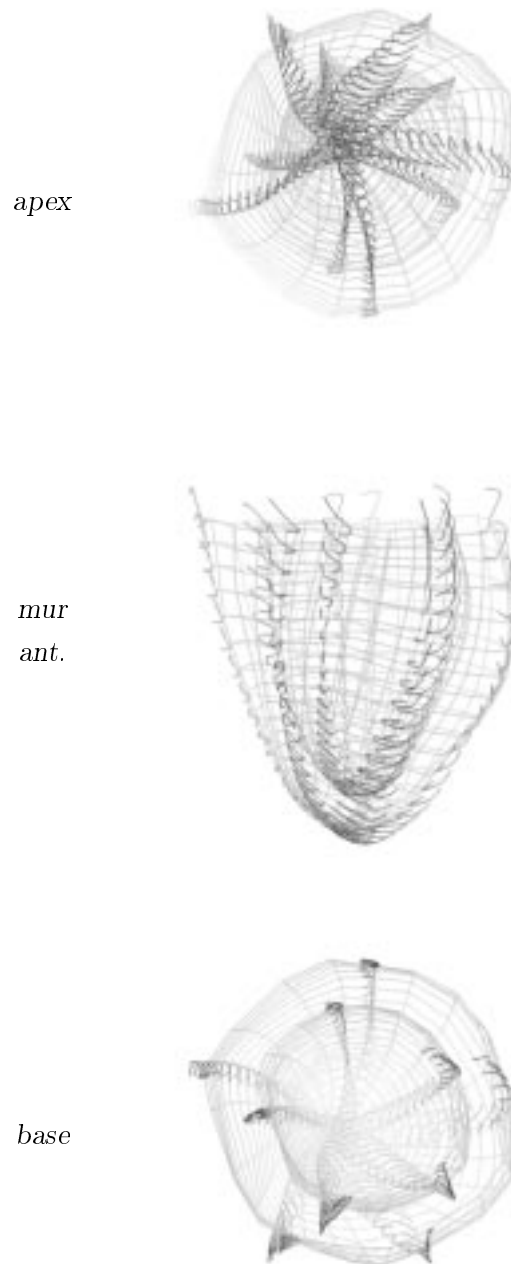


FIG. 10.31 – La surface du ventricule gauche représentée suivant trois vues (apex, mur antérieur et base) avec les trajectoires de quelques points au cours de la séquence. Cas pathologique.

La figure 10.32 montre les différences entre les trajectoires issues de la déformation par la transformation planisphérique 4D f_{JD} calculée avec les points notre méthode et la transformation f_{MG} calculée avec les points de Mike Guttman. La différence est sensiblement importante, les chiffres de la figure 10.33 montrent une erreur maximale de 2,7 mm au maximum, soit à peu près deux pixels. La différence est surtout importante au niveau de l'apex, car dans la méthode de Mike Guttman, les points de l'apex ne sont pas détectés dans les coupes grand-axe (figure 10.6). Dans cette région, la déformation calculée est alors une simple extrapolation alors que les points extraits avec notre méthode y exploitent une information sur le mouvement (même si elle est partielle puisqu'il n'y a, dans cette région, que des points issus de la séquence GA).

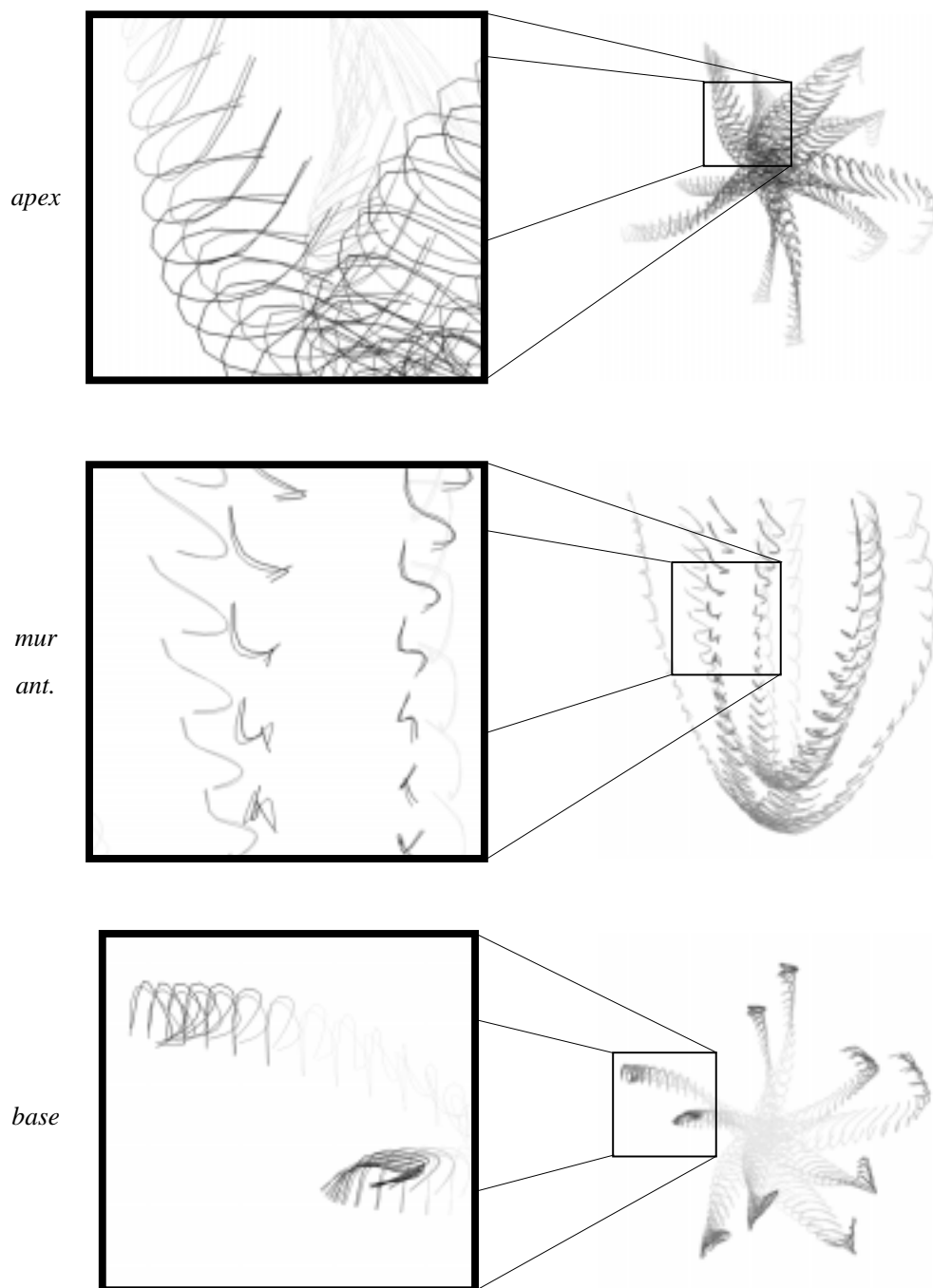


FIG. 10.32 – Les trajectoires de quelques points du ventricule gauche représentés suivant trois vues (*apex*, *mur antérieur* et *base*), un agrandissement d'une zone est proposé dans la colonne de gauche. Les trajectoires extraites du mouvement calculé avec les points de Mike Guttman sont en sombre, les trajectoires extraites du mouvement calculé avec nos points sont en gris. Cas pathologique.

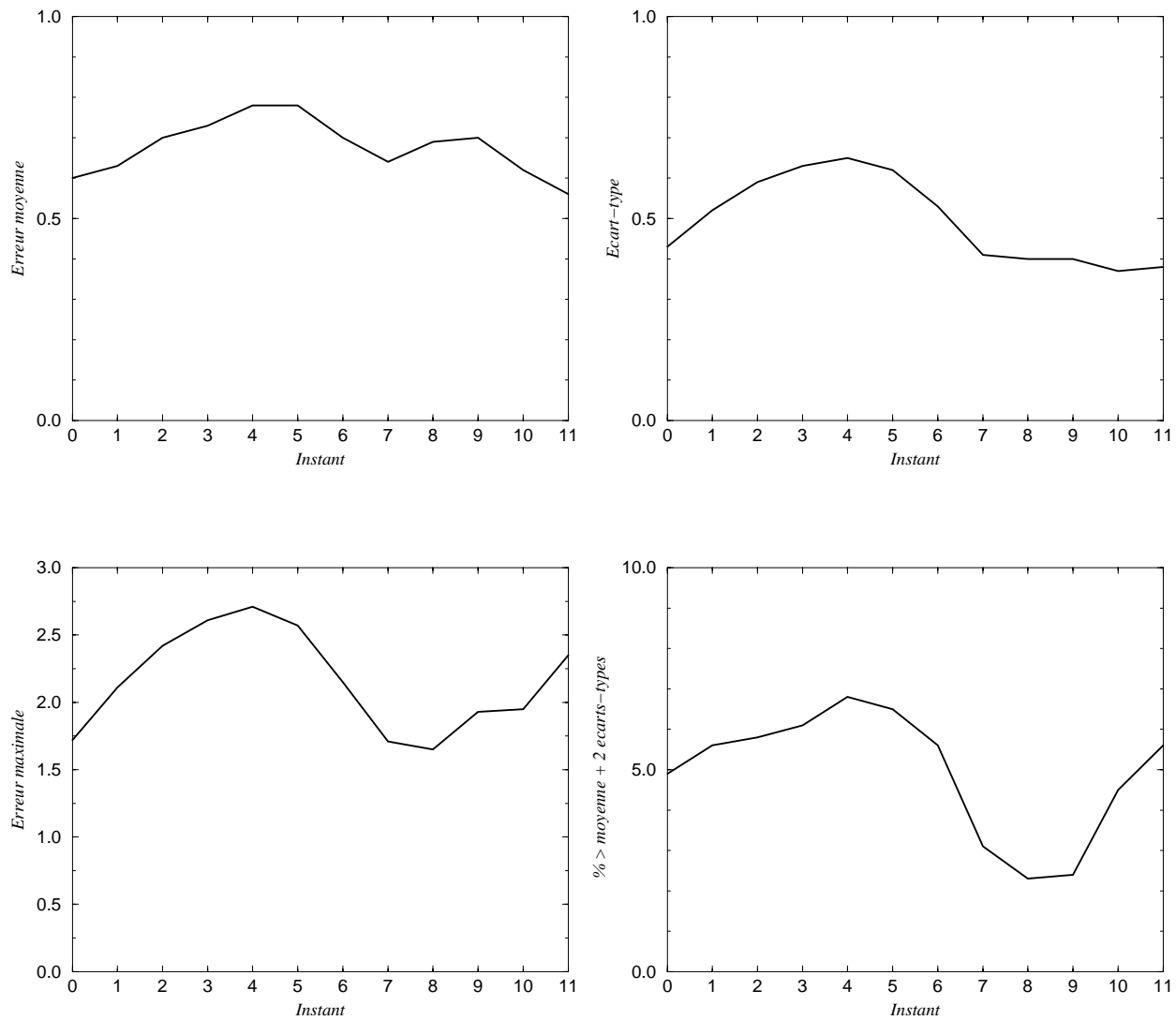


FIG. 10.33 – Statistiques sur les distances entre les surfaces reconstruites déformées par les transformations planisphériques $4D f_{JD}$ et f_{MG} . Cas pathologique.

10.4.2 Déformation des plans de marquage : cas normal

Les figures 10.34 et 10.36 montrent les plans de marquage déformés par la transformation planisphérique 4D au cours de la séquence dans les images, pour un cas normal et un cas pathologique respectivement. Il faut noter la superposition des lignes (plans) sur les croix (points de marquage détectés). La superposition n'est pas toujours parfaite, particulièrement vers l'endocarde en fin de systole. Il est possible que la transformation ne déforme pas assez, il faut cependant remarquer que l'endocarde est tapissé de replis de tissus, ce qui rend cette partie beaucoup plus libre à la déformation. De plus, les plans de marquage débordent des limites du myocarde pour des raisons pratiques de visualisation 3D (figures 10.35 et 10.37).

Les figures 10.35 et 10.37 montrent les surfaces du ventricule gauche et les plans de marquage déformés par la transformation planisphérique 4D au cours de la séquence, pour un cas normal et un cas pathologique respectivement.

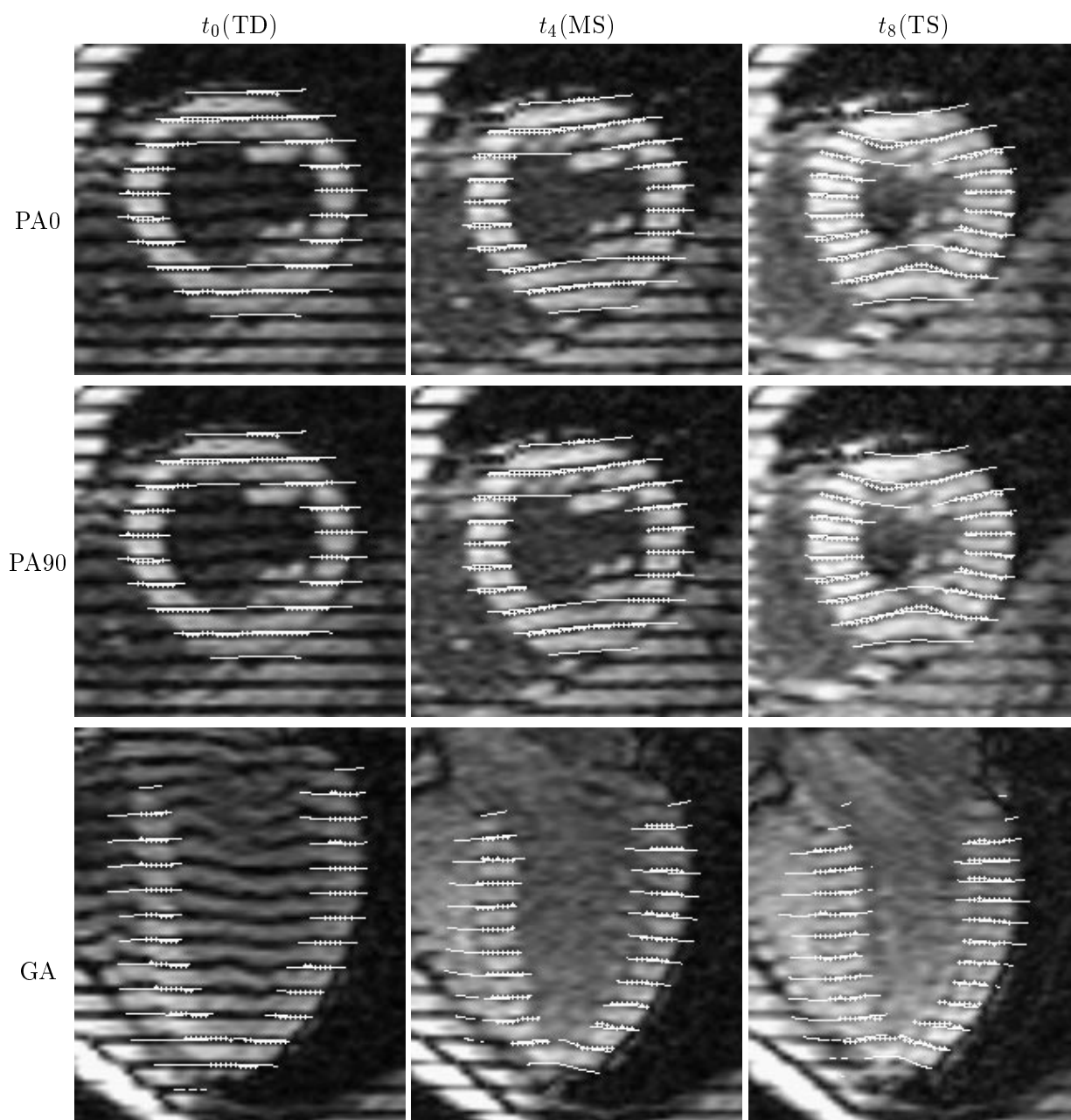


FIG. 10.34 – Les plans de marquage sont tracés dans les images originales (trois projections PA0, PA90 et GA) au cours de la séquence. De gauche à droite, trois instants de la systole sont représentés (télédiastole, mi-systole et télésystole). Les positions des plans sont comparables aux données détectées (croix). Cas normal.

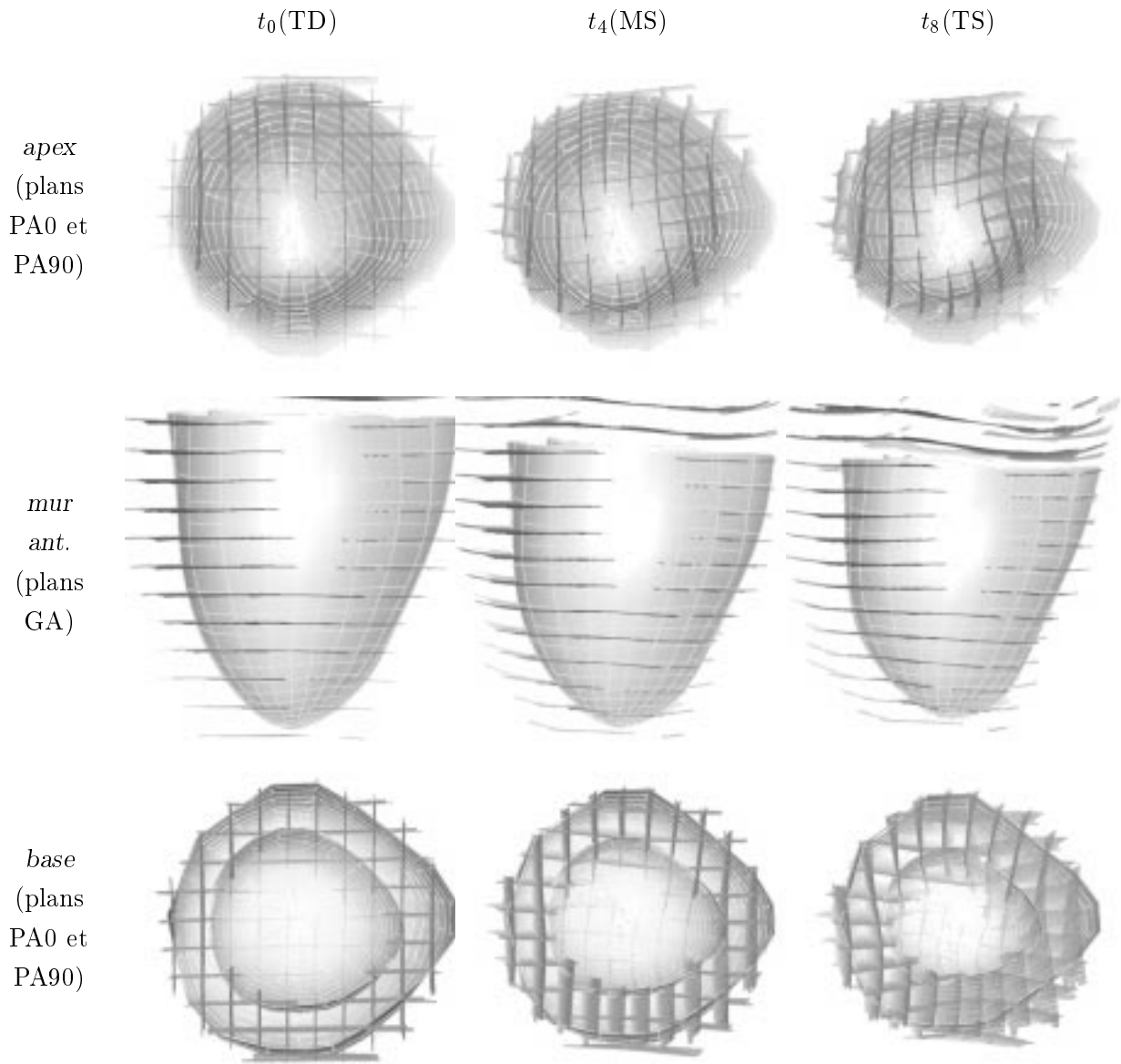


FIG. 10.35 – La surface du ventricule gauche avec les plans de marquage représentés suivant trois vues (apex, mur antérieur et base) au cours de la séquence. De gauche à droite, trois instants de la systole sont représentés (télédiastole, mi-systole et télésystole). Les plans sont choisis de façon que leur vecteur normal soit perpendiculaire à la vue. Cas normal.

10.4.3 Déformation des plans de marquage : cas pathologique

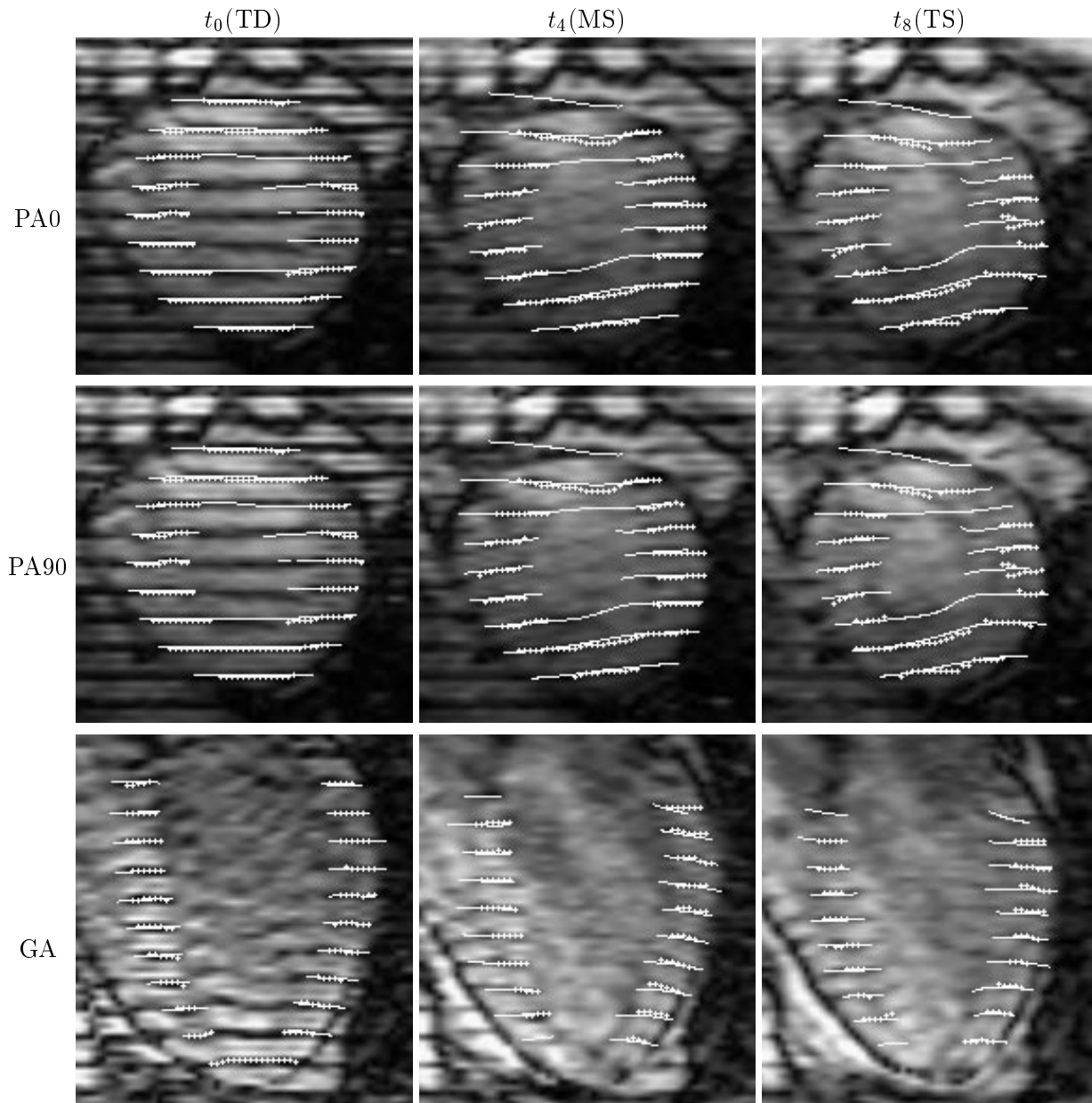


FIG. 10.36 – Les plans de marquage sont tracés dans les images originales (trois projections PA0, PA90 et GA) au cours de la séquence. De gauche à droite, trois instants de la systole sont représentés (télédiastole, mi-systole et télésystole). Les positions des plans sont comparables aux données détectées (croix). Cas normal.

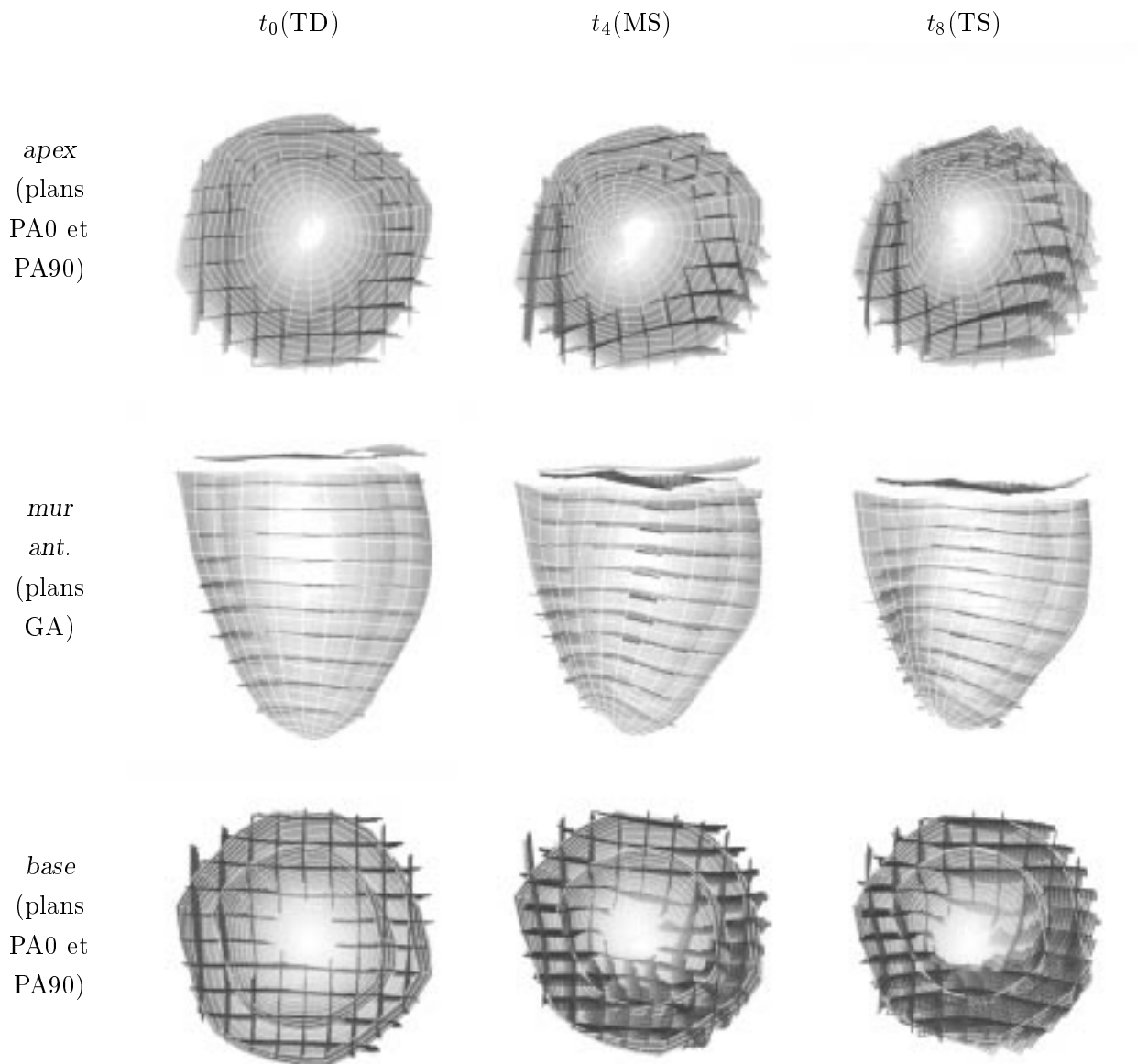


FIG. 10.37 – La surface du ventricule gauche avec les plans de marquage représentés suivant trois vues (apex, mur antérieur et base) au cours de la séquence. De gauche à droite, trois instants de la systole sont représentés (télédiastole, mi-systole et télésystole). Les plans sont choisis de façon que leur vecteur normal soit perpendiculaire à la vue. Cas pathologique.

10.5 Analyse du mouvement

Ainsi que nous l'avons montré dans le chapitre 6, nous pouvons extraire des paramètres du mouvement au cours de la séquence. Nous pouvons calculer ces paramètres à tout instant de l'intervalle $[t_0, t_{N-1}]$ qui couvre la séquence. Les figures 10.38, 10.40 et 10.42 montrent pour le cœur normal l'évolution des paramètres de mouvement radial, d'élévation et de rotation apico-basale à trois instants de la systole. Les figures 10.39, 10.41 et 10.43 montrent les mêmes planches pour le cœur pathologique.

Nous constatons une différence nette entre les paramètres extraits pour le cœur normal et pour le cœur pathologique en fin de systole (sur la gauche dans les figures) :

1. *mouvement radial*, figures 10.38 et 10.39 :

- dans le cas normal, la contraction est plus importante vers l'endocarde que vers l'épicarde, le paramètre décroît régulièrement de la base vers l'apex. Cela confirme l'appréciation visuelle du mouvement que l'on a en observant la figure 10.28. Nous constatons également que les valeurs du paramètre dans le septum (à gauche dans les images) sont plus faible que dans les autres murs, à latitude égale. Cela provient de la moins grande mobilité de ce mur à cause de son voisinage avec le ventricule droit, alors que les autres murs sont plus "libres" (voisinage avec le poumon ou le diaphragme, voir annexe A) ;
- dans le cas pathologique, le mur inférieur (en haut dans les images) est inefficace, le mur antéro-septal (en bas à gauche) est, en revanche, très actif, par "compensation". Cette activité dans cette région est montrée sur les cartes du paramètre en fin de systole par des couleurs plus chaudes que la normale, le mur inférieur, lui, est coloré par des couleurs plus froides que la normale ;

2. *élévation*, figures 10.40 et 10.41 :

- dans le cas normal, la contraction est à peu près uniforme dans tout le mur, la couleur passe du jaune (l'origine des couleurs) au bleu turquoise. L'affaissement le long du grand-axe est régulier. Vers les latitudes nulles, le paramètre prend des valeurs plus élevées. L'apex dérive vers le mur inféro-septal, ce que l'on peut vérifier grâce à la figure 10.29. Dans cette région, les valeurs du paramètre sont donc positives (rouge) et elles sont négatives (bleu) dans la région qui lui est symétrique par rapport au grand-axe ;
- dans le cas pathologique, l'affaissement vertical est moins régulier, le mur antéro-septal ne semble pas s'abaisser car les valeurs du paramètres bougent peu (couleur jaune persistante dans cette région tout au long de la systole). La dérive de l'apex est plus importante que dans le cas normal (voir figure 10.31), elle se fait vers le mur antéro-septal (et non inféro-septal comme dans le cas normal). L'activité du mur antérieur et l'inactivité du mur inférieur font que l'apex est entraîné du côté où le muscle se contracte. Dans le cas normal, les deux murs opposés se contractent de façon à peu près équilibrée, l'apex dérive donc moins (figure 10.29) ;

3. *rotation apico-basale*, figures 10.42 et 10.43 :

- dans le cas normal, la rotation est plus importante vers l'endocarde que vers l'épicarde, elle est positive vers la base et négative vers l'apex, les valeurs maximales du paramètre sont calculées dans le mur latéral ;
- dans le cas pathologique, la rotation est bien plus négative dans le mur antérieure, révélant la suractivité de cette partie du muscle. Les valeurs calculées dans le mur inférieur sont comparables à celles du cas normal, à cause de l'effet d'entraînement : le mur inférieur est animé d'un mouvement différent dans les deux cas, mais la rotation apico-basale n'est pas révélatrice de cette différence.

Les différences que nous observons sont mesurées sur des cas isolés. Ne disposant que d'un seul cas normal, nous ne connaissons pas la variabilité du mouvement sur une population homogène, nous ne connaissons donc pas non plus la variabilité des paramètres sur cette même population, ce qui définit leur sensibilité. Les différences que nous observons sont explicables, nous l'avons vu, mais une expérimentation systématique sur une base de données de cas normaux nous permettra de les quantifier objectivement.

De plus et pour la même raison, nous manquons d'expérience pour commenter l'*évolution de ces paramètres au cours du temps* (ici, seulement pendant la systole). Un des avantages des transformations planisphériques 4D est de définir une transformation continue de la variable temps. Grâce à la base de données, il sera possible d'exprimer les variations des valeurs des paramètres dans l'espace et dans le temps au cours de la systole.

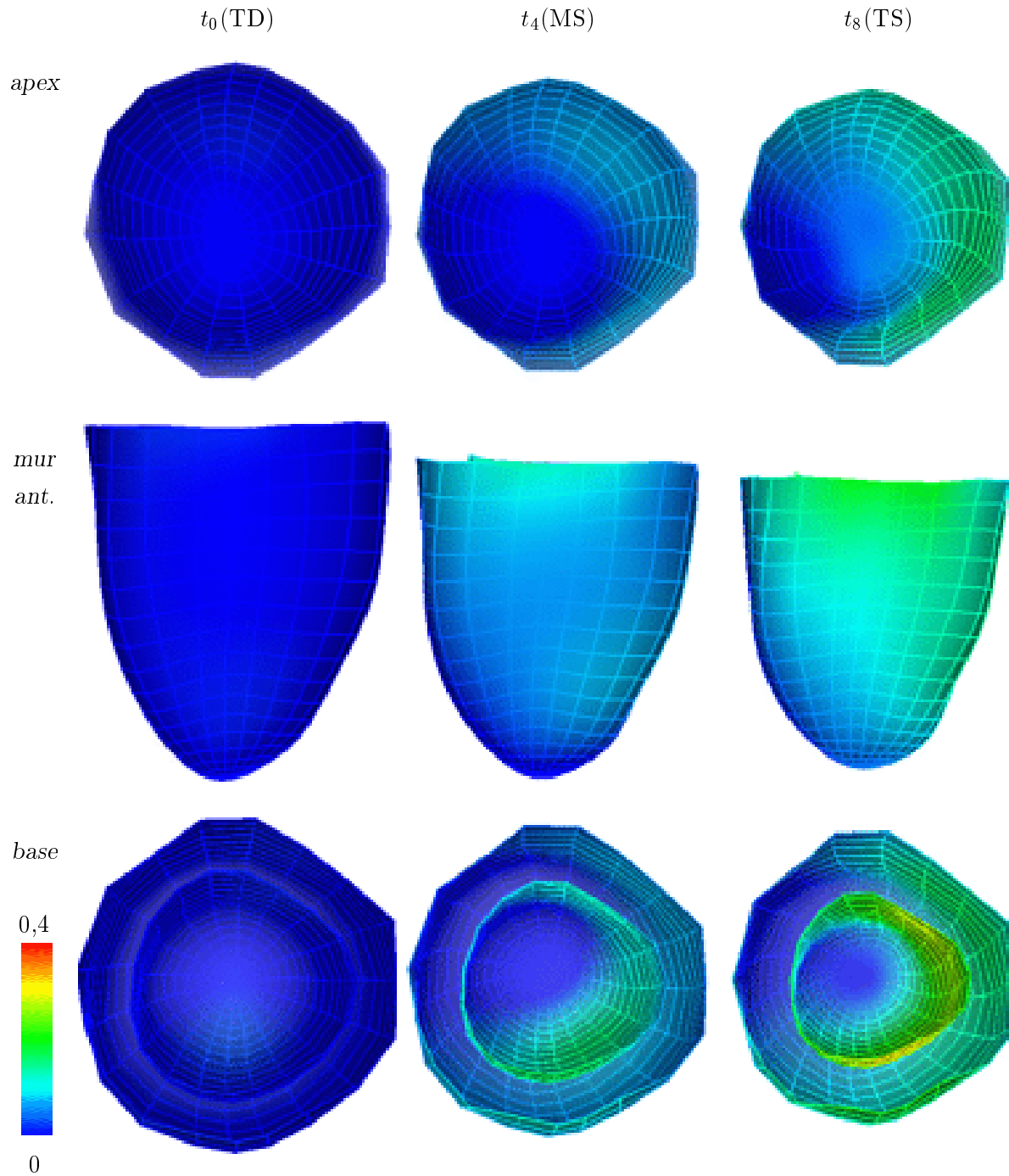


FIG. 10.38 – La surface du ventricule gauche coloriée par le paramètre de **mouvement radial** représentée suivant trois vues (apex, mur antérieur et base) au cours de la séquence. De gauche à droite, trois instants de la systole sont représentés (télédiastole, mi-systole et télésystole). Cas normal.

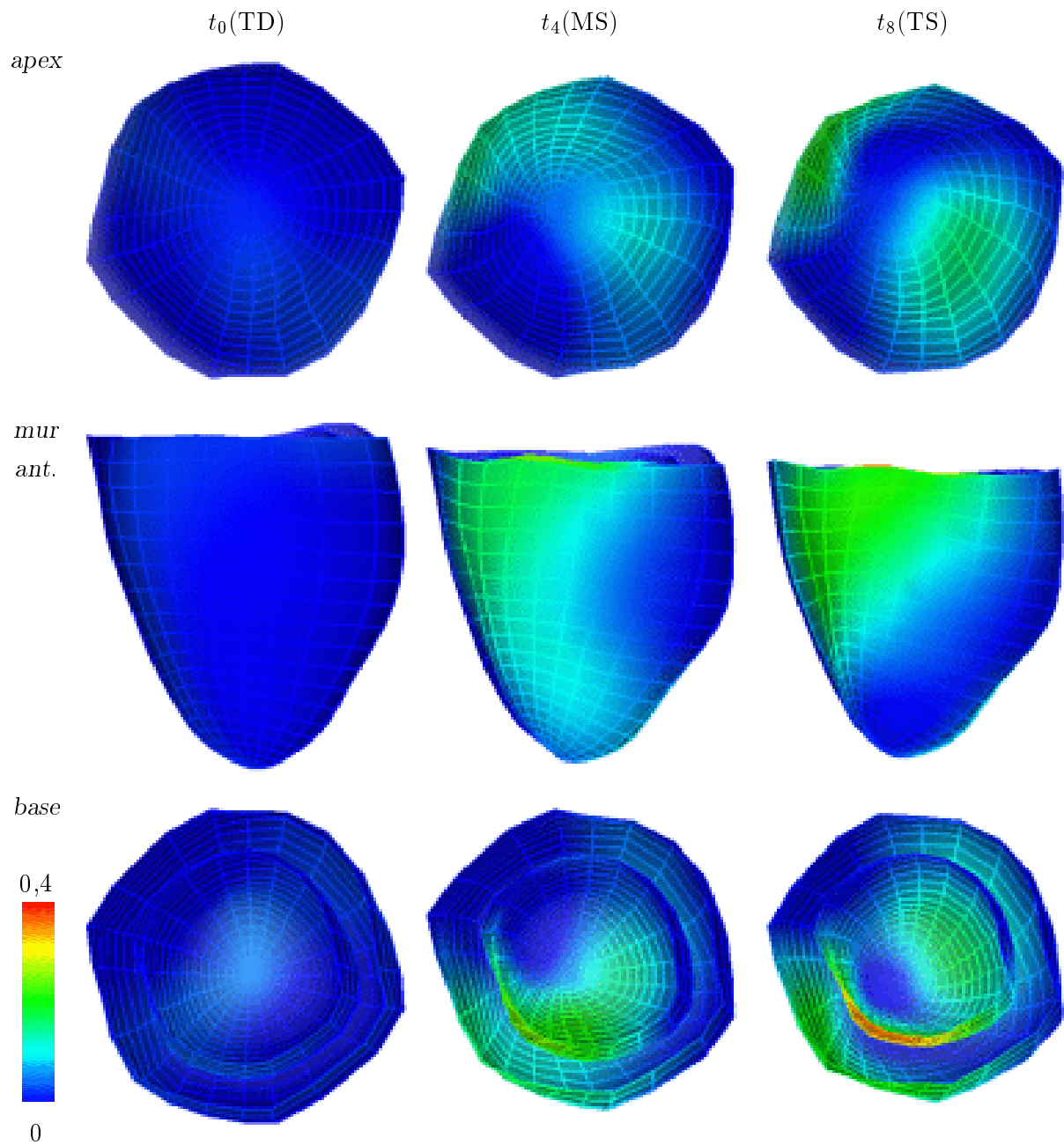


FIG. 10.39 – La surface du ventricule gauche colorée par le paramètre de **mouvement radial** représentée suivant trois vues (apex, mur antérieur et base) au cours de la séquence. De gauche à droite, trois instants de la systole sont représentés (télédiastole, mi-systole et télésystole). Cas pathologique.

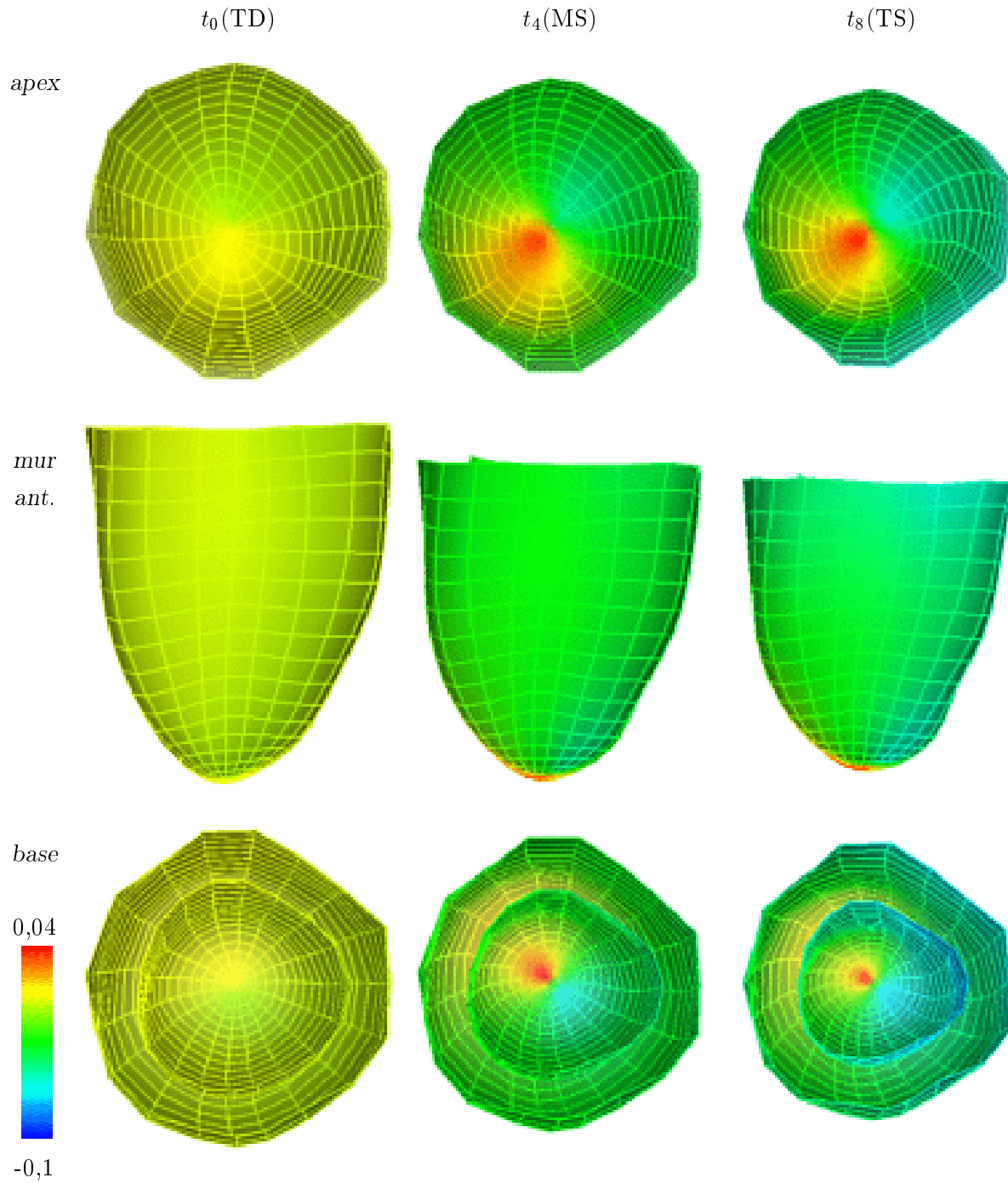


FIG. 10.40 – La surface du ventricule gauche coloriée par le paramètre d'élevation représentée suivant trois vues (apex, mur antérieur et base) au cours de la séquence. De gauche à droite, trois instants de la systole sont représentés (télédiastole, mi-systole et télésystole). Cas normal.

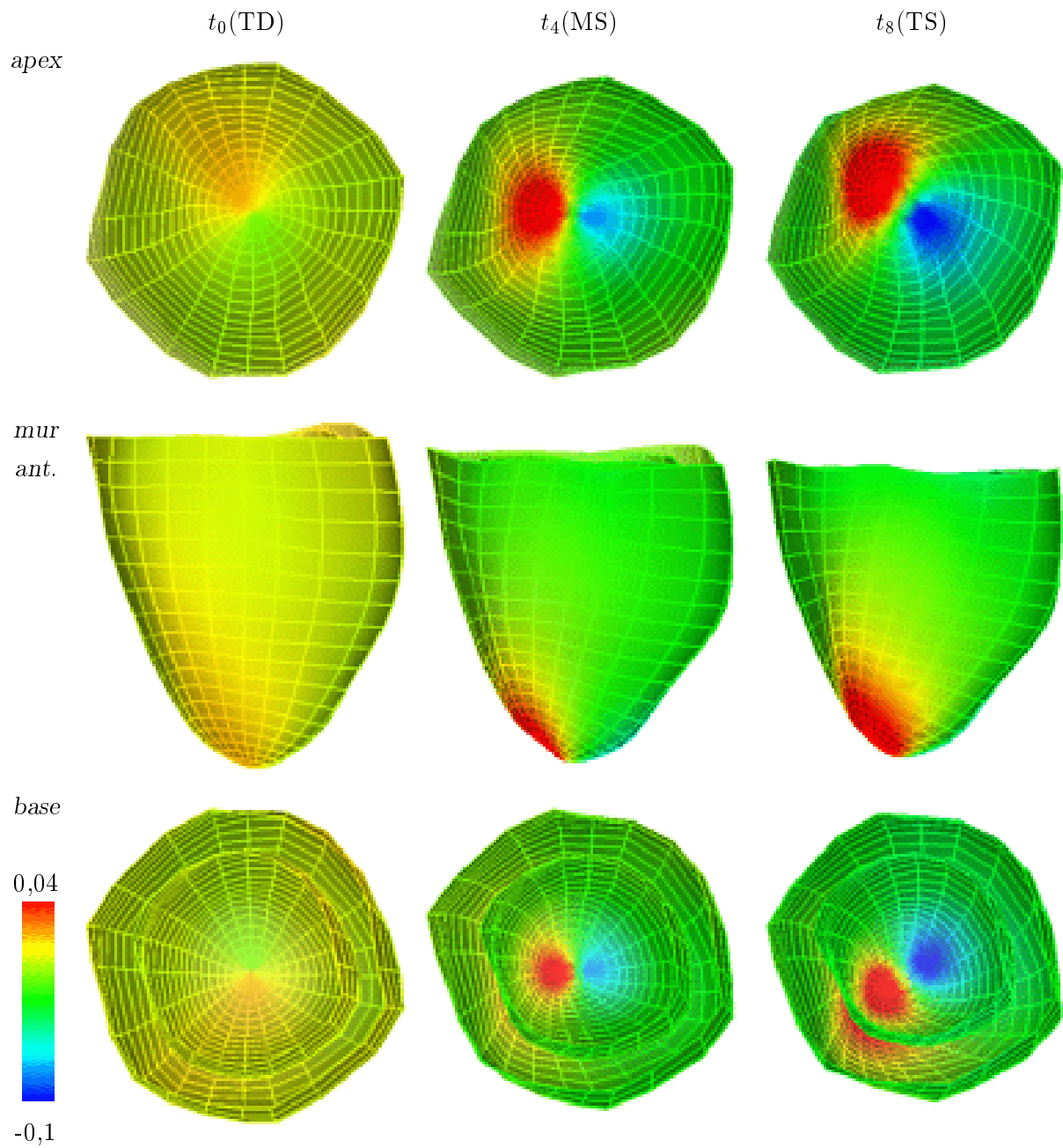


FIG. 10.41 – La surface du ventricule gauche coloriée par le paramètre d'élévation représentée suivant trois vues (apex, mur antérieur et base) au cours de la séquence. De gauche à droite, trois instants de la systole sont représentés (télédiastole, mi-systole et télésystole). Cas pathologique.

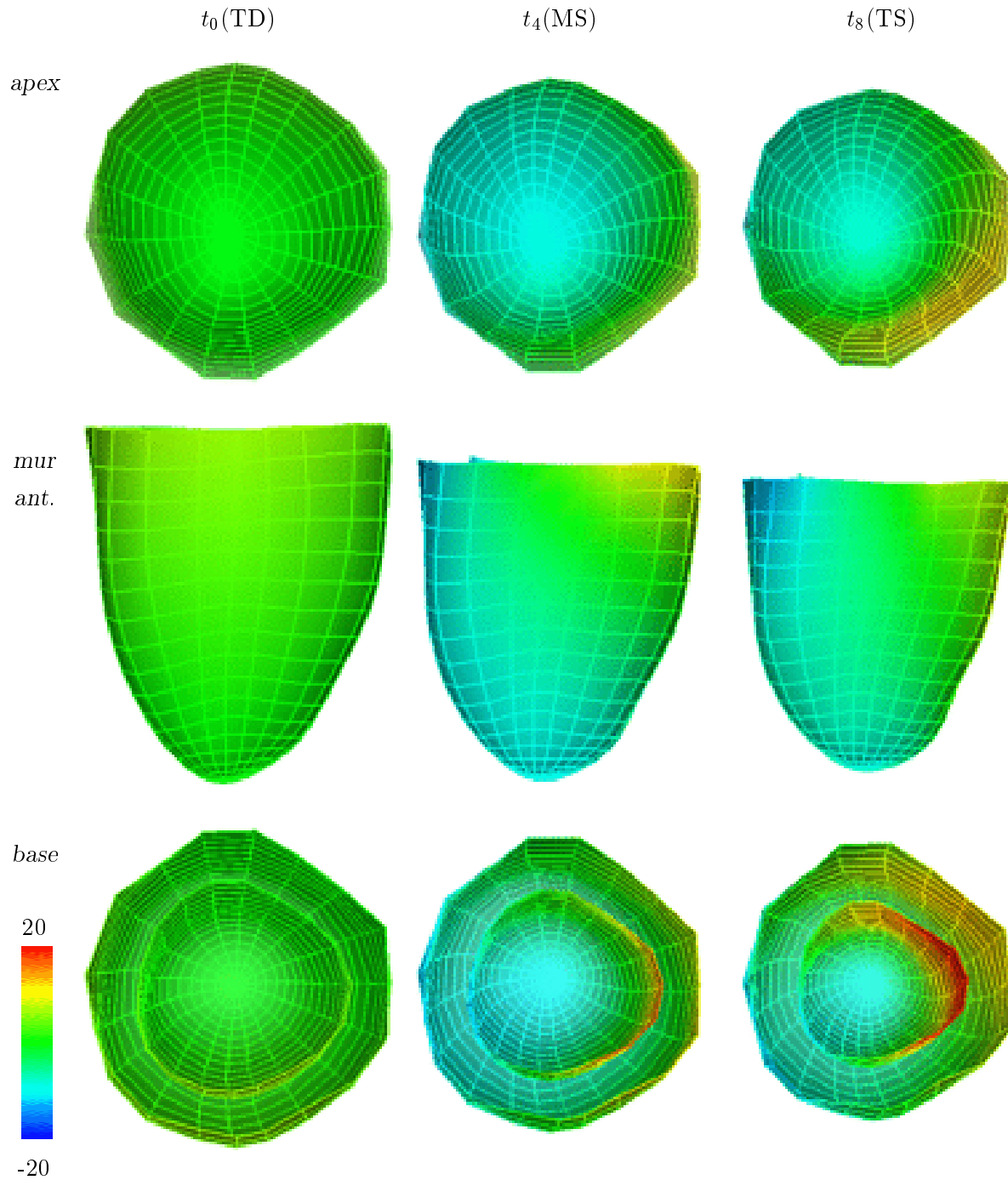


FIG. 10.42 – La surface du ventricule gauche colorisée par le paramètre de **rotation apico-basale** représentée suivant trois vues (apex, mur antérieur et base) au cours de la séquence. De gauche à droite, trois instants de la systole sont représentés (télédiastole, mi-systole et télésystole). Cas normal.

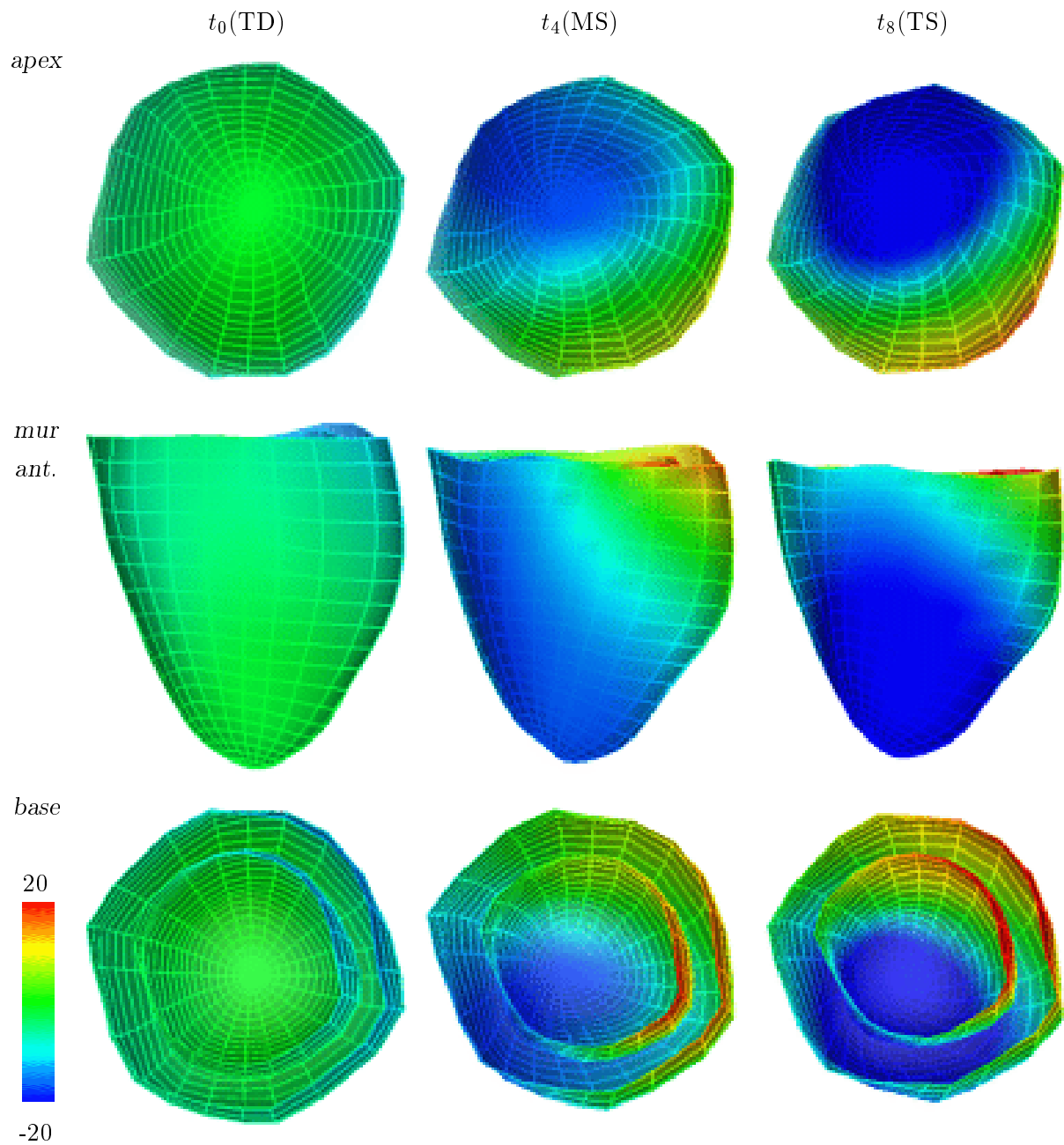


FIG. 10.43 – La surface du ventricule gauche colorée par le paramètre de **rotation apico-basale** représentée suivant trois vues (apex, mur antérieur et base) au cours de la séquence. De gauche à droite, trois instants de la systole sont représentés (télédiastole, mi-systole et télésystole). Cas pathologique.

CONCLUSION

Conclusion et perspectives

Dans ce chapitre final, nous dressons une conclusion sur les deux méthodes que nous avons présentées dans ce manuscrit. Deux problèmes différents de mise en correspondance déformable ont été abordés, l'un sur l'alignement géométrique d'études de perfusion myocardique, l'autre

sur le suivi et l'analyse du mouvement cardiaque.

Nous rappelons les grandes lignes de nos approches, nous commentons les résultats obtenus et nous indiquons quelques pistes à suivre pour les valider, les améliorer et étendre les méthodes vers d'autres applications.

1 Rappel des travaux présentés

Dans cette thèse, nous nous sommes intéressés à deux problèmes liés à l'utilisation des images tri- ou tétradimensionnelles pour détecter et quantifier des pathologies cardiaques.

Dans la première partie, nous avons présenté une méthode de mise en correspondance et d'alignement géométrique d'images tomoscintigraphiques de perfusion myocardique. Le couple d'images (repos et effort) est recalé et rééchantillonné dans une géométrie modèle. Nous utilisons une double mise en correspondance déformable ; affine entre les images repos et effort d'une part, spline entre l'image effort et la géométrie modèle, d'autre part. Après rééchantillonnage, nous obtenons un autre couple d'images repos et effort, dans la géométrie du modèle de référence. Ces nouvelles images correspondent point à point à l'image de référence et il est possible de comparer n'importe quelle image d'un patient à la référence, condition nécessaire à l'élaboration d'un processus statistique de quantification de la pathologie.

Nous avons présenté des résultats sur le recalage obtenus sur une base de données d'entraînement de 40 cas et sur une base de données de routine de 250 cas. La validation du recalage a été réalisée par un expert de façon visuelle et a montré un taux de succès de 80 % pour la base de données d'entraînement et de 97 % pour la base de données de routine.

Dans la seconde partie, nous avons présenté deux méthodes de suivi de mouvement dans des séquences d'images tridimensionnelles, l'une appliquée aux images dans lesquelles des informations purement géométriques sont disponibles (images TEMPS, pour nos essais) et l'autre dédiée aux images par IRM marquée dans lesquelles l'information de mouvement est marquée par des lignes. Par ces méthodes, nous cherchons à calculer une transformation planisphérique 4D qui permet de modéliser le mouvement du ventricule gauche. Cette transformation est définie par des équations simples écrites dans une géométrie adaptée à la forme du ventricule gauche. Grâce à cette transformation, nous extrayons des paramètres quantitatifs décrivant des composantes "canoniques" du mouvement.

Les expériences menées sur des images TEMPS nous permettent de déduire que la composante radiale fournit des résultats conformes à ce que nous attendons : les valeurs calculées nous montrent les caractéristiques pathologiques que nous recherchons. Les deux autres composantes (élévation et rotation apico-basale) fournissent des valeurs plus difficiles à interpréter, nous ne pouvons conclure sur leur sensibilité avec les quelques essais que nous avons réalisés.

L'utilisation d'images par IRM marquée fournit une information plus riche que la TEMPS pour retrouver le mouvement. Plus contraint par les données, le calcul de la transformation planisphérique 4D est donc plus fiable. Nous avons montré que la décomposition du mouvement peut, là aussi, fournir une information quantitative sur la santé du myocarde.

2 Comment évaluer ces travaux ?

Les commentaires que nous pouvons écrire sur les expériences qui ont été réalisées ne nous permettent pas de juger complètement les méthodes proposées : ce sont des résultats préliminaires

qui établissent la faisabilité des processus, il faut donc mettre en place une stratégie d'évaluation et de validation des méthodes.

2.1 Le réglage des paramètres

Étude de perfusion myocardique par TEMP

La méthode est modulée par un certain nombre de paramètres qu'il faut mettre au point. Certains paramètres concernent l'échantillonnage radial pour la détection des points caractéristiques dans la géométrie polaire, il faut régler également le nombre de points de contrôle et le coefficient de régularité de la transformation spline, le nombre d'itérations de chacun des processus de l'algorithme PPPI (Point le Plus Proche Itéré, ou Iterative Closest Point, en anglais). Nous avons utilisé une base de données de 40 cas particulièrement difficiles (par rapport à une série de cas de routine) pour les régler. Nous avons constaté inévitablement une dépendance des résultats aux valeurs des paramètres. Certains sont plus sensibles que d'autres, notamment les paramètres de la transformation spline : le bon fonctionnement du recalage du modèle de référence sur le ventricule gauche est crucial dans le succès de la méthode de réaligement.

Pour tous les paramètres cités, nous n'avons pas pu trouver une justification théorique aux choix que nous avons faits, seules notre expérience personnelle et la mise à l'épreuve sur la base de données d'entraînement nous ont guidés :

1. *paramètres de la procédure d'extraction de points caractéristiques* : il faut régler les pas d'échantillonnages radial et angulaire, le filtre de Canny-Deriche et ses paramètres (ce filtre mesure la corrélation d'un signal avec un signal de type marche d'escalier : peut-on trouver un signal idéal plus adapté à notre problème?), les pourcentages de seuillage des points, la taille minimale des composantes connexes. La mise à l'épreuve sur la base de données nous a permis de régler assez facilement ces paramètres. La sensibilité de l'extraction des points caractéristiques aux paramètres est faible (nous n'avons vérifié que visuellement), ce qui ne nous a pas motivé pour réaliser des expériences de mesure statistique de variabilité. Pour une étude plus approfondie, il faudrait mener de telles expériences : une façon simple de procéder serait de calculer des variations (écarts-types) de la position des points calculés en fonction des valeurs des paramètres, ces variations étant mesurées par rapport à une position connue d'un objet complètement défini ;
2. *les paramètres de la transformation spline* : ils sont cruciaux, le choix d'un nombre de points de contrôle de 8×8 et d'un coefficient de régularité de 0,1 est empirique. Pour le problème posé, la différence entre les diverses formes de ventricules gauches qui composent les bases de données est telle qu'il faut définir une déformation souple : hormis les différences de taille, il existe des ventricules fins, des gros, des trapus, des ventricules en forme de "U", d'autres en forme de "V", etc. (Perret, 1970). Il faut également que la déformation soit suffisamment contrainte pour être correctement évaluée en cas de données lacunaires. Les valeurs que nous avons choisies sont un bon compromis, les essais que nous avons réalisés avec d'autres valeurs nous sont apparus

moins satisfaisants. Là encore, l'estimation est visuelle. Dans ce cas, le processus d'évaluation de sensibilité par une méthode statistique est plus complexe : le problème de l'évaluation d'un recalage non-rigide est toujours ouvert ;

3. *les paramètres de l'algorithme PPPI* : le nombre d'itérations, le choix de la pondération entre distance cartésienne et distance de deux vecteurs sont des paramètres moins critiques que les précédents. Leur valeur a été guidée par l'expérience, celles que nous avons retenues sont un compromis entre vitesse et précision.

Suivi et analyse du mouvement

L'étude que nous avons présentée sur le suivi et l'analyse du mouvement est moins mature que l'étude de perfusion myocardique présentée en première partie du manuscrit. Nous n'avons pas disposé d'assez de temps ni de données pour réaliser une expérimentation systématique de la méthode. Il existe donc une collection de paramètres pour lesquels nous n'avons pas l'expérience ni le recul suffisants pour les régler :

1. *le système de coordonnées planisphériques* : évidemment, la position de ce système d'axes est le plus sensible des paramètres de la méthode. En effet, les mouvements canoniques que nous extrayons sont fondamentalement liés à l'axe par rapport auquel ils sont calculés. Pour pallier cette difficulté, nous avons proposé dans la méthode un protocole de calcul automatique d'un système d'axes "idéal" en utilisant la méthode de mise en correspondance exposée dans la première partie de ce manuscrit ;
2. *le nombre de points de contrôle* : ce nombre quantifie la sensibilité de la déformation. Naturellement, plus le nombre de points de contrôle est élevé, plus la transformation peut décrire des mouvements d'influence locale (aussi bien en temps qu'en espace). Le choix est guidé par une volonté de décrire correctement le mouvement, y compris les mouvements pathologiques pour lesquels seule une petite région peut manifester un déplacement anormal. Il est donc nécessaire d'avoir un niveau de description suffisant. Par analogie avec des notions de traitement du signal, augmenter le nombre de points de contrôle permet d'augmenter la "fréquence de coupure" du filtre, fréquence qui, dans ce cas, a la dimension de l'inverse d'une distance : cette distance est la taille caractéristique d'une région dont le déplacement serait différent de celui des régions avoisinantes et que la transformation ne pourrait repérer.

L'inconvénient d'augmenter le nombre de points de contrôle est d'abord d'allonger les temps de calcul et de fragiliser l'estimation numérique de la transformation. De plus, un niveau de description trop grand rend la transformation trop sensible au bruit ou aux erreurs de positionnement des points caractéristiques, phénomène que l'excellent ouvrage (Bishop, 1995) appelle "the curse of dimensionality"¹. Il faut donc trouver un niveau de description optimal.

1. Expression pour laquelle nous n'avons pas trouvé de traduction satisfaisante : "curse", en anglais, veut dire malédiction, mauvais sort.

Le choix que nous avons défini est arbitraire, il ne s'appuie que sur notre expérience personnelle et sur quelques essais. La mise à l'épreuve devant une base de données est à nouveau nécessaire.

2.2 La validation par l'expérience

Cette brève étude de la dépendance de ces méthodes aux choix des paramètres de calcul montre quels sont les points sensibles de celles-ci. Nous sommes intimement convaincus que la validation par l'expérience offre une excellente preuve de la robustesse et de la qualité d'une méthode, même si, bien entendu, une estimation théorique est préférable. Nous proposons deux approches pour réaliser la validation des étapes des méthodes :

Validation par rapport à une référence

Il s'agit de faire opérer la méthode testée sur un cas pour lequel le résultat est connu avec une certaine précision. Pour la méthode de suivi de mouvement, par exemple, nous pouvons envisager d'utiliser des images par IRM marquée synthétiques décrivant un mouvement calculé à l'avance pour évaluer l'ensemble du processus de traitement des séquences d'images par IRM marquée. L'article (Waks et al., 1996) propose une méthode pour calculer un mouvement cardiaque synthétique à partir du modèle décrit dans (Arts et al., 1992) et construire des images SPAMM décrivant ce mouvement. En comparant le mouvement calculé et le mouvement retrouvé par notre méthode, il est possible de mesurer la précision de notre méthode.

Une fois la méthode par IRM marquée évaluée, il est possible de la comparer à la méthode générale utilisant l'extension 4D de l'algorithme PPPI. En supposant que nous disposions d'une image par TEMPS ou par IRM classique et une image par IRM marquée du cœur d'un même patient, il serait possible de comparer les mouvements et les paramètres de mouvements calculés et de conclure sur la sensibilité de la méthode.

Validation par un grand nombre d'expériences

Une autre stratégie consiste à expérimenter la méthode sur une large base de données. Le jeu de paramètres choisi est celui qui fournit les meilleurs résultats. Le problème est d'évaluer les résultats. Pour une expérimentation sérieuse sur des outils qui fournissent des paramètres quantitatifs, une appréciation visuelle par un expert n'est plus suffisante, il faut faire des statistiques. L'idée cette validation statistique est de mesurer la netteté de la séparation que la quantification fournit entre les cas normaux et les cas pathologiques. Bien entendu, cela nécessite d'utiliser une base de données pour laquelle il existe une information sur la santé des patients obtenue par un autre protocole d'évaluation déjà validé dans la littérature spécialisée. Une telle procédure d'évaluation est en cours à l'École de Médecine de Stanford, Californie, États-Unis sous la responsabilité du Pr. Michael Goris pour l'étude de perfusion myocardique.

Nous espérons bien sûr que l'utilisation de méthodes 3D (ou 4D) destinées à résoudre des problèmes 3D (ou 4D) permettront une évaluation plus précise et plus nette des examens que leurs

ainées qui ne prennent pas en considération toutes les dimensions géométriques du problème. Dans ce manuscrit, nous nous sommes attachés à appliquer cette idée.

3 Perspectives

3.1 Des applications cliniques connexes

Le principe d'alignement sur un modèle de référence

Nous avons évoqué dans la section 4.4 des applications de la méthode à des problèmes cliniques similaires en Médecine Nucléaire : le problème de l'examen repos-redistribution est identique à l'examen repos-effort, il n'y a pas besoin de changer les paramètres qui ont été réglés pour l'application repos-effort. En revanche, il faut faire quelques modifications pour appliquer le processus au problème de la détection de l'embolie pulmonaire et à celui de l'évaluation du médicament sur l'activation cérébrale. Ils concernent des organes différents, mais la méthode de traitement des images est comparable. La détection de points caractéristiques avec un opérateur de Canny-Deriche avec filtrage a posteriori pour sélectionner les "bons" points fournit des résultats satisfaisants sur les quelques images sur lesquelles nous avons pu réaliser les essais. La mise au point des paramètres de la méthode sera plus facile que dans les études de perfusion myocardique car il n'existe pas d'organe périphérique dans les images : la détection de points est donc plus spécifique et le filtrage peut être moins sophistiqué que celui que nous avons proposé pour le ventricule gauche. Pour la mise en correspondance, il faut aussi mettre au point différemment les paramètres de la transformation spline, car les disparités de forme et donc la variabilité des déformations à calculer ne sont pas les mêmes.

Ces réglages sont en cours de réalisation au sein de l'équipe de l'entreprise Focus Imaging, la méthode de détection de l'embolie pulmonaire est industrialisée sous le nom de PneumoMatchTM, l'outil d'évaluation du médicament sur l'activation cérébrale sous le nom de NeuroMatchTM.

Le suivi et l'analyse du mouvement

Nous avons débuté une étude de la fonction cavitaire du ventricule droit en utilisant une séquence TEMPS (16 instants, images 64x64x64). Les images représentent le sang dans les cavités cardiaques et ne montrent donc que les endocardes droit et gauche.

L'intérêt du cardiologue avec lequel nous avons travaillé (Dr. Renaud Vidal, Centre Antoine Lacassagne, Nice, France) porte sur l'étude du mouvement de la paroi libre de l'endocarde droit afin de détecter une éventuelle arythmie². Le ventricule droit est un objet bien plus complexe à décrire que le ventricule gauche : sa forme est une pyramide tronquée incurvée. En adaptant le système de coordonnées planisphériques 3D à celle-ci, il est possible d'appliquer les méthodes présentées dans la partie II. Les paramètres que la transformation planisphérique 4D (elle changerait de nom et

2. notamment la dysplasie arthmo-ventriculaire du ventricule droit (DAVD), qui est une malformation des tissus pouvant entraîner un trouble de la contraction ventriculaire droite allant jusqu'à l'arrêt cardiaque.

deviendrait probablement “tronco-pyramidale 4D” !) permettrait de retrouver devraient être soumis aux mêmes protocoles de validations que ceux que nous avons évoqué plus haut.

3.2 Une étude de la dynamique des fluides

Dans les travaux présentés dans la deuxième partie de ce manuscrit, nous développons un modèle cinématique du mouvement du ventricule gauche. Nous utilisons l’information cinématique contenue dans les images pour retrouver le mouvement, mais nous n’abordons pas la vraie dynamique du ventricule gauche qui permettrait, par exemple, d’étudier la structure mécanique de ce dernier et les interactions avec les fluides en contact (fluide péricardique et surtout le sang dans la cavité). Une fois le champ de déplacement de la structure retrouvé, nous pourrions enrichir l’analyse du mouvement du ventricule par une étude des interactions entre le sang et le myocarde. Les images anatomiques comme les images par IRM marquée nous autoriseraient à simuler l’écoulement du sang dans l’aorte, calculer les pressions qui se répartissent sur la paroi endocardique. Les images anatomiques pourraient également être complétées par des images de vitesse telles celles obtenues par IRM par contraste de phase : il serait ainsi possible de valider une partie des calculs par comparaison des vitesses simulées et des images.

3.3 Un problème important : comparer deux transformations

Comparer deux transformations est un sujet de recherche très vaste et encore très ouvert lorsqu’il s’agit de transformations non-rigides. Outre les paramètres de mouvements obtenus, il est possible de comparer les transformations elles-mêmes. Cela permettrait, par exemple, de définir des transformations moyennes, caractéristiques d’une bonne santé ou d’une certaine pathologie, ou bien de définir quel sous-espace de l’espace des points de contrôle contient le plus d’informations significatives sur la variabilité du mouvement. L’analyse en composantes principales (ACP, (Chatfield et Collins, 1980; Krzanowski, 1988)) est une méthode simple qui permet de déterminer un tel sous-espace : les composantes principales sont les vecteurs qui contiennent l’essentiel de l’information de variation, les autres ne montrant pas de décorrélation particulière des informations. Le problème dans cette approche est qu’il faut pouvoir additionner des paramètres définissant la transformation, par conséquent il faut que ces paramètres soient équivalents. Dans le cas de notre transformation planisphérique 4D, il faut s’assurer que l’équivalence des points de contrôle soit étendue à la variable temporelle. Il faut donc “déformer” la distribution de points de contrôle pour trouver une correspondance temporelle non-rigide ; (Moore, 1984) présente une méthode pour réaliser une telle mise en correspondance (time warping) appliquée au problème de la reconnaissance de la parole. Un mot peut être prononcé suivant des intonations différentes (allongeant plus ou moins les syllabes), la correspondance entre les deux façons de parler n’est pas affine, il faut mettre en correspondance les deux signaux avec un recalage temporel non-rigide (figure 10.44).

Avec une méthode efficace de mise en correspondance de transformations 4D, il est possible là aussi de réaliser des statistiques sur les points de contrôle et définir les paramètres les plus significatifs. Choisisant les points de contrôles les plus caractéristiques des variations entre les

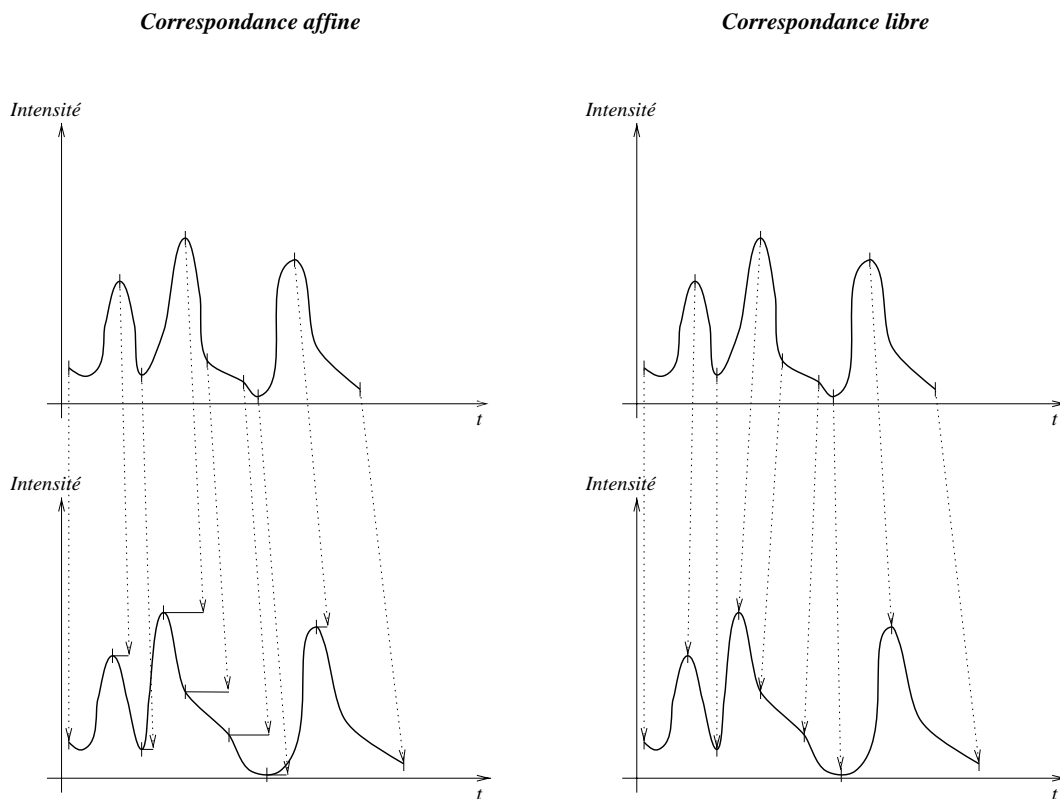


FIG. 10.44 – Sur chaque ligne, deux signaux différents au cours du temps. Ces signaux représentent une information équivalente (intensité sonore d’un même mot prononcé par deux personnes différentes, signal ECG, etc.). Un simple recalage affine (à gauche) recalant seulement le début et la fin du signal peut amener à une correspondance aberrante entre les “moments forts” des signaux, symbolisés par les traits verticaux qui barrent les courbes. La méthode du “time warping” de Moore est illustrée sur la droite, il s’agit en fait d’une déformation non-rigide temporelle.

différents mouvements, nous pouvons envisager de ne calculer que ces points-là lors de l'estimation d'une transformation, ce qui accélèrera le calcul de la transformation sans nuire à sa capacité de description. Cette idée aborde une théorie très intéressante, sa mise en pratique est l'histoire d'une ou de plusieurs autres thèses...

ANNEXES

Annexe A

Éléments d'anatomie cardiaque

Nous présentons dans ce chapitre quelques éléments de l'anatomie du cœur, plus particulièrement celle du ventricule gauche. Nous décrivons

brèvement le fonctionnement général de la pompe cardiaque. Nous montrons également les axes classiques utilisés pour la visualisation d'une coupe en deux dimensions.

A.1 Le cœur et le ventricule gauche

Le cœur est un organe formé essentiellement d'un muscle, le *myocarde*, lequel est entouré d'un "sac" séreux, le *péricarde* et tapissé à l'intérieur par une fine membrane, l'*endocarde* (figure A.6).

Le cœur comprend quatre cavités : deux cavités droites, formées par l'oreillette et le ventricule droit et deux cavités gauches, formées par l'oreillette et le ventricule gauche (figure A.1). Les cavités droite et gauche sont totalement séparées par une cloison (septum).

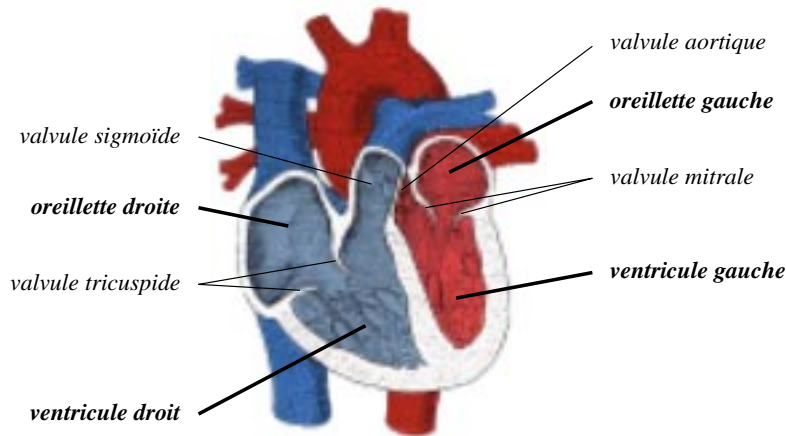


FIG. A.1 – L'anatomie du cœur suivant une coupe où les 4 cavités sont visibles.

Ces cavités sont connectées à des veines et des artères qui conduisent le sang venant ou partant du cœur (figure A.2) :

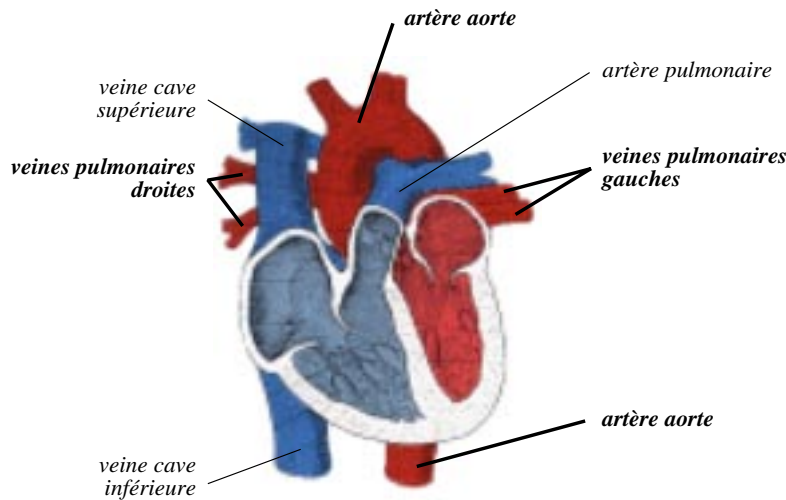


FIG. A.2 – Les veines et artères connectées au cœur.

- La partie droite assure la circulation du sang carbonisé recueilli par les veines caves : ce sang

aboutit dans l'oreillette droite et est éjecté dans le ventricule droit. L'oreillette et le ventricule droits communiquent par l'orifice auriculo-ventriculaire droit, lequel est obturé par la valvule tricuspide, empêchant le retour de sang du ventricule vers l'oreillette. Le sang est ensuite éjecté dans l'artère pulmonaire, l'obturation étant assurée par la valvule sigmoïde.

- La partie gauche assure la circulation du sang oxygéné recueilli par les veines pulmonaires : ce sang aboutit dans l'oreillette gauche et est éjecté dans le ventricule gauche. L'oreillette et le ventricule gauches communiquent par l'orifice auriculo-ventriculaire gauche, lequel est obturé par la valvule mitrale. Le sang est ensuite éjecté dans l'artère aorte, l'obturation étant assurée par la valvule aortique.

Le cœur est donc une pompe double agissant sur le circuit sanguin. Le circuit distribuant le sang oxygéné aux différents organes du corps étant nettement plus long que le circuit pulmonaire chargé d'oxygéner le sang, le ventricule gauche est plus puissant que le ventricule droit : la pression est plus élevée à l'entrée de l'aorte qu'à l'entrée de l'artère pulmonaire. Le muscle qui compose le ventricule gauche est également nettement plus épais (figure A.10).

A.1.1 Le ventricule gauche

Le ventricule gauche est segmenté en cinq parties (figure A.3) : l'*apex* (pointe), le *septum* (séparation entre les ventricules), le *mur inférieur* (sur lequel repose le cœur dans le corps), le *mur latéral* et le *mur antérieur* (situé vers l'avant, au voisinage des côtes).

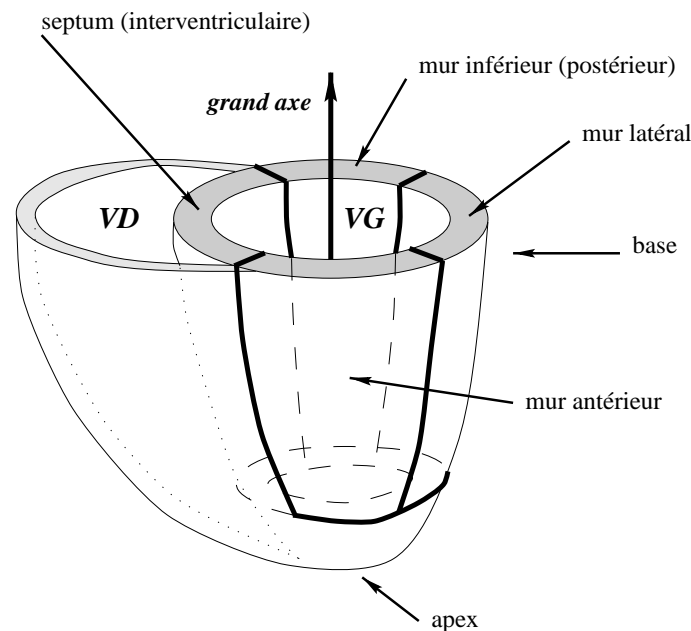


FIG. A.3 – La segmentation du ventricule gauche en cinq murs, quatre autour de l'axe long, un (l'apex) au fond de la "flûte à champagne". La base désigne le bord de la flûte.

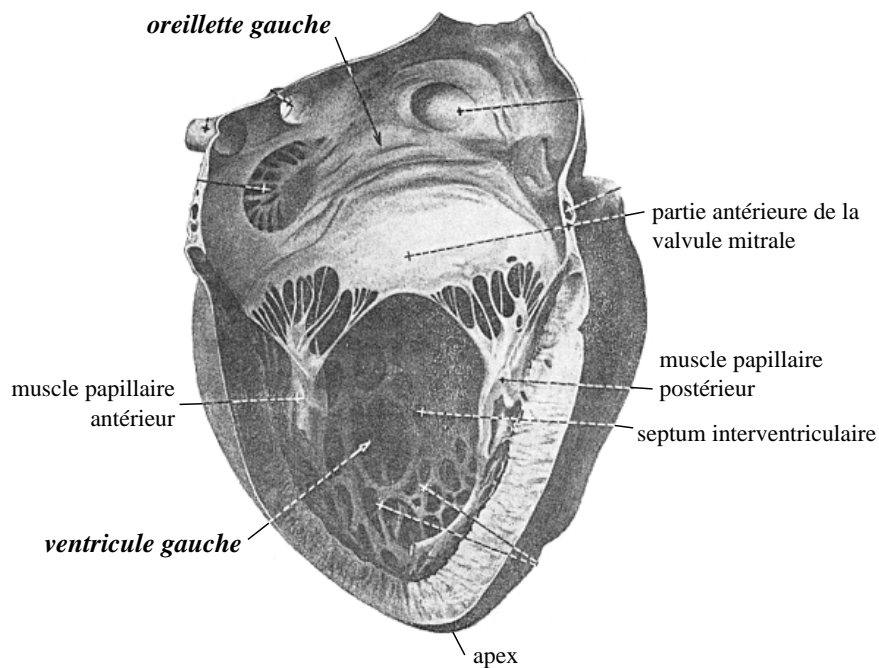


FIG. A.4 – *L'anatomie du ventricule gauche, d'après (Kiss et Szentágothai, 1974), page 177. Le mur latéral a été enlevé pour mettre en évidence la cavité.*

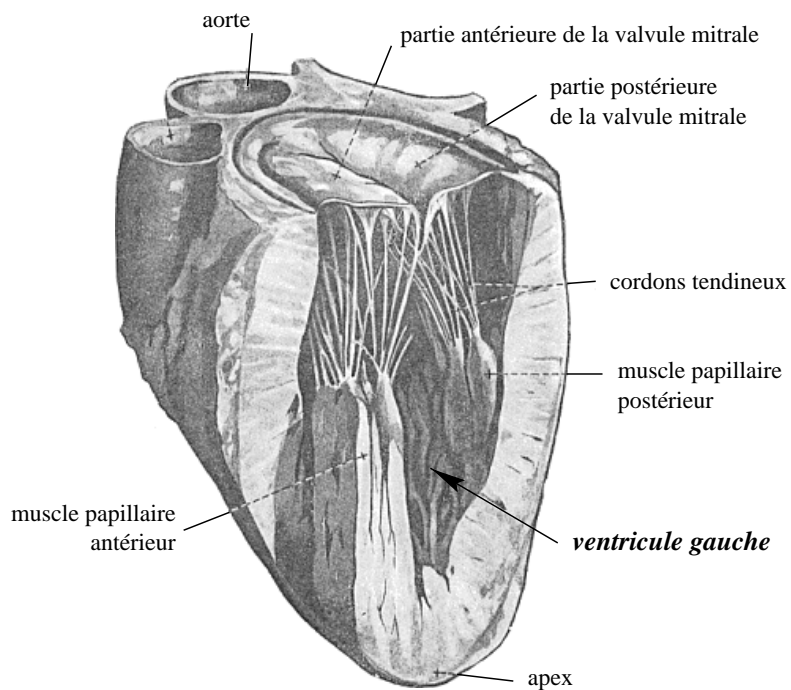


FIG. A.5 – *L'anatomie du ventricule gauche, d'après (Kiss et Szentágothai, 1974), page 180. Le mur latéral et une partie des murs antérieur et inférieur ont été enlevés pour mettre en évidence les muscles papillaires et la valvule mitrale.*

A.1.2 Le myocarde

Le myocarde est le muscle cardiaque. Le muscle est un assemblage de fibres (figure A.6) dont le raccourcissement crée la contraction musculaire. Le raccourcissement de la fibre dans la direction de contraction crée un épaississement de celle-ci dans les directions orthogonales, par conservation du volume.

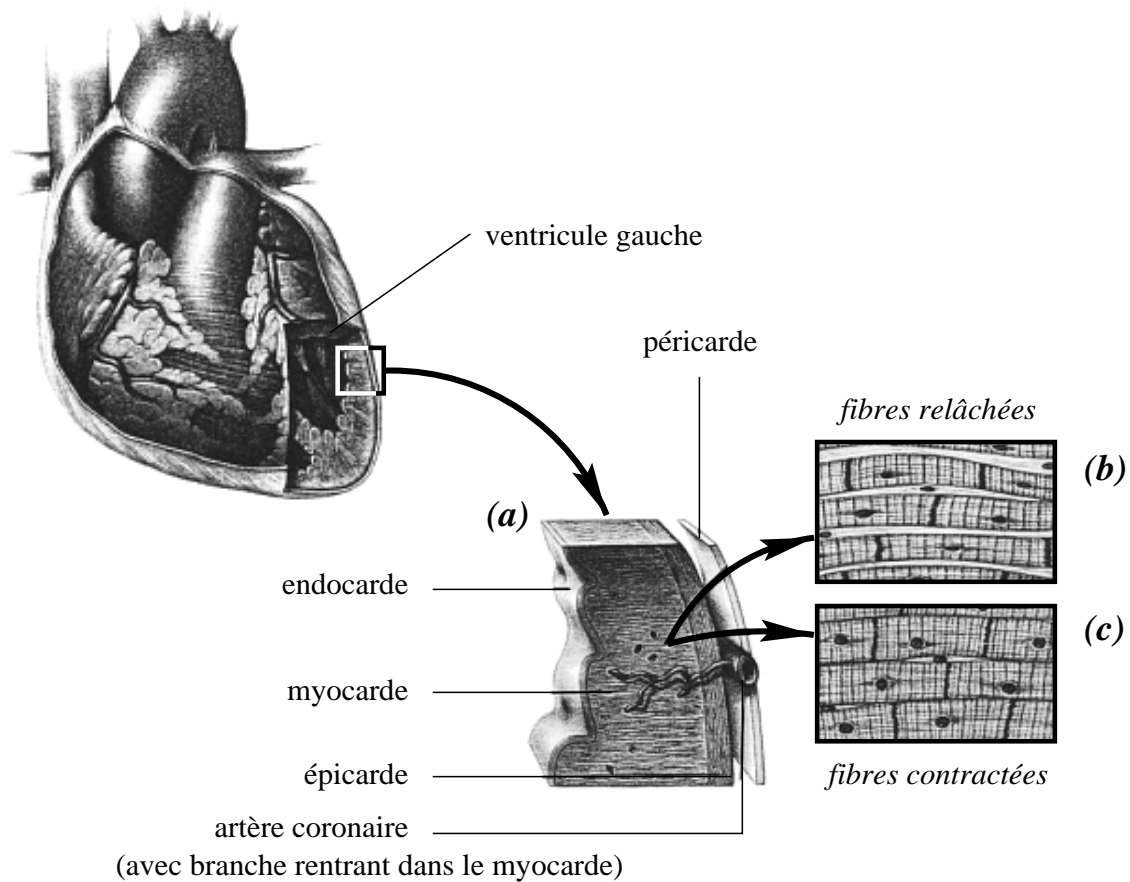


FIG. A.6 – *Le myocarde (muscle cardiaque)*, d'après (McGoon, 1993), page A4. Un agrandissement d'une portion du ventricule gauche (a) montre les parois (endocarde, épicaide) entre lesquelles se trouve le myocarde. Le cœur entier est entouré du péricarde, comme dans un sac. À droite, un agrandissement des fibres musculaires au repos (b) ou contractées (c).

L'angle d'orientation des fibres dans le ventricule gauche par rapport à la direction du grand axe est variable selon qu'on la mesure à l'intérieur ou à l'extérieur : de 70 degrés dans les couches internes à -70 degrés dans les couches externes (figure A.7). Cette disposition des couches périphériques crée un mouvement de torsion autour du grand axe et de raccourcissement le long de ce même axe. Les fibres circulaires, elles, créent un mouvement de rétrécissement du diamètre de la cavité.

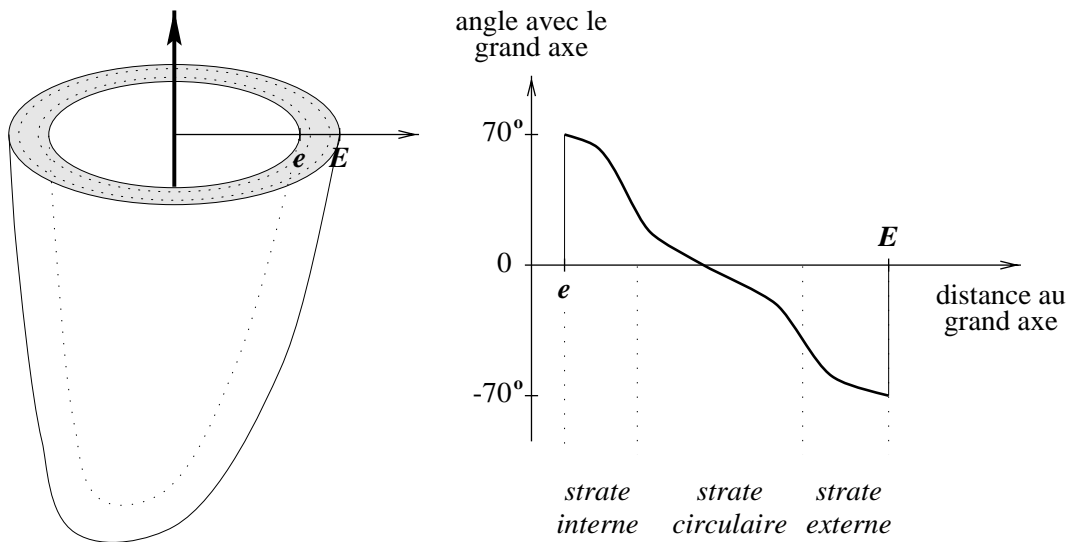


FIG. A.7 – L'orientation des fibres myocardiques de l'endocarde (*e*) à l'épicarde (*E*).

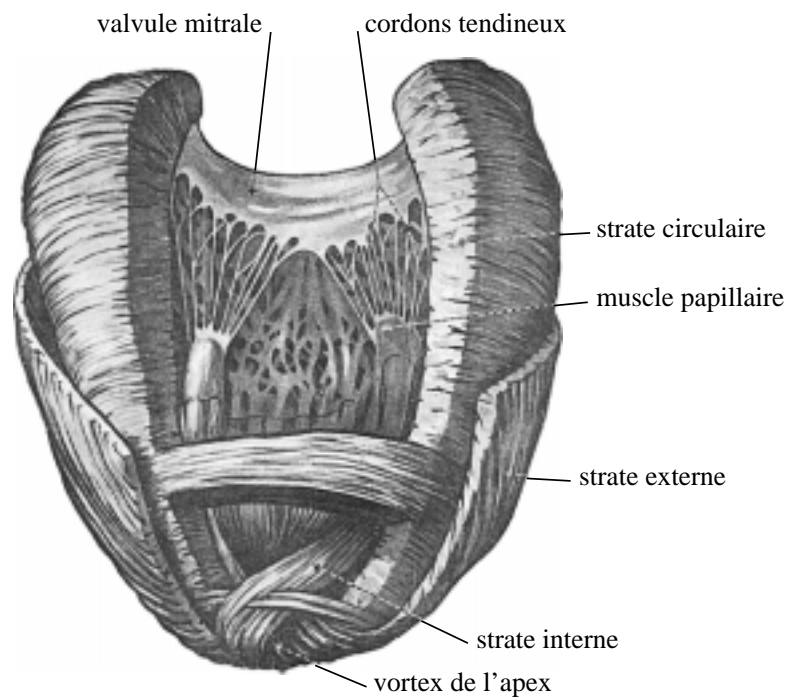


FIG. A.8 – L'anatomie du ventricule gauche, d'après (Kiss et Szentágothai, 1974), page 185. Les différentes couches du myocarde sont représentées, montrant les orientations des fibres musculaires.

A.1.3 Les géométries de visualisation

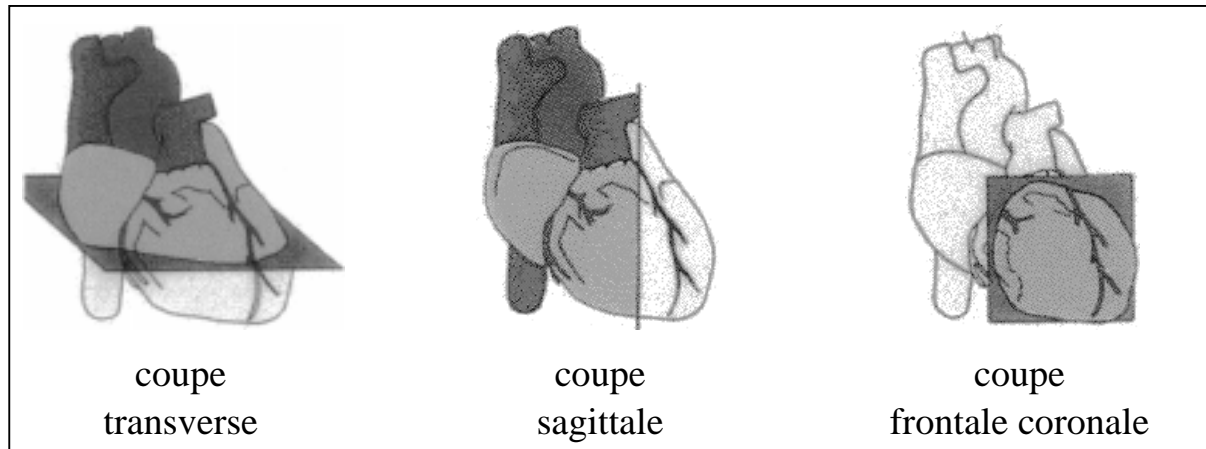
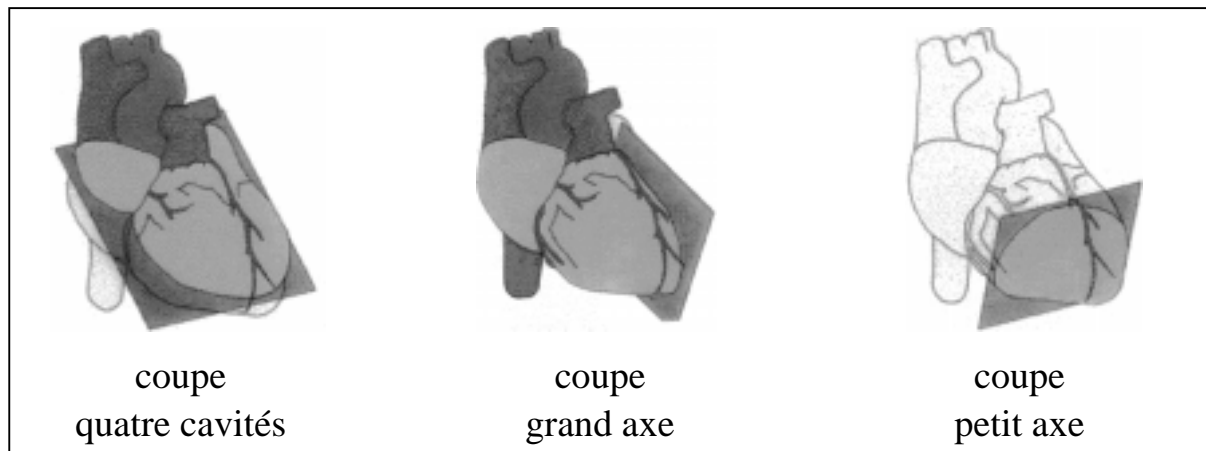
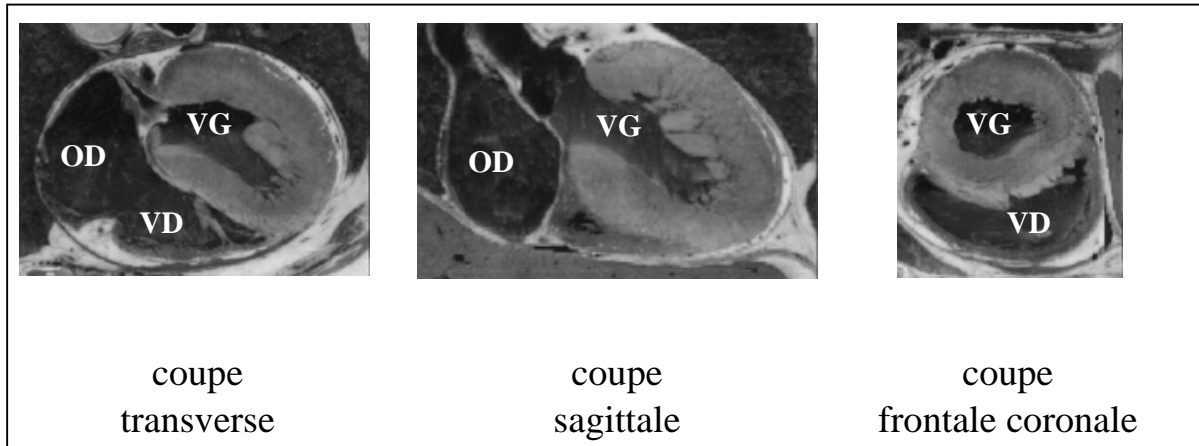
géométrie thoracique*géométrie cardiaque*

FIG. A.9 – Les différentes coupes servant à la visualisation du cœur, d'après (Lapalus, 1987). En haut, les coupes dans la géométrie thoracique, naturelle en TEMP. En bas, la géométrie cardiaque suit les axes du ventricule gauche, cette géométrie est naturelle en IRM ou en échographie.

géométrie thoracique



géométrie cardiaque

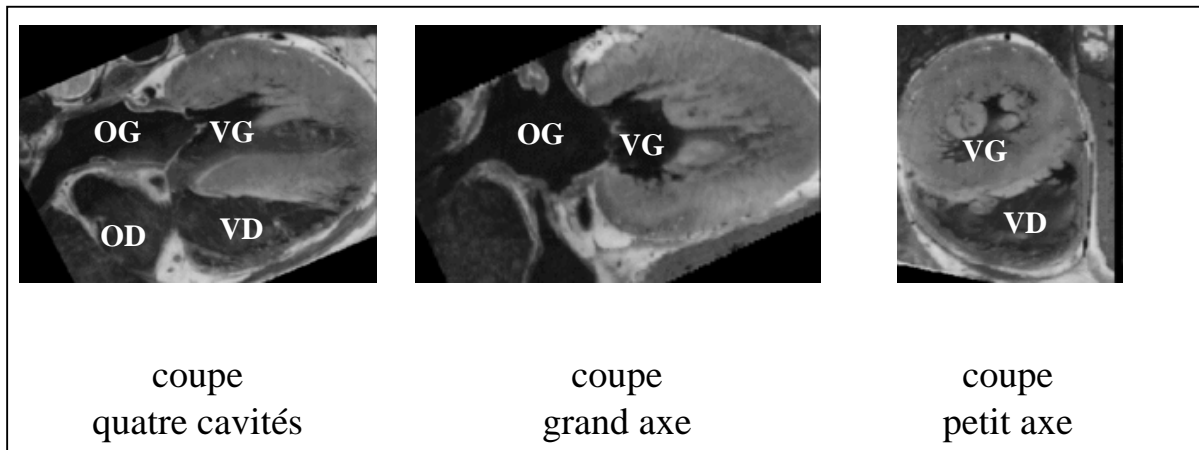


FIG. A.10 – Les différentes coupes de la figure A.9 illustrées sur l'image de la "Visible Woman". Le muscle du ventricule gauche est beaucoup plus épais que celui du ventricule droit ou des oreillettes. Au milieu du ventricule gauche, visibles surtout sur les coupes grand axe et petit axe, les muscles papillaires.

A.1.4 Le cycle cardiaque

La contraction du muscle est régie par un système nerveux autonome (le cœur peut battre “tout seul” à une pulsation constante) commandé par deux systèmes nerveux externes qui modulent le rythme. Le sang s’accumule dans les oreillettes, leur contraction évacue le sang dans les ventricules. La contraction des ventricules éjecte le sang dans les artères (*systole*). La décontraction (*diastole*) suit, laissant le temps au sang de s’accumuler dans les oreillettes et le cycle reprend (figure A.11).

Lors d’une acquisition d’image dynamique, le système est synchronisé à l’électrocardiogramme (ECG) pour identifier les instants auxquels les contractions sont déclenchées.

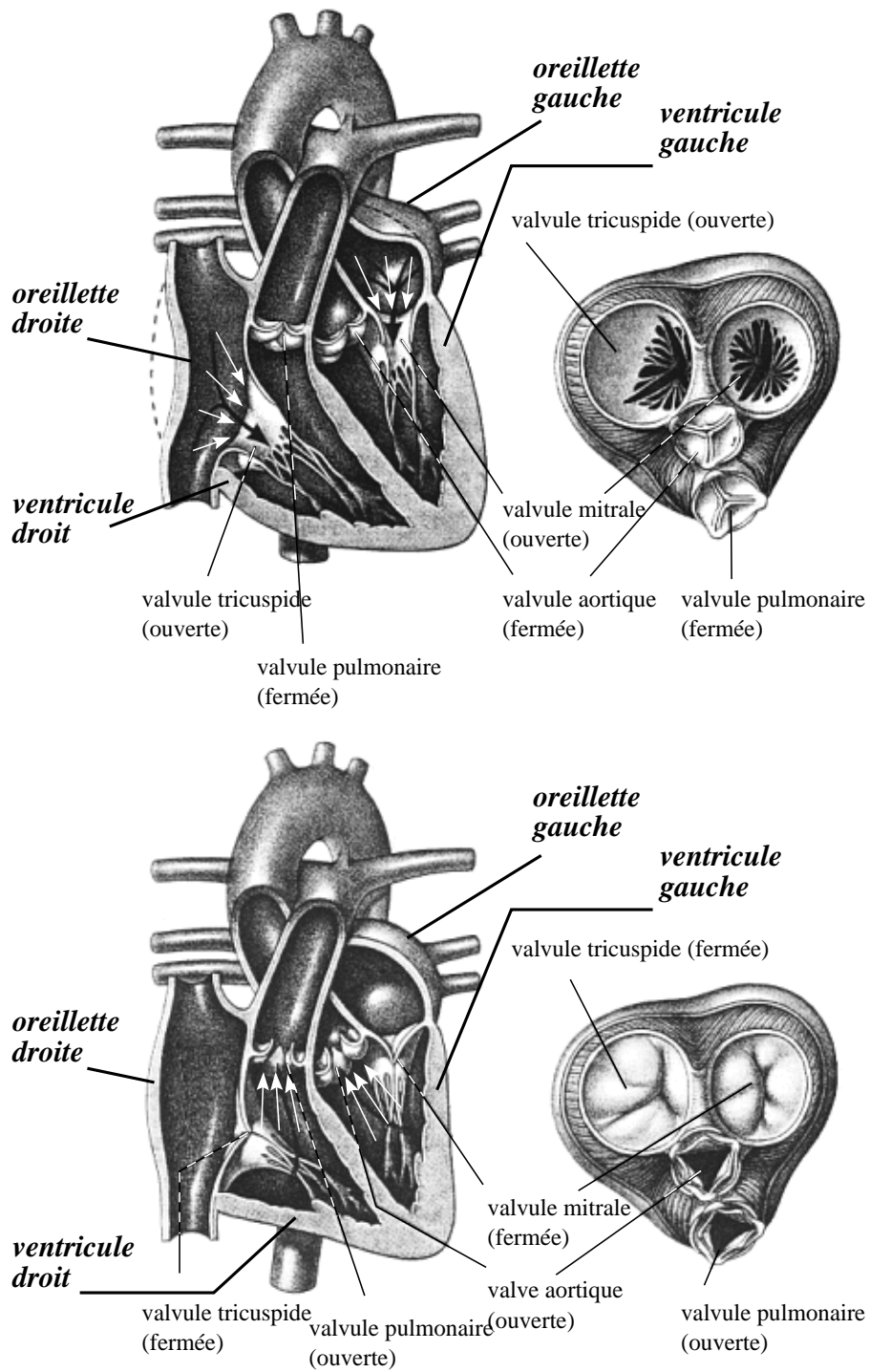


FIG. A.11 – Le cycle cardiaque et les valvules, d'après (McGoon, 1993), page A6. Le cœur est représenté dans une vue où l'on peut distinguer les quatre cavités. En haut, pendant la diastole, les oreillettes expulsent le sang dans les ventricules. En bas, pendant la systole, les ventricules éjectent le sang dans l'aorte (pour le gauche) et dans l'artère pulmonaire (pour le droit).

A.2 Les artères coronaires

A.2.1 Anatomie

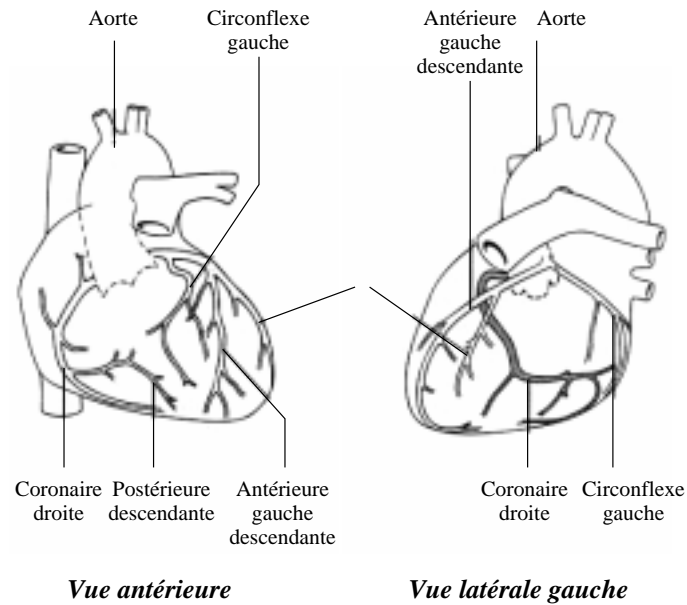


FIG. A.12 – L'anatomie des artères coronaires selon les vues antérieure et latérale gauche, d'après (Larock et al., 1992), page 5.

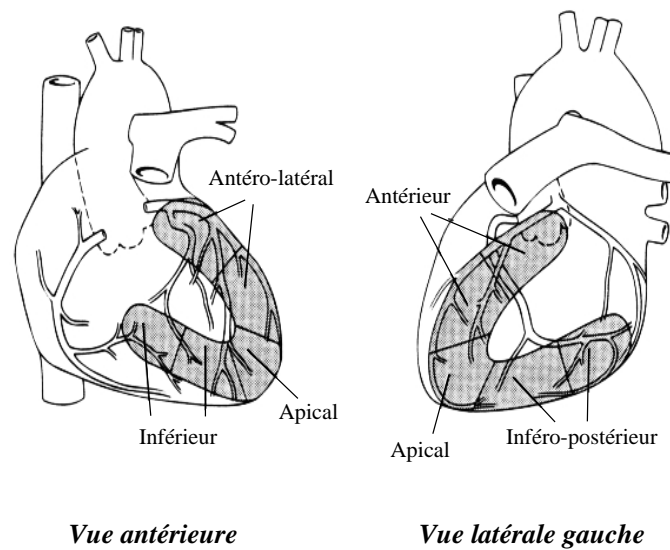


FIG. A.13 – Les coronaires et les segments du ventricule gauche qu'elles irriguent, d'après (Larock et al., 1992), page 18. Le ventricule gauche apparaît en grisé.

A.2.2 Les principales pathologies

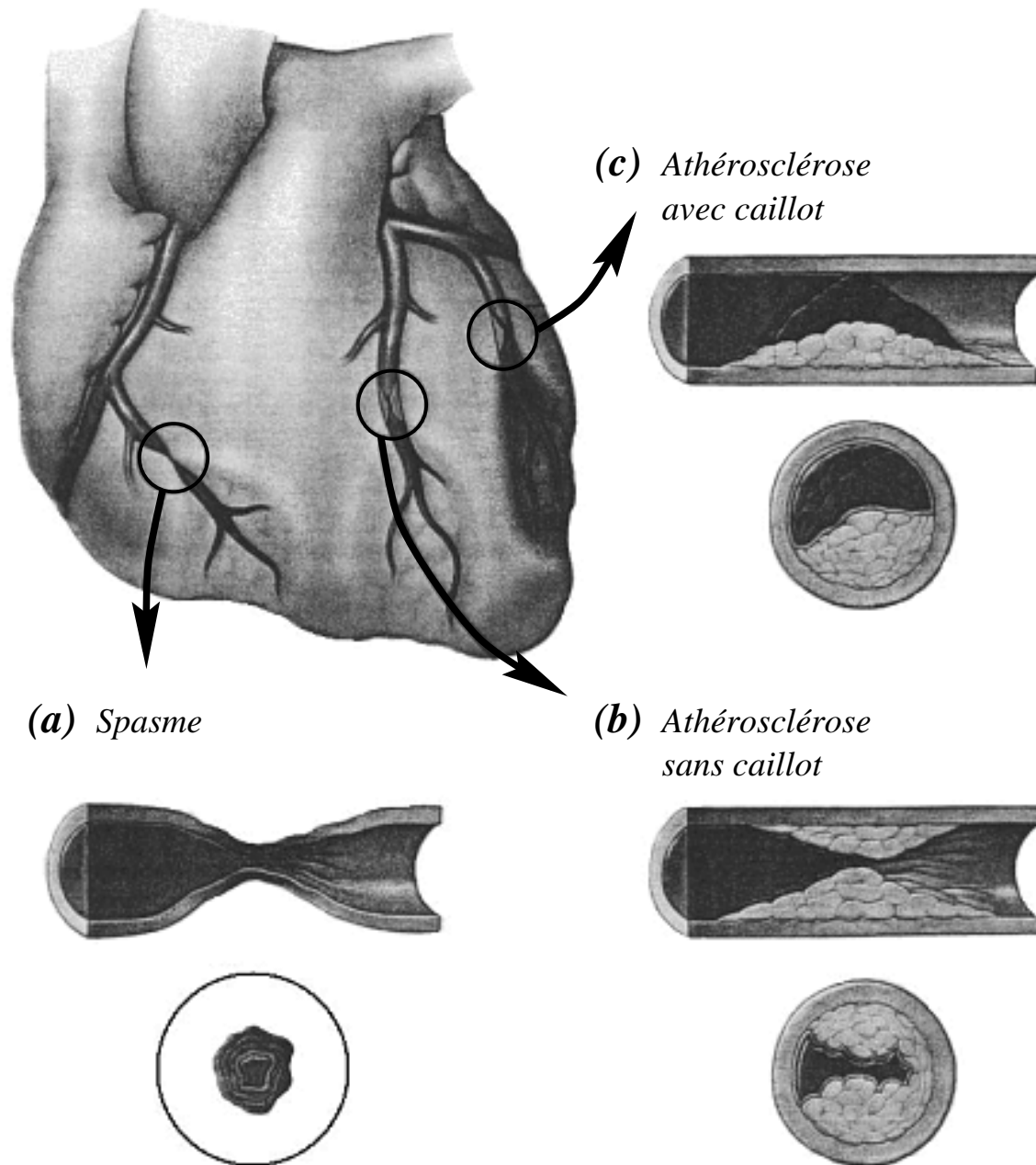


FIG. A.14 – Trois pathologies coronariennes, d'après (McGoon, 1993), page A7. Toutes induisent une baisse du débit dans le muscle aval (la partie qu'elles irriguent), causant l'ischémie. (a) spasme coronaire, réduction temporaire du diamètre de l'artère, (b) athérosclérose sans caillot, accumulation de plaques d'athérome, à l'origine de l'angine de poitrine et (c) athérosclérose avec caillot, ou thrombose qui bouche complètement l'artère et peut créer un infarctus.

Annexe B

Compléments sur les modalités d'imagerie cardiaque

Nous présentons dans ce chapitre quelques compléments sur les modalités des images qui ont été utilisées dans les expériences décrites dans les chapitres 4, 9 et 10.

Nous abordons des éléments pratiques et phy-

siques de l'acquisition d'une image en tomographie par émission monophotonique (*TEMP*, ou *SPECT*, en anglais), en imagerie par résonance magnétique (*IRM*, ou *MRI*, en anglais) et nous présentons le principe de l'*IRM* marquée (*tagged MRI*).

B.1 La tomographie par émission monophotonique

La Tomographie par Émission MonoPhotonique (**TEMP**) est une modalité d'acquisition d'images bi- ou tridimensionnelles couramment utilisée dans les services dits de "Médecine Nucléaire" des hôpitaux. TEMP est la traduction de l'acronyme anglais **SPECT**, qui signifie **Single Photon Emission Computed Tomography**. C'est aussi le synonyme de **tomoscintigraphie**.

Le principe d'acquisition d'une image est fondé sur la détection d'un photon issu de la désintégration d'un traceur radioactif injecté dans le sang du patient. Ce traceur se fixe sur différentes régions de l'organe ciblé (cœur, poumon, cerveau...) en proportion de l'apport de sang dans cette région, caractérisant ainsi sa fonction. Une image scintigraphique représente localement la fonction de l'organe étudié (figure B.1)

B.1.1 Le traceur radioactif

Un traceur est une molécule capable de se fixer sur les cellules de l'organe que l'on étudie, un des atomes de la molécule est un isotope de faible demi-vie. Il est injecté dans une veine périphérique du patient juste au début du protocole d'acquisition des images (la dose de radiation est de quelques mCi).

Le traceur a deux caractéristiques : a) sa distribution dans les tissus est proportionnelle au débit de sang, et b) le transfert de la molécule du sang vers les cellules est suffisamment rapide¹ pour que l'on puisse considérer que l'accumulation dans les tissus a pu se faire à condition de débit sanguin constant. Cette phase est appelée *fixation*.

En imagerie cardiaque, par exemple, les praticiens utilisent le Thallium 201 (²⁰¹Tl) et le Technetium 99 m (^{99m}Tc).

- le ²⁰¹Tl est un isotope fabriqué à l'aide d'un cyclotron, ce qui rend l'utilisation pratique difficile. Il est injecté dans le sang sous forme de chlorure. La demi-vie de l'isotope est de 73,1 heures, l'énergie du photon émis est de 70 keV environ.
- le ^{99m}Tc est un isotope fils du ⁹⁹Mo, isotope stable, la génération peut être réalisée à la demande. Il est donc facile de d'obtenir du ^{99m}Tc. Il est injecté dans le sang attaché par exemple à une molécule surnommée MIBI². La demi-vie de l'isotope est de 6,02 heures, l'énergie du photon émis est de 140 keV.

	²⁰¹ Tl	^{99m} Tc
molécule porteuse	chlorure	MIBI
demi-vie	6,02 h	72,1 h
génération	difficile	facile
énergie du photon	80 keV	140 keV
redistribution	oui	non

1. temps caractéristique de décroissance exponentielle de l'ordre de la minute

2. ^{99m}Tc hexakis 2-méthyl-isonitrile et dérivés

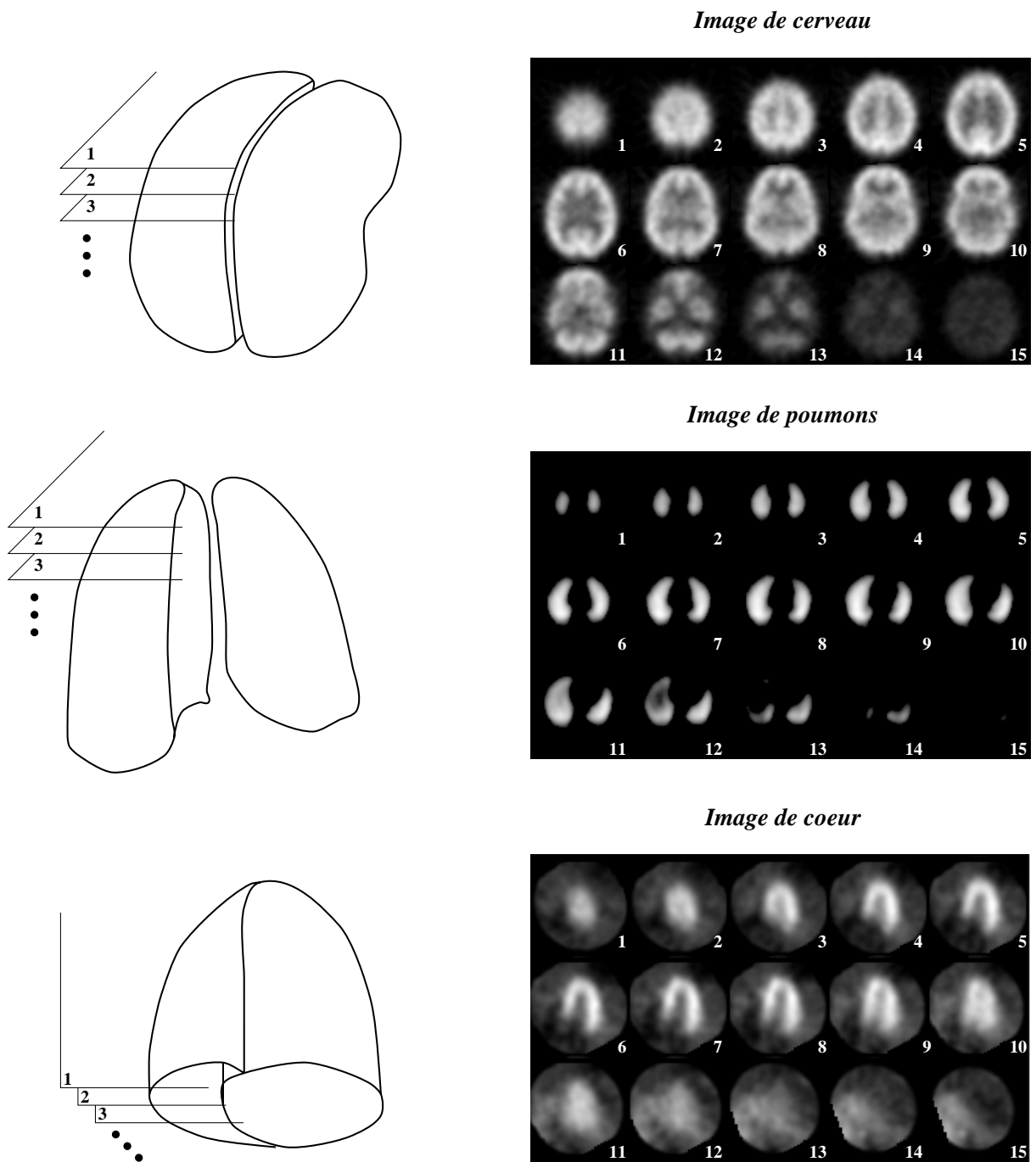


FIG. B.1 – Quelques images TEMP de cerveau, de poumon ou de cœur.

Certains traceurs ($^{99m}\text{Tc-MIBI}$) restent fixés quelle que soit la répartition de débit sanguin dans l'organisme, il n'y a plus de transfert retour vers le sang. D'autres (chlorure de ^{201}Tl) continuent de chercher une situation d'équilibre. Le débit sanguin changeant selon l'état du patient, la répartition du traceur change aussi. Cette phase est appelée *redistribution* (figure B.2) Le traceur au ^{201}Tl est connu pour se redistribuer en environ quatre heures, le traceur au ^{99m}Tc ne redistribue pas de façon significative devant la période de demi-vie de l'isotope (6 heures seulement).

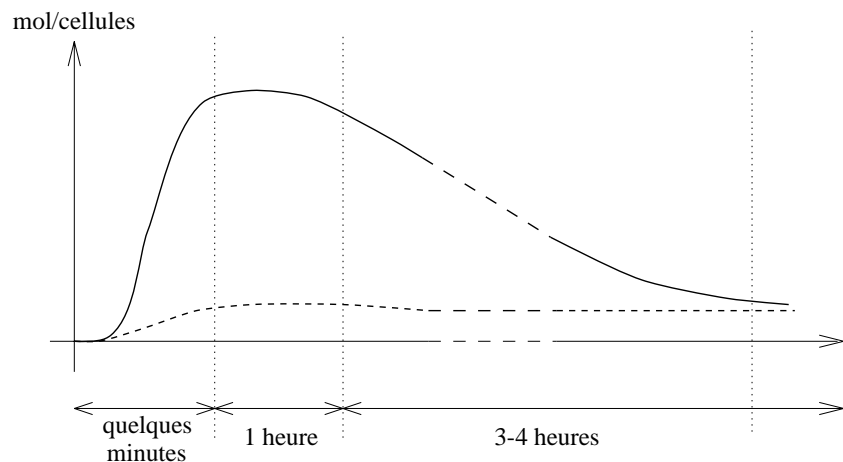


FIG. B.2 – Évolution de la concentration du traceur au ^{201}Tl avec le temps. Après l'injection, le traceur se fixe rapidement dans les cellules en proportion du débit sanguin. Une heure après le changement de la répartition des débits sanguins dans l'organisme, la répartition du traceur demeure stable pendant à peu près une heure avant de retrouver une nouvelle distribution d'équilibre. La ligne pleine montre l'évolution de la concentration sur une cellule saine, la ligne pointillée montre cette évolution pour une cellule d'une zone hypoperfusée, où la fixation est plus faible.

Le technetium est donc plus pratique à utiliser que le thallium, les images obtenues avec cet isotope sont plus contrastées car le photon émis est plus énergétique et le niveau d'énergie est mieux centré dans le domaine de sensibilité du détecteur. En revanche, le ^{99m}Tc ne se redistribue pas de façon significative. Il n'est donc pas possible d'acquérir une image au repos et à l'effort avant un temps suffisant (quelques demi-vies, typiquement 48 heures) pour être sûr qu'une injection n'interfère pas avec la précédente. Le ^{201}Tl quant à lui redistribue en environ 4 ou 5 heures, ce qui permet de saisir les deux images dans la même journée, même s'il y a réinjection de produit.

Pour l'examen repos effort classique, il est possible de serrer l'acquisition des images repos et effort en injectant à l'effort, du ^{99m}Tc et au repos, du ^{99m}Tc . Comme les photons émis par désintégration sont d'énergie différente, il est possible d'acquérir les deux images sans interférence. En revanche, pour l'examen de repos-redistribution (section 4.4.1), la propriété de redistribution du traceur est essentielle : il faut donc injecter un traceur au ^{201}Tl , le ^{99m}Tc n'est pas utilisable dans ce cas.

B.1.2 La construction des images

La mesure de la quantité de traceur dans un volume de cellules indique donc le niveau de perfusion relatif pendant une courte période après l'injection du traceur. Cette mesure est possible grâce au comptage localisé des désintégrations de l'isotope.

Acquisitions des projections

Pour l'image effort, le patient est soumis à un exercice physique intense qui fait augmenter le débit sanguin dans le cœur, selon la capacité des artères. Plus l'effort est important, plus les besoins en oxygène et en nourriture sont importants, plus le débit est important et le cas échéant, plus les déficits de perfusion sont mis en valeur. L'effort est imposé jusqu'à atteindre une fréquence maximale théorique du battement cardiaque ($(220 - \text{l'âge})$ battements par minute), ou bien que des symptômes significatifs apparaissent à l'électro-cardiogramme, ou bien que le patient sente une douleur dans la poitrine (angor de poitrine). L'injection est alors faite de façon que la fixation soit maximale avant l'arrêt de l'effort physique du patient. Si cet effort est pénible pour le patient, il est possible d'injecter une substance vaso-dilatatrice qui aura pour effet de dilater les vaisseaux ainsi que cela se passe pour un exercice réel.

À la fin de la fixation et avant que la redistribution ne commence, l'image tridimensionnelle est acquise, elle montrera la répartition du traceur à l'effort. Sur la figure B.2, la première ligne verticale indique le moment à partir duquel il faut acquérir l'*image effort*, la dernière ligne indique le moment à partir duquel la redistribution est achevée. L'*image repos* est donc acquise après la redistribution ou après la fixation issue d'une nouvelle injection.

Reconstruction tomographique

L'image volumique est d'abord acquise sous la forme d'une série de projections 2D régulièrement espacées (32 projections sur 180 degrés ou 64 sur 360 degrés). Les images sont reconstruites à partir de ces projections grâce à un algorithme de rétro-projection filtrée.

La saisie d'une projection dure un temps de l'ordre d'une dizaine de secondes, le patient ne retient pas sa respiration et le cœur ne s'arrête évidemment pas de battre. C'est donc une image *moyenne* du cœur qui se projette sur la caméra, le flou provenant de la respiration et du mouvement de pompage.

Il est à noter également que de nombreux filtres sont proposés dans les outils de reconstruction fournis avec l'ordinateur qui permet d'exploiter la machine, ces filtres lissent plus ou moins l'image en coupant les hautes fréquences du signal acquis. Ces filtres sont choisis par l'opérateur, il est fréquent que des filtres qui portent le même nom sur deux machines différentes fournissent des résultats différents (secrets industriels de construction?). Ce grand éventail de choix laissés à l'opérateur implique une grande variabilité dans les images et donc dans l'évaluation de l'examen. Pour remédier à ce problème, il convient donc de vérifier la sensibilité de la méthode au filtre et à la machine d'acquisition, quitte à imposer un certain nombre de filtres pour lesquels la méthode réalise les

meilleures performances. Cette étude se situe plus dans les objectifs d'une réalisation industrielle plutôt que dans ceux d'un travail de thèse, c'est pourquoi nous ne l'avons pas poussée plus avant. Pour nos essais, nous sommes contents d'acquiescer et de reconstruire les images avec la même machine (Sophy, Sopha Médical) et d'utiliser le même algorithme de reconstruction, lequel lisse un peu l'image.

B.1.3 Disponibilité de la modalité TEMP

En France, près de 300 machines équipent les services hospitaliers dans 170 centres (chiffres de 1994). Ces valeurs sont en régulière progression depuis ces dernières années, mais restent en proportion au nombre d'habitants très en deçà du niveau de développement de cette modalité aux États-Unis : environ 9500 machines dans 5000 centres. Près de deux millions d'études de perfusion myocardique par tomoscintigraphie (partie I) y ont été réalisées en 1994³.

Les progrès techniques ont permis de réaliser des machines de plus en plus précises, grâce notamment :

- à l'amélioration de la sensibilité des photomultiplicateurs qui équipent les gamma-caméras,
- à la possibilité de multiplier les gamma-caméras pour acquiescer des images simultanées, réduisant ainsi le temps d'immobilisation d'une machine... et du patient !

B.2 L'imagerie par résonance magnétique

L'Imagerie par Résonance Magnétique (**IRM**) est une modalité d'acquisition d'images bi- ou tridimensionnelles encore assez confidentielle, étant donné le prix d'une machine (une dizaine de millions de FF) et son coût de fonctionnement.

B.2.1 La résonance magnétique nucléaire

Champ magnétique et atomes

Sous l'action d'un champ magnétique, les noyaux des atomes réagissent : cette interaction est quantifiée par le *moment magnétique* μ . Le moment magnétique est relié au *moment cinétique* (spin) σ par le *rapport gyromagnétique* γ :

$$\mu = \gamma \cdot \sigma$$

Le théorème de Larmor établit que le moment magnétique, sous l'effet d'un champ magnétique B_0 , est soumis à un mouvement de précession autour de l'axe de ce vecteur, la vitesse angulaire ω_0 de précession est donnée par la formule :

$$\omega_0 = \gamma \cdot B_0$$

Pour les protons, par exemple, γ vaut 42,58 MHz.T⁻¹.

3. Ces chiffres sont publiés par Diagnostic Imaging.

Résonance magnétique

Une onde électromagnétique de fréquence ω_1 est composée d'un champ électrique oscillant \mathbf{E}_1 et d'un champ magnétique oscillant \mathbf{B}_1 qui interagit avec les atomes. Toujours d'après le théorème de Larmor, les moments magnétiques entrent alors en précession autour du champ résultant $\mathbf{B} = \mathbf{B}_0 + \mathbf{B}_1$.

Il y a *résonance* du système {champ, moment} lorsque la fréquence du champ oscillant ω_1 égale la vitesse de précession libre ω_0 .

$$\omega_1 = \omega_0$$

Cette résonance se traduit par un basculement du vecteur moment magnétique de sa position d'équilibre (dynamique en rotation) par absorption de l'énergie du champ oscillant jusqu'à saturation.

Lorsque le champ tournant cesse d'agir, la résonance cesse et les moments magnétiques retournent à leur position d'équilibre en *émettant une onde électromagnétique de pulsation* ω_0 , restituant ainsi l'énergie absorbée. La mesure des caractéristiques de cette onde sont à l'origine de l'imagerie par résonance magnétique.

L'excellent livre (Feynman, 1964, chapitre 35) ainsi que (Bittoun, 1996) donnent de plus amples détails sur le phénomène et son interprétation en mécanique classique et en mécanique quantique.

B.2.2 Construction d'une image

Création de la résonance

En pratique, la machine d'IRM émet une *impulsion* (émission de très courte durée, de l'ordre de la ms) d'une onde électromagnétique de pulsation ω_0 . On montre alors (Bittoun, 1996) que, si la durée de cette émission est τ , l'angle θ que fait le vecteur moment magnétique $\boldsymbol{\mu}$ avec le vecteur \mathbf{B}_0 vaut alors :

$$\theta = \gamma \cdot B_1 \cdot \tau$$

Pour $\theta = 90^\circ$, l'impulsion est appelée *impulsion de saturation*, pour $\theta = 180^\circ$, elle est appelée *impulsion d'inversion*. L'onde électromagnétique réémise après arrêt de l'émission de l'onde excitatrice est captée par une antenne. C'est grâce à ce signal qu'il est possible de créer une image IRM.

Mesure de la résonance

Une fois que l'onde excitatrice a cessé d'être émise, le moment magnétique commence sa relaxation vers la position d'équilibre. La théorie rappelée dans (Bittoun, 1996) décrit la relaxation du vecteur moment magnétique en deux équations: le vecteur $\boldsymbol{\mu}$ est décomposé comme somme de sa projection μ_z le long de l'axe \mathbf{z} (l'axe du champ \mathbf{B}_0) et de sa projection μ_{xy} sur un plan perpendiculaire à cet axe. Le vecteur projeté dans ce plan étant animé une rotation uniforme à la vitesse ω_0 , on ne s'intéresse qu'à la norme de ce vecteur. La première équation décrit un *retour exponentiel de μ_z vers sa position d'équilibre* en un temps caractéristique T_1 , la seconde équation décrit un *retour exponentiel de μ_{xy} vers sa position d'équilibre* en un temps caractéristique T_2 . Ces temps

T_1 et T_2 sont non seulement liés au noyau de l'atome dont on mesure la résonance, mais aussi à son entourage moléculaire immédiat. La table B.1 rappelle quelques valeurs de T_1 et de T_2 pour des structures tissulaires classiquement observées en IRM.

Tissus	T_1		T_2
	0.5 T	1.5 T	
Muscle	550	870	45
Cœur	580	865	55
Foie	325	490	50
Graisse	655	262	85
Mat. blanche	655	920	100
Mat. grise	540	785	90

TAB. B.1 – Les temps de relaxation T_1 et T_2 mesurés pour quelques tissus, d'après (Bittoun, 1996). Seul T_1 varie avec l'intensité du champ magnétique B_0 .

Grâce à quelques astuces d'écriture des équations, il est possible à partir du signal capté par l'antenne de mesurer T_1 , T_2 , ou encore la densité de protons (figure B.3).

Acquisition d'une image

Pour limiter la mesure de la résonance à des volumes bien choisis, on impose un champ magnétique constant de valeur variable en fonction de la position (gradient). Ainsi, la zone qui entre en résonance est celle pour lequel la valeur du champ correspond à la fréquence de l'onde, les autres régions de l'espace qui sont baignées dans un champ magnétique de valeur différente n'émettront pas un signal et seront écartées de la sélection spatiale de la région d'intérêt.

La technique de création des coupes IRM est complexe et est bien présentée dans (Bittoun, 1996; Rinck, 1993). Le principe de sélection d'une coupe, de codage du signal excitateur et de décodage du signal de résonance magnétique y sont présentés en théorie, les aspects pratiques liés à l'acquisition d'une séquence d'image rapide ne sont pourtant pas présentés dans ces références.

L'acquisition d'une image doit être dans ce cas extrêmement rapide, la conséquence est un rapport signal sur bruit plus faible que dans le cas d'une acquisition d'une image de cerveau, les coupes sont également plus épaisses. De plus, l'acquisition est synchronisée à l'ECG, la séquence animée le long du cycle cardiaque ou pendant la seule systole est prise coupe après coupe, en demandant au patient de retenir sa respiration (figure B.4).

B.2.3 Le marquage (tagging)

La technique de marquage est détaillée dans (Denney, 1995; Reeder, 1993). C'est une méthode présentée pour la première fois avec des applications pour la détection du mouvement cardiaque dans (Zerhouni et al., 1988) et, avec une forme de marquage différente, dans (Axel et Dougherty, 1989). L'idée est d'envoyer juste avant l'acquisition de la première coupe de la séquence une onde excitatrice

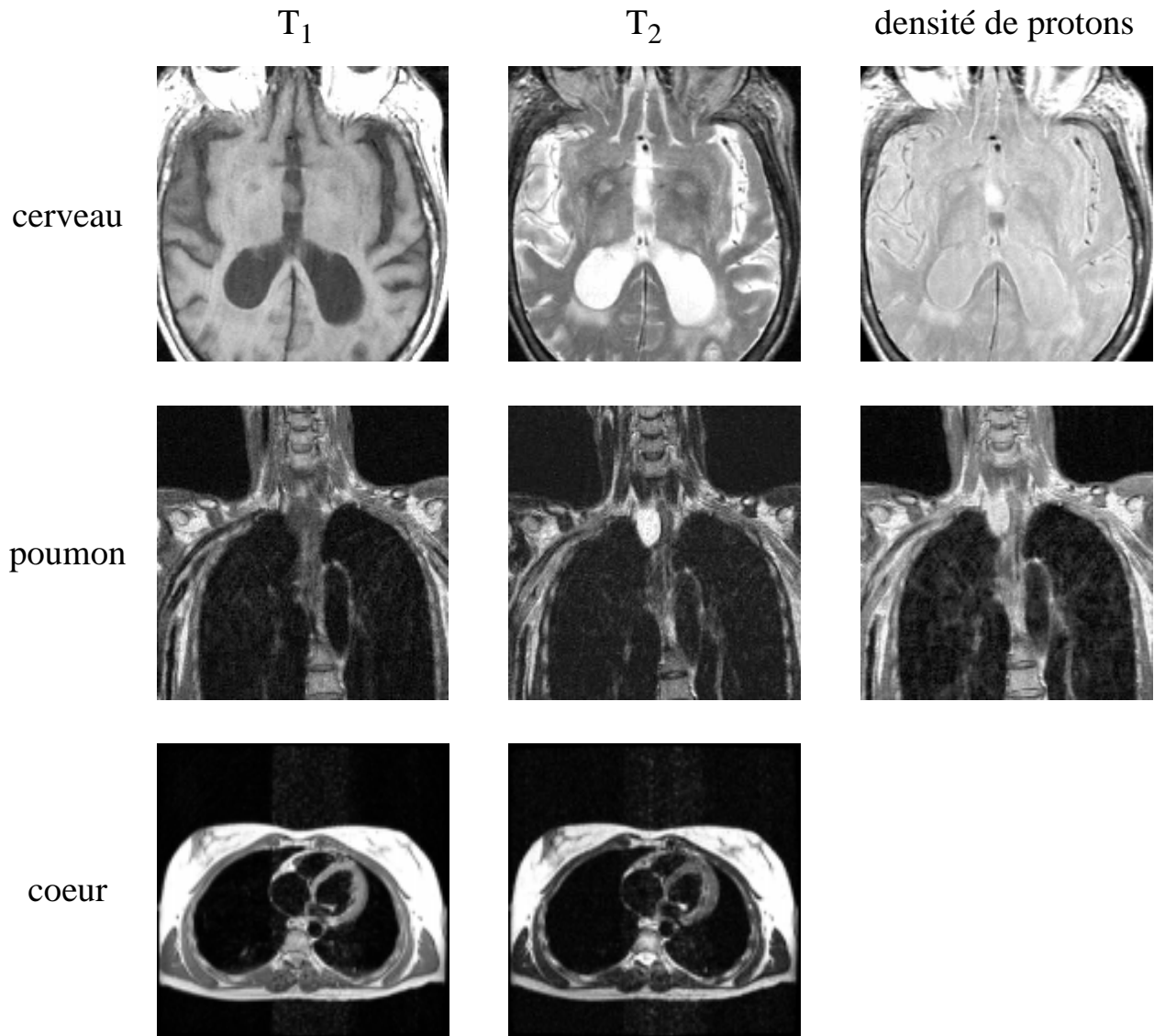


FIG. B.3 – Quelques images IRM de cerveau, de poumon ou de cœur en utilisant différentes pondérations (T_1 , T_2 , densité de protons). A noter dans les images de cœurs le léger bruit dans un rectangle limité horizontalement par le cœur et qui s'étend verticalement sur toute la coupe : cet artefact est dû aux mouvements de fluide dans le cœur.

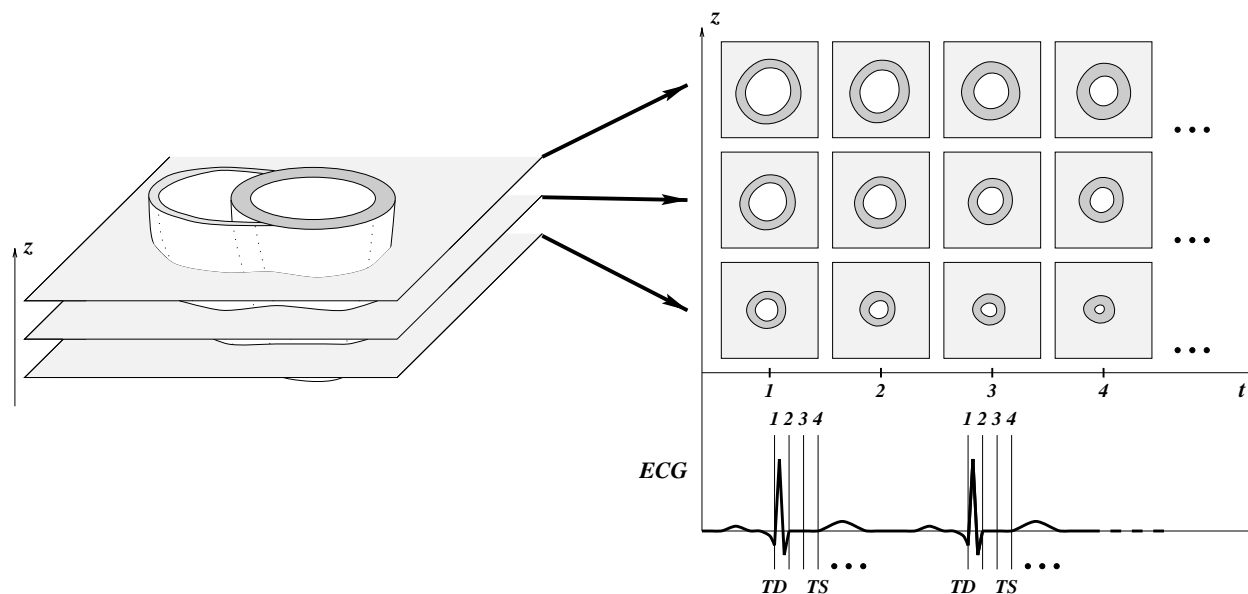


FIG. B.4 – Acquisition d’une image IRM cardiaque petit axe. Chaque acquisition d’une séquence de coupes est réalisée alors que le patient retient sa respiration. La séquence est acquise sur une seule apnée (une dizaine de secondes) pour chaque coupe z , sur plusieurs cycles cardiaques grâce à la synchronisation à l’ECG.

sélective qui inverse les moments magnétiques de certains atomes. Ainsi, lors de l’acquisition des images, la réponse de ces atomes est différente des autres, ils sont donc *marqués* (tagged). Le marquage est repérable dans les images par des lignes qui sont les intersections des plans de marquage avec le plan de coupe. Ce marquage est accroché au tissu, les mouvements du tissu peuvent donc être suivis grâce au mouvement des marques (figure B.6, B.5).

Comme le marquage est un processus d’inversion de moment magnétique, il ne demeure visible que pendant un temps de l’ordre de T_1 , soit à peu près une demi-seconde pour le myocarde. Les lignes de marquage sont donc de moins en moins contrastées à mesure que l’on progresse dans la séquence. En pratique, les images marquées sont acquises seulement pendant la systole, le cycle cardiaque complet étant trop long.

B.2.4 Disponibilité de la modalité IRM

En France, les sites hospitaliers sont équipés d’une centaine de machines. Dès lors qu’une machine est capable de faire une acquisition ciné, elle peut générer une image marquée. Le marché de l’IRM est en pleine croissance, les études cardiaques sont encore cependant très confidentielles (1000 patients par an au Royal Brompton Hospital de Londres, un des plus avancés dans le domaine de l’IRM cardiaque en Grande Bretagne) mais l’avenir est très prometteur.

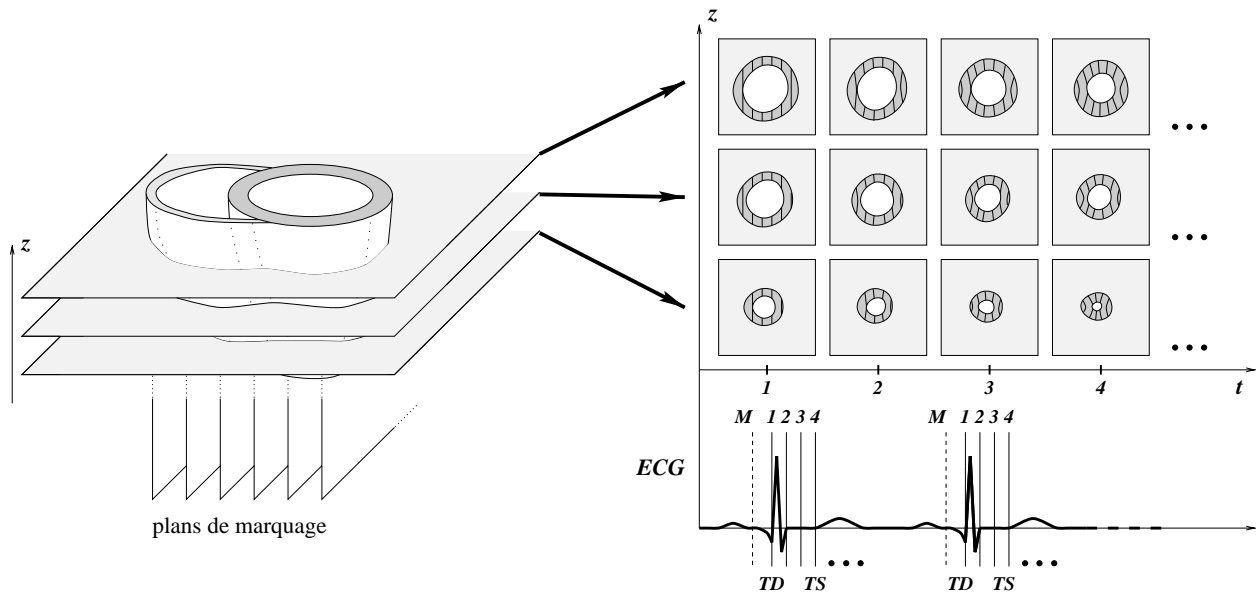


FIG. B.5 – Acquisition d'une image IRM cardiaque marquée petit axe. Le principe est le même que pour une IRM normale (figure B.4), mais ici, une onde excitatrice génératrice des plans de marquage (ici, parallèles au grand axe) est émise juste avant l'acquisition de l'image 1. Les lignes de marquage sont "imprimés" sur le tissu myocardique.

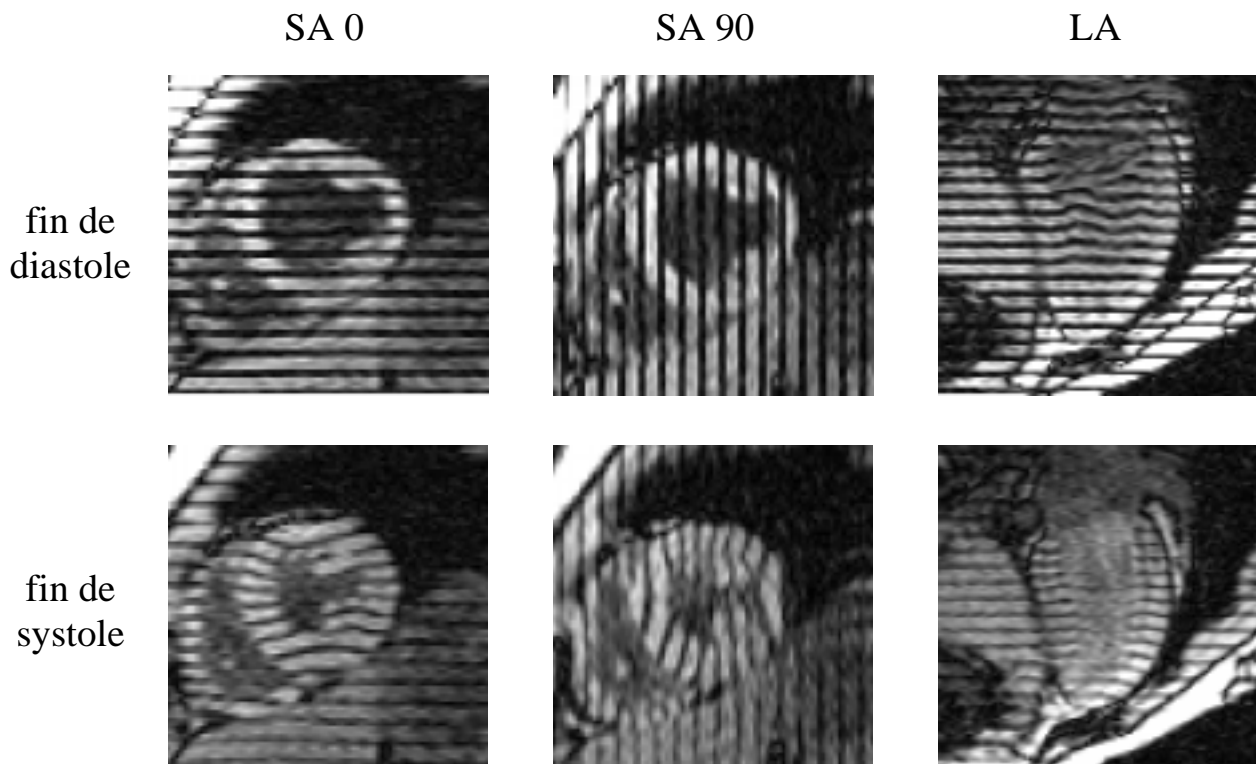


FIG. B.6 – Des exemples d'image IRM marquée selon trois directions de marquage différentes (Nous remercions le Dr. Elliot McVeigh, Johns Hopkins University, Baltimore, États-Unis pour ces images). Noter qu'en fin de systole, les lignes sont déformées mais elles contrastent moins avec le signal du tissu.

Annexe C

Coordonnées planisphériques 3D : quelques détails

Nous présentons ici quelques détails supplémentaires sur ces coordonnées, notamment

sur le passage des coordonnées cartésiennes vers les coordonnées planisphériques 3D, abordé chapitre 6, section 6.2

C.1 Détermination du centre mobile

Nous discutons ici du problème de trouver le centre des coordonnées planisphériques 3D H_M connaissant un point M de l'espace cartésien. Pour alléger l'écriture, H_M sera noté H . Plus précisément, le problème est, étant donnés deux points C et B et un point M , de trouver le point H tel que :

$$\begin{aligned} (BC, HM) &= \theta \\ CH &= (1 - \cos\theta).CB \end{aligned} \quad (\text{C.1})$$

Nous définissons λ comme suit :

$$\overline{CH} = \lambda.\overline{CB} = \lambda.l$$

Parce que λ est supposé être égal à $1 - \cos(\theta)$, $\lambda \in [0, 2]$.

Si nous écrivons

$$CM = \begin{pmatrix} x.l \\ y.l \\ z.l \end{pmatrix} \quad \text{et} \quad \mathbf{u} = \begin{pmatrix} u_x \\ u_y \\ u_z \end{pmatrix}$$

nous avons

$$HM = l. \begin{pmatrix} x - \lambda.u_x \\ y - \lambda.u_y \\ z - \lambda.u_z \end{pmatrix}$$

donc

$$\begin{aligned} \mathbf{u}.HM &= \mathbf{u}.HC + \mathbf{u}.CM \\ &= l.[-\lambda + (x.u_x + y.u_y + z.u_z)] \end{aligned}$$

D'autre part,

$$\cos(\theta) = \frac{BC.HM}{\|BC\|.\|HM\|}$$

Si nous appelons

$$\begin{aligned} r &= \|HM\| \\ &= l.\sqrt{(x - \lambda.u_x)^2 + (y - \lambda.u_y)^2 + (z - \lambda.u_z)^2} \end{aligned}$$

et

$$p = \mathbf{u}.CM$$

nous avons donc

$$\cos(\theta) = -\frac{\mathbf{u} \cdot \mathbf{HM}}{r}$$

et la contrainte C.1 peut être réécrite, après quelques calculs :

$$\lambda = \frac{r+p}{r+1} \quad (\text{C.2})$$

Nous appelons f une fonction de λ

$$f(\lambda) = \frac{r(\lambda)+p}{r(\lambda)+1} - \lambda \quad (\text{C.3})$$

Nous cherchons λ_0 tel que :

$$f(\lambda_0) = 0 \quad (\text{C.4})$$

Pour résoudre cette équation, nous utilisons une méthode de Newton. Dans la partie suivante, nous démontrons que la dérivée f' a un signe constant sur l'intervalle $[0,2]$, ce qui implique que s'il existe une solution pour équation C.4, elle est unique.

La dérivée de f par rapport à λ s'écrit :

$$f'(\lambda) = \frac{r'(\lambda)(1-p)}{(r(\lambda)+1)^2} - 1$$

Nous avons évidemment

$$r'(\lambda) = \frac{\lambda-p}{r(\lambda)}$$

et donc

$$f'(\lambda) = \frac{(\lambda-p)(1-p)}{r(\lambda)(r(\lambda)+1)^2} - 1 \quad (\text{C.5})$$

Nous notons M' la projection de M sur (CB) . Nous avons donc

$$\begin{aligned} \lambda - p &= -\frac{\overline{HM'}}{l} \\ 1 - p &= -\frac{\overline{BM'}}{l} \end{aligned}$$

Pour prouver que f' est de signe constant, il suffit de comparer les produits de distances $CB \cdot \overline{HM'} \cdot \overline{BM'}$ (le numérateur de la fraction) et $HM \cdot (HM + CB)^2$ (le dénominateur de la fraction). Si nous prouvons que $CB \cdot \overline{HM'} \cdot \overline{BM'} < HM \cdot (HM + CB)^2$, la fraction est plus petite que 1 et donc f' est une fonction négative.

Comme le problème est symétrique par rapport à B , nous pouvons supposer sans perte de généralité que M' est sur la demi-droite $[BC)$. Dans la démonstration de l'inégalité, nous différencions deux cas :

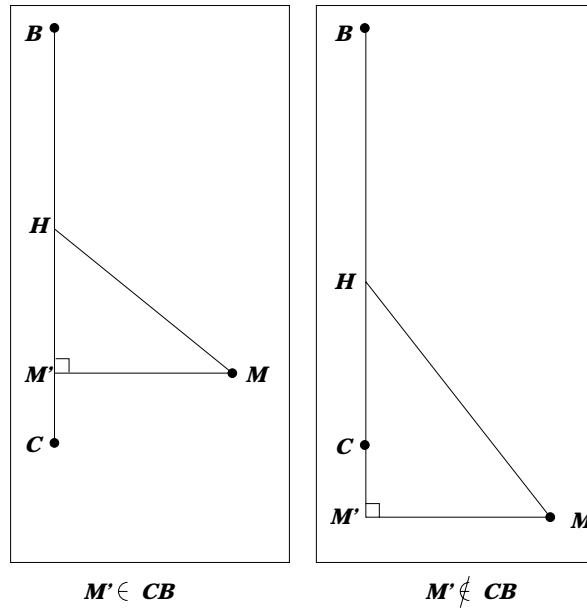


FIG. C.1 – Les deux configurations possibles de M' .

- $M' \in [CB]$ (figure C.1, à gauche). Nous avons bien sûr

$$\begin{aligned} M'B &< CB < HM + CB \\ CB.M'B &< CB^2 < (HM + CB)^2 \end{aligned}$$

comme $HM' < HM$,

$$\begin{aligned} CB.HM'.M'B &< HM.(HM + CB)^2 \\ CB.\overline{HM'}.\overline{BM'} &< HM.(HM + CB)^2 \end{aligned}$$

ce que nous voulons.

- $M' \notin [CB]$ (figure C.1, à droite). Nous avons

$$\begin{aligned} (HM + CB)^2 &> (HM' + CB)^2 \\ &> (CM' + CB)^2 = M'B^2 \\ &> M'B.CB \end{aligned}$$

comme $HM' < HM$,

$$\begin{aligned} CB.HM'.M'B &< HM.(HM + CB)^2 \\ CB.\overline{HM'}.\overline{BM'} &< HM.(HM + CB)^2 \end{aligned}$$

ce que nous voulons.

Ainsi, pour tout M , donc pour n'importe quel λ , nous avons $f'(\lambda) < 0$. f est donc une fonction décroissante.

De plus, nous avons trivialement :

$$f(0) = \frac{CM + \mathbf{u} \cdot \mathbf{CM}}{CM + CB} > 0$$

et, si M' est sur la demi-droite $[BC)$,

$$\begin{aligned} f(1) &= \frac{BM + \mathbf{u} \cdot \mathbf{CM}}{BM + CB} - 1 \\ &= \frac{\mathbf{u} \cdot \mathbf{CM} - CB}{BM + CB} \\ &= \frac{\mathbf{u} \cdot \mathbf{BM}}{BM + CB} < 0 \end{aligned}$$

$f(0)$ et $f(1)$ sont donc de signe opposé, ce qui assure l'existence d'une solution à l'équation C.4. Comme f' est de signe constant, l'unicité est assurée également.

Dans l'implantation des formules, nous utilisons une méthode de Newton pour trouver la solution. En partant de $\lambda = 1$, au bout de 3 ou 4 itérations, la différence entre deux estimations successives de λ n'excède pas 10^{-6} , précision qui nous suffit. La convergence est donc extrêmement rapide.

C.2 Équations des surfaces $r = C^t$

Nous décrivons ici les équations analytiques des surfaces $r = C^t$ dans le système des coordonnées planisphériques 3D (figure 6.6). Ces expressions permettent de trouver les expressions des vecteurs normal et tangents à la surface.

C.2.1 Équations des surfaces

Considérons un point quelconque M de coordonnées planisphériques $(X, Y, Z) \leftrightarrow (R, \theta, \varphi)$. Notons ρ la distance BM et t l'angle que fait le vecteur \mathbf{BM} avec \mathbf{u} (figure C.2).

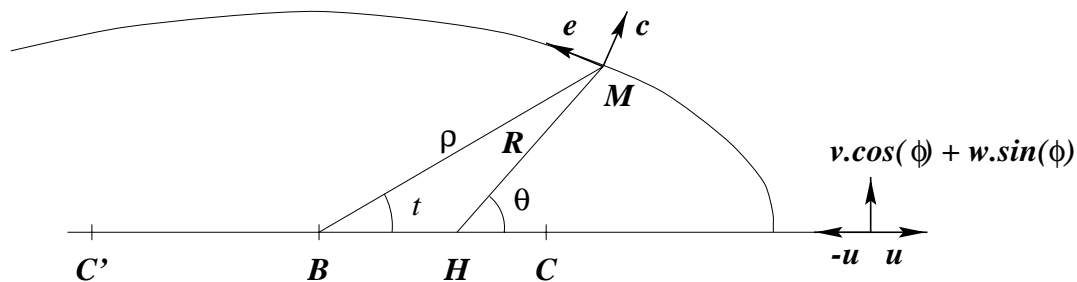


FIG. C.2 – Le repérage de M par ses coordonnées (R, θ, φ) .

On a :

$$\rho^2 = (\mathbf{BH} + \mathbf{HM})^2$$

$$\begin{aligned}
&= BH^2 + HM^2 + 2.BH.HM \\
&= l^2.\cos(\theta) + R^2 + 2.l.R.\cos(\theta).\cos(\theta) \\
&\quad R^2 + l(l + 2.R)\cos^2(\theta)
\end{aligned} \tag{C.6}$$

or, par projection sur \mathbf{u} :

$$\rho.\cos(t) = l.\cos(\theta) + R.\cos(\theta)$$

On a également, par projection sur \mathbf{v} :

$$\rho.\sin(t) = R.\sin(\theta)$$

donc

$$\begin{aligned}
(l + R)^2 \cos^2(\theta) &= \rho^2.\cos^2(t) \\
&= \cos^2(t) \left[R^2 + l(l + 2.R)\cos^2(\theta) \right]
\end{aligned}$$

En isolant $\cos(\theta)$,

$$\begin{aligned}
R^2.\cos^2(t) &= \cos^2(\theta) \left[(l + R)^2 - l(l + 2.R)\cos^2(t) \right] \\
&= \cos^2(\theta) \left[R^2 + l(l + 2.R)\sin^2(t) \right]
\end{aligned}$$

Et donc :

$$\cos^2(\theta) = \frac{R^2.\cos^2(t)}{R^2 + l(l + 2.R)\sin^2(t)} \tag{C.7}$$

En combinant C.6 et C.7, il vient :

$$\rho^2 = R^2 + \frac{R^2.l(l + 2R).\cos^2(t)}{R^2 + l(l + 2.R)\sin^2(t)}$$

et ainsi

$$\begin{aligned}
\frac{\rho^2}{R^2} &= \frac{R^2 + l(l + 2R).\cos^2(t)}{R^2 + l(l + 2.R)\sin^2(t)} \\
&= \frac{(R + l)^2}{R^2 + l(l + 2.R)\sin^2(t)}
\end{aligned}$$

et donc :

$$\rho(t) = R. \sqrt{\frac{1}{1 - \frac{l(l + 2.R)}{(l + R)^2}\sin^2(t)}} \tag{C.8}$$

C.2.2 Équations des vecteurs normal et tangents

Appelons \mathbf{c} le vecteur normal (mouvement vers le centre), \mathbf{e} (élévation) et \mathbf{t} (torsion) les vecteurs tangents (figure C.2).

Notons

$$x = \rho(t) \cdot \cos(t)$$

$$y = \rho(t) \cdot \sin(t)$$

en dérivant par rapport à t :

$$\dot{x} = -\rho^3 \cdot \frac{\sin(t)}{R^2}$$

$$= -\rho^2 \cdot \frac{\sin(\theta)}{R}$$

$$\dot{y} = \rho^3 \cdot \frac{\cos(t)}{(R+l)^2}$$

$$= -\rho^2 \cdot \frac{\cos(\theta)}{R+l}$$

La norme de ce vecteur est, après un peu de calculs :

$$\begin{aligned} N &= \sqrt{\dot{x}^2 + \dot{y}^2} \\ &= \frac{\rho^2}{R(R+l)} \sqrt{(R+l)^2 + R^2 - \rho^2} \end{aligned}$$

les coordonnées des vecteurs $(\mathbf{c}, \mathbf{e}, \mathbf{t})$ de la base locale sont donc, dans le système $(\mathbf{u}, \mathbf{v}, \mathbf{w})$:

$$\begin{aligned} \mathbf{c} &= -\frac{\rho \cdot \cos(\theta)}{N \cdot (R+l)} \mathbf{u} + \frac{\rho \cdot \sin(\theta)}{N \cdot R} [\cos(\varphi) \mathbf{v} + \sin(\varphi) \mathbf{w}] \\ \mathbf{e} &= \frac{\rho \cdot \sin(\theta)}{N \cdot R} \mathbf{u} + \frac{\rho \cdot \cos(\theta)}{N \cdot (R+l)} [\cos(\varphi) \mathbf{v} + \sin(\varphi) \mathbf{w}] \\ \mathbf{t} &= [-\sin(\varphi) \mathbf{v} + \cos(\varphi) \mathbf{w}] \end{aligned} \tag{C.9}$$

Bibliographie

- AMINI, A. (1994). « A scalar function formulation for optical flow : applications to X-ray imaging ». Dans *IEEE Workshop on Biomedical Image Analysis*, pages 117–123.
- AMINI, A. et DUNCAN, J. (1992). « Bending and stretching models for LV wall motion analysis from curves and surfaces ». Dans *Image and Vision Computing*, volume 10, pages 418–430.
- ARTS, T., HUNTER, W., DOUGLAS, A., MUIJTJENS, A., et RENEMAN, R. (1992). « Description of the deformation of the left ventricle by a kinematic model ». *Journal of Biomechanics*, 25(10):1119–1127.
- AXEL, L. et DOUGHERTY, L. (1989). « MR imaging of motion with spatial modulation of magnetization ». *Radiology*, 171:841–845.
- AYACHE, N. (1995). « Medical computer vision, virtual reality and robotics ». *Image and Vision Computing*, 13(4):295–313.
- BARDINET, E. (1995). « *Modèles déformables contraints : applications à l'imagerie médicale* ». Thèse de Doctorat, Université Paris IX - Dauphine.
- BARDINET, E., COHEN, L., et AYACHE, N. (1996). « Tracking and motion analysis of the left ventricle with deformable superquadrics ». *Medical Image Analysis*, 1(2):129–149. (also INRIA research report #2797).
- BENAYOUN, S. (1994). « *Calcul Local du Mouvement : Application à l'imagerie Médicale Multidimensionnelle* ». Thèse de Doctorat, Université Paris IX.
- BENAYOUN, S., NASTAR, C., et AYACHE, N. (1995). « Dense non-rigid motion estimation in sequences of 3D images using differential constraints ». Dans *Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 309–318. Springer-Verlag.
- BESL, P. et MCKAY, N. (1992). « A method for registration of 3D shapes ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14:239–256.
- BISHOP, C. (1995). *Neural networks for pattern recognition*. Oxford University Press.

- BITTOUN, J. (1996). « De la résonance magnétique nucléaire à l'imagerie par résonance magnétique ». *La Revue du Praticien (Paris)*, 46:803–810.
- CAUVIN, J., BOIRE, J., MAUBLANT, J., BONNY, J., ZANCA, M., et VEYRE, A. (1992). « Automated detection of the left ventricular myocardium long axis and center in Thallium-201 single photon emission computed tomography ». *European Journal of Nuclear Medicine*, 19:1032–1037.
- CHATFIELD, C. et COLLINS, A. (1980). *Introduction to multivariate analysis*. Chapman and Hall.
- CLARYSSE, P., FRIBOULET, D., et MAGNIN, I. (1997). « Tracking geometrical descriptors on 3-D deformable surfaces: application to the left-ventricular surface of the heart ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(4):392–404.
- COHEN, I. (1992). « *Modèles déformables 2D et 3D: application à la segmentation d'images médicales* ». Thèse de Doctorat, Université Paris IX - Dauphine.
- COHEN, I., COHEN, L., et AYACHE, N. (1992a). « Using Deformable Surfaces to Segment 3D Images and Infer Differential Structures ». Dans *European Conference on Computer Vision*.
- COHEN, I., COHEN, L., et AYACHE, N. (1992b). « Using deformable surfaces to segment 3D images and infer differential structures ». *Computer Vision, Graphics and Image Processing: Image Understanding*, 55(2):242–263.
- COTIN, S. (1997). « *Modèles déformables temps-réel pour la simulation de chirurgie avec retour d'effort* ». Thèse de Doctorat, Université Nice-Sophia Antipolis.
- de MURCIA, J. (1996). « *Reconstruction d'images cardiaques en tomographie d'émission monophotonique à l'aide de modèles spatio-temporels* ». Thèse de Doctorat, Institut National Polytechnique de Grenoble.
- DECLERCK, J., FELDMAR, J., et AYACHE, N. (1997). « Definition of a 4D continuous polar transformation for the tracking and the analysis of LV motion ». Dans *Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine II - Medical Robotics and Computer Assisted Surgery III*, volume 1205 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 33–42. Soumis à la revue *Medical Image Analysis*.
- DECLERCK, J., FELDMAR, J., GORIS, M., et BETTING, F. (1996). « Automatic registration and alignment on a template of cardiac stress & rest SPECT images ». Dans *Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis*, pages 212–221. (Également Rapport de Recherche INRIA# 2770. Accepté pour publication dans la revue *IEEE Transactions on Medical Imaging*).
- DENNEY, T. (1995). « *Stochastic estimation of deformation motion from magnetic resonance tagged cardiac images* ». Thèse de Doctorat, Johns Hopkins University, Baltimore.

- DENNEY, T. (1997). « Identification of myocardial tags in tagged MR images without prior knowledge of myocardial contours ». Dans *Information Processing in Medical Imaging*, volume 1230 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 327–340. Springer-Verlag.
- DENNEY, T. et PRINCE, J. (1994). « 3D displacement field reconstruction from planar tagged cardiac MR images ». Dans *IEEE Workshop on Biomedical Image Analysis*, pages 51–60.
- DENNEY, T. et PRINCE, J. (1995). « Reconstruction of 3D left ventricular motion from planar tagged cardiac MR images: an estimation theoretic approach ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(4):625–635.
- ELMAN, H. (1982). « *Iterative methods for large, sparse, nonsymmetric systems of linear equations* ». Thèse de Doctorat, Yale University.
- FELDMAR, J. (1995). « *Recalage rigide, non-rigide et projectif d'images médicales tridimensionnelles* ». Thèse de Doctorat, Ecole Polytechnique.
- FELDMAR, J. et AYACHE, N. (1996). « Rigid, affine and locally affine registration of free-form surfaces ». *Computer Vision and Image Understanding*, 18(2):99–119. (Également Rapport de Recherche INRIA # 2220).
- FELDMAR, J., DECLERCK, J., et AYACHE, N. (1997). « Extension of the ICP algorithm to non-rigid intensity-based registration of 3D volumes ». *Computer Vision and Image Understanding*, 66(2):193–206.
- FEYNMAN, R. (1964). *The Feynman lectures on Physics*, volume 2. Addison-Wesley Publishing Company Inc. (publié en Français par InterEditions, “le cours de Physique de Feynman”).
- FRIBOULET, D., MAGNIN, I., MATHIEU, C., POMMERT, A., et HÖHNE, K. (1993). « Assessment and visualization of the curvature of the left ventricle from 3D medical images ». *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 27(4):257–262.
- FRIBOULET, D., MAGNIN, I., POMMERT, A., et AMIEL, M. (1992). « 3D curvature features of the left ventricle from CT volumic images ». Dans *SPIE Mathematical Methods in Medical Imaging*, volume 1768, pages 182–192.
- GARCIA, E., MADDAHI, J., BERMAN, D., et WAXMAN, A. (1981). « Space/time quantitation of Thallium-201 myocardial scintigraphy ». *Journal of Nuclear Medicine*, 22:309–317.
- GARCIA, E., VAN TRAIN, K., et MADDAHI, J. (1985). « Quantification of rotational Thallium-201 myocardial tomography ». *Journal of Nuclear Medicine*, 26(1):17–26.
- GERMANO, G., KAVANAGH, P., et SU, H. (1995). « Automatic reorientation of three-dimensional transaxial myocardial perfusion SPECT images ». *Journal of Nuclear Medicine*, 36:1107–1114.

- GOLDGOF, D., LEE, H., et HUANG, T. (1988). « Motion analysis of non-rigid surfaces ». Dans *IEEE Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 375–380.
- GORCE, J., FRIBOULET, D., CLARYSSE, P., et MAGNIN, I. (1994). « Three-dimensional velocity field estimation of moving cardiac walls ». Dans *Computers in Cardiology*, pages 489–492, Bethesda.
- GORCE, J., FRIBOULET, D., et MAGNIN, I. (1997). « Estimation of three-dimensional cardiac velocity fields: assessment of a differential method and application to 3-D CT data ». *Medical Image Analysis*, 1(3):1–16.
- GORIS, M., BOUDIER, S., et BRIANDET, P. (1986). « Two-dimensional mapping of three-dimensional SPECT data: a preliminary step to the quantitation of Thallium myocardial perfusion single photon emission tomography ». *American Journal of Physiologic Imaging*, 2:176–180.
- GORIS, M. et BRETILLE, J. (1993). *Atlas en couleurs de cardiologie nucléaire*. Médecine Sciences Flammarion.
- GORIS, M., BRETILLE, J., ASKIENAZY, S., PURCELL, G., et SAVELLI, V. (1989). « The validation of diagnostic procedures on stratified populations: application on the quantification of Thallium myocardial perfusion scintigraphy ». *American Journal of Physiologic Imaging*, 4:11–15.
- GOSHTASBY, A. et TURNER, D. (1995). « Segmentation of Cardiac cine MR Images for Extraction of Right and Left Ventricular Chambers ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(1):56–64.
- GUÉZIEC, A. (1993). « *Reconnaissance automatique de surfaces et courbes gauches. Application à l'analyse d'images volumiques* ». Thèse de Doctorat, Paris-XI Orsay.
- GUTTMAN, M., PRINCE, J., et MCVEIGH, E. (1994). « Tag and contour detection in tagged MR images of the left ventricle ». Dans *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 13, pages 74–88.
- GUTTMAN, M., ZERHOUNI, E., et MCVEIGH, E. (1997). « Analysis of cardiac function from MR images ». *IEEE Computer Graphics*, pages 30–38.
- HOUSTON, A., KEMP, P., et MACLEOD, M. (1994). « A method for assessing the significance of abnormalities in HMPAO brain SPECT images ». *Journal of Nuclear Medicine*, 35:239–244.
- HUNTER, P. et SMAILL, B. (1988). « The analysis of cardiac function: a continuum approach ». *Prog. Biophys. Molec. Biol.*, 52:101–164.
- KAMBHAMETTU, C. et GOLDGOF, D. (1994). « Curvature-based approach to point correspondence recovery in conformal non-rigid motion ». *Computer Vision, Graphics and Image Processing: Image Understanding*, 60(1):26–43.
- KASS, M., WITKIN, A., et TERZOPOULOS, D. (1987). « Snakes: active contour models ». *International Journal of Computer Vision*, pages 321–331.

- KERWIN, W. et PRINCE, J. (1997). « Generating 3-D cardiac material markers using tagged MRI ». Dans *Information Processing in Medical Imaging*, volume 1230 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 313–326. Springer-Verlag.
- KISS, F. et SZENTÁGOTHAJ, J. (1974). *Atlas d'anatomie du corps humain*. Masson.
- KRAITCHMAN, D., YOUNG, A., CHANG, C., et AXEL, L. (1995). « Semi-automatic tracking of myocardial motion in MR tagged images ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(3):422–433.
- KRZANOWSKI, W. J. (1988). *Principles of multivariate analysis*. Oxford University Press.
- KUMAR, S. et GOLDFOF, D. (1994). « Automatic Tracking of SPAMM Grid and the Estimation of Deformation Parameters from Cardiac MR Images ». Dans *IEEE Transactions on Medical Imaging*, pages 122–132.
- LAPALUS, F., éditeur (1987). *Les explorations cardiaques en Médecine Nucléaire*. Les Atlas de l'Acomen.
- LAROCK, M., BRAAT, S., SOCHOR, H., MAISEY, M., et RIGO, P. (1992). *New developments in myocardial imaging - Technetium-99m sestamibi*. Martin Dunitz.
- MADDAHI, J., VAN TRAIN, K., et PRINGENT, F. (1989). « Quantitative single photon emission computed Thallium-201 tomography for detection and localization of coronary artery disease: optimization and prospective validation of new technique ». *Journal of Am Coll Cardiol*, 14:1689–1699.
- MAHMARIAN, J., BOYCE, T., et GOLDBERG, R. (1990). « Quantitative exercise Thallium-201 single photon emission computed tomography for the enhanced diagnosis of ischemic heart disease ». *Journal of Am Coll Cardiol*, 15:318–329.
- MATHENY, A. et GOLDFOF, D. (1995). « The use of three- and four-dimensional surface harmonics for rigid and nonrigid shape recovery and representation ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(10):967–978.
- MCEACHEN, J. (1996). « *Multiframe estimation of non-rigid motion from image sequences* ». Thèse de Doctorat, Yale University.
- MCEACHEN, J. et DUNCAN, J. (1997). « Shape-based tracking of left ventricular wall motion ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(3):270–283.
- MCEACHEN, J., MEYER, F., CONSTABLE, R., NEHORAI, A., et DUNCAN, J. (1995). « A recursive filter for phase velocity assisted shape-based tracking of cardiac non-rigid motion ». Dans *IEEE Fifth International Conference on Computer Vision*, pages 653–658.

- MCEachen, J., NEHORAI, A., et DUNCAN, J. (1994). « A recursive filter for temporal analysis of cardiac motion ». Dans *IEEE Workshop on Biomedical Image Analysis*, pages 124–133.
- McGOON, M., éditeur (1993). *Mayo Clinic heart book*. William Horrow and Company, Inc., 1st edition.
- McINERNEY, T. et TERZOPOULOS, D. (1995). « A dynamic finite element surface model for segmentation and tracking in multidimensional medical images with application to cardiac 4D image analysis ». *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 19(1):69–83.
- McVEIGH, E. (1996). « MRI of myocardial function: motion tracking techniques ». *Magnetic Resonance Imaging*.
- McVEIGH, E., GUTTMAN, M., POON, E., CHANDRASEKHAR, P., MOORE, C., ZERHOUNI, E., SOLAIYAPPAN, M., et ANN HENG, P. (1994). « Visualization and analysis of functional cardiac MRI data ». Dans SPIE, éditeur, *Medical Imaging: Physiology and Function from Multidimensional Images*, volume 2168.
- MEIER, G., ZISKIN, M., SANTAMORE, W., et BOVE, A. (1980). « Kinematics of the beating heart ». *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 27(6):319–329.
- METAXAS, D. et TERZOPOULOS, D. (1991). « Constrained deformable superquadrics and non-rigid motion tracking ». Dans *Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 337–343.
- MEYER, F., TODD CONSTABLE, R., SINUSAS, A., et DUNCAN, J. (1995). « Tracking myocardial deformation using spatially-constrained velocities ». Dans et AL., Y. B., éditeur, *Information Processing in Medical Imaging*, pages 177–188.
- MONGA, O., DERICHE, R., MALANDAIN, G., et COCQUEREZ, J. (1991a). « Recursive filtering and edge closing: two primary tools for 3D edge detection ». *Image and Vision Computing*, 9(4):203–214.
- MONGA, O., DERICHE, R., et ROCCHISANI, J. (1991b). « 3D edge detection using recursive filtering: application to scanner images ». *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, 53(1):76–87.
- MOORE, R. (1984). « Systems for isolated and connected word recognition ». Dans *NATO ASI: New Systems and Architecture for Automatic Speech Recognition and Synthetis*.
- MULLICK, R. et EZQUERRA, N. (1992). « 3D visualization of pose determination: application to SPECT imaging ». Dans *Visualization in Biomedical Computing*, volume 1808, pages 445–452. Chapel Hill, NC.
- MULLICK, R. et EZQUERRA, N. (1995). « Automatic determination of LV orientation from SPECT data ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(1):88–99.

- NASTAR, C. (1994a). « *Modèles physiques déformables et modes vibratoires pour l'analyse du mouvement non-rigide dans les images multidimensionnelles* ». Thèse de Doctorat, Ecole Nationale des Ponts et Chaussées.
- NASTAR, C. (1994b). « Vibration modes for non-rigid motion analysis in 3D images ». Dans *European Conference in Computer Vision*, numéro 800 dans Lecture Notes in Computer Science, pages 231–236. Springer-Verlag.
- O'DELL, W., MOORE, C., HUNTER, W., ZERHOUNI, E., et MCVEIGH, E. (1995). « Displacement field fitting for calculating 3D myocardial deformations from tagged MR images ». *Radiology*, 195:829–835.
- O'DONNELL, T., GUPTA, A., et BOULT, T. (1994). « A periodic generalized cylinder model with local deformations for tracking closed contours exhibiting repeating motion ». Dans *IEEE Workshop on Biomedical Image Analysis*, pages 397–402.
- PARK, J., METAXAS, D., et AXEL, L. (1996). « Analysis of left ventricular motion based on volumetric deformable models and MRI-SPAMM ». *Medical Image Analysis*, 1(1):53–71.
- PARK, J., METAXAS, D., et YOUNG, A. (1994). « Deformable models with parameter functions: application to heart-wall modeling ». Dans *IEEE Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 437–442.
- PELC, N., SHIMAKAWA, A., et GLOVER, G. (1989). « Phase contrast cine MRI ». Dans *8th Annual SMRM*, page 101, Amsterdam.
- PENNEC, X. (1996). « *L'incertitude dans les problèmes de reconnaissance et de recalage: application en imagerie médicale et biologie moléculaire* ». Thèse de Doctorat, Ecole Polytechnique.
- PENNEC, X. et THIRION, J.-P. (1997). « A framework for uncertainty and validation of 3D registration methods based on points and frames ». *International Journal of Computer Vision*, 25(3):203–229.
- PERAULT, C., WAMPACH, H., et LIEHN, J. (1995). « Three-dimensional SPECT myocardial rest-stress subtraction images after automated registration and normalization ». Dans *Proceedings of Information Processing and Medical Imaging*, volume 3, pages 391–392. Kluwer Academic.
- PERRET, P. (1970). « Le ventricule gauche ». Eddy Barclay Prod. 45 tours.
- PREPARATA, F. et SHAMOS, M. (1985). *Computational geometry, an introduction*. Springer Verlag.
- PRESS, W., FLANNERY, B., TEUKOLSKY, S., et VETTERLING, W. (1992). *Numerical recipes in C*. Cambridge University Press.

- RADEVA, P., AMINI, A., et HUANG, J. (1997). « Deformable B-Solids and Implicit Snakes for Localization and Tracking of MRI-SPAMM Data ». *Computer Vision and Image Understanding*, 66(2):192–201.
- RANGANATH, S. (1995). « Contour Extraction from Cardiac MRI Studies Using Snakes ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(2):328–338.
- REEDER, S. (1993). « Development of high speed, high resolution magnetic resonance imaging and tagging techniques ». Thèse de Doctorat, Johns Hopkins University.
- REYNARD, D., BLAKE, A., AZZAWI, A., STYLES, P., et RADDI, G. (1995). « Computer tracking of tagged ^1H MR images for motion analysis ». Dans *Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Sciences*, pages 272–276. Springer-Verlag.
- RINCK, P., éditeur (1993). *Magnetic resonance in medicine*. Blackwell Scientific Publications, 3rd edition.
- RISLER, J.-J. (1991). *Méthodes mathématiques pour la CAO*. Masson.
- ROBERT, A. (1995). « Modelization of the left ventricle and its deformation using superquadrics and hyperquadrics ». Dans *Computer Assisted Radiology*, pages 189–194, Berlin, Germany.
- ROBERT, A. (1996). « *Étude de la forme et du mouvement du cœur à partir de données lacunaires* ». Thèse de Doctorat, Université Paris XII.
- SCHUDY, R. et BALLARD, D. (1979). « A computer model for extracting moving heart surfaces from four-dimensional cardiac ultrasound images ». Dans *Third International Conference on Computer Vision*, pages 366–376.
- SHI, P., AMINI, A., ROBINSON, G., SINUSAS, A., CONSTABLE, C., et DUNCAN, J. (1994). « Shape-based 4D left ventricular myocardial function analysis ». Dans *IEEE Workshop on Biomedical Image Analysis*, pages 88–97.
- SHI, P., ROBINSON, G., CHAKRABORTY, A., STAIB, L., CONSTABLE, R., SINUSAS, A., et DUNCAN, J. (1995). « A unified framework to assess myocardial function from 4D images ». Dans *Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 327–337. Springer-Verlag.
- SLOMKA, P., HURWITZ, G., STEPHENSON, J., et CRADDOCK, T. (1995). « Automated alignment and sizing of myocardial stress and rest scans to three-dimensional normal templates using an image registration algorithm ». *Journal of Nuclear Medicine*, 36:1115–1122.
- STAIB, L. et DUNCAN, J. (1992). « Boundary finding with parametrically deformable models ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(11):1061–1075.

- STROTHER, S., ANDERSON, J., SCHAPER, K., SIDTIS, J., LIOW, J., WOODS, R., et ROTTENBERG, D. (1995). « Principal component analysis and the scaled subprofile model compared to intersubject averaging and statistical parametric mapping: I. "Functional connectivity" of the human motor system studied with O-15 water PET ». *Journal of Cerebral Blood Flow and Metabolism*, 15:738–753.
- SUBSOL, G., THIRION, J., et AYACHE, N. (1996). « Une Méthode Générale pour Construire Automatiquement des Atlas Anatomiques Morphométriques à partir d'Images Médicales Tridimensionnelles : application à un Atlas du Crâne ». Dans *AFCEET: Reconnaissance de Formes et Intelligence Artificielle*.
- TENNANT, R. et WIGGERS, C. (1935). « The effect of coronary occlusion on myocardial motion ». *American Journal of Physiology*, 112:351–361.
- THIRION, J.-P. (1995a). « Fast non-rigid matching of 3D medical images ». Rapport technique RR 2547, INRIA.
- THIRION, J.-P. (1995b). « Fast non-rigid matching of 3D medical images ». Dans *Medical Robotics and Computer Aided Surgery*, pages 47–54.
- THIRION, J.-P. et GOURDON, A. (1992). « The 3D Marching Lines Algorithm and its Application to Crest Lines Extraction ». Rapport technique RR 1672, INRIA.
- TODD CONSTABLE, R., RATH, K., SINUSAS, A., et GORE, J. (1994). « Development and evaluation of tracking algorithms for cardiac wall motion analysis using phase velocity MR imaging ». Dans *Magnetic Resonance Medicine*, volume 32, pages 33–42.
- VAN TRAIN, K., BERMAN, D., et GARCIA, E. (1986). « Quantitative analysis of stress Thallium-201 myocardial scintigrams: a multicenter trial ». *Journal of Nuclear Medicine*, 27:17–25.
- VAN TRAIN, K., GARCIA, E., et MADDAHI, J. (1982). « Improved quantitation of stress / redistribution Tl-201 scintigrams and evaluation of normal limits ». Dans *IEEE transactions on Computers in Cardiology*.
- VAN TRAIN, K., MEDDAHI, J., et BERMAN, D. (1990). « Quantitative analysis of tomographic stress Thallium-201 myocardial scintigrams: a multicenter trial ». *Journal of Nuclear Medicine*, 31:1168–1179.
- VENOT, A., LIEHN, J., LEBRUCHEC, J., et ROUCAYROL, J. (1987). « Automated comparison of scintigraphic images ». *Journal of Nuclear Medicine*, 27:1337–1342.
- VOGEL, R. (1980). « Quantitative aspects of myocardial perfusion imaging ». *Seminars in Nuclear Medicine*, 10:146–155.
- WAKS, E., PRINCE, J., et DOUGLAS, A. (1996). « Cardiac motion simulator for tagged MRI ». Dans *Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis*, pages 182–191.

- WATTERSON, B. (1989). *Calvin and Hobbes*. Andrews and McMeel, Universal Press Syndicate, Kansas City, New-York, 15 edition.
- WOODS, R., MAZZIOTTA, J., et CHERRY, S. (1993). « MRI-PET registration with automated algorithm ». *Journal of Computer Assisted Tomography*, 17:536–546.
- YOUNG, A., KRAITCHMAN, D., et AXEL, L. (1994a). « Deformable models for tagged MR images : reconstruction of 2- and 3-dimensional heart wall motion ». Dans *IEEE Workshop on Biomedical Image Analysis*, pages 317–323.
- YOUNG, A., KRAITCHMAN, D., DOUGHERTY, L., et AXEL, L. (1995). « Tracking and Finite Element Analysis of Stripe Deformation in Magnetic Resonance Tagging ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(3):413–421.
- YOUNG, A., KRAMER, C., FERRARI, V., AXEL, L., et REICHEK, N. (1994b). « Three-dimensional left ventricular deformation in hypertrophic cardiomyopathy ». *Circulation*, 90:854–867.
- ZERHOUNI, E., PARISH, D., ROGERS, W., YANG, A., et SHAPIRO, E. (1988). « Human heart: tagging with MR imaging - A method for noninvasive assessment of myocardial motion ». *Radiology*, 169(1):59–63.
- ZHANG, Z. (1994). « Iterative point matching for registration of free-form curves and surfaces ». *International Journal of Computer Vision*, 13(2):119–152. Également Rapport de Recherche INRIA #1658.