



HAL
open science

Modélisation 3D et 3D+t des artères coronaires à partir de séquences rotationnelles de projections rayons X

Christophe Blondel

► **To cite this version:**

Christophe Blondel. Modélisation 3D et 3D+t des artères coronaires à partir de séquences rotationnelles de projections rayons X. Interface homme-machine [cs.HC]. Université Nice Sophia Antipolis, 2004. Français. NNT: . tel-00006067

HAL Id: tel-00006067

<https://theses.hal.science/tel-00006067>

Submitted on 12 May 2004

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

UNIVERSITÉ DE NICE-SOPHIA ANTIPOLIS - UFR SCIENCES

École Doctorale

Sciences et Technologies de l'Information et de la Communication

THÈSE

Présentée pour obtenir le titre de

Docteur en SCIENCES

de l'Université de Nice-Sophia Antipolis

Spécialité : Automatique, Traitement du Signal et des Images

par

Christophe BLONDEL

Modélisation 3D et 3D+t des artères coronaires à partir de séquences rotationnelles de projections rayons X

Soutenue publiquement le 29 mars 2004 devant le jury composé de :

Michel Barlaud	Président
Isabelle Magnin	Rapporteur
Pierre Grangeat	Rapporteur
Grégoire Malandain	Examineur
Régis Vaillant	Examineur
Ève Coste-Manière	Invitée
Nicholas Ayache	Directeur

Thèse préparée dans l'équipe Chir à l'INRIA, Sophia-Antipolis.

à Marion,

Remerciements

Je tiens à exprimer ma sincère gratitude à toutes les personnes qui m'ont apporté leur soutien durant les trois années passées à la réalisation de ce travail.

Mes remerciements vont tout d'abord à Nicholas Ayache, qui a dirigé ma thèse et m'a donné la chance d'interagir avec tous les membres du projet Epidaure, et à Ève Coste-Manière pour m'avoir accueilli et intégré dans l'équipe de recherche Chir.

J'exprime ma profonde estime à Grégoire Malandain pour le soutien scientifique et moral constant qu'il m'a accordé tout au long de cette thèse, pour sa confiance, les connaissances qu'il m'a fait partager, ainsi que pour les nombreuses heures que l'encadrement de mon travail lui a demandées.

Je remercie Régis Vaillant pour son soutien et son suivi de tous les instants, malgré la distance géographique, et tiens à lui dire ma gratitude pour sa rigueur, son expertise, la qualité de son encadrement scientifique et industriel et son engagement pour la pérennisation de ce travail.

Je voudrais remercier Frédéric Devernay pour m'avoir encadré durant la première année de cette thèse et m'avoir initié à un sujet nouveau pour moi : la vision par ordinateur.

Je tiens à remercier Isabelle Magnin et Pierre Grangeat pour avoir accepté d'être rapporteurs de cette thèse auprès des membres du jury. Je remercie également Michel Barlaud pour avoir accepté de présider ce jury.

Je n'oublie pas tous mes collègues de l'équipe Chir et les remercie également pour tous les bons moments que nous avons passés ensemble : Lætitia Grimaldi, Fabien Mourgues, Stevan Donal, Olivier Bantiche, Patrice Roulet, Louaï Adhami, Laurent Goffin et Christophe Caby, ainsi que toutes les personnes dont j'ai eu la chance de partager les moments de détente : Gérard Giraudon, Marie-Claire Forgue, Marc Berthod, Marianne Boudot, Pascal Tobak, Philippe Poulard, Stéphane Nicolau et Sébastien Granger.

Tous mes remerciements à David Geldreich pour sa sympathie et son aide précieuse dans l'apprentissage et l'utilisation des moyens informatiques parallèles.

Je remercie François Kotian pour sa disponibilité, son appui matériel et moral et son effort permanent pour assurer mon intégration à l'équipe des Applications Médicales Avancées de General Electric, à Buc. Je tiens à exprimer tous mes remerciements aux nombreuses personnes que j'ai pu y rencontrer lors de mes venues et qui m'ont fait partager leur passion, leurs connaissances et leur gentillesse : je pense tout particulièrement à Laurence Gavit-Houdant, Cyril Riddell, Yves Troussel, Jean Liénard et Laurent Launay. Je remercie particulièrement Maria-Magdalena Nay et Caroline Barbaray pour leur patience, leur bonne humeur et leur sympathie.

J'ajoute un remerciement tout personnel à Guy Shechter et à Laurent Fossiez pour leur amitié indéfectible malgré le temps et la distance.

Enfin, cette thèse est pour moi l'aboutissement de nombreuses années d'investissement personnel mais aussi familial. Ce sont donc mes parents, mes deux petites sœurs et ma compagne que je voudrais ici plus que remercier.

Table des matières

1	Présentation du sujet	17
1.1	Les artères coronaires : aspects humains, médicaux et cliniques	18
1.1.1	Aspects humains et médicaux	18
1.1.1.1	Les maladies cardio-vasculaires	18
1.1.1.2	Anatomie	19
1.1.1.3	Étiologie et symptomatologie	21
1.1.2	Aspects cliniques	22
1.1.2.1	Diagnostic	22
1.1.2.1.1	Examens de laboratoire	22
1.1.2.1.2	Exploration électro-physiologique	22
1.1.2.1.3	Imagerie médicale	23
1.1.2.1.4	Routine clinique en angiographie par rayons X	23
1.1.2.1.5	Critères d'évaluation de la sévérité des sténoses	23
1.1.2.2	Traitement	24
1.1.2.2.1	Traitement médicamenteux	24
1.1.2.2.2	Angioplastie	25
1.1.2.2.3	Pose de stent	25
1.1.2.2.4	Pontage coronarien	26
	Chirurgie mini-invasive	28
	Chirurgie robotisée	29
1.2	L'angiographie par rayons X et les autres modalités d'imagerie cardiaque	29
1.2.1	L'angiographie cardiaque par rayons X	30
1.2.1.1	Aspects mécaniques	31
1.2.1.2	Formation de l'image	33
1.2.1.2.1	Émission de rayons X	33
1.2.1.2.2	Transmission de rayons X	33
1.2.1.2.3	Détection de rayons X	35
	Plaque au phosphore	35
	Intensificateur	36
	Panneau plat numérique	36
1.2.1.3	Post-traitement	37
1.2.1.4	Trajectoires d'acquisition et séquences d'images	37
1.2.1.4.1	Mode statique	38
1.2.1.4.2	Mode rotationnel	38

1.2.2	Les autres modalités d'imagerie cardiaque	38
1.2.2.1	Imagerie cardiaque anatomique	38
1.2.2.1.1	Scanner CT	38
1.2.2.1.2	Scanner EBCT	40
1.2.2.1.3	Angiographie par résonance magnétique	40
1.2.2.1.4	Imagerie ultrasonore intravasculaire	42
1.2.2.1.5	Tomographie par cohérence optique	43
1.2.2.2	Imagerie cardiaque fonctionnelle	43
1.2.2.3	Fusion et recalage multimodaux	44
1.3	Modélisation tridimensionnelle et dynamique	45
1.3.1	Besoins non remplis en angiographie par rayons X des artères coronaires	45
1.3.2	Notre travail	47
1.3.2.1	Données disponibles	47
1.3.2.1.1	Base de données fantômes	47
1.3.2.1.2	Base de données patients	48
1.3.2.2	Des images aux modèles	49
1.3.2.3	Contexte industriel	50
1.3.2.4	Schémas méthodologiques envisagés	50
2	La détection des artères coronaires	55
2.1	Sélection des images d'intérêt	56
2.2	Filtrage des images	57
2.2.1	Introduction	57
2.2.2	Généralités	57
2.2.3	Méthode utilisée	59
2.2.3.1	Modèle de vaisseau dans les images	59
2.2.3.2	Filtres de rehaussement des lignes centrales de vaisseaux	60
2.2.3.3	Filtre multi-échelle	70
2.2.3.4	Résultats	74
2.2.3.5	Limitations	75
2.2.4	Conclusion	78
2.3	Extraction des lignes centrales des artères coronaires	78
2.3.1	Introduction	78
2.3.2	Généralités	79
2.3.3	Méthode utilisée	80
2.3.3.1	Normalisation	80
2.3.3.2	Maxima directionnels locaux	80
2.3.3.2.1	Extraction par pixel entier	81
2.3.3.2.2	Extraction par pixel fractionnaire	81
2.3.3.3	Seuillage par hystérésis	82
2.3.3.4	Chaînage	83
2.3.3.5	Résultats	84
2.3.3.6	Limitations	84
2.3.4	Conclusion	86

3	La reconstruction 3D des lignes centrales des artères coronaires	87
3.1	Appariement des lignes centrales extraites	88
3.1.1	Introduction	88
3.1.2	Généralités	89
3.1.3	Méthode utilisée	90
3.1.3.1	Renormalisation des cartes multi-échelle	90
3.1.3.2	Détermination d'images quasi synchrones	91
3.1.3.3	Appariement deux à deux des lignes centrales extraites	94
3.1.3.3.1	Pourquoi <i>deux</i> ensembles de lignes centrales?	94
3.1.3.3.2	Formulation du problème	95
	Contrainte épipolaire	95
	Levée d'ambiguïté avec une vue supplémentaire	96
	Levée d'ambiguïté avec plusieurs vues supplémentaires	99
3.1.3.4	Critères d'optimalité	100
3.1.3.4.1	Critère local par point	100
	Critère de position	100
	Critère de direction	101
	Critère combiné	101
	Résultats	102
	Discussion	102
3.1.3.4.2	Critère global par chaîne de points	104
	Résultats	104
	Discussion	106
3.1.3.4.3	Critère semi-local par chaîne de points	106
3.1.3.5	Optimisation par programmation dynamique	108
3.1.3.6	Exclusion <i>a posteriori</i> des faux appariements	111
3.1.3.7	Symétrisation de l'algorithme	111
3.1.3.8	Fusion des modèles géométriques	113
3.1.3.9	Limitations	116
3.1.4	Conclusion	116
3.2	Ajustement de faisceau	117
3.2.1	Introduction	117
3.2.2	Généralités	117
3.2.3	Méthode utilisée	118
3.2.3.1	Hypothèses physiologiques sur la respiration	118
3.2.3.2	Paramètres sujets à correction	119
3.2.3.3	Critère d'optimalité	119
3.2.3.4	Optimisation	121
3.2.3.5	Résultats	121
3.2.3.6	Extension de l'ajustement aux images intermédiaires	122
3.2.3.7	Limitations	124
3.2.4	Conclusion	124
3.3	Valeur ajoutée clinique de la reconstruction 3D des lignes centrales	125

4	Le mouvement des artères coronaires	129
4.1	Mouvement 3D discret en temps	132
4.1.1	Introduction	132
4.1.2	Généralités	132
4.1.3	Méthode utilisée	133
4.1.3.1	Détermination d'images cibles	133
4.1.3.2	Paramétrisation du mouvement	134
4.1.3.3	Critère d'optimalité	136
4.1.3.3.1	Attache aux données	136
4.1.3.3.2	Régularisation	137
4.1.3.3.3	Critère final	139
4.1.3.4	Optimisation du critère	139
4.1.3.5	Résultats	141
4.1.3.6	Limitations	141
4.1.3.6.1	Inadéquation vis-à-vis de la physiologie	141
4.1.3.6.2	Inadéquation vis-à-vis de l'acquisition	141
4.1.3.6.3	Difficulté d'extension au cycle cardiaque complet	144
4.1.4	Conclusion	144
4.2	Mouvement 4D continu en temps	145
4.2.1	Introduction	145
4.2.2	Généralités	145
4.2.3	Méthode utilisée	146
4.2.3.1	Détermination d'un pseudo-ECG	146
4.2.3.2	Paramétrisation du mouvement	146
4.2.3.3	Critère d'optimalité	148
4.2.3.3.1	Attache aux données	148
4.2.3.3.2	Régularisation	149
4.2.3.3.3	Critère final	151
4.2.3.4	Optimisation du critère	151
4.2.3.5	Résultats	152
4.2.3.6	Limitations	154
4.2.3.7	Raffinement image par image	155
4.2.4	Conclusion	157
4.3	Valeur ajoutée clinique du mouvement	157
5	La reconstruction tomographique des artères coronaires	159
5.1	La tomographie et le fond	161
5.1.1	Introduction	161
5.1.2	Généralités	161
5.1.3	Soustraction artificielle du fond	163
5.2	La tomographie et le mouvement	165
5.2.1	Introduction	165
5.2.2	Généralités	165
5.2.3	Phénomènes de mouvement et de diffusion	166

5.2.4	La compensation de mouvement	167
5.2.4.1	Algorithmique de reconstruction : cas continu	167
5.2.4.2	Algorithmique de reconstruction : cas discret	169
5.2.4.3	Résultats	173
5.2.4.4	Limitations	178
5.2.4.5	Mesures de qualité	182
5.2.4.5.1	Vérité terrain	182
5.2.4.5.2	Comparaison à une méthode d'acquisition étalon	182
5.2.4.5.3	Fantômes	182
5.2.4.5.4	Mesure de qualité intrinsèque : l'entropie	183
5.2.5	Conclusion	184
5.3	La représentation tomographique 4D	185
5.4	Valeur ajoutée clinique de la reconstruction tomographique	186
5.4.1	Apport qualitatif	186
5.4.2	Apport quantitatif	188
6	Résultats : synthèse et discussion	191
6.1	Résultats complets pour des données acquises sur patient	192
6.1.1	Cas sain	192
6.1.1.1	Détection 2D	192
6.1.1.2	Reconstruction 3D des lignes centrales	192
6.1.1.3	Mouvement 4D et mouvements 3D	195
6.1.1.4	Reconstruction 3D tomographique	195
6.1.2	Cas pathologiques	196
6.1.2.1	Cas d'une sténose partielle	196
6.1.2.1.1	Détection 2D	197
6.1.2.1.2	Reconstruction 3D des lignes centrales	197
6.1.2.1.3	Mouvement 4D et mouvements 3D	197
6.1.2.1.4	Reconstruction 3D tomographique	199
6.1.2.2	Cas d'une sténose complète	199
6.1.2.2.1	Détection 2D	199
6.1.2.2.2	Reconstruction 3D des lignes centrales	199
6.1.2.2.3	Mouvement 4D et mouvements 3D	199
6.1.2.2.4	Reconstruction 3D tomographique	201
6.2	Synthèse des résultats	202
6.2.1	Protocole d'évaluation	202
6.2.2	Interprétation des résultats	203
6.3	Discussion	208
6.3.1	Taille des modèles	208
6.3.2	Temps d'exécution	208
6.3.3	Faisabilité	209
6.3.4	Qualité	209

7	Conclusions et perspectives	211
7.1	Conclusions	211
7.2	Perspectives	212
7.2.1	Améliorations	212
7.2.1.1	Temps d'exécution	213
7.2.1.2	Qualité des résultats	213
7.2.1.2.1	Reconstruction filaire	213
7.2.1.2.2	Mouvement	214
7.2.1.2.3	Méthode complète	214
	Prise en compte de la cohérence entre images	214
	Optimisation globale des paramètres	214
	Itération de tout ou partie de la méthode	215
7.2.1.2.4	Mise en adéquation du protocole clinique	215
7.2.2	Interaction avec d'autres problématiques en imagerie médicale	216
7.2.3	Application clinique	216
A	Algorithme de Dijkstra	219
A.1	Algorithme général	219
A.2	Application à l'appariement multi-oculaire	220
B	Algorithme de gradient conjugué	223
B.1	Gradient conjugué linéaire	223
B.2	Gradient conjugué non linéaire	225
C	Implémentation et parallélisation	227
C.1	Survol de l'implémentation	227
C.2	Utilisation de ressources parallèles	227
C.2.1	Mouvement 4D	228
C.2.2	Mouvements 3D de raffinement	229
C.2.3	Reconstruction 3D tomographique avec compensation de mouvement	229

Table des figures

1.1	Anatomie générale du cœur	19
1.2	Les trois dominances possibles du réseau coronaire	20
1.3	Anatomie générale des arbres coronaires droit et gauche	21
1.4	Schéma simplifié de formation d'une sténose	22
1.5	Angiogramme montrant la présence d'une sténose	24
1.6	Les trois étapes de l'angioplastie	25
1.7	Stents de différentes longueurs	26
1.8	Les trois étapes de la pose d'un stent	27
1.9	Pose d'un stent vue par angiographie	27
1.10	Schéma d'un pontage coronarien	28
1.11	Instruments de chirurgie laparoscopique	28
1.12	Système de chirurgie robotisée	29
1.13	Plateforme logicielle de chirurgie robotisée	30
1.14	Cathéterisation	31
1.15	Cathéter et injection du produit de contraste	32
1.16	Structures parasites dans les angiogrammes	32
1.17	Angiographe de type LC	34
1.18	Distorsions en S et en coussin	36
1.19	Paramètres d'acquisition CRA/CAU, LAO/RAO, et SID	39
1.20	Mode d'acquisition rotationnel	40
1.21	Reconstruction des artères coronaires par un scanner CT	41
1.22	Reconstruction des artères coronaires par un scanner EBCT	41
1.23	Reconstruction des artères coronaires par imagerie ARM	42
1.24	Visualisation des artères coronaires par imagerie IVUS	43
1.25	Visualisation d'un ventricule gauche par imagerie SPECT	44
1.26	Effets de superposition et de raccourcissement	46
1.27	Facteur d'agrandissement variable	46
1.28	Images du fantôme synthétique	48
1.29	Images du fantôme physique	48
1.30	Images des séquences acquises sur patients	49
1.31	Schémas algorithmiques envisagé <i>a priori</i>	51
1.32	Schéma algorithmique effectivement suivi	53
2.1	Injectons précoce, complète et tardive	57
2.2	Insuffisance des seules intensités pour la détection des artères	59

2.3	Exemples de profils d'intensité au voisinage des lignes centrales	61
2.4	Profil intégral d'un vaisseau	61
2.5	Forme théorique des intensités au voisinage d'une ligne centrale	62
2.6	Filtres rehausseurs de vaisseaux de Sato	64
2.7	Filtre avec mesure délocalisée.	65
2.8	Filtres rehausseurs de ligne centrale de vaisseaux avec vérification délocalisée .	66
2.9	Carte des directions des lignes centrales de vaisseaux	66
2.10	Profil transversal du filtre rehausseur de ligne centrale de vaisseaux (1)	67
2.11	Profil transversal du filtre rehausseur de ligne centrale de vaisseaux (2)	68
2.12	Transformation logarithmique de l'image et effet sur les contrastes locaux	71
2.13	Effet de la transformation logarithmique sur le filtrage	72
2.14	Réponse du filtre rehausseur de lignes centrales à différentes échelles	73
2.15	Influence du paramètre de γ -normalisation	74
2.16	Résultat du filtrage multi-échelle	76
2.17	Fausse réponses positives au filtrage multi-échelle	77
2.18	Fausse réponses négatives au filtrage multi-échelle (1)	77
2.19	Fausse réponses négatives au filtrage multi-échelle (2)	78
2.20	Détermination des maxima directionnels locaux	81
2.21	Résultat de l'extraction des maxima directionnels locaux	82
2.22	Extraction des lignes centrales par seuillage par hystérésis	84
2.23	Résultats de l'extraction automatique des lignes centrales	85
2.24	Défaut d'extraction des lignes centrales sur une bifurcation	85
2.25	Défaut d'extraction des lignes centrales sur une superposition	86
3.1	Fonction de normalisation du filtre rehausseur de vaisseaux	91
3.2	Effet de la normalisation du filtre rehausseur de vaisseaux	92
3.3	Détermination des intégrales horizontales	93
3.4	Détermination des images synchrones par les intégrales horizontales	94
3.5	Contrainte épipolaire sur deux images	96
3.6	Ambiguïté de la contrainte épipolaire sur deux images	97
3.7	Histogramme du nombre de candidats potentiels	97
3.8	Levée d'ambiguïté de la contrainte épipolaire sur trois images	98
3.9	Prédiction de la direction d'un vaisseau dans une troisième image	99
3.10	Différence entre deux directions du plan	102
3.11	Résultat de l'appariement par points	103
3.12	Ensembles connexes pour l'appariement par chaînes	104
3.13	Résultat de l'appariement par chaînes	105
3.14	Utilisation de l'historique géométrique dans l'appariement	107
3.15	Fonction de pénalité géométrique normalisée pour l'appariement	108
3.16	Schéma de la programmation dynamique	109
3.17	Résultat de l'appariement par programmation dynamique	110
3.18	Exclusion <i>a posteriori</i> des faux appariements	112
3.19	Symétrisation de l'appariement	113
3.20	Fusion des appariements après symétrisation	114
3.21	Pertinence de la redondance des différentes reconstructions 3D filaires	115

3.22	Défauts d'appariement à cause d'un faible contraste	116
3.23	Défauts d'appariement à cause de l'asynchronisme des images de référence	117
3.24	Profil bidimensionnel de la fonction objectif de l'ajustement de faisceau	120
3.25	Profils unidimensionnels de la fonction objectif de l'ajustement de faisceau	120
3.26	Évolution du critère d'appariement au cours de l'ajustement de faisceau	121
3.27	Histogramme des amplitudes d'ajustement de faisceau	122
3.28	Comparaison des reconstructions sans et avec ajustement de faisceau	123
3.29	Ajustement de faisceau par les intégrales horizontales	125
3.30	Prototype industriel pour la quantification multi-vues	128
4.1	Superposition d'images acquises à des phases cardiaques différentes	130
4.2	Représentation schématique d'un <i>B-solid</i> 3D	134
4.3	Mouvement dégénéré en l'absence de régularisation	138
4.4	Évolution du mouvement optimal avec les échelles de convolution	142
4.5	Résultats du calcul de mouvement 3D	143
4.6	Calcul des temps cardiaques normalisés	147
4.7	Représentation schématique d'un <i>B-solid</i> 4D	147
4.8	Résultats du calcul de mouvement 4D (1)	152
4.9	Résultats du calcul de mouvement 4D (2)	153
4.10	Limitations du mouvement 4D	154
4.11	Effet du raffinement par un mouvement 3D image par image	156
4.12	Affichage stabilisé d'une sténose	158
5.1	Soustraction artificielle des angiogrammes	164
5.2	Effet du mouvement sur le calcul des intégrales de l'absorption linéaire locale	168
5.3	Formation d'un pixel à partir d'un faisceau de rayons X divergent	169
5.4	Relation entre voxels au temps 0 et pixels au temps t_i	171
5.5	Histogrammes des variations relatives de volume	172
5.6	Comparaison de reconstructions sans et avec compensation du mouvement	175
5.7	Évaluation de diamètres et de sections sur le fantôme synthétique	176
5.8	Vues MIP de la reconstruction tomographique sur un patient (1)	177
5.9	Vues MIP de la reconstruction tomographique sur un patient (2)	177
5.10	Vues MIP de la reconstruction tomographique sur un patient (3)	178
5.11	Effets de la soustraction artificielle et de la compensation du mouvement	179
5.12	Évaluation de la reconstruction 3D tomographique sur un cathéter	180
5.13	Flou dans le plan axial au niveau du tronc coronaire	181
5.14	Flou local lié à un défaut dans le modèle de mouvement 4D	181
5.15	Corrélation entre qualité de reconstruction et mesure d'entropie	184
5.16	Application du mouvement 4D à une reconstruction 3D	185
5.17	Visualisations des reconstructions 3D tomographiques.	187
5.18	Quantification 3D d'une sténose	189
6.1	Détection des lignes centrales pour un patient sain	193
6.2	Reconstruction filaire des lignes centrales pour un patient sain	194
6.3	Mouvement des artères coronaires pour un patient sain	195

6.4	Reconstruction tomographique des artères coronaires pour un patient sain . . .	196
6.5	Détection des lignes centrales dans le cas d'une sténose partielle	197
6.6	Reconstruction filaire dans le cas d'une sténose partielle	198
6.7	Mouvement dans le cas d'une sténose partielle	198
6.8	Reconstruction tomographique dans le cas d'une sténose partielle	199
6.9	Détection des lignes centrales dans le cas d'une sténose complète	200
6.10	Reconstruction filaire dans le cas d'une sténose complète	200
6.11	Mouvement dans le cas d'une sténose complète	201
6.12	Reconstruction tomographique dans le cas d'une sténose complète	202
6.13	Niveaux de qualité de l'extraction des lignes centrales	203
6.14	Niveaux de qualité de la reconstruction filaire	204
6.15	Niveaux de qualité du mouvement	204
6.16	Niveaux de qualité de la reconstruction tomographique	205
6.17	Synthèse des résultats	206
A.1	Structure de graphe dans l'étape d'appariement	220

Introduction

Les pathologies cardio-vasculaires représentent un gigantesque enjeu de santé : elles sont d'ores et déjà la première cause de mortalité dans les pays développés et, d'après l'OMS, elles deviendront aussi la première cause de mortalité à l'échelle mondiale dès 2008.

Les principales pathologies cardio-vasculaires sont les valvulopathies, l'insuffisance cardiaque et l'ischémie myocardique. Les causes directes de l'ischémie peuvent être la sténose, la thrombose, et l'embolie qui viennent toutes perturber l'irrigation sanguine du muscle cardiaque. La cause sous-jacente la plus courante de ces troubles est le phénomène d'*athérosclérose*.

L'athérosclérose est un durcissement et une inflammation de la paroi artérielle, combinée à la formation d'un dépôt, de nature fibreuse, lipidique, ou calcique, au sein même de cette paroi. L'effet de cette inflammation est l'obstruction partielle ou totale de l'artère lésée. Cette pathologie peut toucher les artères qui irriguent le muscle cardiaque. Ces artères sont appelées *artères coronaires*. Dans le cas de l'obstruction importante d'une artère coronaire, que l'on appelle une *sténose*, le myocarde peut être insuffisamment irrigué : l'oxygénation et l'élimination des déchets métaboliques sont trop faibles, on parle alors d'*ischémie*. Ce déficit d'oxygénation du muscle cardiaque peut entraîner jusqu'à la nécrose du tissu et engendrer un infarctus du myocarde, avec arrêt de la contraction cardiaque.

La forte prévalence des pathologies coronariennes les a placées au centre des systèmes de diagnostic et de traitement proposés par les systèmes de santé des pays développés. Le diagnostic peut être effectué par des exercices d'effort, l'analyse d'électro-cardiogrammes, ou encore par imagerie médicale. Un vaste éventail de modes d'imagerie est proposé aux médecins pour le diagnostic des pathologies cardio-vasculaires : le scanner, l'imagerie isotopique, l'imagerie par résonance magnétique, l'imagerie par ultrasons, ou encore l'imagerie par rayons X. Une fois le diagnostic établi, le traitement consiste, outre l'application d'une hygiène de vie stricte, soit en une prise médicamenteuse (β -bloquants, diurétiques, thrombolytiques, etc), soit en une intervention chirurgicale légère (angioplastie, pose de stent), soit en une intervention chirurgicale lourde (pontage coronarien). Le choix thérapeutique est lié à l'évaluation de la sévérité de la pathologie cardio-vasculaire.

La modalité d'imagerie médicale la plus utilisée actuellement pour le diagnostic des pathologies coronariennes et pour les interventions légères sur ces mêmes pathologies est l'*angiographie par rayons X*. Les raisons de cette utilisation préférentielle résident dans les résolutions temporelle et spatiale des images qu'elle fournit, dans la rapidité de l'examen médical qui lui est associé et enfin dans la possibilité, couramment utilisée, de mener le traitement dans la continuation immédiate de l'examen. Tous ces facteurs font que les

angiographes dédiés aux pathologies coronariennes sont courants dans les grands centres hospitaliers.

Les angiogrammes sont des images de type radiologique, où les vaisseaux, rendus *opaques* par l'injection d'un produit de contraste, sont visibles au travers de la cage thoracique devenue *transparente* par l'utilisation de rayonnement X.

Les angiogrammes sont actuellement utilisés directement pour le diagnostic et le guidage lors du traitement des pathologies coronariennes. Néanmoins, ces angiogrammes 2D ne donnent qu'une information très partielle de la réalité de l'arbre coronaire. En effet, l'acquisition radiologique fournit des données projectives 2D de structures 3D. L'utilisation de données projectives se traduit par des problèmes pratiques importants dans l'interprétation des images :

- la forme du profil projeté et le diamètre des vaisseaux dépendent du point de vue utilisé,
- les longueurs des vaisseaux dans les images sont modifiées selon le point de vue utilisé,
- des vaisseaux distincts peuvent se superposer dans les images.

Ces conséquences sont les effets directs du fait que l'on observe un objet tridimensionnel, animé d'un mouvement, par le biais de données projectives bidimensionnelles.

Notre problématique consiste donc à rétablir la troisième dimension spatiale et la dimension temporelle à partir de plusieurs points de vue bidimensionnels, observant des phases cardiaques différentes. Ceci nous permettra de fournir au médecin les informations les plus pertinentes que l'on peut extraire d'un ensemble d'angiogrammes, comme, par exemple, les sections transversales des vaisseaux 3D. Les informations tridimensionnelles et dynamiques sont capitales car elles faciliteraient l'établissement d'un diagnostic fiable. Nous verrons que l'utilisation de séquences d'angiogrammes acquises selon un point de vue tournant autour du patient rend possible notre travail de modélisation tridimensionnelle et dynamique des artères coronaires.

Le premier chapitre de cette thèse présente les aspects humains, sociaux et techniques de notre sujet. Il décrit les différentes voies que nous avons identifiées *a priori* pour la résolution de notre problème et explicite celle que nous avons effectivement suivie.

Dans le second chapitre, une première étape de modélisation est menée au travers de l'extraction des lignes centrales des artères coronaires dans les angiogrammes, qui donne un premier modèle bidimensionnel des artères coronaires.

Le troisième chapitre explique comment, à partir de plusieurs angiogrammes acquis selon des points de vue différents, nous pouvons reconstruire un modèle tridimensionnel des lignes centrales des artères coronaires.

La modélisation du mouvement des artères coronaires est abordée dans le quatrième chapitre et permet de donner des caractéristiques dynamiques à notre modèle.

Pour conclure la partie technique, le cinquième chapitre présente une modélisation *complète* des artères coronaires sous la forme de la représentation tridimensionnelle du volume de l'ensemble de l'arbre coronaire, à tous les instants du battement cardiaque.

Une synthèse des résultats de cet ensemble de méthodes est présentée dans le sixième chapitre.

Enfin, le septième chapitre conclut sur l'ensemble de nos méthodes et de nos résultats, et décrit les perspectives à court et à long terme de notre travail.

Chapitre 1

Présentation du sujet

Sommaire

1.1	Les artères coronaires : aspects humains, médicaux et cliniques	18
1.1.1	Aspects humains et médicaux	18
1.1.1.1	Les maladies cardio-vasculaires	18
1.1.1.2	Anatomie	19
1.1.1.3	Étiologie et symptomatologie	21
1.1.2	Aspects cliniques	22
1.1.2.1	Diagnostic	22
1.1.2.2	Traitement	24
1.2	L'angiographie par rayons X et les autres modalités d'imagerie cardiaque .	29
1.2.1	L'angiographie cardiaque par rayons X	30
1.2.1.1	Aspects mécaniques	31
1.2.1.2	Formation de l'image	33
1.2.1.3	Post-traitement	37
1.2.1.4	Trajectoires d'acquisition et séquences d'images	37
1.2.2	Les autres modalités d'imagerie cardiaque	38
1.2.2.1	Imagerie cardiaque anatomique	38
1.2.2.2	Imagerie cardiaque fonctionnelle	43
1.2.2.3	Fusion et recalage multimodaux	44
1.3	Modélisation tridimensionnelle et dynamique	45
1.3.1	Besoins non remplis en angiographie par rayons X des artères coronaires	45
1.3.2	Notre travail	47
1.3.2.1	Données disponibles	47
1.3.2.2	Des images aux modèles	49
1.3.2.3	Contexte industriel	50
1.3.2.4	Schémas méthodologiques envisagés	50

Le sujet de cette thèse est la *modélisation 3D et 3D+t des artères coronaires à partir de séquences rotationnelles de projections rayons X*. Au cours de la présentation de ce sujet, nous allons en décrire successivement les trois éléments clés :

- les *artères coronaires* dont nous décrirons succinctement l’anatomie, les pathologies et leurs coûts humains et sociaux, et les traitements existants,
- l’imagerie médicale de type *angiographie par rayons X* dont nous décrirons le type de données qu’elle fournit, ainsi que les autres modalités d’imagerie disponibles pour l’exploration de la fonction cardiaque,
- la *modélisation tridimensionnelle et dynamique* que nous évoquerons au travers d’une hiérarchie de modèles, de complexité croissante.

1.1 Les artères coronaires : aspects humains, médicaux et cliniques

1.1.1 Aspects humains et médicaux

1.1.1.1 Les maladies cardio-vasculaires

Les maladies cardio-vasculaires désignent l’ensemble des pathologies touchant l’appareil circulatoire, qui comprend le cœur, le réseau artériel et le réseau veineux. Les facteurs de risque de ces maladies sont bien caractérisés : hérédité, régime alimentaire, tabagisme, alcoolisme, hypertension, et mode de vie sédentaire.

Actuellement, dans les pays développés, les maladies cardio-vasculaires sont la première cause de mortalité. D’après l’OMS, elles seront aussi la première cause de mortalité à l’échelle mondiale dès 2008. Elles représentent donc un enjeu de santé majeur pour l’ensemble des populations humaines.

En France, elles représentent 30% de l’ensemble des décès, soit 165 000 personnes par an (Source : chiffres de l’INSERM, pour 1999, donnés par le Centre de Recherche, d’Étude et de Documentation en Économie de la Santé ¹). Bien que l’on ait constaté une régression générale des pathologies vasculaires, les pathologies cardiaques ne reculent, elles, que très peu : moins 2% seulement de 1950 à 1994, selon l’INSERM². Le coût humain de ces pathologies reste donc très lourd.

Le coût social des pathologies cardio-vasculaires est lui aussi très élevé. En effet, la prise en charge et le traitement de ces pathologies est lourde (examens médicaux, angioplastie, pontage coronarien, greffe cardiaque). À titre d’exemple, selon le NHLBI (**N**ational **H**eart **L**ung and **B**lood **I**nstitute), les maladies cardio-vasculaires représenteront un coût global de 285 milliards de dollars pour l’année 2004, uniquement pour les États-Unis. C’est pourquoi, de plus en plus, les autorités sanitaires et sociales des pays développés mettent en œuvre des politiques de prévention des risques à grande échelle.

¹http://www.credes.fr/En_ligne/Chiffres/Cadrage/demosante/causes/causessex.htm

²<http://cri-cirs-wnts.univ-lyon1.fr/Polycopies/Cardiologie/Cardiologie-Introduction.html>

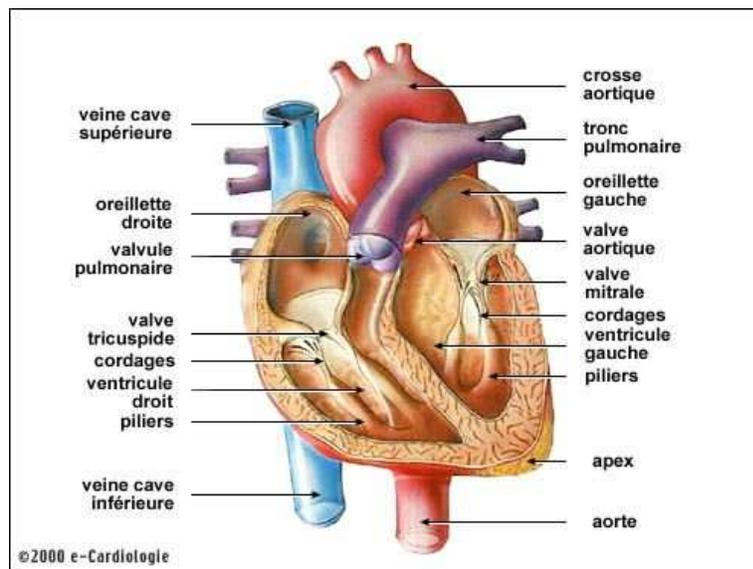


FIG. 1.1 – Anatomie générale du cœur. Les deux chambres droites assurent le retour du sang vicié vers les poumons, tandis que les deux chambres gauches envoient le sang oxygéné dans l'ensemble du corps. Source : e-Cardiologie.com.

1.1.1.2 Anatomie

Le cœur est l'organe principal de l'appareil circulatoire du corps humain. Il est la pompe qui assure la circulation du sang à travers le corps et apporte aux organes un sang riche en oxygène et évacue le sang vicié par le dioxyde de carbone, produit par la respiration cellulaire.

Le cœur comprend quatre cavités (ventricules gauche et droit et oreillettes gauche et droite) qui permettent une double circulation entre cœur et poumons d'une part et entre cœur et reste du corps d'autre part. La combinaison de la contraction du muscle cardiaque et de l'ouverture et de la fermeture des valves séparant les différentes chambres produit une circulation sanguine efficace. La figure 1.1 montre l'anatomie générale du cœur.

Le cœur, comme tout muscle, doit être alimenté en permanence en sang oxygéné par un réseau artériel. Ce sont les artères dites *coronaires* qui assurent la vascularisation du myocarde. La dénomination *coronaire* provient du fait que l'ensemble de ces artères entourent le cœur (en latin, *corona* signifie *couronne*). Le retour veineux est assuré par le réseau formé des veines coronaires.

La variabilité anatomique inter-individu de l'arbre coronaire est très importante. Nous décrivons maintenant un arbre coronaire *moyen*. Les artères coronaires naissent à la base de l'artère aorte au niveau d'orifices appelés *ostium coronaire gauche* (le plus souvent unique) et *ostium coronaire droit* (parfois multiple). L'arbre coronaire est donc divisé en deux branches : la coronaire droite et la coronaire gauche. L'importance relative de ces deux branches est variable selon les personnes. Cette importance relative est décrite en terme de réseau coronaire à dominance droite, à dominance gauche, ou équilibré. La dominance droite est prévalente, avec typiquement 70% de la population, contre 20% pour la dominance gauche et 10% pour les réseaux équilibrés [Amiel et al., 1984].

La figure 1.2 montre les aspects généraux des trois types de dominance.

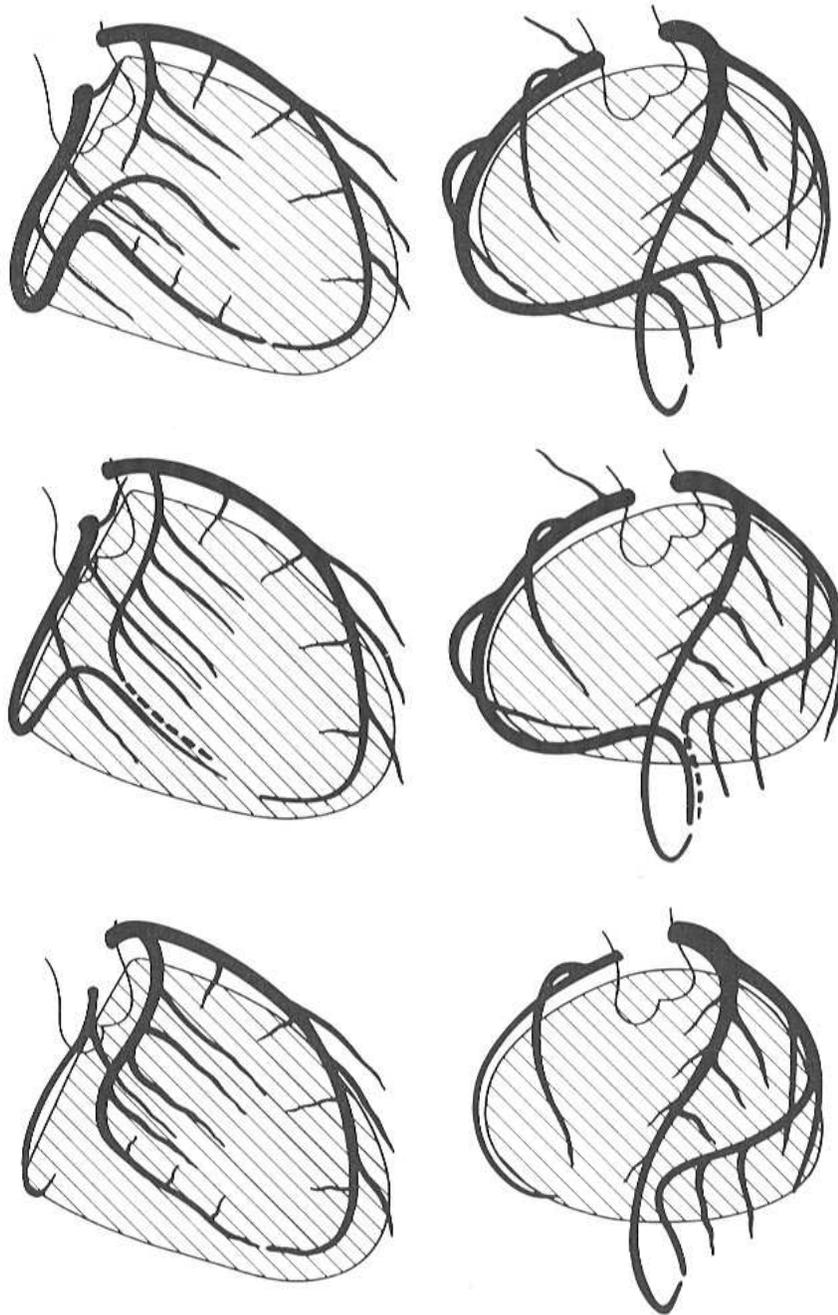


FIG. 1.2 – Les trois dominances possibles du réseau coronaire. De haut en bas, représentation schématique de réseaux coronaires à dominance droite, équilibrée, et gauche. Ce sont, à gauche, des vues antérieures et, à droite, des vues latérales droites.
Source : [Amiel et al., 1984].

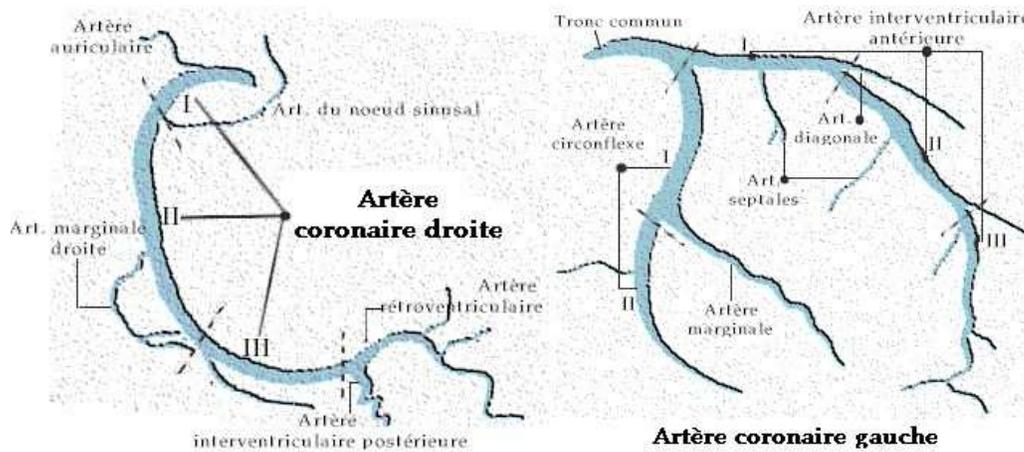


FIG. 1.3 – Anatomie générale des arbres coronaires droit et gauche. Les deux branches principales se ramifient progressivement pour assurer une micro-circulation homogène dans l'ensemble du myocarde.

Source : www.angiocardio.com.

Comme illustré dans la figure 1.3, l'artère coronaire droite donne naissance successivement aux artères marginale droite, inter-ventriculaire postérieure et rétro-ventriculaire gauche. L'artère coronaire gauche donne naissance à l'artère inter-ventriculaire antérieure (de laquelle partent les artères diagonales et septales), puis à l'artère circonflexe (de laquelle partent les artères marginales gauches, voire l'artère inter-ventriculaire postérieure dans le cas d'une dominance gauche). Alors que les branches principales ont un trajet de surface ou *épicaudique*, les branches ramifiées ont parfois des parcours au sein même du muscle, ou parcours *intra-pariétal*.

Au niveau du tronc coronaire, le diamètre typique des artères est de 5 millimètres³. Les deux branches principales se subdivisent rapidement. Les branches principales ont des gabarits diminuant progressivement de 4 à 2 millimètres. Au fur et à mesure des ramifications, les artères coronaires atteignent rapidement des diamètres inférieurs à 1 millimètre, jusqu'à devenir des artérioles puis des capillaires.

1.1.1.3 Étiologie et symptomatologie

La pathologie la plus courante des artères coronaires est l'*athérosclérose*. Cette pathologie touche la paroi de l'artère, qui perd de son élasticité et subit une inflammation. Un dépôt se forme au sein même de la paroi, conduisant dans un premier temps à l'augmentation de son diamètre externe, puis dans un second temps au rétrécissement de sa lumière. Cette pathologie se traduit donc par l'obstruction progressive des artères coronaires. C'est ce phénomène qui est observable en angiographie injectée. Le dépôt peut être dur lorsqu'il est composé de calcium, ou mou lorsqu'il est composé des lipides ou de glucides complexes. L'obstruction des artères coronaires, appelée *sténose*, entraîne une diminution de son gabarit et donc du flux sanguin. Cela provoque la diminution de l'oxygénation des tissus irrigués par l'ensemble

³http://imagerie-cv.univ-lyon1.fr/WEB_CARDIO/documents/Documents_references/coronaires/anatomie/Anatom06.htm

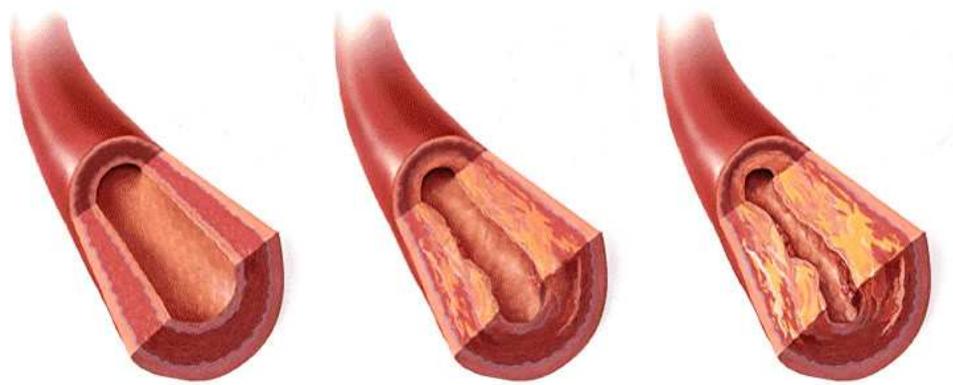


FIG. 1.4 – Schéma simplifié de formation d'une sténose. Au cours du temps, la formation d'un dépôt au sein de la paroi d'une artère coronaire peuvent entraîner son obstruction progressive. Source : Gersony Medical Media.

des portions d'artères situées en aval de l'obstruction. Le mode de formation des sténoses est décrit en détail dans [Libby, 2003].

La figure 1.4 donne une représentation schématique simplifiée de l'obstruction progressive de la lumière d'une artère par la formation d'un dépôt au sein de sa paroi.

La diminution du flux sanguin engendre un manque d'oxygène, ou *ischémie*. Ce défaut d'alimentation en oxygène se traduit par la mort, progressive ou brutale, d'une partie du myocarde. Cette nécrose du tissu myocardique entraîne l'*infarctus du myocarde*. Cette pathologie se traduit par un essoufflement anormal (insuffisance cardiaque), l'angine de poitrine, l'arythmie cardiaque, voire l'arrêt total du battement cardiaque. En cas d'arrêt de la fonction cardiaque, les structures les plus fragiles, telles que le cerveau, sont irrémédiablement endommagées en l'espace de quelques minutes.

1.1.2 Aspects cliniques

La présence des facteurs de risque et des symptômes décrits précédemment permet de suspecter une pathologie cardio-vasculaire chez un patient. Dans un tel cas, il faut établir le diagnostic de cette pathologie : son type et sa sévérité. De cette évaluation découlera l'établissement d'un traitement adapté.

1.1.2.1 Diagnostic

1.1.2.1.1 Examens de laboratoire Des examens sanguins, en particulier le dosage de certaines protéines caractéristiques, comme la créatine-phosphokinase ou la troponine, libérées lorsque le myocarde s'asphyxie, peuvent permettre de diagnostiquer un infarctus du myocarde.

1.1.2.1.2 Exploration électro-physiologique La contraction du muscle cardiaque est commandée par voie nerveuse, véhiculant un influx électrique. L'analyse de la résultante de cette activité électrique, mesurée au niveau de la peau, est appelée *électrocardiogramme* ou

ECG. Cet examen permet d'identifier les troubles du rythme cardiaque et leurs causes sous-jacentes. Il est en général associé à une épreuve d'effort, afin de comparer les performances cardiaques, en l'absence et en présence de stress.

1.1.2.1.3 Imagerie médicale Si les examens de laboratoire et électro-physiologiques ne permettent pas d'écartier la possibilité d'une pathologie cardio-vasculaire, le médecin a alors recours à l'imagerie médicale pour préciser son diagnostic.

Différentes modalités d'imagerie médicale sont utilisables pour le diagnostic des maladies cardio-vasculaires. On distingue les modalités d'exploration anatomique (scanner CT, imagerie par ultrasons, angiographie par rayons X, imagerie par résonance magnétique) et les modalités d'exploration fonctionnelle (imagerie nucléaire et imagerie par résonance magnétique fonctionnelle).

Dans la routine clinique actuelle, la modalité la plus largement employée est l'*angiographie par rayons X*. Celle-ci permet essentiellement l'exploration anatomique de l'ensemble des artères coronaires, et en particulier, la caractérisation des sténoses.

1.1.2.1.4 Routine clinique en angiographie par rayons X L'angiographie permet une observation de type *radiologique* des artères coronaires, rendues *opaques* par l'injection d'un produit de contraste, au travers de la cage thoracique rendue *transparente* par l'utilisation de rayons X.

La routine clinique actuelle consiste à effectuer plusieurs angiographies selon des angles *classiques*, basés sur des *a priori* anatomiques et qui permettent pour la majorité des patients d'observer les artères coronaires en limitant les effets de superposition et de raccourcissement, décrits dans le paragraphe 1.3.1 page 45.

Ces premières prises de vues permettent d'identifier des zones d'intérêt, nécessitant une exploration plus poussée. Des prises de vues supplémentaires, dédiées à des parties spécifiques de certains vaisseaux, sont ensuite effectuées.

La figure 1.5 montre l'exemple d'un angiogramme dans lequel une sténose importante est visible.

L'ensemble de la procédure est mené à partir de la seule information contenue dans les angiogrammes. Il est pourtant évident que le clinicien, au fait de l'anatomie cardiaque, doit posséder une représentation mentale en trois dimensions de l'objet qu'il observe pour pouvoir correctement appréhender la géométrie spatiale de l'arbre coronaire d'un patient. Ici apparaît donc le principal paradoxe et la principale faiblesse de la routine clinique actuelle : bien que l'objet examiné ait une réalité tridimensionnelle, l'ensemble de l'investigation médicale est basé sur une source d'information bidimensionnelle. Il y a donc une importante perte d'information, celle de la profondeur. Ce phénomène est aggravé du fait que la projection est conique, et non pas parallèle, et que le vaisseau n'est pas forcément parallèle au plan de projection. Les mesures effectuées dans les images sont donc faussées et ces problèmes ne peuvent être que partiellement et qualitativement compensés par l'intuition, la connaissance, et l'expérience du clinicien.

1.1.2.1.5 Critères d'évaluation de la sévérité des sténoses À partir des angiogrammes dédiés aux portions de vaisseaux d'intérêt, il est possible de localiser une sténose et

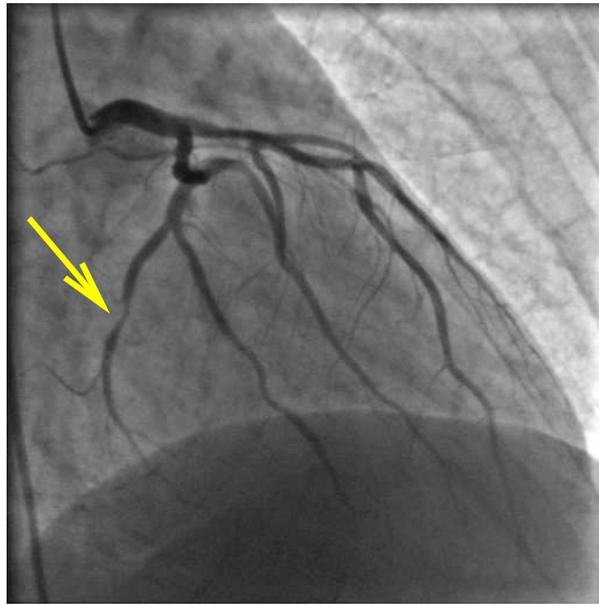


FIG. 1.5 – Angiogramme montrant la présence d'une sténose, repérée en jaune.

d'en évaluer le degré de sévérité.

La mesure la plus couramment employée pour décrire la sévérité d'une sténose est le *taux de rétrécissement* de l'artère. Typiquement, cette mesure est faite en calculant le rapport entre le diamètre de l'artère au niveau de la sténose et le diamètre normal de cette même artère, évalué en amont ou en aval de la sténose. Ces deux diamètres sont mesurés dans l'image. Nous verrons par la suite que cette évaluation est très partielle car elle est relative (il s'agit d'un *taux* de rétrécissement et non de l'*aire* de la surface obstruée) et elle dépend fortement du point de vue utilisé. Elle n'est que l'effet visible en deux dimensions d'un phénomène tridimensionnel.

Notre étude a pour but de permettre l'évaluation du degré de sévérité d'une sténose à partir d'informations tridimensionnelles. Contrairement aux mesures effectuées dans les angiogrammes bidimensionnels, les mesures faites à partir de modèles tridimensionnelles seraient absolues. Pour le clinicien, la connaissance de caractéristiques de lésion telles que le diamètre ou la longueur réels sont capitales, ce qui fait la plus grande pertinence des mesures tridimensionnelles.

1.1.2.2 Traitement

Une fois la présence d'une sténose établie, sa localisation précisée et sa sévérité évaluée, le médecin choisit un traitement parmi l'ensemble des possibilités thérapeutiques qui lui sont offertes. Par ordre croissant de risque identifié, le traitement consiste en la simple prise de médicaments, en une angioplastie, éventuellement combinée à la pose d'un stent, ou en un pontage coronarien simple ou multiple.

1.1.2.2.1 Traitement médicamenteux La prise de médicaments peut suffire à traiter les cas les plus légers de pathologies coronaires. Les médicaments prescrits sont :

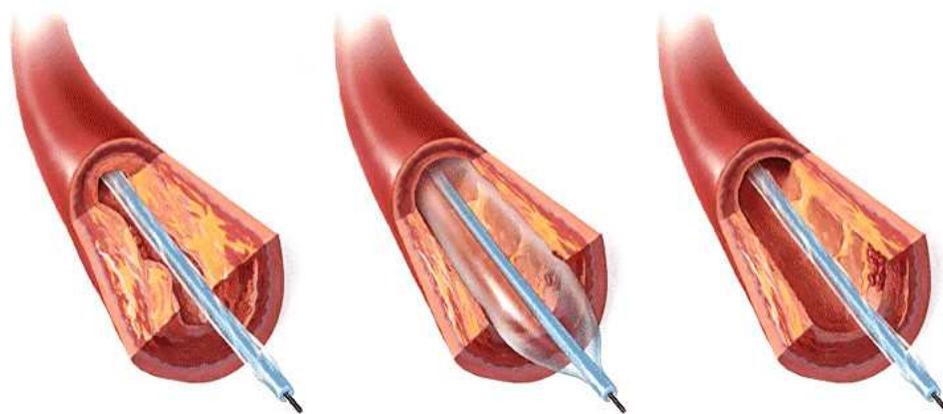


FIG. 1.6 – Représentation simplifiée des trois étapes de l'angioplastie. De gauche à droite : le ballon est amené au niveau de la sténose, le ballon est gonflé pour écraser le dépôt dans la paroi, et le ballon est dégonflé et retiré laissant une artère dont le gabarit a été rétabli.

Source : Gersony Medical Media.

- les anti-hypertenseurs (réduction de la tension artérielle),
- les thrombolytiques (réduction des caillots sanguins),
- les hypolipémifiants (réduction du cholestérol sanguin),
- les β -bloquants (régulation du battement cardiaque),
- les vasodilatateurs (augmentation du gabarit des vaisseaux).

En général, cette indication sera également combinée aux traitements plus lourds que nous allons maintenant décrire.

1.1.2.2 Angioplastie L'angioplastie est en général menée dans la continuation immédiate du diagnostic au cours de l'examen par angiographie par rayons X.

L'angioplastie a pour but de rétablir, au moins partiellement, le gabarit de la lumière du vaisseau. Pour cela, le médecin utilise un ballon amené par l'artère fémorale ou l'artère humérale jusqu'à la sténose. Une fois en place, celui-ci est gonflé jusqu'à écraser le dépôt dans la paroi qui entraîne la sténose, puis dégonflé et retiré.

La figure 1.6 illustre les différentes étapes d'une angioplastie.

1.1.2.2.3 Pose de stent L'angioplastie possède le défaut de laisser la voie libre à une potentielle *re-sténose*. Ce problème touche près de 50% des patients traités par angioplastie (Source : INSERM Actualité numéro 156).

En complément de l'angioplastie, le clinicien a la possibilité de limiter le risque de *re-sténose* en laissant sur place un dispositif métallique tubulaire en forme de grillage, que l'on appelle *stent*.

La figure 1.7 montre différentes longueurs de stents, il existe aussi différents diamètres de stent. Ce stent doit être choisi de longueur et de diamètre appropriés et posé au niveau de la zone ayant subi l'angioplastie afin de renforcer localement la paroi de l'artère.

Comme le montre la figure 1.8, le stent recroquevillé sur un ballon est amené par la même voie que le ballon d'angioplastie au niveau de la sténose, il est étendu et fixé en gonflant le

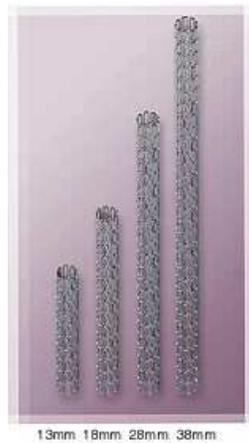


FIG. 1.7 – Stents de différentes longueurs. La longueur et le diamètre du stent doivent être choisis en adéquation avec la lésion à traiter.

Source : Guidant.

ballon, qui est ensuite dégonflé et retiré.

La figure 1.9 montre trois angiographies réalisées respectivement avant, pendant et après la pose d'un stent.

Plus récemment, des stents émettant des substances médicamenteuses (connus sous le nom de *drug eluting stents*), qui limitent encore le risque de resténose, ont été introduits. Ceux-ci donnent de bons résultats à moyen terme en ramenant le taux de resténose à moins de 5%, mais aussi à long terme en accroissant significativement la survie à 5 ou 10 ans [Kastrati et al., 2000].

1.1.2.2.4 Pontage coronarien Les pathologies très sévères, comme l'obstruction totale d'une artère coronaire, ou localisées sur une trop grande longueur, ne peuvent pas être traitées par l'angioplastie et la pose de stent. Il faut alors avoir recours à la voie chirurgicale et réaliser un ou plusieurs pontages coronariens.

En routine clinique classique, il s'agit d'un acte de chirurgie ouverte pratiqué soit à cœur battant, soit à cœur arrêté avec une circulation extra-corporelle. Au début de cette intervention, le sternum est scié (*sternotomie*) et la cage thoracique écartée afin de ménager un espace opératoire suffisant. Le chirurgien prélève un greffon de vaisseau *non vital* (le plus couramment, l'artère mammaire, l'artère fémorale ou la veine saphène) et suture ce greffon, d'une part, au niveau de l'artère aorte (sauf dans le cas de l'artère mammaire dont l'origine est maintenue en place) et d'autre part, sur le vaisseau lésé en aval de la sténose. Cette suture est appelée *anastomose*. Cette branche créée artificiellement va suppléer l'artère coronaire obstruée et alimenter la partie du myocarde qui aurait dû normalement être oxygénée par le vaisseau lésé.

La figure 1.10 montre le résultat schématique d'un pontage coronarien multiple à partir de l'artère mammaire et de greffons.

Bien que de plus en plus couramment pratiquée, cette intervention chirurgicale reste délicate et lourde. De récentes avancées permettent de proposer aux chirurgiens des solutions

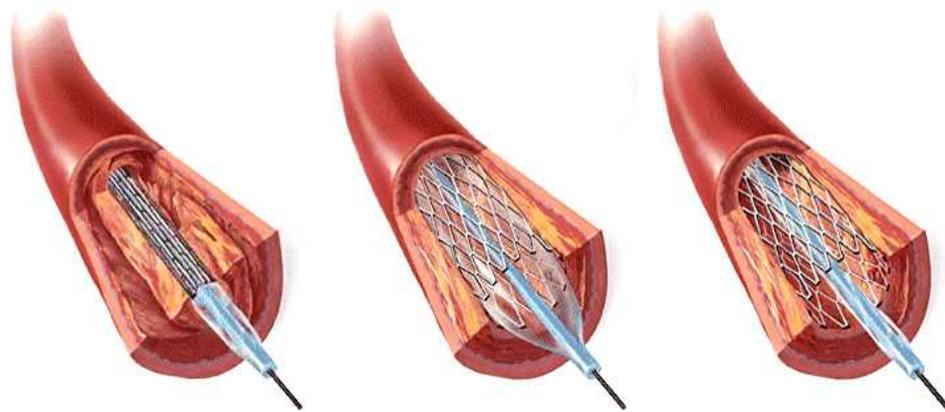


FIG. 1.8 – Les trois étapes de la pose d'un stent. De gauche à droite : le stent refermé est amené sur un ballon au niveau de la sténose, le ballon est gonflé pour déployer le stent, puis le ballon est dégonflé et retiré en laissant derrière lui le stent déployé.

Source : Gersony Medical Media.

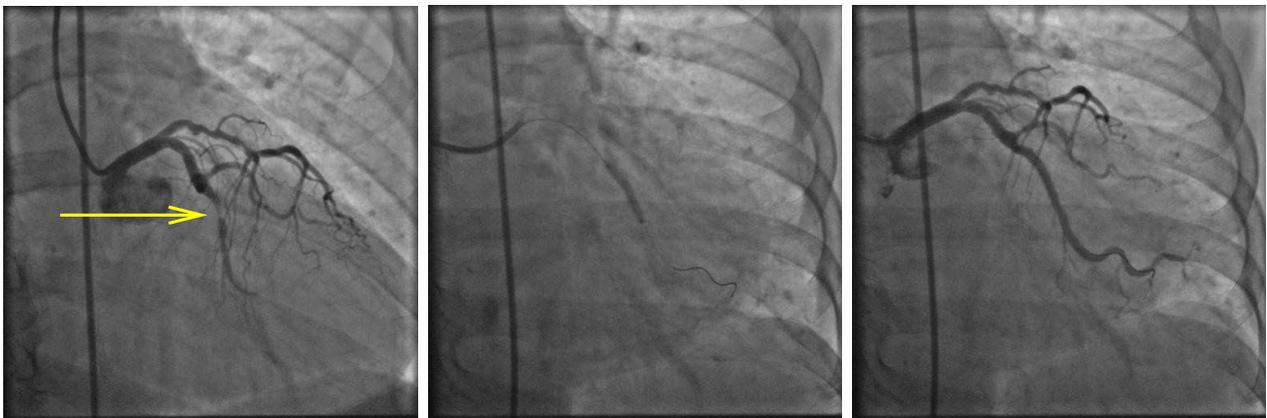


FIG. 1.9 – Pose d'un stent vue par angiographie. Dans l'angiogramme de gauche, acquis avant la pose du stent, on peut voir une sténose importante sur l'artère circonflexe, repérée en jaune. Dans l'angiogramme du milieu, acquis sans injection de produit de contraste, on peut voir le stent posé au niveau de la lésion. Enfin, dans l'angiogramme de droite, le stent déployé au niveau de la lésion a permis le rétablissement d'une section d'artère normale et donc d'un flux sanguin normal.

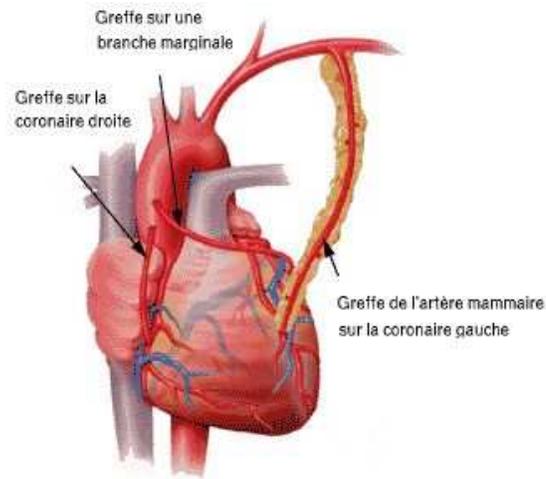


FIG. 1.10 – Schéma d'un triple pontage coronarien. Deux des pontages sont réalisés à partir de greffons, un autre pontage est effectué avec l'artère mammaire.

Source : www.learnaboutbypass.com.



FIG. 1.11 – Instruments de chirurgie laparoscopique. À gauche : instrument de laparoscopie classique. Au milieu et à droite : outils pouvant être montés à l'extrémité de l'instrument et introduits à l'intérieur du patient.

Source : www.spectrumsurgical.com.

alternatives à l'intervention classique. La première de ces avancées a été l'introduction de la chirurgie mini-invasive pour le pontage coronarien, le second progrès réside dans l'assistance robotisée associée à la chirurgie mini-invasive [Loulmet et al., 1999].

Chirurgie mini-invasive Un des aspects les plus traumatisants du pontage coronarien pour le patient est la sternotomie. La chirurgie dite *mini-invasive* ou *laparoscopique* propose une solution pour éviter cette ouverture, la douleur et le risque qu'elle implique, ainsi que la durée de la convalescence.

Dans le cas d'un accès mini-invasif, les incisions sur le patient se résument à trois trous d'environ 1 centimètre de diamètre sur le thorax, par lesquels le chirurgien introduit deux instruments en forme de tube et une caméra endoscopique monoculaire ou binoculaire permettant de visualiser le champ opératoire sans ouvrir le patient. Les instruments sont interchangeables au cours de l'opération et peuvent remplacer, d'une part, l'ensemble des instruments chirurgicaux utilisés (scalpel, pinces, ciseaux, ...) et, d'autre part, la main du chirurgien grâce à la présence d'articulations reproduisant en partie la dextérité manuelle.

La figure 1.11 montre un instrument laparoscopique sur lequel différents outils peuvent être montés.



FIG. 1.12 – Système de chirurgie robotisée. De gauche à droite : ensemble du système composé d'une console maître et d'un robot esclave, instruments laparoscopiques utilisés avec le robot, et endoscope binoculaire manipulé par le robot.

Néanmoins, même si ce type de chirurgie réduit l'inconfort et le risque pour le patient, il rend l'opération plus difficile à réaliser pour le chirurgien. En effet, deux difficultés supplémentaires surgissent :

- la vue du champ opératoire est réduite et très partielle, il est en particulier difficile de clairement identifier les sites opératoires,
- une partie de la dextérité manuelle du chirurgien est perdue par l'utilisation des instruments.

Pour pallier ces deux importantes difficultés, une nouvelle approche a été récemment proposée : la *chirurgie mini-invasive robotisée*.

Chirurgie robotisée L'utilisation d'un robot en conjonction avec des instruments possédant un nombre important de degrés de libertés permet de recouvrer la quasi-totalité de la dextérité manuelle. La figure 1.12 donne une illustration d'un tel système de chirurgie robotisée.

Parallèlement à ce gain immédiat, il est aussi possible de tirer avantage du robot pour planifier l'intervention en fonction de l'anatomie spécifique du patient, pour répéter à l'avance cette intervention [Adhami et Coste-Manière, 2003], puis pour guider l'intervention réelle par des indices sensoriels, en particulier visuels [Mourgues et al., 2003] ou haptiques [Turro et al., 2001], indiquant la position des cibles identifiées avant l'intervention.

L'équipe Chir de l'INRIA Sophia-Antipolis a proposé un prototype de plate-forme logicielle intégrant l'ensemble de ces caractéristiques de planification, d'entraînement, et de guidage. La figure 1.13 en donne une illustration.

1.2 L'angiographie par rayons X et les autres modalités d'imagerie cardiaque

Nous avons décrit précédemment notre objet d'étude : les artères coronaires. Nous allons maintenant décrire notre moyen d'étude : l'imagerie médicale cardiaque et en particulier l'imagerie par rayons X. Nous allons donner les caractéristiques principales du dispositif

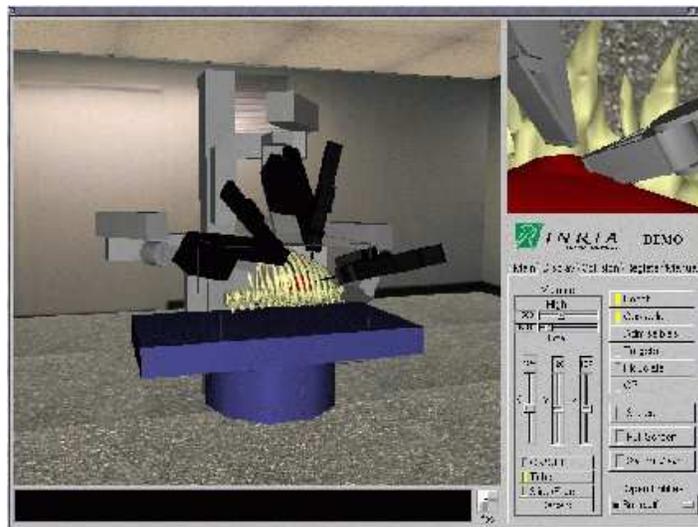


FIG. 1.13 – Plateforme logicielle de chirurgie robotisée. Le logiciel STARS de l'équipe Chir de l'INRIA Sophia-Antipolis propose une plate-forme pour la planification, l'entraînement, et le guidage du geste chirurgical.

Source : www-sop.inria.fr/chir.

d'acquisition en termes mécaniques, physiques et de formation d'image. Nous décrirons les autres modalités d'imagerie utilisées dans l'exploration de la fonction cardiaque et concluons sur les besoins cliniques qui ne sont pas satisfaits par les méthodes d'imagerie actuelles, et en particulier pour l'angiographie par rayons X.

1.2.1 L'angiographie cardiaque par rayons X

L'angiographie par rayons X est une modalité d'imagerie médicale essentiellement anatomique. Elle permet l'observation des vaisseaux (*angio* vient du grec *aggeion* qui signifie vaisseau) depuis l'extérieur du corps grâce à la conjonction de deux propriétés physiques :

- la radio-transparence partielle du corps humain aux rayons X,
- la radio-opacité importante d'un produit injectable dans les vaisseaux.

De manière analogue à une radiographie pulmonaire classique, une source émet un faisceau de rayons X vers un détecteur, qui peut être argentique, analogique ou numérique. La source et le détecteur sont positionnés de manière à ce que l'objet que l'on cherche à observer en transparence soit situé sur le chemin des rayons X.

Schématiquement, les rayons X traversent les matériaux de faible densité et sont absorbés par les matériaux de forte densité. Ainsi, la plupart des tissus du corps humain, à l'exception des os, laissent passer en grande partie les rayons X. Sur le chemin le menant de la source au détecteur, plus un faisceau de rayons X rencontre de structures denses, plus il sera atténué et plus faible sera le signal recueilli sur le détecteur. C'est pour cela, par exemple, que sur les négatifs de radiographies pulmonaires, les structures osseuses, plus denses, apparaissent claires alors que les tissus mous apparaissent sombres.

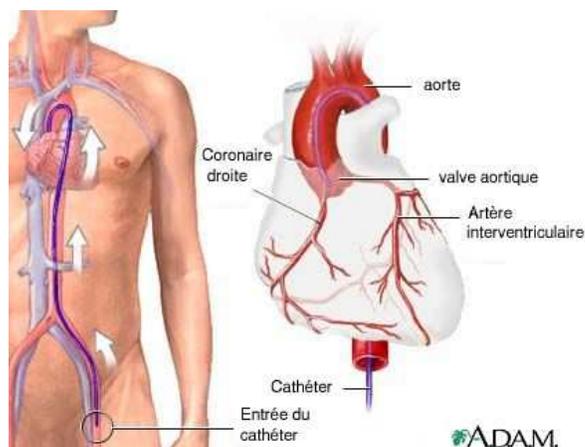


FIG. 1.14 – Cathéterisation. Le cathéter est introduit par l'artère fémorale et amené jusqu'à l'entrée du tronc coronaire afin d'y injecter le produit de contraste.

Source : A.D.A.M.

L'information que présentent les angiographies est de nature anatomique car elle est liée à la densité des milieux traversés, ce qui dans notre cas permet d'observer la géométrie des artères, projetée sur le détecteur.

Comme le but de l'angiographie est de visualiser les structures vasculaires et que celles-ci ne sont pas naturellement radio-opaques, on injecte dans les vaisseaux à examiner un produit dit *de contraste*, contenant un composé lourd : l'iode. Dans le cas de l'angiographie des artères coronaires, le produit de contraste est amené à l'entrée du tronc coronaire par un tube souple, fin et creux, appelé *cathéter*, introduit dans le corps par l'artère fémorale ou par l'artère humérale, comme illustré dans la figure 1.14.

La figure 1.15 montre un angiogramme dans lequel le cathéter est visible avant l'injection du produit de contraste, et deux autres angiogrammes montrant l'injection du produit de contraste et sa progression rapide dans les vaisseaux, liée au flux sanguin.

Outre les vaisseaux injectés, nous pouvons observer d'autres structures denses : les os, tels les côtes et les vertèbres, les tissus épais, denses, ou fibreux, tels les bronches, ou le diaphragme et certains objets artificiels, tels les sutures, le cathéter, et les stents.

Comme illustré dans la figure 1.16, tous ces objets présents dans les angiographies seront autant de structures parasites pouvant perturber l'imagerie des structures d'intérêt, c'est-à-dire des artères coronaires.

1.2.1.1 Aspects mécaniques

Le modèle d'angiographe utilisé pour acquérir nos données est un Innova 2000⁴ de GEMS (**General Electric Medical Systems**).

Ce modèle est performant et récent, il s'agit de la version dédiée à l'imagerie cardiaque d'un système d'angiographie générale. Il bénéficie des dernières avancées en terme de mécanique (table et positionnement du système d'acquisition), de génération des rayons X

⁴<http://www.gemedicalsystemseurope.com/eufr/rad/xr/cardiology/products/msxinnova.html>



FIG. 1.15 – Cathéter et injection du produit de contraste. De gauche à droite : angiogramme dans lequel le cathéter amené par voie fémorale est visible mais les vaisseaux sont invisibles car non encore injectés de produit de contraste, angiogramme dans lequel l'injection commence et dévoile la partie proximale des artères coronaires, et angiogramme dans lequel l'injection du réseau coronaire est complète et permet d'observer l'ensemble des vaisseaux.

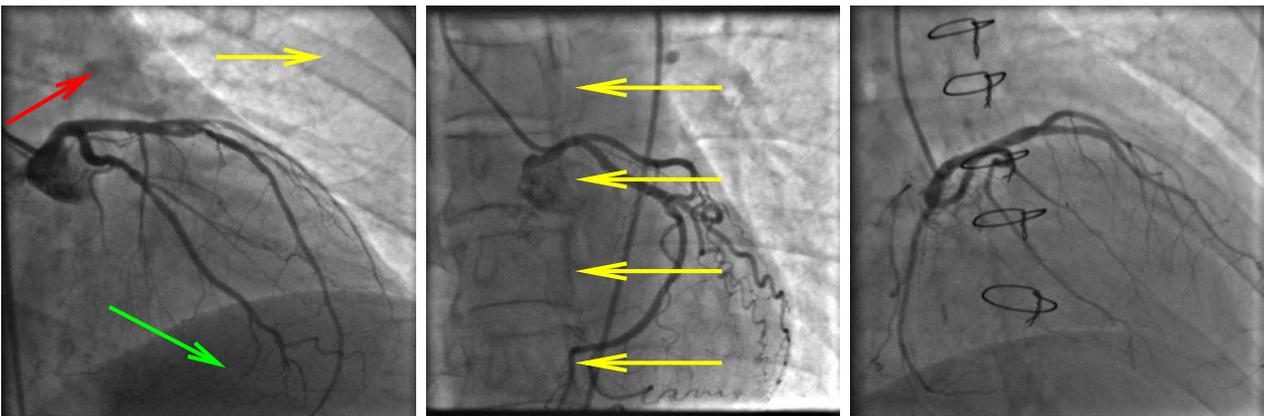


FIG. 1.16 – Structures parasites dans les angiogrammes. De gauche à droite : angiogramme montrant des côtes (en jaune), le diaphragme (en vert), des structures pulmonaires denses (en rouge), angiogramme montrant quatre vertèbres, et angiogramme montrant des sutures. Ces structures perturbent l'observation des artères coronaires.

(tube), et de détection numérique (panneau plat) des rayons X. Cet angiographe permet bien entendu le mode classique d'acquisition depuis un point de vue statique, mais peut aussi être équipé de la fonctionnalité d'acquisition rotationnelle, dont la dénomination commerciale est *Innova spin* [Kuon et al., 2002; Raman et al., 2002].

Les angiographes, dits de type LC, sont composés de deux parties : la table sur laquelle est allongé le patient et le système d'acquisition proprement dit, composée d'un pivot posé au sol, possédant un degré de liberté en rotation (le L) et d'un arceau possédant deux degrés de liberté en rotation (le C). Ces degrés de liberté permettent d'orienter le système selon l'angle de vue choisi par le médecin.

Par ailleurs, la table sur laquelle repose le patient est dotée de trois degrés de liberté en translation. Ces degrés de liberté permettent de centrer l'objet d'intérêt dans les angiographies.

La figure 1.17 montre le schéma d'un angiographe de type LC, la photo d'un système Innova 2000 de GEMS et une illustration du système d'acquisition, une fois mis en place autour du patient.

1.2.1.2 Formation de l'image

L'image angiographique est le produit de trois processus : l'émission, la transmission, et la détection de rayons X.

1.2.1.2.1 Émission de rayons X L'émission de rayons X se fait à partir d'un *tube* sous vide. Un filament, constituant la cathode, est chauffé et émet des électrons par effet thermo-électronique. Une haute tension appliquée entre cette cathode et une anode accélère et attire les électrons vers l'anode. Ceux-ci percutent l'anode avec une haute énergie, engendrant des changements d'orbites électroniques et, par effet photo-électrique, un rayonnement dont les longueurs d'onde sont caractéristiques du matériau de l'anode (en général molybdène ou rhodium) et choisies dans le domaine rayons X du spectre lumineux.

Un système de filtre (en général en aluminium) arrête les radiations parasites de basse énergie et un système de collimation ne laisse s'échapper du tube que les rayons qui ont la direction voulue.

1.2.1.2.2 Transmission de rayons X L'interaction entre rayons X et matière est un processus extrêmement complexe dont nous ne retiendrons que les deux effets majeurs :

- l'absorption,
- la diffusion.

L'absorption, due à l'effet photo-électrique, se traduit par la perte d'énergie progressive des rayonnements X qui entrent en collision avec des électrons d'orbites basses. Plus un matériau est dense, plus il va atténuer l'intensité d'un faisceau de rayons X. L'effet de l'atténuation est une retenue plus ou moins importante des rayons X traversant un matériau. La proportion de rayons X qui traversent le matériau est caractéristique de sa densité.

La diffusion, liée à l'effet *Compton*, va peu diminuer l'énergie du rayonnement X, mais va en modifier la direction. L'effet de cette interaction est une diffusion des rayons autour de

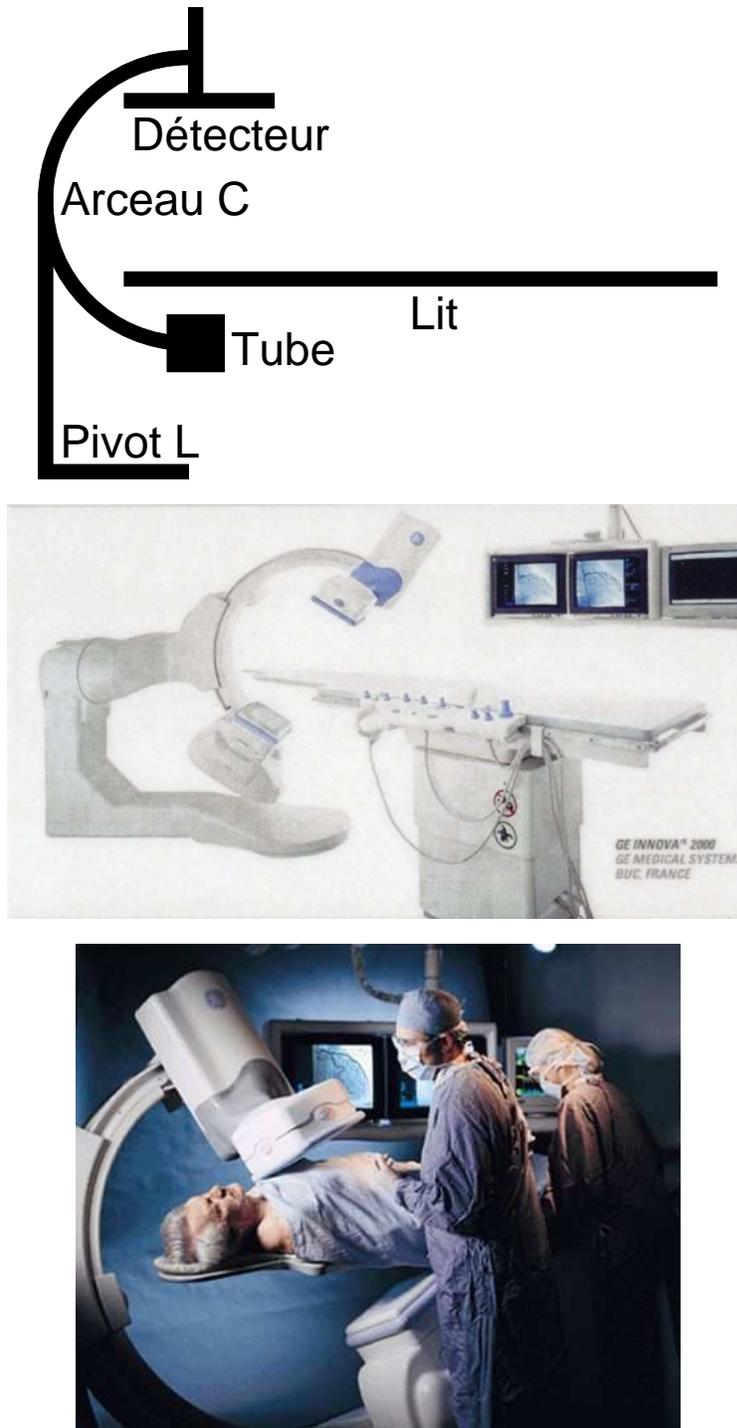


FIG. 1.17 – Angiographe de type LC. En haut : représentation schématique d’un angiographe de type LC et de ses principaux éléments. Au milieu : photographie d’un système angiographique complet de type LC, le pivot en L et l’arceau en C offrent trois degrés de liberté permettant de placer le système d’imagerie de manière à obtenir un angle d’observation précis (le modèle présenté est un Innova 2000 de General Electric Medical Systems, qui est le système d’acquisition que nous avons utilisé). En bas : le système a été mis en place autour du patient et peut maintenant acquérir des angiogrammes.

leur direction d'origine. Un faisceau unidirectionnel devient un faisceau en forme de tromblon sous l'effet de la diffusion. Il induit donc un *flou* sur la direction du rayonnement X. Par la modification de la direction du rayonnement initial, la diffusion des rayons X induit aussi l'atténuation du rayonnement direct.

En angiographie, nous cherchons à observer l'effet de l'absorption et à limiter l'effet de la diffusion. Le rayonnement diffusé peut être réduit par l'emploi de filtres, sélectifs selon l'énergie du rayonnement, et de collimateurs, sélectifs selon la direction du rayonnement. En effet, ces deux caractéristiques sont modifiées par rapport au rayonnement initial dans le cas d'une diffusion.

Nous introduisons maintenant l'équation de Lambert-Beer qui donne la loi d'absorption des rayons X. Soit $I(x)$ l'intensité d'un faisceau à la position x , soit dI la variation d'intensité du faisceau sur un élément de longueur dx , alors nous avons la relation :

$$dI = -\mu(x).dx \tag{1.1}$$

Le coefficient $\mu(x)$ est appelé *coefficient d'absorption linéaire locale* en x . En pratique, ce coefficient dépend, d'une part, de l'énergie du faisceau incident et, d'autre part, du milieu traversé, et en particulier de sa densité.

En intégrant la relation élémentaire 1.1, nous obtenons l'équation de Lambert-Beer, qui caractérise l'intensité d'un faisceau, après qu'il a traversé une épaisseur y de matériau, dont le support est supposé commencer en $x = 0$:

$$I(y) = I(0) \cdot e^{-\int_0^y \mu(x) dx} \tag{1.2}$$

L'interprétation de ce phénomène de transmission des rayons X est la suivante : l'intensité du faisceau résiduel à la sortie du matériau absorbant est (à l'application d'un logarithme près) l'intégrale sur le rayon des absorptions linéaires locales traversées.

1.2.1.2.3 Détection de rayons X La détection des rayons X qui ont traversé le matériau à observer se fait sur un capteur qui comptabilise les photons X. Nous décrivons maintenant les trois évolutions technologiques majeures dans la détection des photons X, dans l'ordre chronologique de leur introduction :

- la plaque au phosphore,
- l'intensificateur,
- le panneau plat numérique.

Plaque au phosphore À l'image d'un appareil photographique, le *détecteur* le plus ancien en radiologie conventionnelle est la plaque, qui n'est alors pas argentique, mais dite *au phosphore*. Celle-ci va réagir d'autant plus qu'elle reçoit un rayonnement X important.

Le développement des plaques, via un négatif, produit des clichés semblables à des photographies, mais pour lesquelles la lumière observée n'est pas celle du spectre visible mais celle des rayons X.

Ces plaques sont maintenant délaissées (à l'exception de la radiologie conventionnelle) au profit de technologies offrant un meilleur contraste dans les images.

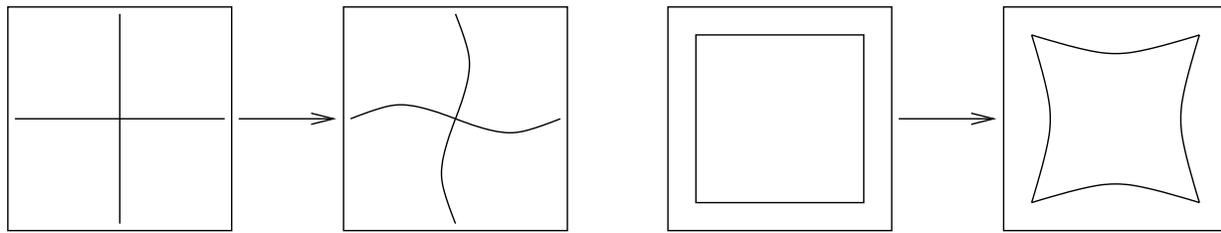


FIG. 1.18 – Effets des distorsions en S (à gauche) et en coussin (à droite).

Intensificateur Afin d'augmenter la dynamique du détecteur, et donc le contraste dans les images, on utilise un dispositif électronique dit *intensificateur*. Le processus d'intensification est le suivant : chaque photon X incident est converti en électron par effet photo-électrique, le signal électronique est intensifié par un dispositif électrique de gain, puis converti en photons lumineux qui sont alors *filmés*⁵.

Le défaut principal de ce détecteur est l'introduction de distorsion dans l'image. Il existe deux types distincts de distorsion. La première, dite *en S*, est liée à la sensibilité de la trajectoire des électrons aux champs magnétiques environnants, et en particulier au champ magnétique terrestre. La seconde, dite *en coussin*, est due à la courbure du détecteur qui provoque une déformation radiale de l'image.

La figure 1.18 illustre ces deux types de distorsion dans les images.

Les phénomènes de distorsion et une trop faible dynamique de l'image dans certaines conditions ont conduit les constructeurs à introduire des détecteurs plans numériques.

Panneau plat numérique L'introduction récente de détecteur à base de panneau plat numérique a considérablement accru la qualité des images acquises.

Dans le cas du panneau plat numérique, les photons X sont convertis en photons lumineux par un scintillateur en iodure de césium cristallin, une photo-diode en silicium amorphe convertit les photons lumineux en électrons qui sont ensuite comptabilisés par une électronique à bas bruit. Cette méthode de détection s'apparente à celle utilisée dans un capteur CCD. Les images ne souffrent plus de distorsions en S et en coussin (leurs causes ayant été supprimées) et sont moins bruitées, grâce à la réduction du nombre d'étapes intermédiaires de conversion⁶.

Enfin, la plus grande dynamique du détecteur permet d'observer des changements importants des intensités détectées. Cette caractéristique est importante dans le cas d'une acquisition rotationnelle, où l'épaisseur projetée du patient varie considérablement (dans un rapport de 1 à 3) selon le point de vue.

Le modèle d'angiographe Innova 2000 utilise la technologie du panneau plat numérique pour la détection des rayons X. Nous donnons quelques valeurs caractéristiques des images acquises par ce système. La résolution spatiale des images est de 0,2 millimètres, les tailles des champs de vue utilisés pour les artères coronaires sont 17 centimètres et 20 centimètres. Les tailles des images associées à ces deux tailles de champ sont respectivement 864 et 1000 pixels.

⁵http://www.gemedicalsystemseurope.com/euen/rad/xr/education/flat_panelEducation_series/flatpanelseries_fpserie1.html

⁶http://www.gemedicalsystemseurope.com/euen/rad/xr/education/flat_panelEducation_series/flatpanelseries_fpserie3.html

En sortie de la chaîne de traitement, chaque pixel est codé sur 8 bits. En pratique, nous avons travaillé avec des images de taille 512 pixels, sous-échantillonnées par interpolation bilinéaire.

Ce sous-échantillonnage est effectué essentiellement pour des raisons de temps de calcul. Nous avons pu vérifier que ce sous-échantillonnage ne dégrade pas la détection des lignes centrales des artères coronaires et ne perturbe donc pas *a priori* le calcul de nos modèles.

Une image angiographique est formée par la conjonction des étapes d'émission, de transmission et de détection des rayons X. Cette image est une *projection conique* :

- le terme *projection* exprime le fait que la détection effectuée dans le plan de l'image bidimensionnelle correspond à l'intégrale sur des rayons d'un phénomène d'absorption de support physique tridimensionnel,
- le terme *conique* traduit le fait que le faisceau incident diverge depuis un lieu d'émission quasi ponctuel, la source.

Nous verrons par la suite que ces deux caractéristiques ont une grande importance.

1.2.1.3 Post-traitement

L'image obtenue au niveau du capteur est traitée de manière à en améliorer certaines caractéristiques comme la dynamique ou le bruit. Pour des raisons de confidentialité autour de cette méthode élaborée dans un cadre industriel, nous ne donnerons pas de détails quant à ces traitements.

Nous retiendrons néanmoins qu'ils ont deux propriétés intéressantes :

- les basses fréquences spatiales de l'image, correspondant aux structures uniformes de fond, sont atténuées,
- les images conservent leur *qualité tomographique*, ce qui signifie que, malgré les traitements appliqués, ces images peuvent toujours être considérées comme montrant les intégrales des absorptions linéaires locales rencontrées dans les vaisseaux le long des rayons. En effet, la partie haute fréquence, qui contient les vaisseaux, est invariante par ce pré-traitement.

Nous avons pu comparer les résultats obtenus sur une même séquence *avec* et *sans* application du post-traitement et n'avons pas constaté de différences visuelles significatives dans nos reconstructions. Cette expérience a confirmé en pratique les propriétés théoriques du post-traitement.

1.2.1.4 Trajectoires d'acquisition et séquences d'images

Nous avons décrit le mode de formation d'une image. En routine clinique, les images sont acquises en rafale, sous forme de *séquences*. La fréquence d'acquisition est 30 Hz.

Sur un angiographe de type LC, une vue est caractérisée par trois valeurs qui donnent la configuration géométrique de l'arceau (le L est le plus souvent conservé fixe). Ces trois valeurs sont :

- un angle dans le plan sagittal, nommé *cranial/caudal* et noté CRA/CAU,
- un angle dans le plan axial, nommé *antérieur oblique droit/antérieur oblique gauche* et noté LAO/RAO,
- une distance, entre émetteur et détecteur de rayons X, notée SID.

La figure 1.19 illustre ces trois paramètres géométriques d'acquisition.

1.2.1.4.1 Mode statique Le protocole classique d'angiographie coronaire consiste à conserver l'ensemble du système dans une position statique et à acquérir une séquence d'images durant 2 à 5 secondes. Dans ce cas, les angles CRA/CAU et LAO/RAO et la distance SID restent constants durant l'acquisition.

1.2.1.4.2 Mode rotationnel Un mode d'acquisition introduit récemment en imagerie rayons X des artères coronaires est le mode d'acquisition *rotationnel*, nommé *cardiac spin*, décrit dans [Raman et al., 2002].

Dans sa forme actuelle, il consiste en une rotation de l'arceau C dans le plan axial, avec une valeur d'angle CRA/CAU constante, égale à 0° . L'angle LAO/RAO varie quant à lui de -100° à 100° , pour les rotations les plus amples. La distance SID reste bien entendu constante au cours de cette rotation.

La vitesse de rotation maximale du système est de 40° par seconde, ce qui donne un temps total d'acquisition de 3 à 5 secondes selon l'amplitude de la rotation.

La figure 1.20 illustre ce mode d'acquisition rotationnel et les différents points de vue qu'il permet d'acquérir dans une même séquence.

À chaque image, et donc à chaque valeur d'angle LAO/RAO, d'angle CRA/CAU et de distance SID fixés, nous savons associer une application qui à un point de l'espace tridimensionnel associe sa position projetée dans l'image. Nous appelons cette application *matrice de projection*. Dans le cas d'une séquence d'images acquises en rotation, nous disposons donc aussi de la séquence des matrices de projection associées.

Nous verrons par la suite que ce mode d'acquisition, par la multiplicité des points de vue qu'il propose en une unique acquisition, sera le point de départ de notre travail de modélisation. L'ensemble de ce travail de thèse utilise la trajectoire rotationnelle du système d'acquisition.

1.2.2 Les autres modalités d'imagerie cardiaque

En l'état actuel, l'angiographie par rayons X reste la modalité de choix pour l'exploration des pathologies coronaires par les médecins. Néanmoins, de nombreuses possibilités sont offertes par d'autres modalités d'imagerie cardiaque que nous décrivons maintenant brièvement.

1.2.2.1 Imagerie cardiaque anatomique

Les techniques d'imagerie que nous ne décrivons ici que brièvement sont explorées plus en détails dans [Grangeat, 2002b].

1.2.2.1.1 Scanner CT Le scanner CT (Computed Tomography) produit des modèles par coupe de densité des tissus. L'introduction plus récente des acquisitions spiralées et des détecteurs multi-barettes permet de reconstruire directement des images volumiques.

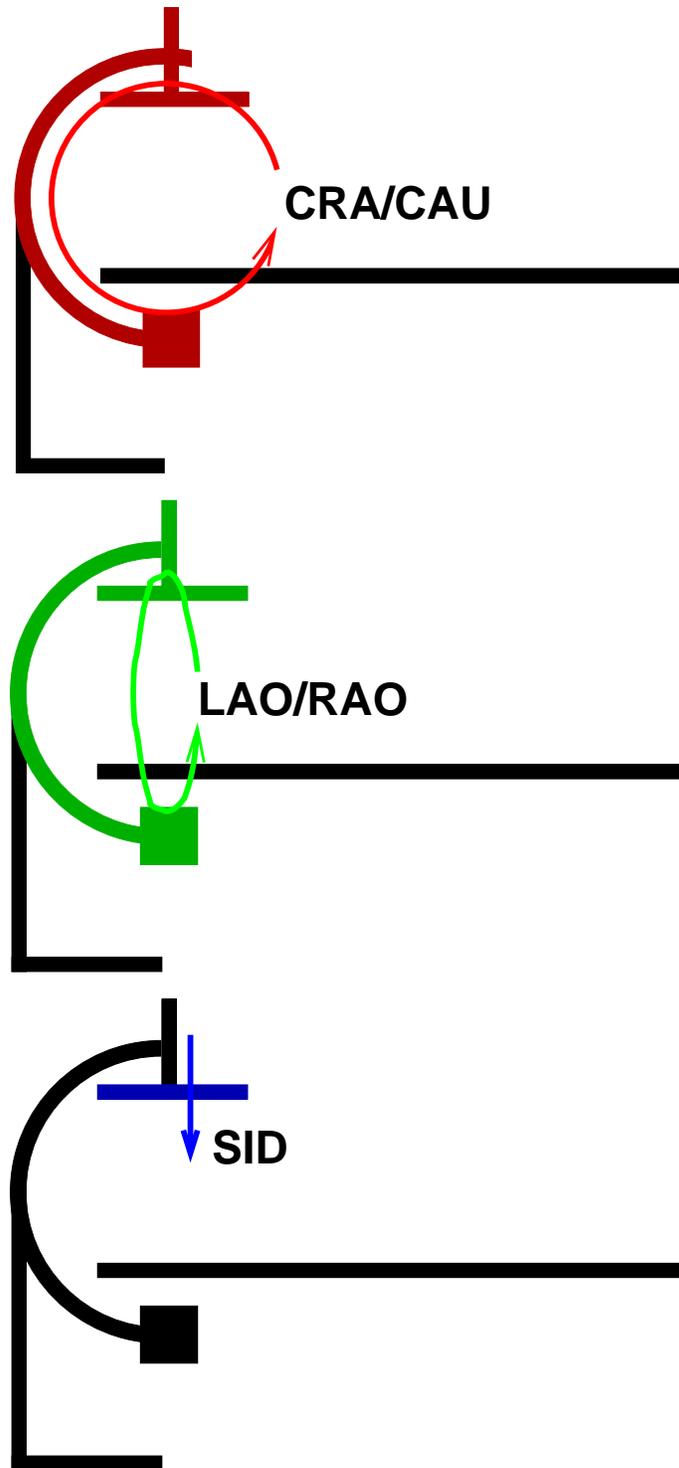


FIG. 1.19 – Paramètres d'acquisition CRA/CAU, LAO/RAO, et SID. En haut : l'angle Crânial/Caudal est modifié en faisant subir à l'arceau une rotation dans le plan sagittal du patient. Au milieu : l'angle Antérieur Oblique Gauche/Antérieur Oblique Droit est modifié en faisant subir à l'arceau un rotation dans le plan axial du patient. En bas : la distance SID est modifiée en faisant subir au détecteur une translation selon la direction source/détecteur.

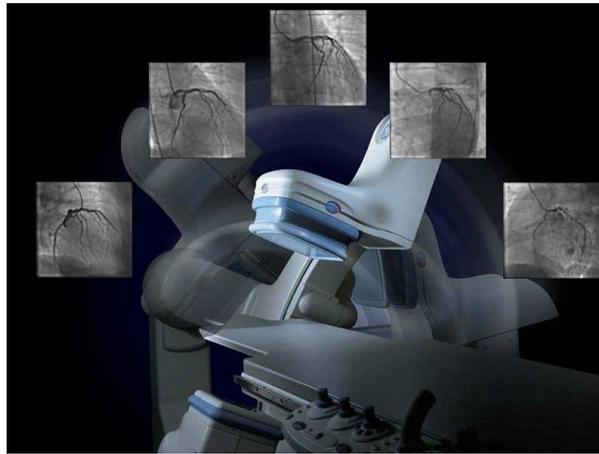


FIG. 1.20 – Représentation schématique du mode d’acquisition rotationnel et des différents points de vue qu’il propose au sein d’une même séquence.

Source : General Electric Medical Systems.

Les différences de densité permettent de discriminer les différents organes observés et de déterminer leur anatomie.

En dépit d’avancées récentes importantes, ses difficultés dans l’imagerie des artères coronaires résident dans les résolutions spatiale et temporelle encore trop faibles (typiquement 0,75 millimètre et 100 millisecondes par coupe) pour pouvoir observer clairement les artères coronaires, qui sont des structures fines, animées d’un mouvement rapide.

Toutefois, un avantage du scanner CT sur l’angiographie par rayons X est sa capacité à mieux discriminer les dépôts calcifiés (durs) des dépôts lipidiques (mous). En effet, les longueurs d’onde des rayons X mis en jeu pour le scanner CT diffèrent de ceux utilisés en angiographie par rayons X et sont plus adaptés à cette discrimination.

La figure 1.21 montre un exemple de visualisation d’une reconstruction des artères coronaires par un scanner CT, au meilleur de l’état de l’art actuel.

1.2.2.1.2 Scanner EBCT Le scanner à faisceau d’électrons ou EBCT (**E**lectron **B**eam **C**omputed **T**omography) utilise une technologie différente de celle du scanner pour la génération des rayons X. Celle-ci permet une résolution temporelle très fine, mais obtenue au détriment d’une résolution spatiale qui est trop grossière (en particulier dans la direction axiale où elle est typiquement de 3 millimètres) pour permettre de bien caractériser l’anatomie des coronaires. En outre, cet équipement est bien plus cher qu’un angiographe ou qu’un scanner CT. Le scanner EBCT permet en revanche en excellente évaluation du taux de calcification dans les dépôts artériels, c’est d’ailleurs l’utilisation principale qui en est faite en routine clinique.

La figure 1.22 montre un exemple de visualisation d’une reconstruction des artères coronaires par un scanner EBCT.

1.2.2.1.3 Angiographie par résonance magnétique L’imagerie de type ARM (**A**ngiographie par **R**ésonance **M**agnétique) ou MRA (**M**agnetic **R**esonance **A**ngiography)



FIG. 1.21 – Vue projective 2D d'une reconstruction 3D des artères coronaires par un scanner CT.

Source : www.gemedicalsystems.com.

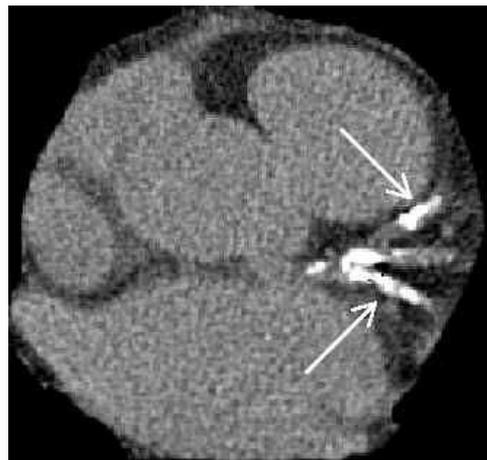


FIG. 1.22 – Coupe d'une reconstruction des artères coronaires par un scanner EBCT. Des dépôts calcifiés sont indiqués en blanc.

Source : czubeck.home.texas.net.



FIG. 1.23 – Coupe d’une reconstruction des artères coronaires par imagerie ARM.
Source : www.gemedicalsystems.com.

utilise les propriétés magnétiques des protons pour caractériser la présence de molécules d’eau. On peut donc identifier la répartition et le mouvement de ces molécules dans le milieu observé. En utilisant l’écoulement sanguin, des techniques dites de *temps de vol* et de *contraste de phase* permettent d’observer les artères coronaires [Laub et al., 1998].

De même que pour le scanner CT, l’acquisition de type ARM n’offre pas encore une résolution spatiale suffisamment fine pour permettre d’explorer précisément l’anatomie des artères coronaires. Par contre, cette modalité est bien adaptée à l’étude de l’anatomie du myocarde et de sa dynamique.

La figure 1.23 montre un exemple de visualisation des artères coronaires par imagerie ARM avec injection d’un produit de contraste.

1.2.2.1.4 Imagerie ultrasonore intravasculaire L’examen des artères coronaires par ondes ultra-sonores ne peut pas se faire depuis l’extérieur du corps car les images obtenues ne permettent absolument pas de visualiser les artères coronaires. C’est pour cela que la sonde à ultrasons est amenée par voie interne, le plus souvent par voie fémorale. L’imagerie ultrasonore intravasculaire ou IVUS (**I**ntra **V**ascular **U**ltra **S**ound) donne des images du gradient spatial d’impédance acoustique dans l’ensemble des directions perpendiculaires à l’axe de la sonde. Typiquement, cela permet d’observer les interfaces entre tissus (où l’impédance acoustique change) et donc de délimiter les différentes structures présentes. Dans le cas des artères coronaires, cela permet de discriminer les différentes couches de la paroi du vaisseau : lumen, intima, media et adventitia, ainsi que les dépôts graisseux ou calcifiés.

La figure 1.24 montre un exemple de visualisation des artères coronaires par imagerie de type IVUS.

Les images obtenues par IVUS ne permettent pas de donner l’anatomie des artères coronaires car la sonde suit la géométrie des artères et ne donne pas d’information de position. L’information obtenue est locale et ne permet pas de représentation géométrique des artères coronaires en dehors de la coupe elle-même. On peut néanmoins pallier cette limitation en combinant l’imagerie IVUS avec l’imagerie radiologique pour localiser la sonde ultrasonore

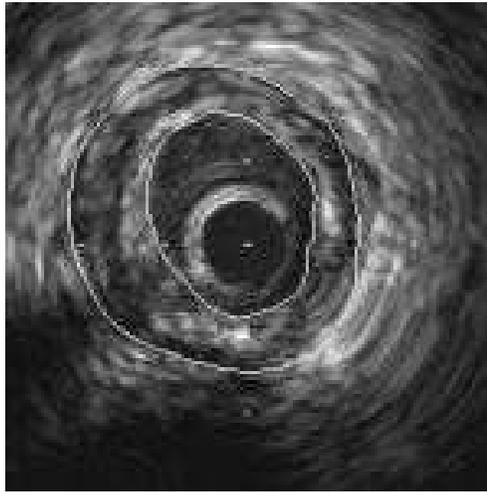


FIG. 1.24 – Visualisation des artères coronaires par imagerie IVUS. L'intima et l'adventitia sont délimitées en blanc. On peut voir, dans ce cas pathologique, l'épaississement de la paroi entraîné par l'athérosclérose.

Source : bme-www.egr.duke.edu/personal/Friedman3/research.html.

et construire un modèle issu des images ultrasonores recalé dans l'espace selon la géométrie donnée par l'angiographie biplan [Wahle et al., 1999].

1.2.2.1.5 Tomographie par cohérence optique La tomographie par cohérence optique ou OCT (**O**ptical **C**oherence **T**omography) est une autre modalité d'imagerie intravasculaire dont l'introduction est récente. Elle utilise l'interaction entre lumière et matière pour produire des images caractéristiques de la transparence et de la structure des matériaux. Les images produites s'apparentent à celles données par l'imagerie ultrasonore. Cette nouvelle modalité, qui reste actuellement en phase d'études, offre une meilleure résolution spatiale que l'imagerie ultrasonore et semble en particulier donner de meilleurs résultats en terme de sensibilité pour l'évaluation post-opératoire de la pose de stents [Bouma et al., 2003].

1.2.2.2 Imagerie cardiaque fonctionnelle

De manière générale, l'imagerie fonctionnelle ne procure pas des résolutions spatiale et temporelle suffisantes pour l'observation des artères coronaires. Cependant, la synchronisation de l'acquisition avec le signal ECG permet d'accéder à des résolutions temporelles suffisamment fines pour l'imagerie cardiaque. Pour cela, l'ouverture du détecteur est asservie à la détection d'une phase cardiaque spécifique, qui est identifiée à partir du signal ECG. Toutes les données récoltées le sont donc à la même phase et présentent donc une meilleure cohérence temporelle.

Nous présentons brièvement deux modalités intéressantes car elles caractérisent les effets des pathologies coronaires et permettent d'identifier la nécrose du tissu myocardique.

Les modalités fonctionnelles nous renseignent non pas sur le type d'un tissu, mais sur sa qualité, en particulier du point de vue métabolique. Un tissu mal irrigué aura une activité

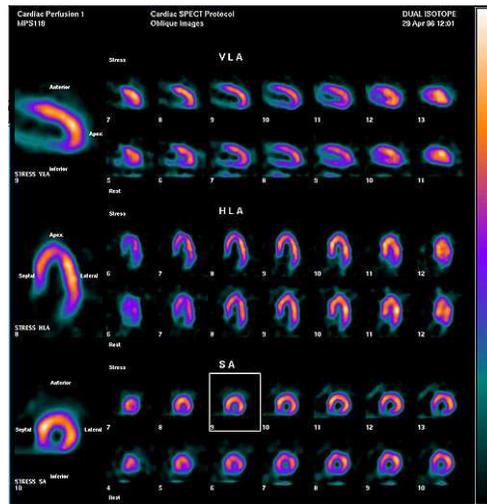


FIG. 1.25 – Visualisation de coupes d'un ventricule gauche pathologique reconstruit par imagerie fonctionnelle SPECT.

Source : www.gemedicalsystems.com

métabolique (respiration cellulaire) moindre que celle du tissu sain correspondant. Ce fait simple permet de localiser et de quantifier l'impact des lésions coronariennes sur la fonction cardiaque.

Les modalités les plus courantes sont le TEMP (Tomographie d'Émission Mono Photonique) ou SPECT (Single Photon Emission Computed Tomography) et le TEP (Tomographie d'Émission de Positons) ou PET (Positron Emission Tomography).

Un traceur radioactif est intégré dans une molécule physiologique, utilisée comme *vecteur* et choisie pour être naturellement métabolisée par le tissu à examiner. Après injection du traceur dans la circulation sanguine, la molécule est fixée par l'organe cible, sa concentration locale dépendant de l'activité métabolique du tissu et de son irrigation sanguine par le système circulatoire.

Les photons issus de l'activité radioactive de l'isotope sont détectés sur un capteur plan. À partir de ces données projectives, une reconstruction de la localisation des désintégrations radioactives est réalisée. Cette intensité d'émissions radioactives est ensuite corrélée à la concentration de la molécule physiologique, puis à l'activité métabolique des tissus.

La connaissance des territoires d'irrigation des artères coronaires permet ensuite de lier territoire hypoperfusé, ayant un métabolisme anormalement bas, et artère lésée.

La figure 1.25 montre un exemple de visualisation d'un ventricule gauche pathologique par imagerie fonctionnelle de type SPECT.

1.2.2.3 Fusion et recalage multimodaux

L'ensemble des modalités disponibles produisant des informations de nature différentes et complémentaires, il est intéressant de les représenter dans un même repère spatial, afin de pouvoir corréliser observations anatomiques et fonctionnelles, de pouvoir localiser la pathologie et son impact sur la fonction [Halmann et al., 1994].

Cette problématique est l'objet d'étude des méthodes de recalage et de fusion multimodaux [Maintz et Viergever, 1998]. Les types de fusion les plus étudiés en imageries vasculaire et cardiaque sont respectivement les fusions entre :

- angiographie par rayons X et IVUS [Wahle et al., 1999; Hoffmann et al., 1999],
- scanner CT et imagerie nucléaire [Kashiwagi et al., 2002].

1.3 Modélisation tridimensionnelle et dynamique

1.3.1 Besoins non remplis en angiographie par rayons X des artères coronaires

L'angiographie par rayons X des artères coronaires consiste en une exploitation encore relativement directe des images. En particulier, la sévérité des sténoses est évaluée en calculant le *ratio* entre diamètres normal et pathologique, mesurés dans les images. Le problème réside dans le fait que le diamètre dans l'image correspond à une mesure partielle, voire faussée de la réalité.

Les images obtenues par angiographie par rayons X des artères coronaires sont des images projectives coniques. Cette caractéristique induit trois types de dégradation de l'information :

- l'effet de raccourcissement des longueurs,
- l'effet de superposition,
- la variation du facteur de grandissement.

Le fait d'observer un objet tridimensionnel dans une image bidimensionnelle entraîne des effets de raccourcissement et de superposition qui limitent la clarté de la visualisation des artères dans les images et perturbent les mesures effectuées sur les objets projetés. La figure 1.26 illustre schématiquement ces deux effets dans les images. En outre, l'observation d'une structure dans une image projective ne permet pas de donner la position et l'orientation de la structure qui est son antécédent tridimensionnelle. Le problème inverse de la projection est indéterminé.

Dans une projection conique, chaque objet visible dans les images est un agrandissement de l'objet tridimensionnel correspondant. Comme illustré dans la figure 1.27, le facteur d'agrandissement dépend des positions relatives de la source des rayons X, de l'objet observé et du détecteur de rayons X. Cela a deux conséquences fâcheuses :

- les mesures dans les images dépendent de la profondeur de la structure observée, on ne peut pas corrélérer directement taille dans l'image et taille réelle,
- le rapport des diamètres mesurés à deux endroits différents dans l'image ne tient pas compte du fait que ces deux structures n'ont pas subi le même facteur d'agrandissement.

L'information pertinente pour l'évaluation de la sévérité des pathologies est la lumière vasculaire et, en particulier, sa surface. Pourtant, les mesures utilisées actuellement souffrent, d'une part, d'être relatives (on mesure un taux de sténose et non une surface obstruée) et, d'autre part, d'être faussées par la variation du facteur d'agrandissement.

Pourtant, le médecin, dans son choix du traitement à apporter à une lésion et dans son traitement, a besoin de données absolues. À titre d'illustration, une mesure relative de taux de sténose de 50% n'implique pas la même thérapeutique selon qu'elle soit localisée sur une

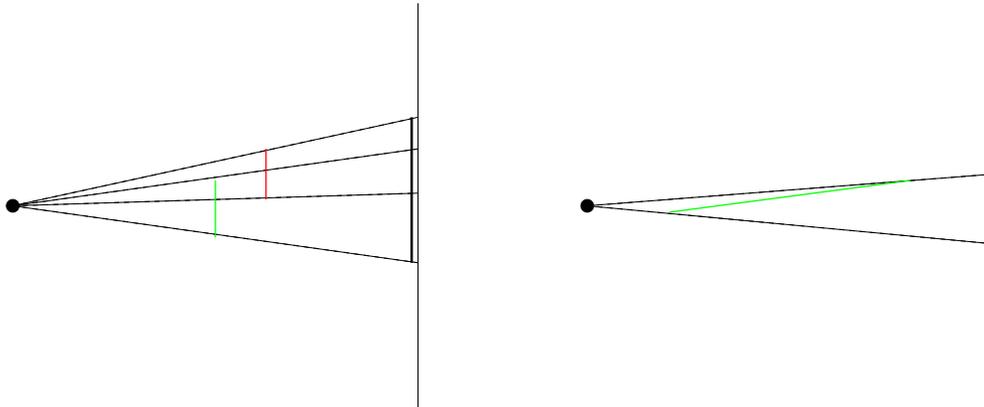


FIG. 1.26 – Représentation schématique des effets de superposition et de raccourcissement. À gauche : les structures verte et rouge sont distinctes mais apparaissent comme une unique structure dans l'image. À droite : la structure observée est raccourcie par projection dans l'image.

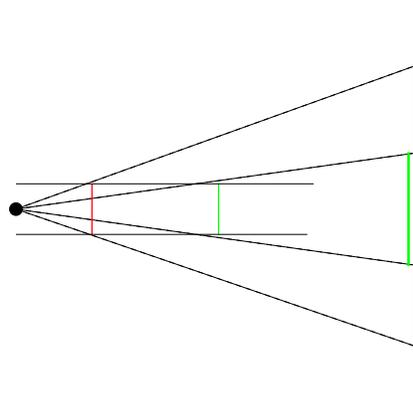


FIG. 1.27 – Facteur d'agrandissement variable. Les positions relatives de la source des rayons X, de l'objet observé et du détecteur de rayons X déterminent un facteur d'agrandissement variable. Bien que de même longueur, les segments rouge et vert se projettent en des segments de longueurs différentes en raison de leurs positionnements distincts.

artère ayant une section de 10 millimètres carrés ou sur une artère ayant une section de 1 millimètre carré. En outre, le choix d'un ballon d'angioplastie ou d'un stent en fonction de leur longueur et de leur diamètre doit être précis et effectué en fonction des dimensions réelles de la lésion. Enfin, la nature projective des images ne permet pas de rendre compte des profils de section. Les formes des profils de sténose peuvent se révéler importantes, en particulier lorsqu'elles ne sont pas symétriques (sténoses en croissant ou en étoile).

Les besoins non remplis en angiographie par rayons X des artères coronaires découlent du décalage entre données fournies par le système d'imagerie actuelle et données qu'attendrait idéalement le médecin. Partant de cette constatation, nous nous donnons comme objectif de reconstruire l'arbre coronaire à partir de données projectives acquises selon plusieurs points de vue. Cette reconstruction permettrait alors de donner des mesures absolues précises sur les profils des sections des vaisseaux.

La reconstruction d'un volume tridimensionnel à partir de projections est l'objet de la *tomographie* (étymologiquement, le mot grec *tomos* signifie *coupe*). Il existe de nombreuses méthodes permettant la reconstruction de volumes à partir de données projectives d'un objet statique [Herman, 1980; Natterer, 1986]. Néanmoins, nous ne pouvons appliquer directement ces méthodes car nos données n'en respectent pas les conditions d'applications : nous observons les artères coronaires en mouvement sous l'effet de la respiration et du battement cardiaque. En particulier, notre tâche est compliquée par la présence d'un mouvement inconnu des structures d'intérêt au cours de l'acquisition.

1.3.2 Notre travail

Notre travail va consister à construire un ensemble de modèles des artères coronaires à partir de séquences angiographiques acquises en rotation.

1.3.2.1 Données disponibles

Nous disposons de trois types de données :

- les images simulées à partir de données synthétiques dynamiques,
- les images réelles obtenues à partir d'un fantôme physique statique,
- les images réelles acquises sur des patients.

1.3.2.1.1 Base de données fantômes Nous disposons de deux séquences : l'une est simulée à partir de données synthétiques, l'autre a été acquise à partir d'un fantôme physique.

La première séquence correspond à la simulation d'images virtuelles à partir de données numériques dynamiques, composées de neuf cylindres de différents diamètres et de différentes absorptions linéaires. Ces cylindres sont animés d'un mouvement de contraction/dilatation homothétique dont le facteur d'échelle varie linéairement par morceaux et périodiquement avec le temps. Les images sont obtenues en calculant les intégrales des absorptions linéaires le long des rayons et en prenant en compte le post-traitement appliqué par la chaîne image réelle. L'aspect dynamique de ces données est intéressant, mais son manque de réalisme limite les enseignements que l'on peut en tirer pour les séquences acquises sur patients.

La figure 1.28 montre trois images de cette séquence synthétique.



FIG. 1.28 – Images de la séquence simulée à partir des données synthétiques.

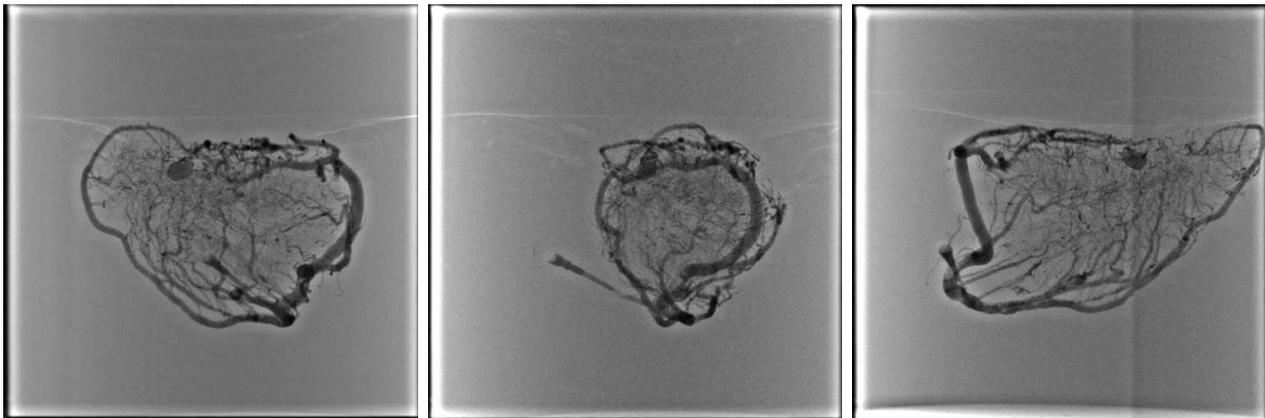


FIG. 1.29 – Images de la séquence acquise sur le fantôme physique d'artères coronaires de cochon.

La seconde séquence est une acquisition réelle sur un réseau artériel coronaire de cochon, figé dans un support en plastique et qui a été rempli de produit de contraste. Les conditions réelles d'acquisition en font un jeu de données intéressant, mais l'absence de fond et de mouvement limitent les difficultés de modélisations autour de cette séquence.

La figure 1.29 montre trois images de cette séquence sur fantôme réel.

1.3.2.1.2 Base de données patients Les données issues de patients que nous avons utilisées ont été acquises par deux équipes cliniques :

- les Docteurs S.V. Raman , R.D. Magorien, et C.A. Bush de l'Ohio State University à Columbus aux États-Unis,
- le Docteur W.R. Rüdiger Simon de l'Universtaetsklinikum à Kiel en Allemagne.

Nous tenons à remercier ici ces deux équipes cliniques pour la fourniture de ces images, issues de ce nouveau protocole d'acquisition rotationnel.

Au total, nous avons à notre disposition 22 séquences angiographiques acquises sur patients. Leur qualité a été évaluée *a priori* sur des critères tels que la durée et la qualité de l'injection du produit de contraste, la couverture angulaire de la trajectoire rotationnelle, le

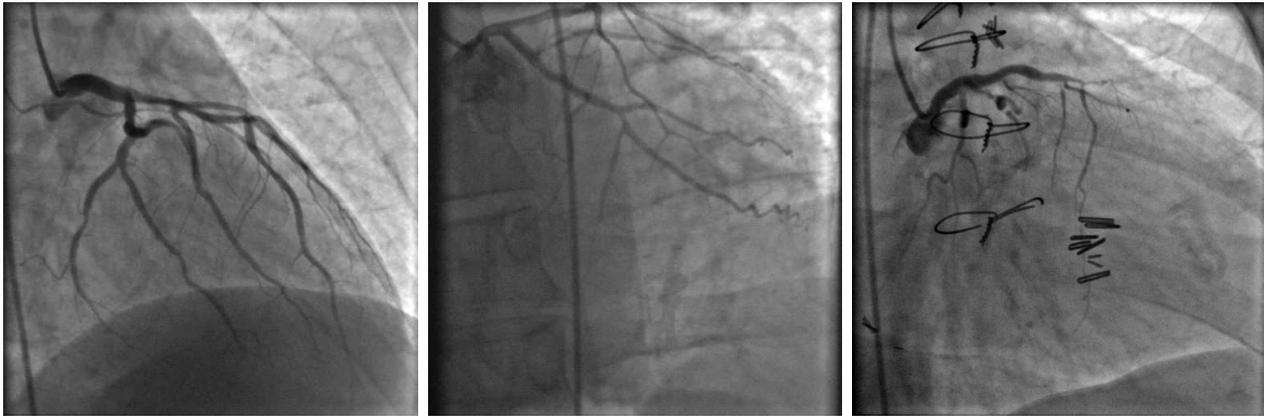


FIG. 1.30 – Images des séquences acquises sur patients. De gauche à droite : images typiques des trois niveaux décroissants de qualité que nous avons utilisés pour classer les séquences.

centrage des artères coronaires tout au long de la séquence, la régularité apparente du rythme cardiaque, ou bien encore la présence d'éléments parasites tels que les sutures ou les clips.

Cette méthode de classement nous a donc conduit à considérer selon des critères visuels :

- 10 séquences de bonne qualité,
- 6 séquences de qualité moyenne, ayant au moins un des défauts cités,
- 6 séquences de mauvaise qualité, ayant un ou des défauts rédhibitoires.

La figure 1.30 montre trois images typiques de ces trois catégories.

Au cours de nos travaux, nous nous sommes attachés à obtenir l'applicabilité de nos méthodes sur les deux premières catégories de séquence. La troisième catégorie a été négligée.

Nous avons pu remarquer la rapidité de l'apprentissage du protocole d'acquisition rotationnelle par les praticiens, en particulier concernant la synchronisation du début de l'injection et du lancement de la rotation. Nous pensons donc que les données typiques issues de ce protocole, suivi par un praticien ayant l'habitude de ce mode d'acquisition, seront dans la grande majorité des séquences de bonne qualité.

Le chapitre 6 présente une synthèse des résultats obtenus sur l'ensemble des données que nous avons à notre disposition.

1.3.2.2 Des images aux modèles

Nous voulons, à partir des jeux de données précédemment cités, construire un ensemble de modèles des artères coronaires. Chaque modèle calculé sera le point de départ d'un autre modèle plus complexe, car intégrant plus d'informations ou reflétant un phénomène physique supplémentaire.

Les données dont nous disposons sont :

- des séquences d'images, qui sont des représentations bidimensionnelles au cours du temps,
- des matrices de projection, qui caractérisent la géométrie de formation des images à partir de la configuration du système d'acquisition et qui contiennent de manière intrinsèque une information tridimensionnelle.

La hiérarchie de modèles que nous allons construire s'entend comme partant de modèles proches de l'acquisition (images et matrices de projection) et allant vers des modèles proches de la réalité physiologique des artères coronaires (objet tridimensionnel, animé d'un mouvement).

Ces modèles seront successivement :

- des modèles 2D des lignes centrales des artères coronaires dans les images,
- des modèles 3D des lignes centrales des artères coronaires,
- des modèles dynamiques (dits 3D+temps ou 4D) du mouvement des artères coronaires,
- des modèles 3D des artères coronaires, considérées comme des volumes (et non plus au travers de leurs lignes centrales).

1.3.2.3 Contexte industriel

Nous nous situons dans le cadre d'une thèse CIFRE, en collaboration avec un partenaire industriel. Certaines contraintes sur notre travail viennent donc s'ajouter au cadre purement académique :

- une automatisation complète de la chaîne algorithmique (du point de vue de l'intégration de la mise en œuvre informatique de la méthode, mais aussi du point de vue de la validité des paramètres des algorithmes, indépendamment des jeux de données),
- un temps de calcul raisonnable en vue de l'utilisation dans un contexte clinique, éventuellement via des outils informatiques adaptés, telle que l'utilisation de ressources parallèles,
- une finalité précise en terme d'application en routine clinique des méthodes proposées, une fois faite la démonstration du bénéfice apporté au praticien et/ou au patient, par l'intermédiaire d'une étape de prototypage et de validation.

1.3.2.4 Schémas méthodologiques envisagés

Préalablement à toute recherche, nous avons décrit et envisagé un certain nombre de voies possibles pour construire un modèle complet des artères coronaires à partir de nos données. Pour cela, nous nous sommes inspirés des méthodes déjà référencées dans la littérature ainsi que de nos intuitions concernant des directions de recherches originales.

La figure 1.31 montre le résultat de ces investigations.

La voie méthodologique purement tomographique a été étudiée au sein de General Electric Medical Systems, avant le début de notre travail, par Oscar Camara au cours d'un stage encadré par Régis Vaillant [Camara, 2000]. Les résultats semblaient limités par la difficulté à produire une première reconstruction tomographique de qualité suffisante.

Nous avons donc dans un premier temps exploré la voie proposant de construire un modèle 2D des lignes centrales des artères coronaires et d'en effectuer le *suivi* au cours de la séquence [Bascle, 1994; Curwen et al., 1994; Berger, 1995]. Nous avons repris le travail de Fabien Mourgues sur le suivi des artères coronaires dans une séquence rotationnelle [Mourgues et al., 2001]. Cette approche, malgré l'ajout de contraintes de mémoire de forme [Dubuisson-Jolly et al., 1998], s'est révélée infructueuse car trop peu robuste à la présence de superpositions. En effet, le suivi de structures tridimensionnelles en mouvement

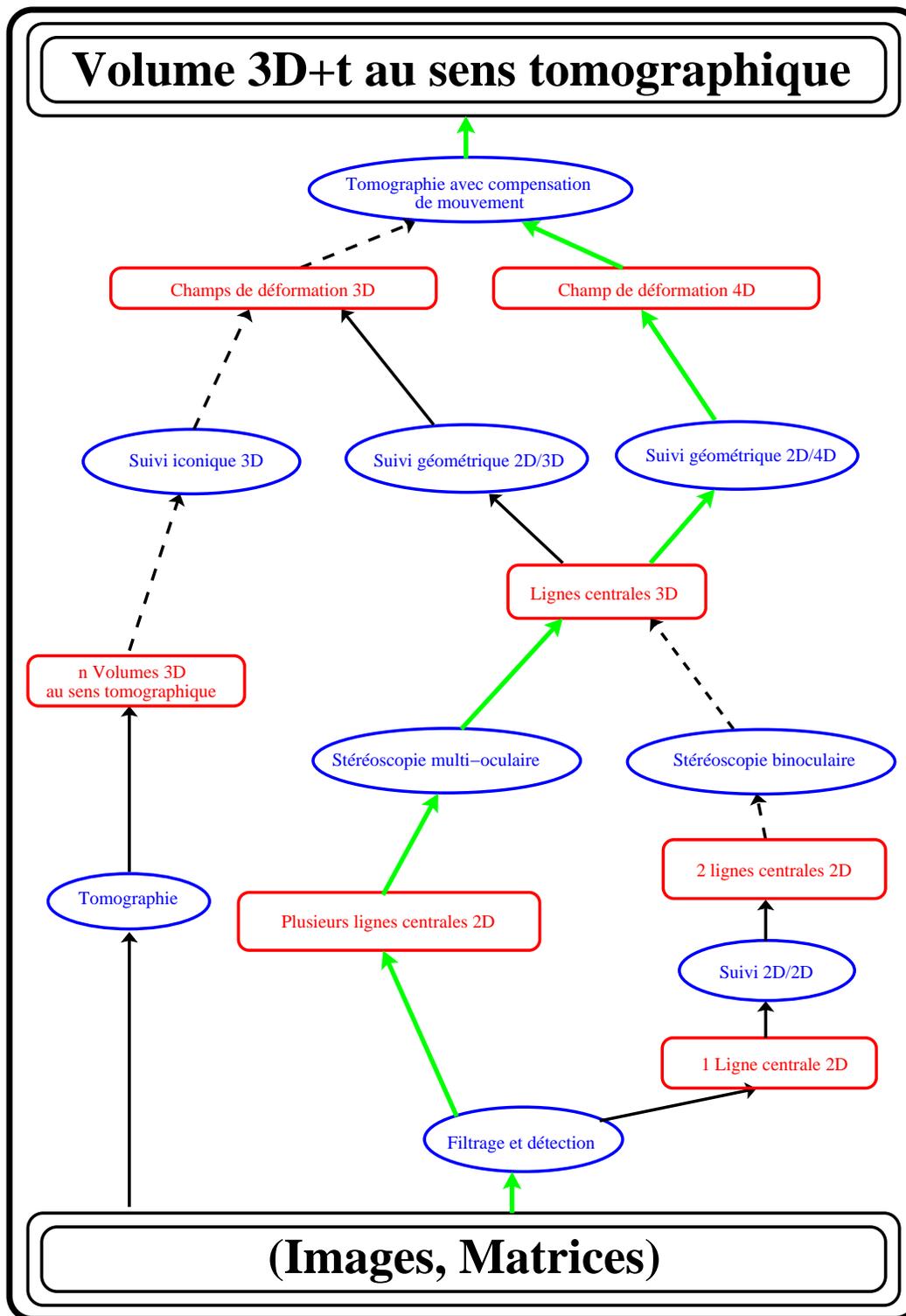


FIG. 1.31 – Nous avons identifié trois voies distinctes pour la construction de notre hiérarchie de modèles. La voie décrite à gauche est une voie purement tomographique, tandis que les deux voies de droite mêlent méthodes de vision par ordinateur et méthodes tomographiques. Les flèches en pointillés indiquent des directions qui n'ont pas été poursuivies, les flèches vertes indiquent la démarche globale que nous avons suivie.

dans des images bidimensionnelles est un sujet particulièrement ardu. Il nous a été possible, dans quelques cas, de suivre quelques artères sur un cycle cardiaque complet, mais les résultats d'ensemble étaient insatisfaisants et souffraient de difficultés classiques pour les méthodes de suivi :

- glissement du modèle déformable au sein d'une artère,
- recroquevillement du modèle déformable au sein d'une artère,
- saut du modèle déformable d'une artère à une autre.

Nous avons conclu que cette méthode n'était pas adaptée à notre contexte d'acquisition.

Nous avons par la suite poursuivi notre étude par la chaîne algorithmique décrite par les flèches vertes dans la figure 1.31.

Les caractéristiques de cette démarche sont résumées dans la figure 1.32. Elles consistent essentiellement en trois étapes :

- la construction d'un modèle 3D statique, prenant en compte la respiration, à partir de quelques vues,
- la construction d'un modèle de mouvement, prenant en compte la respiration et la contraction cardiaque, à partir de toute la séquence,
- la construction d'un modèle 3D volumique, prenant en compte la respiration et le mouvement cardiaque, à partir de toute la séquence.

Cette voie nous a permis de mener au bout l'ensemble des modélisations tridimensionnelles, volumiques et dynamiques que nous visions.

Nous allons dans les quatre chapitres qui suivent présenter les modélisations successives que nous avons construites :

- lignes centrales 2D par filtrage et extraction dans les angiogrammes,
- lignes centrales 3D par appariement multi-oculaire des lignes centrales 2D et compensation du mouvement respiratoire,
- mouvement 4D des artères coronaires par une méthode de type suivi 4D/2D dans l'ensemble de la séquence,
- reconstruction tomographique 3D et représentation tomographique 4D grâce à la compensation du mouvement.

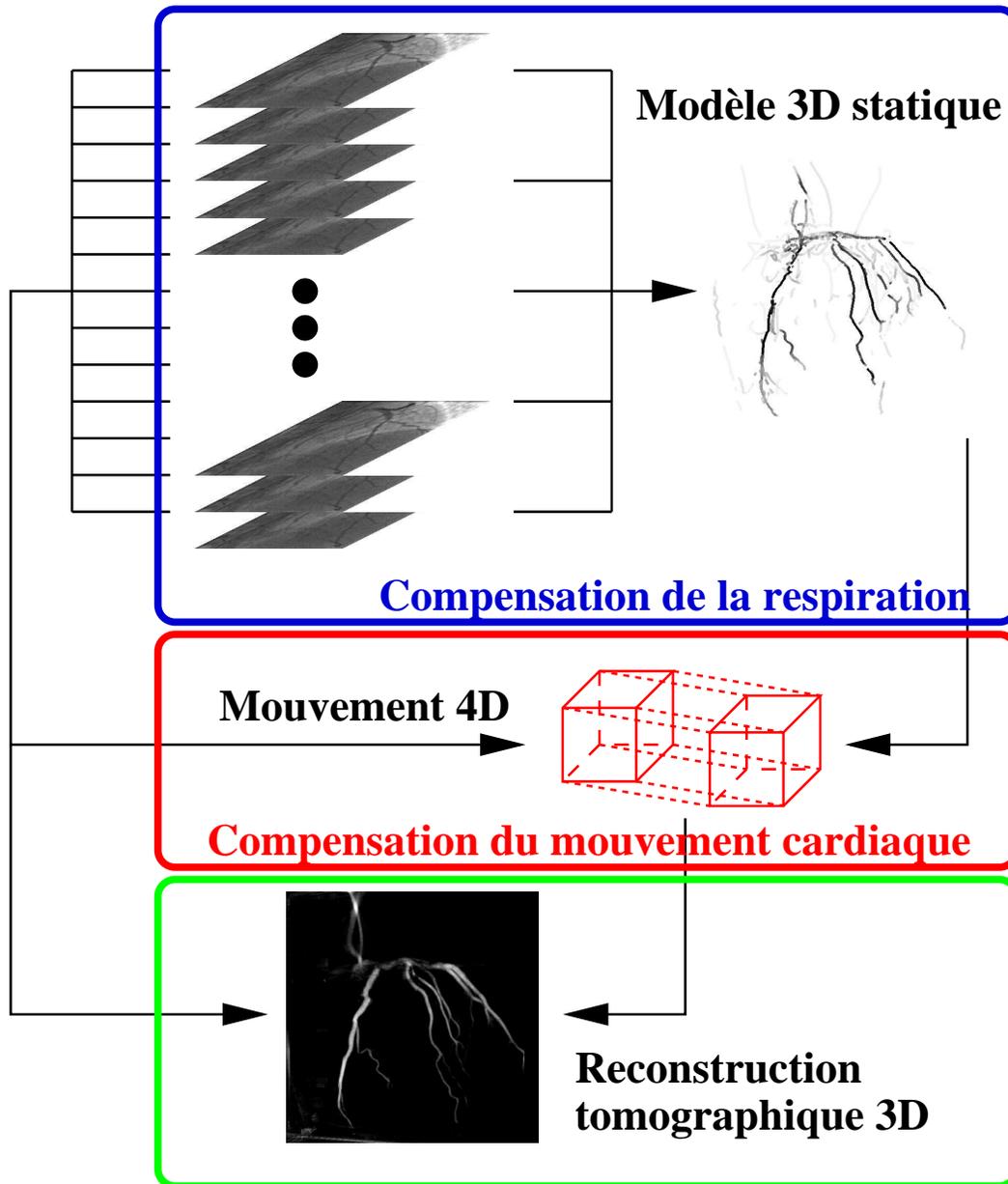


FIG. 1.32 – Schéma algorithmique effectivement suivi. Nous avons suivi un cheminement séquentiel depuis les données (images et matrices de projection) jusqu'aux modèles proches de la réalité physique des artères coronaires (composantes tridimensionnelle et dynamique), en corrigeant les effets de la respiration et du battement cardiaque.

Chapitre 2

La détection des artères coronaires

Sommaire

2.1	Sélection des images d'intérêt	56
2.2	Filtrage des images	57
2.2.1	Introduction	57
2.2.2	Généralités	57
2.2.3	Méthode utilisée	59
2.2.3.1	Modèle de vaisseau dans les images	59
2.2.3.2	Filtres de rehaussement des lignes centrales de vaisseaux	60
2.2.3.3	Filtre multi-échelle	70
2.2.3.4	Résultats	74
2.2.3.5	Limitations	75
2.2.4	Conclusion	78
2.3	Extraction des lignes centrales des artères coronaires	78
2.3.1	Introduction	78
2.3.2	Généralités	79
2.3.3	Méthode utilisée	80
2.3.3.1	Normalisation	80
2.3.3.2	Maxima directionnels locaux	80
2.3.3.3	Seuillage par hystérésis	82
2.3.3.4	Chainage	83
2.3.3.5	Résultats	84
2.3.3.6	Limitations	84
2.3.4	Conclusion	86

Comme nous l'avons vu en introduction, notre but est de construire une hiérarchie de modèles, partant des images et allant vers la réalité physique des artères coronaires. Le premier modèle que nous allons extraire des images est une représentation bidimensionnelle des lignes centrales des artères coronaires. Dans le chapitre 3, ce modèle servira de point de départ pour la modélisation tridimensionnelle des lignes centrales des artères coronaires.

Le premier pas de cette démarche consiste à détecter les lignes centrales des artères dans les images. Cela revient à construire une première modélisation 2D des artères coronaires. Comme pour l'ensemble de notre chaîne algorithmique, la contrainte de départ sur cette étape est qu'elle devra être entièrement automatique.

La qualité de cette première étape est cruciale pour l'ensemble des algorithmes qui suivront, car tous devront faire l'hypothèse d'une détection des artères coronaires de qualité et l'utiliseront comme donnée initiale.

Dans ce chapitre, nous allons dans un premier temps définir quelles sont les images d'intérêt dans une séquence de projections rayons X. Nous expliquerons ensuite pourquoi et comment l'ensemble des images doivent être filtrées pour extraire des images l'information pertinente sur les artères coronaires. Enfin, nous montrerons comment tirer avantage du filtrage pour extraire les lignes centrales des artères coronaires dans les angiogrammes et produire ainsi l'information de départ de notre chaîne algorithmique. Notre but dans ce chapitre n'est donc pas de segmenter les artères coronaires par la détermination de leur contour, mais bien d'en extraire les *lignes centrales*.

2.1 Sélection des images d'intérêt

Dans l'optique d'une détection puis d'une reconstruction des artères coronaires, nous définissons un ensemble de contraintes sur les images, afin de n'utiliser que celles qui contiennent de l'information pertinente pour nos futures modélisations.

Il nous faut d'abord exclure les images où les artères coronaires ne sont pas correctement visibles : ce cas se produit principalement lorsque l'injection de produit de contraste n'est pas encore complète, au début de la séquence, ou bien diffuse, à la fin de la séquence. Des images où l'injection est trop précoce ou trop tardive sont montrées dans la figure 2.1.

Il nous faut aussi exclure les images acquises sous un même point de vue, c'est-à-dire avant le début de la rotation ou après la fin de la rotation. Des images acquises sous le même point de vue n'apportent pas d'informations utiles supplémentaires pour la modélisation en 3D, qui, elle, requiert la multiplicité des points de vue.

En résumé, les images d'intérêt pour l'ensemble de notre chaîne algorithmique possèdent les caractéristiques suivantes :

- elles sont acquises avec une injection correcte des artères coronaires,
- elles sont acquises en rotation.

En pratique, les instants correspondants au début et à la fin de l'injection et au début et à la fin de la rotation sont enregistrés simultanément avec la séquence. Pour l'injection, il faut de plus tenir compte du décalage entre le temps où l'injecteur est commandé et le temps où le produit de contraste remplit ou quitte effectivement les artères coronaires. La combinaison de ces contraintes sur les temps d'injection et de rotation nous donne un intervalle admissible



FIG. 2.1 – De gauche à droite : images montrant une injection précoce, complète, et tardive du produit de contraste.

pour nos images d'intérêt. C'est cet ensemble d'images d'intérêt que nous allons maintenant filtrer.

2.2 Filtrage des images

Comme nous le montrerons par la suite, l'utilisation des images brutes n'est pas souhaitable si l'on souhaite détecter automatiquement les artères coronaires. Nous allons donc filtrer les images de manière à rehausser les lignes centrales des vaisseaux, dans le but de pouvoir ultérieurement les discriminer des autres structures présentes dans l'image.

2.2.1 Introduction

Le filtrage d'image consiste à considérer l'image en tant que signal bidimensionnel et à lui appliquer une transformation dans le but d'en extraire une information pertinente. Parmi l'ensemble des transformations admissibles, ce sont les informations *a priori* que nous avons sur l'objet ciblé qui définiront quel type de filtre est adapté à notre cas.

Nous allons donc dans un premier temps définir de quelles informations *a priori* nous disposons sur les artères coronaires, observées dans les projections rayons X, puis définir des filtres dont l'application rehaussera les lignes centrales des artères coronaires et atténuera les autres structures.

2.2.2 Généralités

La détection automatique d'éléments structurés, telle que les lignes, dans les images est une préoccupation apparue immédiatement avec l'introduction de l'image *numérique*. Les premières tentatives de définition d'opérateurs de détection de lignes ou de bords ont été faites dès les années 70, comme par exemple dans [Herskovits et Binford, 1970], [Hueckel, 1971] et [Hueckel, 1973]. Par la suite, les premières méthodes élaborées et détaillées jusque dans

leur mise en œuvre ont été décrites, avec l'introduction d'opérateurs différentiels caractérisant les structures locales [Canny, 1983; Deriche, 1987]. Plus tard, des méthodes basées sur l'analyse des dérivées secondes des images ont été proposées dans [Koller et al., 1995] et ont été détaillées dans [Sato et al., 1998b; Frangi et al., 1998] et [Krissian et al., 2000]. Par ailleurs, des approches par filtrage anisotrope ont été proposées et présentent l'avantage de prendre en compte la structure linéique des artères pour favoriser leurs détections. En particulier, les méthodes par Équations aux Dérivées Partielles permettent un filtrage efficace dans les parties distales des artères, lorsque les vaisseaux deviennent très fins [Haris et al., 1997; Guo et Richardson, 1998]. Cette caractéristique est intéressante pour les études de microvascularisation et de perfusion.

D'autres types de méthodes ont été proposées pour le filtrage des vaisseaux. Dans [Leandro et al., 2001], l'auteur compare les approches par analyse par ondelettes et par morphologie mathématique. Les approches par ondelettes ne sont pas satisfaisantes dans notre cadre car elles utilisent une discrétisation de l'espace des orientations possibles et des diamètres possibles, ce qui entraîne soit un risque de perte d'information si ces pas de discrétisation sont trop grands, soit une lourdeur calculatoire si ces pas de discrétisation sont trop petits. Les approches par morphologie mathématique sont principalement basées sur l'utilisation des transformations dites de *chapeau haut-de-forme* et de *ligne de partage des eaux* [Serra, 1982], qui vont favoriser les augmentations locales d'intensités sur des fonds quelconques, ce qui les rend bien adaptées à l'angiographie non soustraite. Néanmoins, ces méthodes requièrent l'utilisation d'éléments structurants définis par des ensembles discrets d'orientations et de diamètres et souffrent donc de la même faiblesse que les approches par ondelettes.

Dans [Kottke et Sun, 1990], les auteurs proposent une segmentation par une classification itérative entre pixels correspondant au fond, aux artères, ou non encore classifiés. L'utilisation d'une méthode d'apprentissage et d'un seuillage adaptatif est pertinent, mais les résultats présentés montrent une grande proportion de faux négatifs, c'est-à-dire de pixels sur des artères non identifiés comme tels.

À ces méthodes, nous avons préféré les méthodes basées sur l'analyse des dérivées secondes des images. Celles-ci ne requièrent pas de discrétiser l'espace des orientations. En outre, elles ont déjà été largement testées sur des données réelles en imagerie médicale, en particulier sur des images de scanner CT, et donnent des résultats satisfaisants [Krissian et al., 2000]. Nous avons utilisé une approche isotrope car, dans notre cadre de travail, les vaisseaux d'intérêt sont ceux dont le gabarit est suffisant pour justifier et permettre une intervention, ce qui n'est pas le cas des vaisseaux très fins, dont la détection serait favorisée par le filtrage anisotrope.

Notre travail dans l'utilisation des filtres de rehaussement des lignes centrales des artères coronaires dans les images a consisté essentiellement en l'adaptation des algorithmes de détection de lignes existants au cas d'images angiographiques, c'est-à-dire dans un contexte où les images sont bruitées, où les structures apparaissent superposées et où les droites sont en fait des bandes, qui sont de plus de largeur fortement variable.

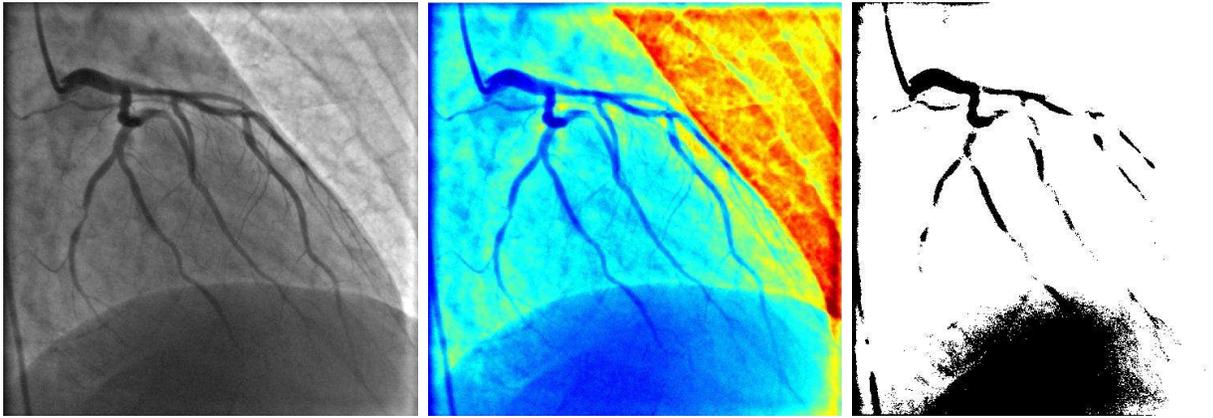


FIG. 2.2 – Insuffisance des seules intensités pour la détection des artères. De gauche à droite : un angiogramme original en niveaux de gris, le même angiogramme représenté en échelle de couleurs afin de mieux identifier les ensembles de niveaux, et ensemble des points ayant une intensité inférieure à 70 (sur une échelle de 0 à 255). La seule intensité des pixels ne permet pas de discriminer les artères des autres structures.

2.2.3 Méthode utilisée

Nous avons utilisé une approche par modèle. Dans un premier temps, nous définissons les propriétés géométriques (forme) et iconiques (intensité) caractéristiques des artères coronaires dans les projections rayons X. Dans un second temps, nous dérivons un filtre cohérent avec cet ensemble de propriétés *a priori*. Enfin, nous étendons le domaine de validité du filtre en permettant son application à la recherche de vaisseaux de différents calibres.

Des résultats sur des angiogrammes acquis sur patients sont présentés et analysés. Les limitations de la méthode utilisée sont illustrées et expliquées.

2.2.3.1 Modèle de vaisseau dans les images

Pour cette première étape, nous allons considérer les projections rayons X en tant qu'images. Nous voulons appliquer un filtre à ces images de manière à rehausser le contraste des artères coronaires et à favoriser, par la suite, la détection de leur ligne centrale. Pour cela, il nous faut caractériser ce que sont les artères coronaires dans les images.

Contrairement à la première impression que peuvent procurer les images, nous ne pouvons pas caractériser les artères coronaires comme étant les éléments de l'image ayant les intensités les plus basses, c'est-à-dire comme les structures les plus sombres. Ce critère laisse apparaître des structures parasites (côtes, diaphragme, vertèbres) et ne permet pas d'identifier les parties fines des artères, en particulier les parties distales. La figure 2.2 montre qu'il n'y a pas de relation directe entre l'intensité d'un pixel et le fait qu'il soit sur une artère.

Généralement, pour l'angiographie pratiquée sur des vaisseaux statiques (par exemple dans le crâne ou dans les membres inférieurs), ce problème est réglé par une procédure dite de *soustraction*. La méthode est la suivante : on acquiert deux séquences en utilisant les mêmes paramètres géométriques d'acquisition, la même trajectoire. La première acquisition se fait sans injection de produit de contraste, on ne voit donc dans les angiogrammes que

les structures qui sont naturellement opaques aux rayons X. La seconde acquisition se fait avec injection de produit de contraste et l'on voit donc l'*addition* des mêmes structures naturellement opaques aux rayons X et des vaisseaux injectés.

La soustraction logarithmique des deux séquences produit une séquence où, idéalement, seuls les vaisseaux apparaissent (se référer à la page 69). En pratique, certains artefacts de soustraction peuvent parfois apparaître, suite à un bouger du patient, au mouvement résiduel des artères ou à la reproductibilité imparfaite de la trajectoire d'acquisition. Néanmoins, cette technique produit des résultats satisfaisants et permet une segmentation relativement aisée des vaisseaux, basée sur l'intensité des pixels et non pas sur leur contraste [Franz, 2001].

Nous ne pouvons malheureusement pas nous placer dans le cadre de l'angiographie soustraite car nous ne pouvons pas acquérir deux séquences identiques à l'injection de produit de contraste près. En effet, il est impossible de reproduire et de synchroniser les mouvements suivants :

- mouvement du système d'acquisition,
- mouvement du patient,
- mouvement cardiaque,
- mouvement respiratoire.

Nous devons donc proposer des filtres rehausseurs de vaisseaux adaptés à la non-soustraction des vaisseaux.

Dans les angiogrammes, ce qui caractérise les artères n'est pas leur intensité en valeur absolue mais bien leur *contraste local* par rapport au fond¹. Ceci s'explique par la modalité d'acquisition des images qui intègre les absorptions linéaires le long des rayons. On observe la superposition des structures et c'est donc bien le contraste qui rentre en jeu. Dans une angiographie non soustraite, nous devons réfléchir en terme de contraste et non plus d'intensité. Une autre caractéristique des artères coronaires dans les images est qu'elles se présentent comme des structures localement linéiques. Enfin, en terme de topologie, le réseau coronaire, est un objet connexe par morceaux (et même simplement connexe en l'absence d'obstruction totale d'un des vaisseaux) et, par suite, sa projection, qui est une application continue, est de même connexe par morceaux.

Ces trois caractéristiques de contraste par rapport au fond, de forme localement linéique et de connexité par morceaux seront notre modèle *a priori* pour les artères coronaires observées dans les images.

2.2.3.2 Filtres de rehaussement des lignes centrales de vaisseaux

De par sa forme localement linéique, la ligne centrale d'un vaisseau dans une image possède une direction principale ou privilégiée, dans laquelle l'intensité varie peu. Dans la direction normale à cette direction principale, dès que l'on s'éloigne du centre du vaisseau, l'intensité augmente fortement.

Dans la figure 2.3, nous avons tracé la surface d'élévation correspondant à l'intensité des

¹Nous entendons par *contraste local* toute mesure caractérisant la différence entre intensité d'un pixel donné et intensités d'un ensemble de pixels voisins.

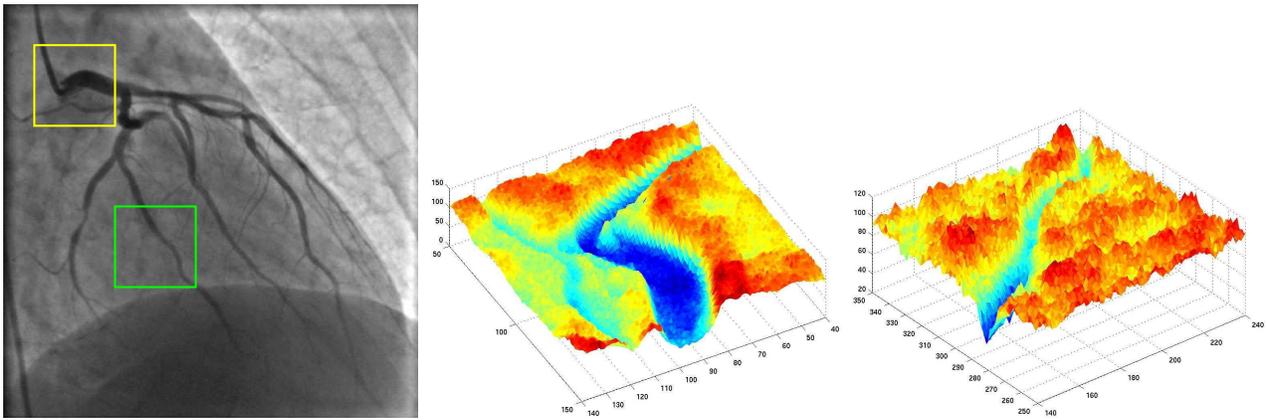


FIG. 2.3 – Exemples de profils d'intensité au voisinage des lignes centrales. Dans les régions délimitées respectivement en jaune et en vert, nous traçons les surfaces d'élévation où l'intensité des pixels représente la côte. Les vaisseaux dessinent des vallées caractéristiques.

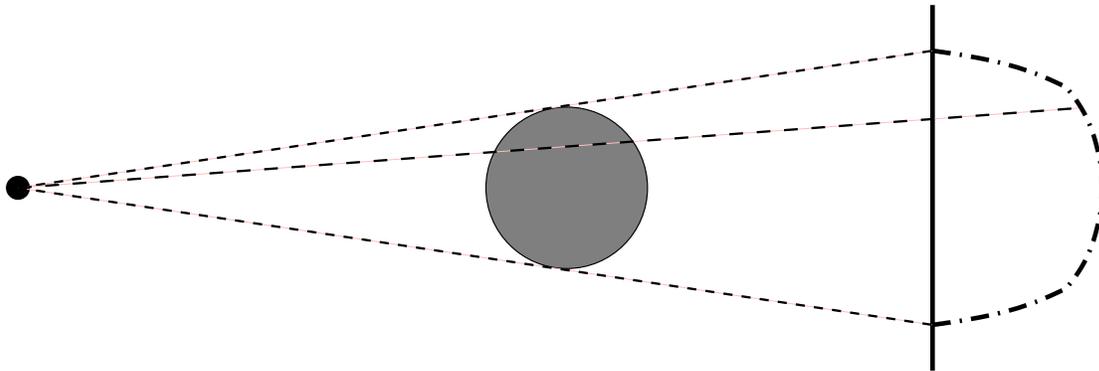


FIG. 2.4 – Profil intégral théorique d'un vaisseau. La projection conique d'un vaisseau idéale donne un profil d'allure *quadratique*.

pixels dans l'image. Les vaisseaux y définissent des formes en vallées ou en tuile, dont la ligne centrale est la ligne de fond.

On peut retrouver cette forme caractéristique à partir d'un mode de formation simplifié de l'image. En effet, si l'on considère un vaisseau cylindrique, d'absorption homogène, parallèle au plan de projection, alors sa projection conique définit un profil d'allure *quadratique* dont le maximum est atteint pour la ligne centrale.

Cette forme caractéristique en tuile peut être décrite en termes mathématiques différentiels. L'application du modèle idéal aux images est présentée dans la figure 2.5.

Sur les lignes centrales, cette forme de tuile possède un gradient qui est nul dans toutes les directions, le gradient ne permet donc pas de différencier une forme localement linéique d'une forme planaire.

Par contre, sur une structure localement linéique, la variation du gradient est différente selon la direction dans laquelle elle est calculée. La variation de gradient est nulle si elle est calculée dans la direction du vaisseau, alors qu'elle sera maximale si elle est calculée dans la direction orthogonale au vaisseau. Cette propriété permet de discriminer les structures

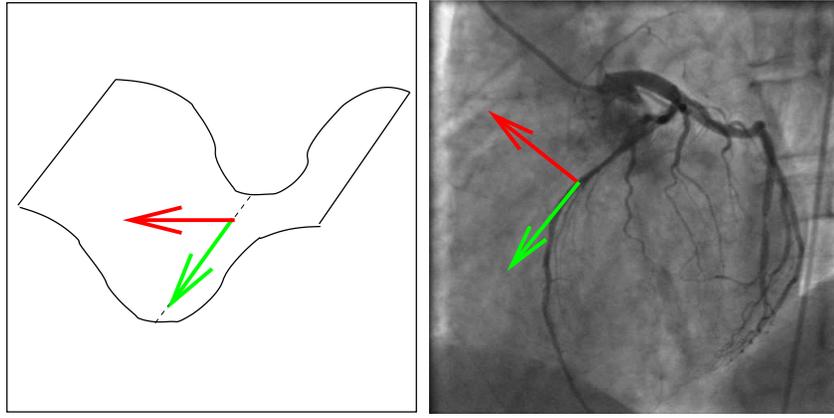


FIG. 2.5 – Forme théorique des intensités au voisinage d'une ligne centrale. À gauche : l'intensité des pixels au voisinage d'une ligne centrale possède une forme caractéristique en tuile, déduite d'un mode de formation de l'image simplifié, qui définit une direction principale locale, à droite : illustration dans un angiogramme de la direction principale locale d'un vaisseau (en vert), et de sa normale (en rouge).

localement linéiques des structures planaires. En effet, pour ces dernières la variation de gradient est nulle, quelle que soit la direction dans laquelle elle est calculée. Elle permet aussi de distinguer les structures localement linéiques des zones texturées car celles-ci présentent de fortes variations du gradient, en valeur absolue, quelle que soit la direction.

Nous allons utiliser un filtre de rehaussement des lignes centrales des artères basé sur ces propriétés de variation du gradient, c'est-à-dire des dérivées secondes de l'image.

Nous reprenons une formulation qui a été proposée dans les cas 2D et 3D dans [Koller et al., 1995] et développée en 3D dans [Lorenz et al., 1997; Sato et al., 1998b] puis dans [Krissian et al., 2000]. L'idée de départ est qu'à partir de caractéristiques de la matrice des dérivées secondes des intensités des pixels, appelée matrice *hessienne* de l'image, il est possible de déterminer, en tout point, l'allure la plus probable d'une éventuelle structure locale. Dans le cas 3D, la répartition sur l'axe réel des valeurs propres permet de discriminer les structures localement linéiques, planaires, volumiques, ou texturées et par la suite de filtrer et de segmenter les vaisseaux dans une reconstruction 3D [Orkisz et al., 2000]. La réduction au cas 2D de la méthode précédente donne un critère pour déterminer si une structure est localement linéique, planaire, ou texturée. Ce cas a été décrit dans [Mourgues et al., 2001] et implémenté précédemment dans notre équipe par Fabien Mourgues, dont nous avons repris et adapté la méthode.

Nous décrivons maintenant la formulation mathématique que nous avons associée à notre modèle *a priori*. Afin de limiter l'effet du bruit présent dans les images, un processus de lissage préalable est nécessaire. Pour cela, l'image originale est convoluée par un noyau gaussien bidimensionnel isotrope normalisé $\mathcal{G}(\sigma, \dots)$ d'écart-type égal à l'échelle d'intérêt σ . L'expression exacte de ce noyau centré en $x^* = (x_1^*, x_2^*)$, évalué en $x = (x_1, x_2)$ est :

$$\mathcal{G}(\sigma, x, x^*) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{(x_1-x_1^*)^2+(x_2-x_2^*)^2}{2\sigma^2}} = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{\|x-x^*\|^2}{2\sigma^2}}$$

et l'on note la convolution de l'image I par le noyau gaussien $\mathcal{G}(\sigma, x, \cdot)$:

$$I(\sigma, x) = I(\cdot) * \mathcal{G}(\sigma, x, \cdot)$$

Plus formellement, si $x = (x_1, x_2)$ est un point 2D de l'image et $I(\sigma, x)$ la valeur en x de l'image convoluée, alors la matrice hessienne, évaluée en x , de l'image convoluée est :

$$\mathcal{H}(I, \sigma, x) = \begin{pmatrix} \frac{\partial^2 I(\sigma, x)}{\partial x_1^2} & \frac{\partial^2 I(\sigma, x)}{\partial x_2 \partial x_1} \\ \frac{\partial^2 I(\sigma, x)}{\partial x_1 \partial x_2} & \frac{\partial^2 I(\sigma, x)}{\partial x_2^2} \end{pmatrix}$$

L'utilisation de noyaux gaussien isotropes a pour effet d'atténuer les vaisseaux les plus fins. Des approches basées sur le filtrage anisotrope permettent de pallier ce problème [Orkisz et al., 1997], mais, dans notre cadre, cette limitation n'est pas pénalisante car nous cherchons à modéliser les vaisseaux suffisamment larges pour que le praticien puisse intervenir, soit typiquement les vaisseaux de plus de 1 millimètre de diamètre.

Le calcul de la matrice hessienne convoluée est effectué à partir de la propriété suivante :

$$\frac{\partial^n I(\sigma, x)}{\partial x^n} = I(\cdot) * \frac{\partial^n \mathcal{G}(\sigma, x, \cdot)}{\partial x^n}, \forall n \in \mathbb{N}$$

C'est cette formulation que nous utilisons en pratique. En effet, elle permet de tirer avantage de la vitesse de calcul pour la convolution d'images par des filtres récursifs [Deriche, 1992]. Ces filtres permettent d'approcher précisément et rapidement la convolution d'une image par une fonction gaussienne ou par une de ses dérivées.

La matrice hessienne est symétrique et admet donc deux valeurs propres réelles. Le signe et les amplitudes relative et absolue de ces deux valeurs propres caractérisent la forme locale de l'intensité dans l'image.

Par la suite, nous supposons que nous cherchons à caractériser des vaisseaux noirs (faible intensité) sur un fond blanc (forte intensité).

Soient $\lambda_1 := \lambda_1(I, \sigma, x)$, $\lambda_2 := \lambda_2(I, \sigma, x)$ les valeurs propres réelles de la matrice hessienne $\mathcal{H}(I, \sigma, x)$. Elles sont choisies telles que $\lambda_1 \leq \lambda_2$. Les valeurs propres caractérisent la forme locale de l'intensité : le vecteur propre associé à λ_1 donne la direction de plus faible dérivée seconde, c'est-à-dire celle de la direction d'une potentielle structure linéique, tandis que le vecteur propre associé à λ_2 donne la direction de plus forte dérivée seconde, c'est-à-dire la direction normale à une potentielle structure linéique.

D'une manière quantitative, plus λ_1 est proche de 0 et plus λ_2 est grand, alors plus grande est la probabilité pour le point correspondant d'appartenir à une structure localement linéique. À partir de ces deux critères, on peut définir nombre de mesures de *ressemblance* à une structure localement linéique. Sato définit un ensemble de mesures, que nous ramenons au cas 2D :

$$M(\lambda_1(I, \sigma, x), \lambda_2(I, \sigma, x)) := M(\lambda_1, \lambda_2) = \begin{cases} \lambda_2(1 + \frac{\lambda_1}{\lambda_2})^{\beta_{12}}, & \text{si } \lambda_1 \geq 0, \lambda_2 > 0 \\ \lambda_2(1 - \alpha_{12} \frac{\lambda_1}{\lambda_2})^{\beta_{12}}, & \text{si } -\frac{\lambda_2}{\alpha_{12}} < \lambda_1 < 0, \lambda_2 > 0 \\ 0, & \text{sinon} \end{cases}$$

avec $0 < \alpha_{12} \leq 1$ et $\beta_{12} \geq 0$.

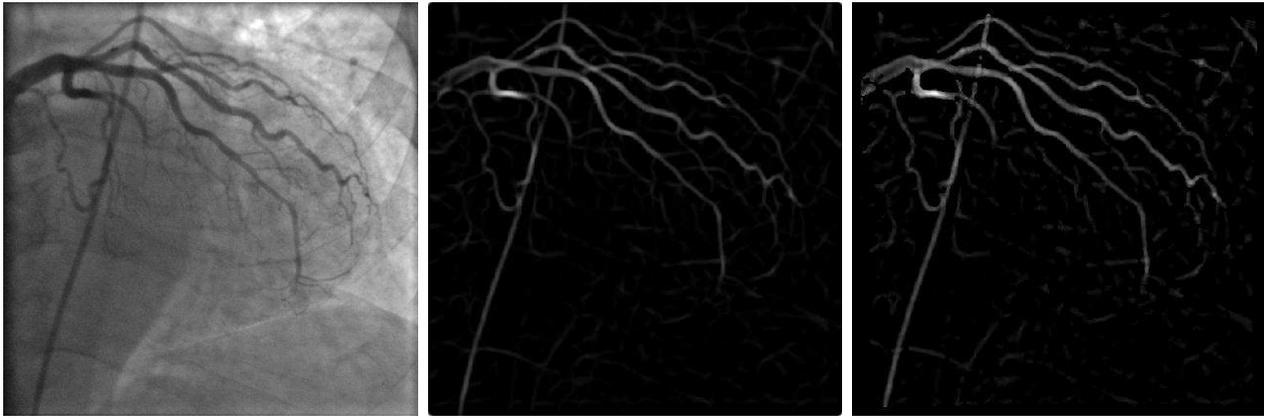


FIG. 2.6 – Filtres rehausseurs de vaisseaux de Sato. De gauche à droite, un angiogramme original, la réponse du filtre de Sato pour $\beta_{12} = 0$, et la réponse du filtre de Sato pour $\beta_{12} = 1$ et $\alpha_{12} = 1$, dans les deux cas $\sigma = 3$ pixels. Ces deux exemples de filtres rehausseurs de vaisseaux de Sato montrent que les lignes centrales ne sont pas bien déterminées en raison de l'absence de vérification de la détection, ce phénomène est particulièrement visible sur le tronc coronaire.

Ces mesures sont purement locales et détectent simplement au niveau du pixel la présence potentielle d'une forme structurée. Comme illustré en figure 2.6, cette méthode rehausse correctement les structures linéiques, mais en l'absence de vérification de la détection, elle ne discrimine pas la ligne centrale d'une artère d'une partie située au bord de l'artère.

Nous préférons donc utiliser la détection locale pour vérifier de manière délocalisée la validité de la détection de structure localement linéique.

Nous calculons donc explicitement la direction $D(\sigma, x)$ présumée d'une structure localement linéique, celle-ci est donnée dans [Koller et al., 1995] :

$$\tan(2D(\sigma, x)) = \frac{2 \frac{\partial^2 I(\sigma, x)}{\partial x_1 \partial x_2}}{\frac{\partial^2 I(\sigma, x)}{\partial x_1^2} - \frac{\partial^2 I(\sigma, x)}{\partial x_2^2}}$$

Cette direction est déterminée dans l'intervalle $[-\frac{\pi}{2}, \frac{\pi}{2}[$.

Au lieu de nous limiter à la détection locale, nous vérifions que dans la direction normale à celle d'un vaisseau potentiel et à une distance égale à l'échelle de recherche σ , le gradient de l'intensité est perpendiculaire au vaisseau. En notant \mathbf{d} un vecteur unitaire perpendiculaire à la direction présumée $D(\sigma, x)$ d'un vaisseau en x , orientée de l'intérieur du vaisseau vers l'extérieur du vaisseau, et r une valeur approchée pour le rayon du vaisseau, la quantité $\nabla I(\sigma, x + r \cdot \mathbf{d}) \cdot \mathbf{d}$ sera maximale si le point $x + r \cdot \mathbf{d}$ est sur le bord d'un vaisseau. La figure 2.7 illustre cette mesure délocalisée.

On peut évaluer $\nabla I(\sigma, x + r \cdot \mathbf{d}) \cdot \mathbf{d}$ de part et d'autre du pixel. Il est alors possible de retenir la moyenne des deux valeurs calculées, comme dans le cas 3D proposé par [Krissian et al., 2000]. Dans le cas 2D, nous avons préféré retenir le minimum des deux valeurs calculées pour rendre le critère plus cohérent et éliminer des structures du type *interface planaire*, tel le diaphragme, qui sinon répondraient favorablement.

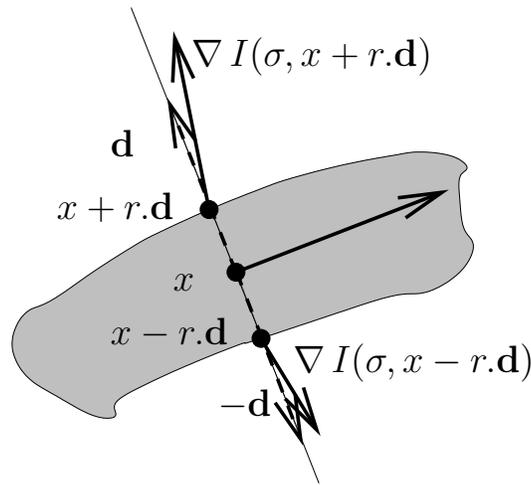


FIG. 2.7 – Schéma illustrant la délocalisation de la mesure sur le bord du vaisseau, à partir de la donnée de x sur la ligne centrale, de \mathbf{d} vecteur unitaire perpendiculaire à la direction principale du vaisseau et de r le rayon du vaisseau.

En pratique, nous prenons $r = \sigma$ comme valeur du rayon. Finalement, la mesure de ressemblance à un vaisseau que nous utilisons est :

$$R(\sigma, x) = \min \{ \nabla I(\sigma, x + \sigma \cdot \mathbf{d}) \cdot \mathbf{d}, \nabla I(\sigma, x - \sigma \cdot \mathbf{d}) \cdot (-\mathbf{d}) \}$$

La figure 2.8 montre l'importance de l'utilisation du minimum et non de la moyenne dans la réponse d'un tel filtre, et donne un exemple de résultat pour un noyau de convolution d'écart-type égal à 3 pixels. Les lignes centrales des artères sont mieux différenciées que dans le cas de l'utilisation des filtres de Sato ou par la prise en compte de la moyenne des mesures délocalisées.

Préalablement à l'obtention de la réponse du filtre, il a fallu calculer en chaque point, par analyse de la matrice hessienne, la direction présumée d'une potentielle structure linéique locale. La figure 2.9 montre un exemple de carte de directions. Les valeurs de cette carte donnent les angles qui correspondent à ces directions, dans le plan. Nous avons choisi une détermination entre $-\frac{\pi}{2}$ et $\frac{\pi}{2}$. Une valeur égale à 0 signifie que la direction supposée est horizontale, les valeurs $-\frac{\pi}{2}$ et $\frac{\pi}{2}$ donnent une direction verticale. Nous remarquons que les segments qui sont globalement linéiques ont une valeur quasi constante, c'est par exemple le cas pour le cathéter.

Comme illustré dans les figures 2.10 et 2.11, le filtre utilisant une mesure délocalisée produit des profils qui sont globalement symétriques selon une coupe transversale d'artère et qui atteignent leurs maxima directionnels locaux sur les lignes centrales des artères.

Par ailleurs, nous avons introduit une transformation sur l'image *préalablement* à l'application des filtres. En revenant à un modèle simplifié de formation de l'image (nous négligeons par exemple les effets de polychromatisme du rayonnement émis et les effets de la diffusion du rayonnement), nous notons que le contraste dans l'image n'est pas linéaire par rapport à l'absorption linéaire locale. Dans un premier temps, nous définissons une partition de notre volume d'intérêt, à un instant donné, en deux ensembles :

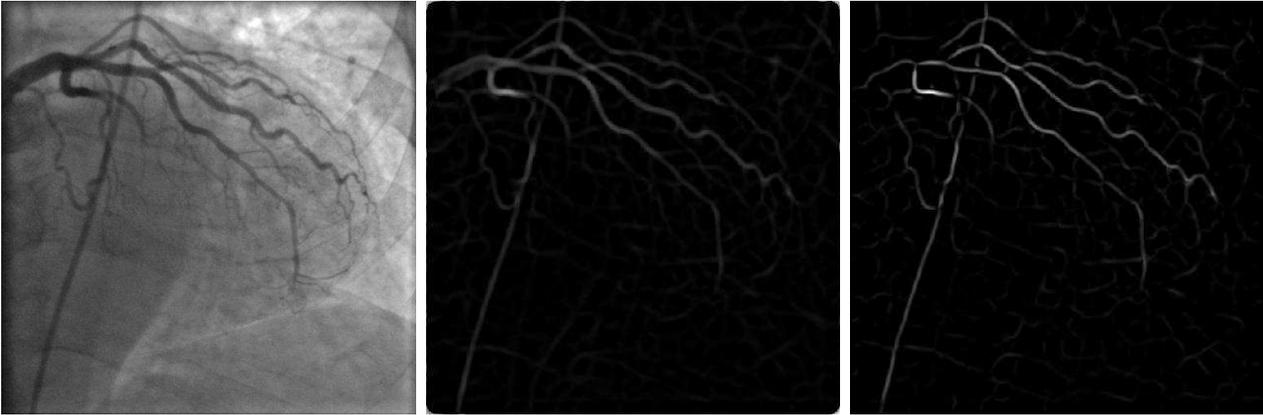


FIG. 2.8 – Filtres rehausseurs de ligne centrale de vaisseaux avec vérification délocalisée. De gauche à droite : un angiogramme original, la réponse du filtre utilisant la moyenne des mesures délocalisées, et la réponse du filtre utilisant le minimum des mesures délocalisées. Ce filtre vérifie la détection donnée par l'analyse de la matrice hessienne en évaluant le gradient de l'intensité de part et d'autre du point dans la direction normale à la structure supposée et à une distance égale à l'échelle de recherche.

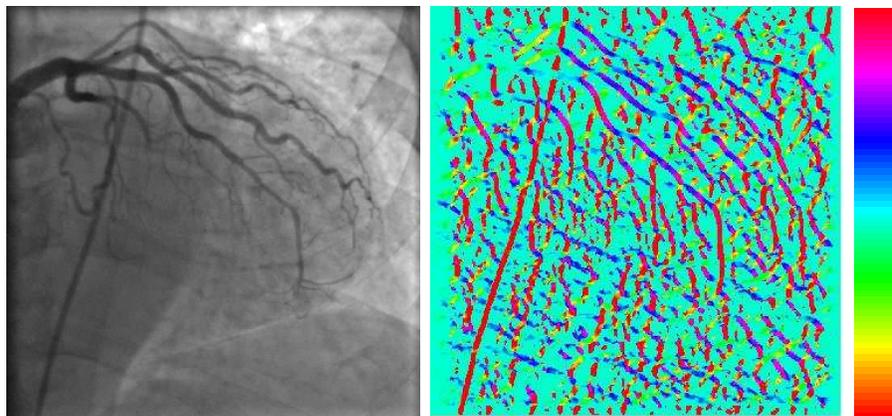


FIG. 2.9 – Carte des directions des lignes centrales de vaisseaux. De gauche à droite : un angiogramme original, et la carte des directions des structures locales potentielles. Le cyan correspond aux directions horizontales et le rouge aux directions verticales. Dans beaucoup de cas, en l'absence de réelle structure localement linéique, la direction apparaît en cyan et correspond à une valeur égale à 0. Comme nous pouvons le voir sur le cathéter, où cette valeur est presque constante, cette carte donne une valeur de la direction locale de la ligne centrale d'une structure localement linéique.

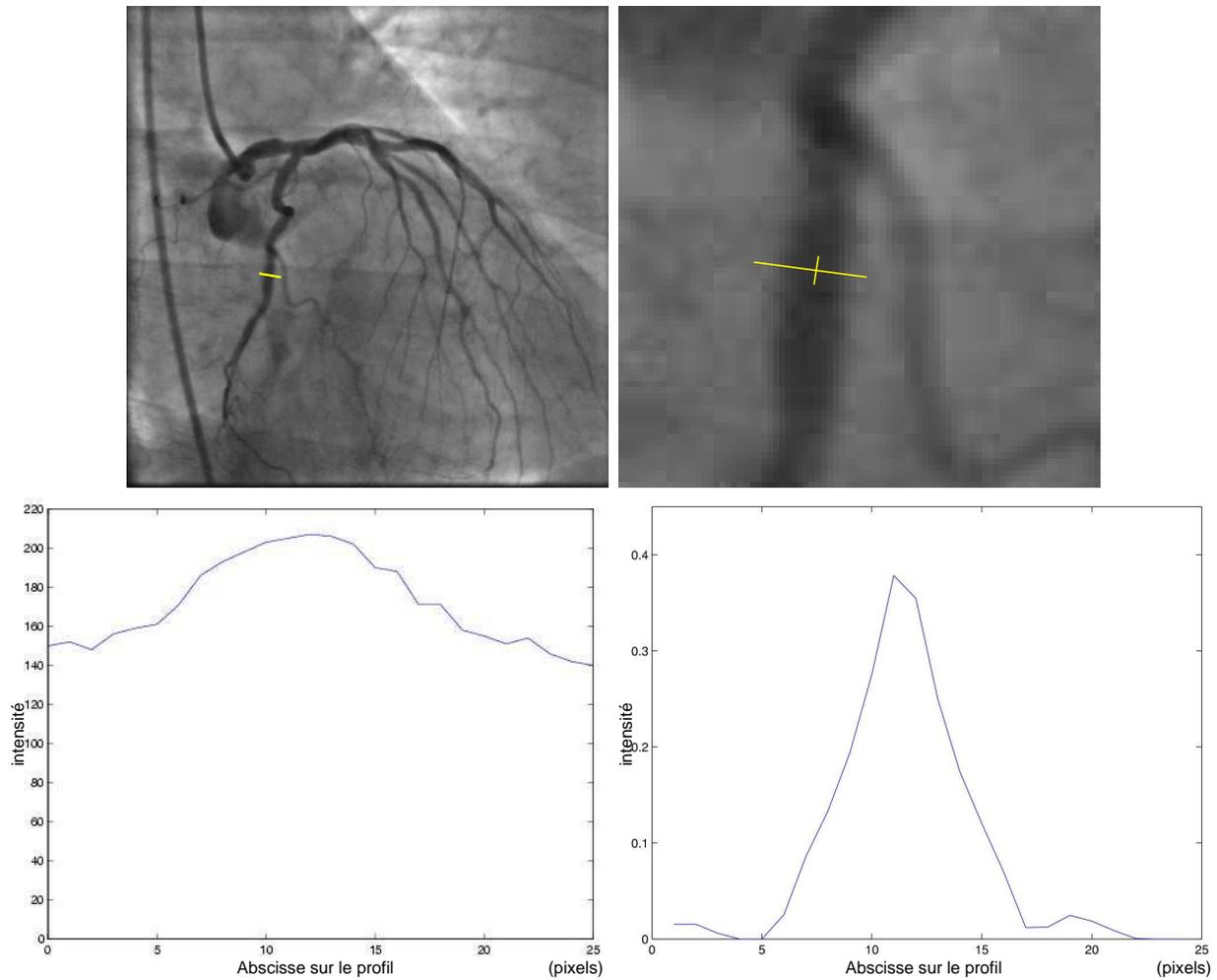


FIG. 2.10 – Profil transversal du filtre rehausseur de ligne centrale de vaisseaux (1). En haut, de gauche à droite : un angiogramme original avec en jaune, le tracé d'une section transversale d'une artère, un agrandissement de la section d'intérêt. En bas, de gauche à droite : le tracé de l'intensité de l'image originale, selon la section définie, et le tracé de l'intensité de l'image, filtrée pour le rehaussement des lignes centrales, selon la section définie. Le maximum local de l'image filtrée est reporté par un tiret sur l'image originale et correspond à la ligne centrale de l'artère.

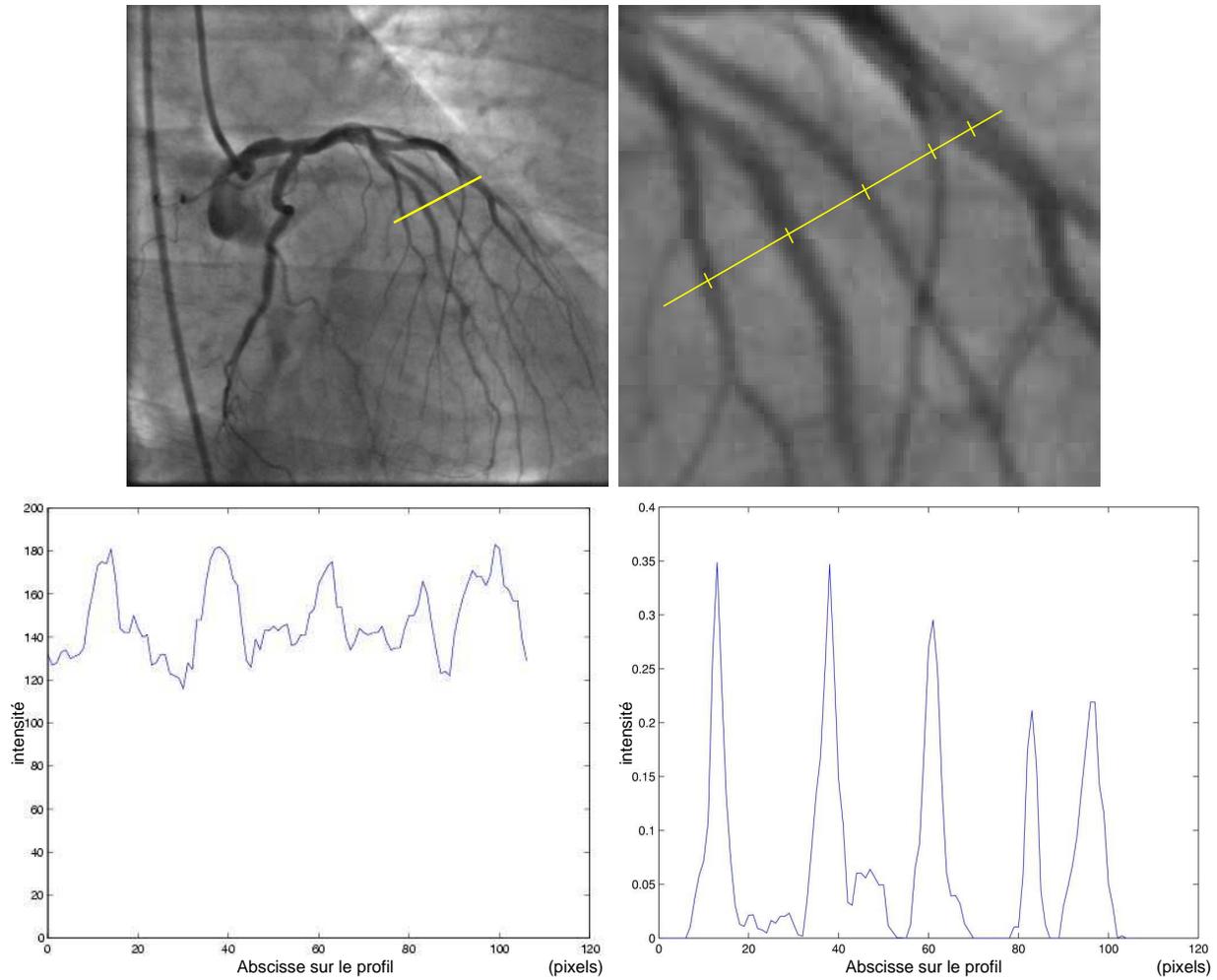


FIG. 2.11 – Profil transversal du filtre rehausseur de ligne centrale de vaisseaux (2). En haut, de gauche à droite : un angiogramme original avec en jaune, le tracé d'une section transversale de plusieurs artères, un agrandissement de la section d'intérêt. En bas, de gauche à droite : le tracé de l'intensité de l'image originale, selon la section définie, et le tracé de l'intensité de l'image, filtrée pour le rehaussement des lignes centrales, selon la section définie. Les maxima locaux de l'image filtrée sont reportés par des tirets sur l'image originale et correspondent aux lignes centrales des artères.

- l'ensemble des points occupés par le produit de contraste : l'objet noté \mathcal{O} ,
- l'ensemble formé par les autres points : le fond noté \mathcal{F} .

Nous donnons ensuite deux applications $\mu_o : \mathcal{O} \mapsto \mathbb{R}$ et $\mu_f : \mathcal{F} \mapsto \mathbb{R}$ qui à un point 3D associent son absorption linéaire locale en tant que point de l'objet ou en tant que point du fond. Nous prolongeons sur ces deux applications sur \mathbb{R}^3 en posant $\mu_o|_{\mathcal{F}} \equiv 0$ et $\mu_f|_{\mathcal{O}} \equiv 0$. Le point source S des rayons X est pris d'abscisse 0 sur le rayon reliant la source au détecteur, le point 3D Y sur le détecteur est supposé d'abscisse y et nous associons l'abscisse x à tout point X sur le rayon d'intégration. En utilisant les indicatrices de \mathcal{O} et \mathcal{F} , nous pouvons ramener l'intégrale des deux applications d'absorption linéaire sur un même support :

$$\begin{aligned} I(y, \mu_o + \mu_f) &= I(0) \cdot e^{-\left(\int_{[SY] \cap \mathcal{O}} \mu_o(X_1) dX_1 + \int_{[SY] \cap \mathcal{F}} \mu_f(X_2) dX_2\right)} \\ &= I(0) \cdot e^{-\left(\int_{[SY]} \mu_o(X) + \mu_f(X) dX\right)} \end{aligned}$$

En utilisant les abscisses sur le rayon, nous obtenons :

$$\begin{aligned} I(y, \mu_o + \mu_f) &= I(0) \cdot e^{-\int_0^y \mu_o(x) + \mu_f(x) dx} \\ &= I(0) \cdot e^{-\left(\int_0^y \mu_o(x) dx + \int_0^y \mu_f(x) dx\right)} \\ &= I(0) \cdot e^{-\int_0^y \mu_o(x) dx} \cdot e^{-\int_0^y \mu_f(x) dx} \end{aligned}$$

Idéalement, nous voudrions que la différence d'intensité entre un vaisseau superposé au fond et le fond soit indépendante de la valeur de ce fond. Or nous voyons que cette différence d'intensité $\Delta I(y, \mu_o, \mu_f)$ est bien fonction de μ_f :

$$\begin{aligned} \Delta I(y, \mu_o, \mu_f) &:= I(y, \mu_o + \mu_f) - I(y, \mu_f) \\ &= I(0) \cdot \left(e^{-\int_0^y \mu_o(x) + \mu_f(x) dx} - e^{-\int_0^y \mu_f(x) dx} \right) \end{aligned}$$

Afin d'obtenir des différences d'intensité entre, d'une part, un vaisseau superposé au fond et, d'autre part, le fond seul, qui soient indépendante de l'intensité du fond, nous appliquons à l'image une transformation logarithmique :

$$\tilde{I}(\cdot) = \log(I(\cdot))$$

Dans ce cas, l'intensité observée est :

$$\begin{aligned} \tilde{I}(y, \mu_o + \mu_f) &= \log(I(y, \mu_o + \mu_f)) \\ &= \log(I(0)) - \int_0^y \mu_o(x) + \mu_f(x) dx \\ &= \log(I(0)) - \left(\int_0^y \mu_o(x) dx + \int_0^y \mu_f(x) dx \right) \end{aligned}$$

La différence entre intensité entre vaisseau, superposé au fond, et fond est alors une valeur indépendante de l'absorption linéaire du fond :

$$\begin{aligned}\Delta\tilde{I}(y, \mu_o, \mu_f) &:= \tilde{I}(y, \mu_o + \mu_f) - \tilde{I}(y, \mu_f) \\ &= - \int_0^y \mu_o(x) dx \\ &=: \Delta'\tilde{I}(y, \mu_o)\end{aligned}$$

Nous nous sommes ramenés à un cas où la différence d'intensité entre un vaisseau superposé à un fond et ce fond ne dépend plus de l'absorption linéaire de ce fond. Nous utiliserons donc par la suite les images ayant subi une transformation logarithmique :

$$\tilde{I}(x) = \log(I(x))$$

L'effet de cette transformation est très intéressant : elle va diminuer les différences de contraste en modifiant sélectivement les contrastes locaux selon les intensités : elle diminue les contrastes dans les zones claires et les augmente dans les zones sombres. Les contrastes à l'issue de cette étape sont plus homogènes. La figure 2.12 montre un exemple de l'effet sur les contrastes locaux de l'application de la transformation logarithmique sur un angiogramme. En pratique, le filtre sera appliqué à ces images transformées.

Comme le montre la figure 2.13, le résultat du filtrage est amélioré par la prise en compte d'un modèle simplifié de formation de l'image. D'une part, les parties fortement superposées (en particulier au travers du diaphragme) sont mieux filtrées. D'autre part, les parties contrastées mais relativement claires, comme les structures pulmonaires, répondent moins fortement au filtre.

2.2.3.3 Filtre multi-échelle

Dans la section précédente, nous avons travaillé avec une taille fixée du noyau de convolution. Cette taille induit une largeur spécifique des bandes locales qui auront de fortes réponses au filtre. Toutefois, les vaisseaux observables dans les images ont des gabarits très différents. Alors que le tronc coronaire peut atteindre les 5 millimètres de diamètre, les branches marginales ou septales visibles ont couramment un diamètre inférieur à 0,5 millimètre.

On peut penser modifier le rayon r utilisé pour la mesure délocalisée dans l'expression :

$$\nabla I(\sigma, x + r \cdot \mathbf{d}) \cdot \mathbf{d}$$

mais la direction, calculée à partir des dérivées secondes convoluées par un noyau gaussien de variance donnée, dépend donc de l'échelle σ utilisée au départ.

Nous cherchons donc un ensemble de filtres qui soit capable de détecter les artères dans un espace d'échelles adapté à toutes les tailles d'artères. Le filtre de rehaussement des lignes centrales des vaisseaux a été décrit pour une échelle de recherche donnée. Nous l'utilisons donc maintenant pour différentes échelles de détection et combinons l'ensemble des informations obtenues sous la forme d'une seule image.

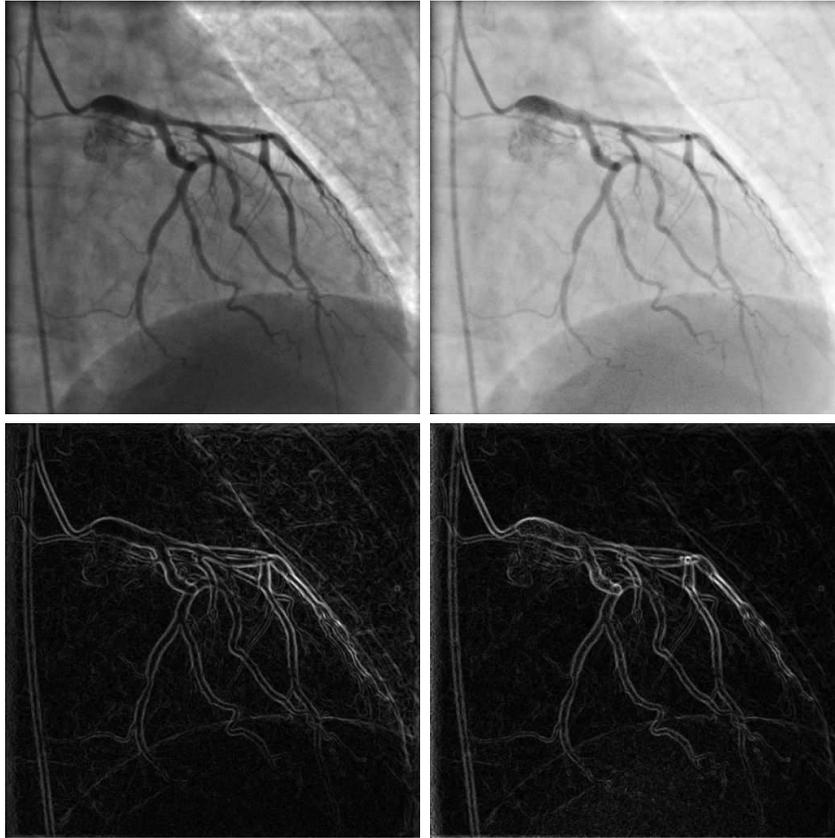


FIG. 2.12 – Transformation logarithmique de l'image et effet sur les contrastes locaux. En haut : à gauche, un angiogramme original, à droite, ce même angiogramme après application de la transformation logarithmique. En bas : les normes des gradients des deux images, utilisés comme détecteurs de contraste local, montrent l'écrasement des contrastes dans les zones claires et leur rehaussement dans les zones sombres. Les structures pulmonaires, claires, sont moins contrastées, tandis que les parties distales superposées au diaphragme, sombres, sont plus contrastées.

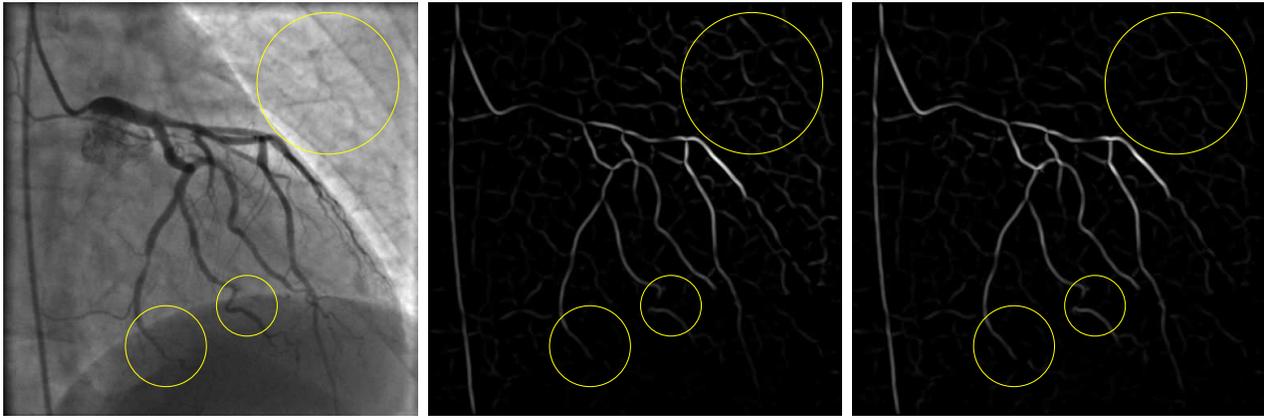


FIG. 2.13 – Effet de la transformation logarithmique sur le filtrage. De gauche à droite : un angiogramme original, des zones d'intérêt sont entourées en jaune, la réponse du filtre rehausseur de vaisseau sur l'image originale, et la réponse de ce même filtre sur l'image ayant subi la transformation logarithmique. Dans les zones délimitées, l'application de la transformation logarithmique préalable améliore les résultats du filtre de rehaussement des lignes centrales des vaisseaux, grâce à la prise en compte d'un modèle simplifié de formation des images.

Nous commençons par définir l'intervalle des échelles de recherche qui nous intéresse. Nous prenons comme valeur minimale celle qui correspond aux plus petites artères d'intérêt dans les images, soit environ 0,5 millimètre de diamètre, et comme valeur maximale la taille des plus grosses artères visibles, c'est-à-dire celle du tronc coronaire, soit environ 5 millimètres de diamètre. Cet intervalle d'échelles de recherche est discrétisé, typiquement en 5 à 10 échelles différentes, réparties linéairement. Le filtre rehausseur des lignes centrales des vaisseaux est évalué pour l'ensemble de ces échelles.

Nous obtenons différentes valeurs de réponse selon l'échelle de recherche. Néanmoins, nous ne voulons conserver pour chaque point que l'information la plus pertinente. Cette information se résume à l'échelle donnant la plus grande intensité de réponse (*i.e.* la largeur supposée du vaisseau à cet endroit), la direction principale à cette échelle de meilleure réponse et l'intensité obtenue à l'échelle de meilleure réponse. Cette information synthétise les résultats obtenus sur la gamme des échelles retenues et est appelée *information multi-échelle*.

Dans la figure 2.14, nous montrons dans un premier temps le résultat de ce filtre rehausseur de lignes centrales pour des noyaux de convolution choisis trop petits ou trop grands. Nous présentons par la suite les intensités de réponse obtenues avec des noyaux de convolution adaptés respectivement à des vaisseaux de petit, moyen et grand calibres.

La combinaison des filtres obtenus pour différentes échelles induit la recherche d'un maximum de réponse entre échelles. Nous devons donc nous poser le problème de la normalisation entre réponses obtenues pour différentes échelles.

Les échelles peuvent être considérées sans distinction ou bien avec des préférences, par exemple pour les grandes échelles. Pour cela, nous utilisons une normalisation en puissance de l'échelle, ou γ -normalisation [Lindeberg, 1994]. Si $\Sigma = \{\sigma_1, \sigma_2, \dots, \sigma_n\}$ est l'ensemble des échelles explorées, et $R(\sigma_i, x)$ l'intensité de la réponse en x du filtre à l'échelle σ_i , alors, pour

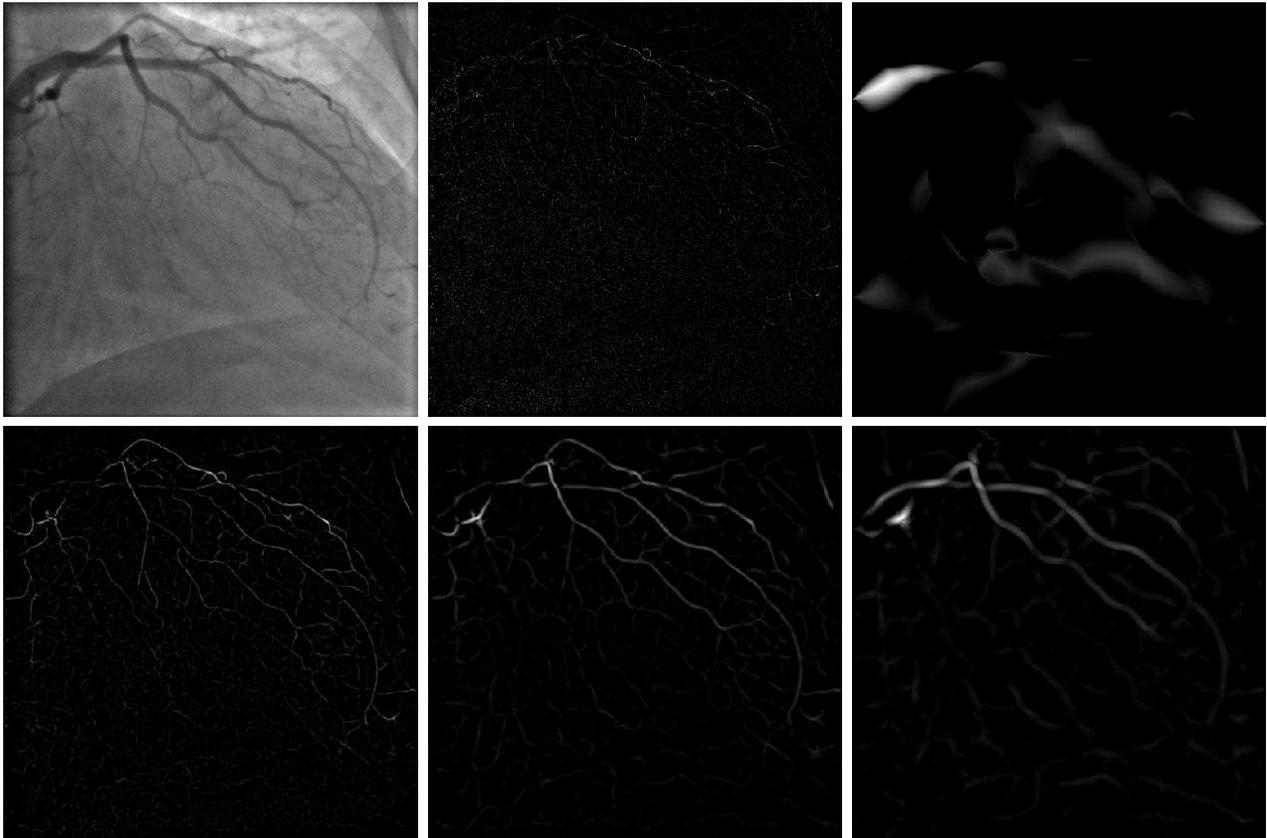


FIG. 2.14 – Réponse du filtre rehausseur de lignes centrales à différentes échelles. De gauche à droite et de haut en bas : un angiogramme original, les intensités de réponse obtenues pour une échelle trop petite (0,6 pixel), une échelle trop grande (24 pixels), et trois échelles adaptées à des vaisseaux de petit, moyen et grand calibres (respectivement 1, 3 et 6 pixels).

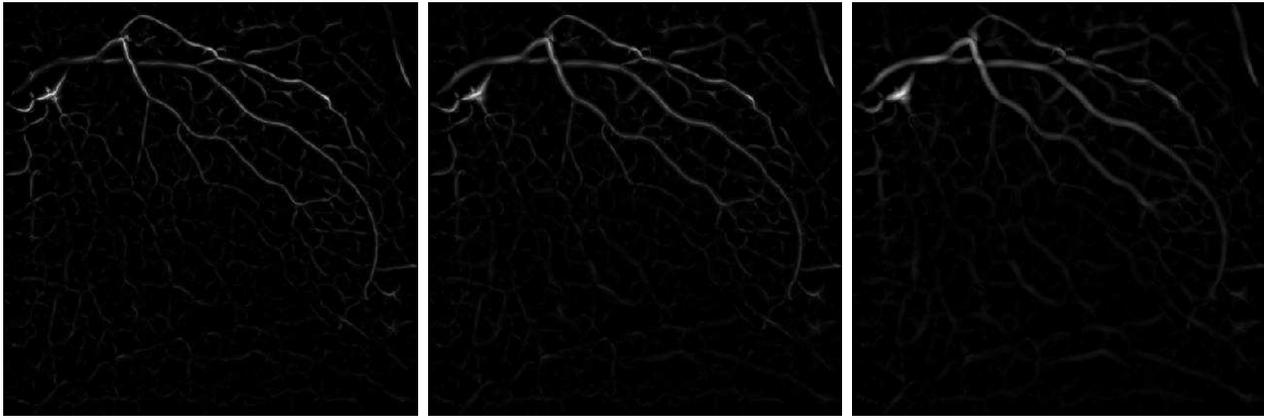


FIG. 2.15 – Influence du paramètre de normalisation sur les cartes d'intensité multi-échelle : à gauche, $\gamma = -1$ favorise les petites échelles, au milieu $\gamma = 0$ est neutre, enfin, à droite, $\gamma = 1$ favorise les grandes échelles.

une valeur donnée de la constante de normalisation γ , la réponse multi-échelle R^* en x pour l'ensemble d'échelles Σ sera :

$$R^*(\Sigma, \gamma, x) := \max_{\sigma \in \Sigma} \sigma^\gamma \cdot R(\sigma, x) = \max_{i=1, \dots, n} \sigma_i^\gamma \cdot R(\sigma_i, x)$$

Si l'on fixe $\gamma = 0$, alors la normalisation est neutre. Si on prend $\gamma < 0$, on favorise les petites échelles, tandis que si l'on choisit $\gamma > 0$, on favorise les grandes échelles. On trouvera dans [Olabarriaga et al., 2003] une étude sur l'optimisation des paramètres de normalisation de différents filtres dans le cas 3D.

La figure 2.15 montre les différences entre résultats du filtre multi-échelle en fonction de la constante de normalisation.

Si l'on note $\sigma^* = \arg \max_{\sigma \in \Sigma} \sigma^\gamma \cdot R(\sigma, x)$ l'échelle de plus grande intensité de réponse au filtre, nous définissons :

- la direction multi-échelle associée :

$$D^*(\Sigma, \gamma, x) = D(\sigma^*, x)$$

- l'intensité multi-échelle associée :

$$R^*(\Sigma, \gamma, x) = R(\sigma^*, x)$$

2.2.3.4 Résultats

Nous avons dans un premier temps déterminé de manière heuristique des bornes inférieure et supérieure sur l'ensemble des échelles. Pour une image avec une résolution spatiale de 512 pixels et un champ de 17 centimètres, les valeurs typiques que nous avons retenues sont $\sigma_1 = 2$ pixels et $\sigma_n = 6$ pixels. Le nombre d'échelles a été déterminé de manière à ce qu'il soit le plus petit possible sans pour autant entraîner une perte d'information pour des échelles intermédiaires qui ne seraient pas couvertes. Le nombre d'échelles retenu est égal à

5. L'ensemble des échelles Σ est donc par la suite posé. Dans la suite, nous l'omettrons et noterons $R^*(\gamma, x) := R^*(\Sigma, \gamma, x)$.

Après avoir testé l'effet de la constante de normalisation γ nous avons choisi de la fixer à 0 pour le reste de cette étude. En effet, nous souhaitons construire nos modèles sur toutes les échelles rendues accessibles par les images, sans favoriser les artères fines ou larges. Par la suite, nous noterons donc : $R^*(x) := R^*(0, x)$

En utilisant ces valeurs fixées, nous présentons dans cette partie des exemples de résultats obtenus sur différentes séquences de projections rayons X acquises sur des patients. La figure 2.16 présente trois exemples de résultat du filtre multi-échelle dans des angiogrammes différant volontairement le plus possible en terme d'angles d'acquisition, de morphologie des artères, et de présence de structures superposées.

Le rehaussement obtenu peut être quantifié en comparant les contrastes locaux de vaisseaux avant et après application du filtre. Nous prenons la définition de Weber du contraste local, appliquée à nos images :

$$C = \frac{I_{vaisseau} - I_{fond}}{I_{fond}}$$

Dans le cas de la figure 2.10, le contraste local est de 0,4 avant application du filtre et de 20 après application du filtre. Pour la figure 2.11, ces mêmes mesures donnent 0,5 avant application du filtre et 15 après application du filtre. Le filtrage permet donc un rehaussement important des vaisseaux dans les angiogrammes.

2.2.3.5 Limitations

Nous avons observé deux types de limitations à ce filtrage multi-échelle, dédié au rehaussement des structures linéiques :

- des faux positifs (des structures qui répondent fortement alors que ce ne sont pas des vaisseaux),
- des faux négatifs (des structures qui sont des vaisseaux mais qui ne répondent pas).

Les faux positifs sont les structures qui, bien que n'étant pas des vaisseaux correspondent, au modèle *a priori* que nous avons décrit. On trouvera, par exemple, le cathéter, en particulier lorsqu'il est rempli de produit de contraste, les crêtes des vertèbres, les côtes, ou bien encore les structures pulmonaires épaissies. Des exemples sont présentés dans la figure 2.17. La présence de ces faux positifs s'explique simplement par le fait qu'ils possèdent les deux caractéristiques que nous utilisons pour déterminer la présence des vaisseaux : ce sont des structures localement linéiques et contrastées.

Les faux négatifs apparaissent lorsque les vaisseaux dans les images ne correspondent plus au modèle *a priori*. Cela se produit en particulier au niveau des bifurcations entre artères. En effet, localement, une bifurcation ne ressemble pas à un vaisseau. Plus précisément, sa forme n'est pas localement linéique mais plutôt localement planaire. La direction donnée par l'analyse des valeurs propres de la hessienne n'est alors pas pertinente. Comme on peut le voir dans la figure 2.18, l'intensité de la réponse multi-échelle diminue localement au niveau des bifurcations. Ce cas se produit aussi lorsque deux artères larges se superposent.

Un autre cas où le filtrage rehausseur des lignes centrales des vaisseaux ne donne pas de bons résultats se produit lorsque un vaisseau donné perd localement de son contraste parce

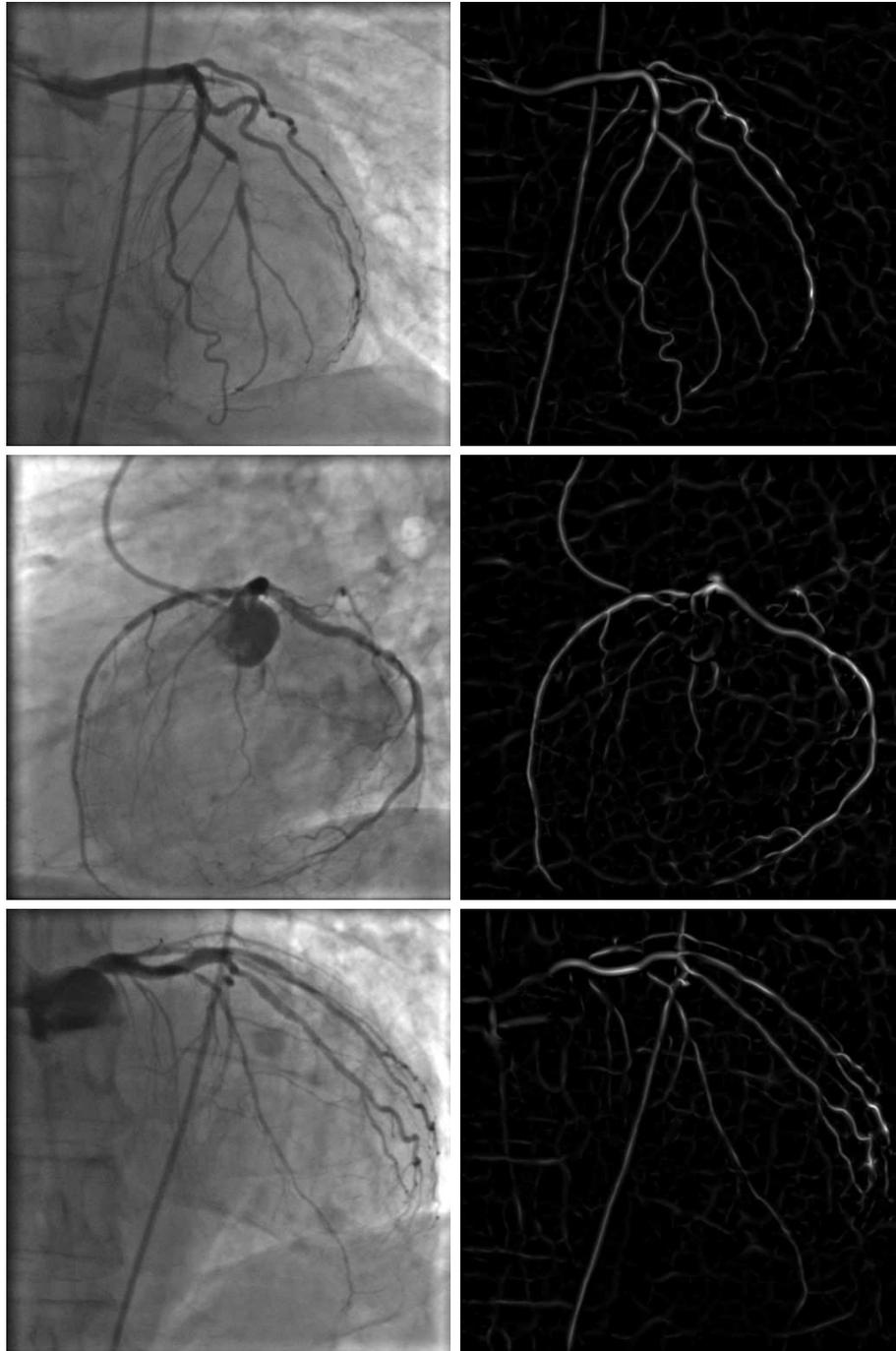


FIG. 2.16 – Résultat du filtrage multi-échelle. De haut en bas : trois patients différents, à gauche : des angiogrammes originaux, à droite : les cartes de réponse au filtre multi-échelle associées à ces angiogrammes. Le filtrage multi-échelle rehausse les lignes centrales des artères coronaires. Ces cartes peuvent être considérées comme un critère numérique d'appartenance à la ligne centrale d'une artère coronaire.

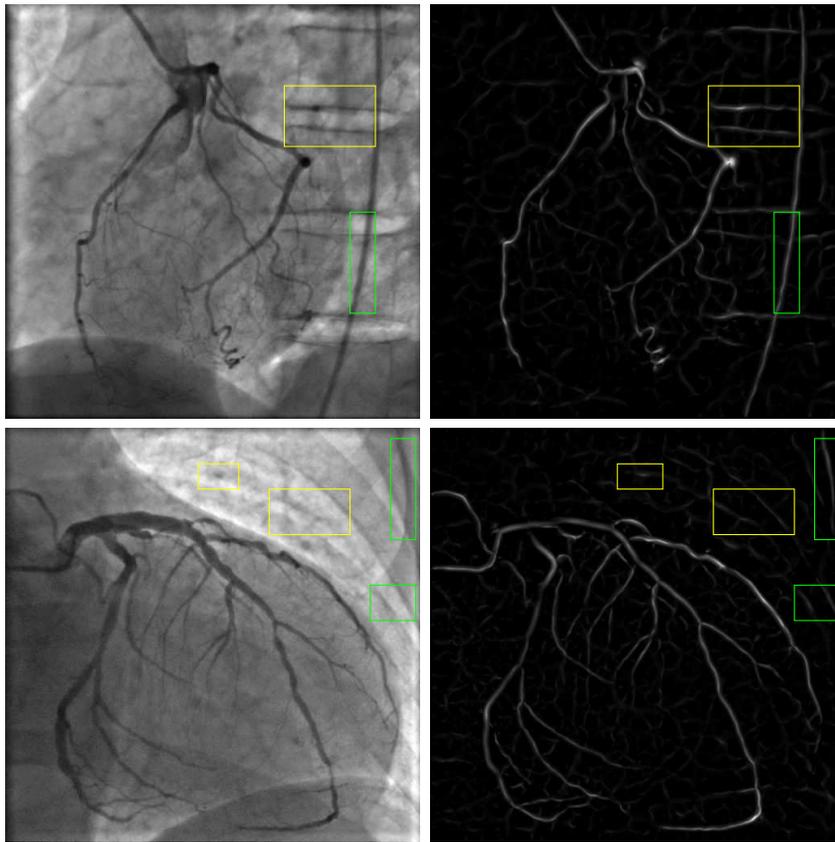


FIG. 2.17 – Fausses réponses positives au filtrage multi-échelle. En haut et en bas, à gauche, un angiogramme original, à droite, réponse du filtre multi-échelle sur cet angiogramme. Nous observons des faux positifs pour ce filtre : en haut, le cathéter (en vert) et les crêtes des vertèbres (en jaune), et en bas, des côtes (en vert) et des structures pulmonaires (en jaune).

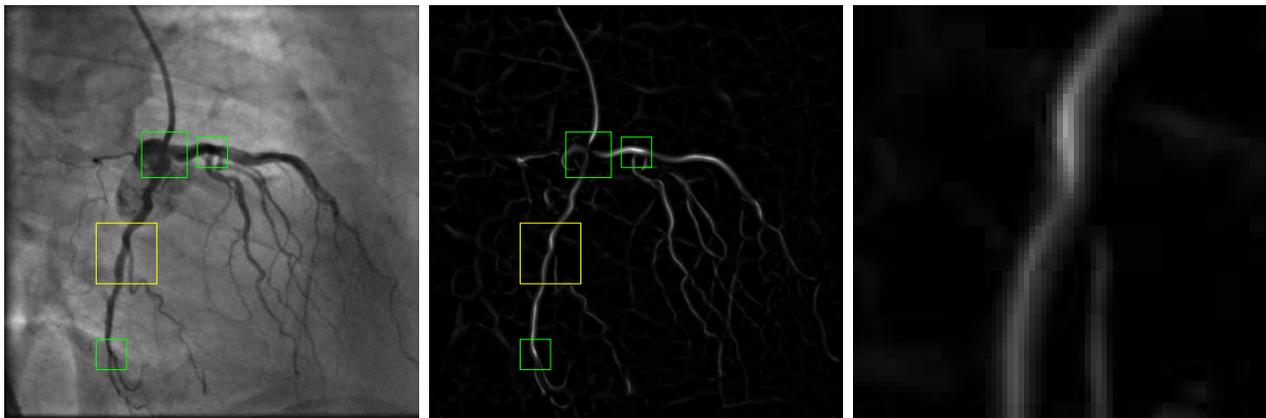


FIG. 2.18 – Fausses réponses négatives au filtrage multi-échelle (1). De gauche à droite : un angiogramme original, les bifurcations d'intérêt sont repérées en jaune et en vert, la réponse du filtre multi-échelle associé à l'angiogramme, et un agrandissement de la réponse du filtre multi-échelle dans la bifurcation délimitée en jaune. La bifurcation apparaît comme un faux négatif pour le filtrage multi-échelle.

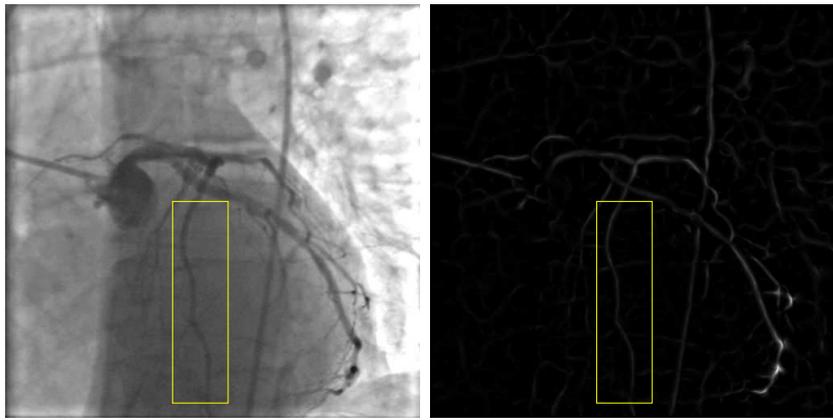


FIG. 2.19 – Fausses réponses négatives au filtrage multi-échelle (2). De gauche à droite : un angiogramme original, dans lequel est repérée en jaune une artère superposée à la colonne vertébrale, et la réponse du filtre multi-échelle associé à l’angiogramme. Les parties superposées à des structures fortement absorbantes peuvent apparaître comme des faux négatifs pour le filtrage multi-échelle.

qu’une structure fortement absorbante vient s’y superposer. C’est en particulier couramment le cas pour les superpositions de parties distales sur le diaphragme ou la colonne vertébrale, comme illustré dans la figure 2.19.

2.2.4 Conclusion

Comme nous l’avons vu dans le paragraphe 2.2.3.4 page 74, les cartes d’intensité obtenues après cette étape de filtrage permettent d’obtenir un rehaussement important des lignes centrales des vaisseaux et, à l’exception des autres structures linéiques contrastées, les structures absorbantes parasites des images sont fortement estompées. Par la suite, nous utiliserons ces cartes multi-échelle comme des cartes de *probabilité* pour un pixel d’être sur la ligne centrale d’une artère coronaire. Cette réponse multi-échelle sera employée de manière omniprésente par la suite, dès que des critères numériques d’attache aux données seront nécessaires.

2.3 Extraction des lignes centrales des artères coronaires

2.3.1 Introduction

Afin de construire des modèles géométriques 2D des lignes centrales dans les images, nous allons recourir à une méthode d’extraction des lignes centrales des artères coronaires. Ce type de méthode a pour objet d’identifier de manière binaire pour chaque pixel s’il est ou non sur la ligne centrale d’une artère coronaire. Nous verrons que la primitive géométrique qui est adaptée à l’extraction des lignes centrales des vaisseaux est une liste de points chaînés. Enfin, nous présenterons des résultats obtenus sur des angiogrammes acquis sur des patients,

et montrerons que les limitations de notre algorithme d'extraction des lignes centrales des artères coronaires se déduisent directement des propriétés de notre algorithme de filtrage.

2.3.2 Généralités

L'extraction des lignes centrales des artères est un processus central dans l'exploitation directe des angiogrammes.

Il existe de nombreuses méthodes d'extraction dites *manuelles* ou *interactives*, selon le degré d'assistance qu'elles requièrent. Certaines d'entre elles [Basset-Merle, 1999; Mourgues et al., 2001] permettent l'extraction rapide (environ 1 minute) des lignes centrales d'un arbre coronaire dans un angiogramme. Néanmoins, les contraintes de l'applicabilité à la routine clinique *interventionnelle* nous restreignent aux méthodes automatiques d'extraction des lignes centrales des vaisseaux.

L'importance d'un tel processus automatique d'extraction lui a valu de susciter beaucoup d'intérêt et d'engendrer la proposition de nombreuses méthodes. On trouve dans [Kirbas et Quek, 2003] une revue exhaustive des différentes méthodes existantes pour l'extraction des lignes centrales des vaisseaux. L'auteur distingue :

- les approches par modèle,
- les approches par suivi,
- les approches par intelligence artificielle,
- les approches par reconnaissance de motif,
- les approches par réseaux de neurones.

Les approches par modèles et par suivi consistent essentiellement à chercher dans l'image les objets possédant la forme et la topologie recherchées *a priori*. Cela peut se faire par des modèles déformables qui, partant d'une position initiale imparfaite, vont converger vers un des objets dans l'image [Kass et al., 1987; McInerney et Terzopoulos, 1995; Menegaz et Lancini, 1996], par des modèles paramétriques qui vont chercher à s'ajuster dans l'espace des formes admises, de manière à s'adapter au mieux à l'image [Pellet et al., 1994; Lorigo et al., 2001], ou encore par la recherche exhaustive ou stochastique de formes dans l'image, ces formes appartenant à un ensemble prédéfini et complet. Il est aussi possible d'ajouter l'information donnée par un modèle hiérarchique de l'arbre coronaire, sous forme d'arbre ou de graphe [Ezquerria et al., 1998; Haris et al., 1999; Chalopin et al., 2001].

Nous n'avons pas retenu ces méthodes car soit elles impliquent des processus d'optimisation très coûteux et dont la convergence n'est pas assurée (modèles déformables et paramétriques), soit elles requièrent la définition précise de l'ensemble des structures que l'on recherche, ce qui est une tâche particulièrement complexe dans le cas de l'extraction des lignes centrales des artères coronaires.

Les méthodes par intelligence artificielle requièrent la définition d'un modèle général de vaisseaux et définissent des classificateurs permettant de discriminer les structures respectant ce modèle. La définition d'un modèle général de vaisseau étant un problème délicat [Smets et al., 1988] et les temps de mise en œuvre et de calcul de ces méthodes étant importants, nous ne les avons pas étudiées plus en détail.

Les méthodes par reconnaissance de motif peuvent être considérées comme les plus

directes et requièrent une bonne qualité d'image en entrée. En effet, elles sont basées sur un traitement brut de l'image, en général avec des techniques de seuillage et de détermination de composantes connexes [Canny, 1983; Poli et Valli, 1996]. Bien entendu, la technique de seuillage doit être d'autant plus adaptée que la visibilité des structures d'intérêt dans l'image fournie est dégradée. Parallèlement, des méthodes basées sur la morphologie mathématique se ramenant au même type d'hypothèses sous-jacentes ont aussi été développées [Figueiredo et Leitao, 1995].

Nous avons choisi d'utiliser les méthodes par reconnaissance de motif car elles se positionnent parfaitement dans la continuité de notre méthode de filtrage. Nous allons voir que le filtrage des images rehausse suffisamment les lignes centrales des artères coronaires pour que leur extraction puisse être effectuée via l'extraction de maxima directionnels locaux et l'application d'un seuillage par hystérésis.

2.3.3 Méthode utilisée

L'extraction des lignes centrales des artères coronaires à partir du filtre rehausseur de vaisseau va être effectuée en quatre étapes :

- normalisation des filtres sur l'ensemble de la séquence,
- extraction de maxima directionnels locaux,
- seuillage par hystérésis,
- chaînage des points.

2.3.3.1 Normalisation

Afin de pouvoir utiliser, par la suite, des critères numériques mettant en jeu des pondérations normalisées, indépendantes des jeux de données, l'ensemble des cartes de réponse au filtre multi-échelle doivent être normalisées. Cette normalisation peut être effectuée image par image ou bien sur l'ensemble de la séquence.

Nous utilisons une normalisation sur l'ensemble de la séquence. En effet, les images n'apportent pas une information de qualité ou de pertinence égales. Certaines images sont moins injectées que d'autres, dans les phases précoce et tardive, certaines présentent plus de superpositions que d'autres, en particulier avec la colonne vertébrale. Le poids accordé aux points des lignes centrales extraites ne doit pas être homogène entre des images auxquelles nous n'accordons pas la même confiance. Une normalisation des images basée sur l'analyse de la séquence entière permet de tenir compte de cette hétérogénéité.

La méthode utilisée est la suivante : la valeur maximale R_{\max}^* de la réponse du filtre multi-échelle évalué sur *l'ensemble de la séquence* est calculée, puis l'ensemble des cartes de réponse au filtre multi-échelle subit une transformation linéaire N telle que $N(0) = 0$ et $N(R_{\max}^*) = 1$.

2.3.3.2 Maxima directionnels locaux

Comme expliqué dans la description des filtres rehausseurs des lignes centrales des vaisseaux, la ligne centrale correspond à un maximum directionnel local de la réponse du filtre multi-échelle.

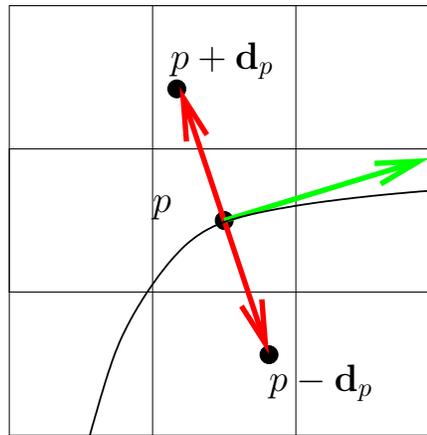


FIG. 2.20 – Détermination des maxima directionnels locaux. Le pixel p est un maximum directionnel local si et seulement si $R^*(p) \geq R^*(p + \mathbf{d}_p)$ et $R^*(p) > R^*(p - \mathbf{d}_p)$.

2.3.3.2.1 Extraction par pixel entier Ce maximum directionnel local est évalué dans la direction orthogonale à l'artère. L'algorithme de détermination des maxima directionnels locaux est le suivant : soit R^* la carte de réponse du filtre multi-échelle normalisée associée à l'angiogramme initial, soit p un pixel de l'image, et \mathbf{d}_p un vecteur unitaire indiquant la direction locale présumée du vaisseau obtenue à partir de l'analyse multi-échelle, alors, le pixel p est considéré comme un maximum directionnel local si et seulement si :

$$\begin{cases} R^*(p) \geq R^*(p + \mathbf{d}_p) \\ R^*(p) > R^*(p - \mathbf{d}_p) \end{cases}$$

Les contraintes d'inégalités sont choisies ainsi (inégalité large et stricte) afin de ne pas écarter deux maxima directionnels locaux d'intensités égales, qui seraient situés côte à côte.

Les deux positions $p \pm \mathbf{d}_p$ ne sont en général pas entières et les valeurs correspondantes de R^* sont évaluées par interpolation bilinéaire, comme montré sur la figure 2.20.

2.3.3.2.2 Extraction par pixel fractionnaire Afin d'accroître la précision spatiale de la détermination des maxima directionnels locaux par cette méthode, nous nous intéressons à l'information à une échelle inférieure au pixel entier contenue dans la réponse au filtre multi-échelle. Pour cela, nous interpolons par une parabole les trois valeurs du filtre multi-échelle évalué au point d'intérêt et en ses deux voisins directionnels. Le maximum local est associé au maximum atteint par la parabole.

Plus formellement, si p est le pixel d'intérêt et \mathbf{d}_p la direction normale présumée au vaisseau en p , alors les deux pixels fractionnaires utilisés pour la comparaison sont $p + \mathbf{d}_p$ et $p - \mathbf{d}_p$. Si l'on considère que la réponse multi-échelle normalisée est fonction du coefficient α de $p + \alpha\mathbf{d}_p$, nous pouvons écrire les trois contraintes suivantes sur la parabole d'interpolation $y(\alpha) = a.\alpha^2 + b.\alpha + c$:

$$\begin{cases} y(-1) = R^*(p - \mathbf{d}_p) = a - b + c \\ y(0) = R^*(p) = c \\ y(1) = R^*(p + \mathbf{d}_p) = a + b + c \end{cases}$$



FIG. 2.21 – Résultat de l'extraction des maxima directionnels locaux. De gauche à droite : angiogramme original, réponse multi-échelle associée et ensemble des maxima directionnels locaux de la réponse multi-échelle. Les lignes centrales des artères coronaires sont contenues dans cet ensemble mais sont noyées dans la multitude de structures parasites extraites.

La résolution de ce système donne pour valeur optimale :

$$\alpha^* = \frac{R^*(p - \mathbf{d}_p) - R^*(p + \mathbf{d}_p)}{2(R^*(p + \mathbf{d}_p) + R^*(p - \mathbf{d}_p) - 2R^*(p))}$$

Le pixel fractionnaire donnant le maximum directionnel local interpolé est donc $p + \alpha^* \mathbf{d}_p$.

En appliquant cette méthode à l'ensemble des pixels, nous obtenons une information par pixel fractionnaire sur la localisation des lignes centrales des artères coronaires.

En pratique, nous avons préféré l'extraction par pixel fractionnaire pour la précision supplémentaire qu'elle procure sans pour autant ajouter de surcoût calculatoire significatif.

La figure 2.21 montre un exemple d'extraction des maxima directionnels locaux sous-pixeliques à partir de la réponse multi-échelle associée à un angiogramme.

Comme la détection est faite à l'échelle du pixel, les points extraits par la sélection des maxima directionnels locaux ont des distances successives comprises entre 1 pixel et 2 pixels.

L'ensemble de ces points présentant un maximum directionnel local pour la réponse du filtre multi-échelle contient les lignes centrales des artères coronaires mais aussi beaucoup d'autres structures indésirables. Nous allons donc appliquer un seuillage à ces points afin de ne garder que ceux qui sont significatifs.

2.3.3.3 Seuillage par hystérésis

Afin d'extraire les lignes centrales des artères coronaires, nous allons appliquer un *seuillage par hystérésis* à l'ensemble des maxima directionnels locaux extraits. Ce type de seuillage est reconnu comme plus robuste au bruit qu'un seuillage simple, en particulier dans la détection de structures connexes.

Le terme *hystérésis* désigne le fait pour un effet de perdurer au-delà de la cause qui l'a engendré. Dans le cadre de l'extraction des lignes centrales des vaisseaux, cela revient à

conserver la structure connexe de l'objet extrait même en présence d'une détérioration locale du critère d'appartenance. Un seuillage par hystérésis agit de la manière suivante : un seuil bas \mathcal{Q}_{bas} et un seuil haut $\mathcal{Q}_{\text{haut}}$ étant fixés, les ensembles retenus par ce seuillage sont les ensembles *connexes* de points, pris dans les images, dont au moins un point a une intensité supérieure ou égale au seuil haut (la cause) et dont tous les points ont une intensité supérieure ou égale au seuil bas (l'effet qui perdure). Il est possible, en outre, d'imposer une contrainte sur le nombre minimum de points que doit contenir une composante connexe pour être retenue.

Typiquement, la valeur de seuil haut doit être une valeur moyenne du filtre multi-échelle évalué sur les lignes centrales des artères et le seuil bas doit être une valeur moyenne du filtre multi-échelle évalué sur l'ensemble des artères.

Pour déterminer ces seuils, nous utilisons des quantiles calculés sur l'histogramme cumulé des réponses du filtre multi-échelle. Ces quantiles sont déduits de valeurs typiques de la surface relative occupée dans les images par les lignes centrales des structures d'intérêt pour le seuil haut et par les structures d'intérêt elles-mêmes pour le seuil bas. Nos expériences nous ont conduit à des valeurs typiques pour les quantiles pris sur l'histogramme cumulé des réponses du filtre multi-échelle sur l'ensemble de la séquence de $\mathcal{Q}_{\text{haut}} = 0,98$ et $\mathcal{Q}_{\text{bas}} = 0,90$.

Le nombre minimum de points par composant connexe que nous avons utilisé est 5 pixels. Les structures extraites pour des valeurs inférieures sont le plus souvent issues du bruit présent dans les images. Si nous augmentons cette valeur, des structures coronaires peuvent être perdues. Pour la contrainte de connexité en deux dimensions, nous avons utilisé la 8-connexité, qui est un choix naturel en l'absence de directions de recherche privilégiées.

Le résultat de ce seuillage est un sous-ensemble des maxima directionnels locaux qui vérifient les propriétés du seuillage par hystérésis appliqué à la valeur de la réponse multi-échelle normalisée en ces maxima et qui forment des composantes connexes suffisamment importantes. Cet ensemble de points extraits de l'angiogramme de départ est considéré comme une image binaire valant 0 dans les zones ne satisfaisant pas aux conditions sur les seuils haut et bas, c'est-à-dire où il n'y a probablement pas de vaisseau, et 1 dans les zones où il y a probablement un vaisseau.

La figure 2.22 montre le résultat d'une extraction automatique des lignes centrales des artères coronaires à partir du seuillage par hystérésis, appliqué aux maxima directionnels locaux d'une carte de réponse du filtre multi-échelle.

2.3.3.4 Chaînage

À l'issue du seuillage par hystérésis, les ensembles de points extraits ne sont pas structurés. Pourtant, les artères coronaires forment un objet connexe par morceaux, chaque morceau correspondant à une branche. La structure sous-jacente pour une ligne centrale d'un arbre coronaire correspond donc non pas à un ensemble de points isolés mais à une chaîne de points. Il nous faut donc donner aux lignes centrales extraites une structure de chaînes de points.

L'algorithme de chaînage va donner la structure d'ensemble de chaînes de points à un ensemble de points isolés. Il consiste à parcourir l'ensemble des points considérés isolés et à regrouper dans une même chaîne de points les points se situant dans des pixels voisins (en 8-connexité). En pratique, nous avons utilisé l'algorithme décrit dans [Giraudon, 1987].

Le résultat de cette étape est l'obtention des lignes centrales des artères coronaires, qui sont extraites dans chaque image et structurées sous forme d'une liste de chaînes de points.

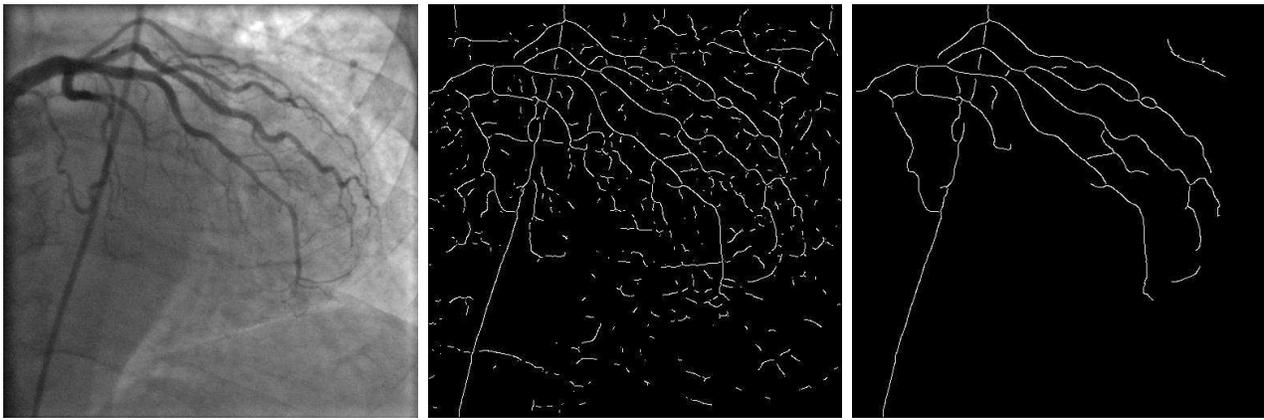


FIG. 2.22 – Extraction des lignes centrales par seuillage par hystérésis. De gauche à droite : angiogramme original, ensemble des maxima directionnels locaux extraits à partir de la carte de réponse du filtre multi-échelle, et extraction automatique des lignes centrales des vaisseaux par seuillage par hystérésis appliqué aux maxima directionnels locaux.

2.3.3.5 Résultats

Dans la figure 2.23, nous présentons deux exemples des résultats que produit notre méthode automatique d'extraction des lignes centrales.

L'extraction des lignes centrales des artères coronaires dans un angiogramme de résolution 512^2 donne typiquement entre 3 000 et 5 000 points 2D.

2.3.3.6 Limitations

Les limitations de notre méthode d'extraction des lignes centrales des vaisseaux tiennent essentiellement aux imperfections du filtrage multi-échelle, décrites dans le paragraphe 2.2.3.5 page 75.

D'une part, de la même manière que le filtrage multi-échelle est moins performant au niveau des bifurcations, l'extraction automatique des lignes centrales des artères coronaires échoue parfois à conserver la structure connexe des artères au voisinage de bifurcations d'artères de gros calibre. La figure 2.24 montre un cas où une telle difficulté se produit.

Néanmoins, ces problèmes sont peu préjudiciables à la suite de notre travail car peu d'information géométrique est perdue (peu de points sont exclus). En outre, l'information hiérarchique (la structure de graphe) est perdue, mais nous l'ignorons systématiquement car elle est peu fiable, à cause des multiples superpositions.

D'autre part, le filtrage multi-échelle est moins performant pour les artères fortement superposées. Cela induit parfois la non-extraction des lignes centrales d'importantes branches d'artères, comme illustré dans la figure 2.25.

Dans ce cas, une information importante est perdue et cela nous oriente dans notre choix d'algorithmes subséquents qui devront être robustes vis-à-vis de ces défauts dans le modèle 2D issu de l'extraction des lignes centrales des artères coronaires.

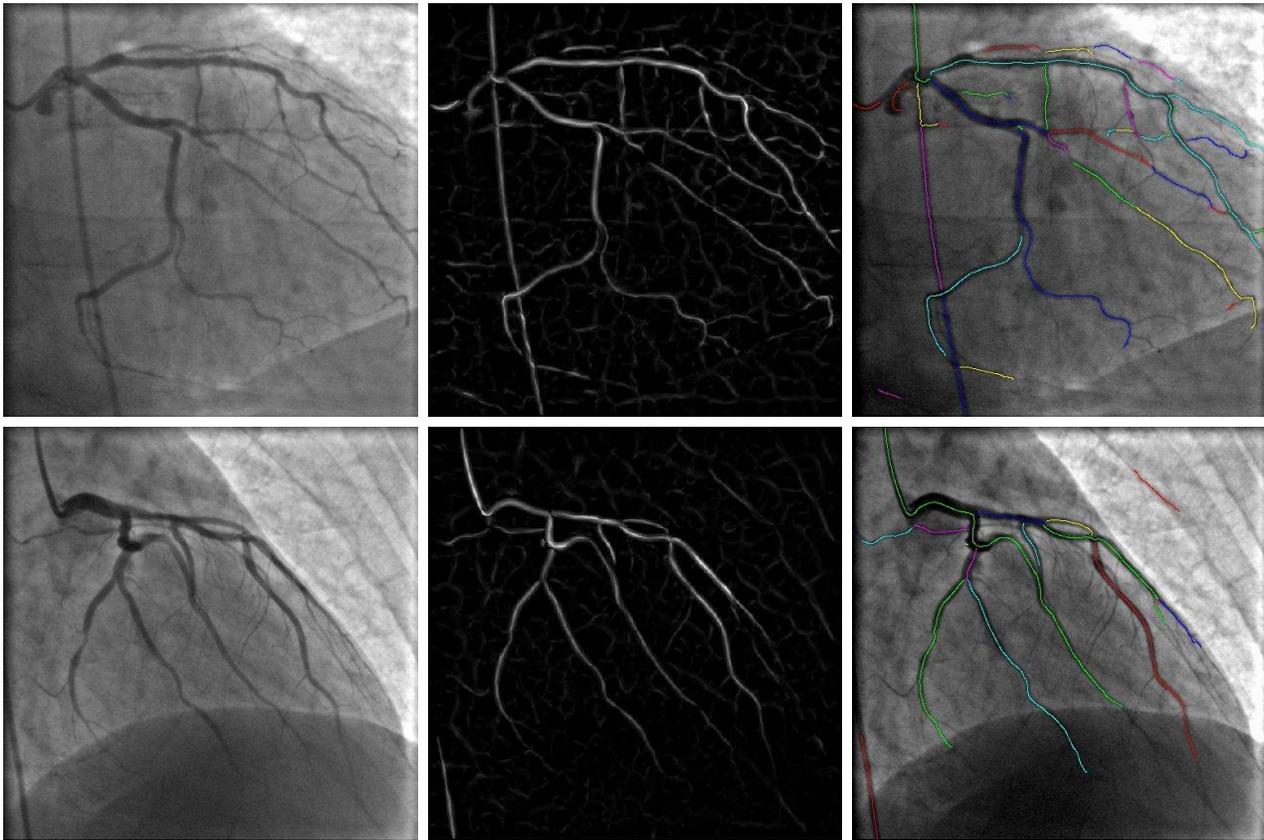


FIG. 2.23 – Résultats de l'extraction automatique des lignes centrales. En haut et en bas, de gauche à droite : angiogramme original, réponse du filtre multi-échelle et résultat de l'extraction des lignes centrales des artères coronaires sous la forme de listes de points chaînés. Les listes sont différenciées par leur couleur.

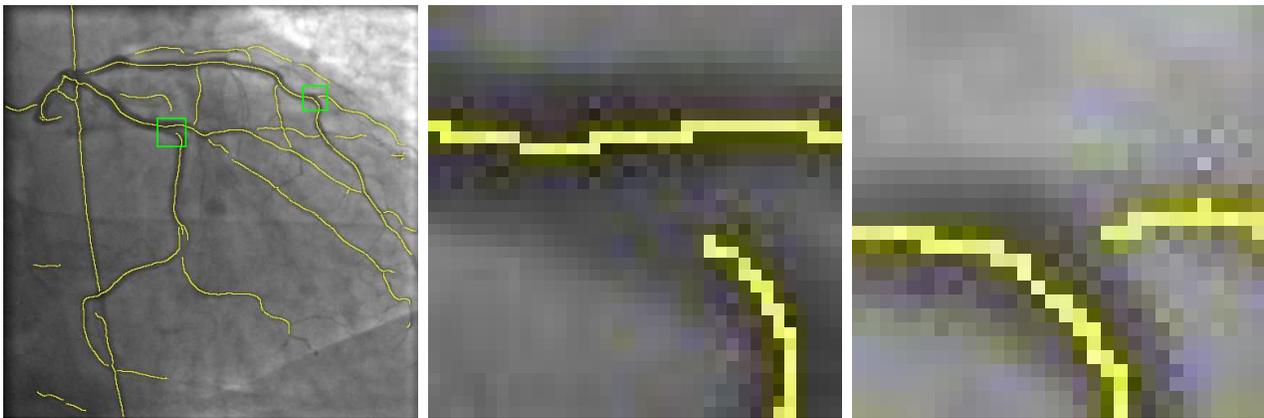


FIG. 2.24 – Défaut d'extraction des lignes centrales sur une bifurcation. De gauche à droite : lignes centrales extraites à partir d'un angiogramme original, deux bifurcations d'intérêt sont délimitées en vert, et des agrandissements des deux zones délimitées. Dans ce cas, l'extraction des lignes centrales est incomplète au niveau de ces bifurcations : quelques points sont perdus. Une bifurcation est une forme localement plane et non linéique.

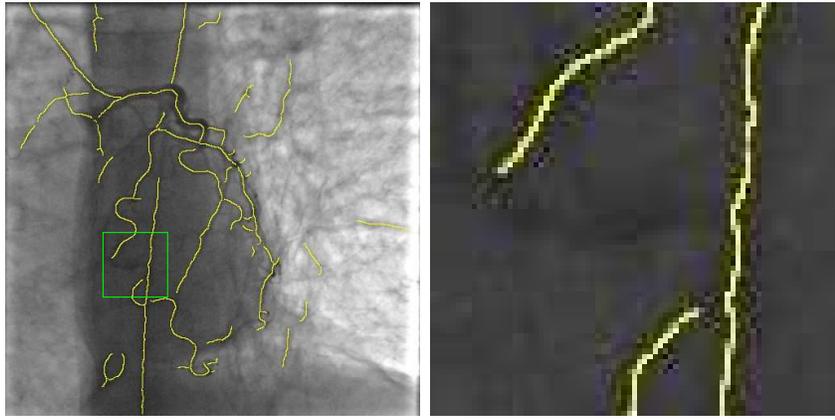


FIG. 2.25 – Défaut d'extraction des lignes centrales sur une superposition. À gauche, un angiogramme dont les lignes centrales ont été extraites automatiquement, une zone d'intérêt superposée à la colonne vertébrale est délimitée en vert, à droite, un agrandissement de la zone délimitée. Une partie de la ligne centrale de l'artère n'est pas extraite à cause de la superposition à la colonne vertébrale.

2.3.4 Conclusion

À l'issue de ces étapes de filtrage puis d'extraction des lignes centrales des vaisseaux, nous sommes en mesure de donner, pour tout angiogramme d'une séquence de projections rayons X, une carte de réponse donnant un critère numérique fiable d'appartenance à la ligne centrale d'une artère coronaire et d'en dériver une extraction automatique des lignes centrales des artères coronaires, qui nous donne une première modélisation de ces artères coronaires, sous forme d'une liste de points chaînés.

Tirant avantage de la trajectoire rotationnelle de l'acquisition, nous allons maintenant combiner les lignes centrales extraites à partir d'angiogrammes acquis sous différentes orientations pour obtenir, par stéréoscopie, une première information tridimensionnelle : une reconstruction 3D des lignes centrales des artères coronaires.

Chapitre 3

La reconstruction 3D des lignes centrales des artères coronaires

Sommaire

3.1	Appariement des lignes centrales extraites	88
3.1.1	Introduction	88
3.1.2	Généralités	89
3.1.3	Méthode utilisée	90
3.1.3.1	Renormalisation des cartes multi-échelle	90
3.1.3.2	Détermination d'images quasi synchrones	91
3.1.3.3	Appariement deux à deux des lignes centrales extraites	94
3.1.3.4	Critères d'optimalité	100
3.1.3.5	Optimisation par programmation dynamique	108
3.1.3.6	Exclusion <i>a posteriori</i> des faux appariements	111
3.1.3.7	Symétrisation de l'algorithme	111
3.1.3.8	Fusion des modèles géométriques	113
3.1.3.9	Limitations	116
3.1.4	Conclusion	116
3.2	Ajustement de faisceau	117
3.2.1	Introduction	117
3.2.2	Généralités	117
3.2.3	Méthode utilisée	118
3.2.3.1	Hypothèses physiologiques sur la respiration	118
3.2.3.2	Paramètres sujets à correction	119
3.2.3.3	Critère d'optimalité	119
3.2.3.4	Optimisation	121
3.2.3.5	Résultats	121
3.2.3.6	Extension de l'ajustement aux images intermédiaires	122
3.2.3.7	Limitations	124
3.2.4	Conclusion	124
3.3	Valeur ajoutée clinique de la reconstruction 3D des lignes centrales	125

Dans ce chapitre, nous allons décrire notre méthode de reconstruction 3D des lignes centrales des artères coronaires. Cette étape est effectuée par l'appariement des points composant les lignes centrales extraites dans des angiogrammes acquis sous des points de vue différents. Une fois l'appariement des lignes centrales des artères coronaires effectué, une reconstruction stéréoscopique permet de retrouver la troisième dimension (la profondeur) qui est perdue par la modalité d'acquisition projective.

Cette étape d'appariement suppose que les paramètres géométriques soient parfaitement connus et que l'objet observé, le cœur, n'ait pas bougé entre les temps d'acquisition des différentes vues. Il nous faut donc d'abord sélectionner au sein d'une même séquence de projections un ensemble d'images synchrones, ou quasi synchrones, vis-à-vis du cycle cardiaque afin de ne conserver, pour la reconstruction tridimensionnelle, que des images présentant le cœur dans une même position géométrique. Il nous faut pour cela supposer que le mouvement des artères coronaires est reproductible spatialement.

Par ailleurs, comme le blocage de la respiration du patient ne fait pas partie de la routine clinique et que la connaissance des paramètres géométriques d'acquisition n'est pas parfaite, nous avons introduit une méthode de compensation qui permet de corriger le bouger respiratoire du patient et d'éventuelles imprécisions dans la calibration géométrique du système d'acquisition.

Pour chacune de ces deux étapes d'appariement et de correction, nous présenterons brièvement les méthodes existantes, puis les formulations que nous avons choisies, en expliquant leurs hypothèses sous-jacentes et leurs spécificités. Nous montrerons les résultats obtenus pour des séquences réelles acquises sur des patients. Enfin, nous analyserons les limitations de nos méthodes et les mettrons en regard de leurs hypothèses.

3.1 Appariement des lignes centrales extraites

3.1.1 Introduction

La mise en correspondance de points des lignes centrales des artères coronaires, extraites dans des angiogrammes acquis sous des points de vue différents, permet de reconstruire leur position en 3D, à partir de considérations géométriques.

L'hypothèse de base de ce processus est la suivante : dans une séquence rotationnelle de projections rayons X, nous pouvons sélectionner plusieurs angiogrammes, acquis depuis des points de vue différents, qui montrent les artères coronaires observées au même instant du battement cardiaque. Cela revient à supposer que les artères coronaires présentent la même géométrie à une phase cardiaque donnée, c'est-à-dire que leur mouvement est cyclique. Ces angiogrammes sont dits synchrones vis-à-vis du cycle cardiaque.

La mise en correspondance des ensembles de lignes centrales associés à ces angiogrammes synchrones peut alors être effectuée à partir de l'information contenue dans les images et d'indices géométriques ou logiques et permet de reconstruire la composante tridimensionnelle des lignes centrales des artères coronaires.

Dans cette section, nous allons dans un premier temps exposer les différentes méthodes

de mise en correspondance proposées dans la littérature. Nous décrirons notre méthode et expliciterons ses spécificités. Nous présenterons ensuite nos résultats et nous en analyserons les limitations.

3.1.2 Généralités

De toutes les modélisations proposées dans cette thèse, c'est la reconstruction tridimensionnelle des lignes centrales des artères coronaires qui a suscité le plus de recherches, de publications et d'essais de validation clinique. Pour autant, aucune des méthodes développées dans ces recherches n'est actuellement utilisée en routine clinique. Elles souffrent en effet soit d'un déficit d'automatisation, soit d'une robustesse insuffisante au bruit dans les données.

Dans un premier temps, nous décrirons les types d'acquisition et les hypothèses sur lesquelles reposent ces différents travaux. Dans un second temps, nous tenterons de déterminer leur degré d'automatisation et de qualité, ce qui nous mènera naturellement à la proposition de notre méthode.

Les méthodes de stéréoscopie que nous allons voir supposent que l'on observe une même scène selon des points de vues différents (*stereo* signifie *solide* en grec). Les méthodes de reconstruction font donc toutes l'hypothèse de la synchronicité, plus ou moins parfaite, des prises de vues, afin d'en assurer la cohérence. Une fois formulée cette hypothèse de synchronicité, reconstruire en 3D les lignes centrales des artères coronaires est équivalent à reconstruire des courbes 3D à partir de vues projectives 2D de ces courbes : c'est le principe de la stéréoscopie.

Nous pouvons, d'une part, différencier les méthodologies proposées par le nombre d'images qu'elles requièrent et, d'autre part, par le mode d'appariement qu'elles utilisent et le type d'information *a priori* sur lesquelles elles sont basées.

La donnée d'une seule vue est naturellement insuffisante car, dans ce cas, pour un point de l'image, il existe une infinité de reconstructions 3D (ou antécédents par l'application de projection) qui réalisent la projection. La plupart des méthodes requiert simplement deux vues, ce qui est le nombre minimal pour avoir à résoudre un problème bien posé au sens de Hadamard (existence, unicité et continuité de la solution par rapport aux données) dans le cas de l'appariement de deux courbes.

Même s'il existe des méthodes utilisant plusieurs séquences monoplans statiques [Nguyen et Sklansky, 1994; Basset-Merle, 1999], c'est le plus souvent l'acquisition par un système biplan qui est retenue pour fournir de tels couples d'images quasi synchrones (en fait, les images sont acquises de manière alternée et donc chaque couple d'image est décalé d'une demi-période d'acquisition). De nombreuses approches ont été proposées pour l'appariement à partir de ce type d'acquisition [Kitamura et al., 1988; Wahle et al., 1991; Henri et Peters, 1996b] et leur intérêt discuté [Wahle et al., 1995; Henri et Peters, 1996a; Klein et al., 1998; Wellnhofer et al., 1999].

Une fois deux angiogrammes synchrones donnés, pour déterminer les mises en correspondances, on peut utiliser de l'information d'appariement de nature :

- explicite, donnée au moment de l'extraction des lignes centrales des artères coronaires dans plusieurs vues par un utilisateur expérimenté sachant identifier les artères dans les projections rayons X, éventuellement aidé par un outil semi-interactif [Solzbach et al., 1994; Mourgues et al., 2001], basé, par exemple, sur une technique de type *ciseaux intelligents* [Mortensen et Barrett, 1995],
- géométrique, telle que la position des bifurcations trouvées par le processus d'extraction des lignes centrales, la courbure le long des artères [Nguyen et Sklansky, 1994; Basset-Merle, 1999],
- topologique, en supposant la connexité de l'arbre coronaire et en exploitant sa structure d'arbre (en 3D) ou de graphe (en 2D) [Henri et Peters, 1996b; Wahle et al., 1996; Chen et Carroll, 1998a; Basset-Merle, 1999],
- physiologique, en utilisant la connaissance anatomique d'un arbre coronaire *moyen* [Garreau et al., 1991; Windiga et al., 1998; Chalopin et al., 2001].

Une fois explicitée via un critère numérique, la cohérence de ces informations est assurée le plus souvent de manière analytique, mais aussi de manière itérative par minimisation d'une fonction objectif [Payot et al., 1996; Pellot et al., 1994].

Devant la difficulté à lever les ambiguïtés d'appariement de deux images (se référer à la figure 3.6) de manière à la fois robuste à l'indétermination et automatique, de nombreux auteurs ont proposé d'utiliser plus de deux vues, afin de contraindre davantage l'appariement des points des lignes centrales [Parker et al., 1988; Wu et Parker, 1990; Klotz et al., 1992; Launay et al., 1996]. Comme expliqué très largement dans [Ayache, 1989] et [Faugeras, 1993] et détaillé dans [Faugeras et Robert, 1996], il y a un avantage théorique très important à prendre en compte des vues supplémentaires pour la levée des ambiguïtés d'appariement.

Dans notre souci de parvenir à une résolution entièrement automatique, nous nous sommes naturellement tournés vers les méthodes utilisant plus de deux vues. Ce choix est en complète adéquation avec notre mode d'acquisition rotationnel, qui permet typiquement l'observation de 3 à 7 vues d'une même phase cardiaque fixée.

3.1.3 Méthode utilisée

3.1.3.1 Renormalisation des cartes multi-échelle

Dans notre processus d'appariement, nous verrons que nous aurons besoin d'un critère numérique traduisant la vraisemblance d'appartenance à la ligne centrale d'un vaisseau pour un point 2D dans une image. La solution naturelle à ce besoin est l'utilisation des cartes de réponse au filtre multi-échelle de rehaussement des lignes centrales de vaisseaux.

Afin de garantir une chance égale pour chaque ligne centrale de vaisseau extraite d'être appariée, nous devons homogénéiser les réponses au filtre multi-échelle entre les différents vaisseaux d'une même image.

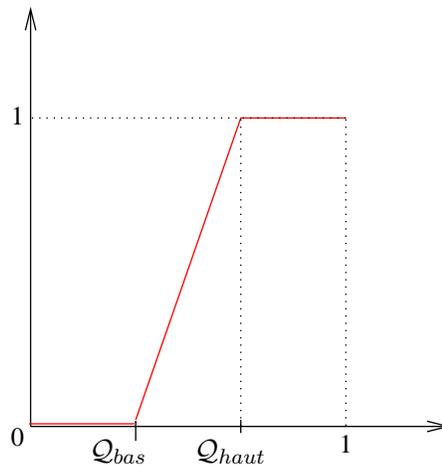


FIG. 3.1 – Fonction de normalisation du filtre rehausseur de vaisseaux. Fonction de recadrage linéaire pour la renormalisation des angiogrammes, définie par les seuils haut et bas du seuillage par hystérésis.

Nous allons réutiliser les seuils Q_{haut} et Q_{bas} calculés sur l'ensemble de la séquence et appliqués au seuillage par hystérésis, dans la partie 2.3.3.3 page 82. Considérant que le seuil haut Q_{haut} retenu pour le seuillage par hystérésis est une valeur moyenne pour le niveau de réponse au filtre multi-échelle pour les points étant sur des lignes centrales, nous appliquons cette valeur comme seuil haut sur l'ensemble des cartes de réponse au filtre multi-échelle sur la séquence entière. De la même manière, le seuil bas Q_{bas} utilisé pour le seuillage par hystérésis donne une valeur moyenne pour le niveau de réponse au filtre multi-échelle pour les points étant à l'intérieur des vaisseaux. Nous appliquons donc cette valeur comme seuil bas sur l'ensemble des cartes de réponse au filtre multi-échelle.

La figure 3.1 montre le profil de la fonction de recadrage linéaire que nous utilisons pour cette renormalisation.

Par cette méthode de renormalisation, l'intensité du filtre sur les vaisseaux d'une même image est homogénéisée, comme montré dans la figure 3.2. Dans le même temps, les images de faible pertinence conservent des valeurs de réponse inférieures à celles des images de forte pertinence. Bien entendu, d'autres normalisations plus élaborées (en particulier plus lisses) sont envisageables, en particulier par des fonctions de type sigmoïdal.

Par la suite, la notation R^* se rapportera aux cartes multi-échelle renormalisées.

3.1.3.2 Détermination d'images quasi synchrones

Afin de nous placer dans le cadre des hypothèses de la stéréoscopie, nous devons déterminer des vues décrivant un objet le plus immobile possible. La combinaison de la rotation et de la périodicité du battement cardiaque permet d'observer l'arbre coronaire dans une même phase depuis des points de vue différents, avec un décalage temporel d'un nombre entier de périodes. Par la suite, ces images quasi synchrones de l'arborescence coronaire seront appelées *images de référence*.



FIG. 3.2 – Effet de la normalisation du filtre rehausseur de vaisseaux. De gauche à droite : angiogramme original, réponse du filtre multi-échelle avant renormalisation et après renormalisation : les zones de surintensités locales, cerclées de jaune dans l’image initiale, apparaissent homogénéisées dans l’image finale. Les différences de réponses entre les différents vaisseaux, dans une même image, sont fortement réduites.

La méthode la plus répandue pour la détermination d’images synchrones du point de vue du battement cardiaque est l’utilisation du signal ECG. Nous proposons de nous affranchir de ce type de mesure avec une méthode se basant uniquement sur l’analyse du mouvement dans les images.

La première raison de ce choix est l’absence d’acquisition de ce signal ECG dans la nouvelle génération de système d’angiographie cardiaque du partenaire industriel de ce travail. La seconde raison de ce choix est la difficulté de l’interprétation du signal ECG. D’une part, la corrélation entre signal électrique mesuré et battement cardiaque mécanique observé dans les images n’est pas parfaite. D’autre part, le signal ECG sur des patients examinés en routine clinique, c’est-à-dire souffrant le plus souvent de pathologies cardio-vasculaires souvent graves et donc de troubles du rythme, est souvent erratique. L’analyse du signal ECG de patients malades est un exercice en soi, et requiert une expertise et une expérience médicales. Nous préférons donc ne pas dépendre d’une analyse d’une telle difficulté et choisissons de déterminer les images synchrones de manière automatique, à partir de la seule information contenue dans les images.

Dans un premier temps, en l’attente d’une méthode automatique fiable, nous avons déterminé les images synchrones *visuellement*, en suivant le mouvement (principalement dans sa composante verticale) du tronc coronaire. En effet, on observe qu’au cours du battement cardiaque, durant la contraction le tronc coronaire descend, se stabilise (en fin de systole, dite *télé-systole*), puis remonte durant la relaxation, et enfin se restabilise (en fin de diastole, dite *télé-diastole*).

Parallèlement à notre travail, une méthode de détermination automatique des images synchrones a été proposée et mise en œuvre par Maria-Magdalena Nay au cours de son stage de fin d’étude dans l’équipe des Applications Médicales Avancées au sein de General Electric Medical Systems. Cette méthode a ensuite été améliorée et prototypée par Caroline Barbaray dans le même cadre.

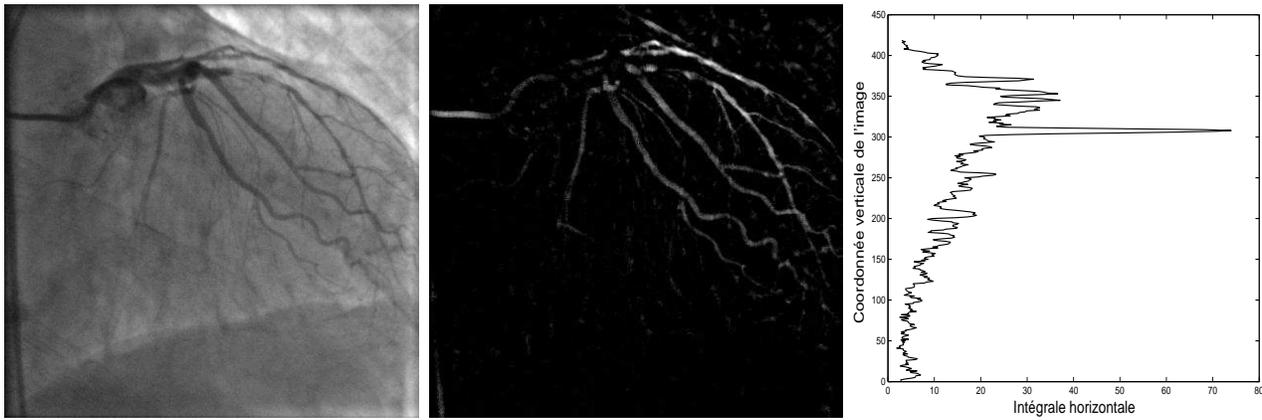


FIG. 3.3 – Détermination des intégrales horizontales. De gauche à droite : un angiogramme original, l'image de contraste associée, et le vecteur des intégrales horizontales de l'image de contraste.

L'idée générale de cette méthode est la suivante : le plan d'acquisition se situe selon une coupe axiale du patient, on observe la composante verticale du mouvement en intégrant sur les lignes horizontales la valeur d'une image de contraste des vaisseaux (figure 3.3).

Le calcul précédent donne une fonction unidimensionnelle de la coordonnée verticale. Cette étape est répétée pour toutes les images de la séquence. Nous obtenons donc une fonction de la coordonnée verticale et du temps.

Si nous faisons l'hypothèse que la composante principale du mouvement respiratoire est dans la direction axiale, comme cela est montré dans [Wang et al., 1995], nous pouvons chercher à déterminer ce mouvement à partir de ces intégrales horizontales. Entre deux instants consécutifs, nous déterminons la composante verticale du mouvement en cherchant la translation verticale qui minimise la différence entre les intégrales horizontales. En répétant ce calcul sur une succession d'instant, nous obtenons une fonction du temps donnant une estimation du déplacement vertical par rapport à une image de référence. Comme illustré dans la figure 3.4, ce signal présente une forme globalement *périodique*, il comporte un signal haute fréquence, le battement cardiaque, et un signal basse fréquence, le mouvement respiratoire.

Il est maintenant possible :

- de déterminer une *période* approximative du mouvement vertical de l'arbre coronaire dans les projections par l'analyse de l'auto-corrélation de la fonction du mouvement vertical,
- d'identifier des images synchrones en phase de télé-diastole en sélectionnant les images correspondant aux maxima locaux de la fonction du mouvement vertical, ou en phase de télé-systole en sélectionnant les minima locaux.

En pratique, nous préférons la phase de télé-diastole car sa durée de stabilité est plus longue et elle correspond à un état relaxé des vaisseaux, limitant donc leur tortuosité et leur superposition.

Les images quasi synchrones dont nous disposons maintenant sont séparées deux à deux par la durée d'*un* cycle cardiaque. Ces images synchrones sont typiquement au nombre de 3 à

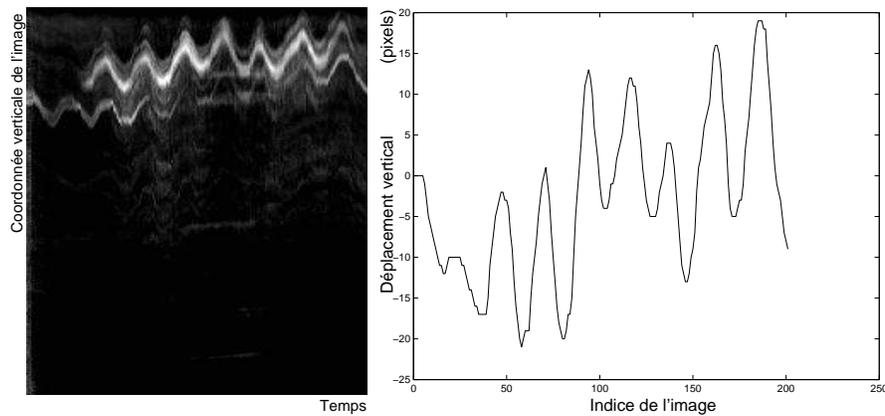


FIG. 3.4 – Détermination des images synchrones par les intégrales horizontales. De gauche à droite : évolution temporelle du vecteur des intégrales horizontales et courbe du mouvement vertical déterminé par minimisation de la différence des vecteurs consécutifs des intégrales horizontales.

7, selon les conditions d'acquisitions (amplitude de la rotation, période cardiaque du patient). Prenant en compte la vitesse de rotation, l'angle entre deux vues successives est typiquement de 20 à 40°.

3.1.3.3 Appariement deux à deux des lignes centrales extraites

Une fois déterminé un ensemble d'*images de référence*, choisies quasi synchrones vis-à-vis du cycle cardiaque, nous pouvons mettre en correspondance les points des lignes centrales des artères coronaires extraites dans ces images. Comme expliqué dans la partie suivante, nous avons choisi de mettre en correspondance *deux à deux* ces ensembles de lignes centrales extraites. Une fois les appariements déterminés, les points correspondants peuvent être reconstruits en 3D par stéréoscopie.

3.1.3.3.1 Pourquoi *deux* ensembles de lignes centrales ? Contrairement à la plupart des méthodes existantes, nous avons décidé de mettre les ensembles de lignes centrales en correspondance deux à deux et non pas toutes ensemble simultanément. Nous expliquons ce choix par le fait que les lignes centrales des vaisseaux que nous prenons en entrée pour cette étape sont calculées de manière automatique et peuvent souffrir de certaines imperfections, comme expliqué dans le paragraphe 2.3.3.6 page 84. Si nous utilisons une méthode mettant en correspondance tous les ensembles de lignes centrales simultanément le taux d'appariements corrects serait trop faible.

À titre illustratif, notons n le nombre d'images de référence dont les lignes centrales extraites sont à mettre en correspondance. Pour chaque ensemble de lignes centrales S_i extraites dans l'angiogramme d'indice i , nous notons p_i la probabilité, pour un point 3D sur la ligne centrale d'une artère coronaire, que sa projection 2D dans l'image i soit extraite. Alors, si l'on considère le processus de détection indépendant selon les images, la probabilité que les projections 2D d'un point 3D d'une ligne centrale soient correctement extraites dans toutes

les images est $\prod_i p_i$. Nous pouvons voir cette multiplication comme un *et* logique. Cette probabilité tend très rapidement vers 0 dès que les p_i s'éloignent de 1 et que le nombre d'images augmente.

Au contraire, si l'on décide d'apparier toutes les combinaisons de deux ensembles de lignes centrales, alors la probabilité qu'au moins deux de ses projections 2D dans les images soient correctement extraites augmente avec le nombre d'images (c'est un *ou* logique) et ne peut descendre en dessous du produit des deux probabilités les plus hautes $\max_{i,j} p_i \cdot p_j$.

Bien entendu, le fait de n'utiliser simultanément que deux ensembles de lignes centrales posera d'autres problèmes qui n'apparaissent pas dans le cas classique, comme, par exemple, une plus grande incertitude géométrique de reconstruction ou l'asymétrie de l'algorithme à laquelle il faudra remédier.

3.1.3.3.2 Formulation du problème

Contrainte épipolaire Nous disposons de n images de référence $\{I_1, \dots, I_n\}$ quasi synchrones vis-à-vis du cycle cardiaque et des n ensembles de lignes centrales extraites associées $\{S_1, \dots, S_n\}$. Nous voulons apparier deux de ces ensembles S_{i_1} et S_{i_2} , $i_1 \neq i_2$ en utilisant l'information contenue dans les autres images $\{I_i\}_{i=1, \dots, n, i \neq i_1, i_2}$.

Pour cela, nous utilisons en premier lieu la contrainte donnée par la géométrie de l'acquisition : la contrainte épipolaire. Comme le montre la figure 3.5, un point 2D P_1 dans l'image I_1 définit une droite 3D D_{P_1} le joignant à la position S_1 de la source de rayons X pour l'image I_1 sur laquelle le point 3D P correspondant se trouve. Cette droite 3D se projette en une droite 2D $D_{P_1,2}$ dans l'image I_2 . La contrainte épipolaire explicite le fait que le correspondant de P_1 dans l'image I_2 appartient à la droite $D_{P_1,2}$.

Dans le cas de l'appariement de lignes centrales d'artères, la seule contrainte épipolaire est insuffisante car elle ne permet pas de déterminer à coup sûr le correspondant d'un point donné. Pour nos lignes centrales typiques, extraites automatiquement, la répartition du nombre de candidats potentiels sous la contrainte épipolaire se fait de la manière suivante :

- pour quelques rares cas (environ 0,5%) aucun candidat potentiel à l'appariement n'est déterminé (dans le cas d'une extraction de lignes centrales défectueuse par exemple),
- pour une minorité de cas (environ 5%) un seul candidat est admissible sous la contrainte épipolaire,
- dans la plupart des cas (environ 94,5%), plusieurs candidats sont admissibles car la droite épipolaire coupera les lignes centrales extraites dans l'image I_2 en plusieurs points, comme le montre la figure 3.6.

Dans la majorité des cas, il y a donc plusieurs candidats. Chacun d'entre eux définit un point 3D reconstruit différent. Si l'on n'ajoute pas d'information supplémentaire, la levée de l'ambiguïté n'est pas possible.

La figure 3.7 montre un histogramme typique du nombre de candidats potentiels sous la contrainte épipolaire. Dans ce cas, le nombre moyen de candidat est de 4,8 pour une variance de 3,75.

Il est nécessaire d'introduire une information complémentaire aux deux images et à la contrainte épipolaire, afin de contraindre davantage le problème d'appariement.

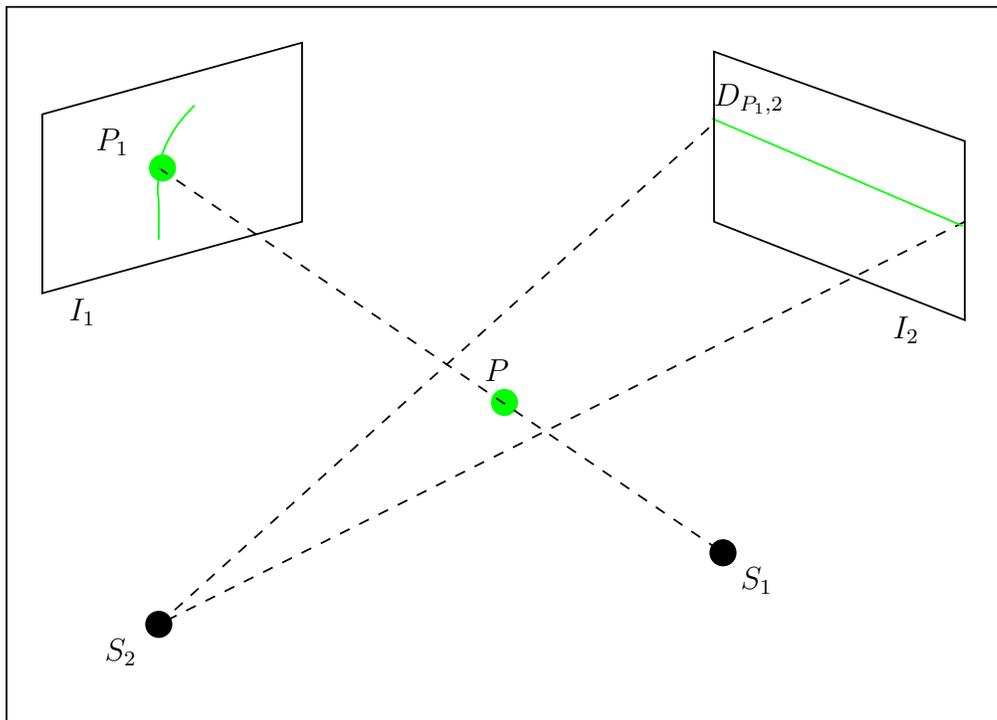


FIG. 3.5 – Contrainte épipolaire sur deux images. Le correspondant de P_1 dans I_2 se trouve sur $D_{P_1,2}$.

Levée d’ambiguïté avec une vue supplémentaire Pour l’appariement de chaque point, nous voulons choisir le bon candidat parmi tous les candidats potentiels, obtenus sous la seule contrainte épipolaire. Pour cela, nous utilisons l’information contenue dans une des vues de référence non encore utilisées. L’idée est la suivante : tous les candidats potentiels sont reconstruits en 3D et reprojétés dans la vue supplémentaire, alors, en l’absence d’erreur géométrique, si un des candidats potentiels est le bon, il se projettera sur une ligne centrale, les autres se projeteront en dehors de toute structure artérielle. La figure 3.8 illustre cette levée d’ambiguïté. L’appariement le plus probable est donc celui qui se reprojette sur la ligne centrale d’un vaisseau.

Pour déterminer de manière automatique quel est l’appariement le plus probable, il suffit donc de savoir donner une mesure de vraisemblance¹ pour un point 2D d’être localisé sur la ligne centrale d’une artère coronaire. Ce type de mesure peut être réalisé grâce aux cartes de réponse multi-échelle.

Une autre information pertinente introduite par la troisième vue est la direction des lignes centrales des vaisseaux. En effet, le filtrage multi-échelle apporte non seulement une information des localisations probables des vaisseaux, mais aussi une information sur l’orientation locale de ces vaisseaux. Ainsi pour chaque point 2D dans une image, nous pouvons donner sa direction locale calculée par filtrage multi-échelle.

Pour un appariement de deux points dans deux images, chacun des points possède une

¹Le terme *vraisemblance* est à prendre au sens commun et non au sens statistique.

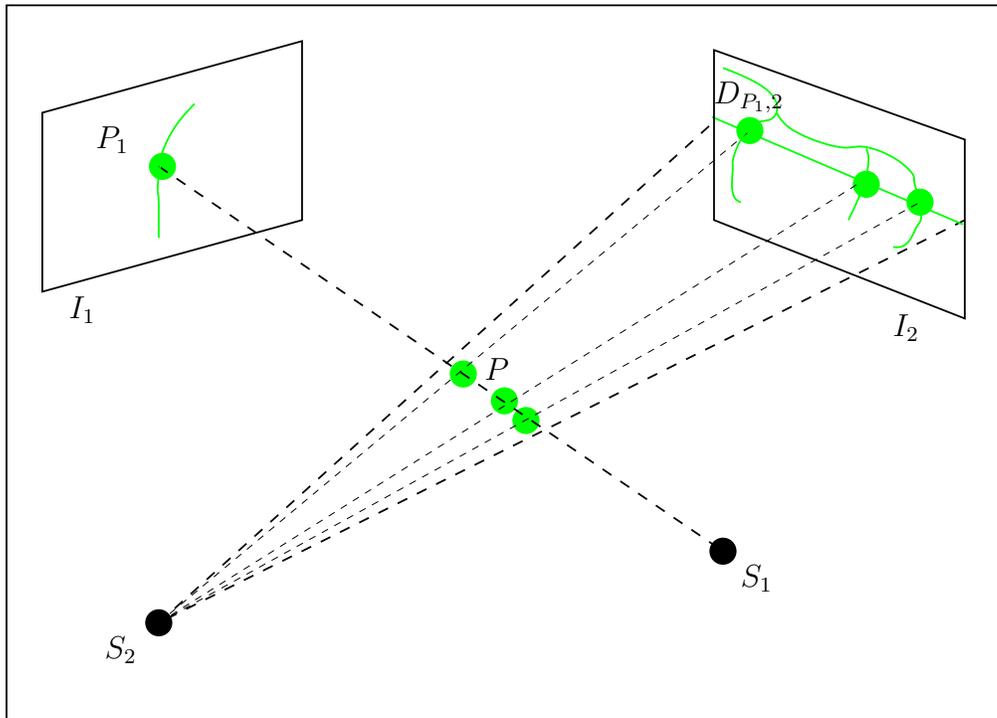


FIG. 3.6 – Ambiguïté de la contrainte épipolaire sur deux images. La droite épipolaire détermine plusieurs correspondants potentiels entre lesquels il est impossible de choisir sans plus d'information.

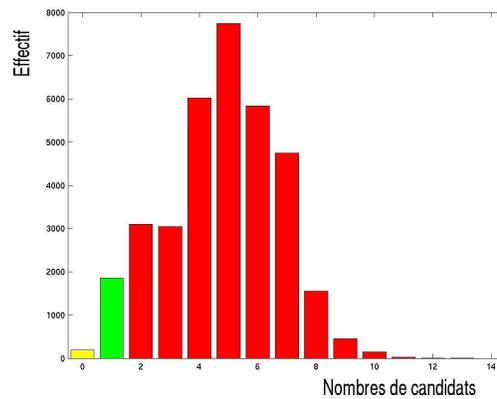


FIG. 3.7 – Histogramme typique du nombre de candidats potentiels sous la contrainte épipolaire. Une fois exclus les cas sans candidat (en jaune) et avec un candidat unique (en vert), les appariements ambigus (en rouge) représentent la grande majorité des cas. Dans le cas typique présenté, il y a en moyenne 4,8 candidats admissibles sous la seule contrainte épipolaire pour chaque appariement.

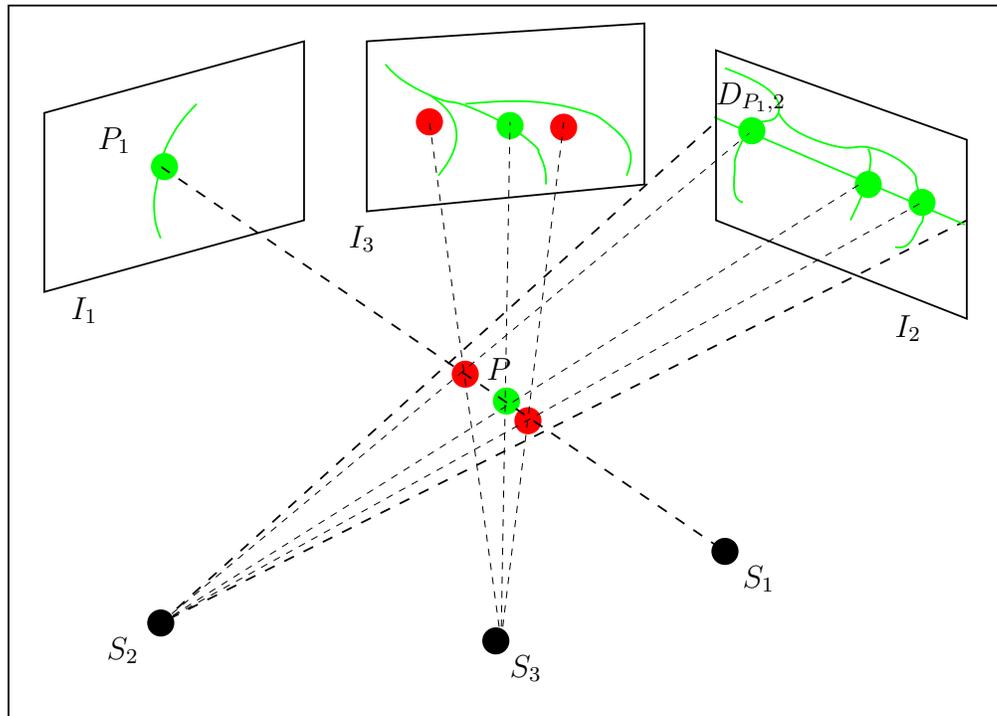


FIG. 3.8 – Levée d’ambiguïté de la contrainte épipolaire sur trois images. L’information donnée par la vue supplémentaire permet de lever l’ambiguïté entre les différents candidats potentiels : parmi les différents candidats potentiels, seul le point vert se projette sur un vaisseau dans la troisième image. Cet appariement est donc le plus probable.

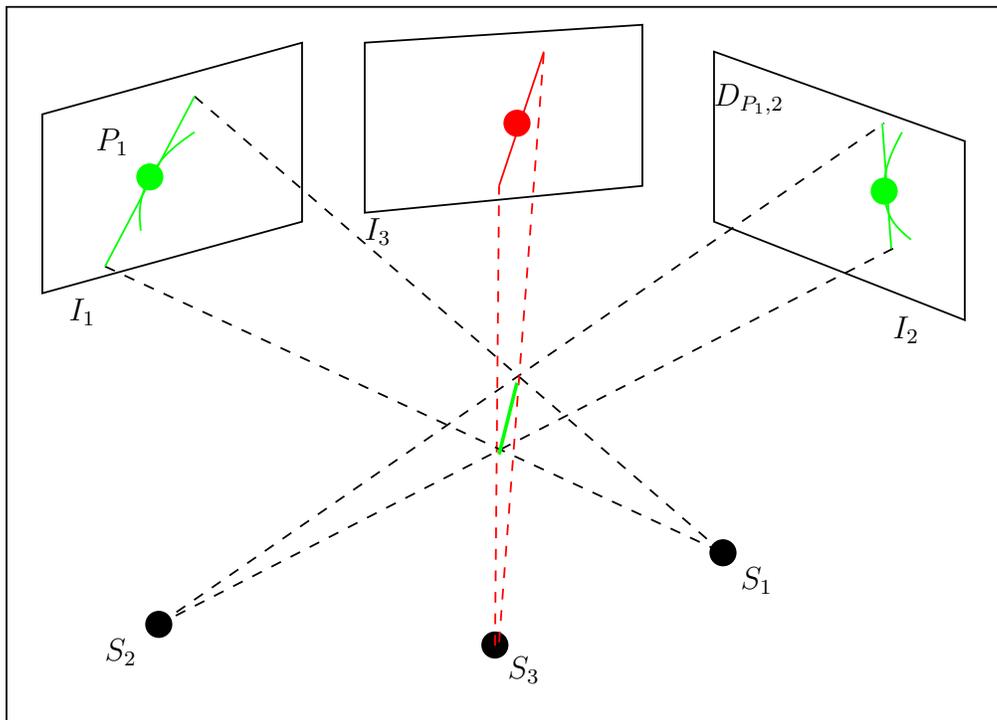


FIG. 3.9 – Prédiction de la direction d'un vaisseau dans une troisième image. Les deux directions, en vert, associées aux points appariés déterminent une prédiction, en rouge, de la direction dans la troisième image de la projection du point reconstruit associé à l'appariement.

direction calculée. Des considérations géométriques illustrées dans la figure 3.9 et détaillées dans [Faugeras et Robert, 1996], nous permettent alors de calculer quelle devrait être la direction, dans une image supplémentaire, du point reconstruit et projeté.

Cette direction prédite peut alors être comparée à celle calculée par le filtrage multi-échelle de la vue supplémentaire. Cette comparaison permet de quantifier la cohérence entre la direction associée aux points appariés et la direction associée à la projection du point reconstruit dans la vue supplémentaire.

De la même manière que dans le cas de la position, l'appariement le plus probable est celui qui donne la plus grande cohérence entre la direction prédite à partir des deux premières vues et la direction évaluée dans la vue supplémentaire.

Nous devons néanmoins remarquer que le critère de direction n'est pas isotrope. En particulier, il devient très sensible si l'une des deux ou les deux directions mises en jeu sont presque parallèles à la droite épipolaire utilisée pour la détermination des candidats potentiels.

Levée d'ambiguïté avec plusieurs vues supplémentaires Le plus souvent, nous disposons de plus de trois vues quasi synchrones. Nous pouvons donc étendre le critère précédent à l'ensemble des vues restantes. Pour obtenir un critère encore plus robuste à l'indétermination que celui basé simplement sur une troisième image, il suffit de construire une mesure de vraisemblance, sur l'ensemble des projections des candidats potentiels dans l'ensemble des images supplémentaires, qui soit dérivée des valeurs de la mesure de vraisemblance sur cha-

cune des images supplémentaires. Un exemple d'une telle mesure peut être le minimum ou la moyenne.

Dans le paragraphe qui suit, nous allons définir précisément quels sont les critères de vraisemblance que nous allons utiliser pour lever les ambiguïtés d'appariement.

3.1.3.4 Critères d'optimalité

À partir de nos critères qualitatifs, exprimés en terme de position et de direction, nous donnons maintenant des critères numériques quantitatifs qui vont permettre de déterminer les appariements les plus probables, pour des points ou pour des ensembles de points.

3.1.3.4.1 Critère local par point Dans la continuité de la section précédente, nous définissons un critère d'optimalité pour l'appariement d'un point avec un autre point. Outre la prise en compte des positions des projections des points reconstruits, nous pouvons aussi utiliser l'information de direction contenue dans les images, voire combiner les informations de position et de direction.

Critère de position Nous reprenons l'idée formulée dans la section précédente : l'appariement le plus probable est celui qui se projettera sur une ligne centrale de vaisseau dans les vues supplémentaires.

Un bon critère pour déterminer si un point 2D dans une image se situe ou non sur la ligne centrale d'une artère est l'intensité de réponse du filtre multi-échelle R^* . Pour trois vues, un premier schéma de levée d'ambiguïté consiste donc à sélectionner parmi tous les candidats potentiels celui dont la projection dans la vue supplémentaire possède l'énergie multi-échelle la plus élevée.

Si P_1 est le point de l'image 1 que l'on veut apparier, si P_2 est un appariement potentiel de P_1 dans l'image 2, et si $P_{12,3}$ est la projection dans l'image 3 du point reconstruit P_{12} associé à P_1 et P_2 , alors notre critère d'optimalité pour la position est :

$$c_1(P_1, P_2) = R^*(P_{12,3})$$

Grâce à la normalisation des cartes R^* , nous avons :

$$0 \leq c_1(P_1, P_2) \leq 1$$

Notons qu'il aurait été, en théorie, plus justifié de chercher à minimiser la différence entre $R^*(P_1)$, $R^*(P_2)$ et $R^*(P_{12,3})$ plutôt que de maximiser $R^*(P_{12,3})$. Néanmoins, nous avons remarqué que l'intensité multi-échelle varie fortement du cours de la séquence pour les projections d'un même point 3D. Ceci est dû au fait que la qualité des images, au sens du contraste et des superpositions, varie au cours de la séquence. Il nous a donc semblé souhaitable de chercher à maximiser la vraisemblance des points $P_{12,3}$ plutôt que leur cohérence vis-à-vis des P_1 et des P_2 . Cette approche alternative, basée sur la cohérence entre images, reste à explorer et offre vraisemblablement de réelles possibilités méthodologiques.

Dans le cas de plus de trois vues, le bon candidat à l'appariement devrait se projeter sur une ligne centrale d'artère dans *toutes* les vues supplémentaires. Une mesure naturelle de la

vraisemblance d'un appariement serait donc le *minimum* sur l'ensemble des intensités multi-échelle des projections 2D. Néanmoins, nous avons constaté que cette mesure n'est pas robuste aux décalages spatiaux, mêmes faibles, elle est trop sensible aux erreurs d'extraction des lignes centrales, de reconstruction, et de projection. Nous avons donc préféré utiliser comme mesure la *moyenne* des énergies multi-échelle des projections dans les vues supplémentaires. Cette mesure est plus robuste aux décalages géométriques et doit atteindre sa valeur optimale pour le candidat à l'appariement le plus probable.

Si nous définissons $P_{12,i}$ comme la projection dans l'image i du point reconstruit P_{12} associé à P_1 et P_2 , notre critère généralisé à n vues est :

$$c'_1(P_1, P_2) = \frac{1}{n-2} \sum_{i=3, \dots, n} R^*(P_{12,i})$$

Critère de direction Nous formulons un critère numérique pour la cohérence entre la direction prédite à partir des deux premières vues et la direction détectée dans la vue supplémentaire. Pour cela, nous utilisons l'information directionnelle donnée par le filtrage multi-échelle.

Nous notons $\tilde{D}_3(d_1, d_2)$ la fonction de prédiction qui, à deux directions dans deux images, associe une direction dans une troisième image et $D^*(P_{12,3})$ la direction calculée par le filtrage multi-échelle au point $P_{12,3}$ déterminé par la projection de P_{12} dans l'image 3.

Nous prendrons l'intervalle $[0, \frac{\pi}{2}[$ comme détermination de la différence entre deux directions déterminées sur $[-\frac{\pi}{2}, \frac{\pi}{2}[$. La fonction qui, à deux directions déterminées sur $[-\frac{\pi}{2}, \frac{\pi}{2}[$, associe leur différence déterminée sur $[0, \frac{\pi}{2}[$ est :

$$\Omega(\theta_1, \theta_2) = \min \{|\theta_2 - \theta_1|, |\pi - (\theta_2 - \theta_1)|\}$$

La construction de cette fonction est illustrée dans la figure 3.10.

Nous définissons notre critère d'optimalité, borné entre 0 et 1, pour la direction :

$$c_2(P_1, P_2) = 1 - \Omega \left(D^*(P_{12,3}), \tilde{D}_3(D^*(P_1), D^*(P_2)) \right) / \frac{\pi}{2}$$

De la même manière que nous avons étendu le critère de position à plus de trois vues, nous pouvons définir un critère de direction sur plus de trois vues, en calculant la moyenne du critère de direction sur l'ensemble des vues supplémentaires :

$$c'_2(P_1, P_2) = 1 - \frac{1}{n-2} \sum_{i=3, \dots, n} \Omega \left(D^*(P_{12,i}), \tilde{D}_i(D^*(P_1), D^*(P_2)) \right) / \frac{\pi}{2}$$

Critère combiné Les deux critères exposés précédemment sont indépendants, l'un opérant en position et l'autre en direction. La combinaison de ces deux critères par un *et* logique permet de déterminer les appariements corrects dans le sens où ils sont bien localisés *et* bien orientés. Nous proposons donc un troisième critère individuel, qui est combinaison des deux premiers critères élémentaires :

$$c'_3(P_1, P_2) = c'_1(P_1, P_2) \cdot c'_2(P_1, P_2)$$

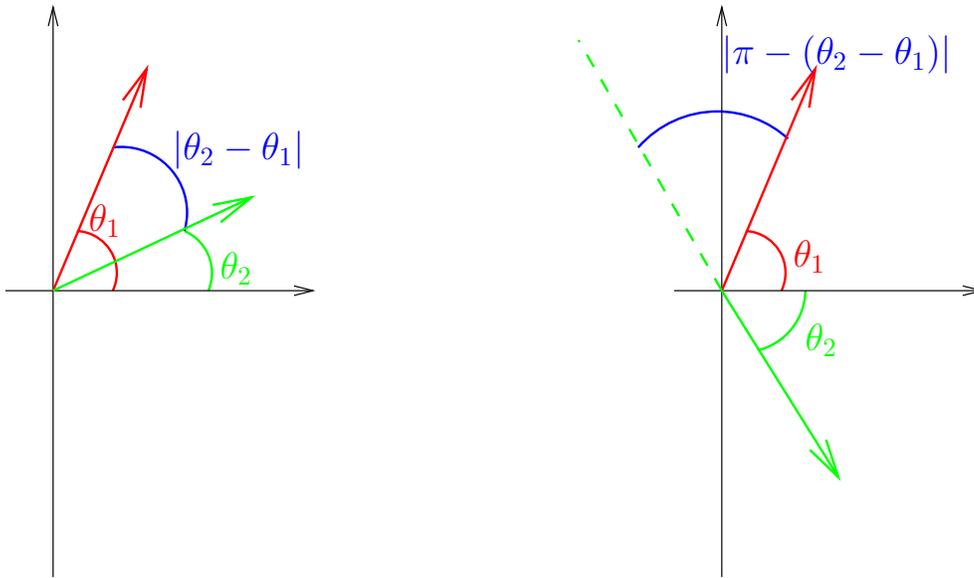


FIG. 3.10 – Différence entre deux directions déterminées sur $[-\frac{\pi}{2}, \frac{\pi}{2}[$. Schéma de chacun des deux cas pris en compte pour le calcul de $\Omega(\theta_1, \theta_2)$.

Le choix du meilleur appariement P_2^* dans l'image 2 de P_1 dans l'image 1, selon les critères de position, de direction, ou combiné, se fait donc par la détermination du point P_2^* , parmi l'ensemble \mathcal{P}_2 des candidats possibles sous la contrainte épipolaire, tel que :

$$P_2^* = \arg \max_{P_2 \in \mathcal{P}_2} c'(P_1, P_2)$$

Résultats Par la suite, nous illustrerons les résultats d'appariement en projetant dans les images de référence les points 3D reconstruits à partir de l'information d'appariement et des matrices de projection.

Les critères locaux par point donnent un résultat d'appariement en sélectionnant simplement pour chaque point de la première image le point de la seconde image qui maximise, dans les vues supplémentaires, le critère local choisi. La figure 3.11 montre un résultat typique pour ce type d'appariement.

Nous pouvons vérifier que les projections dans l'image 1 et dans l'image 2 sont idéales, ce qui est normal car ce sont les deux images de référence utilisées pour l'appariement. Ce sont donc bien les projections dans les vues supplémentaires qui permettent d'évaluer la qualité des appariements.

Discussion Le défaut de ce type de méthode est évident : l'ensemble des appariements apparaît extrêmement bruité, il n'y a pas de cohérence spatiale entre les appariements. Ce qui choque l'œil heurte aussi notre intuition : un vaisseau 3D doit se projeter selon un vaisseau 2D. Ceci implique que, dans la majorité des cas, pour deux points proches dans la première image, les points appariés respectivement à ces deux points dans la deuxième image doivent être proches. En effet, ils correspondent alors à la même artère 3D, sauf en cas de superposition

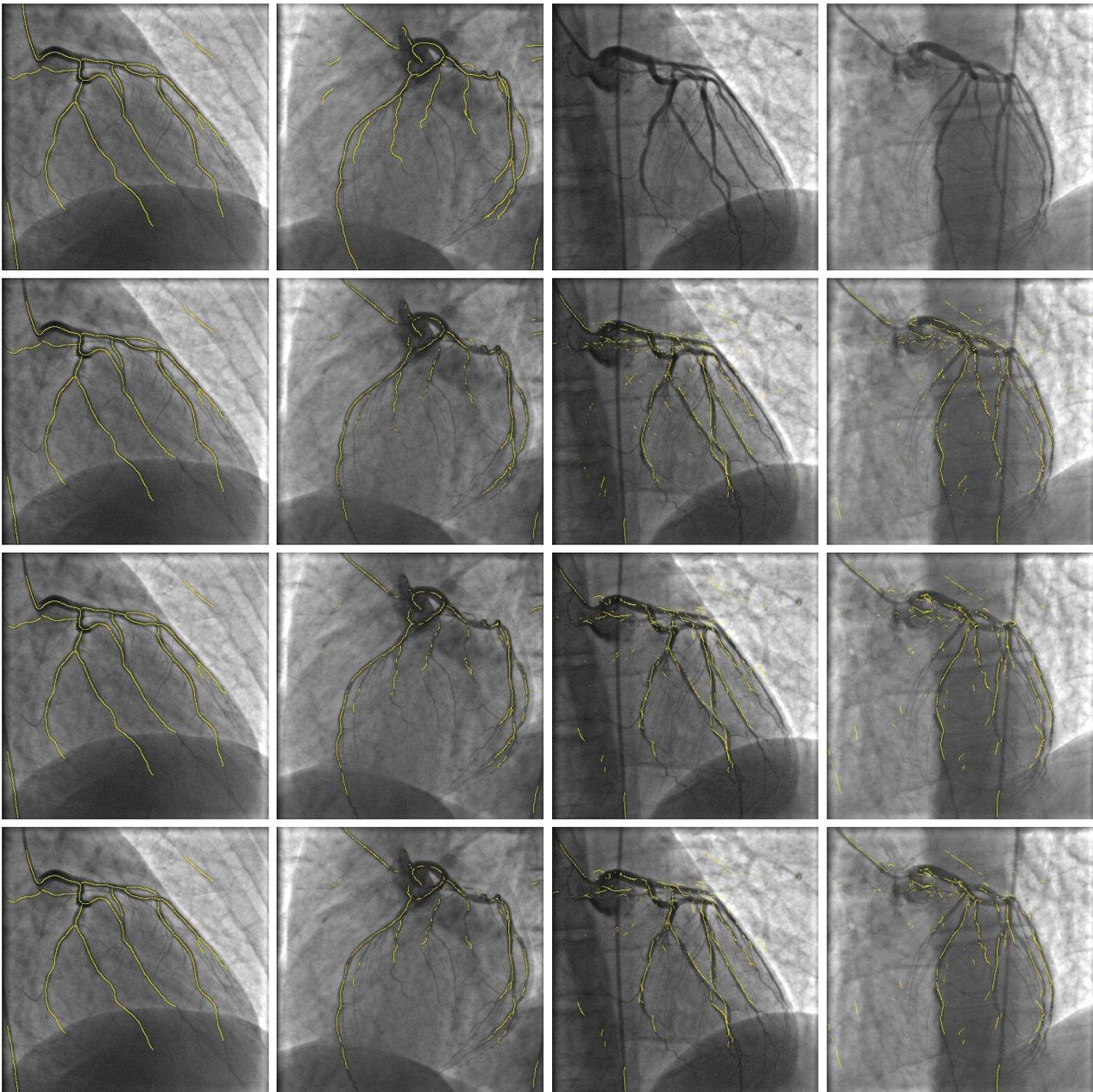


FIG. 3.11 – Résultat de l'appariement par points.

Première ligne : vues de référence, les lignes centrales extraites (en jaune) de la première image sont appariées avec celles de la deuxième image, en utilisant l'information contenue dans les deux vues supplémentaires. L'écart angulaire typique entre deux vues de référence consécutives est de 30° .

Deuxième ligne : projection dans les images de référence des appariements obtenus par le critère de position.

Troisième ligne : projection dans les images de référence des appariements obtenus par le critère de direction.

Quatrième ligne : projection dans les images de référence des appariements obtenus par la combinaison des deux critères.

Les trois critères donnent des résultats proches, pour lesquels les appariements obtenus n'ont pas de cohérence spatiale.

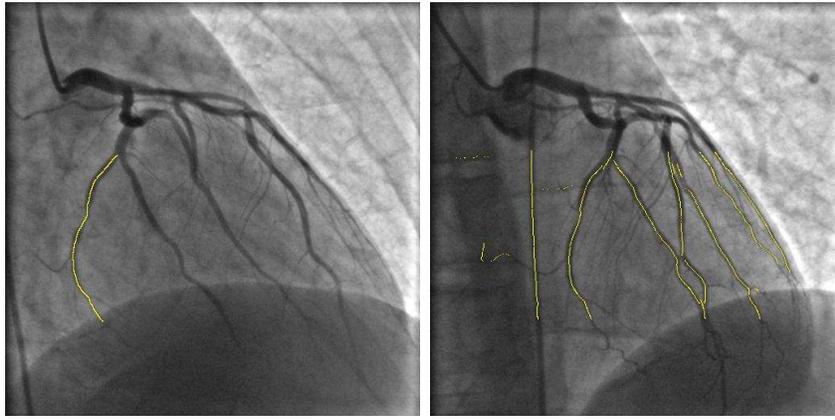


FIG. 3.12 – Ensembles connexes pour l'appariement par chaînes. À gauche : angiogramme à appairer, la chaîne d'intérêt apparaît en jaune, à droite : ensembles connexes admissibles sous la contrainte épipolaire pour l'appariement par chaîne. Nous remarquons la grande diversité de taille entre ces composantes connexes.

de plusieurs artères. Ce type de contrainte n'est clairement pas respecté par les appariements obtenus.

Les critères géométriques que nous avons utilisés sont purement locaux et n'assurent logiquement pas de cohérence spatiale d'ensemble des appariements.

Une alternative que nous avons envisagée à ce problème consiste à chercher à maximiser le critère local non plus point par point mais chaîne de points par chaîne de points, afin d'obtenir un appariement d'ensemble cohérent.

3.1.3.4.2 Critère global par chaîne de points Tenant compte de la remarque concernant la proximité de deux points de l'image 2, appariés avec deux points consécutifs dans l'image 1, nous réalisons maintenant l'appariement par chaînes de points entières et non plus point par point.

Pour chaque chaîne de points de l'ensemble des lignes centrales extraites dans l'image 1, nous cherchons l'ensemble de points connexes dans l'image 2, composé de points appariés avec les points de la chaîne de l'image 1, qui maximise une mesure (la somme ou la moyenne par exemple) sur l'ensemble des critères locaux par point sur l'ensemble des points de la chaîne.

La figure 3.12 montre un exemple d'ensembles connexes, dans l'image 2, obtenus à partir d'une chaîne dans l'image 1.

La grande variété des tailles de ces composantes connexes laisse présager des difficultés de normalisation.

Résultats La figure 3.13 montre l'effet de la contrainte stricte de connexité sur les résultats de l'appariement dans le cas où la mesure utilisée est la somme.

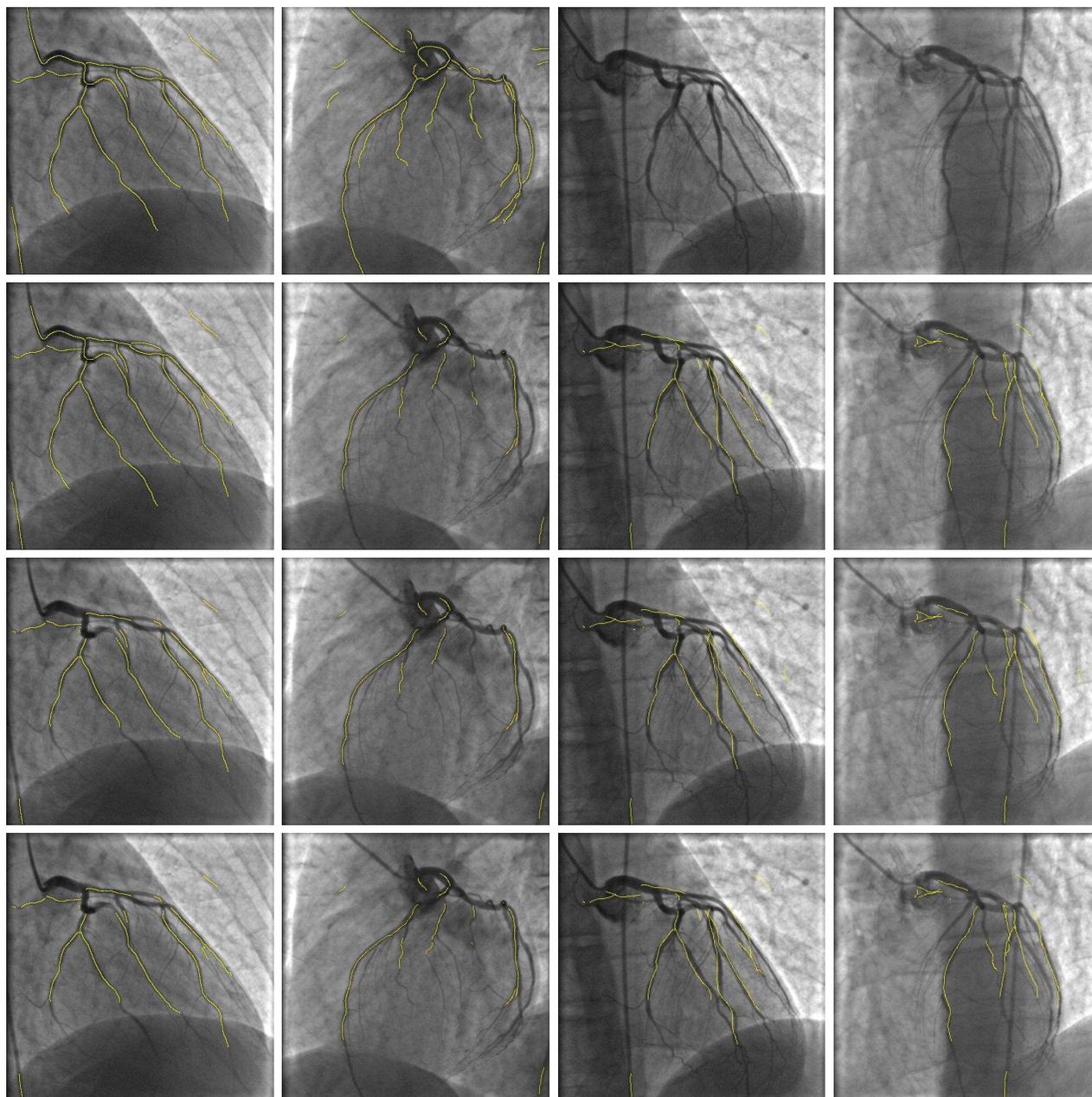


FIG. 3.13 – Résultat de l'appariement par chaînes.

Première ligne : vues de référence, les lignes centrales extraites (en jaune) de la première image sont appariées avec celles de la deuxième image, en utilisant l'information contenue dans les deux vues supplémentaires.

Deuxième ligne : projection dans les images de référence des appariements obtenus par le critère de position.

Troisième ligne : projection dans les images de référence des appariements obtenus par le critère de direction.

Quatrième ligne : projection dans les images de référence des appariements obtenus par la combinaison des deux critères.

Les résultats varient peu d'un critère à l'autre. La contrainte de connexité stricte est trop forte, les appariements ne sont pas robustes aux superpositions et aux défauts des lignes centrales extraites.

Discussion Cet algorithme, que l'on peut qualifier de géométriquement global n'est pas assez robuste aux superpositions et aux défauts de structure des lignes centrales extraites. Il est en effet difficile de comparer *équitablement* deux ensembles de points connexes candidats à l'appariement avec une chaîne de points, en particulier s'ils n'ont pas le même nombre de points. Choisir la sommation des énergies de projection va favoriser les chaînes longues aux dépens des chaînes courtes, tandis qu'utiliser une moyenne des énergies de projection va favoriser les chaînes très courtes mais dont la valeur du filtre sur la projection dans les images est intense. En outre, la contrainte de connexité stricte est trop forte car elle peut être violée. Par exemple, si une même ligne centrale extraite représente deux artères réelles différentes (ce qui se produit typiquement quand ces deux artères se superposent sur une vue projective) alors l'ensemble correct des points appariés n'est pas connexe mais bien composé de deux parties connexes disjointes.

Il nous faut proposer une approche intermédiaire entre absence totale de contrainte géométrique et contrainte stricte de connexité.

3.1.3.4.3 Critère semi-local par chaîne de points Entre les approches précédentes, aux optima purement locaux ou globaux d'un point de vue géométrique, nous avons construit une approche intermédiaire, favorisant les solutions le plus souvent connexes, sans pour autant les forcer.

Cette méthode reprend une approche classique : la formulation énergétique. La fonction d'énergie, à minimiser, est composée d'un terme d'attache aux données, l'énergie externe, et d'un terme de régularisation, l'énergie interne. Le critère que nous définissons s'applique à l'appariement de chaînes appartenant à l'ensemble des lignes centrales extraites dans la première image.

Le terme d'attache aux données que nous utiliserons est simplement la somme de la valeur d'un des critères par point que nous avons défini précédemment (en position, en direction, ou en combinaison des deux).

Le terme de régularisation prend en compte l'*historique géométrique* des mises en correspondances sur la chaîne. Par exemple, si un point $P_{1,i}$ d'une chaîne C_1 d'une image I_1 a été apparié avec un point $P_{2,j}$ d'une chaîne C_2 d'une image I_2 , alors il est naturel que, dans la majorité des cas, le point qui s'apparie correctement avec le point $P_{1,i+1}$ consécutif à $P_{1,i}$ soit proche de $P_{2,j}$.

Deux remarques permettent d'affiner notre mesure de régularité :

- la distance entre deux points successifs d'une ligne centrale extraite à apparier est comprise entre 1 et 2 pixels (se référer à la remarque en page 82), donc si la distance entre deux candidats successifs à l'appariement est inférieure à un seuil \mathcal{P}_b de l'ordre de cette distance, la pénalité de régularité doit être nulle,
- une fois que la distance entre deux candidats successifs à l'appariement est supérieure à un certain seuil \mathcal{P}_h , cela caractérise un *saut* d'une artère vers une autre et il devient inutile d'augmenter la pénalité de régularité.

Ces deux valeurs de seuils haut et bas nous permettent de définir notre mesure de régularité par une fonction affine par morceaux \mathcal{P} de la distance d entre deux candidats successifs

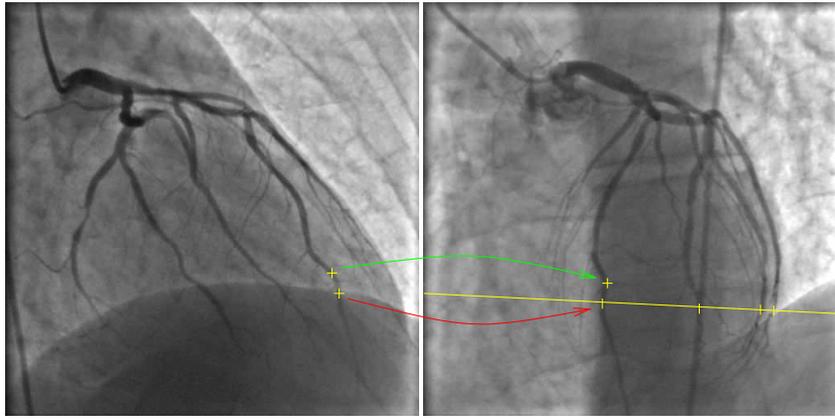


FIG. 3.14 – Représentation schématique montrant l'intérêt de l'historique géométrique dans l'appariement. La flèche verte désigne un appariement déjà réalisé entre les deux points jaunes. Il est naturel que l'appariement du point suivant dans l'image 1 soit réalisé avec le point qui, parmi les candidats sous la contrainte épipolaire, est le plus proche du point précédemment apparié dans l'image 2 (flèche rouge).

à appariement. De plus, cette fonction est normalisée de manière à pouvoir la combiner aisément avec d'autres critères par la suite :

$$\mathcal{P}(d) = \begin{cases} 0, & \text{si } d \leq \mathcal{P}_b \\ \frac{\mathcal{P}_h \cdot d - \mathcal{P}_b \mathcal{P}_h}{\mathcal{P}_h(\mathcal{P}_h - \mathcal{P}_b)}, & \text{si } \mathcal{P}_b < d < \mathcal{P}_h \\ 1, & \text{si } d \geq \mathcal{P}_h \end{cases}$$

Les seuils que nous avons retenus sont $\mathcal{P}_b = 2$ pixels et $\mathcal{P}_h = 50$ pixels (cette dernière valeur est donnée pour des images de résolution 512^2 et doit être mise à l'échelle pour des résolutions différentes).

La figure 3.15 illustre le profil de la fonction de pénalité liée à la distance entre deux appariements issus de deux points consécutifs dans une ligne centrale de la première image. Notons, qu'à partir des contraintes données par les deux seuils, il aurait été possible d'utiliser des fonctions lisses, par exemple sigmoïdales, de la distance.

Nous construisons maintenant le critère pour une chaîne entière. Pour une chaîne donnée dans l'image 1, sur un ensemble de points candidats admissibles dans l'image 2, le terme d'attache aux données sera la somme des critères locaux par point pour chacun des points de l'ensemble tandis que le terme de régularité sera la somme des pénalités géométriques entre points appariés consécutivement (à l'exception du premier qui, n'ayant pas de prédécesseur, n'a pas de terme de régularité).

De manière formelle, si nous notons $\{P_{1,i}\}_{i=1,\dots,I}$ les points composant la chaîne de l'image 1 à appairer, $\{P_{2,j_i}\}_{j=1,\dots,J_i}$ l'ensemble des points de l'image 2 candidat à l'appariement avec $P_{1,i}$ sous la contrainte épipolaire, alors un choix d'appariements est déterminé par une suite d'indices $\{j_i\}_{i=1,\dots,I}$ donnant pour chaque point à appairer l'indice du point de l'image 2 choisi. Comme nous souhaitons qu'un point puisse éventuellement ne pas être apparié (s'il n'y a aucun candidat ou s'ils semblent tous mauvais), nous définissons l'absence d'appariement par l'indice 0. Étant donné un choix d'appariements $\{j_i\}_{i=1,\dots,I}$, le critère pour

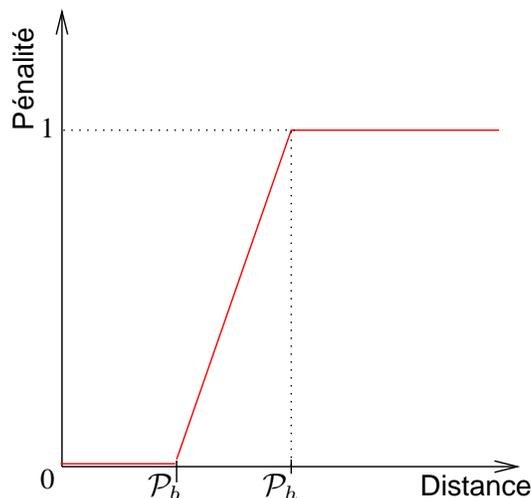


FIG. 3.15 – Fonction de pénalité géométrique normalisée pour l'appariement. Les seuils bas et haut définissent la fonction de pénalité géométrique normalisée liée à la distance entre appariements successifs.

ces appariements est donné par la somme pondérée des deux critères de base :

$$C(\{j_i\}_{i=1,\dots,I}) = \sum_{i=1,\dots,I} c'(P_{1,i}, P_{2,j_i}) - \alpha \cdot \sum_{i=2,\dots,I} \mathcal{P}(\|P_{2,j_i} P_{2,j_{i-1}}\|)$$

Nous combinons ici deux critères de natures différentes. La normalisation des cartes multi-échelle et le coefficient de pondération α permettent d'assurer leur combinaison au sein du critère.

Dans le cas où il y a absence d'appariement (c'est-à-dire si j_i ou j_{i-1} est égal à 0), alors les critères par point et de régularité sont considérés nuls par convention.

Le coefficient de pondération a été déterminé par encadrements successifs entre solutions trop ou trop peu régularisées. La valeur que nous avons retenue est $\alpha = 0,002$.

La combinaison de ces deux types d'énergie produit un critère semi-local, dans le sens où il favorise les configurations d'appariement connexes, sans pour autant les forcer. D'ailleurs, nous remarquons que les critères par point et par chaîne de points sont des cas particuliers du critère semi-local, avec des valeurs du coefficient α de pondération de la contrainte de régularité valant 0 et tendant vers $+\infty$.

3.1.3.5 Optimisation par programmation dynamique

Le critère semi-local, défini dans la partie précédente, est particulièrement adapté à une résolution par programmation dynamique. En effet, la fonction d'énergie est calculée de proche en proche, récursivement.

La résolution par programmation dynamique présente de nombreux avantages :

- elle détermine l'optimum *global* de la fonction d'énergie,
- sa convergence est *rapide* et en temps *prédictible* : sa complexité est en $\mathcal{O}(m.n^2)$ où m est le nombre de points et où n est le nombre moyen de choix possibles à chaque étape,

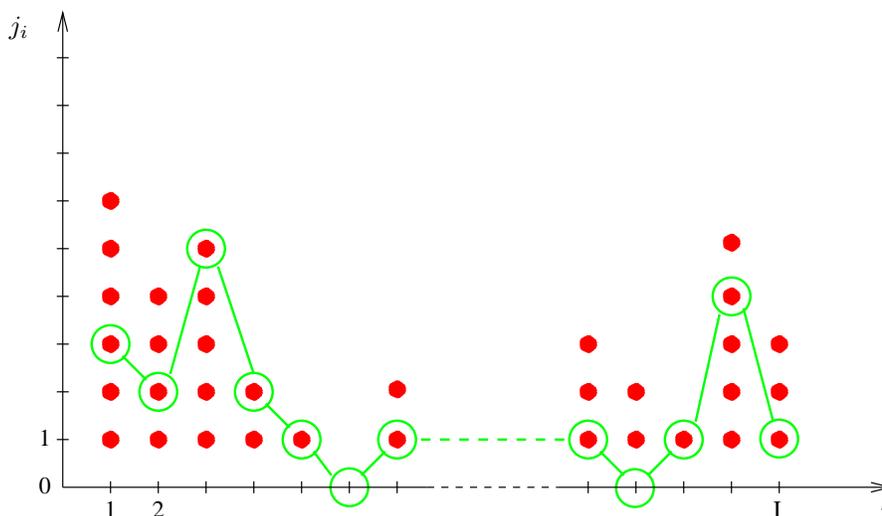


FIG. 3.16 – Schéma de la programmation dynamique. Les colonnes de points rouges désignent les points candidats correspondant à chaque point à appairier (en abscisse). Le chemin en vert montre un exemple de solution optimale contenant des choix parmi 0, 1 ou plusieurs appariements possibles et des absences d'appariement (lorsque $j_i = 0$).

– elle est adaptée à la possibilité de choisir de ne pas appairier un point.

La figure 3.16 montre le type de solution que donne le schéma de résolution par programmation dynamique.

Nous ne rentrerons pas dans les détails de la résolution du problème de programmation dynamique mais en donnons une rapide description. L'algorithme de Dijkstra, introduit dans [Dijkstra, 1959], et une description plus détaillée de la résolution par programmation dynamique sont donnés en annexe A.

Nous décrivons l'idée de base du schéma de résolution par programmation dynamique, appliqué à notre problème d'appariement. Une itération correspond au passage d'une colonne à la colonne suivante dans le schéma de la figure 3.16, c'est-à-dire à la détermination d'un appariement supplémentaire.

Nous supposons connu pour chaque point de la colonne i la liste des meilleurs appariements qui ont précédé et la valeur du critère cumulé jusqu'à ce point. On évalue alors les valeurs du critère cumulé que l'on obtiendrait en joignant chaque point de la colonne i à chaque point de la colonne $i + 1$. Pour chaque point de la colonne $i + 1$, on retient le point antécédent de la colonne i qui mène au plus grand critère cumulé.

Ce processus est répété jusqu'au dernier point de la chaîne de l'image 1. Le chemin optimal est alors donné en remontant la suite d'antécédents à partir du point de la dernière colonne où le critère cumulé est le plus grand.

La figure 3.17 montre les résultats obtenus par l'optimisation par programmation dynamique sur le critère semi-local.

Comme nous l'avons vu pour les appariements par points, par chaînes et par programmation dynamique, les résultats donnés par les trois critères (position, direction, et combinaison des deux) sont très proches. En outre, le critère de direction peut se révéler trop sensible

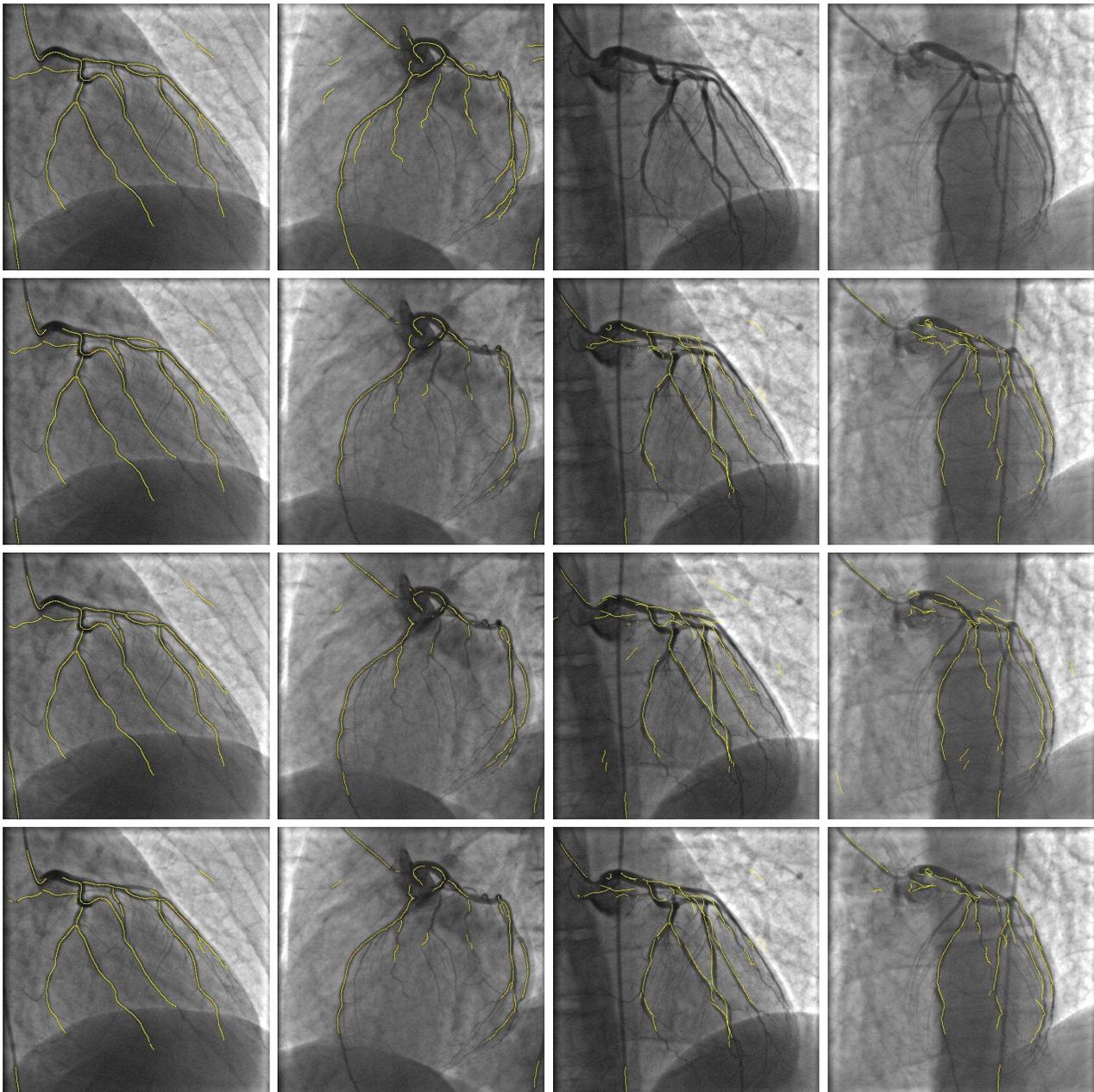


FIG. 3.17 – Résultat de l'appariement par programmation dynamique.

Première ligne : vues de référence, les lignes centrales extraites (en jaune) de la première image sont appariées avec celles de la deuxième image, en utilisant l'information contenue dans les deux vues supplémentaires.

Deuxième ligne : projection dans les images de référence des appariements obtenus par le critère de position.

Troisième ligne : projection dans les images de référence des appariements obtenus par le critère de direction.

Quatrième ligne : projection dans les images de référence des appariements obtenus par la combinaison de deux critères.

Les trois critères donnent des résultats très proches. Les appariements sont spatialement plus cohérents que pour le critère par point et plus robustes aux défauts de structure des lignes centrales extraites que pour le critère par chaînes de points.

dans le cas où les directions données par l'analyse multi-échelle sont presque parallèles aux droites épipolaires. Par la suite, nous n'utiliserons donc que le critère de position, qui, en outre, est plus rapide à évaluer que les deux autres critères.

Nous retiendrons que le critère d'appariement sur toute l'image est donnée par la somme, sur toutes les lignes centrales extraites, du critère semi-local. Ce critère d'ensemble se révélera important dans la section 3.2.

3.1.3.6 Exclusion *a posteriori* des faux appariements

Parmi tous les appariements réalisés, certains ont été effectués *par défaut* : pour un appariement donné, le meilleur candidat, au sens de la formulation énergétique, peut malgré tout être mauvais et donner un meilleur critère cumulé que l'absence d'appariement. Ce type de problème peut aussi survenir lorsqu'une chaîne issue de l'extraction automatique des lignes centrales des artères coronaires ne correspond pas à un vaisseau et donc n'apparaît pas dans les autres images.

Afin d'exclure ce type d'appariements incorrects, nous évaluons un critère de vraisemblance globale sur l'ensemble des images de référence de chaque chaîne appariée.

Pour cela, nous évaluons la moyenne sur l'ensemble des images de référence et sur l'ensemble des points composant la chaîne des intensités du filtre rehausseur de vaisseau sur les projections des points 3D reconstruits. Si l'on note $\{\mathcal{C}_k\}_k$ l'ensemble des chaînes 3D issues du processus de reconstruction, $\tilde{\mathcal{C}}_k$ le nombre de points contenus dans la chaîne \mathcal{C}_k , \mathcal{N} l'ensemble des indices des images de référence utilisées pour l'appariement, $\tilde{\mathcal{N}}$ le cardinal de \mathcal{N} , R_n^* la carte multi-échelle associée à l'image d'indice n , et m_n la matrice de projection associée à l'image d'indice n , alors ce critère est donné pour chaque chaîne \mathcal{C}_k par :

$$\frac{1}{\tilde{\mathcal{N}}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{C}}_k} \sum_{n \in \mathcal{N}} \sum_{P_k \in \mathcal{C}_k} R_n^*(m_n(P_k))$$

Si cette valeur est inférieure à un certain seuil, la chaîne est exclue car cela signifie qu'elle a été appariée par défaut, avec de mauvais candidats. Ce seuil est pris comme une combinaison convexe des seuils haut et bas du seuillage par hystérésis.

La figure 3.18 montre l'effet de l'exclusion des faux appariements sur l'ensemble de la reconstruction.

3.1.3.7 Symétrisation de l'algorithme

L'algorithme décrit précédemment est asymétrique. En effet, il va effectuer la mise en correspondance des points de l'ensemble des lignes centrales d'une image I_{i_1} avec les points de l'ensemble des lignes centrales d'une image I_{i_2} en se basant sur un critère évalué dans les images restantes $\{I_i\}_{i \in I \setminus \{i_1, i_2\}}$.

Afin de symétriser l'algorithme, nous l'appliquons à toutes les paires ordonnées (i_1, i_2) possibles, les images restantes étant alors déterminées et leur rôle étant symétrique. Pour

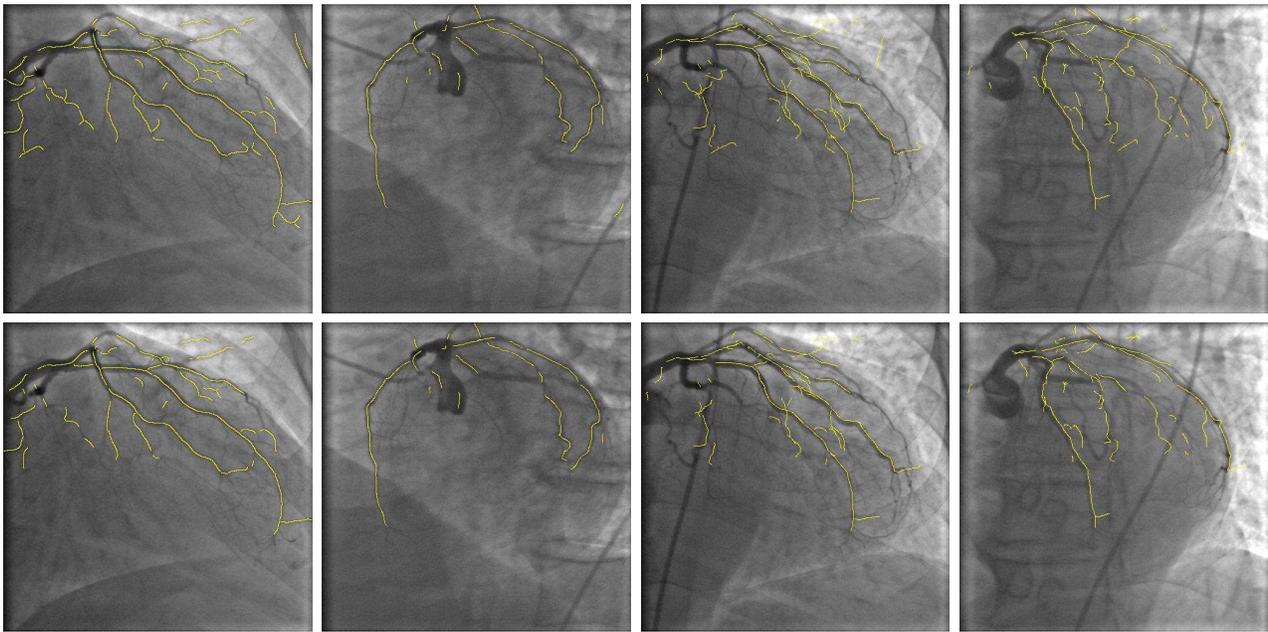


FIG. 3.18 – Exclusion *a posteriori* des faux appariements. En haut : projection dans quatre images de référence des appariements bruts. En bas : projection dans quatre images de référence des mêmes appariements après exclusion *a posteriori* des faux appariements.

n images de référence, nous obtenons donc $n.(n - 1)$ répétitions de l'algorithme et donc $n.(n - 1)$ reconstructions 3D.

La figure 3.19 illustre l'ensemble des différentes reconstructions obtenues par la symétrisation de l'algorithme.

Nous observons que ces différentes reconstructions sont en grande partie redondantes et que leur redondance se produit la plupart du temps sur des appariements corrects.

Nous observons aussi de légers décalages spatiaux entre ces reconstructions. Ceux-ci sont dus à l'imparfaite synchronicité des images et à l'imparfaite connaissance de la calibration du système d'acquisition, donnée via les matrices de projection.

Pour un point 3D sur une artère, nous avons maintenant plusieurs représentants, décalés spatialement. Conserver cet ensemble de reconstructions en grande partie redondantes mais géométriquement légèrement différentes introduirait par la suite une imprécision liée à l'épaisseur de l'ensemble de ces lignes centrales. Ce serait par exemple le cas si l'on cherchait un déplacement qui maximise l'énergie multi-échelle de projection de ce modèle de lignes centrales 3D.

Il est donc nécessaire de se ramener à une reconstruction unique synthétisant la géométrie des différentes reconstructions et tenant compte de la redondance de ces reconstructions.

Par ailleurs, nous définissons le critère d'appariement sur l'ensemble des combinaisons d'images de référence par la somme sur toutes les combinaisons d'images du critère d'appariement semi-local.

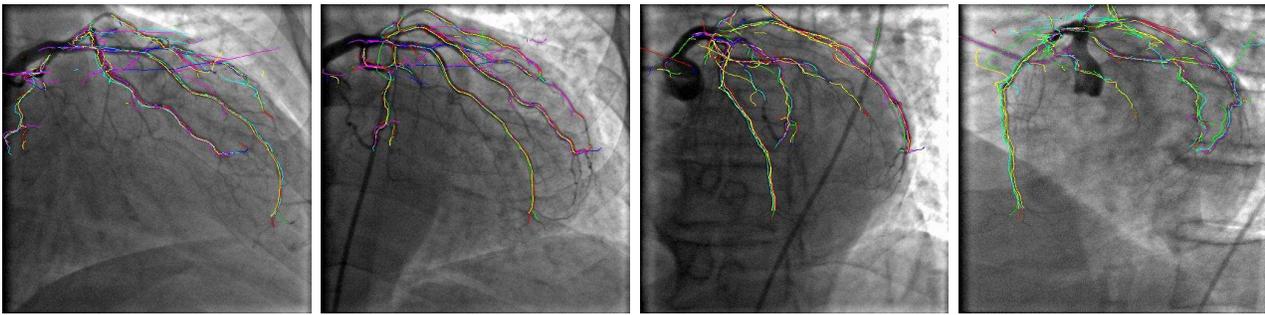


FIG. 3.19 – Symétrisation de l'appariement. Projection dans quatre images de référence des ensembles d'appariements issus de différentes combinaisons d'images de référence (repérés par des couleurs différentes). Les appariements apparaissent légèrement décalés et redondants pour la plupart, lorsqu'ils sont corrects.

3.1.3.8 Fusion des modèles géométriques

La symétrisation de l'algorithme produit des reconstructions en grande partie redondantes. L'œil humain identifie rapidement, par groupement perceptuel, les structures sous-jacentes présentes dans cet ensemble de reconstruction. De la même manière, nous allons fusionner l'ensemble des reconstructions en une reconstruction unique, tout en conservant ce que nous appelons *information de redondance*, c'est-à-dire le nombre de fois où un unique point 3D a été représenté dans les différentes reconstructions obtenues par la symétrisation de l'algorithme de reconstruction. Cette information est importante car un point est d'autant plus pertinent que le nombre de reconstructions où il apparaît est élevé.

La méthode que nous avons choisie est basée sur un algorithme de fusion géométrique deux à deux des reconstructions. L'idée est la suivante : pour chaque point de la première reconstruction, on recherche son plus proche voisin dans la seconde reconstruction, si celui-ci est suffisamment proche pour être considéré comme provenant de la même artère 3D, alors les deux points sont fusionnés, dans le sens où ils sont remplacés par un point unique situé au milieu de deux points de départ, sinon le point est simplement ajouté à la reconstruction fusionnée.

En outre, à chaque point 3D est associé le nombre de représentants qui ont contribué à sa position. Dans le cas de la fusion d'un point, ce nombre de représentants est incrémenté de un. Dans le cas de l'ajout d'un point, ce nombre de représentants est initialisé à un.

Le seuil sur la distance permettant de déterminer si deux points sont suffisamment proches pour être considérés comme redondants est choisi égal à une borne supérieure sur le diamètre des artères, soit 5 millimètres. À l'aide de cette méthode, nous obtenons une reconstruction fusionnée, dont la quasi-totalité des redondances géométriques ont été éliminées mais dont l'information de redondance a été conservée.

La fusion de l'ensemble des reconstructions est ensuite effectuée en itérant le processus de fusion deux à deux. La figure 3.20 illustre le résultat de la fusion géométrique des reconstructions 3D et de l'information de redondance associée à cette fusion.

La prise en compte de la redondance est pertinente pour le crédit que l'on peut accorder

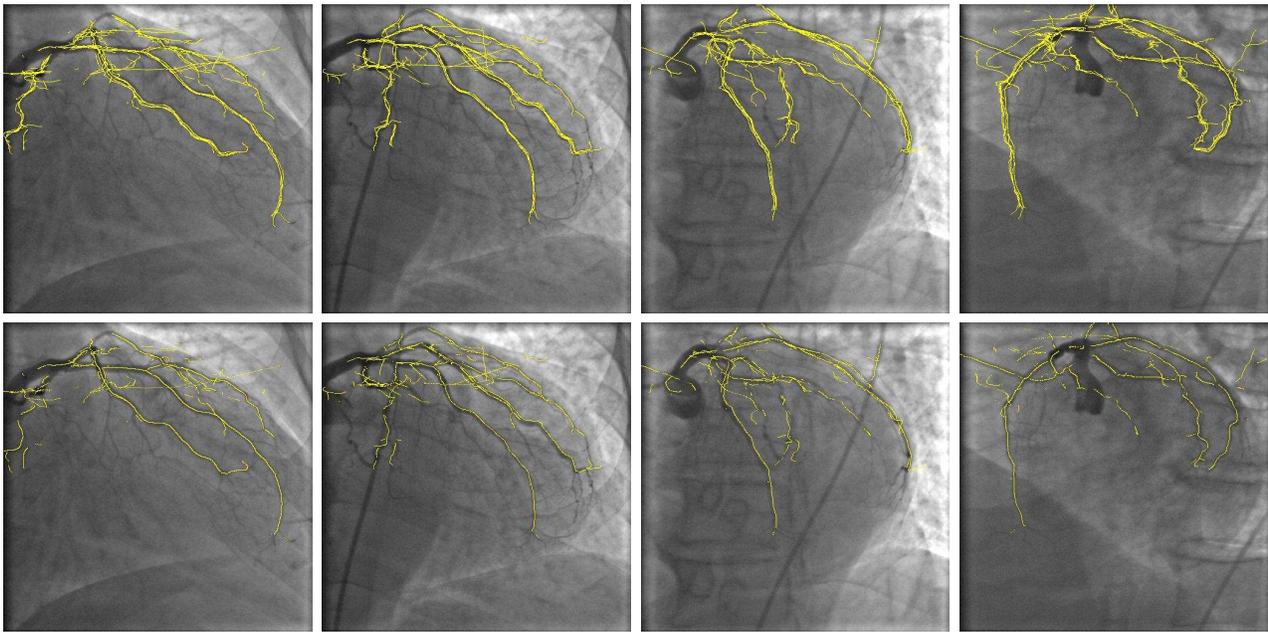


FIG. 3.20 – Fusion des appariements après symétrisation. En haut : projection dans quatre images de référence des appariements avant le processus de fusion. En bas : projection dans quatre images de référence des appariements après le processus de fusion. Dans la plupart des cas, la redondance géométrique est supprimée, un modèle géométrique moyen est construit.

ou non à une ligne centrale du modèle 3D reconstruit. La figure 3.21 montre que les lignes centrales d'artères qui ont la plus forte redondance sont aussi en général celles qui correspondent *réellement* à un vaisseau 3D.

Nous conservons l'information de redondance sous la forme d'une application Λ qui, à un point X du modèle 3D fusionné de lignes centrales noté \mathcal{X} , associe un poids traduisant la *confiance* que l'on peut avoir dans ce point. En pratique, nous avons retenu pour $\Lambda : \mathcal{X} \rightarrow \mathbb{R}$ le nombre de représentants qui ont contribué à la position d'un point $X \in \mathcal{X}$. D'autres indices de confiance, en particulier basés sur la projection des points de \mathcal{X} dans les images, sont envisageables.

Bien que donnant des résultats corrects dans sa forme actuelle, le processus de fusion géométrique n'est pas intellectuellement satisfaisant. Son résultat dépend de l'ordre dans lequel est menée la fusion. En outre, il n'utilise pas d'information autre que la position 3D (il ne tient pas compte du fait que l'on fusionne des lignes centrales de vaisseaux qui sont structurées). Nous avons donc envisagé de mettre en œuvre des solutions plus complexes pour ce processus de fusion. Par exemple, le *tensor voting*, proposé dans [Lee et Medioni, 1999] et détaillé dans [Medioni et al., 2000], est une approche qui semble idéale dans ce contexte. Néanmoins, les temps de mise en œuvre et de calcul de ce type de méthode sont très longs et notre test des outils proposés par l'auteur² n'a pas permis d'obtenir des résultats qualitativement satisfaisants.

²<http://iris.usc.edu/~tensorvt/>

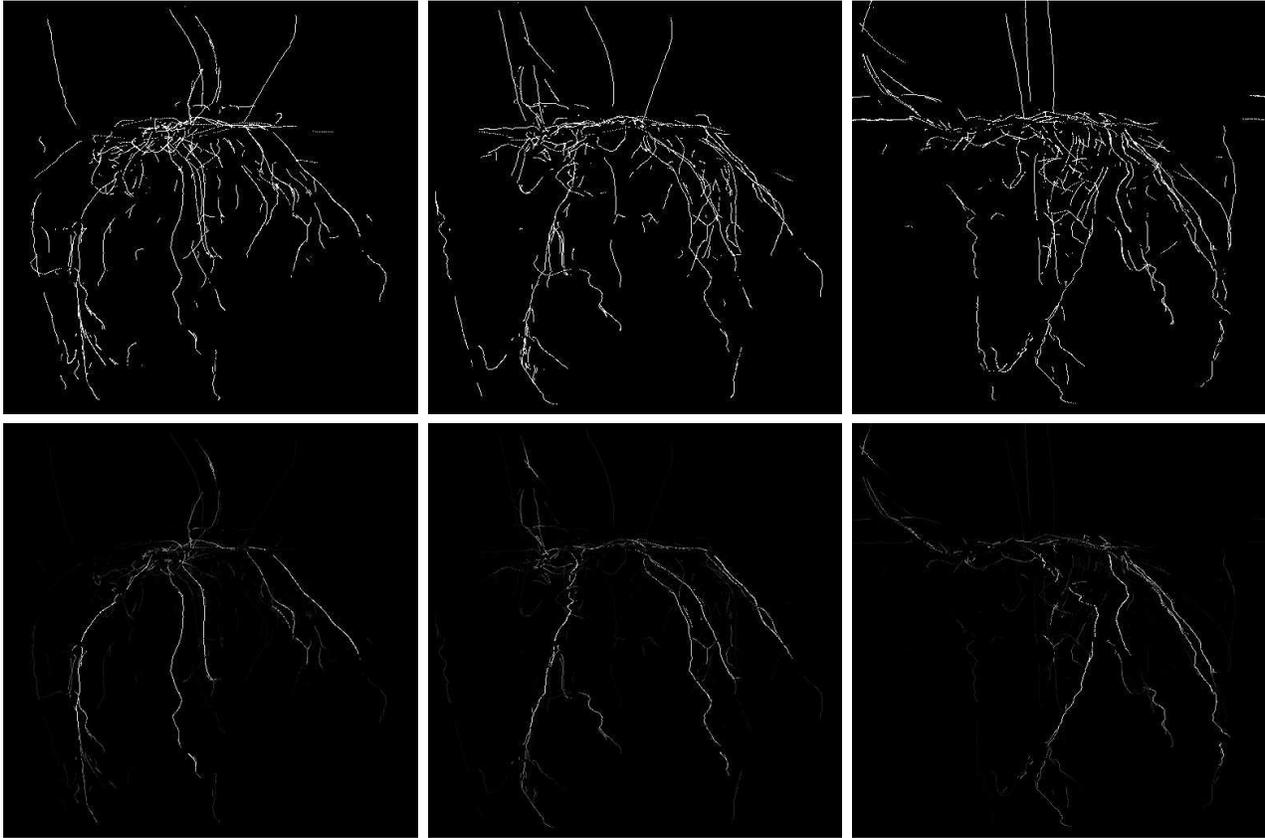


FIG. 3.21 – Pertinence de la redondance des différentes reconstructions 3D filaires. En haut, trois vues projectives du modèle 3D de lignes centrales fusionné, chaque point 3D est indiqué par une intensité constante, indépendamment de sa redondance. En bas, trois vues projectives, selon les mêmes points de vue, du modèle 3D de lignes centrales fusionné, chaque point 3D est indiqué par une intensité qui varie linéairement avec sa redondance. Plus précisément, un point qui apparaît en blanc a été identifié dans l'ensemble des reconstructions 3D, tandis qu'un point sombre n'a été reconstruit que peu de fois.

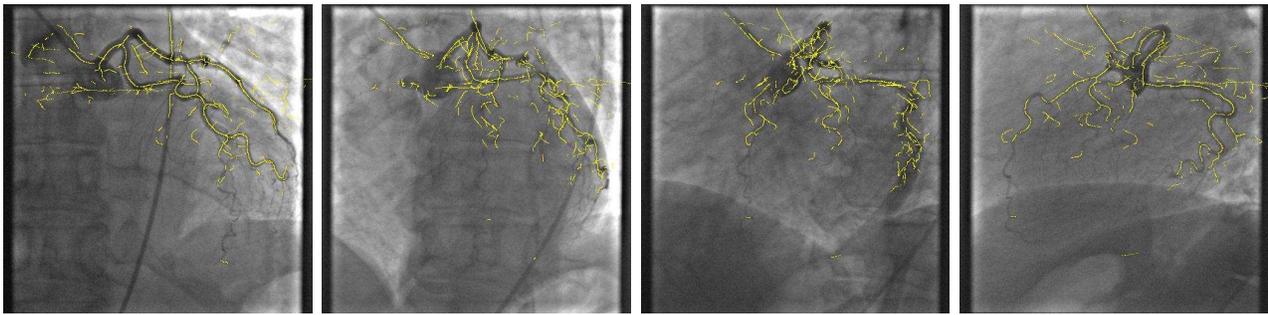


FIG. 3.22 – Défauts d'appariement à cause d'un faible contraste. Projection dans quatre des images de référence du modèle 3D de lignes centrales reconstruit. Les deux images de référence centrales sont peu contrastées et induisent des défauts d'appariement.

Une alternative intéressante et réaliste consisterait à utiliser le résultat du processus de fusion comme valeur initiale dans un algorithme de fusion géométrique de type exhaustif. L'immense espace de recherche qu'engendre ce type de discrétisation de l'espace serait alors fortement réduit : par exemple, pour des éléments de volume de 1 millimètre cube, le nombre de voxels à parcourir passerait typiquement de 2 000 000 à 100 000. Cette approche reste à explorer.

3.1.3.9 Limitations

Dans certaines conditions, notre algorithme produit des appariements incorrects. Ces conditions sont les suivantes :

- images de référence peu contrastées,
- lignes centrales incorrectement extraites dans plusieurs des images de références,
- lignes centrales sortant du champ de vue dans plusieurs des images de références,
- incohérence temporelle entre les images de référence.

Nous illustrons maintenant deux cas où de tels défauts nous empêchent d'obtenir un modèle 3D des lignes centrales satisfaisant. La figure 3.22 montre des défauts d'appariement dans le cas où plusieurs des images de référence sont peu contrastées.

La figure 3.23 illustre le défaut d'appariement dans le cas où une des images de référence n'est pas synchrone aux autres.

3.1.4 Conclusion

Notre méthode d'appariement basée sur la mise en correspondance deux à deux des points des lignes centrales extraites permet d'obtenir des modèles de lignes centrales 3D, à partir de vues de référence quasi synchrones extraites d'une séquence rotationnelle. Néanmoins, la proportion de mauvais points appariés et reconstruits peut être importante. Une des causes de ces mauvais appariements est le fait que les appariements ont été jusqu'à présent calculés sous les hypothèses d'une parfaite calibration géométrique du système et de l'absence de bouger respiratoire. Par la suite, nous allons voir que ces hypothèses peuvent parfois s'avérer fausses et allons décrire une méthode permettant de pallier ces problèmes.

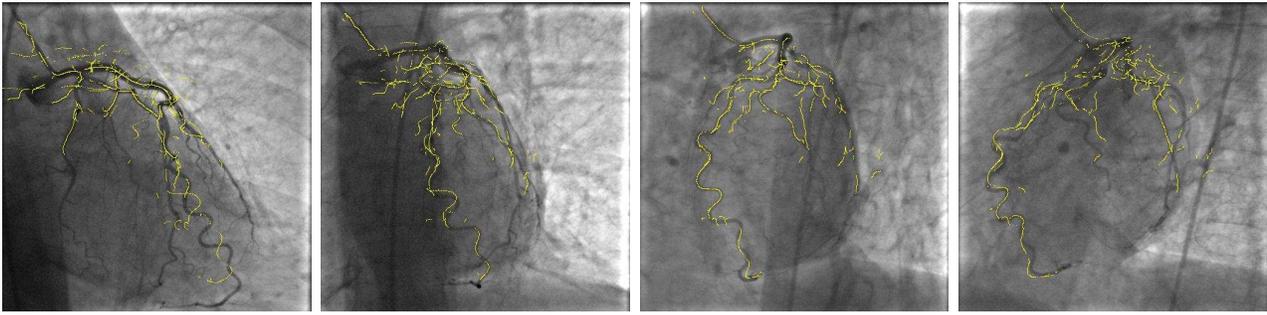


FIG. 3.23 – Défauts d'appariement à cause de l'asynchronisme des images de référence. Projection dans quatre images de référence du modèle 3D reconstruit de lignes centrales. La dernière image de référence a été choisie asynchrone par rapport aux autres (décalée d'un quart de cycle cardiaque par rapport aux autres), ce décalage temporel induit de nombreux défauts d'appariement.

3.2 Ajustement de faisceau

3.2.1 Introduction

L'approche que nous avons présentée sur l'appariement puis la reconstruction 3D des lignes centrales des artères coronaires repose sur l'hypothèse d'une parfaite calibration du système et de l'absence de déplacement du cœur entre les images de référence. Or, en pratique, on sait que la calibration du système d'acquisition n'est pas parfaite et que le cœur subit un déplacement non négligeable entre les prises de vues. Comme il s'agit d'une seule acquisition, le bouger patient externe est lui négligeable. Par contre, le décalage temporel entre les images de référence (typiquement 1 seconde, correspondant à un battement cardiaque entre chaque image de référence) ne permet pas de négliger l'effet de la respiration sur la position du cœur.

Dans cette section, nous verrons quel type et quel amplitude de mouvement nous aurons à corriger, nous décrirons brièvement les méthodes permettant de résoudre ce problème. Ensuite, nous présenterons la méthode que nous avons choisie, sa mise en œuvre, ses résultats et enfin ses limitations.

3.2.2 Généralités

Nous verrons par la suite que compenser le mouvement respiratoire peut se ramener à la correction des paramètres géométriques du système d'acquisition. Ce type de correction est connu sous le nom d'*ajustement de faisceau*, en référence au mode d'acquisition projectif conique.

L'ajustement de faisceau est un problème qui a déjà été largement étudié dans le domaine de la vision par ordinateur. L'idée générale est la suivante : étant fixés des paramètres intrinsèques des caméras d'acquisition, la donnée des paramètres extrinsèques des caméras d'acquisition permet d'obtenir une scène reconstruite. Nous cherchons donc à maximiser la

vraisemblance, la cohérence de la scène reconstruite vis-à-vis d'une partie ou de l'ensemble des paramètres extrinsèques des caméras d'acquisition. Les méthodes d'ajustement de faisceau se différencient par le nombre de vues mises en jeu, le type de reconstruction utilisé (surfaces, courbes), l'ensemble de paramètres extrinsèques des caméras d'acquisition effectivement ajustés, et enfin le critère numérique quantifiant la qualité d'une scène reconstruite.

Dans [Triggs et al., 2000], l'auteur propose une revue des méthodologies liées au problème d'ajustement de faisceau. Nous ne rentrerons pas dans les détails des différentes méthodes proposées car notre méthode est tout à fait spécifique à notre mode d'acquisition et d'appariement, ce qui la rend très éloignée des méthodes classiques d'ajustement de faisceau. Toutefois, l'idée sous-jacente d'optimisation simultanée des paramètres géométriques d'acquisition et de la reconstruction est identique.

3.2.3 Méthode utilisée

3.2.3.1 Hypothèses physiologiques sur la respiration

Dans un premier temps, nous avons répertorié et analysé différentes publications sur les conséquences du mouvement respiratoire sur l'imagerie cardiaque. La modalité la plus utilisée pour de telles études est l'IRM. La méthodologie typique est la suivante : dans une position respiratoire bloquée donnée, une acquisition *rapide* est effectuée et un volume cardiaque reconstruit. Nous entendons par acquisition rapide une acquisition qui peut être effectuée le temps d'une apnée raisonnable pour un patient sain (entre 20 et 40 secondes). Ce type d'acquisition est répété pour différentes positions dans le cycle respiratoire (pleine inspiration, pleine expiration, expiration partielle, ...). On obtient une série de volumes cardiaques *moyens* à différents instants du cycle respiratoire. Les volumes obtenus ne contiennent pas d'information sur le mouvement cardiaque intrinsèque. En effet, d'une part, le temps d'acquisition est trop court pour permettre une reconstruction de bonne qualité, et, d'autre part, le mouvement cardiaque est présent dans les images et l'on n'observe donc qu'un cœur *moyen* au sens temporel. Néanmoins, l'information géométrique est suffisante pour observer les effets sur le cœur de mouvements d'origine extérieure. Les déplacements, en particulier rigides, peuvent être déterminés assez aisément par des méthodes de recalage.

À partir de ce type d'acquisition, différents auteurs ont caractérisé et quantifié l'effet du mouvement respiratoire sur la position du cœur. Nous tirons maintenant les conclusions de [Wang et al., 1995; Holland et al., 1998; Danias et al., 1999; Keegan et al., 2002] dans notre contexte d'acquisition. Le premier résultat est le suivant : le déplacement du cœur, à instant cardiaque donné, entre deux positions respiratoires peut être correctement approché par un déplacement rigide. D'autre part, ce mouvement rigide est presque réduit à sa partie translationnelle. Enfin, la partie translationnelle se situe majoritairement selon l'axe vertical, c'est-à-dire selon la direction de translation du centre du diaphragme. Cette translation 3D de l'objet se traduit au premier ordre par une translation 2D dans les images (au second ordre apparaît une distorsion liée au facteur de grandissement variable).

Nous déduisons de l'ensemble de ces études des bornes sur la translation 3D du cœur entre deux positions respiratoires : dans la direction axiale, un maximum de 30 millimètres a été retenu et dans le plan axial, un maximum de 10 millimètres a été retenu. Pour en quantifier l'effet dans les images, il faut multiplier ce déplacement 3D par un facteur de grandissement

moyen, de l'ordre de 1,6.

3.2.3.2 Paramètres sujets à correction

Nous nous sommes ramenés à la correction d'une translation 2D dans les images. En outre, nous connaissons des bornes sur l'amplitude de ces translations (48 millimètres dans la direction verticale et 16 millimètres dans la direction horizontale).

Les paramètres d'acquisition dont nous allons considérer la correction sont les coordonnées de l'image dans son plan. La première image de référence étant fixée comme référence absolue, le nombre de paramètres géométriques à optimiser est $2 \cdot (n - 1)$, où n est le nombre d'images de référence.

3.2.3.3 Critère d'optimalité

Notre méthode d'appariement donne une valeur numérique qui est la somme sur toutes les combinaisons d'images de la somme sur toutes les chaînes des énergies d'appariement interne et externe³.

Cette valeur numérique donnée par l'étape d'appariement est d'autant plus grande que le nombre de points correctement appariés est élevé. Notre critère d'optimalité reprend donc directement la mesure de qualité globale de la reconstruction produite par l'étape d'appariement. Nous choisissons donc le critère d'ensemble sur les appariements comme fonction objectif pour la correction des paramètres géométriques des caméras. Au sens de l'ajustement de faisceau, cette fonction objectif donne une mesure de qualité d'ensemble de la scène reconstruite.

La figure 3.24 montre un exemple de profil de la fonction objectif au voisinage de l'optimum, en faisant varier deux des corrections. Nous avons choisi un cas où cet optimum est connu : il s'agit de la séquence acquise sur fantôme réel statique, pour lequel la correction liée à la respiration doit être nulle. La fonction objectif que nous avons définie atteint effectivement son maximum pour une correction nulle. Son profil est globalement convexe dans un voisinage de l'optimum, mais elle devient constante (et donc sans gradient pour guider un algorithme d'optimisation local) au-delà d'une certaine distance à l'optimum.

Le comportement du critère diffère selon que ce soit une correction horizontale ou verticale qui rentre en jeu. La figure 3.25 montre que le bassin de convergence possède une taille d'environ 110 millimètres pour les corrections verticales (alors que le bassin de convergence, qui va bien au-delà de la partie représentée sur la figure est de 300 millimètres pour les corrections horizontales). Dans les deux cas, ces valeurs sont largement supérieures aux bornes sur les variables, obtenues par les contraintes physiologiques. Le processus d'optimisation est donc correctement défini. Le gradient de la fonction objectif est beaucoup plus important selon la composante verticale que selon la composante horizontale, l'optimum est donc mieux défini pour les corrections verticales, ce qui est tout à fait cohérent avec les conditions géométriques de l'acquisition. Nous retrouvons ici, à travers l'anisotropie du critère, le fait que l'acquisition est planaire et que par conséquent, l'incertitude est plus importante dans les directions coronale et sagittale que dans la direction axiale.

³L'étape de fusion des reconstructions est ignorée à ce stade de l'algorithme et ne sera réappliquée qu'à la reconstruction obtenue avec la correction des paramètres des caméras.

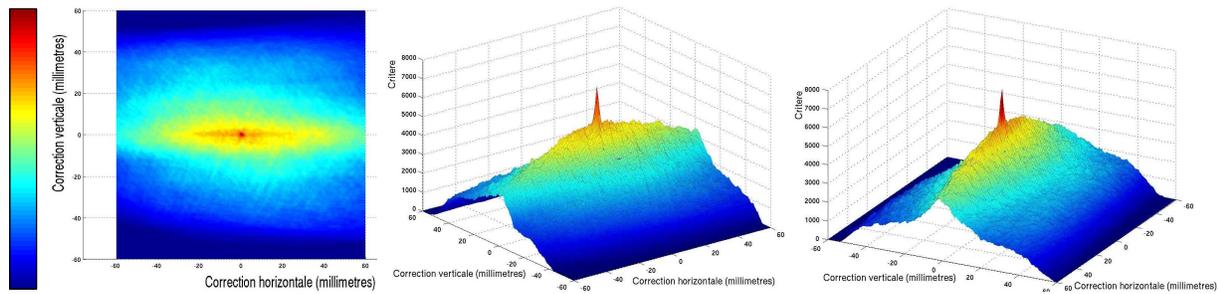


FIG. 3.24 – Profil bidimensionnel de la fonction objectif de l’ajustement de faisceau. À gauche : profil de la fonction objectif de l’ajustement de faisceau, centré autour de son optimum selon une correction horizontale et une correction verticale. Au milieu et à droite, vues tridimensionnelles de la surface d’élévation associée à la fonction objectif. L’optimum global est bien distinct et correspond à la correction nulle attendue.

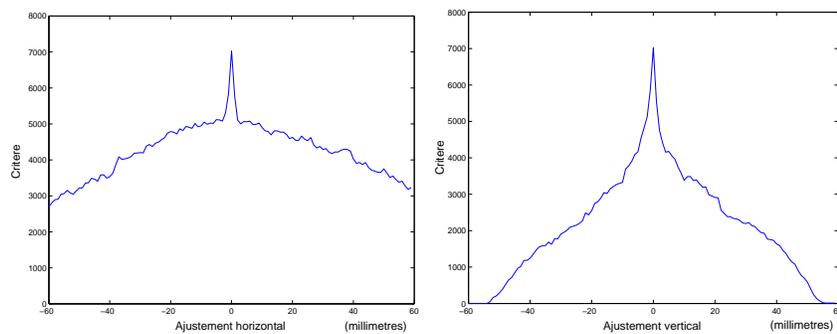


FIG. 3.25 – Profils unidimensionnels de la fonction objectif de l’ajustement de faisceau. À gauche : profil de la fonction objectif de l’ajustement de faisceau pour une correction horizontale, à droite, profil de la fonction objectif de l’ajustement de faisceau pour une correction verticale. La taille du voisinage où la fonction est convexe est plus grande pour la correction horizontale, mais la pente vers l’optimum est plus forte pour la correction verticale. Ce phénomène est une conséquence de l’anisotropie de l’incertitude sur l’appariement.

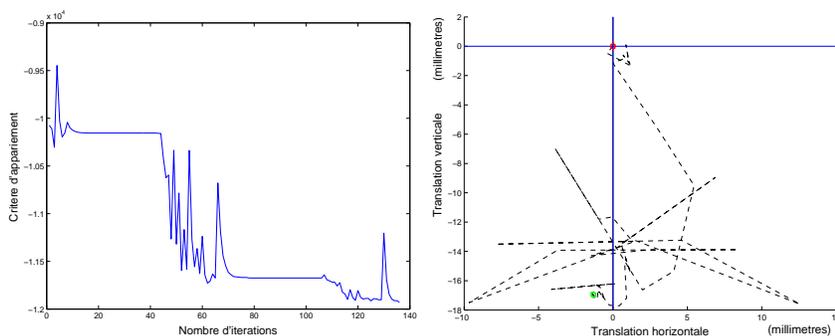


FIG. 3.26 – Évolution du critère d'appariement au cours de l'ajustement de faisceau. À gauche : exemple d'évolution de l'opposé du critère d'appariement au cours de l'optimisation des translations des caméras dans leur plan image. À droite, exemple d'évolution, au cours des itérations du processus d'optimisation, des valeurs de translations horizontale et verticale pour une des caméras.

3.2.3.4 Optimisation

Le problème d'optimisation à résoudre est de petite dimension, plus précisément à $2.(n - 1)$ variables où n est le nombre d'images de référence, compris typiquement entre 3 et 7. Les caractéristiques du problème d'optimisation posé sont les suivantes :

- la fonction objectif est non linéaire,
- le gradient de la fonction objectif n'est pas accessible de manière analytique,
- il y a des contraintes de bornes sur les variables.

Nous avons choisi une méthode de type FSQP (**F**easible **S**equential **Q**uadratic **P**rogramming), décrite dans [Lawrence et Tits, 2001], que nous avons combinée à un calcul de gradient par différences finies.

Cette méthode possède l'avantage de converger rapidement (de manière super-linéaire) lorsque le point courant est dans un voisinage de l'optimum dans lequel le profil de la fonction objectif est quasi quadratique. En outre, elle permet d'éviter certains optima locaux, en acceptant d'éventuelles dégradations du critère sous réserve que celui s'améliore de nouveau après quelques itérations. L'ensemble du processus d'optimisation est répété avec des pas décroissants pour le calcul de gradient par différences finies, afin de favoriser dans un premier temps la convergence de l'algorithme, puis dans un second temps la précision de l'optimum calculé.

L'implémentation de la méthode FSQP que nous avons choisie est CFSQP [Laurence et al., 1997].

La figure 3.26 montre l'évolution du critère au cours de l'optimisation, ainsi que l'évolution de deux des variables optimisées.

3.2.3.5 Résultats

L'optimisation des paramètres de caméras a pour but d'améliorer la qualité de la reconstruction 3D des lignes centrales, via une correction de la géométrie d'acquisition. Pour

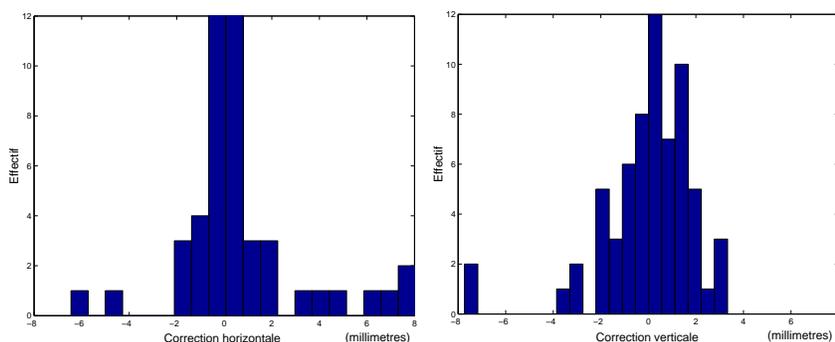


FIG. 3.27 – Histogramme des amplitudes d’ajustement de faisceau, cumulé sur l’ensemble des patients. À gauche : histogramme des corrections horizontales calculées. À droite : histogramme des corrections verticales calculées. Ces histogrammes cumulés ont été évalués sur 17 séquences rotationnelles acquises sur patients, ce qui représente 82 images de référence au total, dont 65 (82-17) ont subi une correction.

montrer l’importance du gain procuré par cette correction, nous avons dans un premier temps quantifié l’amplitude des corrections calculées. Ceci est illustré dans la figure 3.27.

Les corrections calculées atteignent jusqu’à 8 millimètres. Ce sont donc des corrections importantes, qui justifient la mise en œuvre de ce type de technique d’ajustement de faisceau, mais qui restent très en deçà des valeurs extrêmes que nous avons déduites de la littérature.

Nous avons par la suite comparé les reconstructions 3D des lignes centrales avec et sans correction et mis en évidence la reconstruction d’artères qui n’étaient pas reconstruites sans la correction ou bien l’amélioration de la reconstruction d’artères grâce à la correction. La figure 3.28 montre l’amélioration de la reconstruction liée à la compensation du mouvement respiratoire et d’un éventuel défaut de calibration résiduel.

Une fois l’ajustement de faisceau effectué, le modèle 3D reconstruit de lignes centrales contient typiquement :

- entre 30 000 et 50 000 points 3D après l’étape de symétrisation,
- entre 20 000 et 30 000 points 3D après l’étape d’exclusion *a posteriori* des faux appariements,
- entre 8 000 et 15 000 points 3D après l’étape de fusion des reconstructions.

Ce modèle sera la donnée géométrique utilisée pour la détermination du mouvement des artères coronaires.

3.2.3.6 Extension de l’ajustement aux images intermédiaires

La correction de calibration a été calculée sur les images de référence. Par la suite, nous aurons à utiliser l’ensemble des images, y compris celles acquises à d’autres instants cardiaques. Afin de répercuter la correction de calibration sur les images intermédiaires, nous corrigeons chaque matrice de projection en prenant en compte les translations dans le plan image obtenues par interpolation linéaire des translations calculées sur les deux images de référence qui encadrent l’image intermédiaire. D’autres schémas d’interpolation plus complexes, comme l’interpolation parabolique, peuvent être envisagés mais nous n’avons pas poursuivi

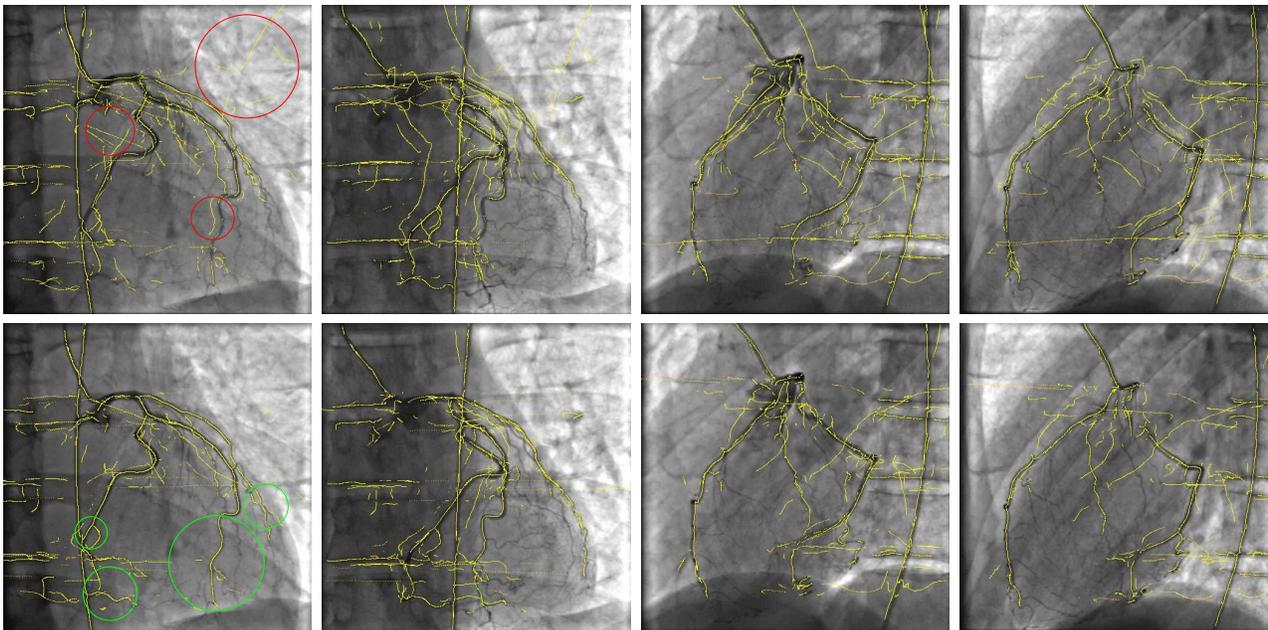


FIG. 3.28 – Comparaison des reconstructions sans et avec ajustement de faisceau. En haut : projection dans quatre images de référence du modèle 3D de lignes centrales avant correction des paramètres de caméras. En bas : projection dans quatre images de référence du modèle 3D de lignes centrales après application de la correction des paramètres de caméras. De nombreux faux appariements sont supprimés (en rouge), des sections d'artères (en particulier dans les parties distales) sont mieux reconstruites (en vert).

ce type d'investigation.

3.2.3.7 Limitations

Les limitations de notre méthode tiennent à plusieurs facteurs :

- nous ne corrigeons que la partie rigide du mouvement respiratoire,
- nous ne corrigeons qu'un sous-ensemble de paramètres extrinsèques des caméras, nécessaires à la correction d'un mouvement rigide,
- la synchronicité des vues de référence peut être imparfaite,
- la correction est calculée par un processus d'optimisation, qui peut converger vers un optimum local.

Notre choix des paramètres de caméras qui sont corrigés repose sur les approximations successives suivantes du mouvement réel des artères coronaires qui, en toute généralité, est une déformation 3D :

- cette déformation 3D est essentiellement un déplacement rigide 3D,
- ce déplacement rigide 3D se limite à une translation 3D,
- la translation 3D se traduit par une translation 2D dans les images.

En particulier, les effets de rotations sont négligés alors que des travaux récents ont montré que le mouvement respiratoire pouvait se traduire par des rotations du cœur allant jusqu'à 3° dans certains cas [Shechter, 2003]. Il est par ailleurs possible que la composante affine non rigide (cisaillement et facteur d'échelle) soit elle aussi à prendre en considération. L'importance de ces mouvements, que nous avons choisi de négliger, reste à explorer.

Nos approximations successives pourraient, dans des cas physiologiques extrêmes, ne pas être valables. Néanmoins, nous n'avons pas remarqué de telles situations au cours des expériences que nous avons menées sur les jeux de données acquises sur patients.

Même si notre approche peut être étendue assez aisément à d'autres types de correction, ce n'est pas le cas dans sa forme actuelle. Une autre limitation, en terme de mise en œuvre, est le temps de calcul important que requiert cette étape, soit typiquement de 10 minutes à 50 minutes, selon le nombre d'images de référence. Ce temps est lié au processus d'optimisation et à la nécessité de reconstruire l'arbre coronaire complet pour chaque valeur d'ajustement de faisceau à évaluer.

Une alternative prometteuse à notre méthode est l'utilisation de la méthode des intégrales horizontales pour calculer très rapidement la correction verticale, qui est celle qui a le plus de conséquences sur la qualité de la reconstruction. Nous avons déjà abordé l'intérêt et le calcul de ces intégrales horizontales dans le paragraphe 3.1.3.2, page 92.

La figure 3.29 montre comment calculer le déplacement vertical, à partir des déplacements verticaux successifs calculés à partir des intégrales horizontales.

3.2.4 Conclusion

Nous avons défini une méthode d'ajustement de faisceau s'appuyant sur une fonction de coût caractérisant la cohérence d'ensemble de l'arbre coronaire reconstruit. Cette méthode permet de compenser les effets principaux du bouger respiratoire et d'éventuels défauts de calibration du système d'acquisition.

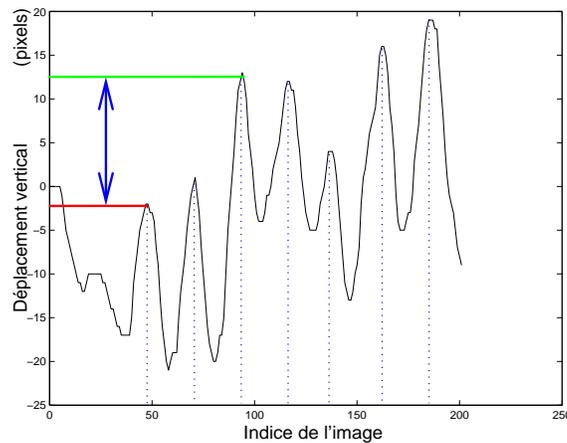


FIG. 3.29 – Ajustement de faisceau par les intégrales horizontales. La correction de la troisième image de référence (en rouge) par rapport à la première image de référence (en vert) est évaluée à partir du déplacement vertical (en bleu) entre ces deux images. Les déplacements verticaux calculés à partir des intégrales horizontales permettent de corriger rapidement et précisément la composante verticale du mouvement respiratoire.

Nous disposons à la fin de cette étape d'un modèle 3D des lignes centrales des artères coronaires, calculé à partir d'une séquence angiographique rotationnelle. Celui-ci est obtenu à partir d'un nombre restreint d'images de référence, acquises au même instant cardiaque et soumises au mouvement respiratoire.

3.3 Valeur ajoutée clinique de la reconstruction 3D des lignes centrales

La reconstruction 3D des lignes centrales est une modélisation relativement partielle des artères : elle ne contient pas d'information temporelle, telle que le mouvement, elle ne donne pas non plus d'information volumique, telle que la coupe transversale des vaisseaux. Néanmoins, elle apporte d'ores et déjà une importante valeur ajoutée clinique que nous allons maintenant détailler.

Plusieurs problèmes sont posés de manière permanente dans une unité d'angiographie par rayons X :

- la détermination d'une configuration optimale du système d'acquisition pour explorer plus avant une lésion détectée durant la première acquisition, en se positionnant le plus parallèlement possible à la sténose,
- la quantification absolue du diamètre d'une artère saine ou présentant une sténose, à partir d'une segmentation 2D du vaisseau d'intérêt,
- l'identification dans d'autres angiogrammes d'une zone d'intérêt repérée dans un premier angiogramme,
- le choix de la largeur et de la longueur d'un stent à poser pour traiter une sténose.

La reconstruction 3D filaire des artères coronaires apporte des éléments de réponse pertinents à ces différents problèmes.

Pour pouvoir fournir au cardiologue ce type d'information, nous lui demandons simplement de repérer, par deux clics dans une *seule* image, la zone d'intérêt sur les artères coronaires, qu'il désire examiner. Grâce au modèle 3D des lignes centrales, nous savons associer à chaque point 2D cliqué un point 3D de la reconstruction filaire. Cette position 3D est associée en outre à une orientation 3D sur la reconstruction 3D filaire.

Une fois l'opération de désignation de zone d'intérêt 2D effectuée, nous pouvons donner au cardiologue l'orientation optimale du système d'acquisition (angles LAO/RAO et CRA/CAU) pour une acquisition supplémentaire dédiée au vaisseau d'intérêt. L'optimisation de l'orientation des vues angiographiques a été largement étudiée [Solzbach et al., 1994; Dumay et al., 1994; Finet et al., 1996; Chen et Carroll, 1998a; Chen et Carroll, 1998b; Sato et al., 1998a]. Une fois connue l'orientation 3D de l'artère d'intérêt, il suffit de déterminer les angles d'acquisition qui vont placer le détecteur dans un des plans *parallèles* à l'axe du vaisseau. On parle de point de vue *optimal* dans le sens où il minimise l'effet de raccourcissement du vaisseau et facilite donc l'exploration et le diagnostic sur ce vaisseau. En particulier, ce point de vue permet une quantification correcte du diamètre du vaisseau après sa segmentation dans l'angiogramme.

Pour quantifier de manière absolue le diamètre d'une artère, nous avons besoin de connaître le facteur de grossissement qui lui est associé. En effet, nous sommes dans le cadre de l'imagerie projective conique et un objet observé dans un angiogramme a donc subi un effet de grossissement. Celui-ci dépend de sa distance par rapport à la source, notée SOD (Source Object Distance), et de la distance entre la source et le détecteur, notée SID (Source Intensifier Distance). Il est donné par le rapport $\frac{SID}{SOD}$. Ce facteur de grossissement est appelé *facteur de calibration*. La valeur de SID, liée uniquement au système d'acquisition, est connue. La position 3D d'un point donne la valeur correspondante de SOD et, par suite, du facteur de calibration qui lui est associé.

La connaissance du facteur de calibration permet de donner de manière absolue, à partir d'une segmentation de l'artère, le diamètre d'une artère coronaire saine ou bien lésée. Cette connaissance présente un réel intérêt : dans l'évaluation d'une pathologie, le taux de sténose n'est pas le seul élément déterminant, le diamètre de l'artère au niveau de portions normale et sténosée ont aussi de l'importance dans le choix de la thérapeutique appropriée. Comme nous avons désormais accès à la position 3D de l'artère sélectionnée, nous pouvons donc calculer le facteur de calibration qui lui est associé et non plus estimer ce facteur de calibration à partir de procédures distinctes (calibration sur cathéter ou sur sphère), manquant parfois de précision, ou basées sur des connaissances *a priori* (calibration avec un *a priori* anatomique sur la hauteur du cœur par rapport à la table).

La procédure classique de quantification des lésions coronarienne est nommée QCA (Quantitative Coronary Analysis). Grâce à l'utilisation de la reconstruction 3D filaire, des quantifications 2D *absolues* peuvent être menées simultanément dans plusieurs angiogrammes. Nous appelons cette procédure étendue *QCA 2D multi-vues*. En effet, la connaissance de la position 3D de la zone d'intérêt permet de connaître la position de la zone d'intérêt dans tous les angiogrammes de référence et donc de répéter de manière analogue

la procédure de calibration dans plusieurs vues acquises sous différentes orientations. Cette approche multi-vues permet de rendre la quantification plus robuste à l'orientation du point de vue employé, par l'utilisation simultanée de plusieurs points de vue, séparés deux à deux d'environ 20° à 30°, et d'observer l'éventuelle asymétrie d'une zone lésée.

Enfin, une fois la pose d'un stent décidée, le praticien doit choisir parmi l'ensemble des modèles disponibles celui dont le diamètre et la longueur s'adaptera au mieux à la lésion à traiter. Ces deux grandeurs sont accessibles via la reconstruction 3D filaire des artères coronaires : le diamètre 3D et longueur 3D d'une zone lésée sont facilement estimés d'une reconstruction 3D filaire des artères coronaires. Nous opposons ces quantités 3D à celles observables dans les images, qui souffrent des effets de grandissement et de raccourcissement.

L'ensemble des fonctionnalités décrites précédemment a été intégré à un prototype clinique, réalisé par Caroline Barbaray, au sein du département Applications Médicales Avancées de General Electric Medical Systems. Notre travail y occupe un rôle très important, car il fournit la reconstruction 3D de l'arbre coronaire à partir de la donnée d'images synchrones vis-à-vis du cycle cardiaque dans d'une séquence angiographique rotationnelle. La validation clinique de ce prototype, illustré dans la figure 3.30, débutera durant l'année 2004, dans le service d'Hémodynamique et Cardiologie Interventionnelle dirigé par le Professeur Finet, aux Hospices Civils de Lyon.

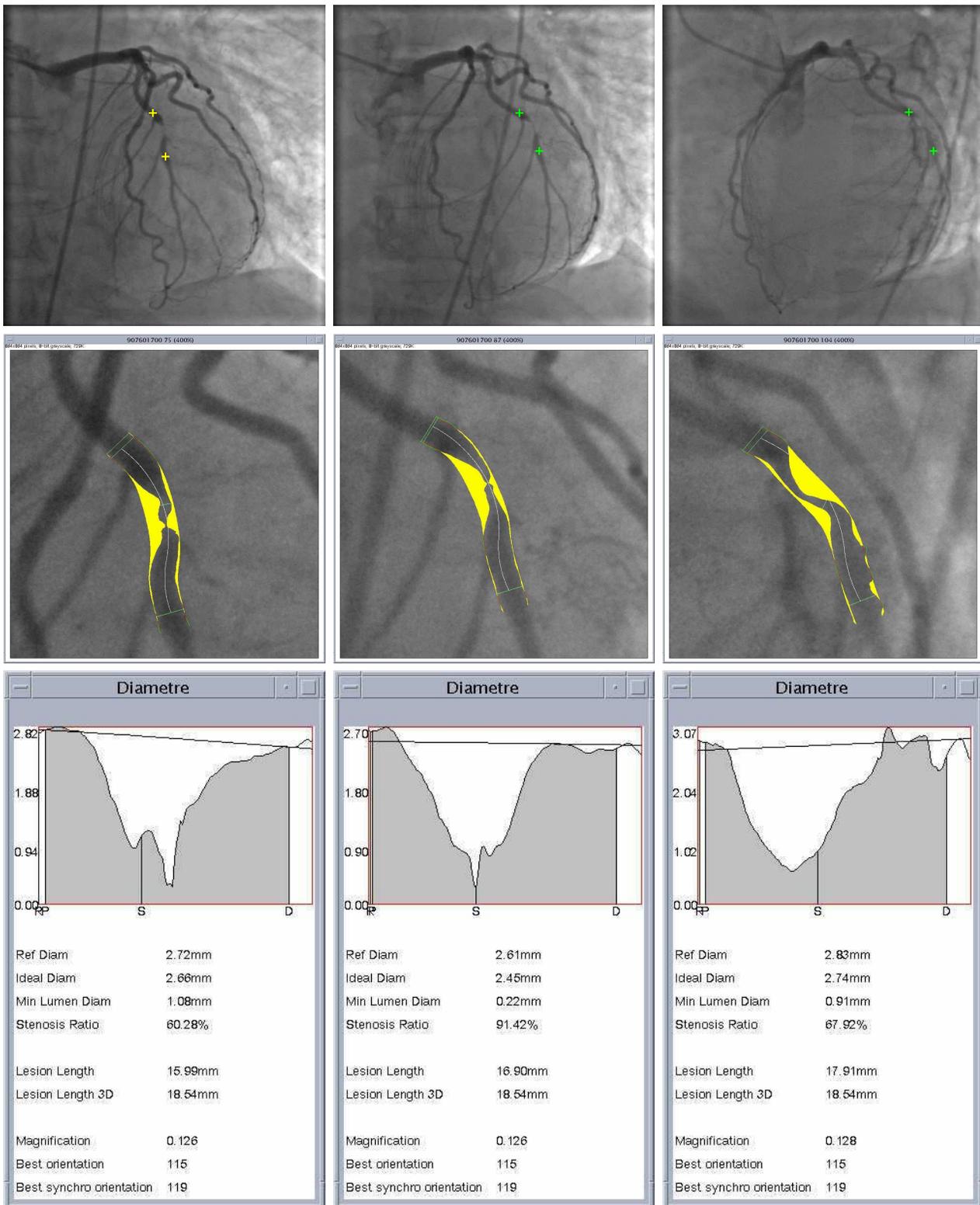


FIG. 3.30 – Prototype industriel pour la quantification multi-vues. En haut, images de référence déterminées automatiquement à partir d'une première image sélectionnée par le clinicien. La zone d'intérêt est délimitée par les deux points jaunes dans la première image uniquement. Les deux points correspondant sont reportés automatiquement dans les autres images de référence (en vert). Au milieu, paramètres visuels de la quantification automatique d'une sténose selon les trois points de vues différents. En bas, paramètres numériques de la quantification automatique d'une sténose selon les trois points de vues différents. L'asymétrie de la lésion est claire grâce à l'observation selon plusieurs points de vues.

Chapitre 4

Le mouvement des artères coronaires

Sommaire

4.1	Mouvement 3D discret en temps	132
4.1.1	Introduction	132
4.1.2	Généralités	132
4.1.3	Méthode utilisée	133
4.1.3.1	Détermination d'images cibles	133
4.1.3.2	Paramétrisation du mouvement	134
4.1.3.3	Critère d'optimalité	136
4.1.3.4	Optimisation du critère	139
4.1.3.5	Résultats	141
4.1.3.6	Limitations	141
4.1.4	Conclusion	144
4.2	Mouvement 4D continu en temps	145
4.2.1	Introduction	145
4.2.2	Généralités	145
4.2.3	Méthode utilisée	146
4.2.3.1	Détermination d'un pseudo-ECG	146
4.2.3.2	Paramétrisation du mouvement	146
4.2.3.3	Critère d'optimalité	148
4.2.3.4	Optimisation du critère	151
4.2.3.5	Résultats	152
4.2.3.6	Limitations	154
4.2.3.7	Raffinement image par image	155
4.2.4	Conclusion	157
4.3	Valeur ajoutée clinique du mouvement	157

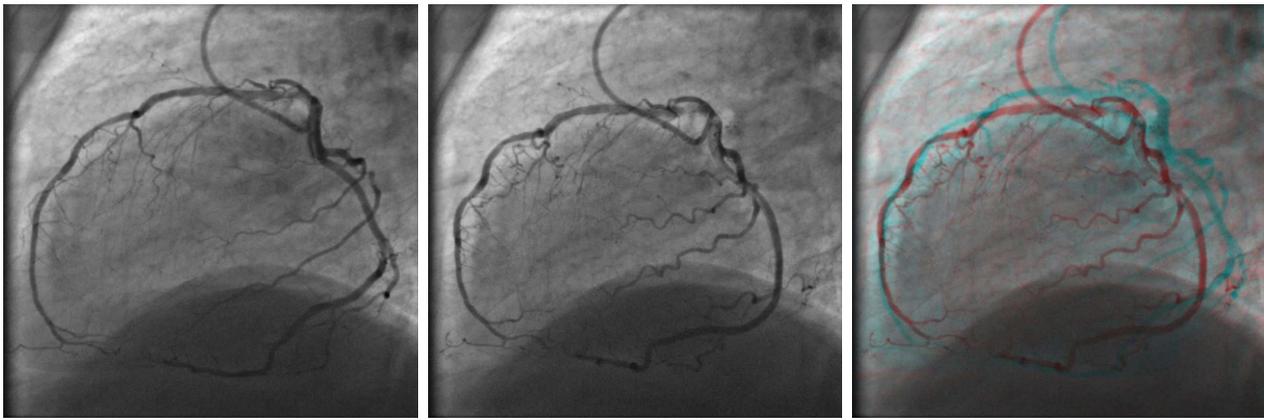


FIG. 4.1 – Superposition d’images acquises à des phases cardiaques différentes, selon le même point de vue. De gauche à droite : angiogramme acquis en télé-diastole, angiogramme acquis en télé-systole sous la même angulation, et superposition des deux images (télé-diastole en cyan et télé-systole en rouge) illustrant l’amplitude du mouvement lié au battement cardiaque (la taille du champ de l’image est de 17 centimètres).

Le cœur est un muscle soumis à un mouvement de contraction et de relaxation permanent et répétitif (nous préférons ne pas parler de *périodicité* pour le moment). Les artères coronaires sont situées sur la surface du muscle cardiaque (l’épicaarde), mais aussi parfois sur certaines portions à l’intérieur du myocarde (parcours intra-pariétal). Elles subissent donc l’effet de cette contraction.

Une séquence acquise sous un point de vue statique montre la projection des artères coronaires soumises à la contraction cardiaque, comme illustré par la figure 4.1. Le mouvement des artères coronaires dans les images est à la fois ample et rapide. Une séquence acquise en rotation met en évidence la combinaison de deux mouvements :

- le mouvement propre du cœur,
- le mouvement de rotation du système d’acquisition.

Le mouvement propre du cœur peut être décomposé en une partie intrinsèque (le battement lui-même) et en une partie extrinsèque (l’effet induit par le mouvement respiratoire). Le mouvement du système d’acquisition est connu, par l’intermédiaire des matrices de projection associées aux images. Le mouvement extrinsèque du cœur a été détecté et sa partie rigide a été globalement compensée par l’ajustement de faisceau. Nous cherchons maintenant à modéliser et calculer le mouvement intrinsèque du cœur. Celui-ci est en quelque sorte le mouvement résiduel après la prise en compte du mouvement du système d’acquisition et du mouvement extrinsèque du cœur, estimé lors de l’étape de compensation du bouger respiratoire, présentée dans la section 3.2 page 117.

Par la suite, nous ferons différentes hypothèses sur le mouvement cardiaque. Nous commençons par différencier plusieurs types de périodicités en partant d’une périodicité idéale pour aller vers une périodicité *dégradée*, plus proche de la réalité physiologique.

La périodicité spatio-temporelle idéale du mouvement des artères coronaires consiste à dire que les artères coronaires retrouvent exactement la même position avec un écart de

temps constant, la période, de cycle en cycle. Nous pouvons restreindre cette périodicité à une quasi-périodicité spatiale formulant le fait que les artères coronaires retrouvent exactement la même position avec des écarts de temps pouvant varier légèrement. Nous pouvons encore relâcher cette contrainte pour parler de quasi-périodicité lorsque les artères coronaires retrouvent une position proche avec des écarts de temps pouvant varier légèrement. C'est ce dernier type de périodicité que nous devons prendre en compte si nous voulons nous rapprocher de la réalité physiologique du mouvement des artères coronaires.

Le mouvement des artères coronaires peut être modélisé de façons fondamentalement différentes.

Classiquement, deux types de support peuvent être utilisés pour le mouvement, il peut être déterminé sur :

- les lignes centrales des artères coronaires (méthodes de type *suivi par modèles déformables*),
- un volume plein de l'espace (méthodes de type *recalage*).

Un autre critère qui différencie les modèles de mouvement est lié à la paramétrisation du mouvement selon le temps.

- Une première approche consiste à décrire le mouvement complet comme un ensemble de déplacements discrets en temps entre un nombre prédéterminé de positions successives. Chaque déplacement entre deux positions successives en temps est alors donné par une application de \mathbb{R}^3 dans \mathbb{R}^3 , la composition de la séquence de ces mouvements permettant de modéliser l'ensemble du cycle cardiaque.
- Une autre approche consiste à considérer le mouvement comme une application continue en temps, ayant comme paramètre le temps en plus de la position, et donnant pour une position de départ donnée, la position de tout point 3D à tout instant du cycle cardiaque, c'est alors une application de $\mathbb{R}^3 \times \mathbb{R}$ dans \mathbb{R}^3 .

Nous pouvons d'ores et déjà remarquer que la première formulation est limitée, par rapport à la seconde formulation, par deux aspects importants :

- les déplacements à des temps *intermédiaires* devront être approchés par interpolation des mouvements discrets en temps,
- les dérivées temporelles du mouvement seront discontinues, du fait de la discrétisation temporelle.

Nous avons choisi d'utiliser une méthode de type recalage pour pouvoir bénéficier de la cohérence spatiale donnée par un seul mouvement défini simultanément par toutes les lignes centrales d'artères, et non pas de déformations locales, indépendantes pour chaque artère, données par un suivi par modèles déformables.

En effet, la faible structuration de notre modèle 3D de lignes centrales ne se prête pas à une modélisation par modèle déformable. La description de notre modèle 3D de lignes centrales en terme de courbes 3D, associées à des artères ou des branches entières serait une tâche complexe [Basle, 1994; Basset-Merle, 1999].

Par la suite, nous appellerons *images de référence* les images associées à l'instant cardiaque associé au modèle 3D de lignes centrales courant et *images cibles* les images associées à l'instant cardiaque vers lequel le mouvement doit être calculé.

Nous allons voir comment la première formulation, parce qu'elle suppose une parfaite périodicité, se montre inadéquate pour la modélisation du mouvement des artères coronaires avec notre type d'acquisition et pourquoi l'analyse de ses faiblesses nous mène à la seconde formulation. En effet, celle-ci ne fait plus qu'une hypothèse de quasi-périodicité spatiale, qui est ensuite encore relâchée en une simple contrainte de quasi-périodicité. La quasi-périodicité est la seule hypothèse qui soit acceptable dans le cas de séquences acquises sur patients.

4.1 Mouvement 3D discret en temps

4.1.1 Introduction

Dans cette section, nous allons décrire une méthode de calcul de mouvement 3D, c'est-à-dire une application menant un objet d'un ensemble de positions 3D à un autre ensemble de positions 3D. Ces deux ensembles de positions correspondent à deux temps discrets, entre lesquels nous recherchons un mouvement.

La détermination du mouvement des artères coronaires est motivée par un objectif diagnostique : certains cliniciens affirment que ce mouvement, et par suite les efforts mécaniques qu'il induit sur les artères coronaires, influence la pathogénèse de l'athérosclérose [Friedman et al., 1999]. Il est donc intéressant de connaître ce mouvement et de le corrélérer aux pathologies coronariennes détectées.

En outre, le mouvement des artères coronaires au voisinage d'une pathologie identifiée donne des informations sur l'effet sur le muscle cardiaque de l'insuffisance d'oxygénation. Cet effet peut varier de l'ischémie partielle, puis totale, jusqu'à l'asphyxie complète qui entraîne la nécrose des tissus. La mobilité d'une portion d'artère coronaire peut renseigner sur la viabilité du tissu qui la supporte. Par exemple, l'identification d'une portion akinétique du myocarde peut faire supposer la nécrose du tissu.

4.1.2 Généralités

La problématique de la détermination du mouvement 3D des artères coronaires d'un état de référence à un état cible a été principalement étudiée dans le cadre de l'angiographie biplan [Ruan et al., 1994]. En effet, celle-ci offre de manière native une suite de couples de vues quasi synchrones (à la demi période d'acquisition près). Si une reconstruction 3D des lignes centrales correspondant à un instant de référence a été déterminée à partir d'un couple de vues, il est naturel de chercher le mouvement qui, appliqué à la reconstruction, est cohérent avec la déformation observable dans le couple suivant d'images.

Deux critères principaux permettent de distinguer les différentes méthodes de détermination du mouvement : le type de mouvement recherché, caractérisé par sa paramétrisation, et le type de mesure caractérisant la qualité d'un mouvement.

Les espaces dans lesquels sont recherchés les mouvements peuvent être :

- les mouvements rigides (6 paramètres ayant une influence globale),
- les mouvements affines (12 paramètres ayant une influence globale),

- d’autres mouvements contraints globalement [Montagnat et Delingette, 1998] comme les déformations superquadriques [Bardinet et al., 1995], planisphériques [Declerck et al., 1998], ou les déformations libres, dites FFD (**F**ree **F**orm **D**eformations), largement utilisées dans le contexte de l’imagerie médicale [Axel et Dougherty, 1989; Chakraborty et al., 1996].
- des mouvements locaux [Park et al., 1996].

Bien entendu, les paramétrisations locales sont préférables dans notre contexte car le mouvement entre images de référence et images cibles est bien de type *déformable*. Néanmoins, les mouvements rigides et affines peuvent être utilisés comme mouvement initial pour la détermination d’un mouvement local [Shechter et al., 2003].

Les mesures de qualité peuvent être séparées en mesures géométriques et iconiques, par analogie aux mesures de recalage. Dans le cas des mesures géométriques, on va typiquement chercher à mettre en correspondance les lignes centrales initiales avec les lignes centrales détectées dans les images cibles [Ding et Friedman, 2000]. Cette procédure est menée en minimisant itérativement la distance entre artères détectées et artères initiales déformées.

Dans le cas des mesures iconiques, on va chercher le mouvement qui maximise une énergie ou une mesure de vraisemblance [Shechter et al., 2003]. Par exemple, on peut chercher à maximiser la valeur d’un filtre rehausseur de lignes centrales de vaisseaux, évalué sur les lignes centrales déformées et projetées dans les images cibles.

4.1.3 Méthode utilisée

Dans cette section, nous définissons les images sur lesquelles portera la détermination du mouvement, la paramétrisation du mouvement que nous avons choisie, et le critère d’optimalité pour le mouvement recherché. Nous expliquons enfin la résolution pratique du problème d’optimisation numérique auquel nous parvenons.

4.1.3.1 Détermination d’images cibles

Nous partons d’un modèle 3D de lignes centrales déterminé à partir d’un ensemble d’images de référence observant le même instant cardiaque, comme exposé dans le chapitre 3. Si le mouvement de battement du cœur est périodique, alors l’ensemble des images qui succèdent aux images de référence, ou *images cibles*, observent elles aussi un même instant cardiaque, qui est légèrement décalé par rapport à l’instant de référence.

Si les indices des images de références sont i_1, i_2, \dots, i_n , alors les indices des images cibles seront $i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_{n-1} + 1$. De même, à l’itération suivante du calcul de mouvement les images cibles auront pour indices $i_1 + 2, i_2 + 2, \dots, i_{n-1} + 2$. Nous observons d’ores et déjà que le calcul du mouvement pas à pas sur un cycle complet requiert la périodicité du mouvement, de manière à ce qu’il y ait le même nombre d’images entre couples d’images de référence successives. Ceci se traduit par la relation : $i_1 + P = i_2, i_2 + P = i_3, \dots, i_{n-1} + P = i_n$, où P est la période en nombre d’indices d’image.

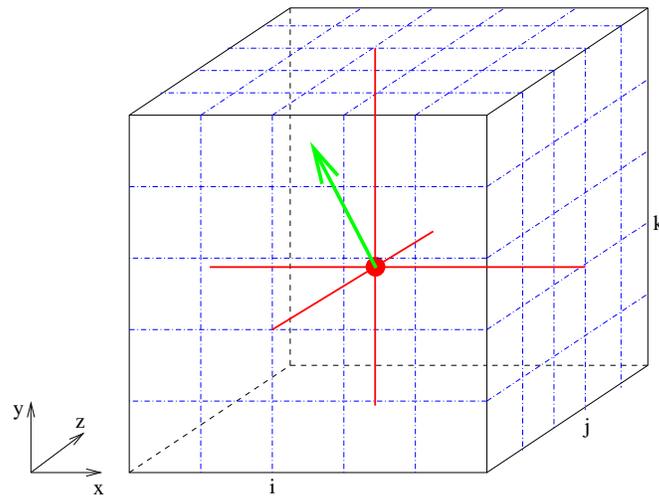


FIG. 4.2 – Représentation schématique d'un *B-solid* 3D. Un mouvement *B-solid* 3D est déterminé par un vecteur tridimensionnel (en vert) en chacun des points de contrôle (en rouge) définis par la structure tensorielle (en bleu).

4.1.3.2 Paramétrisation du mouvement

Le choix de la paramétrisation du mouvement du cœur doit se faire à partir des caractéristiques de ce mouvement entre deux temps discrets.

Ce mouvement n'est pas un déplacement contraint globalement, mais il n'est pas non plus purement local. En fait, ce mouvement est semi-local spatialement, le mouvement de points 3D proches est corrélé. Le cœur se comporte comme une masse élastique anisotrope perfusée, qui remplit certaines conditions de non-interpénétration, de conservation de la matière, ou encore de compressibilité finie.

Ces remarques excluent de fait les paramétrisations rigides, affines, ou d'autres transformations globales, ayant davantage de degrés de liberté, comme les transformations planisphériques [Declerck et al., 1998]. Les paramétrisations de type *déformations libres*, qui utilisent des fonctions de base de support égal au volume de travail complet, comme les polynômes de Bernstein, ne conviennent pas non plus à la détermination d'un mouvement semi-local.

Nous avons besoin d'une paramétrisation pour laquelle le mouvement d'un point influence celui de ses voisins sur un support fini, centré autour de lui, et de manière décroissante avec la distance à ce point.

La paramétrisation que nous avons choisie respecte l'ensemble de ces caractéristiques. Il s'agit du *B-solid* 3D qui est un produit tensoriel de fonctions B-splines selon les 3 coordonnées spatiales [Radeva et al., 1997]. Les propriétés de semi-localité, de régularité et de compacité du support se déduisent de ces mêmes propriétés, pour les B-splines, obtenues par construction. La figure 4.2 illustre la structure d'un mouvement *B-solid* 3D.

L'ordre des B-splines est fixé à $q = 4$ (ce sont donc des B-splines cubiques) car cela assure un ordre de régularité suffisant (de classe \mathcal{C}^2 partout et de classe \mathcal{C}^∞ en dehors des nœuds) sans pour autant trop augmenter le nombre de degrés de liberté par la suite.

Le support 3D de la paramétrisation B-spline est choisi simplement comme la plus petite

boîte qui englobe l'ensemble des points du modèle 3D filaire des lignes centrales. Nous définissons une résolution spatiale, c'est-à-dire un écart maximum entre deux points de contrôle successifs. Cette résolution a été déterminée par encadrements successifs. Pour des résolutions trop fines, le mouvement est trop local et peut devenir irrégulier. Pour des résolutions trop grossières, le mouvement est trop global et certains mouvements locaux fins ne peuvent pas être modélisés. Nous avons finalement retenu comme résolution spatiale 2 centimètres.

À partir de cette résolution spatiale fixée, nous déterminons le nombre de pas selon chaque coordonnée qui est le plus petit entier respectant cette contrainte d'espacement maximum. Par exemple, si l'amplitude selon une coordonnée est de 11 centimètres, alors le nombre de pas pour cette coordonnée est 6.

Les vecteurs de nœuds sont choisis uniformes ouverts avec pour bornes celles de la boîte englobante. Ce type de vecteur de nœuds, où les nœuds extrêmes sont répétés, permet de s'assurer qu'une des fonctions de base ne s'annule pas aux frontières de la boîte englobante et que, par conséquent, le mouvement peut être non nul sur cette frontière.

Nous notons x_{\min} (respectivement y_{\min} , z_{\min}) et x_{\max} (respectivement y_{\max} , z_{\max}) les bornes selon la composante x (respectivement y , z). Les nombres de pas nécessaires en x , y et z sont notés N_x , N_y , N_z . Les vecteurs de nœuds sont donnés par :

$$\begin{aligned} \mathcal{K}_x &= \left[\underbrace{x_{\min}, \dots, x_{\min}}_q, x_{\min} + \frac{x_{\max} - x_{\min}}{N_x - 1}, \dots, x_{\min} + (N_x - 2) \frac{x_{\max} - x_{\min}}{N_x - 1}, \underbrace{x_{\max}, \dots, x_{\max}}_q \right] \\ \mathcal{K}_y &= \left[\underbrace{y_{\min}, \dots, y_{\min}}_q, y_{\min} + \frac{y_{\max} - y_{\min}}{N_y - 1}, \dots, y_{\min} + (N_y - 2) \frac{y_{\max} - y_{\min}}{N_y - 1}, \underbrace{y_{\max}, \dots, y_{\max}}_q \right] \\ \mathcal{K}_z &= \left[\underbrace{z_{\min}, \dots, z_{\min}}_q, z_{\min} + \frac{z_{\max} - z_{\min}}{N_z - 1}, \dots, z_{\min} + (N_z - 2) \frac{z_{\max} - z_{\min}}{N_z - 1}, \underbrace{z_{\max}, \dots, z_{\max}}_q \right] \end{aligned}$$

À partir de leur ordre et des vecteurs de nœuds, nous construisons les fonctions de base B-splines $\{B_i\}_{i \in \mathcal{I}}$, $\{B_j\}_{j \in \mathcal{J}}$ et $\{B_k\}_{k \in \mathcal{K}}$ pour chacune des composantes spatiales.

Les bases de fonctions B-splines ont pour cardinaux respectifs $\tilde{\mathcal{I}}$, $\tilde{\mathcal{J}}$, et $\tilde{\mathcal{K}}$. Si q est l'ordre des B-splines et N est le nombre de nœuds des B-splines, alors le nombre de fonctions de base est donné par $N - q$. Par exemple, le nombre de nœuds de \mathcal{K}_x est $q + (N_x - 2) + q$, ce qui conduit à $\tilde{\mathcal{I}} = N_x - 2 + q$. De même, nous avons $\tilde{\mathcal{J}} = N_y - 2 + q$ et $\tilde{\mathcal{K}} = N_z - 2 + q$. En prenant en compte la valeur que nous avons fixée pour q , nous obtenons au final $\tilde{\mathcal{I}} = N_x + 2$, $\tilde{\mathcal{J}} = N_y + 2$, et $\tilde{\mathcal{K}} = N_z + 2$.

La construction des fonctions de base B-splines, à partir d'un vecteur de nœuds $\mathcal{K} = \{t_0, t_1, \dots, t_m\}$ fixé, se fait par la relation de récurrence suivante :

$$\begin{cases} N_{i,0}(t) = \begin{cases} 1, & \text{si } t_i \leq t < t_{i+1} \text{ et } t_i < t_{i+1} \\ 0, & \text{sinon} \end{cases} \\ N_{i,q}(t) = \frac{t-t_i}{t_{i+q}-t_i} N_{i,q-1}(t) + \frac{t_{i+q+1}-t}{t_{i+q+1}-t_{i+1}} N_{i+1,q-1}(t) \end{cases}$$

Nous notons \mathbf{p} le vecteur de paramètres, \mathbf{p}_{ijk} le vecteur tridimensionnel attribué au point de contrôle 3D défini par les indices i, j, k selon les coordonnées x, y , et z . Le vecteur \mathbf{p} est de dimension $p = \tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}$. Si nous notons t (respectivement t') le temps des images de référence (respectivement le temps des images cibles), alors le déplacement d'un point $X = (x, y, z)$ sous l'effet du mouvement paramétré par le produit tensoriel de B-splines est donné par :

$$\begin{aligned}\Delta_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X) &= BS_{3D}(\mathbf{p}, X) \\ &= BS_{3D}(\mathbf{p}, x, y, z) \\ &= \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} B_i(x) B_j(y) B_k(z) \cdot \mathbf{p}_{ijk} \\ &= \sum_{i \in \mathcal{I}} B_i(x) \left(\sum_{j \in \mathcal{J}} B_j(y) \left(\sum_{k \in \mathcal{K}} B_k(z) \cdot \mathbf{p}_{ijk} \right) \right)\end{aligned}$$

Par suite, la position d'un point $X = (x, y, z)$ après application du mouvement est donnée par :

$$\begin{aligned}\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X) &= X + BS_{3D}(\mathbf{p}, X) \\ &= X + \sum_{i \in \mathcal{I}} B_i(x) \left(\sum_{j \in \mathcal{J}} B_j(y) \left(\sum_{k \in \mathcal{K}} B_k(z) \cdot \mathbf{p}_{ijk} \right) \right)\end{aligned}$$

4.1.3.3 Critère d'optimalité

Maintenant que nous avons choisi une paramétrisation, il nous faut définir une méthode permettant de déterminer la valeur optimale du vecteur de paramètres pour chaque séquence angiographique spécifique. Nous recherchons donc cette valeur optimale du vecteur de paramètres au sens de la maximisation d'un critère numérique qui quantifie l'adéquation du mouvement calculé avec les données disponibles.

Suivant une méthodologie classique dans le cas de données bruitées, nous décrivons un critère qui combine un terme d'attache aux données et un terme de régularisation.

4.1.3.3.1 Attache aux données Nous formulons le critère d'optimalité suivant vis-à-vis des données : le mouvement sera jugé optimal s'il maximise la vraisemblance¹ des lignes centrales 2D obtenues par projection dans les images cibles, après application du mouvement. En pratique, nous maximiserons la somme des valeurs du filtre rehausseur de vaisseaux estimés aux points 2D correspondant à la projection du modèle 3D, ayant préalablement subi le mouvement.

Si l'on note \mathbf{p} le vecteur de paramètres, $\mathcal{N}_{t'}$ l'ensemble des indices des images cibles à l'instant discret suivant t' (de cardinal $\tilde{\mathcal{N}}_{t'}$), \mathcal{X} l'ensemble des points du modèle 3D de lignes centrales, $\Lambda : \mathcal{X} \rightarrow \mathbb{R}$ l'application donnant les indices de confiance respectifs associés aux points de \mathcal{X} , $\tilde{\Lambda} = \sum_{X \in \mathcal{X}} \Lambda(X)$ la somme de l'ensemble de ces indices de confiance, m_n la

¹Le terme *vraisemblance* est à prendre au sens commun et non au sens statistique.

matrice de projection associée à l'image n et R_n^* le filtre rehausseur de vaisseaux associé à l'image n , le critère numérique que nous utilisons est :

$$\Psi(\mathbf{p})_{t \rightarrow t'} = \frac{1}{\tilde{\mathcal{N}}_{t'} \tilde{\Lambda}} \sum_{n \in \mathcal{N}_{t'}} \sum_{X \in \mathcal{X}} \Lambda(X) \cdot R_n^*(m_n(\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X)))$$

De la même manière que pour l'étape d'appariement, il aurait été possible d'utiliser un critère portant non pas sur l'intensité multi-échelle absolue mais sur la cohérence entre intensité multi-échelle du point X original et intensité multi-échelle du point $m_n(\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X))$. Cette approche aurait de plus comme intérêt de rendre inutile l'adjonction d'un terme de régularisation. Nous avons là encore choisi l'intensité multi-échelle absolue car cette intensité varie fortement du cours de la séquence pour les projections d'un même point 3D.

Les étapes successives de l'évaluation du critère sont donc :

- l'application du mouvement $\Phi_{t \rightarrow t'} : \mathbb{R}^p \times \mathbb{R}^3 \mapsto \mathbb{R}^3$,
- l'application de la projection $m_n : \mathbb{R}^3 \mapsto \mathbb{R}^2$,
- l'application de l'intensité du filtre $R_n^* : \mathbb{R}^2 \mapsto \mathbb{R}$,
- la pondération par l'indice de confiance $\Lambda : \mathcal{X} \rightarrow \mathbb{R}$.

Le critère est donc bien une application de \mathbb{R}^p dans \mathbb{R} . Nous appliquons une normalisation par rapport au nombre d'images cibles et par rapport à la somme des indices de confiance des points du modèle 3D, afin de préserver la possibilité de son utilisation conjointe avec d'autres critères basés sur d'autres données.

Le vecteur gradient de ce critère selon le vecteur de paramètres peut être calculé, puis factorisé de manière à réduire le nombre de produits matrice-vecteur :

$$\begin{aligned} \frac{d\Psi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p})}{d\mathbf{p}} &= \frac{1}{\tilde{\mathcal{N}}_{t'} \tilde{\Lambda}} \sum_{n \in \mathcal{N}_{t'}} \sum_{X \in \mathcal{X}} \Lambda(X) \frac{dR_n^*(m_n(\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X)))}{dm_n(\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X))} \frac{dm_n(\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X))}{d\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X)} \frac{\partial \Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X)}{\partial \mathbf{p}} \\ &= \frac{1}{\tilde{\mathcal{N}}_{t'} \tilde{\Lambda}} \sum_{X \in \mathcal{X}} \Lambda(X) \left(\sum_{n \in \mathcal{N}_{t'}} \frac{dR_n^*(m_n(\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X)))}{dm_n(\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X))} \frac{dm_n(\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X))}{d\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X)} \right) \frac{\partial \Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X)}{\partial \mathbf{p}} \end{aligned}$$

Ce gradient est donné par la règle de composition des dérivées et met en jeu :

- la matrice jacobienne du mouvement $\frac{\partial \Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X)}{\partial \mathbf{p}}$, de dimension $3 \times p$,
- la matrice jacobienne de la projection $\frac{dm_n(\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X))}{d\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X)}$, de dimension 2×3 ,
- le vecteur gradient du filtre $\frac{dR_n^*(m_n(\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X)))}{dm_n(\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X))}$, de dimension 2.

Le vecteur gradient du critère est donc bien de dimension p .

4.1.3.3.2 Régularisation Pris seul, le critère d'attache aux données est insuffisant. En effet, nous avons à notre disposition des données bruitées et nous avons pu vérifier dans la pratique que, s'il était utilisé seul, les solutions optimales calculées étaient dégénérées. Par exemple, dans le cas d'un maximum global très marqué sur le filtre rehausseur de vaisseaux, nous obtenons un mouvement très ample qui contracte le modèle 3D de lignes centrales en un amas de faible diamètre qui va se projeter sur le maximum global. Ce maximum global très marqué se situe en général sur le tronc coronaire, comme illustré dans la figure 4.3.

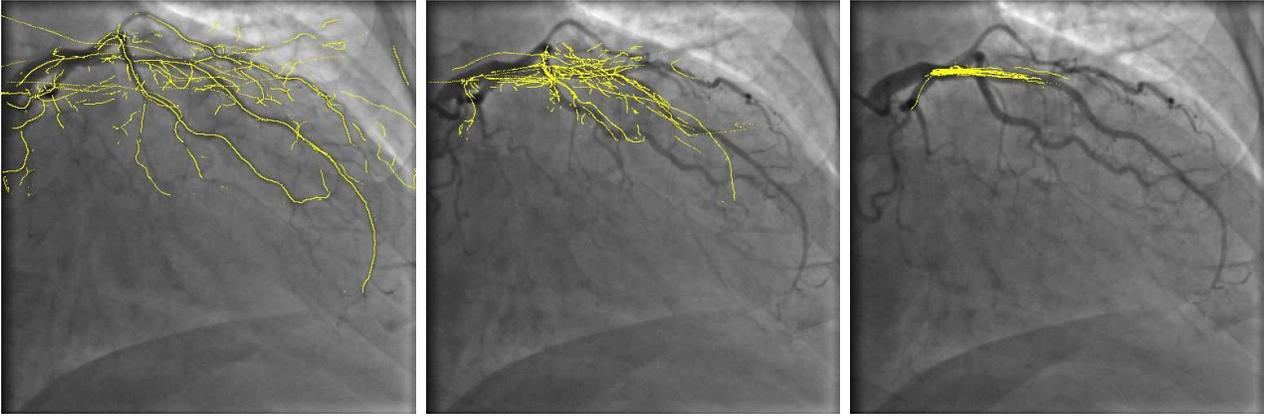


FIG. 4.3 – Mouvement dégénéré en l’absence de régularisation. De gauche à droite : projection des lignes centrales à l’instant de référence, projection des lignes centrales après 3 étapes d’optimisation sans régularisation et projection des lignes centrales après 5 étapes d’optimisation sans régularisation. En l’absence de pénalisation des mouvements irréguliers, les solutions optimales sont dégénérées, la régularisation du mouvement est donc nécessaire.

Nous ajoutons donc au terme d’attache aux données un terme de régularisation qui pénalise les mouvements trop amples (selon le carré de leur norme L^2) ou trop erratiques (selon le carré de la norme L^2 de leur gradient). Nous avons testé d’autres normes, comme la norme L^1 , mais les résultats se sont avérés peu sensibles au choix de cette norme.

Pour mesurer l’amplitude du mouvement, nous estimons la somme normalisée sur tous les points de contrôle de la norme des \mathbf{p}_{ijk} :

$$\Gamma_1(\mathbf{p}) = \frac{1}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \|\mathbf{p}_{ijk}\|^2$$

Pour mesurer la variation locale de mouvement, nous estimons la somme normalisée sur tous les points de contrôle de la norme de la différence entre le \mathbf{p}_{ijk} au point de contrôle et les $\mathbf{p}_{i'j'k'}$ pour les points de contrôle voisins d’indices V_{ijk} (de cardinal $\tilde{\mathcal{V}}_{ijk}$), au sens de la 26-connexité en trois dimensions :

$$\Gamma_2(\mathbf{p}) = \frac{1}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijk}} \sum_{(i'j'k') \in \mathcal{V}_{ijk}} \|\mathbf{p}_{ijk} - \mathbf{p}_{i'j'k'}\|^2$$

Le régularisateur normalisé est donc :

$$\begin{aligned} \Gamma(\mathbf{p}) &= -\alpha_1 \cdot \Gamma_1(\mathbf{p}) - \alpha_2 \cdot \Gamma_2(\mathbf{p}) \\ &= -\frac{\alpha_1}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \|\mathbf{p}_{ijk}\|^2 \\ &\quad - \frac{\alpha_2}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijk}} \sum_{(i'j'k') \in \mathcal{V}_{ijk}} \|\mathbf{p}_{ijk} - \mathbf{p}_{i'j'k'}\|^2 \end{aligned}$$

Ce critère est normalisé par rapport au nombre de points de contrôle et par rapport au nombre de voisins de chaque point de contrôle. Notons, en outre, que ces normes de

vecteurs 3D, comme les \mathbf{p}_{ijk} eux-mêmes, sont exprimées dans la même unité que les points du modèle 3D de lignes centrales, c'est-à-dire l'unité intrinsèquement utilisée par les matrices de projection.

Le gradient du critère de régularité s'écrit :

$$\begin{aligned} \left[\frac{d\Gamma(\mathbf{p})}{d\mathbf{p}_{ijk}} \right] &= - \frac{2\alpha_1}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}} \|\mathbf{p}_{ijk}\| \cdot \mathbf{p}_{ijk} \\ &\quad - \frac{2\alpha_2}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{V}}_{ijk}} \sum_{(i'j'k') \in \mathcal{V}_{ijk}} 2\|\mathbf{p}_{ijk} - \mathbf{p}_{i'j'k'}\| \cdot (\mathbf{p}_{ijk} - \mathbf{p}_{i'j'k'}) \end{aligned}$$

Le coefficient 2 devant le terme de régularisation selon la norme du gradient provient du fait qu'un \mathbf{p}_{ijk} contribue non seulement $\tilde{\mathcal{V}}_{ijk}$ fois lorsqu'il est considéré comme référence du voisinage mais aussi $\tilde{\mathcal{V}}_{ijk}$ fois lorsqu'il est considéré comme voisin de chacun des $\mathbf{p}_{i'j'k'} \in \mathcal{V}_{ijk}$.

4.1.3.3 Critère final Le critère final est simplement la somme du critère d'attache aux données et du critère de régularisation :

$$\begin{aligned} \Upsilon(\mathbf{p}) &= \frac{1}{\tilde{\mathcal{N}}_t \tilde{\Lambda}} \sum_{n \in \mathcal{N}_t} \sum_{X \in \mathcal{X}} \Lambda(X) \cdot R_n^*(m_n(\Phi(\mathbf{p}, X))) \\ &\quad - \frac{\alpha_1}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \|\mathbf{p}_{ijk}\|^2 \\ &\quad - \frac{\alpha_2}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijk}} \sum_{(i'j'k') \in \mathcal{V}_{ijk}} \|\mathbf{p}_{ijk} - \mathbf{p}_{i'j'k'}\|^2 \end{aligned}$$

Les normalisations des deux critères de départ permettent la détermination des constantes de pondération α_1 et α_2 valables pour toutes les séquences angiographiques acquises sur patient.

Ces constantes α_1 et α_2 permettent de prendre en compte, au sein d'un même critère, des *unités* hétérogènes : la réponse du filtre rehausseur de vaisseau et des normes de vecteurs 3D, exprimées dans l'unité de longueur des matrices de projection. Ceci répond au souci d'automatisation de la méthode.

4.1.3.4 Optimisation du critère

Nous avons dans un premier temps déterminé les valeurs optimales des coefficients de pondération α_1 et α_2 . Celles-ci ont été obtenues par encadrements successifs en rejetant les solutions *sur-régularisées* pour lesquelles le mouvement optimal n'est pas suffisamment ample ou local pour pouvoir suivre le mouvement des artères coronaires et les solutions *sous-régularisées* pour lesquelles le mouvement optimal souffre de dégénérescence. Les valeurs optimales trouvées sont : $\alpha_1 = 0,0000001$ et $\alpha_2 = 0,000001$. À l'optimum, le terme $\alpha_1 \cdot \Gamma_1(\cdot)$ vaut typiquement 10% du terme d'attache aux données, tandis que le terme $\alpha_2 \cdot \Gamma_2(\cdot)$ vaut typiquement 5% du terme d'attache aux données.

Le critère final correspond à la somme du critère d'attache aux données et du critère de régularité, avec les valeurs de pondérations que nous venons de définir. Il nous faut maintenant une solution pratique pour l'optimisation numérique du critère. Cette solution se déduit naturellement des caractéristiques du critère :

- le critère à optimiser est *non linéaire*,
- le critère est de *grande taille* (typiquement, la boîte englobante possède des arêtes de 15 centimètres, ce qui entraîne la nécessité de 8 points de contrôle selon chaque coordonnée, c'est à dire de 10 fonctions de base par coordonnées, soit au total 10^3 vecteurs tridimensionnels ou 3000 variables),
- nous disposons de la *forme analytique du gradient du critère*.

De plus, il n'y a pas de contraintes sur les valeurs des composantes du vecteur de paramètres, il est en effet inutile de les borner car le terme de régularisation agit de manière implicite pour la majoration de l'amplitude du mouvement.

Nous avons donc choisi d'utiliser une méthode de type gradient conjugué qui est bien adaptée à ce type de problème d'optimisation de très grande taille [Gill et al., 1982]. Bien que *théoriquement* équivalente à la formulation classique de Fletcher-Reeves, nous utilisons la formulation de Polak-Ribière qui montre une plus grande robustesse dans les cas numériques pratiques [Nocedal, 1992].

La mise en œuvre que nous avons sélectionnée est **CONMIN**² [Vanderplaats, 1973].

Par ailleurs, afin de favoriser la convergence et sa vitesse, nous n'utilisons pas directement les cartes multi-échelle $\{R_n^*\}_n$ mais plutôt ces mêmes cartes convoluées par des noyaux gaussiens de tailles décroissantes. Plus le noyau de convolution utilisé est grand, plus la carte multi-échelle sera diffusée et, par suite, plus grands seront les bassins d'attraction formés par les vaisseaux. L'utilisation initiale de grands noyaux de convolution permet donc d'accroître la robustesse de l'algorithme à la présence de minima locaux. Plus le noyau de convolution utilisé est petit, plus les gradients de la carte multi-échelle sont marqués et mènent rapidement et précisément vers la ligne centrale du vaisseau. L'utilisation finale de petits noyaux de convolution permet donc d'accroître la vitesse de convergence et la précision à l'optimum.

En notant $R_{n,\sigma}^*$ la carte multi-échelle R_n^* convoluée par un noyau gaussien de variance σ , le critère utilisé en pratique est donc :

$$\begin{aligned} \Upsilon(\mathbf{p}, \sigma) = \Psi(\mathbf{p}, \sigma) + \Gamma(\mathbf{p}) = & \frac{1}{\tilde{N}_{t'} \tilde{\Lambda}} \sum_{n \in \mathcal{N}_{t'}} \sum_{X \in \mathcal{X}} R_{n,\sigma}^*(m_n(\Phi_{t \rightarrow t'}(\mathbf{p}, X))) \\ & - \frac{\alpha_1}{\tilde{\mathcal{I}} \tilde{\mathcal{J}} \tilde{\mathcal{K}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \|\mathbf{p}_{ijk}\|^2 \\ & - \frac{\alpha_2}{\tilde{\mathcal{I}} \tilde{\mathcal{J}} \tilde{\mathcal{K}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijk}} \sum_{(i'j'k') \in \mathcal{V}_{ijk}} \|\mathbf{p}_{ijk} - \mathbf{p}_{i'j'k'}\|^2 \end{aligned}$$

Le mouvement optimal obtenu à une échelle donnée est employé comme point

²<http://mdob.larc.nasa.gov/mdo.test/CONMIN/allversions.html>

initial pour le processus d'optimisation à l'échelle suivante. En pratique, nous avons déterminé les tailles successives suivantes pour σ : 16, 8, 4, 2, 1, et 0,5 pixels.

Nous avons aussi testé les approches utilisant un raffinement successif de mouvement par la détermination d'un mouvement rigide, puis d'un mouvement affine et enfin d'un mouvement *B-solid*, mais sans que cela n'apporte de meilleurs résultats, ni même d'accélération de la convergence du processus d'optimisation. Au final, nous initialisons donc le mouvement *B-solid* 3D à partir d'un mouvement nul, ce qui équivaut à $\mathbf{p}_{ijk} = \vec{0}$, $\forall i, j, k$.

4.1.3.5 Résultats

Nous montrons dans cette section les résultats obtenus pour la détermination d'un mouvement optimal au sens de notre critère. Le moyen le plus simple pour illustrer la qualité du mouvement est de montrer la projection dans les images cibles du modèle 3D des lignes centrales avant et après application du mouvement calculé.

La figure 4.4 montre l'évolution de cette projection avec le raffinement de l'échelle de convolution du filtre rehausseur de vaisseaux.

La figure 4.5 montre un cas où le mouvement des artères coronaires est globalement correctement déterminé, du point de vue de la superposition aux artères après application du mouvement, mais où l'on peut observer un décalage important sur une des artères.

Cette modélisation du mouvement 3D peut donc donner, dans certains cas, des résultats corrects, mais nous allons maintenant voir que son champ d'applicabilité est trop restreint pour être une solution satisfaisante à la modélisation du mouvement des artères coronaires dans le cadre de l'acquisition rotationnelle.

4.1.3.6 Limitations

La détermination du mouvement 3D s'est montrée insuffisante pour la plupart des séquences d'angiogrammes acquis sur patients dont nous disposons. La figure 4.5 illustre le type de défaut le plus couramment rencontré : la perte de superposition d'une portion entière d'un vaisseau. Ce défaut dans le calcul du mouvement 3D est intrinsèque à sa formulation. Nous détaillons maintenant les raisons pour lesquelles une paramétrisation 3D n'est pas suffisante dans notre contexte d'acquisition.

4.1.3.6.1 Inadéquation vis-à-vis de la physiologie Dans notre contexte d'acquisition, la modélisation du mouvement cardiaque par un mouvement 3D en temps discret atteint rapidement ses limites. En effet, il requiert un mouvement parfaitement périodique sur l'ensemble des cycles observés. Typiquement, seuls 20 % des données acquises sur patients respectent ce type de contrainte. La plupart du temps, la période varie au cours de l'acquisition. Le plus souvent, le battement cardiaque subit une accélération due à l'injection du produit de contraste.

4.1.3.6.2 Inadéquation vis-à-vis de l'acquisition Bien que la fréquence d'acquisition soit très rapide (typiquement 30 Hz), il peut y avoir une désynchronisation entre battement cardiaque et acquisition si la fréquence d'acquisition n'est pas exactement un multiple de la

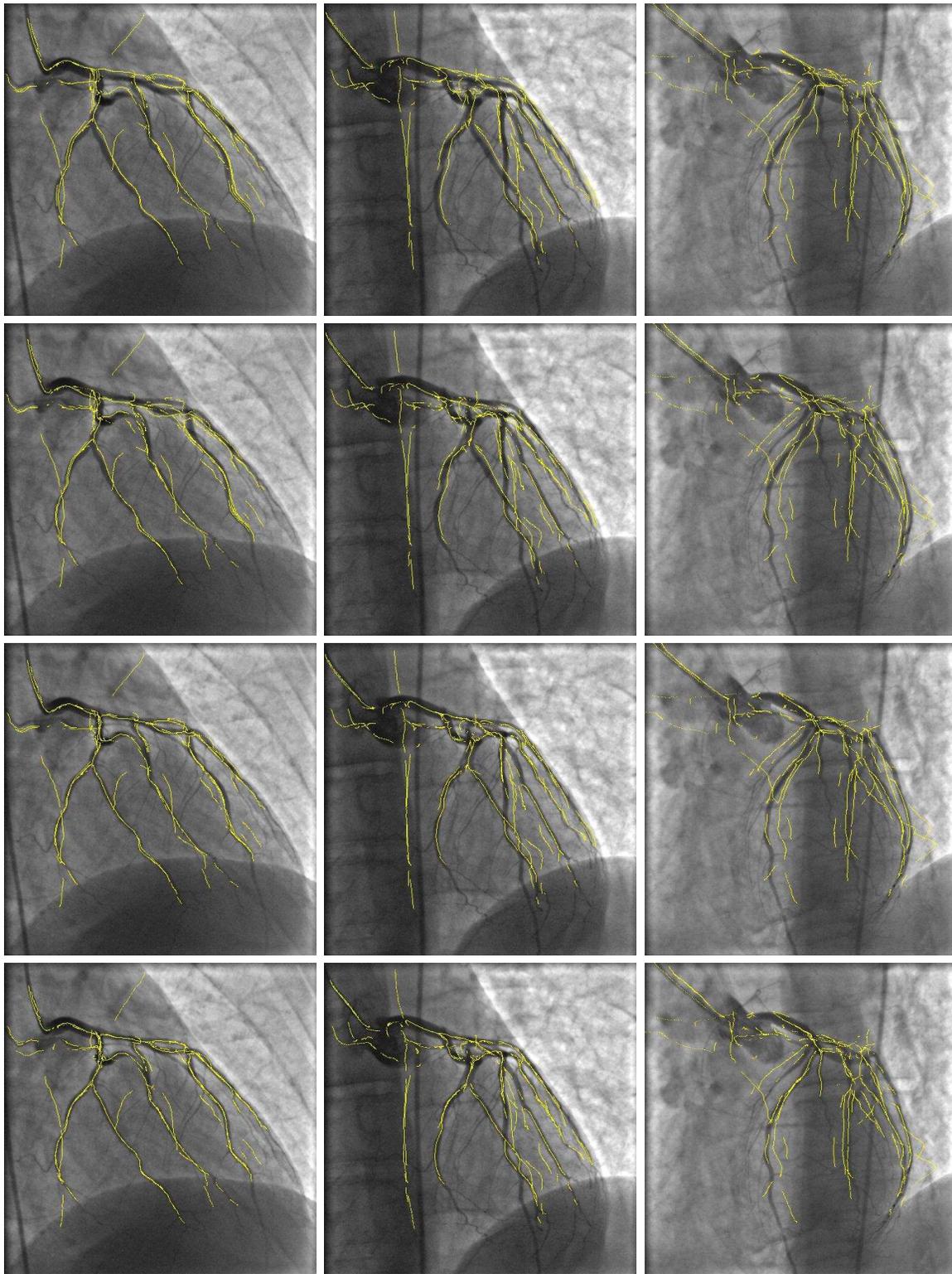


FIG. 4.4 – Évolution du mouvement optimal au sens de notre critère avec le raffinement des échelles de convolution. De haut en bas : projection dans les trois images cibles du modèle 3D de lignes centrales avant application du mouvement, après application du mouvement calculé pour l'échelle la plus grossière (16 pixels), après application du mouvement calculé pour une échelle intermédiaire (4 pixels), et après application du mouvement calculé pour l'échelle la plus fine (0,5 pixels). L'effet de la réduction progressive des tailles du noyau de convolution est clairement visible à travers le raffinement progressif de la superposition des vaisseaux déformés dans les images.

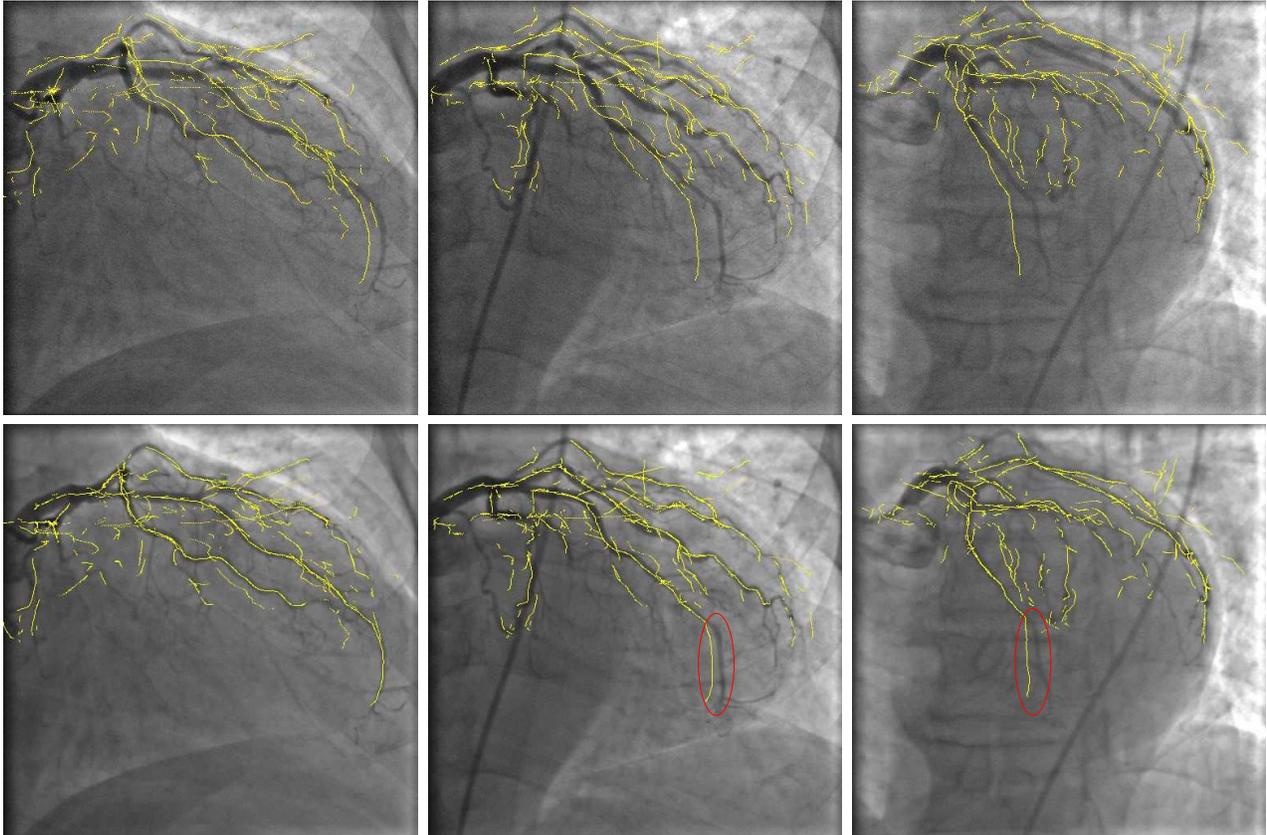


FIG. 4.5 – Résultats du calcul de mouvement 3D. En haut : projection dans les trois images cibles du modèle 3D de lignes centrales avant application du mouvement. En bas : projection dans les trois images cibles du modèle 3D de lignes centrales après application du mouvement. Le mouvement 3D a été correctement déterminé, du point de vue de la superposition aux artères après application du mouvement, par le processus d'optimisation, à l'exception de la section d'artère repérée en rouge.

fréquence cardiaque. Ce problème engendre de petits décalages temporels entre images supposées synchrones, ce qui se traduit par un décalage spatial dans les images. Ce décalage peut entraîner la non-existence d'une solution au problème d'optimisation, si l'ensemble d'images cibles n'est pas cohérent.

Outre cette limitation dans le contexte rotationnel, cette approche n'est pas parfaitement valide dans le cas biplan pour lequel les images sont acquises de manière alternée et non pas de manière simultanée. Au contraire, l'approche que nous présenterons par la suite s'applique au cas biplan de manière plus rigoureuse et permet de relâcher les contraintes de périodicité dans le cas rotationnel.

4.1.3.6.3 Difficulté d'extension au cycle cardiaque complet Afin de couvrir l'intégralité du cycle cardiaque, la détermination du mouvement 3D en temps discret doit être itérée sur un nombre important de pas, correspondant à la durée de la période, en terme de nombre d'images, c'est-à-dire typiquement 20 à 30 images.

Pour déterminer le mouvement sur l'ensemble des instants discrets $\{t_i\}_i$ du cycle cardiaque à partir d'un instant de référence t_0 , nous avons deux possibilités :

- construire la suite de mouvements consécutifs $\Phi_{t_i \rightarrow t_{i+1}}$,
- construire la suite de mouvements d'origine temporelle commune $\Phi_{t_0 \rightarrow t_i}$.

La première formulation est sujette à l'accumulation des erreurs. Dans la plupart des cas, un mouvement 3D $\Phi_{t_i \rightarrow t_{i+1}}$ incorrect sur un portion de l'espace pour un temps discret donné ne pourra pas être corrigé lors de la détermination du mouvement $\Phi_{t_{i+1} \rightarrow t_{i+2}}$ au temps discret suivant.

La seconde formulation est inexploitable du fait de la complexité et de l'amplitude du mouvement des artères coronaires entre deux instants cardiaques éloignés. Par exemple, il serait difficile d'estimer directement par un seul mouvement 3D le déplacement des artères coronaires entre télé-diastole et télé-systole.

Au final, nous reprochons à cette approche son manque d'applicabilité aux données patients et son manque de robustesse à la variation de période cardiaque.

4.1.4 Conclusion

Nous avons modélisé le mouvement 3D des artères coronaires en temps discret et avons écrit un critère dont l'optimum correspond au mouvement des artères coronaires entre des images de référence et des images cibles. Cette approche permet de déterminer le mouvement des artères dans certaines conditions favorables d'acquisition.

Néanmoins, la formulation du mouvement en temps discret est insuffisante pour modéliser fidèlement le mouvement des artères coronaires dans la majorité des acquisitions rotationnelles. Nous allons donc introduire une formulation plus générale, en temps continu. Dans cette nouvelle approche, toutes les images sont des images cibles et un seul mouvement, paramétré par le temps, est recherché.

4.2 Mouvement 4D continu en temps

4.2.1 Introduction

Dans notre contexte d'acquisition, la modélisation du mouvement des artères coronaires par une suite de mouvements 3D s'est révélée insuffisante. En effet, cette modélisation souffre de deux problèmes importants. D'une part, elle n'est pas largement applicable car elle requiert l'observation d'un cœur parfaitement périodique (ce qui représente moins de 20% des patients dans notre base de données). D'autre part, le cycle complet étant modélisé par une suite de mouvements 3D composés les uns à la suite des autres et calculés indépendamment les uns des autres, les erreurs de calcul s'accumulent (une fois le calcul faussé au voisinage d'un vaisseau, il y a peu de chance que cette erreur soit compensée lors du calcul du mouvement 3D suivant). Enfin, d'un point de vue calculatoire, comme la composition de deux *B-solids* 3D n'est pas un *B-solid* 3D, il n'y a pas d'alternative à la composition successive des mouvements 3D pour passer d'une configuration 3D à un instant donné à une autre. Ceci peut se révéler très coûteux.

Une formulation en temps continu, dite *formulation 3D+t* ou *formulation 4D*, permet de s'affranchir de l'ensemble des problèmes rencontrés par la formulation 3D.

Si le mouvement recherché est paramétré par le temps en plus de l'espace, il n'est plus nécessaire d'avoir des séries d'images synchrones. En effet, cette formulation utilise simultanément l'ensemble des images à tous les instants cardiaques. Il n'y a plus d'instant cardiaque privilégié comme dans le mouvement 3D. Toutes les images sont des images cibles. La périodicité n'est plus requise, seule la quasi-périodicité spatiale est nécessaire.

En outre, le passage d'une configuration 3D d'un instant donné à un autre se fait par une unique évaluation du modèle de mouvement, sans composition.

Enfin, l'erreur de mouvement ne s'accumule pas puisqu'un seul champ de mouvement est calculé, en prenant en compte simultanément l'ensemble des instants cardiaques observés dans les images.

4.2.2 Généralités

La littérature ne traite pas de formulation 4D dans le cas des artères coronaires en imagerie rayons X. Nous avons néanmoins pu trouver des sources décrivant des paramétrisations de mouvement 4D dans le cas du myocarde, en particulier dans le cadre de l'imagerie IRM marquée. Une formulation intéressante est décrite dans [Huang et al., 1999], où une paramétrisation par un produit tensoriel 4D de B-splines est proposée. Celle-ci est une extension naturelle de la formulation 3D proposée précédemment par le même groupe d'auteurs dans [Radeva et al., 1997] et que nous avons utilisée pour modéliser le mouvement 3D. Dans cet article, la définition du critère d'optimalité repose sur la minimisation de la distance entre les surfaces marquées segmentées, qui sont les plans initialement marqués et déformés sous l'action du mouvement, et une structure tensorielle de points 3D déformée sous l'action du mouvement 4D que l'on cherche à déterminer. Cette méthode peut s'apparenter aux méthodes géométriques dans le cadre du recalage d'images.

Comme nous le verrons par la suite, nous avons utilisé une paramétrisation du mouvement très proche de celle décrite dans cet article. Par contre, notre critère d'optimisation diffère en de nombreux points de celui qui est proposé dans le cas d'acquisition IRM. L'ensemble de points 3D sur lequel porte notre critère est un *nuage* de points (le modèle 3D de lignes centrales des artères coronaires issu de l'étape d'appariement) et non un ensemble possédant une structure tensorielle. La quantité que nous cherchons à optimiser est la vraisemblance 2D de points 3D déformés, projetés dans les images et non une distance 3D entre un objet segmenté dans les images et un ensemble de plans 3D déformés. Notre méthode combine donc informations géométrique et iconique.

4.2.3 Méthode utilisée

Nous allons maintenant décrire notre modélisation de l'information temporelle et du mouvement. Nous construirons ensuite un critère d'optimalité pour le mouvement. Enfin, nous optimiserons ce critère numérique afin d'obtenir un mouvement 4D adapté à chaque séquence d'angiogrammes. L'analogie avec le mouvement 3D est très forte et nous nous basons sur la première partie de ce chapitre pour décrire le mouvement 4D.

4.2.3.1 Détermination d'un pseudo-ECG

Dans le cas du mouvement 4D, toutes les images sont des images cibles. Cela signifie en pratique que toutes les images comprises entre la première et la dernière des images de référence sont considérées comme des images cibles.

L'ensemble des images cibles n'étant plus synchrones vis-à-vis du cycle cardiaque, l'information temporelle doit être modélisée en identifiant pour chaque image, l'instant cardiaque auquel elle a été acquise. Nous introduisons une normalisation temporelle du cycle cardiaque liée à sa quasi-périodicité spatiale. Tout instant du cycle cardiaque est représenté par un nombre dans l'intervalle $[0, 1[$. L'instant de référence (de reconstruction 3D des lignes centrales) est fixé à 0 par convention.

L'attribution d'un temps cardiaque normalisé pour chaque image se fait en interpolant linéairement le temps entre deux images de référence, auxquelles nous attribuons les temps 0 et 1. La figure 4.6 montre un exemple de calcul des temps cardiaques normalisés pour un patient dont la période cardiaque varie au cours de l'examen.

Cette méthode d'interpolation linéaire induit des changements de pas de temps qui ne sont pas lisses entre deux périodes consécutives. Nous avons donc envisagé des méthodes d'interpolation lisse de type interpolation d'Hermitte, mais ne les avons pas testées car nous pensons que d'autres facteurs sont prépondérants pour la qualité du mouvement 4D.

4.2.3.2 Paramétrisation du mouvement

La paramétrisation que nous avons choisie est une extension naturelle de la paramétrisation 3D. Un terme temporel est ajouté au produit tensoriel de B-splines, qui est maintenant en quatre dimensions. Les nœuds temporels sont choisis de manière à ce que le mouvement soit nul pour $t = 0$ et $t = 1$, ce qui correspond à l'instant de référence. Le vecteur de nœuds

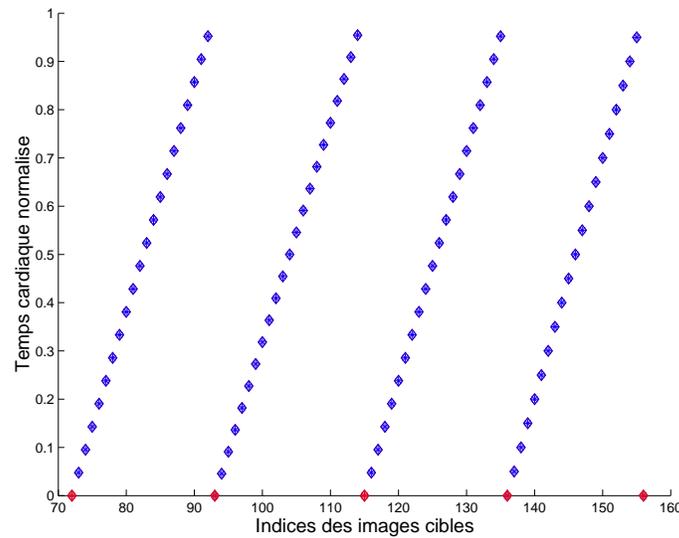


FIG. 4.6 – Calcul des temps cardiaques normalisés à partir des indices des images de référence : entre deux images de référence (en rouge) consécutives, le temps est interpolé linéairement entre les temps de référence équivalents 0 et 1 (en bleu). Les quasi-périodes ont ici pour longueurs successives 21, 22, 21 et 20 images.

en temps est donc pris uniforme. Si le nombre de points de contrôle temporels est N_t , alors le vecteur de nœuds en temps \mathcal{K}_t est :

$$\mathcal{K}_t = \left[0, \frac{1}{N_t - 1}, \frac{2}{N_t - 1}, \dots, \frac{N_t - 2}{N_t - 1}, 1 \right]$$

On peut voir le *B-solid* 4D comme la paramétrisation d'un mouvement sur une structure tensorielle de dimension 4, en espace et en temps. La figure 4.7 donne une représentation schématique d'un mouvement *B-solid* 4D.

À partir du vecteur de nœuds temporel et de l'ordre q des B-splines, nous définissons les fonctions de base temporelles $\{B_l\}_{l \in \mathcal{L}}$. Cette base a pour cardinal $\tilde{\mathcal{L}} = N_t - q$, où l'ordre q

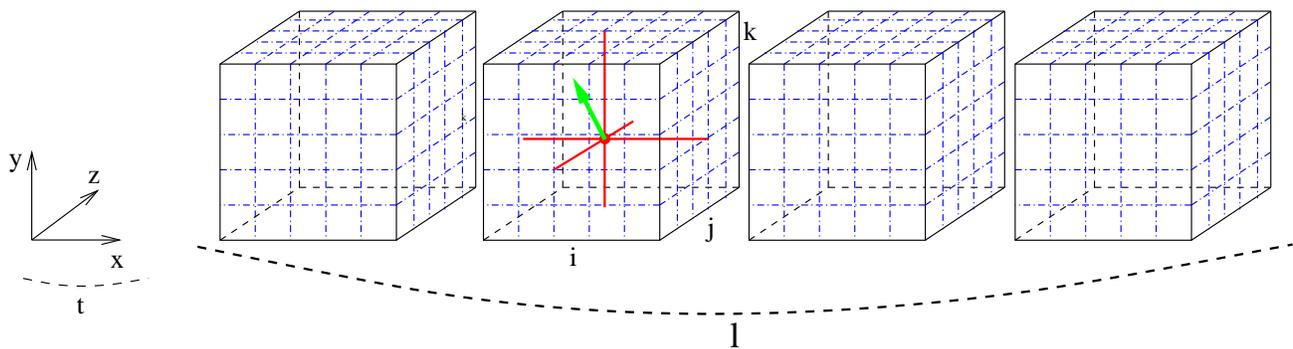


FIG. 4.7 – Représentation schématique d'un *B-solid* 4D. Un mouvement *B-solid* 4D est déterminé par un vecteur tridimensionnel (en vert) en chacun des points de contrôle défini par la structure tensorielle en quatre dimensions.

des B-splines vaut 4 (nous utilisons toujours des B-splines cubiques). De la même manière que pour le nombre de points de contrôle en espace, nous avons déterminé par encadrements successifs le nombre optimal de points de contrôle en temps. Nous avons retenu comme valeur optimale $\tilde{\mathcal{L}} = 10$. Il est intéressant de constater que cette valeur est bien inférieure à la durée d'une période en nombre d'images (typiquement 20 à 30 images). Ceci corrobore le fait que le mouvement cardiaque possède une cohérence temporelle.

Nous notons \mathbf{p} le vecteur de paramètres, \mathbf{p}_{ijkl} le vecteur tridimensionnel attribué au point de contrôle 4D défini par les indices i, j, k, l selon les coordonnées x, y, z , et t . Le vecteur \mathbf{p} est de dimension $p = \tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}$. Le déplacement, évalué à l'instant normalisé t , d'un point $X = (x, y, z)$ sous l'effet du mouvement 4D paramétré par le produit tensoriel de B-splines est donné par :

$$\begin{aligned} \Delta(\mathbf{p}, X, t) &= BS_{4D}(\mathbf{p}, X, t) \\ &= BS_{4D}(\mathbf{p}, x, y, z, t) \\ &= \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} B_i(x) B_j(y) B_k(z) B_l(t) \cdot \mathbf{p}_{ijkl} \\ &= \sum_{i \in \mathcal{I}} B_i(x) \left(\sum_{j \in \mathcal{J}} B_j(y) \left(\sum_{k \in \mathcal{K}} B_k(z) \left(\sum_{l \in \mathcal{L}} B_l(t) \cdot \mathbf{p}_{ijkl} \right) \right) \right) \end{aligned}$$

Par suite, la position d'un point $X = (x, y, z)$ après application du mouvement 4D, évalué à l'instant normalisé t , est donnée par :

$$\begin{aligned} \Phi(\mathbf{p}, X, t) &= X + BS_{4D}(\mathbf{p}, X, t) \\ &= X + \sum_{i \in \mathcal{I}} B_i(x) \left(\sum_{j \in \mathcal{J}} B_j(y) \left(\sum_{k \in \mathcal{K}} B_k(z) \left(\sum_{l \in \mathcal{L}} B_l(t) \cdot \mathbf{p}_{ijkl} \right) \right) \right) \end{aligned}$$

4.2.3.3 Critère d'optimalité

Le critère d'optimalité est lui aussi une généralisation du cas du mouvement 3D. Toutes les images de la séquence sont des images cibles dans le critère d'attache aux données. En outre, le critère de régularisation doit maintenant prendre en compte la régularité temporelle en plus de la régularité spatiale.

4.2.3.3.1 Attache aux données Nous formulons le critère d'optimalité suivant vis-à-vis des données : le mouvement sera jugé optimal s'il maximise la superposition du modèle de lignes centrales 3D après application du mouvement et projection dans les images avec les lignes centrales détectées dans les images. En pratique, nous maximiserons la somme des valeurs du filtre rehausseur de vaisseaux estimés aux points 2D correspondant à la projection du modèle 3D, ayant préalablement subi le mouvement 4D correspondant évalué à l'instant cardiaque normalisé de l'image.

Si l'on note \mathcal{N} l'ensemble des indices des images cibles (de cardinal $\tilde{\mathcal{N}}$), \mathcal{X} l'ensemble des points du modèle 3D de lignes centrales, $\Lambda : \mathcal{X} \rightarrow \mathbb{R}$ l'application donnant les indices de confiance respectifs associés aux points de \mathcal{X} , $\tilde{\Lambda} = \sum_{X \in \mathcal{X}} \Lambda(X)$ la somme de l'ensemble de ces

indices de confiance, m_n la matrice de projection associée à l'image n , R_n^* le filtre rehausseur de vaisseaux associé à l'image n et t_n le temps cardiaque normalisé associé à l'image n , le critère numérique que nous utilisons est :

$$\Psi(\mathbf{p}) = \frac{1}{\tilde{\mathcal{N}}\tilde{\Lambda}} \sum_{n \in \mathcal{N}} \sum_{X \in \mathcal{X}} \Lambda(X) \cdot R_n^*(m_n(\Phi(\mathbf{p}, X, t_n))) \quad (4.1)$$

Nous reconnaissons ici une forme généralisée du critère défini pour le mouvement 3D dans le paragraphe 4.1.3.3.1, page 136. Si l'on note t_0 l'instant de référence utilisé pour la reconstruction de modèle 3D de lignes centrales, et $\{t_i\}_i$ les différents instants cibles pour le mouvement 3D, alors la somme des critères pour les $\{\Phi_{t_0 \rightarrow t_i}^{3D}\}_i$ pris sur tous les instants du cycle, y compris l'instant de référence, donne le critère 4D, défini par l'équation 4.1, évalué simultanément sur l'ensemble de la séquence :

$$\Psi^{4D}(\mathbf{p}) = \sum_i \Psi^{3D}(\mathbf{p})_{t_0 \rightarrow t_i}$$

Dans la formulation 4D, l'instant de référence pour la reconstruction du modèle 3D de lignes centrales n'est plus un instant privilégié. Nous voyons dans cette remarque la symétrisation du rôle joué par les images dans le critère d'attache aux données.

Les étapes successives de l'évaluation du critère sont donc :

- l'application du mouvement $\Phi : \mathbb{R}^p \times \mathbb{R}^3 \times \mathbb{R} \mapsto \mathbb{R}^3$,
- l'application de la projection $m_n : \mathbb{R}^3 \mapsto \mathbb{R}^2$,
- l'application de l'intensité du filtre $R_n^* : \mathbb{R}^2 \mapsto \mathbb{R}$,
- la pondération par l'indice de confiance $\Lambda : \mathcal{X} \mapsto \mathbb{R}$.

Le critère est donc bien une application de \mathbb{R}^p dans \mathbb{R} . Ce critère est normalisé par rapport au nombre d'images cibles et par rapport à la somme des indices de confiance des points du modèle 3D, afin de préserver la possibilité de l'utiliser conjointement avec d'autres critères.

Contrairement au cas du mouvement 3D, le gradient de critère selon le vecteur de paramètres ne peut pas être factorisé de manière à réduire le nombre de produits matrice-vecteur. En effet, les images n'ont pas toutes le même temps cardiaque normalisé. Le gradient s'écrit donc :

$$\frac{d\Psi(\mathbf{p})}{d\mathbf{p}} = \frac{1}{\tilde{\mathcal{N}}\tilde{\Lambda}} \sum_{n \in \mathcal{N}} \sum_{X \in \mathcal{X}} \Lambda(X) \cdot \frac{dR_n^*(m_n(\Phi(\mathbf{p}, X, t_n)))}{dm_n(\Phi(\mathbf{p}, X, t_n))} \frac{dm_n(\Phi(\mathbf{p}, X, t_n))}{d\Phi(\mathbf{p}, X, t_n)} \frac{\partial \Phi(\mathbf{p}, X, t_n)}{\partial \mathbf{p}}$$

Ce gradient met en jeu :

- la matrice jacobienne du mouvement $\frac{\partial \Phi(\mathbf{p}, X, t_n)}{\partial \mathbf{p}}$, de dimension $3 \times p$,
- la matrice jacobienne de la projection $\frac{dm_n(\Phi(\mathbf{p}, X, t_n))}{d\Phi(\mathbf{p}, X, t_n)}$, de dimension 2×3 ,
- le vecteur gradient du filtre $\frac{dR_n^*(m_n(\Phi(\mathbf{p}, X, t_n)))}{dm_n(\Phi(\mathbf{p}, X, t_n))}$, de dimension 2.

Le vecteur gradient du critère est donc bien de dimension p .

4.2.3.3.2 Régularisation De la même manière que dans le cas du mouvement 3D, il nous faut introduire un terme de régularisation afin de pénaliser les mouvements dégénérés. Il nous faut en plus prendre en compte la dimension temporelle du mouvement.

Nous ajoutons donc au terme d'attache aux données un terme de régularisation qui pénalise les mouvements trop amples (selon leur norme L^2 au carré) ou trop erratiques (selon la norme L^2 au carré du gradient en espace et en temps). Pour mesurer l'amplitude du mouvement, nous estimons la somme normalisée sur tous les points de contrôle du carré de la norme des \mathbf{p}_{ijkl} :

$$\Gamma_1(\mathbf{p}) = \frac{1}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} \|\mathbf{p}_{ijkl}\|^2$$

Pour mesurer la variation locale spatiale de mouvement, nous estimons la somme normalisée sur tous les points de contrôle du carré de la norme de la différence entre le \mathbf{p}_{ijkl} au point de contrôle et les $\mathbf{p}_{i'j'k'l}$ pour les points de contrôle voisins, au sens de la 26-connexité en trois dimensions, au même instant d'indices \mathcal{V}_{ijkl}^X (de cardinal $\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^X$) :

$$\Gamma_2(\mathbf{p}) = \frac{1}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^X} \sum_{(i'j'k'l) \in \mathcal{V}_{ijkl}^X} \|\mathbf{p}_{ijkl} - \mathbf{p}_{i'j'k'l}\|^2$$

Pour mesurer la variation locale temporelle de mouvement, nous estimons la somme normalisée sur tous les points de contrôle du carré de la norme de la différence entre le \mathbf{p}_{ijkl} au point de contrôle et les $\mathbf{p}_{ijk'l'}$ pour les points de contrôle voisins d'indices \mathcal{V}_{ijkl}^t (de cardinal $\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^t$), au sens de la 2-connexité en une dimension :

$$\Gamma_3(\mathbf{p}) = \frac{1}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^t} \sum_{(ijk'l') \in \mathcal{V}_{ijkl}^t} \|\mathbf{p}_{ijkl} - \mathbf{p}_{ijk'l'}\|^2$$

Le régularisateur normalisé est donc :

$$\begin{aligned} \Gamma(\mathbf{p}) &= -\alpha_1 \cdot \Gamma_1(\mathbf{p}) - \alpha_2 \cdot \Gamma_2(\mathbf{p}) - \alpha_3 \cdot \Gamma_3(\mathbf{p}) \\ &= -\frac{\alpha_1}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} \|\mathbf{p}_{ijkl}\|^2 \\ &\quad - \frac{\alpha_2}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^X} \sum_{(i'j'k'l) \in \mathcal{V}_{ijkl}^X} \|\mathbf{p}_{ijkl} - \mathbf{p}_{i'j'k'l}\|^2 \\ &\quad - \frac{\alpha_3}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^t} \sum_{(ijk'l') \in \mathcal{V}_{ijkl}^t} \|\mathbf{p}_{ijkl} - \mathbf{p}_{ijk'l'}\|^2 \end{aligned}$$

Ce critère est normalisé par rapport au nombre de points de contrôle et par rapport au nombre de voisins de chaque point de contrôle.

Le gradient du critère de régularité s'écrit :

$$\begin{aligned} \left[\frac{d\Gamma(\mathbf{p})}{d\mathbf{p}_{ijkl}} \right] &= -\frac{2\alpha_1}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \|\mathbf{p}_{ijkl}\| \cdot \mathbf{p}_{ijkl} \\ &\quad - \frac{2\alpha_2}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^X} \sum_{(i'j'k'l) \in \mathcal{V}_{ijkl}^X} 2\|\mathbf{p}_{ijkl} - \mathbf{p}_{i'j'k'l}\| \cdot (\mathbf{p}_{ijkl} - \mathbf{p}_{i'j'k'l}) \\ &\quad - \frac{2\alpha_3}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^t} \sum_{(ijk'l') \in \mathcal{V}_{ijkl}^t} 2\|\mathbf{p}_{ijk} - \mathbf{p}_{ijk'l'}\| \cdot (\mathbf{p}_{ijk} - \mathbf{p}_{ijk'l'}) \end{aligned}$$

Le coefficient 2 devant les termes de régularisation selon la norme du gradient spatial (respectivement temporel) provient du fait qu'un \mathbf{p}_{ijkl} contribue non seulement $\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^X$ fois (respectivement $\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^t$ fois) lorsqu'il est considéré comme référence du voisinage mais aussi $\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^X$ fois (respectivement $\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^t$ fois) lorsqu'il est considéré comme voisin de chacun des $\mathbf{p}_{i'j'k'l} \in \mathcal{V}_{ijkl}^X$ (respectivement des $\mathbf{p}_{ijkl'} \in \mathcal{V}_{ijkl}^t$).

4.2.3.3.3 Critère final Le critère final est donné par la somme du critère d'attache aux données et du critère de régularisation :

$$\begin{aligned} \Upsilon(\mathbf{p}) = & \frac{1}{\tilde{\mathcal{N}}\tilde{\Lambda}} \sum_{n \in \mathcal{N}} \sum_{X \in \mathcal{X}} \Lambda(X) \cdot R_n^*(m_n(\Phi(\mathbf{p}, X, t_n))) \\ & - \frac{\alpha_1}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} \|\mathbf{p}_{ijkl}\|^2 \\ & - \frac{\alpha_2}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^X} \sum_{(i'j'k'l) \in \mathcal{V}_{ijkl}^X} \|\mathbf{p}_{ijkl} - \mathbf{p}_{i'j'k'l}\|^2 \\ & - \frac{\alpha_3}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^t} \sum_{(ijkl') \in \mathcal{V}_{ijkl}^t} \|\mathbf{p}_{ijkl} - \mathbf{p}_{ijkl'}\|^2 \end{aligned}$$

Les normalisations des deux critères de départ permettent de déterminer des constantes de pondération α_1 , α_2 et α_3 qui soient valables pour tous les jeux de données. Ceci répond au souci d'automatisation de la méthode.

4.2.3.4 Optimisation du critère

Nous avons déterminé des valeurs optimales pour les coefficients de pondérations des termes de régularisation. Comme dans le cas 3D, nous avons procédé par encadrements successifs entre solutions trop ou trop peu régularisées. Nous avons fixé par la suite ces pondérations aux valeurs suivantes : $\alpha_1 = 0,0000001$, $\alpha_2 = 0,000005$, et $\alpha_3 = 0,0000001$. Typiquement, à l'optimum, les termes $\alpha_1 \cdot \Gamma_1(\cdot)$, $\alpha_2 \cdot \Gamma_2(\cdot)$, et $\alpha_3 \cdot \Gamma_3(\cdot)$ valent respectivement 10%, 5% et 2% du terme d'attache aux données.

Les caractéristiques du critère sont les mêmes que celles du critère sur le mouvement 3D, décrites dans le paragraphe 4.1.3.4 page 139 .

L'unique différence tient dans la taille du problème qui augmente encore d'un facteur égal au nombre de points de contrôle en temps. Typiquement, ce nombre de points de contrôle en temps est 10, ce qui nous mène à un total d'environ 30 000 variables. Nous avons donc utilisé la même méthode et la même mise en œuvre que dans le cas du mouvement 3D, c'est-à-dire la variante de Polak-Ribière de la méthode du gradient conjugué [Gill et al., 1982], implémentée dans la routine **CONMIN** [Vanderplaats, 1973].

De la même manière que dans le cas du mouvement 3D décrit dans le paragraphe 4.1.3.4 page 140, le processus d'optimisation est itéré pour des tailles décroissantes de noyaux de convolution (16, 8, 4, 2, 1, et 0,5 pixels) appliqués au filtre rehausseur de vaisseaux. Le

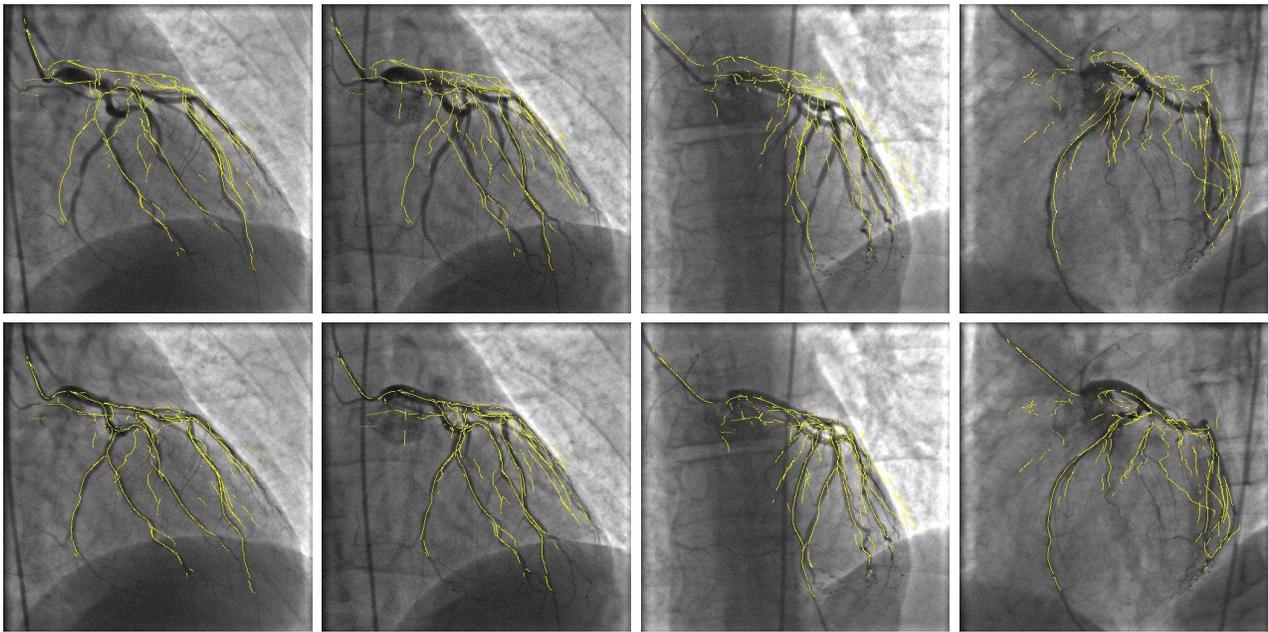


FIG. 4.8 – Résultats du calcul de mouvement 4D (1). En haut : projection dans quatre des images cibles (prises à quatre instants cardiaques normalisés distincts et différents de l’instant de référence) du modèle 3D de lignes centrales avant application du mouvement 4D. En bas : projection dans ces quatre mêmes images cibles du modèle 3D de lignes centrales après application du mouvement 4D, considéré à l’instant de l’image. Le mouvement 4D a été correctement déterminé, du point de la superposition aux artères après application du mouvement, par le processus d’optimisation.

mouvement optimal obtenu à une échelle donnée étant utilisé comme point initial pour le processus d’optimisation à l’échelle suivante.

Contrairement au cas du mouvement 3D, on ne peut pas initialiser, de manière simple, le *B-solid* 4D par un mouvement rigide ou affine. En effet, il faudrait calculer ces mouvements à différents instants discrets, puis les interpoler en temps. Cela n’a pas de sens si les instants cardiaques sont éloignés, car alors la partie rigide ou affine du mouvement est complètement occultée par la partie déformable locale du mouvement. Le mouvement *B-solid* 4D est donc initialisé à partir d’un mouvement nul à tous les instants cardiaques normalisés, ce qui équivaut à $\mathbf{p}_{ijkl} = \vec{0}, \forall i, j, k, l$.

4.2.3.5 Résultats

Nous illustrons maintenant les résultats obtenus pour la détermination d’un mouvement 4D optimal. Pour cela, nous présentons dans les figures 4.8 et 4.9, pour deux patients, la projection dans plusieurs images (acquises à des instants cardiaques normalisés différents) du modèle 3D des lignes centrales avant et après application du mouvement calculé.

Les résultats obtenus par la modélisation 4D sur les séquences angiographiques acquises sur patients sont supérieurs à ceux obtenus par la modélisation 3D, du point de vue de la superposition visuelle aux artères après application du mouvement. Pour la plupart des

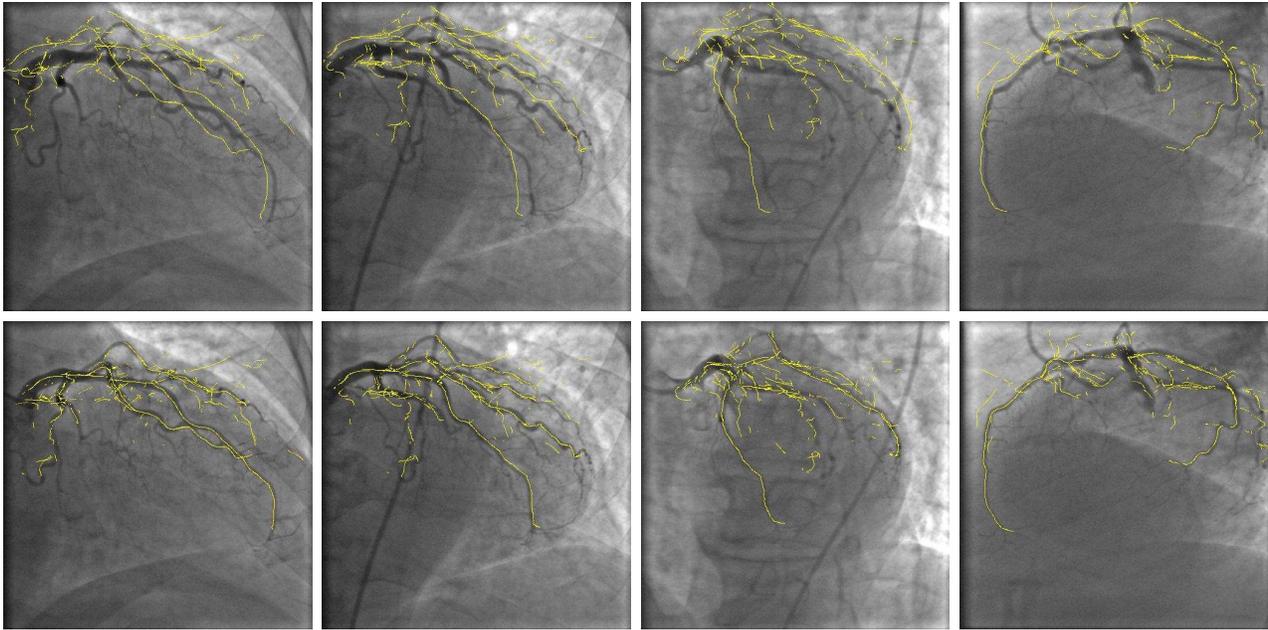


FIG. 4.9 – Résultats du calcul de mouvement 4D (2). En haut : projection dans quatre des images cibles (prises à quatre instants cardiaques normalisés distincts et différents de l'instant de référence) du modèle 3D de lignes centrales avant application du mouvement 4D. En bas : projection dans ces quatre mêmes images cibles du modèle 3D de lignes centrales après application du mouvement 4D, considéré à l'instant de l'image. Le mouvement 4D a été correctement déterminé, du point de la superposition aux artères après application du mouvement, par le processus d'optimisation.

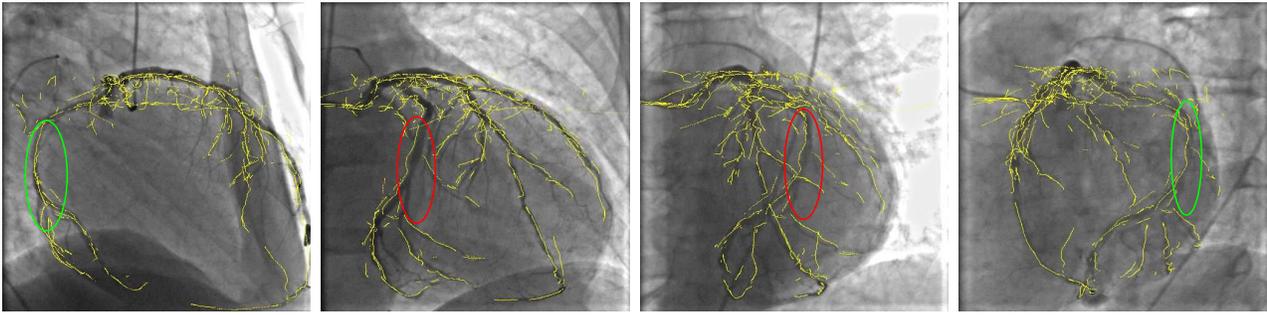


FIG. 4.10 – Limitations du mouvement 4D. Après application du mouvement 4D, une portion d'artère apparaît correctement superposée (en vert) dans deux de ces quatre images cibles et incorrectement superposée (en rouge) dans les deux autres images cibles. Pourtant ces images cibles ont le même temps cardiaque normalisé. Le mouvement 4D atteint ses limites si les temps cardiaques normalisés sont imprécis, ou si le mouvement ne se répète pas spatialement.

patients, le mouvement cardiaque est déterminé de manière cohérente avec les images sur une durée de 2 à 6 cycles cardiaques.

Par ailleurs, nous faisons les remarques suivantes :

- le nombre théorique d'itérations nécessaires à la convergence de l'algorithme de gradient conjugué pour une fonction quadratique est au plus n , où n est le nombre de variables à optimiser,
- la taille du problème d'optimisation pour le mouvement 4D est typiquement 10 fois plus grande que celle du problème d'optimisation pour un mouvement 3D,
- il faut résoudre typiquement 20 à 30 problèmes d'optimisation pour couvrir l'ensemble du cycle cardiaque avec des mouvements 3D,

Nous pouvons donc anticiper le fait que le coût calculatoire du mouvement 4D serait du même ordre que celui de plusieurs mouvements 3D successifs couvrant l'ensemble du cycle cardiaque. Nous avons pu vérifier cette prédiction en pratique.

4.2.3.6 Limitations

Dans certains cas, la superposition entre modèle de points 3D déformé et projeté avec les artères dans les images n'est pas parfaite : un décalage spatial pouvant être de l'ordre du diamètre des vaisseaux peut apparaître. Ce décalage peut s'expliquer par deux facteurs :

- l'imprécision dans le calcul des temps cardiaques normalisés,
- le non-respect de l'hypothèse de quasi-périodicité spatiale.

Dans les deux cas, cela se traduit par un décalage spatial dans les images. La figure 4.10 montre un exemple où une section d'artère apparaît correctement superposée dans certaines images cibles et incorrectement superposée dans d'autres, alors qu'elles ont toutes le même temps cardiaque normalisé. C'est donc soit cet instant qui est faux pour certaines des images, soit le mouvement des artères coronaires qui ne s'est pas répété à l'identique entre ces images.

4.2.3.7 Raffinement image par image

Comme dans le cas du mouvement 3D, nous venons de voir que dans certains cas, de petits décalages spatiaux, de l'ordre du diamètre des artères, peuvent subsister dans le cas du mouvement 4D. Nous pensons que ce fait s'explique, au moins en partie, par l'imparfaite quasi-périodicité spatiale du mouvement des artères coronaires. Nous allons donc encore relâcher notre hypothèse sur ce mouvement en ne supposant plus que sa quasi-périodicité. Nous rappelons que la quasi-périodicité est la propriété de retrouver un ensemble de positions proches (mais non obligatoirement identiques) à des intervalles de temps variant peu.

Pour lever l'hypothèse de quasi-périodicité spatiale, nous avons donc mis en œuvre un raffinement image par image. L'idée est de corriger le résidu lié au mouvement 4D en introduisant un mouvement 3D supplémentaire, spécifique à chaque image. Nous corrigeons ce résidu en permettant de petits déplacements locaux supplémentaires, propres à chaque cycle.

Pour chaque image, un *B-solid* 3D est déterminé de la même manière que dans le cas du mouvement 3D général. L'image de travail est utilisée comme seule image cible et le modèle de points 3D déformé au temps cardiaque normalisé associé à l'image est choisi comme modèle géométrique de départ. Le *B-solid* 3D optimal calculé permet d'améliorer la superposition du modèle 3D de lignes centrales avec les artères dans les images.

La détermination de ce *B-solid* 3D est un problème mal posé car il possède une infinité de solutions : nous voulons ajuster un modèle 3D à partir d'une seule projection. Nous nous assurons néanmoins de la cohérence de ce raffinement :

- le mouvement optimal est d'amplitude faible car nous cherchons un mouvement résiduel, le processus d'optimisation ne risque donc pas de converger vers un optimum local lointain,
- le mouvement *B-solid* 3D que nous recherchons est fortement pénalisé selon sa norme, car nous voulons un mouvement globalement peu ample, mais pouvant être *localement* important.

Nous supposons le mouvement 4D optimal calculé et donné par le vecteur de paramètres \mathbf{p}^* . Pour une image d'indice i fixé, nous notons $\mathcal{X}_i = \Phi(\mathbf{p}^*, \mathcal{X}, t_i)$ le modèle 3D de lignes centrales déformé par le mouvement 4D optimal évalué au temps normalisé t_i et $\Phi_{3D,i} : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}$ le *B-solid* 3D de raffinement associé à cette image. De manière analogue à la détermination du mouvement 3D, celui-ci est donné par l'optimisation du critère :

$$\begin{aligned} \Upsilon(\mathbf{p}) = & \frac{1}{\tilde{\Lambda}} \sum_{X \in \mathcal{X}_n} \Lambda(X) \cdot R_n^*(m_n(\Phi(\mathbf{p}, X))) \\ & - \frac{\alpha'_1}{\tilde{I}\tilde{J}\tilde{K}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \|\mathbf{p}_{ijk}\|^2 \\ & - \frac{\alpha'_2}{\tilde{I}\tilde{J}\tilde{K}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijk}} \sum_{(i'j'k') \in \mathcal{V}_{ijk}} \|\mathbf{p}_{ijk} - \mathbf{p}_{i'j'k'}\|^2 \end{aligned}$$

La figure 4.11 montre l'effet du *B-solid* 3D de raffinement sur la superposition des lignes centrales déformées et projetées avec les artères dans les images.

En pratique, l'amplitude des mouvements n'excède pas l'ordre du diamètre des vaisseaux.

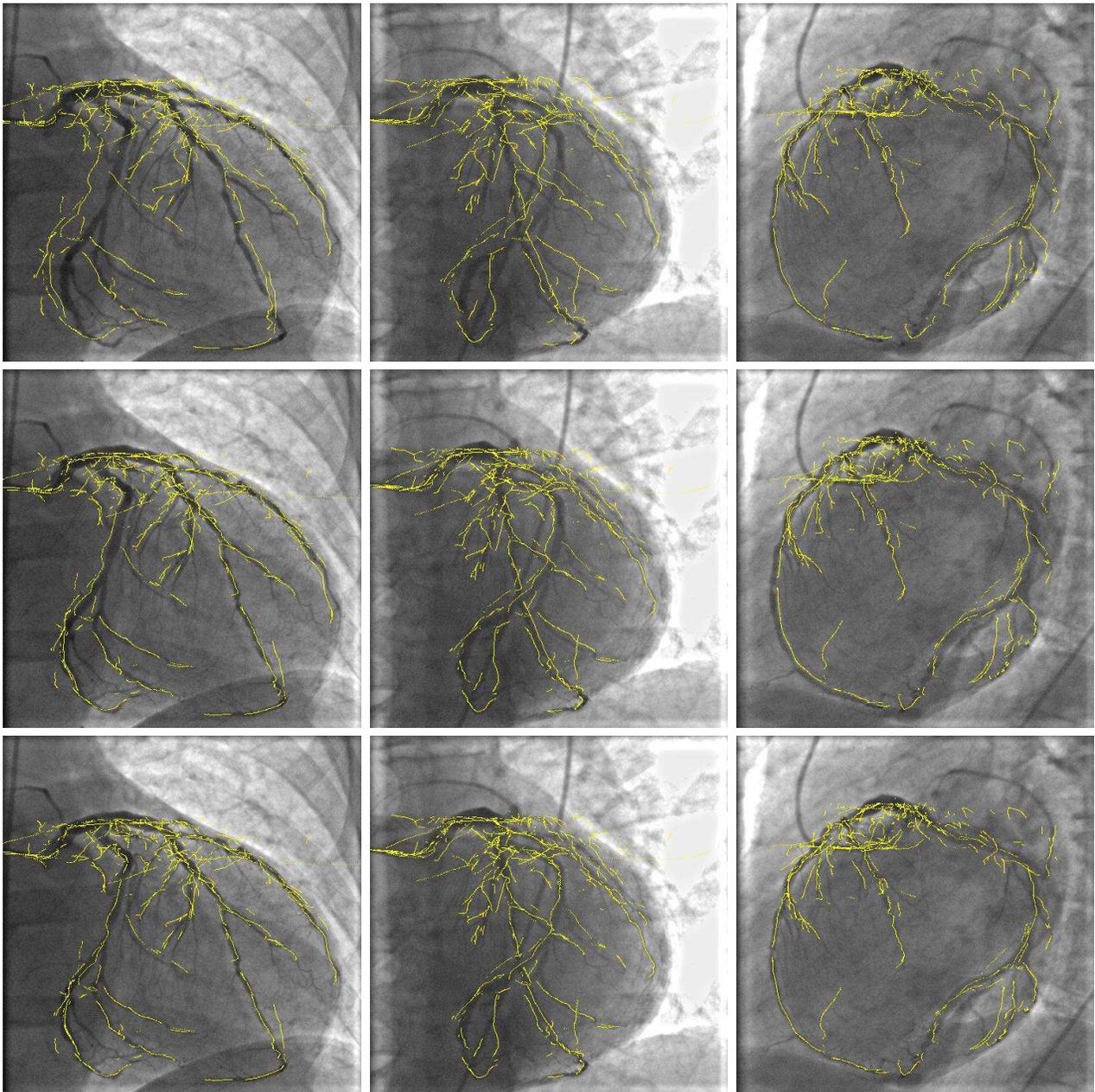


FIG. 4.11 – Effet du raffinement par un mouvement 3D image par image. En haut : projection dans trois images cibles du modèle 3D de lignes centrales avant application du mouvement. Au milieu : projection dans trois images cibles du modèle 3D de lignes centrales après application du mouvement 4D. En bas : projection dans trois images cibles du modèle 3D de lignes centrales après application du mouvement 4D, puis du mouvement 3D image par image. Le raffinement image par image améliore la superposition des lignes centrales dans les images.

4.2.4 Conclusion

Nous avons introduit une *formulation 3D+t ou 4D* du mouvement des artères coronaires, décrit un critère permettant d'optimiser les paramètres de ce mouvement pour une séquence d'angiogrammes donnés, et mis en œuvre une solution numérique pour la résolution du problème d'optimisation complexe qui est posé. Cette formulation, couplée à un raffinement image par image, permet de déterminer de manière cohérente avec les images le mouvement des artères coronaires sur l'ensemble des angiogrammes d'une acquisition rotationnelle. De plus, cette formulation complète du mouvement des artères coronaires ne fait que l'hypothèse de la quasi-périodicité, ce qui assure un champ d'application beaucoup plus vaste que dans le cas 3D. Même si ce type d'acquisition ne fait pas partie de notre étude, il est intéressant de remarquer que cette formulation 4D est une alternative intéressante aux formulations 3D dans le cas de séquences biplan.

Nous verrons dans le chapitre suivant que ce modèle de mouvement ouvre la possibilité d'une reconstruction tomographique des artères coronaires à partir d'images acquises à tous les instants du cycle cardiaque.

4.3 Valeur ajoutée clinique du mouvement

La connaissance du mouvement des artères coronaires est une source d'information diagnostique. Certains cardiologues, forts de leur expérience, disent pouvoir prédire les localisations préférentielles des pathologies coronariennes en fonction non seulement de la géométrie des artères coronaires (points de fortes courbure et torsion) mais aussi des caractéristiques dynamiques des artères coronaires, telles que les efforts mécaniques, l'accélération [Canfield et Dobrin, 1995; Gross et Friedman, 1998; Chen et Carroll, 2003]. En effet, ces facteurs peuvent dans certaines conditions favoriser l'apparition de vortex dans le flux sanguin dans les artères. Ce phénomène pourrait déboucher sur la formation de plaque, puis de sténose. Dans un premier temps, la connaissance du mouvement des artères coronaires pourrait donc permettre de valider, voire d'affiner ces hypothèses et, dans une perspective plus lointaine, devenir un véritable outil de prédiction du risque de pathologie coronarienne. De plus, l'identification de zones du myocarde peu ou pas mobiles pourrait aussi avoir un intérêt diagnostique, qui reste encore à vérifier.

À partir des résultats obtenus par la modélisation 4D du mouvement des artères coronaires, Régis Vaillant, au sein de General Electric Medical Systems, a proposé un nouvel outil de visualisation d'une zone d'intérêt sur les artères coronaires dans une séquence d'angiogrammes acquis en rotation. Nous l'appellerons *affichage stabilisé*.

Suivre une zone spécifique dans une séquence rotationnelle demande un effort de concentration non négligeable qui peut se faire au détriment de l'appréhension tridimensionnelle de l'objet observé. L'idée est de fournir au clinicien une vue *agrandie* et surtout *constamment centrée* sur une zone d'intérêt, tout au long de la séquence rotationnelle. Un moyen d'y parvenir est de demander au clinicien de sélectionner sa zone d'intérêt en deux dimensions, sur un des angiogrammes de référence. Nous pouvons alors associer à cette zone d'intérêt un

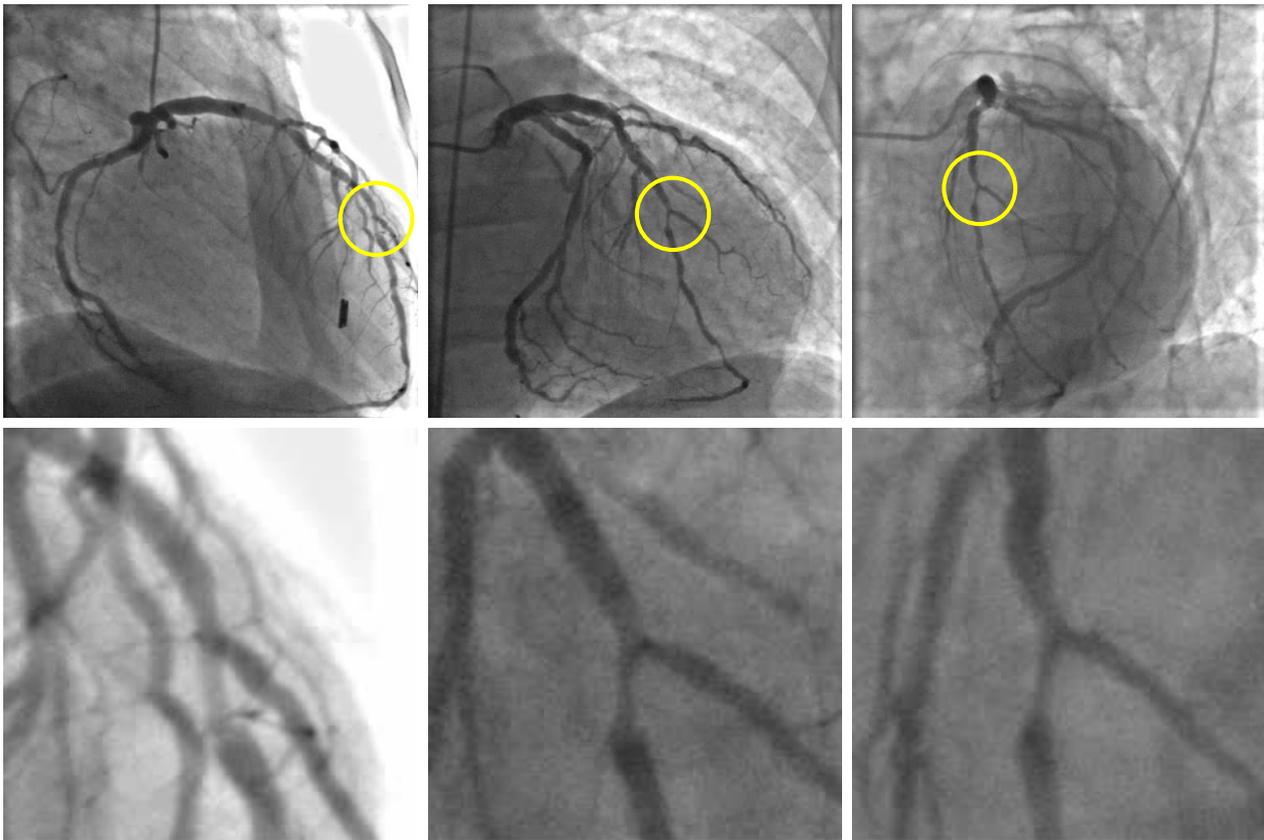


FIG. 4.12 – Affichage stabilisé d’une sténose. En haut : images acquises à des instants cardiaques différents, selon des points de vues différents dans lesquelles nous avons repéré manuellement la zone d’intérêt (une sténose située au niveau d’une bifurcation). En bas : images agrandies et centrées automatiquement autour de la zone d’intérêt grâce à l’outil d’affichage stabilisé, à partir des images correspondantes au-dessus.

point 3D à l’instant de référence. Par la suite, pour tout angiogramme et donc pour tout instant du cycle cardiaque, la position de ce point 3D ayant subi le mouvement peut désormais être évaluée. Cette position 3D est alors projetée dans l’angiogramme et détermine la localisation dans l’image de la zone d’intérêt. Nous disposons donc d’une méthode pour centrer facilement l’affichage de l’image autour d’un point de référence, malgré le mouvement de rotation du système d’acquisition et celui des artères coronaires. Cet affichage agrandi et centré permet au clinicien de s’abstraire du problème du suivi de la structure et de ne se consacrer qu’à la représentation mentale tridimensionnelle de la zone d’intérêt qu’il peut se faire à partir du point de vue tournant autour de la structure.

La figure 4.12 montre un exemple d’affichage stabilisé d’une sténose asymétrique au niveau d’une bifurcation. L’agrandissement et surtout le centrage automatique autour de la zone d’intérêt facilite le travail de représentation mentale du clinicien.

Chapitre 5

La reconstruction tomographique des artères coronaires

Sommaire

5.1	La tomographie et le fond	161
5.1.1	Introduction	161
5.1.2	Généralités	161
5.1.3	Soustraction artificielle du fond	163
5.2	La tomographie et le mouvement	165
5.2.1	Introduction	165
5.2.2	Généralités	165
5.2.3	Phénomènes de mouvement et de diffusion	166
5.2.4	La compensation de mouvement	167
5.2.4.1	Algorithmique de reconstruction : cas continu	167
5.2.4.2	Algorithmique de reconstruction : cas discret	169
5.2.4.3	Résultats	173
5.2.4.4	Limitations	178
5.2.4.5	Mesures de qualité	182
5.2.5	Conclusion	184
5.3	La représentation tomographique 4D	185
5.4	Valeur ajoutée clinique de la reconstruction tomographique	186
5.4.1	Apport qualitatif	186
5.4.2	Apport quantitatif	188

La reconstruction tomographique des artères coronaires dans le cadre de l'angiographie par rayons X se heurte à deux difficultés majeures : la troncature des données sur les structures autres que les artères coronaires, que nous appellerons *fond*, et le mouvement ample et rapide des artères coronaires.

La première difficulté, spécifique à notre modalité d'acquisition, est la présence dans les images d'un *fond* important. Nous désignons par le terme *fond* toute structure visible dans les images qui n'est pas une artère coronaire. Nous observons par exemple des os (les côtes, les vertèbres), des muscles épais (le diaphragme, le myocarde), les structures pulmonaires ou bien encore le cathéter rempli de produit de contraste. Or, les algorithmes classiques de reconstruction supposent que seul l'objet à reconstruire est visible dans les images et qu'il est visible dans toutes ces images. Nous pourrions donc imaginer reconstruire l'ensemble formé des artères coronaires et des autres structures. Mais une difficulté supplémentaire est que ces structures parasites ne sont en général pas visibles dans toutes les images, car trop éloignées du centre de la rotation du système d'acquisition. La troncature des données ne permet donc pas de reconstruire l'ensemble du volume observé. Nous avons proposé comme solution au problème posé par le fond une méthode de soustraction artificielle du fond dans les images.

La seconde difficulté, commune aux acquisitions de type scanner CT, IRM ou encore angiographie par rayons X, est le mouvement à la fois ample et rapide du myocarde et des structures anatomiques qui y sont attachées, comme les artères coronaires. Les méthodes de reconstruction classiques font l'hypothèse que l'objet reconstruit est statique durant l'acquisition. La difficulté des appareils d'imagerie actuels à produire des images du cœur qui satisfassent cette hypothèse explique pourquoi le cœur est le seul organe du corps humain pour lequel subsistent encore de réelles difficultés de reconstruction. Dans le cas d'un organe statique ou dont le mouvement résiduel est faible devant les résolutions spatiale et temporelle du système d'imagerie, les méthodes directes de reconstruction s'appliquent [Herman, 1980].

Dans le cas du cœur, cela ouvre la voie à deux modes d'acquisition :

- l'ensemble des projections est acquis sur un laps de temps suffisamment court pour que le mouvement observé soit négligeable (c'est-à-dire dans le meilleur des cas 0,1 seconde en phase de télé-diastole),
- l'ensemble des projections est acquis à un même instant du cycle, sous réserve que celui-ci se répète fidèlement, moyennant un décalage d'un nombre entier de périodes et l'hypothèse d'une quasi-périodicité spatiale. Cette méthode exige en outre un blocage de la respiration qui peut être pénible, voire impossible, pour certains patients.

La première idée n'est réellement exploitable qu'avec les systèmes d'imagerie de type EBCT (**E**lectron **B**eam **C**omputed **T**omography) dont la fenêtre temporelle d'acquisition est très courte. Néanmoins, l'acquisition par EBCT n'offre encore qu'une résolution spatiale réduite (en particulier dans la direction axiale, où elle est typiquement de 3 millimètres). Pour l'IRM ou le scanner CT, cette méthode d'acquisition reste difficilement applicable et est limitée à la phase quasi-stationnaire du battement cardiaque : la télé-diastole.

La seconde idée est celle qui est utilisée dans la plupart des essais de reconstruction du cœur en IRM ou en scanner CT. Pour notre type d'acquisition, cette idée est inexploitable car nous n'observons que 2 à 6 cycles cardiaques et cela mène à un nombre d'images utilisables pour la reconstruction trop faible. De plus, le signal utilisé pour la synchronisation

de l'acquisition est l'ECG. Or, de nombreuses études montrent que ce signal n'est pas suffisamment fiable ni suffisamment corrélé à la réalité physiologique ou mécanique, en particulier pour des cœurs présentant des pathologies, ce qui représente évidemment la majorité des cas que nous aurons à traiter.

Plutôt que de supposer observer un mouvement périodique de période connue, nous avons préféré estimer le mouvement directement à partir des images et ne pas prendre en compte l'ECG. Au contraire des approches qui cherchent essentiellement à acquérir des images qui minimisent le mouvement visible des artères coronaires, nous allons tirer parti de notre connaissance du mouvement des artères coronaires, à travers la modélisation 4D du mouvement, et l'intégrer, dans une méthode de reconstruction tomographique. L'intégration du modèle du mouvement aux données tomographiques brutes permettra de reconstruire les artères coronaires à partir de données où elles sont observées en mouvement.

Par la suite, l'ensemble des images d'intérêt sera considéré équivalent à celui utilisé pour la détermination du mouvement 4D, c'est-à-dire l'ensemble des images allant de la première à la dernière image de référence. En effet, les temps de l'ECG normalisé, décrit dans le paragraphe 4.2.3.1 page 146, ne peuvent être calculés que dans cet intervalle et le mouvement 4D n'est donc valable lui aussi que sur cet intervalle.

5.1 La tomographie et le fond

5.1.1 Introduction

Des deux difficultés soulevées en introduction, nous préférons dans un premier temps décrire notre méthode de résolution du problème du fond. En effet, celle-ci peut être effectuée à un bas niveau, c'est-à-dire par un traitement sur les données mêmes, sans calcul ou modélisation poussés par ailleurs.

Nous utilisons l'analogie avec l'*angiographie soustraite*. Ce protocole d'acquisition permet de simuler l'acquisition de données angiographiques sans fond en soustrayant une acquisition sans produit de contraste à une acquisition avec produit de contraste. Les images soustraites ne contiennent que les structures injectées par le produit de contraste. Cette opération fournit donc des images idéalement sans fond, à la répétabilité de l'acquisition près, aucun mouvement ne devant avoir lieu entre les deux acquisitions. Dans notre cas, l'acquisition des données n'est pas répétable car on ne peut pas synchroniser respiration, battement cardiaque et trajectoire du système d'acquisition. Nous allons donc produire des images artificiellement soustraites à partir de la seule séquence initiale.

5.1.2 Généralités

Dans la littérature, la soustraction du fond dans les angiogrammes est présente à travers deux problématiques distinctes :

- la soustraction à l'aide d'images masques,
- la soustraction en l'absence d'images masques.

Dans le premier cas, deux séquences, aux trajectoires identiques, sont acquises, la première sans injection de produit de contraste, la seconde avec injection de produit de contraste. Si les conditions d'acquisition et l'objet observés sont idéalement répétables, alors la soustraction des deux séquences produit une séquence dite *soustraite*, ne laissant apparaître que les structures injectées.

Dans le second cas, une seule séquence est acquise et la soustraction des structures de fond passe par l'identification des structures d'intérêt au sein de l'image et l'estimation des structures de fond qui se superposent à celles-ci.

En angiographie soustraite, les images sont issues de la soustraction logarithmique des deux séquences. L'introduction du logarithme se déduit du modèle de formation de l'image en présence de fond, décrit dans le paragraphe 2.2.3.2 page 69. Si $I_{\mu_o+\mu_f}$ est l'image acquise avec injection du produit de contraste où les absorptions linéaires du fond μ_f et de l'objet μ_o sont observées simultanément et si I_{μ_f} est l'image acquise sans injection du produit de contraste où seule l'absorption linéaire du fond μ_f est observée, alors l'intensité I_{Δ} de l'image soustraite est donnée par :

$$\begin{aligned}
 I_{\Delta}(y, \mu_o, \mu_f) &= \log(I_{\mu_o+\mu_f}(y)) - \log(I_{\mu_f}(y)) \\
 &= \log \left(I(0) \cdot e^{-\int_0^y \mu_o(x) + \mu_f(x) dx} \right) - \log \left(I(0) \cdot e^{-\int_0^y \mu_f(x) dx} \right) \\
 &= -\int_0^y \mu_o(x) + \mu_f(x) dx + \int_0^y \mu_f(x) dx \\
 &= -\int_0^y \mu_o(x) dx
 \end{aligned}$$

L'intensité obtenue dans l'image soustraite ne dépend pas de l'absorption linéaire du fond.

L'angiographie soustraite à proprement parler n'est pas liée à notre travail. Ses problématiques sont souvent liées au recalage entre les deux séquences. En effet, même si les structures observées sont statiques, comme les artères iliaque ou fémorale, il existe toujours un mouvement résiduel. Ce mouvement résiduel peut être réduit par l'utilisation de méthodes de recalage, avec la difficulté supplémentaire que l'injection n'est présente que dans une des deux séquences. Ce type d'étude a, par exemple, été menée dans [Hiroshima et al., 2001; Buzug et Weese, 1998]. L'intérêt de l'angiographie soustraite a été largement discuté et démontré [Anxionnat et al., 2001].

Dans le cas où il n'est pas possible d'acquérir une séquence masque correspondant à la séquence injectée, il faut recourir à des méthodes permettant de soustraire les structures de fond à partir d'une seule image. La seule méthodologie utilisable est alors la détection des structures d'intérêt dans les images. Ce type de méthode s'apparente aux méthodes de segmentation des artères dans les angiogrammes. Dans [Close et al., 2002], les auteurs utilisent une décomposition de l'image par couches. Celles-ci sont itérativement extraites de l'image jusqu'à identifier leur structure d'intérêt (le stent). Finalement, seules les couches permettant d'observer le stent sont conservées. À partir d'une seule image, la structure d'intérêt est conservée et le fond enlevé.

Nous allons maintenant décrire la méthode que nous avons utilisée pour effectuer la soustraction des angiogrammes en l'absence de masque. Notre méthode utilise une détection des vaisseaux et repose donc sur l'étape préalable d'extraction des lignes centrales des artères coronaires, décrite dans la section 2.3 page 78.

5.1.3 Soustraction artificielle du fond

Nous enlevons le fond des images par une soustraction artificielle. Celle-ci se déroule en deux étapes :

- construction d'angiogrammes virtuels sans produit de contraste,
- calcul des angiogrammes artificiellement soustraits.

La première étape consiste à produire des angiogrammes dans lesquels les artères coronaires n'apparaissent plus et ont été remplacées par un fond virtuel. La seconde étape, identique à la soustraction classique, est effectuée par la soustraction logarithmique des angiogrammes originaux et des angiogrammes virtuels sans produit de contraste.

La partie cruciale de la soustraction du fond est le calcul d'angiogrammes virtuels sans produit de contraste. Pour cela, deux étapes sont nécessaires :

- détection des pixels montrant le produit de contraste, c'est-à-dire les vaisseaux,
- calcul, pour les pixels montrant le produit de contraste, de la valeur du fond que l'on aurait obtenue virtuellement, sans la présence du produit de contraste.

La soustraction artificielle est effectuée image par image. Une solution naturelle à la détection des vaisseaux est l'utilisation du filtre rehausseur de vaisseaux décrit dans le chapitre 2. Pour chaque image de départ donnée, nous effectuons une binarisation de la réponse du filtre rehausseur de vaisseau par un seuillage par hystérésis reprenant les seuils haut et bas définis lors de la détection des artères. Nous obtenons une image binaire dont la valeur pour un pixel donné traduit le fait qu'il soit situé ou non sur un vaisseau. Afin de limiter le risque de perdre des points sur des vaisseaux qui auraient une réponse au filtre localement faible, l'image binaire est dilatée. Cette dilatation est effectuée en utilisant alternativement des éléments structurants en 4-connexité et en 8-connexité, afin d'obtenir une dilatation la plus isotrope possible. La dilatation est en particulier bénéfique au niveau des bifurcations et des parties distales.

Parallèlement, une image virtuelle de fond est calculée en appliquant une fermeture morphologique à l'image originale [Serra, 1982], avant toute soustraction logarithmique. L'application de la fermeture morphologique permet de faire *disparaître* les structures foncées plus petites que l'élément structurant, tout en préservant au mieux les intensités de l'image originale. De même que dans le cas de la dilatation, nous utilisons alternativement des éléments structurants en 4-connexité et en 8-connexité pour obtenir une fermeture la plus isotrope possible.

L'image virtuelle sans produit de contraste est ensuite calculée pour chaque pixel de la manière suivante :

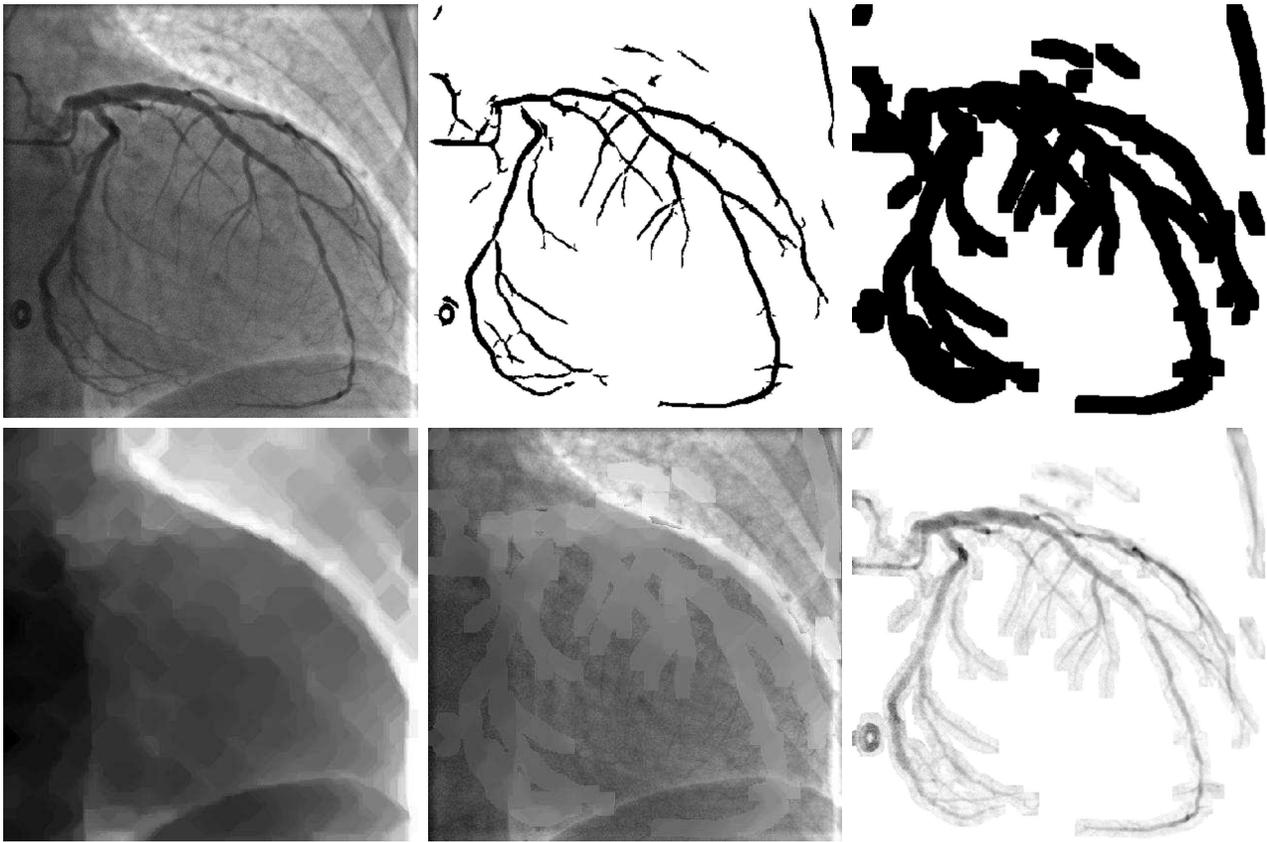


FIG. 5.1 – En haut, de gauche à droite : angiogramme original, image binaire du détecteur de vaisseaux, et image binaire dilatée. En bas, de gauche à droite : image virtuelle de fond obtenue par fermeture morphologique, image virtuelle de fond combinant image binaire dilatée du détecteur de vaisseaux et image virtuelle de fond obtenue par fermeture morphologique, et image artificiellement soustraite. Le processus de soustraction permet d'enlever la plus grande partie du fond des images tout en préservant les vaisseaux.

- si le pixel fait partie des pixels identifiés comme montrant un vaisseau, alors la valeur du pixel virtuel sans produit de contraste sera celle de l'image virtuel de fond,
- sinon, la valeur du pixel virtuel sans produit de contraste sera la même que celle du pixel original.

Finalement, l'image soustraite est donnée par la soustraction logarithmique de l'angiogramme de départ et de l'image virtuelle sans produit de contraste.

La figure 5.1 illustre et résume l'ensemble des étapes du processus de soustraction.

Le processus de soustraction est effectué sur l'ensemble des angiogrammes utilisés pour la reconstruction. Ce sont ces images qui nous serviront effectivement de données tomographiques, que l'on appelle classiquement le *sinogramme*. Nous nous sommes donc replacés dans le cadre de l'angiographie soustraite et, par la suite, nous devrions pouvoir reconstruire uniquement les vaisseaux et non pas les autres structures absorbantes.

5.2 La tomographie et le mouvement

5.2.1 Introduction

Classiquement, la tomographie et les méthodes de reconstruction associées supposent que l'objet observé, ou plus précisément la quantité physique observée, est statique. Cela exclut en fait deux phénomènes bien distincts. D'une part, cela signifie que la position du point qui est le support physique de la quantité mesurée ne subit pas de déplacement. Cette hypothèse est violée dès que le patient bouge ou bien si l'organe observé est en mouvement. D'autre part, cela signifie que pour un point physique donné la quantité physique ne change pas au cours du temps. Cette hypothèse est violée dès qu'apparaissent des phénomènes de diffusion, de perfusion ou de non-uniformité temporelle d'injection.

En toute généralité, nous devons faire face à la violation de ces deux hypothèses : le cœur est en mouvement au cours de l'acquisition et l'agent de contraste n'est pas statique au cours de l'acquisition, puisqu'il suit le flux sanguin.

5.2.2 Généralités

La compensation du mouvement, qu'il soit dû au déplacement des organes ou à la diffusion, dans le cadre de la reconstruction a été largement étudiée dans la littérature. Le cas du mouvement des structures observées a été essentiellement abordé dans le cadre de l'imagerie anatomique (angiographie, scanner CT, IRM) tandis que le cas de la diffusion a été surtout étudié en imagerie fonctionnelle (TEMP, TEP, IRMf), où son impact est plus important.

L'acquisition dédiée à un organe en mouvement par un scanner CT est une problématique maintenant bien comprise et pour laquelle plusieurs méthodes ont été proposées [Bonnet et al., 2003].

L'effet du mouvement des organes sur l'acquisition des données dans le cadre du scanner CT a été étudié en détail dans [Grangeat et al., 2002]. En particulier, l'adéquation entre acquisition et périodicité de l'objet observé est discutée [Roux et al., 2002]. Cela permet d'optimiser le protocole d'acquisition et de réduire les doses de rayonnement nécessaires à une acquisition satisfaisant aux conditions d'existence d'une solution au problème d'inversion de l'opérateur de projection.

Dans le cadre de l'angiographie rotationnelle, [Rasche et al., 2002] a proposé dans un premier temps de réaliser des reconstructions tomographiques à partir d'un faible nombre de vues synchrones, sélectionnées à partir du signal ECG. Par la suite, une extension de ce travail proposée dans [Movassaghi et al., 2003] détaille une méthode de compensation de mouvement basée sur la détection de la composante du mouvement observable dans les images. Cette méthode permet d'utiliser plus d'images pour la reconstruction tomographique mais reste limitée à des instants cardiaques proches de l'instant de référence. Le mouvement observable dans les images est une projection 2D d'un mouvement 3D. Il n'est donc pas une information suffisante pour rendre compte du mouvement réel. Les reconstructions tomographiques proposées souffrent toujours d'artefacts liés au faible nombre de vues employées. À cette information du mouvement observé dans les images, nous préférons un modèle de mouvement dont le support est en 3D.

Dans le cas du phénomène de diffusion, présent lors des longues acquisitions en imagerie nucléaire injectée, la prise en compte de modèles contraints de diffusion, comme par exemple les modèles compartimentés, permet de déterminer simultanément la reconstruction de l'objet et les profils de diffusion [Blondel et al., 2002a]. Des approches très récentes permettent d'obtenir simultanément la reconstruction tomographique, les profils de diffusion et le mouvement des organes pour obtenir finalement une reconstruction 5D [Farncombe et al., 2003]. Néanmoins, ces résultats ne sont pas applicables à notre type d'acquisition, car nous ne savons pas contraindre suffisamment le mouvement et la diffusion par des lois de comportement ou des modèles paramétriques pour parvenir à un problème bien posé.

Dans tous les cas, ces méthodes font appel à des modèles *a priori* de mouvements, qui sont soit précalculés, soit dont le calcul est intégré au processus de reconstruction. Par exemple, [De Murcia, 1996] propose une méthode de reconstruction des ventricules à partir d'un modèle spatio-temporel de mouvement, qui est raffiné alternativement avec le calcul de la reconstruction tomographique.

5.2.3 Phénomènes de mouvement et de diffusion

L'évolution des intensités observables dans les images est liée à la combinaison de trois mouvements distincts :

- le déplacement du système d'acquisition,
- le mouvement des structures observées,
- la diffusion du produit de contraste à l'intérieur des structures injectées.

Le déplacement du système d'imagerie le long de sa trajectoire rotationnelle est intégralement caractérisé par les matrices de projection associées aux images.

Le mouvement des structures peut être décomposé en trois parties :

- le bouger externe du patient,
- le mouvement respiratoire,
- le mouvement cardiaque.

Le bouger du patient et le mouvement respiratoire sont considérés compensés par l'étape d'ajustement de faisceau effectuée lors de la reconstruction 3D des lignes centrales des artères coronaires. Cette compensation se fait par la mise à jour des matrices de projection originales en matrices de projection corrigées, utilisées dans les étapes de calcul du mouvement 4D et dans le chapitre présent. Le mouvement cardiaque, dû au mouvement de contraction entretenue, reste, lui, à compenser.

Nous avons décidé de restreindre notre problématique au seul phénomène du mouvement cardiaque. En effet, si l'on ne peut négliger l'importance du mouvement cardiaque, il est par contre possible de déterminer un intervalle d'acquisition où les artères apparaissent suffisamment uniformément injectées. L'ensemble des images entre première et dernière images de référence remplit cette condition. Par la suite, le phénomène de diffusion est donc négligé et le terme *mouvement* se rapporte au mouvement propre des artères coronaires.

5.2.4 La compensation de mouvement

Nous allons maintenant décrire notre méthode de compensation du mouvement, en partant du cas le plus général (continu, avec mouvement propre et diffusion) pour parvenir au cas que nous utiliserons en pratique (discret avec mouvement propre uniquement). Nous donnerons enfin un schéma de résolution discret approché pour lequel nous présenterons les résultats numériques obtenus.

Par la suite, le mouvement 4D noté $\Phi : \mathbb{R}^3 \times \mathbb{R} \mapsto \mathbb{R}^3$ sera considéré comme résultant de la modélisation du mouvement des artères coronaires effectuée au chapitre précédent, c'est-à-dire égal à la composition du mouvement 4D Φ_{4D} par les mouvements 3D de raffinement $\{\Phi_{3D,i}\}_i$ définis dans la section 4.2 page 145 :

$$\Phi(., t_i) = \Phi_{3D,i} \circ \Phi_{4D}(., t_i)$$

5.2.4.1 Algorithmique de reconstruction : cas continu

Nous notons X un point 3D physique et t un temps d'acquisition. Par convention, $t = 0$ est le temps de référence auquel nous voulons reconstruire la carte d'absorption linéaire locale. Nous différencions maintenant mouvement propre et diffusion en notant, d'une part, $\Phi : \mathbb{R}^3 \times \mathbb{R} \mapsto \mathbb{R}^3$ le mouvement qui, à un point physique pris à l'instant de référence et à un instant d'acquisition, associe la position du point physique à cet instant et, d'autre part, $\mu : \mathbb{R}^3 \times \mathbb{R} \mapsto \mathbb{R}$ la fonction de diffusion qui, à un point physique et à un temps d'acquisition, associe sa valeur d'absorption linéaire locale.

Comme $t = 0$ est considéré comme instant de référence, nous avons :

$$\Phi(X, 0) = X, \quad \forall X \in \mathbb{R}^3$$

Par la suite, nous noterons $\Phi_t = \Phi(., t)$ et nous supposerons que Φ_t est un difféomorphisme pour tout instant d'acquisition t . Plus précisément, le jacobien de Φ_t selon les coordonnées spatiales sera tel que $\det(\nabla\Phi_t(X)) > 0$ pour tout point physique $X \in \mathbb{R}^3$. L'interprétation physique de cette condition est la suivante : cela revient à dire que deux points physiques différents ne peuvent pas se rejoindre sous l'effet du mouvement Φ_t . Cette hypothèse est tout à fait raisonnable dans le cas du mouvement des artères coronaires car le myocarde n'est pas infiniment compressible.

Nous voulons reconstruire la carte d'absorption linéaire locale $\mu(., 0)$ à l'instant de référence. Pour pouvoir utiliser de manière homogène toutes les projections, indépendamment de leur instant d'acquisition, nous devons exhiber une relation entre la valeur d'un pixel donné, acquis à un instant quelconque, et la carte d'absorption linéaire locale, considérée à l'instant de référence.

Nous notons $I(S(t), \theta, t)$ l'intégrale de l'absorption linéaire locale, considérée à l'instant t , selon le rayon $L(S(t), \theta)$ défini par la position de la source $S(t)$ et $\theta \in S^2$ la direction dans l'ensemble S^2 des directions dans \mathbb{R}^3 . La restriction de Φ_t à $L(S(t), \theta)$ est notée :

$$\Phi_t|_{L(S(t), \theta)} : L(S(t), \theta) \longrightarrow \Phi_t(L(S(t), \theta))$$

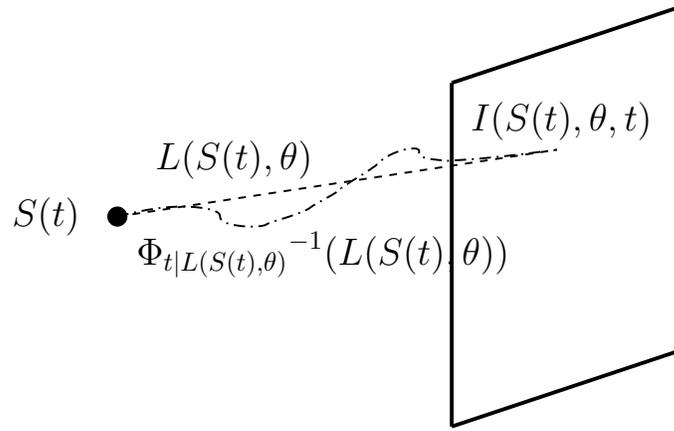


FIG. 5.2 – Sous l’effet du mouvement entre instants de référence et d’acquisition, le calcul des intégrales de l’absorption linéaire locale qui correspond à un point de la projection au temps t peut être exprimé soit le long d’une ligne droite $L(S(t), \theta)$ au temps t , soit le long de cette ligne déformée par $\Phi_{t|L(S(t), \theta)}^{-1}$, au temps $t = 0$.

Nous obtenons la relation suivante entre intensité à un instant quelconque et absorption linéaire locale, considérée à l’instant de référence :

$$\begin{aligned}
 I(S(t), \theta, t) &= \int_{L(S(t), \theta)} \mu(y, t) dy \\
 &= \int_{\Phi_{t|L(S(t), \theta)}^{-1}(L(S(t), \theta))} \mu(\Phi_{t|L(S(t), \theta)}(z), t) \cdot |\det(\nabla \Phi_{t|L(S(t), \theta)}(z))| dz \quad (5.1) \\
 &= \int_{\Phi_{t|L(S(t), \theta)}^{-1}(L(S(t), \theta))} \mu(z, 0) \cdot \det(\nabla \Phi_{t|L(S(t), \theta)}(z)) dz \quad (5.2)
 \end{aligned}$$

L’équation 5.1 est donnée par le changement de variable $z = \Phi_{t|L(S(t), \theta)}^{-1}(y)$ dans l’intégrale. Ce changement est bien défini car nous avons supposé que Φ_t est un difféomorphisme, il en est donc de même pour $\Phi_{t|L(S(t), \theta)}$, car $L(S(t), \theta)$ est une courbe \mathcal{C}^1 .

La deuxième étape, dans l’équation 5.2, découle de la positivité de $\det(\nabla \Phi_{t|L(S(t), \theta)}(z))$ et de notre hypothèse de l’absence de phénomène de diffusion :

$$\begin{aligned}
 \mu(\Phi_t(z), t) &= \mu(\Phi_0(z), 0), \quad \forall z, t \\
 &= \mu(z, 0), \quad \forall z, t
 \end{aligned}$$

La relation 5.2 permet de considérer le sinogramme continu acquis sur un objet dont le mouvement est connu par rapport à un instant de référence comme l’acquisition d’un sinogramme selon des lignes courbes, déformées par l’application $\Phi_{t|L(S(t), \theta)}^{-1}$, du même objet considéré à l’instant de référence.

La figure 5.2 illustre cette relation entre objet à l’instant de référence et sinogramme à l’instant d’acquisition.

Nous construisons maintenant la valeur d’un pixel à un instant d’acquisition à partir de l’ensemble des intégrales de l’absorption linéaire locale selon les rayons. La figure 5.3 montre

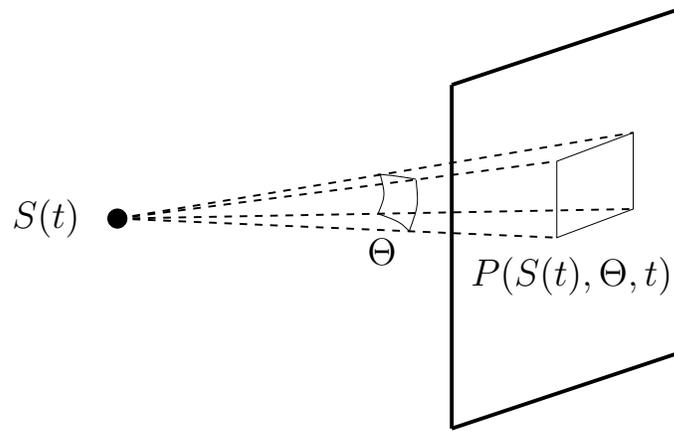


FIG. 5.3 – La valeur du pixel $P(S(t), \Theta, t)$ est donnée par l'intégrale de l'absorption linéaire locale sur l'ensemble de l'angle solide défini par le sommet $S(t)$ et l'ensemble Θ des directions des rayons.

la formation de la valeur d'un pixel à partir du faisceau de rayons X qui diverge depuis la source dans le carré défini par un des pixels du détecteur.

Si $S(t)$ note la position de la source à l'instant d'acquisition t et si Θ est l'angle solide qui définit le pixel $P(S(t), \Theta, t)$ dont nous cherchons à calculer la valeur, alors nous pouvons considérer cette valeur comme dépendant de l'absorption linéaire locale $\mu(\cdot, 0)$ à l'instant de référence :

$$\begin{aligned} P(S(t), \Theta, t) &= \int_{L(S(t), \Theta)} \mu(Y, t) dY \\ &= \int_{\Phi_t^{-1}(L(S(t), \Theta))} \mu(Z, 0) \cdot \det(\nabla \Phi_t(Z)) dZ \end{aligned} \quad (5.3)$$

Notre description dans le domaine continu nous permet donc de donner une relation entre la valeur d'un pixel à un instant d'acquisition et l'absorption linéaire locale à l'instant de référence. Pour cela, nous avons supposé connu le mouvement entre instants de référence et d'acquisition et négligeable le phénomène de diffusion.

5.2.4.2 Algorithmique de reconstruction : cas discret

Nous dérivons maintenant le cas discret de notre problème de reconstruction avec compensation de mouvement, à partir du cas continu décrit précédemment.

L'espace considéré à l'instant de référence est supposé discrétisé en un ensemble de voxels, recouvrant le support de la carte d'absorption linéaire locale que nous cherchons à déterminer. Nous supposons que l'absorption linéaire locale est constante dans chaque voxel et nous notons $\mu(C) := \mu(C, 0)$ la valeur de l'absorption linéaire dans le voxel C , considéré au temps $t = 0$.

Afin de pouvoir mettre en œuvre une méthode de reconstruction, nous devons donner une description discrète de l'opérateur de projection qui est sous-jacent à la formation des images. Cette description se fait par la donnée pour chaque pixel P et chaque voxel C de la contribution $R(P, C)$ du voxel à la formation du pixel.

Nous déduisons maintenant les valeurs de contributions discrètes à partir du cas continu, en utilisant la relation avec la géométrie au temps $t = 0$ donnée dans l'équation 5.3 :

$$\begin{aligned} R(P(S(t), \Theta, t), C) &= \\ &= \int_{\Phi_t^{-1}(L(S(t), \Theta)) \cap C} \mu(Z, 0) \cdot \det(\nabla \Phi_t(Z)) dZ \\ &= \mu(C) \int_{\Phi_t^{-1}(L(S(t), \Theta)) \cap C} \det(\nabla \Phi_t(Z)) dZ \end{aligned} \quad (5.4)$$

$$= \mu(C) \int_{\Phi_t(\Phi_t^{-1}(L(S(t), \Theta)) \cap C)} \det(\nabla \Phi_t(\Phi_t^{-1}(Y))) \cdot \det(\nabla \Phi_t^{-1}(Y)) dY \quad (5.5)$$

$$= \mu(C) \int_{L(S(t), \Theta) \cap \Phi_t(C)} \det(\nabla \Phi_t(\Phi_t^{-1}(Y))) \cdot \det(\nabla \Phi_t^{-1}(Y)) dY \quad (5.6)$$

$$= \mu(C) \int_{L(S(t), \Theta) \cap \Phi_t(C)} dY \quad (5.7)$$

$$= \mu(C) \cdot \text{vol}(L(S(t), \Theta) \cap \Phi_t(C)) \quad (5.8)$$

L'équation 5.4 se déduit de la constance de $\mu(\cdot, 0)$ sur le voxel C . Le changement de variable $Y = \Phi_t(Z)$ dans l'intégrale donne l'équation 5.5. L'injectivité de Φ_t , déduite du fait qu'elle est un difféomorphisme, donne l'équation 5.6. Finalement, la relation 5.7 est donnée par une propriété sur le jacobien d'une fonction réciproque :

$$\det(\nabla f^{-1}(f(a))) = \frac{1}{\det(\nabla f(a))}$$

L'équation 5.8 dérive de la définition même du volume à partir de la fonction indicatrice.

La contribution $R(P, C)$ du voxel C , considéré au temps $t = 0$, au pixel P , considéré au temps t , est donc égale à l'absorption linéaire locale du voxel C multipliée par le volume de l'intersection du voxel C déformé par Φ_t avec l'angle solide définissant le pixel P .

La relation entre l'opérateur de projection et $\mu(C)$ est linéaire. Nous pouvons donc maintenant construire la matrice R^Φ associée à l'opérateur de projection avec mouvement. Cette matrice permet de formuler le problème de façon discrète par l'équation

$$R^\Phi \cdot \mu = \mathbf{P}$$

où μ est la carte d'absorption linéaire locale à l'instant de référence, discrétisée selon le modèle de voxels et où \mathbf{P} note le sinogramme, sous la forme des intensités des pixels.

Si l'on note $R_{j_i, k}^\Phi$ le coefficient de la matrice R^Φ associé à la contribution du voxel k au pixel j_i de l'image i , nous avons la relation :

$$R_{j_i, k}^\Phi = \text{vol}(S_{j_i} \cap \Phi_{t_i}(C_k)) \quad (5.9)$$

où C_k est le cube décrivant le voxel k , S_{j_i} est l'angle solide ayant pour sommet la source à l'instant t_i et pour base le pixel j_i , et t_i est le temps d'acquisition de l'image i .

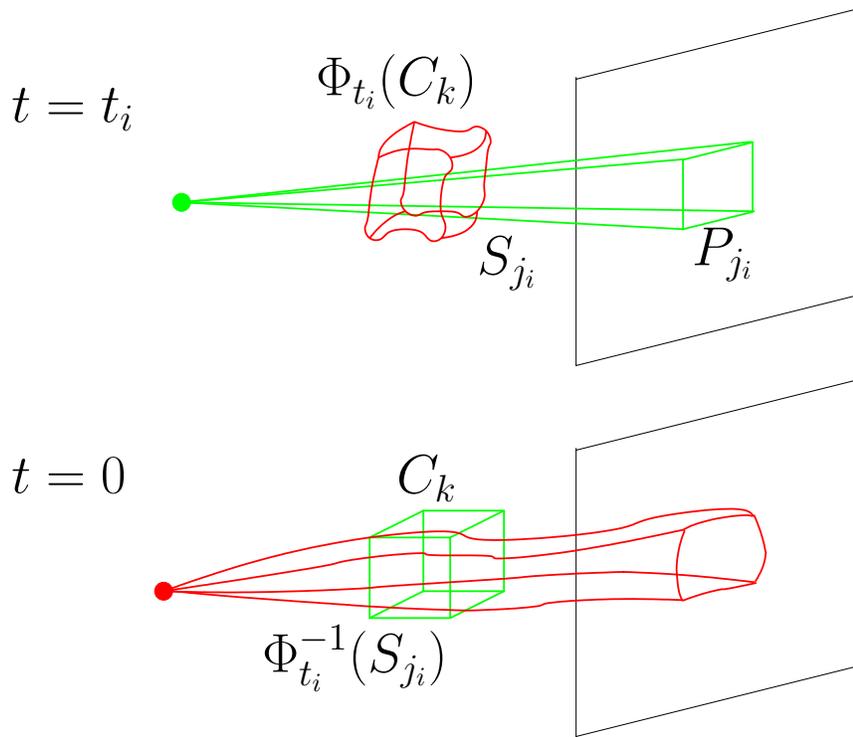


FIG. 5.4 – La contribution du voxel C_k , considéré au temps cardiaque normalisé $t = 0$, au pixel P_{j_i} , considéré au temps $t = t_i$ peut être soit donnée (en haut), par l'application du mouvement direct, à l'intersection de l'angle solide S_{j_i} et du voxel, déformé au temps $t = t_i$, $\Phi_{t_i}(C_k)$, soit donnée (en bas), par l'application du mouvement inverse, à l'intersection de l'angle solide, déformé au temps $t = 0$, $\Phi_{t_i}^{-1}(S_{j_i})$ et du voxel C_k .

Nous remarquons que cette valeur ne diffère du cas statique que par l'application de Φ_{t_i} au cube décrivant le voxel. En effet, dans le cas statique classique, nous avons :

$$R_{j_i,k} = \text{vol}(S_{j_i} \cap C_k) \quad (5.10)$$

Notre résultat est tout à fait cohérent avec le cas statique car, si l'on pose $\Phi_{t_i} = I_{\mathbb{R}^3}$, dans l'équation 5.9, alors nous retrouvons l'équation 5.10.

La figure 5.4 résume la relation qui lie les voxels, considérés au temps normalisé $t = 0$ et les pixels, considérés aux temps normalisés des images $\{t_i\}_i$.

Dans la pratique, l'évaluation exacte de $\Phi_{t_i}(C_k)$ est irréaliste et même son approximation par le polyèdre ayant pour sommets les images des sommets du cube serait très coûteuse. L'évaluation du volume de l'intersection $S_{j_i} \cap \Phi_{t_i}(C_k)$ représente de même une difficulté et un coût calculatoire important. C'est pour cela que nous simplifions le calcul des contributions des voxels aux pixels en employant des contributions uniques : nous faisons l'hypothèse qu'un voxel contribue au plus à un pixel et que sa contribution est unique.

Pour décider à quel pixel un voxel contribue, nous prenons en compte un point privilégié : son centre. Si l'on note c_k le centre du voxel C_k , alors la contribution unique $R_{j_i,k}^\Phi$ est donnée

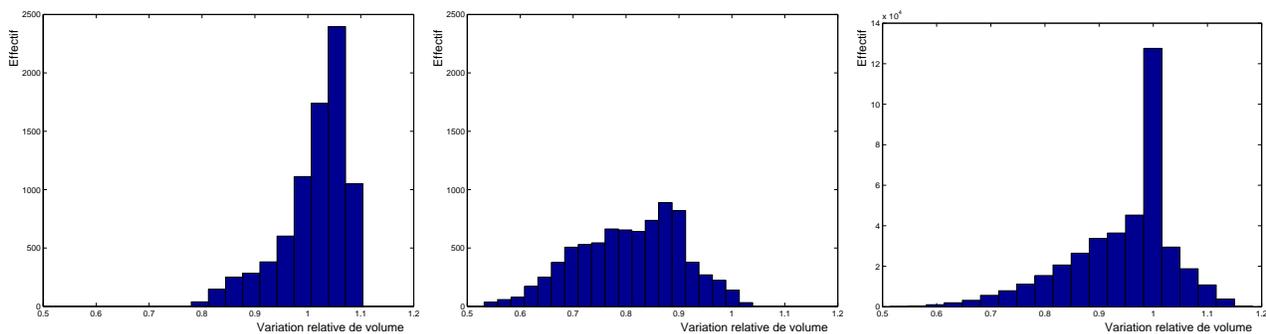


FIG. 5.5 – Histogrammes typiques des variations relatives moyennes de volume. De gauche à droite, histogramme des variations relatives de volume au temps $t = 0,2$ proche de l’instant de référence, histogramme des variations relatives de volume au temps $t = 0,6$ éloigné de l’instant de référence, et histogramme des variations relatives de volume cumulé sur l’ensemble des échantillons temporels et spatiaux.

par :

$$R_{j_i,k}^\Phi = \begin{cases} \text{vol}(\Phi_{t_i}(C_k)) & \text{si } \Phi_{t_i}(c_k) \in S_{j_i} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

La variation relative du volume de C_k sous l’application de Φ_{t_i} est liée à $\det(\nabla\Phi_{t_i})$. Cette valeur donne la variation relative de volume élémentaire.

Afin de savoir si nous pouvons négliger la variation relative de volume, nous avons évalué cette quantité pour les mouvements 4D calculés en pratique.

La variation relative de volume a été déterminée par le calcul du déterminant du jacobien évalué sur un échantillonnage régulier, en temps et en espace, du support du *B-solid 4D*. Cette mesure a été effectuée sur 5 patients et donne des résultats qui varient peu avec la séquence utilisée. L’instant de référence des mouvements a été choisi en télé-diastole.

Nous avons déterminé les histogrammes sur l’ensemble des échantillons spatiaux de ces variations relatives de volume pour un temps fixé, ainsi que les histogrammes cumulés sur l’ensemble des échantillons spatiaux et temporels.

Les bornes typiques sur l’ensemble des échantillons sont : 0,60 et 1,15. Ces valeurs sont logiques puisque l’instant de référence des mouvements 4D a été pris en télé-diastole, le mouvement est alors essentiellement une *contraction* par rapport à la position à l’instant de référence.

Si l’on observe plus en détail l’évolution temporelle de la variation relative de volume, nous constatons que les variations relatives de volume les plus importantes ont lieu pour un temps normalisé $t \simeq 0,6$, qui correspond à la télé-systole, état le plus contracté du myocarde. À cet instant précis, la variation relative de volume moyenne est typiquement de 0,8.

Enfin, la variation relative moyenne du volume sur l’ensemble des échantillons en espace et en temps est typiquement de 0,95. Cette variation est donc faible.

La figure 5.5 montre des histogrammes typiques des variations relatives moyennes de volume.

Afin de réduire le coût calculatoire de notre méthode, nous avons donc négligé l’effet de

la variation de volume. Les contributions des voxels aux pixels sont alors données par :

$$R_{j_i,k}^\Phi = \begin{cases} \text{vol}(C_k) & \text{si } \Phi_{t_i}(c_k) \in S_{j_i} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

La condition d'appartenance de $\Phi_{t_i}(c_k)$ à l'angle solide S_{j_i} peut être ramenée à l'appartenance du projeté de c_k , selon la matrice de projection m_i associée à l'image i , au pixel P_{j_i} :

$$R_{j_i,k}^\Phi = \begin{cases} \text{vol}(C_k) & \text{si } m_i(\Phi_{t_i}(c_k)) \in P_{j_i} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

Nous disposons donc maintenant d'une méthode approchée permettant de calculer les contributions des voxels aux pixels et donc de construire la matrice associée à l'opérateur de projection, avec la compensation de mouvement. Pour résoudre le problème de reconstruction, nous pouvons maintenant utiliser la matrice associée à l'opérateur de projection et employer les méthodes discrètes classiques de reconstruction. Ainsi, les méthodes algébriques (de type ART), stochastiques (de type EM) et par optimisation (de type gradient conjugué) peuvent être mises en œuvre pour résoudre le problème de reconstruction, qui a été ramené dans un cadre statique [Herman, 1980].

Nous avons choisi d'utiliser la variante additive de la méthode ART (**A**lgebraic **R**econstruction **T**echnique), qui figure parmi les méthodes discrètes décrites dans [Grangeat, 2002a], pour sa facilité de mise en œuvre, son efficacité calculatoire et son adéquation à la reconstruction de structures vasculaires.

Schématiquement, la première reconstruction est choisie d'intensité nulle, puis une mise à jour itérative des voxels est effectuée pixel par pixel par une répartition additive homogène de la valeur du résidu au pixel courant.

Plus précisément, si μ^l est le vecteur représentant la reconstruction courante, alors la somme des contributions associées au pixel P_{j_i} de l'image i est $R_{j_i,\cdot}^\Phi \cdot \mu^l$, où $R_{j_i,\cdot}^\Phi$ est la ligne de R^Φ correspondant au pixel P_{j_i} . Le résidu entre valeur réelle du pixel P_{j_i} et cette somme de contribution est $P_{j_i} - R_{j_i,\cdot}^\Phi \cdot \mu^l$. Ce résidu est réparti de manière homogène par rapport aux contributions relatives des différents pixels pour former le terme de mise à jour $\frac{P_{j_i} - \langle R_{j_i,\cdot}^\Phi, \mu^l \rangle}{\|R_{j_i,\cdot}^\Phi\|^2} R_{j_i,\cdot}^{\Phi T}$ qui est pondéré et ajouté à la reconstruction courante :

$$\mu^l \leftarrow \mu^l + \lambda \frac{P_{j_i} - \langle R_{j_i,\cdot}^\Phi, \mu^l \rangle}{\|R_{j_i,\cdot}^\Phi\|^2} R_{j_i,\cdot}^{\Phi T}$$

Le paramètre de relaxation λ doit être choisi dans l'intervalle $]0, 2[$ afin de garantir la convergence de l'algorithme.

Une itération complète de l'algorithme ART additif est donnée par l'application de cette mise à jour sur tous les indices i et j , c'est-à-dire par un parcours de l'ensemble des pixels P_{j_i} .

5.2.4.3 Résultats

Nous présentons les résultats obtenus sur une séquence synthétique et sur des séquences acquises sur patients. Concernant les résultats obtenus sur patients, nous insisterons sur les

apports respectifs de la soustraction artificielle des angiogrammes et de la compensation du mouvement.

Les reconstructions présentées ont été effectuées avec des résolutions de 256^3 voxels et 512^3 voxels, soit respectivement plus de $1,6 \cdot 10^7$ voxels et plus de $1,3 \cdot 10^8$ voxels. Le paramètre de relaxation λ a été pris égal à 1. Nous avons utilisé typiquement de 80 à 110 projections d'une même séquence pour ces reconstructions. Comme expliqué précédemment, l'algorithme ART additif a été employé. Nous nous sommes restreints à deux itérations complètes de cet algorithme, les reconstructions obtenues n'évoluant plus que très peu pour les itérations suivantes.

Dans un premier temps, nous avons testé notre approche sur une séquence construite de manière synthétique à partir d'un modèle géométrique connu, d'un mouvement connu et de paramètres d'acquisition et de traitement de l'image connus. Le modèle de formation de l'image est donc parfaitement maîtrisé.

Le modèle géométrique consiste en neuf cylindres, caractérisés par quatre niveaux d'absorption linéaire différents et deux diamètres distincts. Le mouvement est une contraction/dilatation homothétique dont l'échelle varie périodiquement et linéairement par morceaux au cours du temps.

La figure 5.6 montre l'apport de la prise en compte du mouvement dans la reconstruction tomographique. Les artefacts de flou liés au mouvement disparaissent. Seuls subsistent quelques artefacts pour les cylindres situés dans le plan axial. Ceci est particulièrement visible dans les vues MIP (**M**aximum **I**ntensity **P**rojection) selon la direction axiale.

Nous avons voulu évaluer la précision géométrique de notre méthode en comparant les diamètres obtenus sur la reconstruction avec les diamètres réels. Les diamètres des cylindres composant le fantôme étant connus, nous les avons comparés aux diamètres évalués à partir de la reconstruction. Parmi les neuf cylindres, sept ont un diamètre connu de 2 millimètres et deux ont un diamètre connu de 4 millimètres. Pour deux cylindres (correspondant à ces deux diamètres différents), nous avons évalué le diamètre moyen et l'aire de la section au long des cylindres. La figure 5.7 montre les résultats de cette évaluation.

Les valeurs mesurées sont proches des valeurs idéales. En effet, elles présentent moins de 10% d'erreur en diamètre et en aire de section, alors que la taille du voxel représente 10% du diamètre des cylindres les plus fins. Nous atteignons une précision à la limite de celle permise par la taille des voxels.

Néanmoins, ce fantôme manque de réalisme et la précision obtenue pour sa reconstruction 3D tomographique n'est pas extrapolable aux séquences acquises sur patients. Nous verrons par la suite toute la difficulté qu'il y a à évaluer la précision d'une reconstruction 3D tomographique effectuée à partir d'une séquence acquise en conditions réelles, sur un patient.

Nous présentons maintenant les résultats obtenus sur trois patients. Les reconstructions avec compensation de mouvement sont présentées dans les figures 5.8, 5.9 et 5.10 par des vues MIP selon les 3 directions canoniques. Nous pouvons observer des artères fines, après deux voire trois bifurcations.

La figure 5.11 permet de discriminer les apports séparés de la soustraction artificielle du fond et de la compensation de mouvement. Essentiellement, la soustraction artificielle

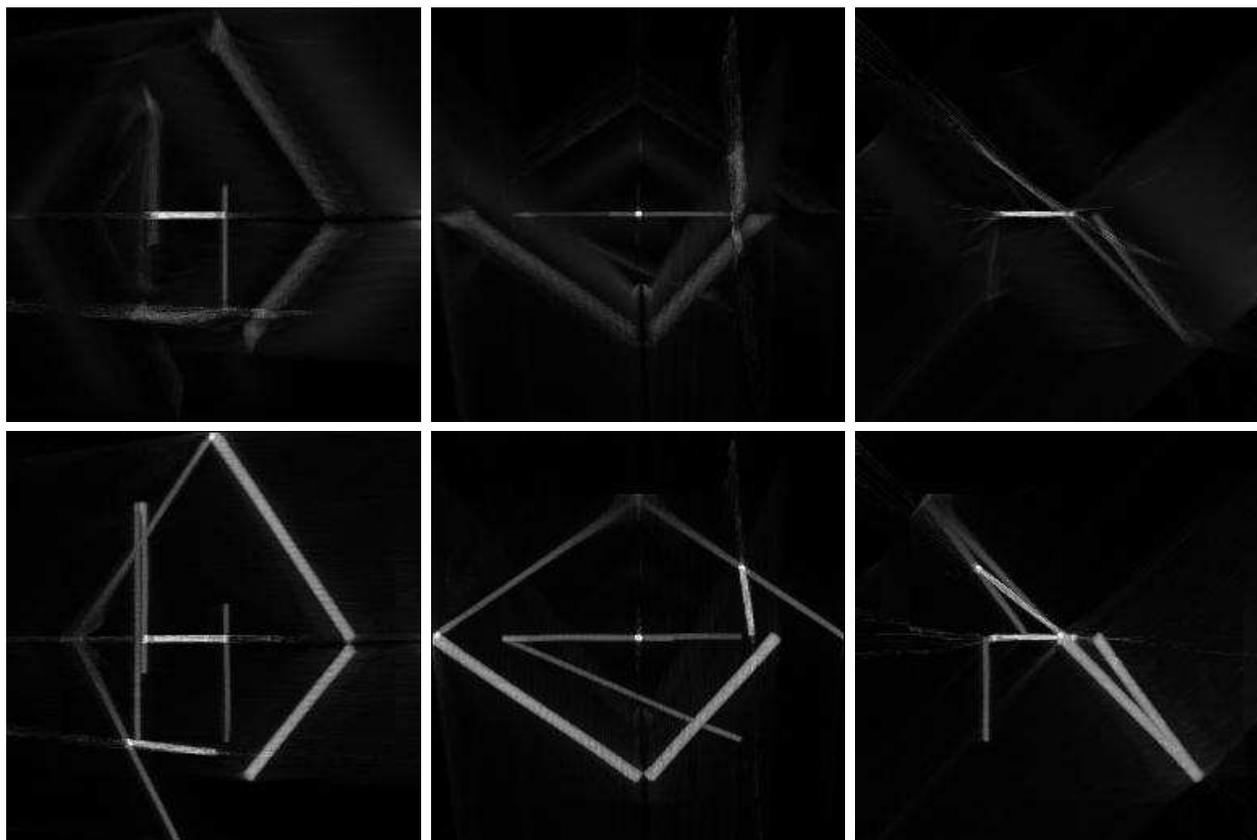


FIG. 5.6 – En haut : vues MIP selon les directions coronale, sagittale et axiale de la reconstruction tomographique du fantôme synthétique, sans compensation du mouvement. En bas : vues MIP selon les mêmes directions de la reconstruction tomographique du fantôme synthétique, avec compensation du mouvement. Les artefacts de mouvement sont éliminés, mais certains artefacts dans le plan axial subsistent.

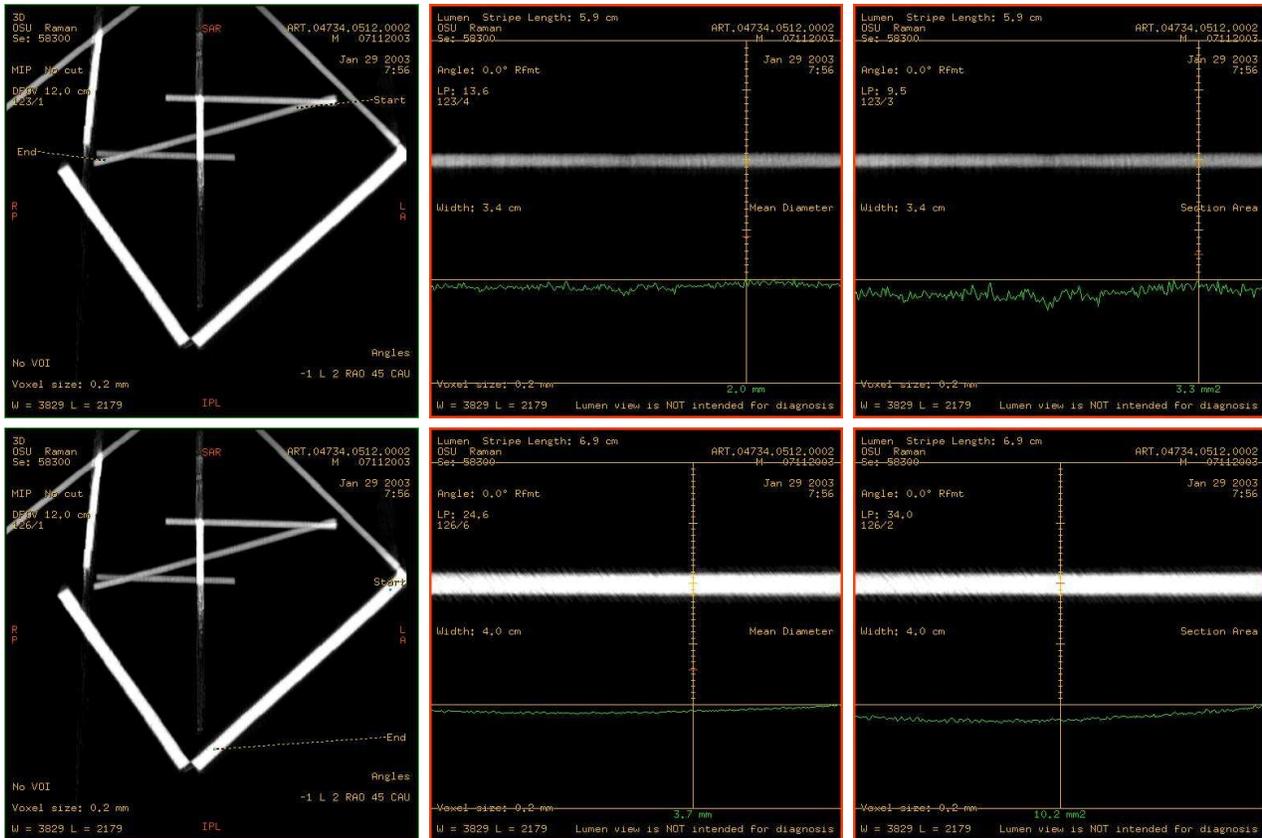


FIG. 5.7 – En haut, de gauche à droite : sur un cylindre de diamètre connu de 2 millimètres, définition des points de début et de fin du cylindre dans la reconstruction tomographique, profil du diamètre moyen le long du cylindre reconstruit, donnant une mesure de 2,0 millimètres, et profil de l'aire le long du cylindre reconstruit, donnant une mesure de 3,3 millimètres carrés. En bas, de gauche à droite : sur un cylindre de diamètre connu de 4 millimètres, définition des points de début et de fin du cylindre dans la reconstruction tomographique, profil du diamètre moyen le long du cylindre reconstruit, donnant une mesure de 3,7 millimètres, et profil de l'aire le long du cylindre reconstruit, donnant une mesure de 10,2 millimètres carrés. Les pixels ont pour taille 0,35 millimètres et les voxels ont pour taille 0,25 millimètres.



FIG. 5.8 – De gauche à droite : vues MIP selon les directions coronale, sagittale et axiale de la reconstruction tomographique avec compensation de mouvement. Les branches principales des artères coronaires sont reconstruites, des artefacts de flou dans le plan axial apparaissent au niveau du tronc coronaire.

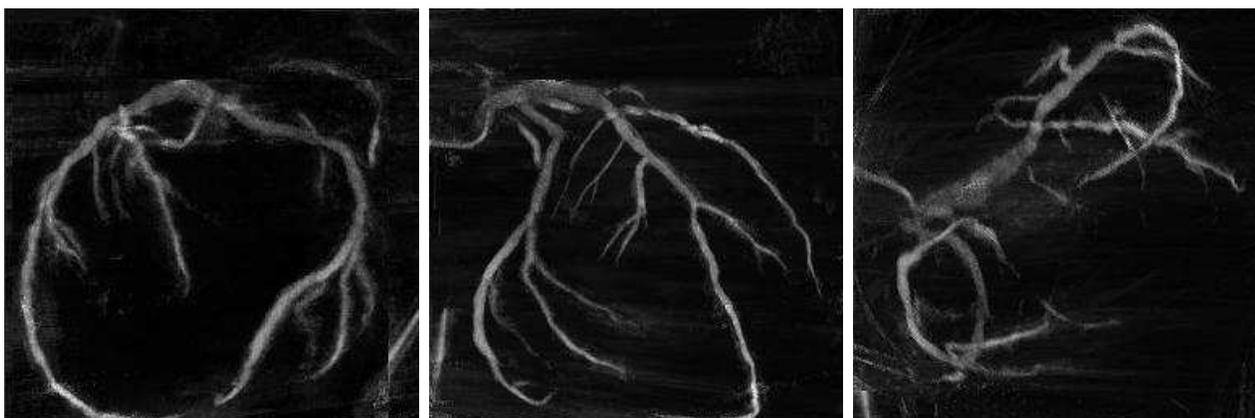


FIG. 5.9 – De gauche à droite : vues MIP selon les directions coronale, sagittale et axiale de la reconstruction tomographique avec compensation de mouvement. Les branches principales des artères coronaires sont reconstruites.



FIG. 5.10 – De gauche à droite : vues MIP selon les directions coronale, sagittale et axiale de la reconstruction tomographique avec compensation de mouvement. Les branches principales des artères coronaires sont correctement reconstruites, des artefacts de flou dans le plan axial apparaissent au niveau du tronc coronaire.

diminue le bruit de rétroprojection dans le volume des structures de fond, et la compensation du mouvement diminue les artefacts de *flou*, qui sont localisés sur les artères.

L'évaluation directe de la précision d'une reconstruction 3D tomographique est délicate et l'évaluation effectuée sur le fantôme n'est pas extensible aux séquences acquises sur patients.

Dans les images acquises sur patient, l'unique élément dont nous connaissons les dimensions *a priori* est le cathéter. Dans la majorité des cas, celui-ci est trop éloigné de l'isocentre pour qu'il apparaisse sur une grande longueur dans la reconstruction.

Néanmoins, pour une des séquences à notre disposition, le cathéter est présent sur une grande portion dans la reconstruction tomographique. En outre, dans les images, il est animé d'un mouvement important, bien que moins complexe que celui des artères coronaires. L'évaluation de la qualité de sa reconstruction 3D tomographique est donc pertinente.

Nous avons donc comparé les diamètres et aires de sections connus et mesurés. La figure 5.12 montre le résultat de cette évaluation.

La précision des valeurs mesurées est de l'ordre de 15% en diamètre et de 30% en aire de section, ce qui est assez satisfaisant, sachant que la taille d'un voxel représente 12% du diamètre du cathéter. À l'opposé, ces valeurs souffrent d'un biais systématique (l'ensemble des diamètres est surestimé) qui s'explique par le flou résiduel, après compensation de mouvement. L'objet observé étant légèrement flou, il apparaît plus large qu'il n'est réellement.

Au cours des différents résultats de reconstruction 3D tomographique présentés, nous avons pu observer dans les reconstructions présentées des artefacts résiduels malgré la soustraction artificielle et la compensation du mouvement. Nous allons maintenant tâcher de les analyser et de les expliquer.

5.2.4.4 Limitations

Les reconstructions que nous obtenons peuvent souffrir de deux types d'artefacts :

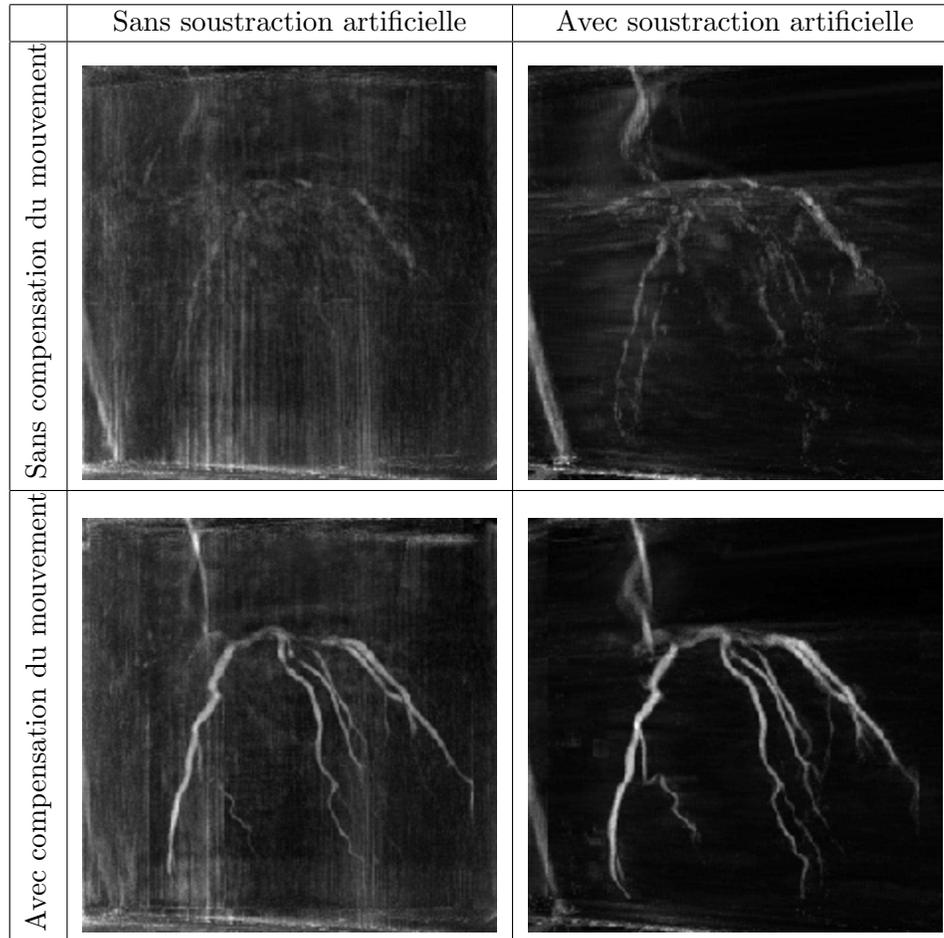


FIG. 5.11 – Effets séparés et combinés de la soustraction artificielle et de la compensation du mouvement. Vues MIP dans la direction sagittale des quatre reconstructions tomographiques obtenues à partir de la même séquence angiographique en effectuant ou pas la soustraction artificielle et en compensant ou pas le mouvement. La soustraction artificielle enlève les artefacts de fond qui forment un bruit dans la reconstruction tandis que la compensation du mouvement réduit les artefacts de flou dus au mouvement cardiaque.

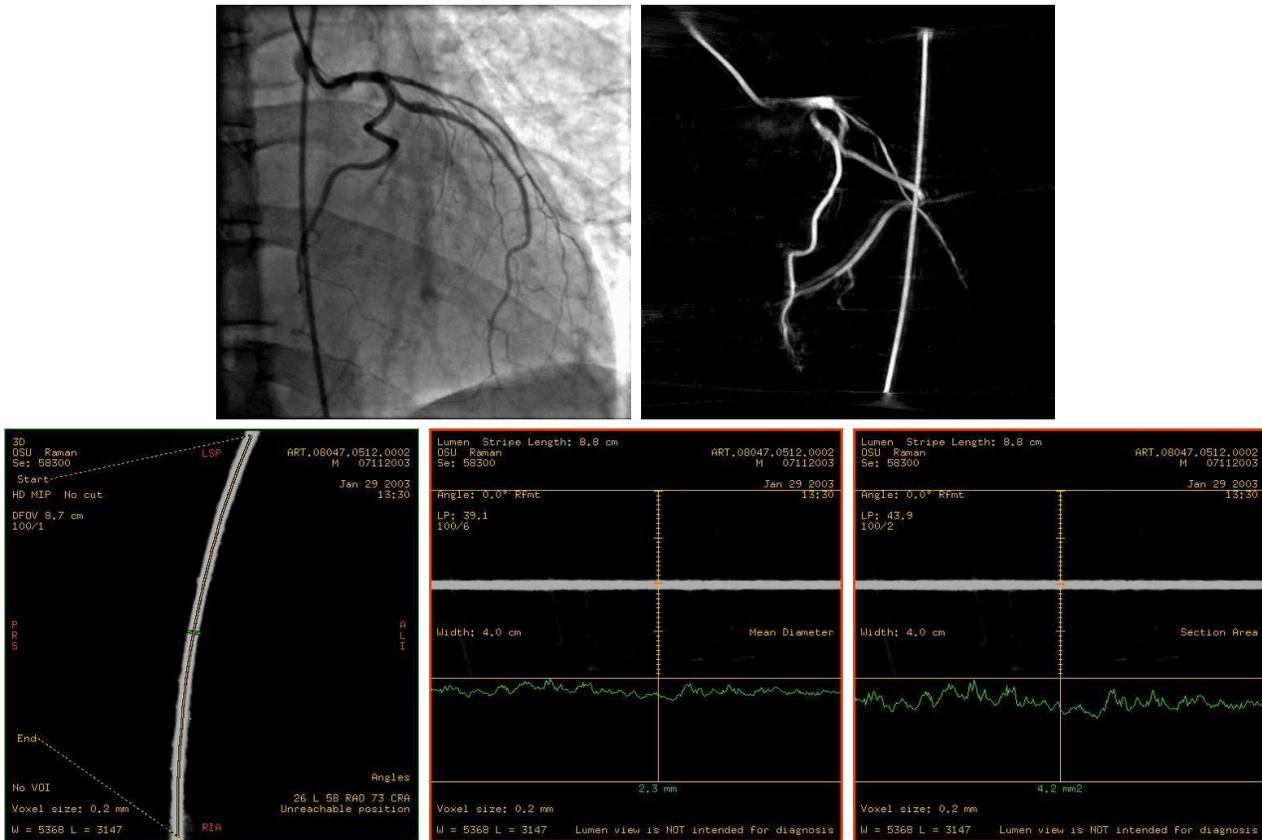


FIG. 5.12 – Évaluation de la reconstruction 3D tomographique sur un cathéter. En haut, à gauche, angiogramme original montrant la présence du cathéter, à droite, vue MIP dans la direction coronale de la reconstruction tomographique associée à la séquence. En bas, de gauche à droite, sélection de deux points aux extrémités du cathéter, évaluation du diamètre moyen du cathéter reconstruit, et évaluation de l'aire de section du cathéter reconstruit. Le diamètre connu du cathéter est 2 millimètres, la mesure de son diamètre moyen sur la reconstruction 3D tomographique donne une valeur de moyenne de 2,3 millimètres, avec pour bornes 2,2 millimètres et 2,4 millimètres, et une aire de section moyenne de 4,3 millimètres carrés.



FIG. 5.13 – Flou dans le plan axial au niveau du tronc coronaire. À gauche : vue MIP axiale montrant un flou résiduel important au niveau du tronc coronaire, repéré en jaune. Au milieu et à droite : vues MIP coronale et sagittale montrant que le flou observé est bien situé sur une structure dans le plan d’acquisition.

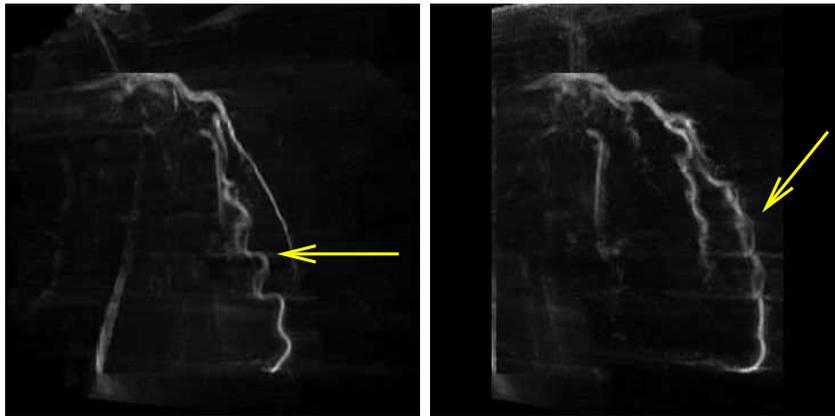


FIG. 5.14 – Flou local lié à un défaut dans le modèle de mouvement 4D. Les deux vues MIP de la reconstruction montre le flou local sur une portion de l’artère tortueuse repérée en jaune.

- les artefacts de mouvement, qui se traduisent par un flou local sur une artère pour laquelle le mouvement 4D est imprécis,
- les artefacts de flou, essentiellement dans la direction axiale, dus à plusieurs facteurs :
 - la trajectoire de l’acquisition est une rotation incomplète dans le plan axial,
 - les structures parallèles à ce plan sont moins clairement définies du point de vue de la reconstruction tomographique,
 - le nombre de projections peut encore être considéré comme insuffisant,
 - le faible nombre d’itérations de l’algorithme ART favorise le flou de la reconstruction.

La figure 5.13 présente un exemple de flou dans le plan axial au niveau du tronc coronaire.

La figure 5.14 présente un exemple de flou local sur une artère lié à un défaut dans le modèle de mouvement 4D.

Le fait d’utiliser des contributions uniques n’est pas pénalisant car son effet ne se ferait vraiment sentir que pour des reconstructions qui seraient d’excellente qualité, à des résolutions

très fines.

Une méthode simple et classique pour résoudre ce type de problème consisterait à utiliser l'interpolation bilinéaire pour remplacer les contributions uniques par des contributions à quatre pixels, pondérées par la distance du centre du voxel projeté dans l'image aux centres des quatre pixels qui l'entourent. Cette méthode n'a toutefois pas été mise en œuvre, car elle ne représente pas un facteur d'amélioration primordial pour les reconstructions 3D tomographiques.

5.2.4.5 Mesures de qualité

Afin d'évaluer la qualité de nos reconstructions, nous avons cherché à définir une mesure de qualité des reconstructions tomographiques. Nous sommes parvenus à une solution partielle au travers de l'utilisation de l'entropie, car les mesures basées sur la vérité terrain ou sur une méthode d'acquisition étalon sont inaccessibles et nous ne connaissons pas de fantôme réaliste d'artères coronaires en mouvement.

5.2.4.5.1 Vérité terrain Une méthode simple pour quantifier la qualité d'un objet reconstruit consiste à le comparer à la vérité terrain. Il suffit d'appliquer une norme à la différence entre objet reconstruit et objet réel. Malheureusement, dans notre cas, la vérité terrain est inaccessible car l'anatomie *réelle* des patients ne peut pas être décrite.

5.2.4.5.2 Comparaison à une méthode d'acquisition étalon Une autre méthode classique pour l'évaluation de la qualité d'un objet reconstruit consiste à le comparer à celui obtenu par une méthode étalon existante ou par une autre modalité d'imagerie donnant déjà de bons résultats. Dans notre cas, cette approche n'est pas utilisable. En effet, il n'y a pas à ce jour de méthode étalon en angiographie ou d'autre modalité d'imagerie qui permette de reconstruire les artères coronaires avec une précision suffisante pour que l'on puisse la qualifier de méthode de reconstruction étalon.

5.2.4.5.3 Fantômes Un autre moyen d'évaluer la qualité d'une méthode de reconstruction consiste à utiliser un fantôme, synthétique ou physique, d'en acquérir une séquence dans des conditions identiques à celles du protocole clinique et de comparer sa reconstruction à sa réalité géométrique connue.

Un fantôme réaliste doit avoir les caractéristiques suivantes :

- géométrie connue et comparable à celle des artères coronaires,
- mouvement de contraction non simpliste, connu et contrôlé,
- compatibilité avec un système d'imagerie rayons X, dans le cas où il s'agit d'un fantôme physique.

L'ensemble de ces contraintes fait qu'il n'existe actuellement pas de fantôme réaliste, synthétique ou physique, des artères coronaires. Les fantômes dont nous disposons ne remplissent que partiellement ces conditions. En effet, le fantôme physique montrant les artères coronaires de cochon n'est pas animé et le fantôme synthétique n'est pas réaliste du point de vue géométrique.

Cependant, on peut imaginer construire un fantôme synthétique à partir de :

- une reconstruction classique d'un fantôme physique d'artères coronaires statiques,
- un modèle de mouvement, par exemple issu de notre étape de calcul de mouvement 4D, mais qui pourrait aussi être donné par toute autre méthode de calcul des déformations cardiaques,
- un modèle de formation d'image non simpliste.

Nous n'avons pas mis en œuvre cette solution, dont la mise en œuvre n'est pas triviale, mais elle ouvre néanmoins la possibilité d'une mesure de qualité à la fois réaliste et pertinente.

Nous concluons donc que la validation de la qualité des reconstructions à partir de fantômes n'est pas réalisable en l'état actuel.

5.2.4.5.4 Mesure de qualité intrinsèque : l'entropie Les mesures de qualité extrinsèques n'étant pas pour le moment accessibles, nous avons cherché des mesures de qualités intrinsèques pour les reconstructions 3D tomographiques que nous avons obtenues.

Nous faisons la remarque qu'une reconstruction tomographique idéale ne posséderait que deux intensités de voxels : les voxels d'intensité nulle lorsqu'ils ne font pas partie d'une artère coronaire et les voxels d'intensité constante non nulle, donnée par l'absorption linéaire du produit de contraste, lorsqu'ils font partie d'une artère coronaire. La prise en compte du phénomène de *volume partiel* ne ferait que disperser légèrement les intensités autour de ces deux valeurs principales.

Nous prenons pour hypothèse de travail que ce type de répartition hétérogène des intensités de voxels traduit la qualité intrinsèque d'une reconstruction. Cette qualité peut être interprétée comme le fait que cette reconstruction idéale présente une structure, un ordre intrinsèque.

Une mesure de qualité naturelle de cet ordre intrinsèque est l'entropie calculée sur l'histogramme des intensités des voxels.

Si l'histogramme H des intensités des voxels est évalué en utilisant n quantiles, si l'on note p_n le rapport entre le nombre de représentants du quantile n par le nombre total de représentants, alors la mesure d'entropie $E(H)$ est donnée par :

$$E(H) = - \sum_n p_n \cdot \log_2(p_n)$$

Plus la mesure d'entropie associée à une reconstruction 3D tomographique est faible, meilleure est sa qualité intrinsèque. La figure 5.15 montre trois reconstructions de qualité décroissante ainsi que les histogrammes et les mesures d'entropie associées à ces reconstructions.

La mesure d'entropie est donc une mesure de qualité intrinsèque valable pour l'évaluation des reconstructions 3D tomographiques. Néanmoins, la validation complète de notre méthode ne pourra se faire que par l'utilisation de mesures de qualités extrinsèques, pour le moment encore inaccessibles.

Par ailleurs, on peut se demander pourquoi utiliser la mesure d'entropie sur une reconstruction donnée par l'algorithme ART additif. En effet, la version additive de l'algorithme

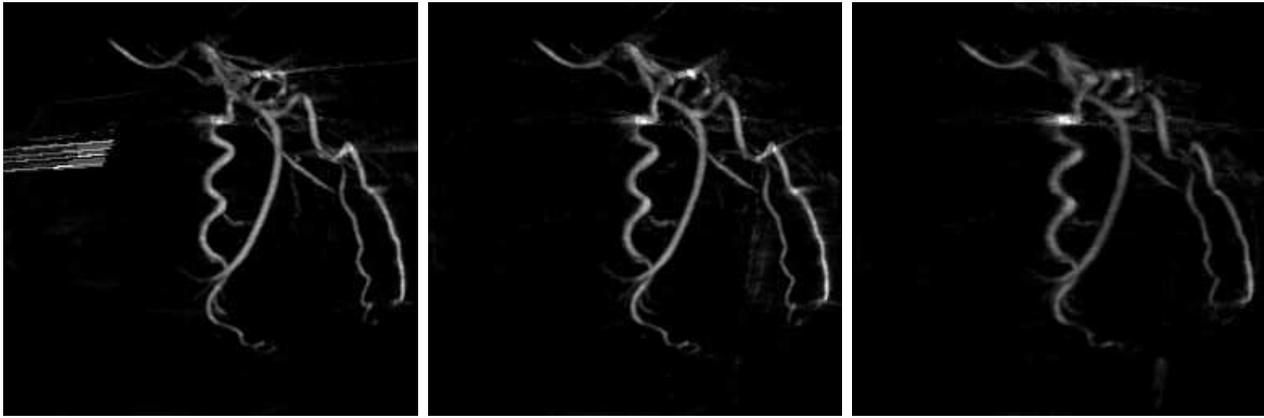


FIG. 5.15 – Corrélation entre qualité de reconstruction et mesure d'entropie. De gauche à droite : vues MIP selon la direction coronale de trois reconstructions de qualité décroissante, obtenues en diminuant les nombres d'images utilisées pour la reconstruction tomographique (respectivement 117, 88, et 59 images). Les mesures d'entropie de ces reconstructions sont respectivement : $2,6 \cdot 10^{-3}$, $2,8 \cdot 10^{-3}$, et $6,9 \cdot 10^{-3}$. Celles-ci sont ordonnées de la même manière que les impressions visuelles sur les reconstructions.

ART mène à la solution au sens des moindres carrés du problème inverse, alors que sa version multiplicative, dite MART, donne la solution d'entropie minimum. Nous expliquons ce choix par deux arguments. D'une part, mesurer la qualité d'une reconstruction avec le même critère que celui qui est implicitement minimisé lors de la reconstruction n'est pas approprié. D'autre part, nous avons testé la résolution par l'algorithme MART, mais les résultats étaient très décevants. Cela s'explique par le fait que cet algorithme multiplicatif se comporte comme un *et* logique sur l'ensemble des projections : un voxel sera d'intensité non nulle si et seulement si *tous* les pixels auxquels il a contribué sont non nuls. Ceci induit une grande sensibilité, qui n'est pas pertinente dans notre cadre, où le mouvement peut ne pas être parfaitement donné pour toutes les projections. En pratique, seul le tronc coronaire, structure de grand diamètre, était reconstruit par cette méthode.

À plus longue échéance, le fait de disposer d'une telle mesure de qualité permet d'envisager d'optimiser les paramètres de l'ensemble des algorithmes mis en œuvre en fonction non plus de critères visuels mais de critères numériques. Nous expliquerons plus en détail dans le chapitre 7 comment cette optimisation pourrait être menée.

5.2.5 Conclusion

La reconstruction 3D tomographique des artères coronaires à partir d'une séquence angiographique rayons X est rendue possible par la soustraction artificielle du fond et la compensation du mouvement cardiaque, à l'aide d'un modèle de mouvement 4D précalculé. Ces reconstructions permettent d'observer les branches principales de l'arbre coronaire, mais aussi des artères fines dans leur partie distale. Les résultats actuels souffrent parfois d'artefacts de flou dans le plan axial.

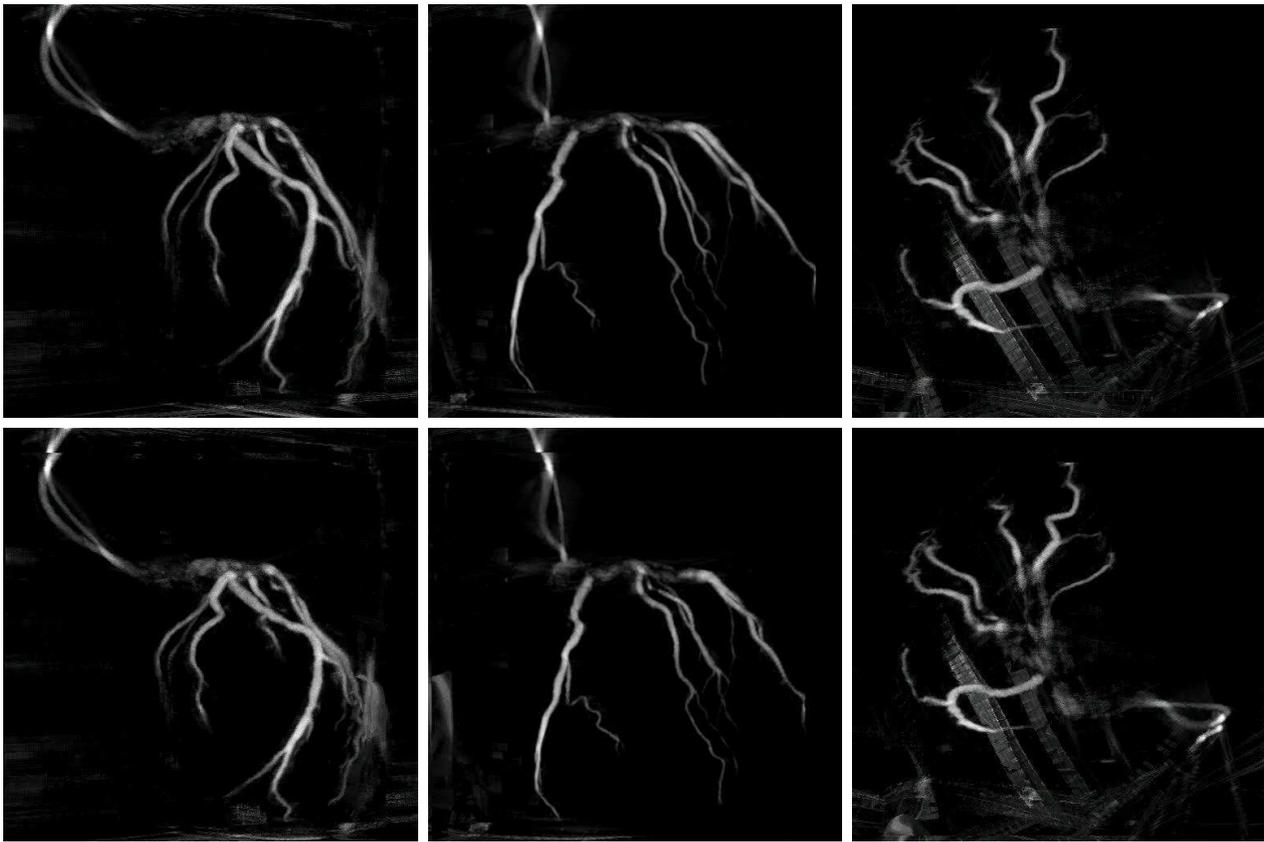


FIG. 5.16 – En haut : vues MIP selon les directions coronale, sagittale, et axiale d’une reconstruction 3D à l’instant de référence. En bas : vues MIP selon les mêmes directions de la reconstruction 3D à laquelle on a appliqué le mouvement 4D au temps normalisé $t = 0, 5$. La représentation tomographique 4D permet de visualiser l’arbre coronaire selon tous les points de vue, à tous les instants cardiaques normalisés.

Nous verrons par la suite que les résultats obtenus permettent d’envisager plusieurs applications cliniques à ces reconstructions tomographiques.

5.3 La représentation tomographique 4D

Nous disposons d’une reconstruction 3D tomographique des artères à un instant cardiaque de référence. Nous avons par ailleurs estimé le mouvement 4D de ces mêmes artères à partir de cet instant de référence. Il est naturel de vouloir appliquer le mouvement 4D à la reconstruction 3D afin d’obtenir une *représentation 4D* (nous ne parlons alors plus de *reconstruction*) à tout instant cardiaque.

La figure 5.16 montre l’application du mouvement 4D à une reconstruction 3D.

Cette représentation 4D permet de visualiser l’ensemble de l’arbre coronaire selon n’importe quel point de vue, à tout instant du cycle cardiaque.

5.4 Valeur ajoutée clinique de la reconstruction tomographique

Une première remarque d'importance est que la reconstruction tomographique des artères coronaires, que l'on peut déformer à tous les instants du cycle cardiaque, peut représenter fidèlement la réalité physique de l'arbre coronaire. Contrairement aux étapes intermédiaires par lesquelles nous sommes passés, il ne s'agit plus d'une représentation partielle des artères coronaires mais bien d'une représentation complète de l'objet d'intérêt. : les composantes *tridimensionnelle* et *temporelle* des artères coronaires sont modélisées.

Nous allons maintenant décrire la valeur ajoutée clinique associée à la reconstruction tomographique des artères coronaires et allons anticiper les potentielles applications diagnostiques associées au système d'imagerie angiographique actuel. Les apports de la reconstruction 3D tomographique sont séparés en informations qualitative et quantitative.

5.4.1 Apport qualitatif

Nous décrivons maintenant les apports qualitatifs de la reconstruction 3D tomographique. De manière intrinsèque, la reconstruction 3D tomographique permet d'observer l'arbre coronaire selon n'importe quel point de vue. Cette nouvelle possibilité est très avantageuse comparativement à la routine clinique actuelle. D'une part, la dose de rayonnement X et de produit de contraste est réduite par rapport à la routine classique, pour laquelle typiquement 4 à 6 séquences injectées sont acquises. En effet, aucune acquisition supplémentaire dédiée à une section d'artère spécifique n'est nécessaire. Le bénéfice pour le patient est immédiat et important. D'autre part, certains points de vue qui ne sont pas réalisables à cause de limitations techniques ou matérielles (en particulier, les acquisitions dans la direction axiale sont impossibles à cause de la présence du lit d'examen et de la position du patient), deviennent observables grâce à la reconstruction 3D. L'observation selon plusieurs points de vue, par exemple par l'intermédiaire d'une rotation, facilite le travail de représentation mentale que doit effectuer le clinicien. La géométrie de l'arbre coronaire peut être appréhendée directement dans sa globalité, dans ses trois dimensions et à la phase cardiaque désirée.

Les apports qualitatifs potentiels de la reconstruction 3D tomographique sont nombreux et pourraient se traduire par l'introduction de nouveaux outils d'aide au diagnostic et au traitement. Nous avons pris comme référence pour ces outils le logiciel *Volume Viewer* développé par General Electric Medical Systems. Celui-ci fait partie de la plate-forme d'exploitation des examens AW (**A**dvantage **W**indows). Cet outil logiciel a été conçu pour permettre une visualisation aisée et complète des reconstructions 3D tomographiques de structures vasculaires. Le logiciel *Volume Viewer* propose de nombreux modes de visualisation tels que les vues MIP, les isosurfaces ou encore la visualisation endoluminale des artères qui permet, par exemple, de bien appréhender la géométrie d'une sténose ou d'une bifurcation, depuis l'intérieur du vaisseau.

Nos reconstructions 3D tomographiques ont pu être analysées sous cette plate-forme logicielle. Nous en présentons dans la figure 5.17 quelques exemples de visualisations.

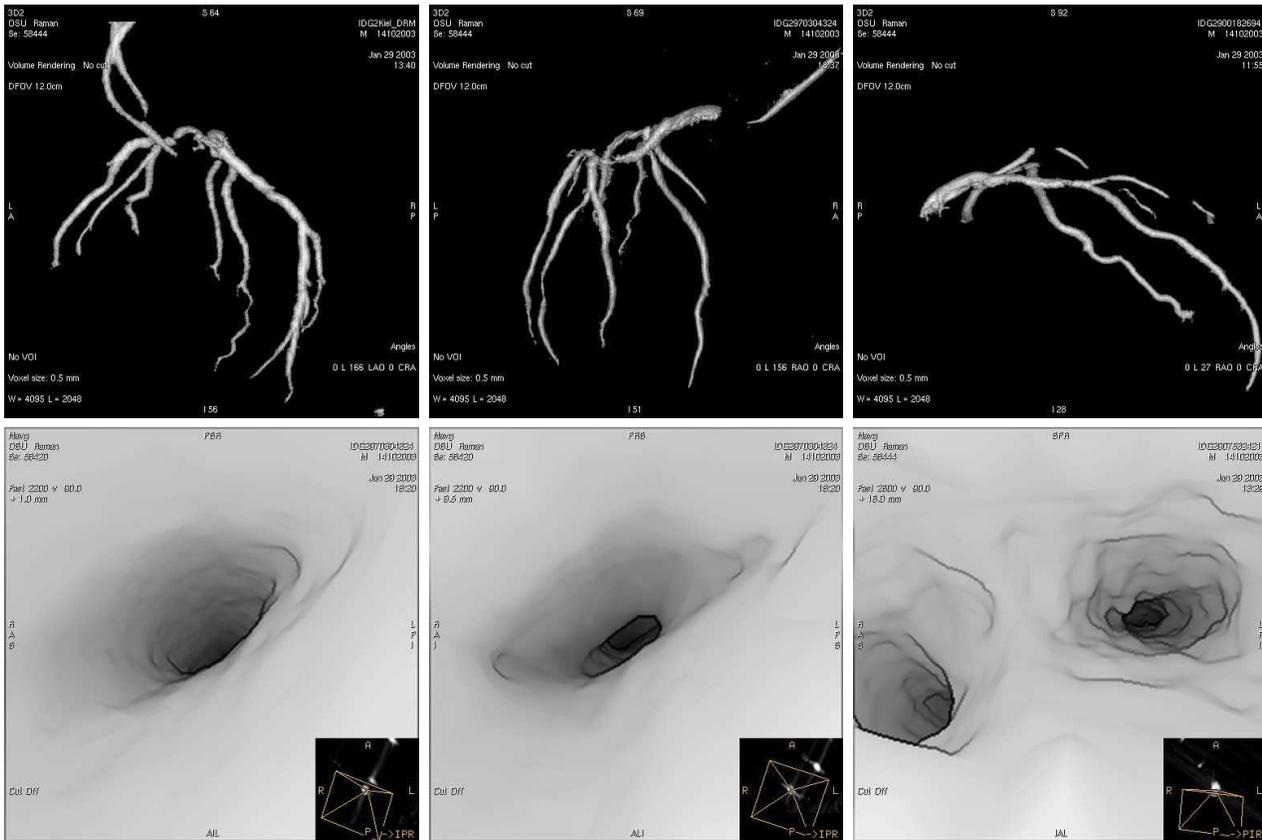


FIG. 5.17 – Différents modes de visualisation des reconstructions 3D tomographiques sur la plate-forme logicielle Volume Viewer. En haut : vues d'isosurfaces d'intensité calculées sur des reconstructions 3D tomographiques. Les isosurfaces permettent d'appréhender visuellement l'ensemble de la *géométrie* de l'arbre coronaire par l'aspect *segmenté* qu'elles procurent. En bas : vues endoluminales dans un vaisseau normal, au niveau d'une sténose et au niveau d'une bifurcation. Les vues endoluminales permettent de se déplacer virtuellement à l'intérieur d'un vaisseau et de bien visualiser le profil de section transversale.

5.4.2 Apport quantitatif

Du point de vue quantitatif, nous avons utilisé le logiciel d'aide au diagnostic AVA (**A**dvanced **V**essel **A**nalysis). Ce logiciel donne l'ensemble des caractéristiques du profil transversal d'une artère au long d'une abscisse curviligne sur sa ligne centrale. Ces caractéristiques sont données sous forme de diamètre moyen absolu, de diamètre minimum absolu, de variation de ces diamètres, ou encore d'aire de section.

Ces mesures permettraient de détecter des sténoses et d'évaluer leur sévérité réelle en 3D. La mesure absolue de la diminution de l'aire de section en 3D d'une sténose est une donnée capitale pour le choix thérapeutique que doit faire clinicien. Or, la routine clinique actuelle ne se base que sur des mesures relatives, en 2D. D'autre part, des formes de sténoses non circulaires, par exemple elliptiques, en étoile ou en croissant, pourraient devenir observables.

En conclusion de ce chapitre, nous présentons un essai de *quantification 3D* de sténose. La routine actuelle de quantification 2D simple donne des mesures de sévérité de sténose en termes de diminution relative des diamètres projetés dans les images. Ceci est une mesure très partielle de la réalité de la sténose. Dans la section 3.3, nous avons vu que la reconstruction 3D filaire des artères coronaires permet d'étendre la mesure précédente à une diminution absolue des diamètres projetés dans les images. Malgré tout, cette mesure est toujours effectuée à partir des projections et ne permet pas d'appréhender une sténose dans toute sa complexité, en particulier selon le profil de sa section transversale.

La figure 5.18 présente la quantification 3D d'une sténose au niveau d'une bifurcation. Celle-ci a été effectuée à l'aide du logiciel AVA que GEMS propose pour la quantification 3D de sténose sur des vaisseaux périphériques.



FIG. 5.18 – En haut : de gauche à droite, angiographie dédiée à la quantification 2D de la sténose repérée en jaune (selon un point de vue ne faisant pas partie de l'acquisition rotationnelle), vue MIP selon le même angle de la reconstruction 3D tomographique correspondante, et sélection dans le logiciel de quantification de la section d'artère d'intérêt par la définition de points de départ et d'arrivée. Au milieu : définition des trois localisations de coupes transversales dans les parties proximale, sténosée et distale. En bas, profils de sections transversales aux trois localisations de coupes. Les aires des sections mesurées sont respectivement de 4,4 millimètres carrés en partie proximale, 1,1 millimètres carrés en partie sténosée, et 4,1 millimètres carrés en partie distale. Nous avons donc une mesure 3D du degré de sévérité de la sténose.

Chapitre 6

Résultats : synthèse et discussion

Sommaire

6.1	Résultats complets pour des données acquises sur patient	192
6.1.1	Cas sain	192
6.1.1.1	Détection 2D	192
6.1.1.2	Reconstruction 3D des lignes centrales	192
6.1.1.3	Mouvement 4D et mouvements 3D	195
6.1.1.4	Reconstruction 3D tomographique	195
6.1.2	Cas pathologiques	196
6.1.2.1	Cas d'une sténose partielle	196
6.1.2.2	Cas d'une sténose complète	199
6.2	Synthèse des résultats	202
6.2.1	Protocole d'évaluation	202
6.2.2	Interprétation des résultats	203
6.3	Discussion	208
6.3.1	Taille des modèles	208
6.3.2	Temps d'exécution	208
6.3.3	Faisabilité	209
6.3.4	Qualité	209

Dans ce dernier chapitre de résultats, nous allons d'abord présenter l'application, à une séquence acquise sur un patient sain et à deux séquences montrant des cas pathologiques, de la chaîne algorithmique complète, de la détection des artères coronaires à la reconstruction 3D tomographique.

Par la suite, nous donnerons un tableau récapitulatif des résultats obtenus sur l'ensemble des données qui étaient à notre disposition.

Enfin, nous synthétiserons les résultats d'ensemble de notre chaîne algorithmique et discuterons de la taille des modèles mis en jeu, des temps de calcul nécessaires, de sa faisabilité, et de sa qualité.

6.1 Résultats complets pour des données acquises sur patient

6.1.1 Cas sain

À titre d'illustration, nous présentons les résultats obtenus par l'ensemble de la chaîne algorithmique pour une séquence acquise sur patient sain. Celle-ci a été sélectionnée pour sa qualité *a priori* :

- bonne injection du produit contraste dans l'ensemble de la séquence,
- bon centrage des artères coronaires dans l'ensemble de la séquence,
- absence de sutures,
- absence d'arythmie cardiaque,
- grande amplitude utile de rotation (environ 120°).

Nous disposons sur ce patient de 5 images de référence, acquises en télé-diastole, formant un intervalle de 109 images au total.

6.1.1.1 Détection 2D

La figure 6.1 présente les lignes centrales des artères coronaires extraites dans les 5 images de référence, par la méthode décrite dans le chapitre 2.

Les lignes centrales des artères coronaires sont correctement extraites, à l'exception des vaisseaux superposés à la colonne vertébrale dans la quatrième image de référence.

6.1.1.2 Reconstruction 3D des lignes centrales

La figure 6.2 montre la reconstruction 3D filaire des lignes centrales des artères coronaires obtenues à l'issue de l'étape d'appariement et de correction de la respiration que nous avons détaillée dans le chapitre 3.

Les lignes centrales reconstruites en 3D, avec compensation du mouvement respiratoire, représentent la quasi-totalité du réseau coronaire visible dans les images. Le cathéter apparaît dédoublé et quelques faux positifs apparaissent dans le modèle 3D de lignes centrales, mais les indices de confiance qui leur sont associés sont faibles.

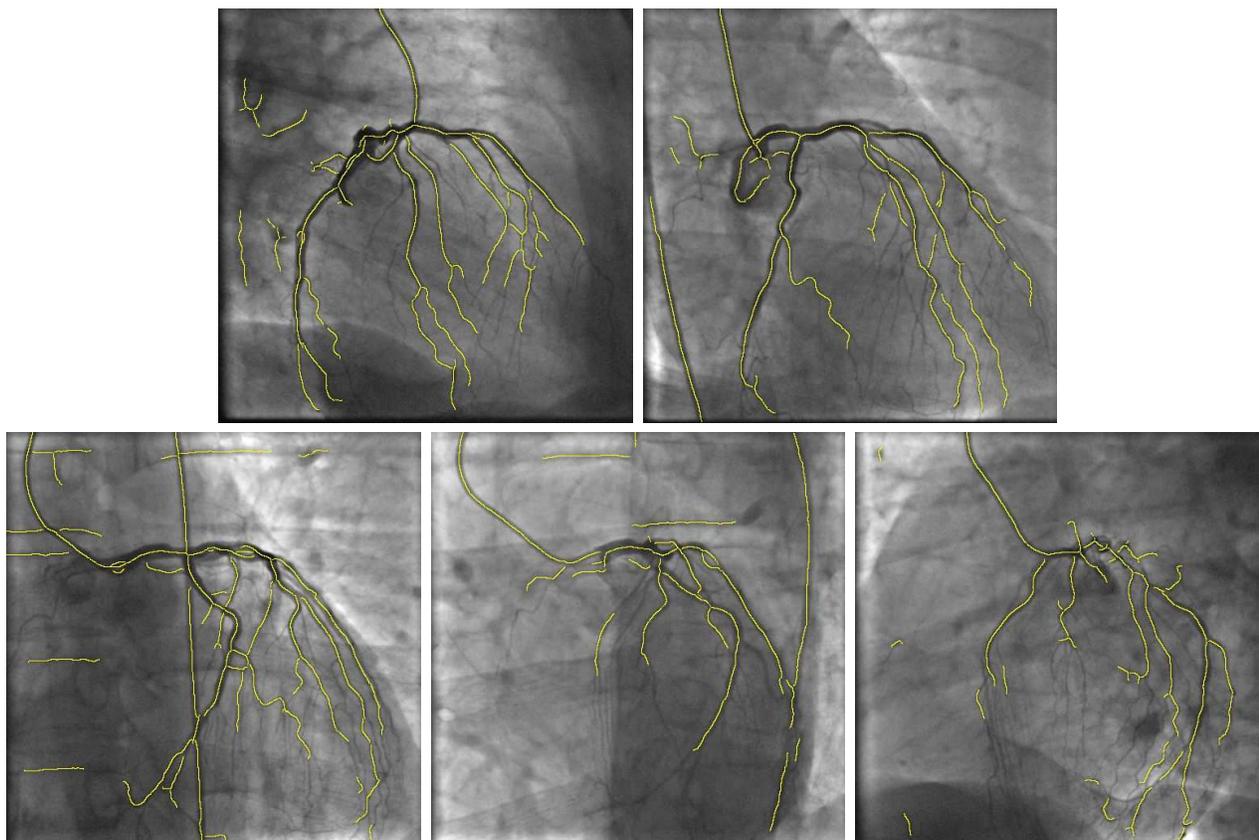


FIG. 6.1 – Résultats de l'étape d'extraction des lignes centrales des artères coronaires pour un patient sain. Les cinq angiogrammes présentent une très bonne qualité d'image, permettant une extraction correcte des lignes centrales des artères coronaires. Seul le quatrième angiogramme montre une qualité d'extraction des lignes centrales plus faible, en particulier du point de vue de la connexité des artères extraites. Cette difficulté est liée à la superposition du réseau coronaire à la colonne vertébrale.

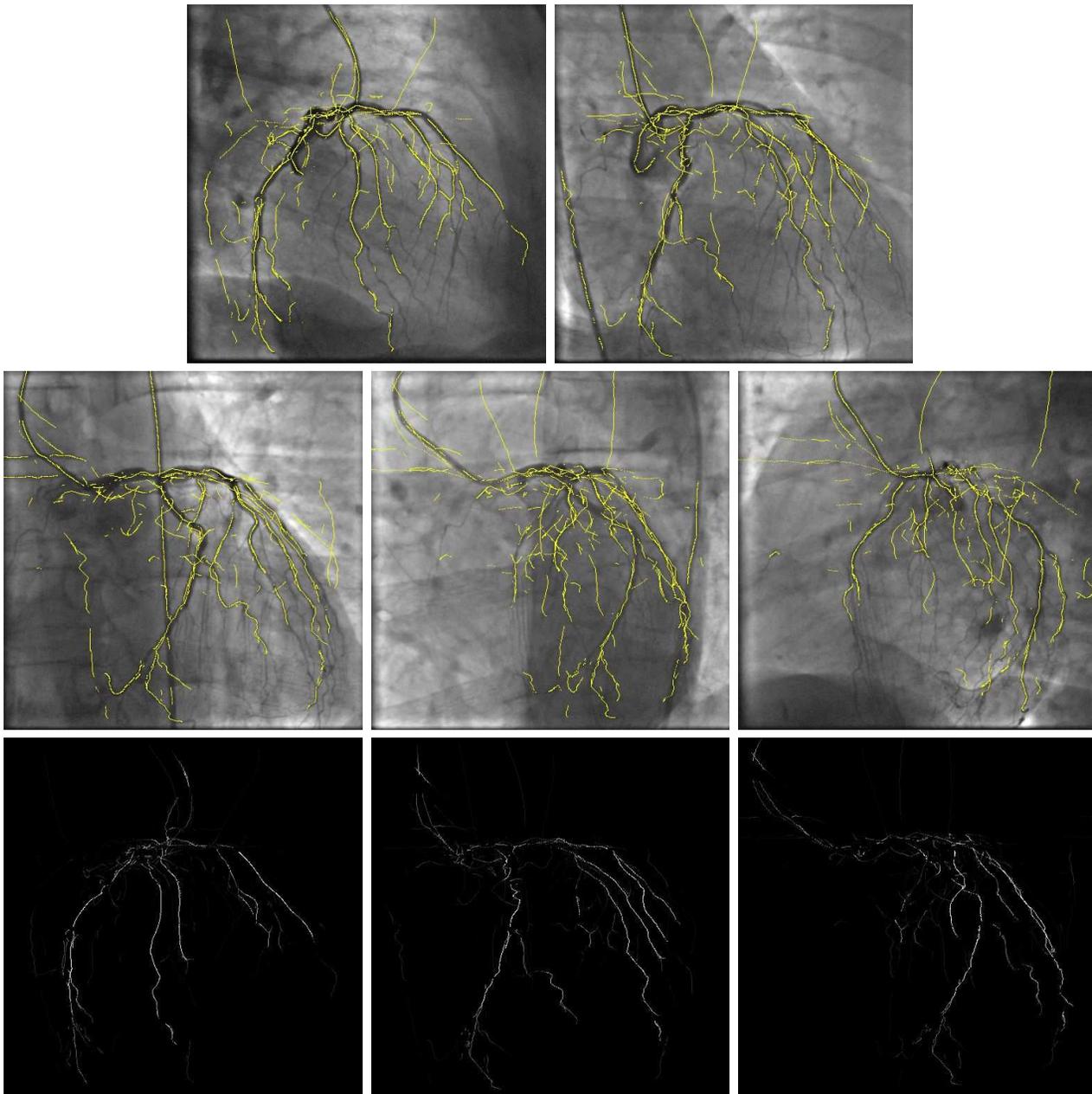


FIG. 6.2 – Résultats de l'étape de reconstruction 3D filaire des lignes centrales des artères coronaires pour un patient sain. Les vues de références ont été choisies en télé-diastole. L'angle entre deux vues de référence successives est d'environ 30° . Les deux premières lignes montrent la projection du modèle 3D reconstruit de lignes centrales dans les cinq angiogrammes de référence. La troisième ligne montre des projections de ce modèle où l'intensité des points est proportionnelle à leur pertinence. Cette pertinence est évaluée à partir de la redondance des points 3D dans l'ensemble des reconstructions obtenues après symétrisation de l'algorithme d'appariement. La reconstruction 3D obtenue modélise les vaisseaux les plus importants, ainsi que la plupart des branches secondaires. Toutefois, nous pouvons observer un dédoublement du cathéter.

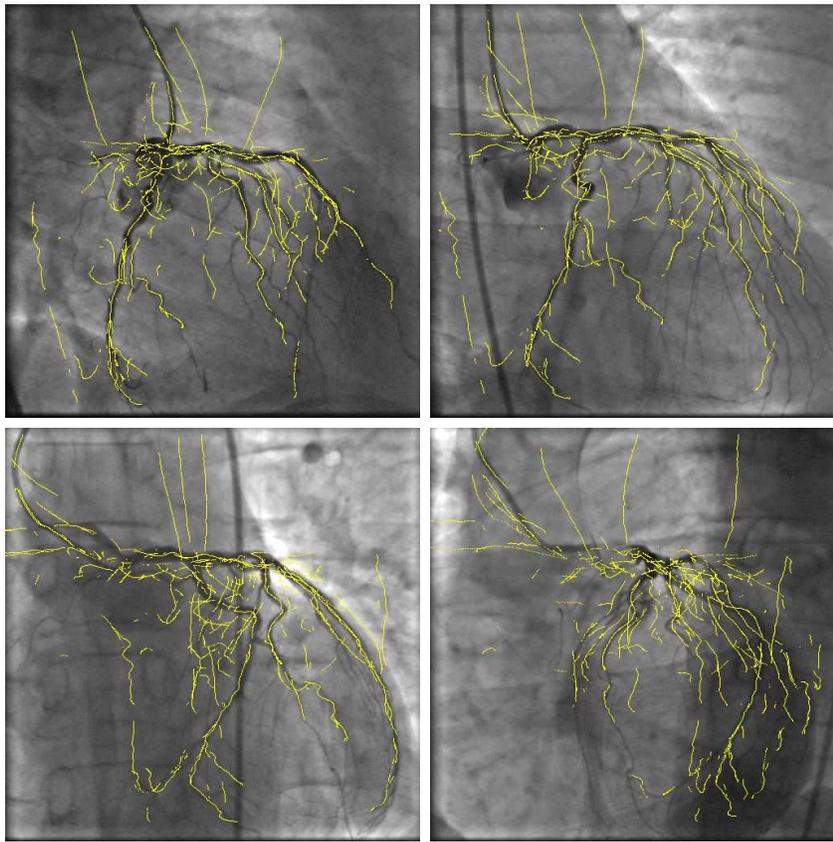


FIG. 6.3 – Résultats de l'étape de calcul du mouvement des artères coronaires pour un patient sain. Nous montrons la projection, dans quatre angiogrammes acquis à des instants cardiaques différents, intercalés entre les cinq angiogrammes de référence, du modèle 3D reconstruit de lignes centrales déformé par l'application du mouvement 4D et des mouvements 3D de raffinement image par image. La projection du mouvement dans les images indique que le mouvement a été évalué correctement au voisinage des artères coronaires, tout au long de la séquence angiographique.

6.1.1.3 Mouvement 4D et mouvements 3D

La figure 6.3 montre le résultat du calcul de mouvement, tel que nous l'avons présenté dans le chapitre 4.

Le mouvement 4D et les mouvements 3D de raffinement image par image modélisent correctement le mouvement des artères coronaires. La projection du modèle 3D de lignes centrales déformées est cohérente dans l'ensemble de la séquence. Toutefois, la projection du cathéter, dédoublé dans la reconstruction filaire, ne se fait pas toujours avec le même représentant.

6.1.1.4 Reconstruction 3D tomographique

La figure 6.4 montre des vues MIP selon les trois directions canoniques de la reconstruction 3D tomographique des artères coronaires obtenue par soustraction artificielle des



FIG. 6.4 – Reconstruction tomographique des artères coronaires pour un patient sain. Vues MIP dans les directions coronale, sagittale et axiale de la reconstruction tomographique 3D obtenue grâce à la compensation de mouvement et à la soustraction artificielle du fond. Cette reconstruction permet d’observer l’ensemble des artères coronaires, y compris des vaisseaux très fins. Néanmoins, les artères situées dans le plan axial, près du tronc coronaire, présentent un flou dans la reconstruction. Le cathéter apparaît dédoublé, comme dans le cas de la reconstruction 3D filaire.

angiogrammes et compensation du mouvement des artères coronaires.

La reconstruction 3D tomographique des artères coronaires est globalement de bonne qualité. Nous remarquons toutefois deux défauts :

- les parties proximales, près du tronc coronaire, apparaissent floues : elles sont situées dans le plan axial,
- le cathéter apparaît dédoublé : la reconstruction filaire présentait déjà ce défaut.

L’ensemble de la chaîne algorithmique appliqué à cette séquence angiographique rotationnelle a permis de produire des modélisations tridimensionnelles et temporelles de l’arbre coronaire observé dans les images. Ces modélisations sont globalement satisfaisantes.

6.1.2 Cas pathologiques

Nous travail visant essentiellement à la détection et à la quantification des sténoses, il est naturel de vérifier le comportement de nos algorithmes sur des cas pathologiques réels. Nous décrivons ici deux exemples sur des données acquises sur patients :

- un patient ayant une sténose partielle,
- un patient ayant une sténose complète.

6.1.2.1 Cas d’une sténose partielle

Du point de vue de l’image, la projection d’une sténose partielle est similaire à la projection d’un vaisseau de petit gabarit. Nos algorithmes étant basés sur une approche multi-échelle, nous nous attendons à ce que notre méthode se comporte correctement dans le cas d’une sténose partielle.

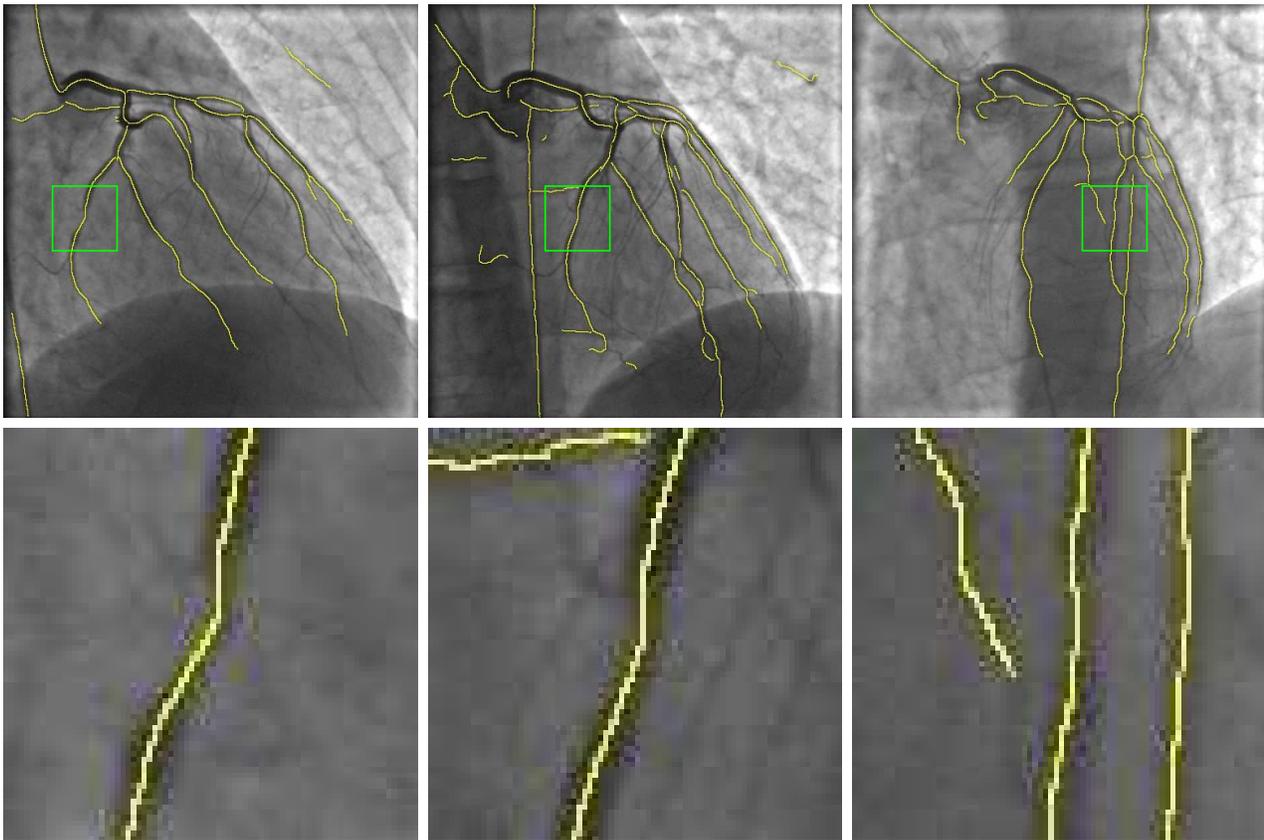


FIG. 6.5 – Détection des lignes centrales dans le cas d’une sténose partielle. En haut : lignes centrales extraites dans trois des angiogrammes de référence. En bas : agrandissement autour de la sténose (repérée en vert) des lignes centrales extraites. L’étape d’extraction des lignes centrales n’est pas perturbée par la présence d’une sténose partielle. Toutefois, celle-ci induit un décalage de la ligne centrale du vaisseau dû à l’asymétrie de la sténose.

6.1.2.1.1 Détection 2D La figure 6.5 montre le résultat de l’extraction des lignes centrales dans des angiogrammes de référence. L’étape d’extraction des lignes centrales n’est pas perturbée par la présence d’une sténose partielle.

6.1.2.1.2 Reconstruction 3D des lignes centrales La figure 6.6 montre la projection de la reconstruction 3D des lignes centrales dans des angiogrammes de référence. L’étape de reconstruction 3D des lignes centrales n’est pas perturbée par la présence d’une sténose partielle, car les lignes centrales ont été extraites dans tous les angiogrammes de référence.

6.1.2.1.3 Mouvement 4D et mouvements 3D La figure 6.7 montre le résultat de l’estimation du mouvement pour cette sténose partielle. Le mouvement est estimé de manière cohérente avec les images au niveau de la sténose. En effet, le modèle 3D des lignes centrales contient la ligne centrale de la sténose et celle-ci est visible dans l’ensemble des images cibles.

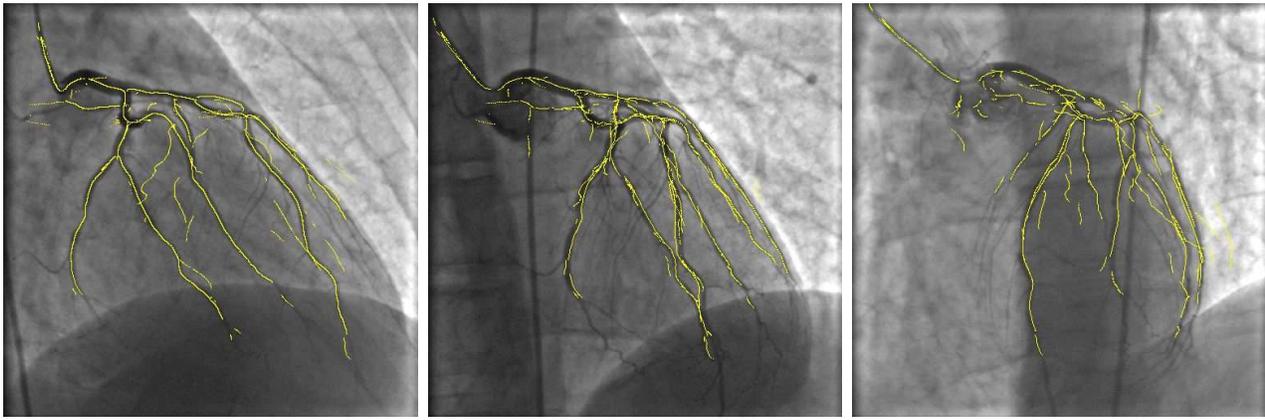


FIG. 6.6 – Reconstruction filaire des lignes centrales dans le cas d’une sténose partielle. Projection dans trois des angiogrammes de référence du modèle 3D des lignes centrales. L’étape de reconstruction 3D des lignes centrales n’est pas perturbée par la présence d’une sténose partielle.

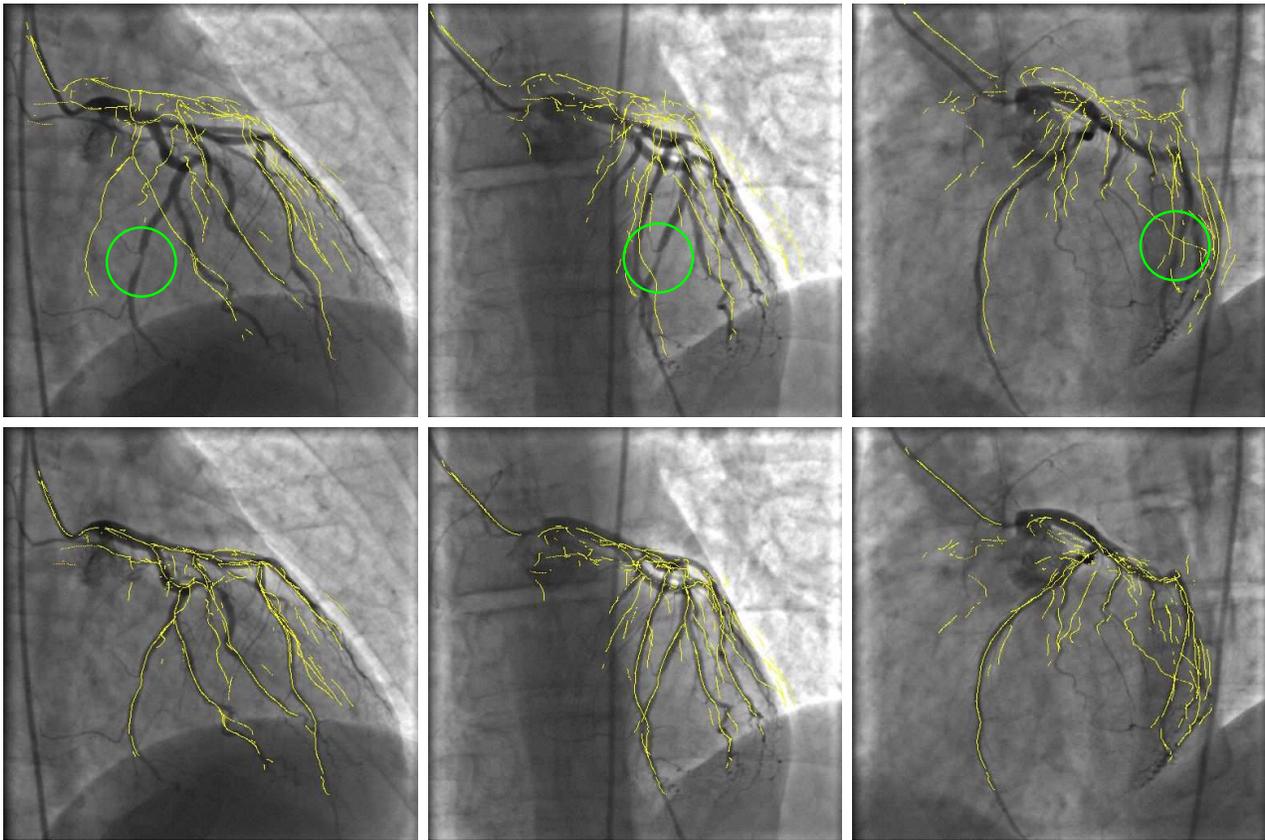


FIG. 6.7 – Estimation du mouvement dans le cas d’une sténose partielle. Lignes centrales reconstruites projetées dans trois angiogrammes, acquis à des instants différents de l’instant de référence, avant (en haut) et après (en bas) application du mouvement 4D. La sténose est repérée en vert. L’étape de mouvement 4D n’est pas perturbée par la présence d’une sténose partielle.

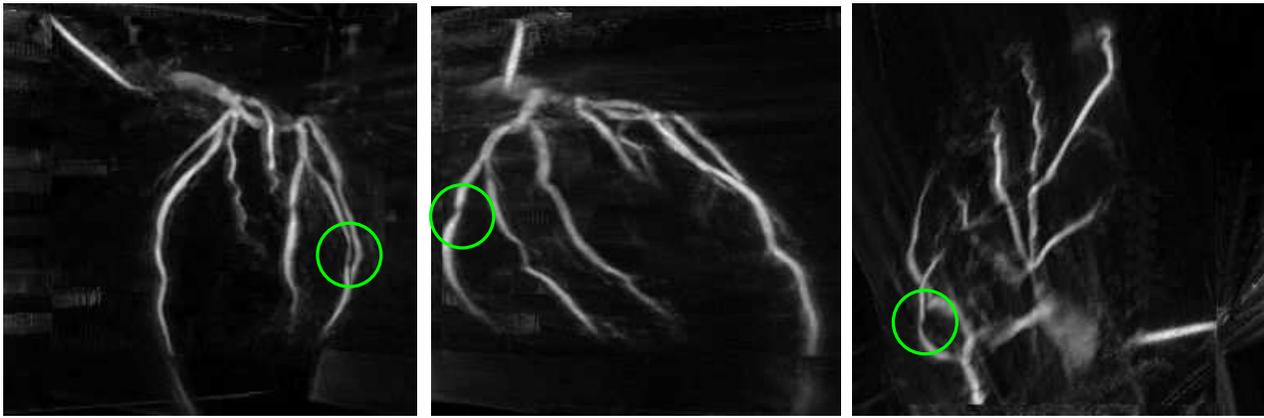


FIG. 6.8 – Reconstruction tomographique dans le cas d’une sténose partielle. Vues MIP selon les directions coronale, sagittale, et axiale de la reconstruction tomographique. La sténose est repérée en vert et apparaît clairement dans la reconstruction.

6.1.2.1.4 Reconstruction 3D tomographique La figure 6.8 montre la reconstruction tomographique obtenue après compensation du mouvement cardiaque.

Comme nous avons pu le prédire, la présence d’une sténose partielle ne semble pas perturber notre chaîne algorithmique. L’approche multi-échelle que nous avons utilisée et la visibilité de la sténose dans l’ensemble des images expliquent ces résultats.

6.1.2.2 Cas d’une sténose complète

Dans le cas d’une sténose complète, une portion entière de vaisseau n’apparaît pas dans la séquence d’images. Il semble donc naturel que notre méthode ait d’importantes difficultés dans ce cas précis.

6.1.2.2.1 Détection 2D La figure 6.9 montre le résultat de l’extraction des lignes centrales dans des angiogrammes de référence. Bien entendu, l’étape d’extraction des lignes centrales est fortement perturbée par la présence d’une sténose complète.

6.1.2.2.2 Reconstruction 3D des lignes centrales La figure 6.10 montre la projection de la reconstruction 3D des lignes centrales dans des angiogrammes de référence. L’étape de reconstruction 3D des lignes centrales est perturbée par la présence d’une sténose complète, car la ligne centrale au niveau de la sténose n’a été correctement extraite dans aucun des angiogrammes de référence.

6.1.2.2.3 Mouvement 4D et mouvements 3D La figure 6.11 montre le résultat de l’estimation du mouvement dans le cas de cette sténose complète. Le mouvement est estimé de manière cohérente avec les images au voisinage de la sténose. En effet, le modèle 3D des lignes centrales contient la ligne centrale du vaisseau en amont et en aval de la sténose. Le

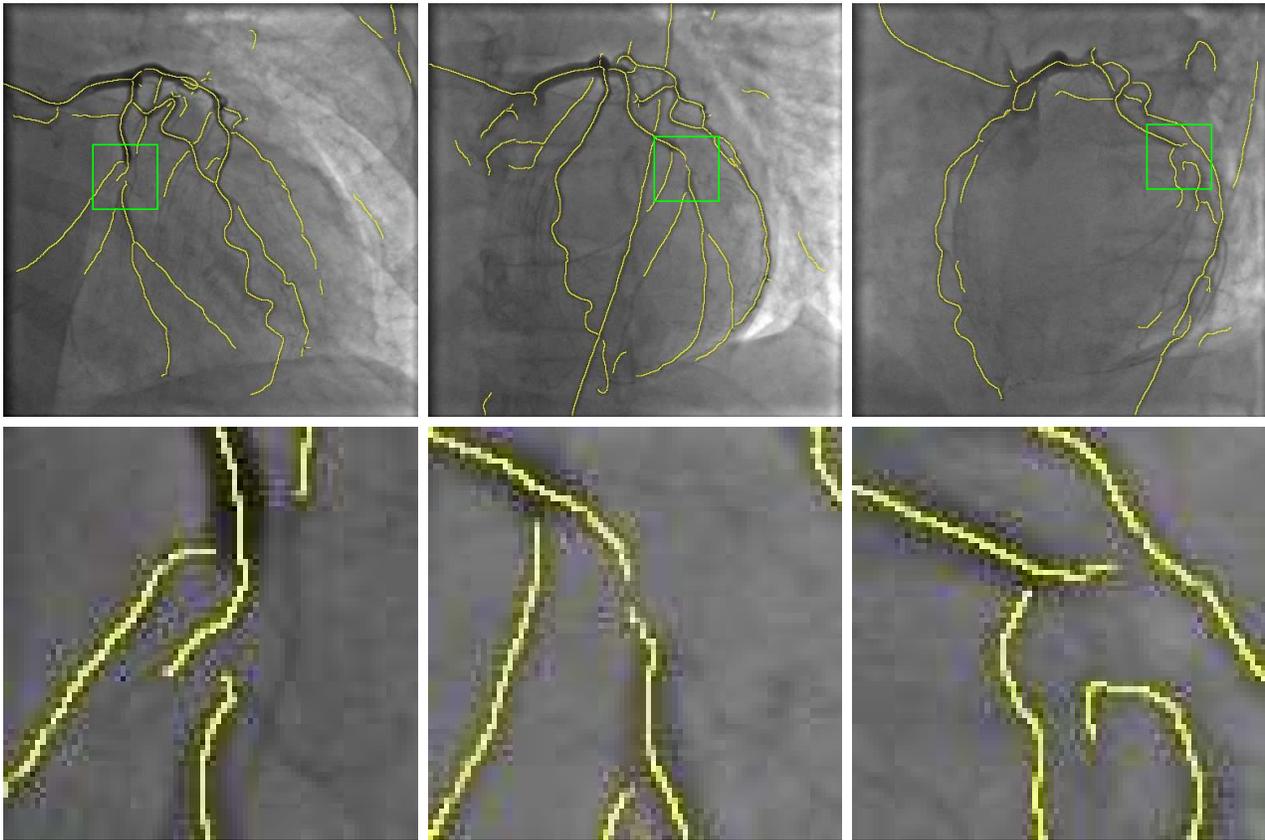


FIG. 6.9 – Détection des lignes centrales dans le cas d'une sténose complète. En haut : lignes centrales extraites dans trois des angiogrammes de référence. En bas : agrandissement autour de la sténose des lignes centrales extraites (en vert). L'étape d'extraction des lignes centrales est fortement perturbée par la présence d'une sténose complète. Dans certaines images seulement, le mince filet sanguin résiduel peut être détecté.

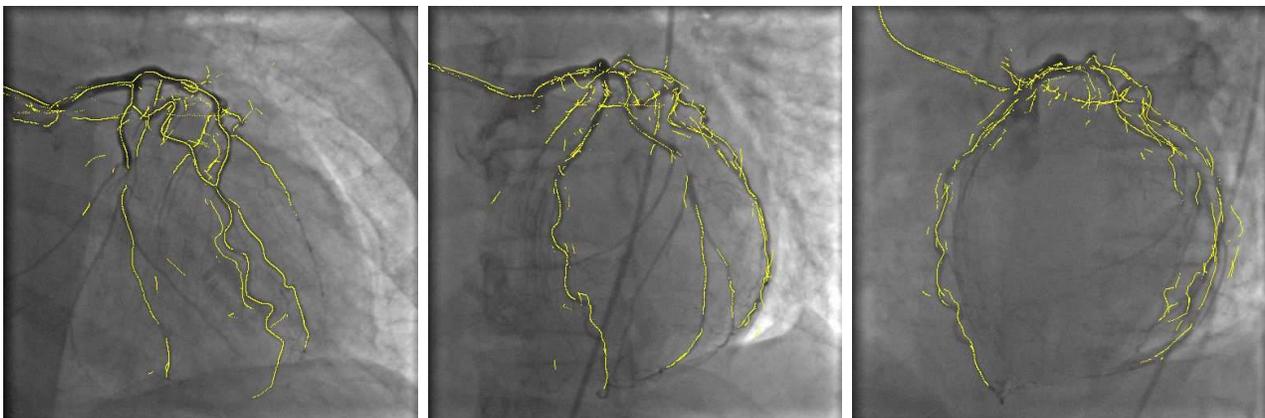


FIG. 6.10 – Reconstruction filaire des lignes centrales dans le cas d'une sténose complète. Projection dans trois des angiogrammes de référence du modèle 3D des lignes centrales. L'étape de reconstruction 3D des lignes centrales ne permet pas de reconstruire la portion de vaisseau correspondant à la sténose complète.

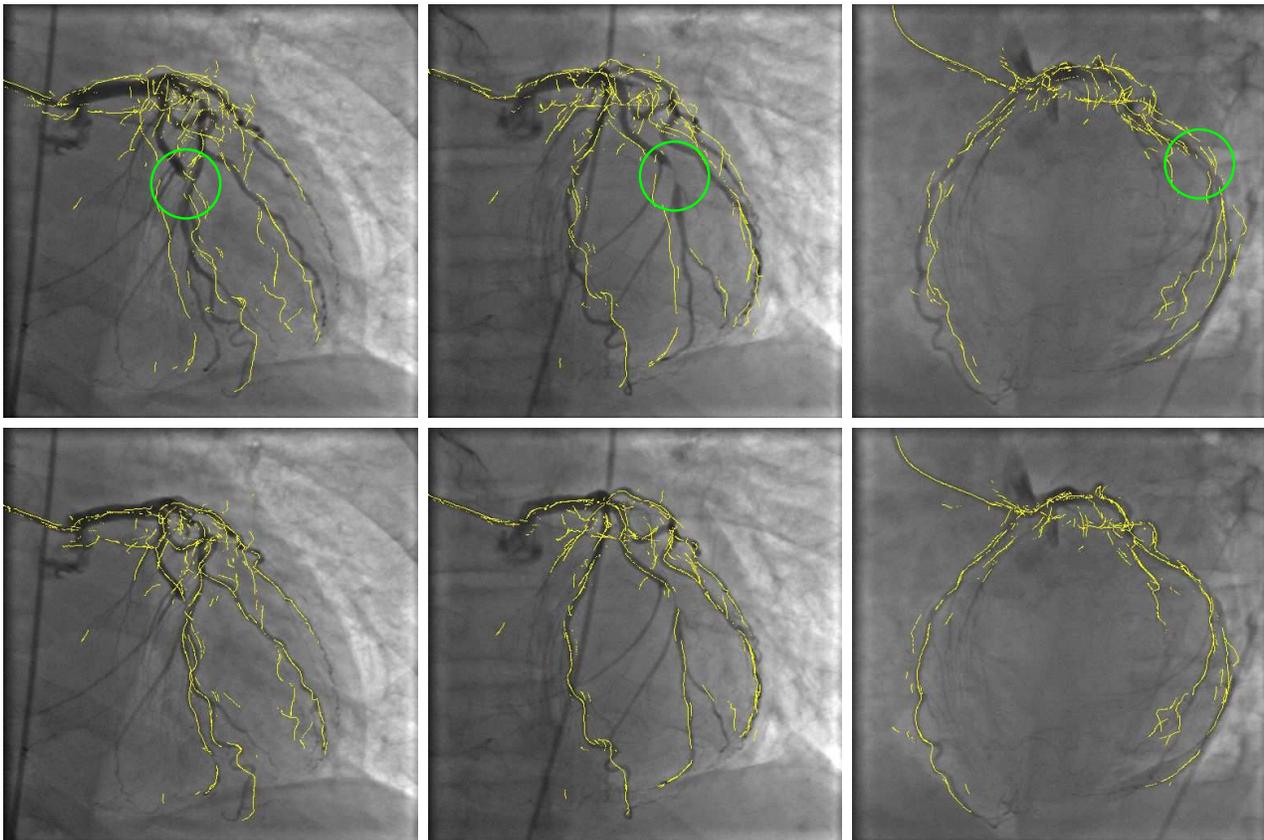


FIG. 6.11 – Estimation du mouvement dans le cas d’une sténose complète. Lignes centrales reconstruites projetées dans trois angiogrammes, acquis à des instants différents de l’instant de référence, avant (en haut) et après (en bas) application du mouvement 4D. La sténose est repérée en vert. L’étape de mouvement 4D n’est pas perturbée par la présence d’une sténose complète, grâce à sa régularité spatiale.

mouvement semble donc correctement estimé au voisinage de la sténose, en particulier grâce à sa régularité spatiale.

6.1.2.2.4 Reconstruction 3D tomographique La figure 6.12 montre la reconstruction tomographique obtenue après compensation du mouvement cardiaque.

La présence d’une sténose complète impacte de manière importante la qualité des étapes de détection 2D et de reconstruction 3D des lignes centrales. Toutefois, la reconstruction de la ligne centrale en amont et en aval de la sténose et l’utilisation d’un mouvement régulier en espace permet d’obtenir une estimation du mouvement suffisante pour parvenir à une reconstruction tomographique cohérente avec les images.

Nous avons présenté les résultats obtenus pour trois séquences spécifiques, nous allons maintenant donner une vue globale des résultats obtenus sur l’ensemble de notre base de données.

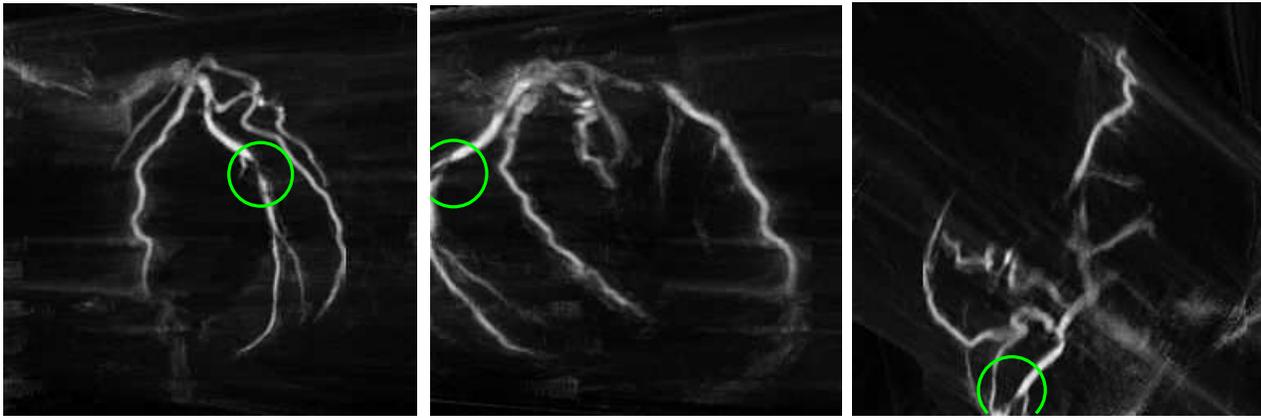


FIG. 6.12 – Reconstruction tomographique dans le cas d’une sténose complète. Vues MIP selon les directions coronale, sagittale, et axiale de la reconstruction tomographique. La sténose est repérée en vert et apparaît clairement dans la reconstruction.

6.2 Synthèse des résultats

6.2.1 Protocole d’évaluation

La finalité de notre travail de thèse était la définition d’algorithmes de modélisation tridimensionnelle et temporelle des artères coronaires. Nous visions dans un premier temps des résultats *qualitativement* satisfaisants. L’étape d’évaluation des résultats et de validation dépasse le cadre de ce travail et fera prochainement l’objet d’une étude clinique, autour du prototype décrit dans la section 3.3 page 125 et de ses futures extensions.

Nous avons néanmoins jugé, sur des critères visuels qualitatifs, les résultats obtenus sur l’ensemble des séquences angiographiques dont nous disposons, qu’elles proviennent de fantômes ou de patients. Cette base de données a été décrite dans le paragraphe 1.3.2.1.2 page 48. Parmi les séquences acquises sur patient, nous rappelons que nous n’avions retenu que celles qui présentaient une qualité bonne ou moyenne, soit 16 séquences sur 22.

Nos critères d’évaluation sur les différentes étapes étaient les suivants :

- extraction 2D :
 - proportion entre lignes centrales de vaisseaux correctement extraites et faux positifs (structures du fond détectées par erreur),
 - proportion entre lignes centrales de vaisseaux correctement extraites et faux négatifs (lignes centrales d’artères non détectées).
- reconstruction 3D filaire :
 - proportion entre vaisseaux correctement reconstruits et faux positifs,
 - proportion entre vaisseaux correctement reconstruits et faux négatifs,
 - connexité des branches reconstruites,
 - superposition des vaisseaux reconstruits dans les images de référence.
- mouvement 4D et mouvements 3D de raffinement :
 - superposition des vaisseaux déformés et projetés dans la séquence.
- reconstruction 3D tomographique :

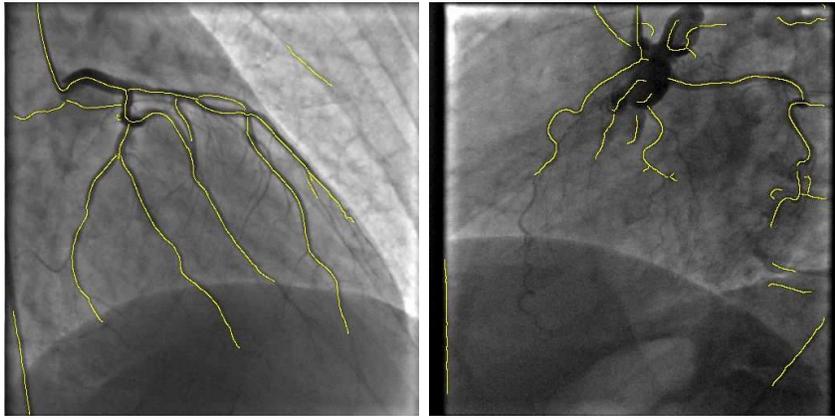


FIG. 6.13 – Niveaux de qualité de l'extraction des lignes centrales. De gauche à droite : exemples d'extractions de lignes centrales des artères coronaires jugées respectivement bonne et mauvaise.

- contraste des branches artérielles reconstruites,
- présence de flou étendu dans le plan axial,
- présence de flou local au voisinage des artères.

Notre protocole d'évaluation étant assez frustré, nous avons simplement défini trois niveaux de qualité : *bon*, *moyen*, et *mauvais*. Les figures 6.13, 6.14, 6.15, et 6.16 présentent des exemples typiques des niveaux jugés *bons* et *mauvais* pour chacune des quatre étapes évaluées.

Nous présentons dans la figure 6.17 un tableau synthétique des résultats obtenus sur l'ensemble des séquences retenues. La partie haute du tableau traite des séquences acquises sur fantômes, la partie intermédiaire traite des séquences acquises sur patient jugées comme *a priori* favorables, et la partie basse traite des séquences acquises sur patient jugées comme *a priori* délicates, présentant certains défauts, explicités dans la colonne *Commentaires*.

6.2.2 Interprétation des résultats

Les résultats obtenus pour les séquences acquises sur fantômes sont bons, mais trop peu représentatifs, nous nous focalisons donc sur les séquences acquises sur patients.

Nous faisons les observations suivantes à partir du tableau récapitulatif :

- l'étape d'extraction des lignes centrales ne donne de résultat dégradé que dans 1 cas sur 16,
- l'étape de reconstruction filaire produit des résultats dégradés dans 6 cas sur les 15 cas où l'extraction des lignes centrales était jugée bonne,
- l'étape de mouvement a échoué dans 2 cas sur les 9 cas où la reconstruction filaire était jugée bonne ou moyenne,
- l'étape de reconstruction tomographique a réussi dans les 7 cas où le mouvement était jugé de bonne qualité.

Par ailleurs, il est intéressant de constater que la séquence présentant le défaut de type

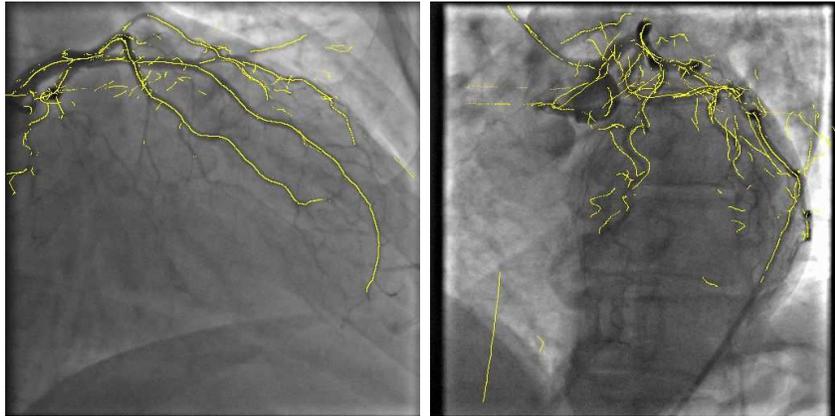


FIG. 6.14 – Niveaux de qualité de la reconstruction filaire. De gauche à droite : exemples de projection dans une image de référence de reconstructions filaires jugées respectivement bonne et mauvaise du point de vue de la projection dans les images de référence et de la connexité des branches reconstruites.

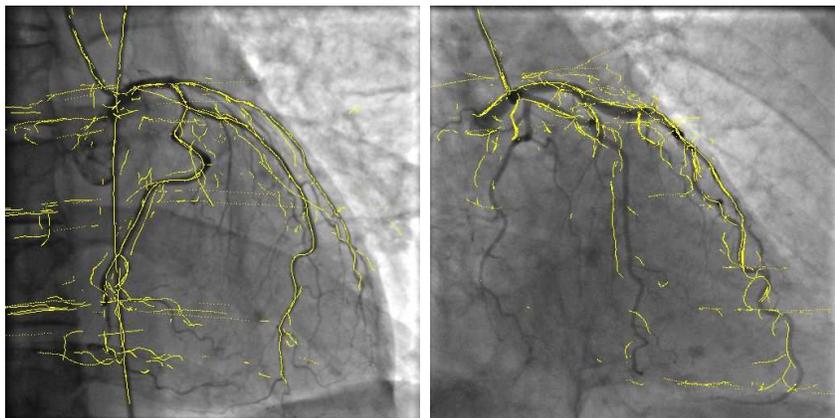


FIG. 6.15 – Niveaux de qualité du mouvement. De gauche à droite : exemples de projection dans une image intermédiaire des lignes centrales déformées par des mouvements jugés respectivement bon et mauvais du point de vue de la superposition aux artères dans les images, après application du mouvement.

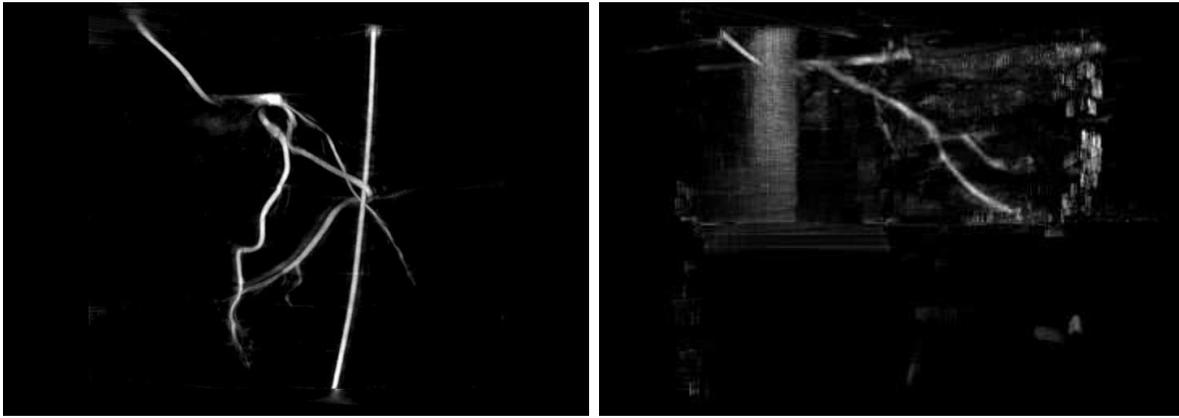


FIG. 6.16 – Niveaux de qualité de la reconstruction tomographique. De gauche à droite : exemples de projection MIP de reconstructions tomographiques jugées respectivement bonne et mauvaise du point de vue du nombre et du contraste des branches reconstruites.

arythmie donne de bons résultats, en particulier grâce la modélisation 4D du mouvement qui permet de s'affranchir de la contrainte de périodicité (à titre indicatif, le nombre d'indices séparant les images de référence sont successivement : 13, 14, 18, 14, et 12). Le cas de ce patient n'aurait absolument pas pu être traité par notre modélisation 3D du mouvement.

Nous avons caractérisé *a posteriori* les raisons des défauts constatés précédemment :

- l'étape d'extraction des lignes centrales des artères coronaires a échoué à cause de la faiblesse du contraste sur un grand intervalle d'images, peut-être liée à la corpulence du patient,
- l'étape de reconstruction filaire a échoué essentiellement à cause de légères désynchronisations entre instants de référence,
- l'étape de détermination du mouvement a échoué, dans le premier cas, à cause de la tortuosité des artères coronaires et, dans le autre second cas, à cause d'un trop grande accélération se produisant immédiatement après l'instant de référence (dans le premier cas, le mouvement est trop régularisé spatialement et, dans le second cas, trop régularisé temporellement),
- l'étape de reconstruction tomographique donne systématiquement de bons résultats si le mouvement a été correctement évalué, il serait néanmoins pertinent d'analyser l'effet de la fréquence cardiaque dans la qualité des reconstructions, ce paramètre ayant une influence majeure pour la reconstruction par scanner CT.

Une synthèse chiffrée du tableau récapitulatif donne les constatations suivantes :

- sur les séquences jugées *a priori* favorables, le taux de réussite, en terme de satisfaction visuelle, est de 60% si l'on considère les bons résultats et de 80% si l'on considère aussi les résultats moyens,
- sur les séquences jugées *a priori* délicates, le taux de réussite, en terme de satisfaction visuelle, est de 16% si l'on considère les bons résultats et de 50% si l'on considère aussi les résultats moyens.

Identifiant	Commentaires	Segmentation			Appariement		Mouvement		Tomographie	
Fantome synthétique		Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
Fantome physique		Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
S15		Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
900182694		Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
900258090		Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
900595981		Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
900714119		Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
906159374		Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
907532421		Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
970304324		Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
970306127		Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
Kiel		Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
906067689	Sutures / Centrage	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
906173498	Centrage / Contraste	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
906283343	Centrage	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
907385659	Centrage	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
907601700	Arythmie	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon
907604405	Centrage	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon	Bon

FIG. 6.17 – Synthèse des résultats. Pour les séquences sur fantômes (en haut), pour les séquences favorables sur patient (au milieu), et pour les séquences délicates sur patient (en bas), ce tableau résume la qualité des résultats obtenus sur l'ensemble des étapes de notre chaîne algorithmique. Les étapes où les résultats se dégradent sont indiquées par des flèches rouges.

Comme nous l'avons fait remarquer dans le paragraphe 1.3.2.1.2 page 48, nous pouvons vraisemblablement compter sur des données cliniques de bonne qualité dans la grande majorité des cas, dès lors que le praticien est coutumier du mode d'acquisition rotationnelle. Il nous semble donc sensé de retenir les taux de succès enregistrés sur les jeux de données jugés favorables, voire même d'attendre une amélioration d'ensemble des données issues d'examen pratiqués sur patient en routine clinique.

Nous tirons de ce tableau récapitulatif les conclusions générales suivantes :

- l'enchaînement des étapes de modélisation étant purement séquentiel, une fois un des modèles dégradé, les modélisations suivantes ne peuvent pas compenser son défaut,
- les défauts que nous avons identifiés *a priori* dans les séquences dégradent effectivement les différentes étapes de la chaîne algorithmique (en particulier la reconstruction 3D filaire des lignes centrales et le mouvement 4D des artères coronaires),
- l'étape la plus délicate est la reconstruction 3D filaire des lignes centrales.

Le fait que la difficulté principale ait lieu pour la reconstruction 3D filaire des lignes centrales est logique :

- parmi toutes les étapes, elle est celle qui fait le plus d'hypothèses, certaines d'entre elles pouvant être discutées (paragraphe 3.2.3.7 page 124),
- les résultats de cette étape reposent sur un faible nombre d'images (en comparaison des étapes de mouvement et de reconstruction tomographique), elle est donc plus sensible aux données, en particulier à la détermination des angiogrammes synchrones,
- l'appariement automatique de lignes centrales extraites à partir de données bruitées est connu pour être un problème délicat.

L'étape de reconstruction 3D filaire étant la plus délicate de l'ensemble de notre méthode, les perspectives d'amélioration présentées dans le chapitre 7 seront essentiellement dédiées à cette étape.

En conclusion, il y a une évidente corrélation entre qualité des images originales et qualité des reconstructions 3D tomographiques finales. L'utilisation d'un système d'acquisition performant et la définition et le respect d'un protocole clinique précis sont des conditions nécessaires à l'obtention de modélisations de bonne qualité. Nous entendons par *protocole clinique précis*, les propriétés suivantes sur la séquence rotationnelle d'angiographies par rayons X :

- la synchronisation du remplissage de l'ensemble des vaisseaux par le produit de contraste avec le début de la rotation du système d'acquisition,
- la persistance du remplissage de l'ensemble des vaisseaux par le produit de contraste jusqu'à la fin de la rotation du système d'acquisition,
- le centrage des artères coronaires tout au long de la séquence angiographique,
- l'utilisation d'une amplitude de rotation la plus grande possible.

Bien entendu, la satisfaction des normes de sécurité associées à l'examen, en terme de durée d'exposition aux rayons X et de quantité de produit de contraste injecté, est prioritaire devant la satisfaction de nos critères qualitatifs. Toute la difficulté de la tâche du clinicien

est donc de respecter au maximum les critères pour la qualité des images, tout en étant strictement contraint par la sécurité de l'examen pour le patient.

6.3 Discussion

6.3.1 Taille des modèles

Les modèles que nous avons décrits tout au long de ce manuscrit sont complexes et dépendent d'un nombre important de paramètres.

Pour une séquence typique de 100 images ré-échantillonnées en résolution 512^2 , donnant 5 angiogrammes de référence, nous obtenons les valeurs typiques suivantes :

- les lignes centrales extraites représentent 3 000 à 5 000 points 2D par image de référence,
- la reconstruction 3D filaire des lignes centrales à partir de 5 angiogrammes de référence représente entre 30 000 et 50 000 points 3D après symétrisation, entre 20 000 et 30 000 points 3D après exclusion *a posteriori* des faux appariements, et entre 8 000 et 15 000 points 3D après fusion des reconstructions,
- le mouvement 4D des artères coronaires représente entre 20 000 et 30 000 paramètres, les 100 mouvements 3D de raffinement dépendent chacun de 2 000 à 3 000 paramètres,
- la reconstruction 3D tomographique représente plus de 16 000 000 paramètres en résolution 256^3 .

Il semble difficile de diminuer le nombre de paramètres utilisés pour décrire ces modèles :

- la complexité géométrique et dynamique des artères coronaires est importante,
- la variabilité inter-patient des caractéristiques anatomiques et dynamiques des artères coronaires est très grande.

6.3.2 Temps d'exécution

Comme on peut l'imaginer à partir des valeurs typiques de nombre de paramètres donnés précédemment, les temps de calcul nécessaires à la détermination de ces paramètres sont importants.

L'emploi de ressources parallèles importantes, décrites dans l'annexe C, permet de diminuer considérablement les temps de calcul, pour les étapes de calcul de mouvement 4D, de mouvements 3D de raffinement et de reconstruction 3D tomographique.

Pour une séquence typique de 100 images ré-échantillonnées en résolution 512^2 , donnant 5 angiogrammes de référence, sur une machine utilisant un processeur Pentium 4 à 2,4 GHz, les temps typiques d'exécution des étapes séquentielles sont :

- filtrage de la séquence complète : 1 minute,
- extraction des lignes centrales dans les angiogrammes de référence : 5 secondes,
- reconstruction 3D filaire avec compensation de la respiration :
 - 10 à 50 minutes avec la méthode d'ajustement de faisceau,
 - 1 minute avec la méthode des intégrales horizontales, décrite dans le paragraphe 3.1.3.2 page 92.

Ces trois étapes auraient pu être parallélisées, mais ne l'ont pas été car elles ne constituaient pas les goulets d'étranglement de la chaîne algorithmique.

Sur un ensemble de 4 machines utilisant 2 processeurs Xeon à 2 GHz, les temps typiques d'exécution des étapes parallélisées sont :

- mouvement 4D : 15 à 30 minutes,
- ensemble des 100 mouvements 3D de raffinement : 10 à 20 minutes,
- reconstruction 3D tomographique avec une résolution de 256^3 voxels, avec 2 itérations de l'algorithme ART : 1 heure.

Si le temps de reconstruction 3D tomographique semble long comparé aux durées habituelles en tomographie, c'est que plus de 90% du temps de reconstruction est consacré à appliquer les mouvements 4D et 3D aux voxels.

Le temps de calcul acceptable en routine clinique n'excède pas 2 minutes. À titre de comparaison, le total typique d'exécution de l'ensemble de notre chaîne algorithmique est de 2 heures.

Du point de vue du temps de calcul, en l'état actuel des choses, seules les étapes d'extraction des lignes centrales des artères coronaires et de reconstruction 3D filaire sont directement exploitables dans un environnement clinique. Cependant, nous avons vu dans la section 3.3 page 125 que la valeur ajoutée clinique de la reconstruction 3D filaire est déjà très importante en comparaison avec la routine clinique actuelle.

Nous verrons dans le chapitre suivant les différentes voies envisageables pour une réduction importante du temps d'exécution, qui rendrait possible l'introduction du calcul du mouvement et de la reconstruction tomographique en routine clinique.

6.3.3 Faisabilité

La faisabilité de la modélisation tridimensionnelle et temporelle des artères coronaires à partir d'une unique acquisition rotationnelle d'angiographie rayons X a été montrée tout au long de ce manuscrit. Cette faisabilité est fortement tributaire de la qualité des données angiographiques initiales.

Si nous voulons que nos méthodes soient utilisées en routine clinique, les taux de succès de l'ensemble de la méthode devront être sensiblement améliorés : alors que nous obtenons actuellement 60% de taux de réussite sur des données de bonne qualité, il nous faudra atteindre un taux de réussite de 90% pour gagner la confiance des praticiens.

6.3.4 Qualité

La qualité d'ensemble des résultats présentés est satisfaisante du point de vue des modélisations utilisées. Néanmoins, une limitation de notre méthode apparaît dans les recons-

tructions 3D tomographiques au niveau des structures artérielles qui sont parallèles au plan d'acquisition. Cette limitation est intrinsèque à la géométrie conique de l'acquisition et à la trajectoire planaire employée. Celles-ci sont parfois floues dans les reconstructions 3D tomographiques.

Ce défaut s'explique par l'anisotropie des incertitudes associées à nos méthodes de reconstruction 3D filaire et de calcul de mouvement. Pour ces deux modèles, l'incertitude dans le plan axial est plus grande que la direction normale à ce plan. Cette incertitude anisotrope sur les données se retrouve logiquement dans les modélisations qui en sont déduites.

Dans le chapitre suivant, nous concluons sur l'ensemble de notre travail et proposons plusieurs solutions méthodologiques et pratiques aux problèmes qualitatifs rencontrés.

Chapitre 7

Conclusions et perspectives

Sommaire

7.1	Conclusions	211
7.2	Perspectives	212
7.2.1	Améliorations	212
7.2.1.1	Temps d'exécution	213
7.2.1.2	Qualité des résultats	213
7.2.2	Interaction avec d'autres problématiques en imagerie médicale	216
7.2.3	Application clinique	216

7.1 Conclusions

Nous avons proposé un ensemble de modélisations 3D et 3D+t des artères coronaires à partir d'une séquence rotationnelle de projections rayons X.

Nous avons décrit et mis en œuvre des méthodes originales dans les domaines suivants :

- reconstruction 3D filaire multi-oculaire à partir de lignes centrales extraites automatiquement, avec ajustement de faisceau [Blondel et al., 2002b],
- détermination de mouvement 4D à partir d'images 2D [Blondel et al., 2003a],
- reconstruction 3D tomographique avec soustraction artificielle et compensation de mouvement [Blondel et al., 2003b; Blondel et al., 2003c].

Ces méthodes permettent, en particulier, de rendre compte du mouvement respiratoire et du battement cardiaque et de construire des modèles qui compensent ces mouvements.

Ces algorithmes forment un tout cohérent qui mène de la séquence d'images angiographiques à un modèle *complet* de l'anatomie et du mouvement des artères coronaires [Blondel et al., 2004].

Ces méthodes ont permis la proposition de nouveaux outils d'aide au diagnostic des pathologies coronariennes par angiographie par rayons X. Nous récapitulons les différentes applications envisagées à partir de nos méthodes :

- à partir de la reconstruction 3D filaire :
 - la quantification 2D multi-vues pour une évaluation de la sévérité des sténoses automatique et plus robuste à l'orientation du point de vue,
 - le calcul du facteur de calibration à partir de la position 3D de l'objet étudié, pour une évaluation précise du diamètre absolu d'une artère ou d'une lésion,
 - le calcul de l'orientation optimale à utiliser pour l'observation d'une artère d'intérêt en minimisant son raccourcissement par projection,
- à partir du mouvement 4D :
 - la détection de zones présentant un mouvement trop peu ample, ou anormal,
 - l'affichage stabilisé, centré et agrandi autour d'un point d'intérêt, pour faciliter le travail de représentation mentale du praticien,
- à partir de la reconstruction 3D tomographique et de la représentation tomographique 4D :
 - visualisations de type MIP, isosurface ou endoluminale des artères coronaires depuis n'importe quel point de vue, à n'importe quel instant du cycle cardiaque,
 - visualisation des sections transversales d'artères, utiles en particulier au niveau des sténoses,
 - quantification 3D des sténoses.

À l'exception de la détection de zones ayant un mouvement anormal, toutes ces applications ont fait l'objet de tests sur des données réelles acquises sur patients.

L'outil de quantification 2D multi-vue a déjà été prototypé, au sein de General Electric Medical Systems, et sa validation clinique planifiée pour l'année 2004. Par la suite, les autres outils proposés devraient aussi faire l'objet d'un prototypage et d'une validation clinique, via l'extension progressive du prototype initial.

7.2 Perspectives

Les perspectives de ce travail consistent trois points :

- l'amélioration des algorithmes existants et des conditions d'acquisitions des séquences angiographiques,
- l'utilisation conjointe de nos méthodes et d'autres méthodes dédiées à d'autres modalités d'imagerie médicale,
- l'application de nos méthodes dans un environnement clinique.

7.2.1 Améliorations

Concernant l'amélioration des performances de nos algorithmes, nous pouvons distinguer les avancées en terme de réduction du temps de calcul et les progrès qualitatifs.

7.2.1.1 Temps d'exécution

Comme nous l'avons vu dans le chapitre précédent, la réalisation de l'*ensemble* de la chaîne algorithmique n'est pas exploitable en environnement clinique. Les étapes de calcul des mouvements 4D et 3D et de reconstruction 3D tomographique sont très coûteuses en temps de calcul.

Nous avons envisagé plusieurs voies qui permettraient de réduire sensiblement ces temps de calcul :

- à court terme, l'utilisation de méthodes de reconstruction tomographique multi-résolution éparse, qui permettraient d'exploiter le fait que nous reconstruisons des structures vasculaires et que la majorité des voxels reconstruits a une intensité nulle ou très faible,
- à moyen terme, l'utilisation de méthodes multi-résolution ou *pyramidales* effectuant, par exemple, l'ensemble de la chaîne algorithmique à partir d'images sous-échantillonnées en résolution 128^2 et réutilisant le résultat obtenu sur les images sous-échantillonnées en résolution 256^2 , et ceci de manière itérative jusqu'à la résolution initiale des images,
- à plus long terme, l'utilisation de ressources informatiques hétérogènes partagées de type *grilles* permettant d'accéder à une grande capacité de calcul [Segal, 2000].

La conjonction de ces propositions pourraient permettre d'atteindre un temps d'exécution de notre chaîne algorithmique complète qui soit acceptable dans un environnement clinique.

7.2.1.2 Qualité des résultats

Les efforts d'améliorations qualitatives devront se focaliser essentiellement sur la modélisation 3D des lignes centrales des artères coronaires, qui est l'étape la plus délicate de notre chaîne algorithmique, comme souligné dans la section 6.2 page 202. Nous proposons aussi des voies d'amélioration du calcul du mouvement et de l'ensemble de la méthode. Enfin, il nous semble intéressant de parvenir à une plus grande adéquation entre méthodes utilisées et protocole d'acquisition.

7.2.1.2.1 Reconstruction filaire La reconstruction filaire pourrait être améliorée par :

- une meilleure détermination des images de référence quasi synchrones,
- une estimation plus précise des corrections liées au mouvement respiratoire.

Le raffinement et l'intégration de la méthode des intégrales horizontales, décrite dans le paragraphe 3.1.3.2 page 92, permettraient :

- l'amélioration de la synchronicité des vues de référence,
- l'amélioration de la correction de la respiration en substituant un processus analytique à un processus d'optimisation.

L'estimation des corrections liées au mouvement respiratoire pourrait mettre en jeu un plus grand nombre de paramètres extrinsèques des caméras, comme, par exemple, la rotation des images dans leur plan et la translation des images dans la direction normale à leur plan.

Enfin, il serait intéressant de chercher à contraindre géométriquement les points reconstruits, en les forçant, par exemple, à ne pas être trop éloignés d'un modèle de la surface

du myocarde issu d'un examen de type IRM ou scanner CT effectué sur le même patient. L'utilisation conjointe de notre méthode et d'une autre modalité donnant des informations géométrique 3D sur le support des artères coronaires pourrait accroître la robustesse de la reconstruction filaire vis-à-vis de la qualité des données et en particulier des lignes centrales extraites.

L'ensemble de ces améliorations se traduirait par un processus de reconstruction plus robuste et par un modèle 3D de lignes centrales de meilleure qualité. Ces progrès sont nécessaires pour parvenir à une applicabilité clinique large de nos méthodes.

7.2.1.2.2 Mouvement Le mouvement que nous déterminons est peu contraint. En effet, nous n'utilisons que des contraintes *intrinsèques* sur l'amplitude et la régularité spatiale et temporelle du mouvement. Si cette approche permet de tenir compte de la grande variabilité inter-patients, elle ne permet pas de modéliser certains mouvements très localisés, spécifiques à chaque patient, en particulier pour des artères très tortueuses se contractant fortement selon leur axe principal.

Une approche alternative consisterait en :

- le relâchement des contraintes intrinsèques, pour permettre des mouvements plus locaux,
- l'ajout de contraintes extrinsèques, telles qu'une norme sur la différence entre le mouvement optimal et un mouvement précalculé à partir d'un examen de type IRM marqué, pratiqué sur le même patient.

Les champs de mouvement à partir de données IRM marquées ont été étudiées dans [Huang et al., 1999]. Leur utilisation pour la contrainte d'autres modèles a déjà été abordée. Par exemple, dans [Serresant et al., 2003], les auteurs utilisent ce type de données pour contraindre un modèle bio-mécanique du cœur. Dans notre cadre, nous pourrions l'utiliser pour contraindre le modèle de mouvement, spécifiquement pour chaque patient.

7.2.1.2.3 Méthode complète

Prise en compte de la cohérence entre images Comme expliqué en pages 100 et 137, pour la reconstruction filaire et le calcul du mouvement, il semble intéressant d'explorer les résultats qui seraient obtenus en recherchant non plus les maxima d'intensité multi-échelle mais plutôt en favorisant la cohérence entre ces intensités dans les différentes images mises en jeu. Cette autre approche, bien qu'elle fasse l'hypothèse d'une qualité constante des images malgré les superpositions, est théoriquement justifiable et devra être confrontée à la méthode que nous avons choisie.

Optimisation globale des paramètres La construction d'une mesure de qualité sur les reconstructions 3D tomographiques (paragraphe 5.2.4.5.4 page 183) permet d'envisager un processus d'optimisation de l'ensemble des paramètres de notre chaîne algorithmique. Nous

pouvons considérer chacun de ces paramètres comme une des variables de la fonction objectif donnée par la mesure de qualité.

La résolution complète du problème d'optimisation correspondant est une gageure, car, d'une part, celui-ci mêle une cinquantaine de variables particulièrement hétérogènes, qui peuvent être booléennes, entières, et scalaires, et, d'autre part, le temps typique d'évaluation de la fonction objectif pour une valeur du vecteur de paramètres est de 2 heures.

Néanmoins, la résolution de problèmes issus d'un sous-ensemble de ces variables est réaliste et pourrait aboutir à une plus grande adéquation des paramètres algorithmiques et, par suite, à une plus grande qualité des reconstructions 3D tomographiques finales.

Itération de tout ou partie de la méthode Nous envisageons d'itérer tout ou partie de la méthode afin d'en améliorer les résultats.

Un exemple d'une telle itération pourrait consister en la segmentation automatique des vaisseaux dans la reconstruction 3D tomographique, avec des méthodes telles que celle décrite dans [Krissian et al., 2000]. Ces vaisseaux 3D, une fois squelettisés, donneraient un modèle 3D des lignes centrales épuré et plus fiable en comparaison de celui obtenu à la première modélisation par appariement. Ce nouveau modèle 3D des lignes centrales des artères coronaires pourrait alors servir de base à de nouvelles étapes de calcul de mouvement, puis de reconstruction tomographique.

7.2.1.2.4 Mise en adéquation du protocole clinique Nous pensons que le défaut de flou dans le plan axial, constaté dans plusieurs des reconstructions 3D tomographiques, est dû, au moins en partie, à une limitation du protocole d'acquisition. En effet, la trajectoire utilisée est une rotation partielle dans le plan axial.

Nous pensons que la généralisation de cette trajectoire permettrait de diminuer l'importance de ces artefacts. Plusieurs solutions sont envisagées :

- optimiser les valeurs angulaires de début et de fin de la rotation afin de minimiser les effets de superposition des vaisseaux,
- effectuer des rotations dans un *plan incliné* par rapport au plan axial, ce plan pouvant être choisi pour limiter la superposition dans les images des artères au niveau du tronc coronaire,
- effectuer des *rotations complètes* dans un plan, à la manière du scanner CT,
- effectuer des rotations *non planaires*, comme exemple des trajectoires en selle sur une sphère [Pack et al., 2003], qui procurent un avantage théorique vis-à-vis de la satisfaction de conditions de reconstruction.

Cette dernière proposition a été étudiée dans le cadre de l'acquisition scanner CT et semble transposable à notre contexte.

De manière sous-jacente, ces deux dernières propositions se traduisent par une réduction de l'anisotropie de l'incertitude. Dans le cas de notre trajectoire actuelle, l'incertitude est beaucoup plus importante dans les directions coronale et sagittale que dans la direction axiale, ceci est dû à la planarité de l'acquisition. En outre, le fait de ne couvrir qu'un secteur, et non d'effectuer une rotation complète, fait que l'incertitude est plus grande dans l'axe de

ce secteur que dans la direction perpendiculaire.

L'utilisation de rotations complètes rendrait l'incertitude isotrope dans le plan axial (ce qui n'est pas le cas avec les rotations partielles), et l'utilisation de trajectoires non planaires réduirait les différences d'incertitude entre directions axiale, coronale et sagittale.

Cependant, sur le plan pratique, la réalisation de ces nouvelles trajectoires représente un travail de développement matériel et logiciel important pour les constructeurs de systèmes d'angiographie par rayons X.

7.2.2 Interaction avec d'autres problématiques en imagerie médicale

Les modèles donnés par nos algorithmes pourraient être utilisés comme autant de modèles de référence dans le cadre de la fusion multi-modale ou dans la construction de modèles couplés. La synthèse d'informations anatomiques, dynamiques et fonctionnelles sur le cœur semblent prometteuses, en particulier du point de vue de leur utilité clinique [Magnin, 1999].

Nous pouvons par exemple envisager la fusion entre nos modèles 3D filaires de lignes centrales avec la surface du myocarde déduite d'un examen fonctionnel de type SPECT ou PET. Cela permettrait de corréler la localisation d'une lésion détectée du point de vue anatomique avec son effet, du point de vue fonctionnel, sur les tissus environnants. Ce type de fusion pourrait se révéler très intéressant pour l'établissement d'un diagnostic complet.

Il est même possible d'imaginer fusionner deux modèles volumiques 4D, en généralisant les approches de fusion, dite 4D, entre un modèle 4D et un modèle 3D. Dans cette optique, l'un de ces deux modèles 4D serait notre représentation tomographique 4D et l'autre pourrait être, par exemple, une reconstruction de type SPECT 4D, où l'information temporelle principale est représentée sous forme de mouvement [Brankov et al., 2001], ou encore une reconstruction de type scanner CT dynamique [Grangeat et al., 2002].

Les modèles couplés du muscle cardiaque se situent à la croisée des différents chemins d'exploration de l'activité cardiaque. Ce type de modèle général, reliant activité électrique, aux échelles microscopique et macroscopique, et comportement mécanique à partir de connaissances anatomiques telles que les points d'émission des influx nerveux ou la direction des fibres musculaires, donne une compréhension globale du cœur, dans toute sa complexité. Pour l'identification de leurs paramètres, ces modèles doivent être contraints par une source d'information externe, telle que celle apportée par l'imagerie médicale. Si pour le moment cette information est déduite d'examen de type IRM marqué [Sermesant et al., 2003], nous pensons que les champs de mouvement 4D que nous déterminons à partir des seules artères coronaires pourraient être utilisés pour contraindre un modèle de comportement bio-mécanique du cœur.

7.2.3 Application clinique

Pour conclure ce travail, nous revenons à notre motivation première : l'application de nos méthodes à des outils d'aide au diagnostic utilisés en routine clinique.

Nous pensons effectivement que la conjonction de la mise en œuvre de certaines des améliorations exposées précédemment et de la confrontation à la réalité clinique du prototype industriel, développé par General Electric Medical Systems, aboutira à la proposition de nouveaux outils d'aide au diagnostic. Ces futurs outils permettront de donner des évaluations absolues et précises de la sévérité des sténoses.

En limitant la variabilité d'appréciation entre praticiens et la dépendance actuelle à l'orientation des points de vue utilisés, ces informations faciliteront le diagnostic des pathologies liées à l'athérosclérose et les choix thérapeutiques associés.

Nous espérons que, dans un futur proche, ces nouveaux outils aideront au quotidien les praticiens dans le soin des patients souffrant de pathologies coronariennes.

Annexe A

Algorithme de Dijkstra

A.1 Algorithme général

L'algorithme de Dijkstra proposé dans [Dijkstra, 1959] est une méthode de type *plus court chemin*. Celle-ci permet de minimiser la valeur d'une fonction coût positive associée au parcours d'un graphe connexe orienté d'un nœud initial fixé à un nœud final fixé (la contrainte sur la positivité de la fonction coût disparaît si le graphe ne contient pas de branches cycliques).

Nous notons V l'ensemble des nœuds du graphe, E l'ensemble des paires ordonnées, et $G(V, E)$ le graphe orienté défini par V et E . La fonction $w : V \times V \rightarrow [0, +\infty]$ représente le coût $w(x, y)$ pour aller du nœud $x \in V$ au nœud $y \in V$. Naturellement, le coût sur un chemin est donné par la somme des coûts des arcs successifs.

Le chemin entre $s \in V$ et $t \in V$ qui minimise la fonction de coût est donné par le sous-graphe S construit de la manière suivante :

```
pour tout  $u \in V \setminus \{s\}$ , faire
     $d(u) = +\infty$ 
     $A(u) = \emptyset$ 
faire  $d(s) = 0$ 
faire  $S = \emptyset$ 
faire  $Q = V$ 
tant que  $Q \neq \emptyset$ , faire
     $u = \arg \min_{q \in Q} d(q)$ ,
     $S = S \cup \{u\}$ ,
    pour tout  $v$  tel que  $(u, v) \in E$ , faire
        si  $d[v] > d[u] + w(u, v)$ , alors
             $d[v] \leftarrow d[u] + w(u, v)$ 
             $A(v) = u$ 
        fin si
    fin pour
fin tant que
```

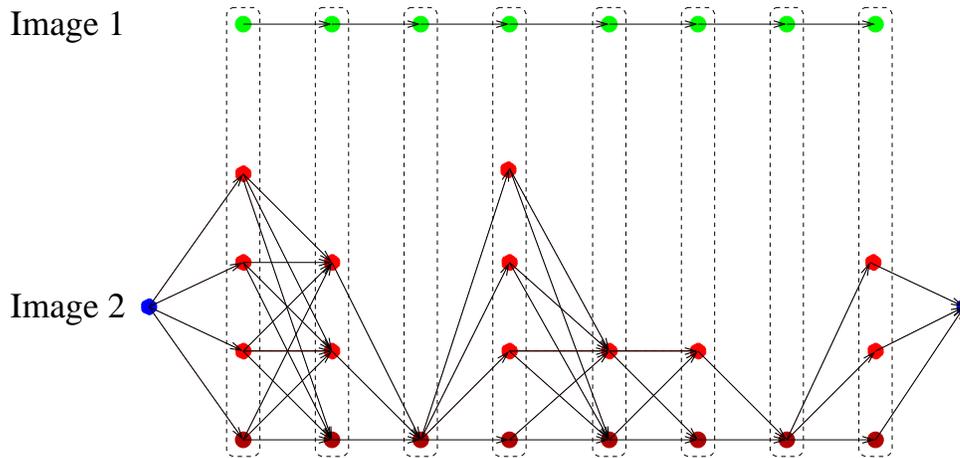


FIG. A.1 – Structure de graphe dans l'étape d'appariement. Nous cherchons le plus court chemin entre deux nœuds virtuels (en bleu) donnant les meilleurs appariements successifs de la ligne centrale extraite dans la première image (en vert) avec les différents candidats potentiels issus de l'ensemble des lignes centrales extraites dans la deuxième image (en rouge), en ménageant la possibilité de l'absence d'appariement (en marron).

Le sous-graphe solution est alors donné par la liste des sommets S et par l'ordre de parcours A . Nous allons maintenant voir l'application pratique de cet algorithme dans le cas de l'appariement multi-oculaire.

A.2 Application à l'appariement multi-oculaire

Nous rappelons les notations définies dans le chapitre 3. Nous disposons de n images, nous souhaitons appairer les points des lignes centrales extraites dans l'image 1 avec les points des lignes centrales dans l'image 2 à l'aide de l'information contenue dans les images 3 à n . Si l'on note C_1 une chaîne de points associée à une ligne centrale extraite dans l'image 1, $P_{1,i}$ le point d'indice i de C_1 , et les $\{P_{2,j_i}\}_j$ les points, appartenant à l'ensemble des lignes centrales extraites dans l'image 2, candidats à l'appariement avec le point $P_{1,i}$, alors nous pouvons donner la structure du graphe orienté sur lequel nous cherchons chemin de coût minimal, au sens du coût des appariements.

La structure de graphe est décrite dans la figure A.1. Les points à appairer $P_{1,i}$ sont représentés en vert, leurs candidats potentiels respectifs P_{2,j_i} en rouge, et les non-appariements en marron. Enfin, deux nœuds virtuels sont ajoutés aux extrémités du graphe pour se ramener aux conditions d'application de l'algorithme de Dijkstra :

La fonction de coût associée au choix d'un arc reliant $P_{2j'_{i-1}}$ et $P_{2j''_i}$ est donnée par le critère d'appariement :

$$C(P_{2j'_{i-1}}, P_{2j''_i})$$

Celui-ci a été défini dans le chapitre 3, y compris dans le cas où $P_{2j'_{i-1}}$ ou $P_{2j''_i}$ représente un non-appariement. Celui-ci peut être le fait d'une obligation, dans le cas des nœuds virtuels, et dans le cas des points P_{1_i} n'ayant pas de candidat potentiel sous la contrainte épipolaire, ou

bien d'un choix, dans le cas des points P_{1i} dont aucun candidat potentiel ne semble correct.

L'application de l'algorithme de Dijkstra donne le sous-graphe, joignant les deux points virtuels, optimal au sens de la fonction de coût, c'est-à-dire la suite $\{P_{2j^*}\}_i$ des meilleurs candidats successifs à l'appariement.

Annexe B

Algorithme de gradient conjugué

B.1 Gradient conjugué linéaire

L'algorithme dit de *gradient conjugué* est une méthode conçue initialement pour la résolution itérative des systèmes linéaires de grande taille de la forme $Ax = b$, où la matrice A est carrée, définie-positive, c'est-à-dire telle que $x^T Ax > 0, \forall x \neq 0$. En particulier, A est symétrique : $A^T = A$.

La solution du système est déterminée via un processus d'optimisation. Pour cela, on montre l'équivalence entre la solution du système $(S) : Ax = b$ et la minimisation d'une forme quadratique.

Si l'on note $f(x) = \frac{1}{2}x^T Ax - b^T x + c$ la forme quadratique associée à (S) , alors comme A est définie positive, celle-ci admet un minimum global unique, caractérisé par l'équation $f'(x) = 0$. On a les équivalences suivantes :

$$\begin{aligned} f'(x) &= 0 \\ \frac{1}{2}A^T x + \frac{1}{2}Ax - b &= 0 \\ \frac{1}{2}A^T x + \frac{1}{2}Ax - b &= 0, \text{ car } A^T = A \\ Ax - b &= 0 \end{aligned}$$

Nous avons donc ramené la résolution de (S) à la minimisation d'une forme quadratique. Une approche naturelle pour mener en pratique cette minimisation est la méthode dite de *plus profonde descente*, qui consiste à effectuer une recherche linéaire approchée dans la direction du gradient à chaque itération. Cette méthode est connue pour être lente et inadaptée à la résolution d'un tel problème. En effet, elle ne tient pas compte de la structure propre de la matrice A . Plus précisément, si les valeurs propres de A , qui sont réelles positives car A est définie-positive, ne sont pas égales, la forme quadratique possède des directions *privilégiées* dont doit tenir compte un algorithme d'optimisation et que l'algorithme de plus profonde descente ignore.

Intuitivement, pour avoir un processus d'optimisation efficace, il faut que les vecteurs

de descente successifs soient les plus *orthogonaux possibles*, mais cette orthogonalité est à entendre au sens de la forme quadratique à minimiser. C'est ce que l'on appelle la *A-orthogonalité* ou *A-conjugaison* : deux vecteurs x_1 et x_2 sont *A-conjugués* si $x_1^T A x_2 = 0$. La condition d'orthogonalité classique est retrouvée si l'on pose $A = I$. La notion de *A-conjugaison* est expliquée et illustrée en détail dans [Shewchuck, 1994].

Une fois la contrainte de *A-conjugaison* posée, on peut dériver le schéma itératif de l'optimisation :

$$x_{i+1} = x_i + \alpha_i d_i$$

avec la direction de descente d_i donnée par :

$$d_i = -g_i + \beta_i d_{i-1}$$

où g_i est le gradient de f en x_i .

Plusieurs valeurs du coefficient β_i sont admissibles, dans le sens où elles assurent la convergence du processus d'optimisation [Gill et al., 1982; Nocedal, 1992] :

– la variante de Fletcher-Reeves :

$$\beta_i^{FR} = \begin{cases} 0, & \text{si } i = 1 \\ \frac{\|g_i\|^2}{\|g_{i-1}\|^2}, & \text{si } i \geq 2 \end{cases}$$

– la variante de Polak-Ribière :

$$\beta_i^{PR} = \frac{g_i^T (g_i - g_{i-1})}{\|g_{i-1}\|^2}$$

– la variante de Polak-Ribière positive :

$$\beta_i^{PRP} = \max\{0, \beta_i^{PR}\}$$

La détermination exacte du coefficient α_i , appelée *recherche linéaire*, est donnée par :

$$\alpha_i = \frac{d_i^T r_i}{d_i^T A d_i}$$

où $r_i = b - A x_i$.

En l'absence d'erreurs d'arrondi, la méthode du gradient conjugué donne la solution exacte du système (S) en au plus n itérations, où n est le nombre de valeurs propres distinctes de A .

La méthode du gradient conjugué, qui donne une solution exacte lorsqu'elle est appliquée à un système linéaire, peut aussi être utilisée pour résoudre des problèmes d'optimisation où la fonction objectif n'est pas une forme quadratique.

B.2 Gradient conjugué non linéaire

De manière générale, si f est une fonction dérivable de \mathbb{R}^n dans \mathbb{R} possédant un optimum global, le problème d'optimisation (P) sans contraintes associé consiste à déterminer x^* tel que :

$$(P) : x^* = \arg \min_{x \in \mathbb{R}^n} f(x)$$

Pour des problèmes de grandes tailles (plusieurs milliers de variables), il devient impossible de stocker en pratique la matrice hessienne de la fonction f et par suite d'employer les méthodes dites *quadratiques*. C'est dans ce cadre que l'algorithme de gradient conjugué non linéaire se révèle pertinent.

La méthode de gradient conjugué non linéaire est adaptée à la résolution de problèmes d'optimisation non linéaire de grande taille, car elle ne requiert que le stockage de vecteurs de dimension n et non de matrices de dimension $n \times n$.

La variante non linéaire de l'algorithme de gradient conjugué fait l'hypothèse que la fonction f est localement quadratique, autour de chacun des itérés successifs x_i . Les directions de descente sont calculées de la même manière que dans le cas linéaire. Par contre, il n'est plus possible de calculer explicitement le coefficient α_i pondérant la direction de descente. La recherche linéaire est alors menée comme une minimisation unidimensionnelle de la fonction $\alpha \rightarrow f(x_i + \alpha d_i)$. Le processus de recherche peut être effectué itérativement en se basant :

- soit sur critère utilisant uniquement la convexité locale de la fonction f : on cherche trois valeurs du coefficient de pondération $\alpha_m, \alpha_*, \alpha_M$ les plus proches possibles, telles que $\alpha_m < \alpha_* < \alpha_M$, donnant les relations d'ordre :

$$\begin{aligned} f(x_i + \alpha_m d_i) &> f(x_i + \alpha_* d_i) \\ f(x_i + \alpha_M d_i) &> f(x_i + \alpha_* d_i) \end{aligned}$$

le processus est arrêté lorsque l'amplitude $\alpha_M - \alpha_m$ est en dessous d'un seuil fixé,

- soit sur un critère mettant en jeu le gradient de la fonction f : on cherche une valeur de α telle que le gradient de f évalué en $x_i + \alpha d_i$ soit orthogonal à la direction de descente, le processus est arrêté lorsque on a trouvé un α satisfaisant à $|(f'(x_i + \alpha d_i))^T d_i| < \varepsilon$ où ε est un seuil fixé.

Dans notre travail, nous avons utilisé l'algorithme de gradient conjugué non linéaire pour le calcul des mouvements 3D et 4D. En effet, la taille des problèmes d'optimisation associés était de 2 000 à 30 000 variables. Nous disposions en outre du gradient analytique des fonctions objectif. La convexification de la fonction objectif était assurée implicitement par l'utilisation de noyaux de convolution de variances décroissantes, appliqués aux cartes multi-échelle. L'ensemble de ces caractéristiques faisait de l'algorithme de gradient conjugué une méthode de choix pour la résolution numérique de ces problèmes d'optimisation.

Annexe C

Implémentation et parallélisation

C.1 Survol de l'implémentation

Notre travail a nécessité un effort important d'implémentation. Notre partie de l'implémentation représente un total de 100 000 lignes de code (à titre de comparaison, cela correspond à environ deux fois la longueur de ce manuscrit). Le codage de nos algorithmes a été effectué dans le langage **C++**.

Par ailleurs, nous avons repris une partie du code **C++** développé par Fabien Mourgues, au cours de son stage de DEA [Mourgues et al., 2001] dans l'action Chir, pour les méthodes suivantes :

- calcul des cartes multi-échelles,
- extraction des maxima directionnels locaux.

Nous avons aussi employé des routines **C** pré-existantes en traitement d'image, écrites, d'une part, au sein du projet RobotVis de l'INRIA Sophia-Antipolis pour :

- la convolution d'une image et d'un noyau gaussien (ou une de ses dérivées) par des filtres récursifs [Deriche, 1992],
- le chaînage des lignes centrales extraites en 2D [Giraudon, 1987],

et, d'autre part, au sein du projet Epidaure par Grégoire Malandain pour :

- le seuillage par hystérésis,
- les opérateurs de morphologie mathématique.

Enfin, les routines externes d'optimisation que nous avons utilisées, **CFSQP** et **CONMIN**, étaient respectivement implémentées en **C** et en **Fortran 77**.

L'ensemble a été compilé avec les compilateurs GNU gcc/g++/g77 (versions 2.95 et 3.3), sous les systèmes **Linux** et **Solaris**.

C.2 Utilisation de ressources parallèles

Comme nous l'avons expliqué dans le chapitre 6, nous avons rapidement eu à faire face à des temps de calcul très longs, avec l'introduction des modèles de mouvement et de la reconstruction tomographique. Nous avons donc tiré profit des ressources parallèles importantes

prises à disposition par l'INRIA Sophia-Antipolis au travers d'une *ferme* de PC¹.

Cette ferme comporte :

- 14 nœuds biprocesseur Pentium III 500 Mhz,
- 19 nœuds biprocesseur Pentium III 933 Mhz,
- 16 nœuds biprocesseur Xeon 2 Ghz.

Nous avons parallélisé les étapes de :

- détermination de mouvement 4D,
- détermination des mouvements 3D de raffinement,
- reconstruction tomographique avec compensation de mouvement.

Cette parallélisation a été mise en œuvre grâce à la librairie PVM 3 [Geist et al., 1993]. En pratique, nous avons utilisé pour ces trois étapes un schéma classique de type *maître-esclaves* dans lequel la machine principale distribue les sous-tâches à accomplir aux machines secondaires et synthétise les résultats particuliers en un résultat global.

Par souci de simplicité, nous n'avons pas mis en œuvre de politique élaborée de répartition de la charge et avons toujours utilisé des nœuds homogènes pour un calcul donné.

C.2.1 Mouvement 4D

Comme expliqué dans le chapitre 4, la détermination du mouvement 4D se fait par l'optimisation du critère suivant :

$$\begin{aligned} \Upsilon(\mathbf{p}) = & \frac{1}{\tilde{\mathcal{N}}\tilde{\Lambda}} \sum_{n \in \mathcal{N}} \sum_{X \in \mathcal{X}} \Lambda(X) \cdot R_n^*(m_n(\Phi(\mathbf{p}, X, t_n))) \\ & - \frac{\alpha_1}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} \|\mathbf{p}_{ijkl}\|^2 \\ & - \frac{\alpha_2}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^X} \sum_{(i'j'k'l) \in \mathcal{V}_{ijkl}^X} \|\mathbf{p}_{ijkl} - \mathbf{p}_{i'j'k'l}\|^2 \\ & - \frac{\alpha_3}{\tilde{\mathcal{I}}\tilde{\mathcal{J}}\tilde{\mathcal{K}}\tilde{\mathcal{L}}} \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{k \in \mathcal{K}} \sum_{l \in \mathcal{L}} \frac{1}{\tilde{\mathcal{V}}_{ijkl}^t} \sum_{(ijkl') \in \mathcal{V}_{ijkl}^t} \|\mathbf{p}_{ijkl} - \mathbf{p}_{ijkl'}\|^2 \end{aligned}$$

où \mathcal{N} est l'ensemble des images cibles.

Les trois derniers termes (de régularisation), sont évalués très rapidement en comparaison du premier terme (attache aux données). La parallélisation est effectuée en répartissant les images cibles entre les différentes machines esclaves : si les $\{\mathcal{N}_i\}_i$ forment une partition de \mathcal{N} , alors les critères partiels d'attache aux données sont :

$$\Upsilon_i(\mathbf{p}) = \frac{1}{\tilde{\Lambda}} \sum_{n \in \mathcal{N}_i} \sum_{X \in \mathcal{X}} \Lambda(X) \cdot R_n^*(m_n(\Phi(\mathbf{p}, X, t_n)))$$

¹<http://www-sop.inria.fr/paralle/>

La machine principale effectue le calcul des termes de régularisation et la normalisation de la somme des critères partiels d'attache aux données. Bien entendu, les $\{\mathcal{N}_i\}_i$ sont choisis de cardinaux les plus équilibrés possibles.

Les gains en temps de calcul sont très appréciables car le *ratio* entre durée des communications et durée des calculs (la granularité) est très faible. Typiquement, en utilisant 8 processeurs le temps de calcul est réduit d'un facteur 7.

C.2.2 Mouvements 3D de raffinement

La détermination des mouvements 3D de raffinement est effectuée image par image, dans l'ensemble des images cibles. La parallélisation est réalisée en affectant une image cible à chaque machine secondaire. La machine principale distribue les images cibles et attend le résultat d'une machine secondaire pour lui fournir une nouvelle image cible.

De même que dans le cas du mouvement 4D, en utilisant 8 processeurs le temps de calcul est réduit typiquement d'un facteur 7.

C.2.3 Reconstruction 3D tomographique avec compensation de mouvement

La reconstruction 3D tomographique est faite par la mise à jour itérative d'un modèle de voxels par la méthode ART additive. Pour une projection donnée, celle-ci consiste en trois étapes :

- projection : calcul des sommes des contributions des voxels courants en chacun des pixels,
- calcul des résidus entre sommes des contributions et valeurs réelles des pixels,
- rétroprojection : mise à jour des voxels selon les résidus et les contributions.

La parallélisation de cette méthode consiste à partitionner l'ensemble de voxels pour les étapes de calcul des contributions et de mise à jour. Si l'ensemble des voxels est partitionné et réparti ainsi sur les machines secondaires, alors :

- pour l'étape de projection, chaque machine secondaire évalue les contributions liées à son sous-ensemble de voxels,
- pour le calcul des résidus, la machine principale effectue la somme des contributions renvoyées par les machines secondaires et détermine les résidus en chacun des pixels,
- pour l'étape de rétroprojection, chaque machine secondaire répartit les résidus sur son sous-ensemble de voxels.

Dans le cas de l'utilisation de 8 processeurs, nous parvenons à une réduction typique du temps de calcul d'un facteur 6.

L'utilisation de ressources parallèles, au travers de la multiplication des expériences qu'elle a rendu possible, a été un point crucial pour la détermination de paramètres optimaux pour notre chaîne algorithmique, validés sur l'ensemble des jeux de données.

Bibliographie

- Adhami, L. et Coste-Manière, E. (2003). Optimal planning for minimally invasive surgical robots. *IEEE Transactions on Robotics and Automation : Special Issue on Medical Robotics*, 19(5) :854–863.
- Amiel, M., Maseri, A., Petitier, H., et Vasile, N. (1984). *Coronary artery diseases : diagnostic and therapeutic imaging approaches*. Springer-Verlag.
- Anxionnat, R., Bracard, S., Ducrocq, X., Troussset, Y., Launay, L., Kerrien, E., Braun, M., Vaillant, R., Scomazzoni, F., Lebedinsky, A., et Picard, L. (2001). Intracranial aneurysms : clinical value of 3D digital subtraction angiography in the therapeutic decision and endovascular treatment. *Radiology*, 218(3) :799–808.
- Axel, L. et Dougherty, L. (1989). Improved method of spatial modulation of magnetization for mr imaging. *Radiology*, 172 :349–350.
- Ayache, N. (1989). *Vision Stéréoscopique et Perception Multisensorielle : Application à la robotique mobile*. Inter-Editions (MASSON).
- Bardinet, E., Cohen, L., et Ayache, N. (1995). Superquadrics and free-form deformations : a global model to fit and track 3D medical data. Dans *Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, Nice. Springer Verlag.
- Bascle, B. (1994). *Contributions et applications des modèles déformables en vision par ordinateur*. Thèse de Doctorat, Université de Nice Sophia-Antipolis.
- Basset-Merle, A. (1999). *Reconstruction 3D filaire de l'arbre coronaire en angiographie par rayons X*. Thèse de Doctorat, INSA Lyon - Creatis.
- Berger, M. (1995). A Snake Based Tracking Tool for 3D Reconstruction : Snake Strategies for Tracking the Right Contour. Dans *Proceedings of Ninth Scandinavian Conference on Image Analysis*, pages 533–540, Uppsala.
- Blondel, C., Malandain, G., Vaillant, R., et Ayache, N. (2003a). 4D Deformation Field of Coronary Arteries from Monoplane Rotational X-Ray Angiography. Dans *Proceedings of Computer Assisted Radiology and Surgery (CARS) 2003*, volume 1256 de *International Congress Series*, pages 1073–1078, Londres. Elsevier.
- Blondel, C., Malandain, G., Vaillant, R., Devernay, F., Coste-Manière, E., et Ayache, N. (2003b). 4D Tomographic Representation of Coronary Arteries From One Rotational X-Ray Sequence. Dans *Proceedings of Medical Image Computing & Computer Assisted Intervention (MICCAI) 2003*, number 2878 in *Lecture Notes in Computer Sciences*, pages 416–423, Montréal. Springer-Verlag.

- Blondel, C., Noll, D., Maeght, J., Celler, A., et Farncombe, T. (2002a). Comparison of Different Figures of Merit Functions for Dynamic Single Photon Emission Computed Tomography (dSPECT). *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 49(3) :761–767.
- Blondel, C., Vaillant, R., Devernay, F., Malandain, G., et Ayache, N. (2002b). Automatic Trinocular 3D Reconstruction of Coronary Artery Centerlines from Rotational X-ray Angiography. Dans *Proceedings of Computer Assisted Radiology and Surgery (CARS) 2002*, pages 832–837, Paris. Springer-Verlag.
- Blondel, C., Vaillant, R., Malandain, G., et Ayache, N. (2003c). 3D Tomographic Reconstruction of Coronary Arteries using a Precomputed 4D Motion Field. Dans Bizais, Y., editeur, *Proceedings of the Seventh International Conference on Fully 3D Reconstruction In Radiology and Nuclear Medicine*, pages We AM 2–1, Saint-Malo.
- Blondel, C., Vaillant, R., Malandain, G., et Ayache, N. (2004). 3D Tomographic Reconstruction of Coronary Arteries using a Precomputed 4D Motion Field. À paraître dans Special Issue of Physics in Medicine and Biology for Seventh International Meeting on Fully Three-Dimensional Reconstruction in Radiology and Nuclear Medicine.
- Bonnet, S., Koenig, A., Roux, S., Hugonnard, P., Guillemaud, R., et Grangeat, P. (2003). Dynamic X-ray computed tomography. *Proceedings of the IEEE*, 91(10) :1574–1587. Emerging Medical Imaging Technology.
- Bouma, B., Tearney, G., Yabushita, H., Shishkov, M., Kauffman, C., D., D. G., MacNeill, B., Houser, S., Aretz, H., Halpern, E., et Jang, I. (2003). Evaluation of intracoronary stenting by intravascular optical coherence tomography. *Heart*, 89(3) :317–320.
- Brankov, J., Yang, Y., et Wernick, M. (2001). 4D Processing of Gated SPECT Images Using Deformable Mesh Modeling. Dans *Proceedings of the Sixth International Conference on Fully 3D Reconstruction In Radiology and Nuclear Medicine*, Pacific Grove.
- Buzug, T. et Weese, J. (1998). Image registration for DSA quality enhancement. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 22(2) :103–113.
- Camara, O. (2000). Reconstruction cardiaque 4D. Rapport technique, ENST Telecom Paris - General Electric Medical Systems.
- Canfield, T. et Dobrin, P. (1995). *The Biomedical Engineering Handbook*, volume 1, Chapitre 21. Mechanics of Blood Vessels, pages 291–303. CRC Press.
- Canny, J. (1983). Finding edges and lines in images. Rapport technique AI-TR-720, M.I.T., Artificial Intelligence Laboratory.
- Chakraborty, A., Staib, L., et Duncan, J. (1996). Deformable boundary finding in medical images by integrating gradient and region information. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(6) :859–870.
- Chalopin, C., Finet, G., et Magnin, I. (2001). Modeling the 3D coronary tree for labeling purposes. *Medical Image Analysis*, 5(4) :301–315.
- Chen, J. et Carroll, J. (1998a). Computer Assisted Coronary Intervention by Use of On-line 3D Reconstruction and Optimal View Strategy. Dans Wells, W., Colchester, A., et Delp, S., editeurs, *Proceedings of Medical Image Computing & Computer Assisted Intervention (MICCAI) 1998*, volume 1496 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 377–385, Cambridge. Springer-Verlag.

- Chen, J. et Carroll, J. (1998b). *What's New in Cardiovascular Imaging*, Chapitre 4 : 3-D coronary angiography : improving visualization strategy for coronary interventions, pages 61–78. Kluwer Academic Publishers.
- Chen, J. et Carroll, J. (2003). Kinematic and Deformation Analysis of 4-D Coronary Arterial Trees Reconstructed From Cine Angiograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 22(6) :710–720.
- Close, R., Abbey, C., et Whiting, J. (2002). Improved localization of coronary stents using layer decomposition. *Computer Aided Surgery*, 7(2) :84–89.
- Curwen, R., Amini, A., Duncan, J., et Lee, F. (1994). Tracking Vascular Motion in X-ray Image Sequences with Kalman Snakes. Dans *IEEE Proceedings of Computers in Cardiology*, pages 109–112.
- Danias, P., Stuber, M., Botnar, R., Kissinger, K., Edelman, R., et Manning, W. (1999). Relationship between motion of coronary arteries and diaphragm during free breathing : Lessons from real-time MR imaging. *American Journal of Roentgenology*, 172 :1061–1065.
- 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. (1998). Definition of a four-dimensional continuous planispheric transformation for the tracking and the analysis of left-ventricle motion. *Medical Image Analysis*, 2(2) :197–213.
- Deriche, R. (1987). Using Canny's criteria to derive a recursively implemented optimal edge detector. *The International Journal of Computer Vision*, 1(2) :167–187.
- Deriche, R. (1992). Recursively Implementing the Gaussian and Its Derivatives. Dans *Proceedings of the Second International Conference On Image Processing*, pages 263–267, Singapour.
- Dijkstra, E. (1959). A note on two problems in connection with graphs. *Numerische Mathematik*, 1 :269–271.
- Ding, Z. et Friedman, M. (2000). Quantification of 3-D coronary arterial motion using clinical biplane cineangiograms. *International Journal of Cardiac Imaging*, 16(5) :331–346.
- Dubuisson-Jolly, M., Liang, C., et Gupta, A. (1998). Optimal Polyline Tracking for Artery Motion Compensation in Coronary Angiography. Dans *International Conference in Computer Vision*, pages 414–419, Bombay.
- Dumay, A., Reiber, J., et Gerbrands, J. (1994). Determination of optimal angiographic viewing angles : basic principles and evaluation study. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 13(1) :13–24.
- Ezquerro, N., Capell, S., Klein, L., et Duijves, P. (1998). Model-Guided Labeling of Coronary Structure. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(3) :429–441.
- Farncombe, T., Feng, B., Narayanan, M., Wernick, M., Celler, A., King, M., et Leppo, J. (2003). Towards 5 Dimensional SPECT Reconstruction : Determining Myocardial Blood Flow and Wall Motion from a Single Study. Dans Bizais, Y., editeur, *Proceedings of the*

Seventh International Conference on Fully 3D Reconstruction In Radiology and Nuclear Medicine, pages Th AM 2–4, Saint-Malo.

- Faugeras, O. (1993). *Three-Dimensional Computer Vision*. MIT Press.
- Faugeras, O. et Robert, L. (1996). What can two images tell us about a third one? *International Journal of Computer Vision*, 18(1) :5–20.
- Figueiredo, M. et Leitao, J. (1995). A nonsmoothing approach to the estimation of vessel contours in angiograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(1) :162–172.
- Finet, G., Liénard, J., Masquet, C., Eifferman, A., Funck, F., Lefèvre, T., Marco, J., Amiel, M., et Beaune, J. (1996). Optimisation des vues angiographiques coronaires. *Archives des Maladies du Cœur et des Vaisseaux*, 89(12) :1617–1625.
- Frangi, A., Niessen, W., Vincken, K., et Viergever, M. (1998). Multiscale Vessel Enhancement Filtering. Dans Wells, W., Colchester, A., et Delp, S., éditeurs, *Proceedings of Medical Image Computing & Computer Assisted Intervention (MICCAI) 1998*, volume 1496 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 130–137. Springer-Verlag.
- Franz, M. (2001). Blood Vessel Segmentation in Digital Subtraction Angiograms. Dans *International ICSC Congress on Information Science Innovations*, pages 206–212, Dubaï. ICSC Academic Press. Clinical Trials'01.
- Friedman, M., Ding, Z., Eaton, G., et Seed, W. (1999). Relationship between the Dynamics of Coronary Arteries and Coronary Atherosclerosis. Dans *Proceedings of 1999 Summer Bioengineering Conference*, pages 49–50, Big Sky.
- Garreau, M., Coatrieux, J., Collorec, R., et Chardenon, C. (1991). A Knowledge-Based Approach for 3-D Reconstruction and Labeling of vascular Networks from Biplane Angiographic Projections. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 10(2) :122–131.
- Geist, A., Beguelin, A., Dongarra, J., Jiang, W., Manchek, R., et Sunderam, V. (1993). PVM 3 user's guide and reference manual. Rapport technique ORNL/TM-12187, Oak Ridge National Laboratory.
- Gill, P., Murray, W., et Wright, M. (1982). *Practical optimization*. Academic Press.
- Giraudon, G. (1987). An Efficient Edge Following Algorithm. Dans *Proceedings of 5th Scandinavian Conference on Image Analysis*, volume 2, pages 547–554, Stockholm.
- Grangeat, P. (2002a). *La tomographie*, Chapitre 4. Les méthodes discrètes, pages 114–121. Information - Commande - Communication. Hermès Science Publications.
- Grangeat, P. (2002b). *La tomographie médicale*. Information - Commande - Communication. Hermès Science Publications.
- Grangeat, P., Koenig, A., Rodet, T., et Bonnet, S. (2002). Theoretical framework for a dynamic cone-beam reconstruction algorithm based on a dynamic particle model. *Physics in Medicine and Biology*, 47(15) :261–262.
- Gross, M. et Friedman, M. (1998). Dynamic of coronary artery curvature obtained from biplane cineangiograms. *Journal of Biomechanics*, 31(5) :479–484.
- Guo, D. et Richardson, P. (1998). Automatic vessel extraction from angiogram images. Dans *IEEE Computers in Cardiology*, volume 25, pages 441–444.

- Halmann, M., Sideman, S., Lessick, J., et Beyar, R. (1994). Relating coronary perfusion to myocardial function using 3D reconstruction of the heart and the coronary arteries. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 32 :144–150.
- Haris, K., Efstathiadis, S., Maglaveras, N., et Pappas, C. (1997). Semi-automatic extraction of vascular networks in angiograms. Dans *Proceedings of IEEE Conference on Engineering in Medicine and Biology*, pages 1067–1068.
- Haris, K., Efstathiadis, S., Maglaveras, N., Pappas, C., et Gourassas, J. (1999). Model-based morphological segmentation and labeling of coronary angiograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10) :1003–1015.
- Henri, C. et Peters, T. (1996a). Three-dimensional reconstruction of vascular trees : Experimental evaluation. *Medical Physics*, 23(5) :617–627.
- Henri, C. et Peters, T. (1996b). Three-dimensional reconstruction of vascular trees : Theory and methodology. *Medical Physics*, 23(2) :197–204.
- Herman, G. (1980). *Image reconstruction from projections*. Academic Press.
- Herskovits, H. et Binford, T. (1970). On Boundary Detection. Rapport technique AIM-183, MIT.
- Hiroshima, K., Funakami, R., Hiratsuka, K., Nishino, J., Odaka, T., Ogura, H., Fukushima, T., Nishimoto, Y., Tanaka, M., et Ito, H. Yamamoto, K. (2001). Digital subtraction angiogram registration method with local distortion vectors to decrease motion artifact. *Journal of Biomedical Informatics*, 34(3) :182–194.
- Hoffmann, K., Wahle, A., Pellot-Barakat, C., Sklansky, J., et Sonka, M. (1999). Biplane X-ray angiograms, intravascular ultrasound, and 3-d visualization of coronary vessels. *International Journal of Cardiac Imaging*, 15(6) :495–512.
- Holland, A., Goldfarb, J., et Edelman, R. (1998). Diaphragmatic and cardiac motion during suspended breathing : Preliminary experience and implications for breath-hold MR imaging. *Radiology*, 209(2) :483–489.
- Huang, J., Abendschein, D., Davila-Roman, V., et Amini, A. (1999). Spatio-Temporal Tracking of Myocardial Deformations with a 4-D B-Spline Model from Tagged MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10) :957–972.
- Hueckel, H. (1971). An Operator Which Locates Edges in Digitized Pictures. *Journal of the Association for Computing Machinery*, 18(1) :113–125.
- Hueckel, H. (1973). A Local Visual Operator Which Recognizes Edges and Lines. *Journal of the Association for Computing Machinery*, 20(4) :634–647.
- Kashiwagi, T., Yutani, K., Fukuchi, M., Naruse, H., Iwasaki, T., Yokozuka, K., Inoue, S., et Kondo, S. (2002). Correction of nonuniform attenuation and image fusion in SPECT imaging by means of separate X-ray CT. *Annals of Nuclear Medicine*, 16(4) :255–261.
- Kass, M., Witkin, A., et Terzopoulos, D. (1987). Snakes : Active Contour Models. Dans *Proceedings of First International Conference on Computer Vision*, volume 1542 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 259–268, Londres.
- Kastrati, A., Hall, D., et Schömig, A. (2000). Long-term outcome after coronary stenting. *Current Control Trials in Cardiovascular Medicine*, 1(1) :48–54.

- Keegan, J., Gatehouse, P., Yang, G., et Firmin, D. (2002). Coronary artery motion with the respiratory cycle during breath-holding and free-breathing : implications for slice-followed coronary artery imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 47 :476–481.
- Kirbas, C. et Quek, F. (2003). Vessel Extraction Techniques and Algorithms : A Survey. Dans *Third IEEE Symposium on BioInformatics and BioEngineering*, pages 238–245, Bethesda, États-Unis.
- Kitamura, K., Tobis, J., et Sklansky, J. (1988). Estimating the 3-D Skeletons and Transverse Areas of Coronary Arteries from Biplane Angiograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 7(3) :173–187.
- Klein, J., Hoff, J., Peifer, J., Folks, R., Cooke, C., King, S., et Garcia, E. (1998). A quantitative evaluation of the three dimensional reconstruction of patients' coronary arteries. *The International Journal of Cardiac Imaging*, 14(2) :75–87.
- Klotz, E., Haaker, P., Koppe, R., et Linde, R. (1992). 3D Reconstruction of Vascular Structures from few X-Ray Projections. Dans *Proceedings of Computer Applications to Assist Radiology (S/CAR) 1992*, pages 325–332. Springer-Verlag.
- Koller, T., Gerig, G., Székely, G., et Dettwiler, D. (1995). Multiscale Detection of Curvilinear Structures in 2-D and 3-D Image Data. Dans *Proceedings of Fifth International Conference on Computer Vision (ICCV) 1995*, pages 864–869, Cambridge. IEEE Computer Society Press.
- Kottke, D. et Sun, Y. (1990). Segmentation of Coronary Arteriograms by Iterative Ternary Classification. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 37(8) :778–785.
- Krissian, K., Malandain, G., Ayache, N., Vaillant, R., et Troussel, Y. (2000). Model-based detection of tubular structures in 3D images. *Computer Vision and Image Understanding*, 80(2) :130–171.
- Kuon, E., Niederst, P., et Dahm, J. (2002). Usefulness of Rotational Spin for Coronary Angiography in Patients with Advanced Renal Insufficiency. *American Journal of Cardiology*, 90(4) :369–373.
- Laub, G., Gaa, J., et Drobnitzky, M. (1998). Magnetic Resonance Angiography Techniques. *Electromedica*, 66(2) :68–75.
- Launay, L., Maurincomme, E., Bouchet, P., et Mallet, J. (1996). 3D reconstruction of cerebral vessels and pathologies from a few biplane digital angiographies. Dans *Visualization in Biomedical Computing*, volume 1131 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 123–128, Hambourg. Springer-Verlag.
- Laurence, C., Zhou, J., et Tits, A. (1997). *User's Guide for CFSQP Version 2.5 : A C Code for Solving (Large Scale) Constrained Nonlinear (Minimax) Optimization Problems, Generating Iterates Satisfying All Inequality Constraints*. University of Maryland.
- Lawrence, C. et Tits, A. (2001). A Computationally Efficient Feasible Sequential Quadratic Programming Algorithm. *SIAM Journal on Optimization*, 11(4) :1092–1118.
- Leandro, J., Cesar, R., et Jelinek, H. (2001). Blood Vessels Segmentation in Retina : Preliminary Assessment of the Mathematical Morphology and of the Wavelet Transform Techniques. Dans *Proceedings of Fourteenth Brazilian Symposium on Computer Graphics*

- and Image Processing (SIBGRAPI) 2001*, pages 84–90, Florianopolis. IEEE Computer Society Press.
- Lee, M. et Medioni, G. (1999). Grouping \cdot , $-$, \rightarrow , \circ , into Regions, Curves, and Junctions. *Computer Vision and Image Understanding*, 76(1) :54–69.
- Libby, P. (2003). *Dossier numéro 40 - Le cœur*, Chapitre Les maladies cardio-vasculaires, pages 46–53. Pour la Science.
- Lindeberg, T. (1994). *Scale-Space Theory in Computer Vision*. Kluwer Academic Publishers.
- Lorenz, C., Carlsen, I., Buzug, T., Fassnacht, C., et Weese, J. (1997). Multi-scale line segmentation with automatic estimation of width, contrast and tangential direction in 2D and 3D medical images. Dans Troccaz, J., Grimson, W., et Mösges, R., éditeurs, *Conference Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine and Medical Robotics and Computer-Assisted Surgery (CVRMed-MRCAS) 1997*, volume 1205 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 233–242, Grenoble. Springer-Verlag.
- Lorigo, L., Faugeras, O., Grimson, W., Keriven, R., Kikinis, R., Nabavi, A., et Westin, C. (2001). CURVES : Curve Evolution for Vessel Segmentation. *Medical Image Analysis*, 5(3) :195–206.
- Loulmet, D., Carpentier, A., d’Attellis, N., Berrebi, A., Cardon, C., Ponzio, O., Aupècle, B., et Relland, J. (1999). Endoscopic coronary artery bypass grafting with the aid of robotic assisted instruments. *The Journal of Thoracic and Cardiovascular Surgery*, 118(1) :4–10.
- Magnin, I. (1999). Analyse et modélisation 3D du comportement dynamique du cœur en imagerie multi-modalité. *Revue de l’ACOMEN (Action Concertée en Médecine Nucléaire)*, 5(2) :191–196.
- Maintz, J. et Viergever, M. (1998). A survey of medical image registration. *Medical Image Analysis*, 2(1) :1–36.
- McInerney, T. et Terzopoulos, D. (1995). Medical Image Segmentation Using Topologically Adaptable Snakes. Dans *Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 92–101, Nice. Springer-Verlag.
- Medioni, G., Lee, M., et Tang, C. (2000). *A Computational Framework for Segmentation and Grouping*. Elsevier.
- Menegaz, G. et Lancini, R. (1996). Semantic Segmentation of Angiographic Images. Dans *Proceedings of the Eighteenth Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, volume 2, pages 670–671, Amsterdam.
- Montagnat, J. et Delingette, H. (1998). Globally constrained deformable models for 3D object reconstruction. *Signal Processing*, 71(2) :173–186.
- Mortensen, E. et Barrett, W. (1995). Intelligent scissors for image composition. Dans *Proceedings of the 22nd annual conference on Computer Graphics and Interactive Techniques*, pages 191–198. Association for Computing Machinery.
- Mourgues, F., Devernay, F., Malandain, G., et Coste-Manière, E. (2001). 3D+t Modeling of Coronary Artery Tree from Standard Non Simultaneous Angiograms. Dans Niessen,

- W. et Viergever, M., éditeurs, *Proceedings of Medical Image Computing & Computer-Assisted Intervention (MICCAI) 2001*, volume 2208 de *Lecture Notes in Computer Sciences*, pages 1320–1322. Springer-Verlag.
- Mourgues, F., Vieville, T., Falk, V., et Coste-Manière, E. (2003). Interactive Guidance by Image Overlay in Robot Assisted Coronary Artery Bypass. Dans *Proceedings of Medical Image Computing & Computer Assisted Intervention (MICCAI) 2003*, volume 2878 de *Lectures Notes in Computer Sciences*, pages 173–181, Montréal. Springer-Verlag.
- Movassaghi, B., Rasche, V., Viergever, M., Niessen, W., et Florent, R. (2003). 3D coronary reconstruction from calibrated motion-compensated 2D projections. Dans *Proceedings of Computer Assisted Radiology and Surgery (CARS) 2003*, volume 1256 de *International Congress Series*, pages 1079–1084. Elsevier.
- Natterer, F. (1986). *The Mathematics of Computerized Tomography*. Wiley.
- Nguyen, T. et Sklansky, J. (1994). Reconstructing the 3D medial axes of coronary arteries in single-view cineangiograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 13(1) :61–73.
- Nocedal, J. (1992). Theory of algorithms for unconstrained optimization. *Acta Numerica*, 1 :199–242.
- Olabarriaga, S., Breeuwer, M., et Niessen, W. (2003). Evaluation of Hessian-based filters to enhance the axis of coronary arteries in CT images. Dans *Proceedings of Computer Assisted Radiology and Surgery 2003*, volume 1256 de *International Congress Series*, pages 1191–1196, Londres. Elsevier.
- Orkisz, M., Bresson, C., Magnin, I., Champin, O., et P.C., D. (1997). Improved Vessel Visualization in MR Angiography by Non-linear Anisotropic Filtering. *Magnetic Resonance in Medicine*, 37 :914–919.
- Orkisz, M., Hernandez-Hoyos, M., Douek, P., et Magnin, I. (2000). Advances of blood vessel morphology analysis in 3D magnetic resonance images. *Machine Graphics & Vision*, 9(1/2) :463–471.
- Pack, J., Noo, F., et Kudo, H. (2003). Investigation of a saddle trajectory for cardiac CT imaging in cone beam geometry. Dans Bizais, Y., éditeur, *Proceedings of the Seventh International Conference on Fully 3D reconstruction and Nuclear Medicine*, pages Tu AM 1–2, Saint-Malo.
- Park, J., Metaxas, D., Young, A., et Axel, L. (1996). Deformable models with parameter functions for cardiac motion analysis from tagged MRI data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(3) :290–298.
- Parker, D., Wu, J., Pope, D., Van Bree, R., Caputo, G., et Marshall, H. (1988). *New Developments in Quantitative Coronary Arteriography*, Chapitre Three-dimensional reconstruction and flow measurements of coronary arteries using multi-view digital angiography, pages 225–247. Kluwer Academic Publishers.
- Payot, E., Preteux, F., Troussset, Y., et Guillemaud, R. (1996). 3D X-ray vascular reconstruction using an adaptive Markovian model. Dans *Proceedings of Computer Assisted Radiology (CAR) 1996*, pages 26–29.

- Pellot, C., Herment, A., Sigelle, M., Horain, P., Maître, H., et Peronneau, P. (1994). A 3D Reconstruction of Vascular Structures from Two X-Ray Angiograms Using an Adapted Simulated Annealing Algorithm. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 13(1) :48–60.
- Poli, R. et Valli, G. (1996). An algorithm for real-time vessel enhancement and detection. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 52 :1–22.
- Radeva, P., Amini, A., et Huang, J. (1997). Deformable B-solids and implicit snakes for 3D localization and tracking of SPAMM MRI data. *International Journal of Computer Vision and Image Understanding*, 66 :163–178.
- Raman, S., Magorien, R., Vaillant, R., Payne, P., Benali, K., et Bush, C. (2002). Rotational Cardiovascular X-Ray Imaging for Left Coronary Artery Angiography Using a Digital Flat-Panel Cardiac Imaging System. *American Journal of Cardiology*, 90(6A).
- Rasche, V., Grass, M., Koppe, R., Bücken, A., Günther, R., Köhl, H., Op de Beek, J., Bertrams, R., et Suurmond, R. (2002). ECG-gated 3D rotational coronary angiography. Dans *Proceedings of Computer Assisted Radiology and Surgery 2002*, pages 826–831, Paris. Springer-Verlag.
- Roux, S., Desbat, L., Koenig, A., et Grangeat, P. (2002). Efficient acquisition protocol for cardiac dynamic CT. Dans *IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record*, volume 3, pages 1612–1616.
- Ruan, R., Bruno, A., Collorec, R., et Coatrieux, J. (1994). 3D motion and reconstruction of coronary arteries from biplane cineangiography. *Image and Vision Computing*, 12(10) :683–689.
- Sato, T., Araki, T., et Hanayama, M. (1998a). A viewpoint determination system for stenosis diagnosis and quantification in coronary angiographic image acquisition. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(1) :121–137.
- Sato, Y., Nakajima, S., Shiraga, N., Atsumi, H., Toshida, S., Koller, T., Gerig, G., et Kikinis, R. (1998b). 3D multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images. *Medical Image Analysis*, 2(2) :143–168.
- Segal, B. (2000). Grid Computing : The European Data Grid Project. Dans *IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record*, volume 1, page 2/1, Lyon.
- Sermesant, M., Forest, C., Pennec, X., Delingette, H., et Ayache, N. (2003). Deformable biomechanical models : Application to 4D cardiac image analysis. *Medical Image Analysis*, 7(4) :475–488.
- Serra, J. (1982). *Image analysis and mathematical morphology*. Academic Press.
- Shechter, G. (2003). *Respiratory Motion of the Heart : Implications for Magnetic Resonance Coronary Angiography*. Thèse de Doctorat, Johns Hopkins University, Baltimore.
- Shechter, G., Devernay, F., Quyyumi, A., Coste-Manière, E., et McVeigh, E. (2003). Three-Dimensional Motion Tracking of Coronary Arteries in Biplane Cineangiograms. *IEEE Transactions in Medical Imaging*, 22(4) :493–603.
- Shewchuck, J. (1994). An introduction to the conjugate gradient method without agonizing pain. Rapport technique, Carnegie Mellon University.

- Smets, C., Verbeecq, G., Suetens, P., et Osterlinck, A. (1988). A knowledge-based system for the delineation of blood vessels on subtraction angiograms. *Pattern Recognition Letters*, 8(2) :113–121.
- Solzbach, U., Oser, U., Rombach, M., et Wollschlager, H. (1994). Optimum Angiographic Visualization of Coronary Segments Using Computer-Aided 3D-Reconstruction from Biplane Views. *Computers and Biomedical Research*, 27(3) :178–198.
- Triggs, B., McLauchlan, P., Hartley, R., et Fitzgibbon, A. (2000). Bundle Adjustment – A Modern Synthesis. Dans Triggs, W., Zisserman, A., et Szeliski, R., éditeurs, *Vision Algorithms : Theory and Practice*, volume 1883 de *Lectures Notes in Computer Sciences*, pages 298–375. Springer-Verlag.
- Turro, N., Khatib, O., et Coste-Manière, E. (2001). Haptically Augmented Teleoperation. Dans *IEEE International Conference on Robotics and Automation*, volume 1, pages 386–392, Séoul.
- Vanderplaats, G. (1973). *CONMIN - A Fortran program for constrained function minimization - User's manual*. NASA. Technical Memorandum X-62,282.
- Wahle, A., Oswald, H., et Fleck, E. (1996). 3D heart-vessel reconstruction from biplane angiograms. *IEEE Computer Graphics and Applications*, 16(1) :65–73.
- Wahle, A., Oswald, H., Schulze, G., Beier, J., et Fleck, E. (1991). 3-d Reconstruction, Modeling and Viewing of Coronary Vessels. Dans *Computer Assisted Radiology (CAR) 1991*, pages 669–676. Springer-Verlag.
- Wahle, A., Prause, G., DeJong, S., et Sonka, M. (1999). Geometrically Correct 3-D Reconstruction of Intravascular Ultrasound Images by Fusion with Biplane Angiography - Methods and Validation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(8) :686–699.
- Wahle, A., Wellnhofer, E., Mugaragu, I., Sauer, H., Oswald, H., et Fleck, E. (1995). Assessment of Diffuse Coronary Artery Disease by Quantitative Analysis of Coronary Morphology based upon 3-D Reconstruction from Biplane Angiograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(2) :230–241.
- Wang, Y., Riedere, S., et Ehman, R. (1995). Respiratory Motion of the Heart : Kinematics and the Implications for the spatial resolution in coronary imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 33(5) :713–719.
- Wellnhofer, E., Wahle, A., Mugaragu, I., Gross, J., Oswald, H., et Fleck, E. (1999). Validation of an Accurate Method for Three-Dimensional Reconstruction and Quantitative Assessment of Volumes, Lengths and Diameters of Coronary Vascular Branches and Segments from Biplane Angiographic Projections. *International Journal of Cardiac Imaging*, 15(5) :339–353.
- Windiga, P., Garreau, M., et Coatrieux, J. (1998). Estimation of search-space in 3D coronary artery reconstruction using biplane images. *Pattern Recognition Letters*, 19(14) :1325–1330.
- Wu, J. et Parker, D. (1990). Three-dimensional reconstruction of coronary arteries using more than two projections. *Medical Imaging IV : Image Processing*, 1233 :77–83.

Résumé : L'angiographie par rayons X est la modalité d'imagerie médicale la plus utilisée pour l'exploration des pathologies des vaisseaux coronariens. La routine clinique actuelle repose sur l'utilisation brute des images angiographiques. Pourtant, ces images présentent des défauts tels que le raccourcissement des longueurs, l'effet de grandissement ou la présence de superpositions. Ces faiblesses peuvent fausser le diagnostic et le choix thérapeutique.

Nous proposons d'exploiter un nouveau mode d'acquisition angiographique, le mode rotationnel, pour produire des modélisations tridimensionnelles et dynamiques de l'arbre coronaire. Ces modélisations permettraient de s'affranchir des défauts intrinsèques aux images.

Notre travail se compose de trois étapes. Dans un premier temps, une reconstruction 3D multi-oculaire donne un modèle statique des lignes centrales des artères coronaires, prenant en compte le mouvement respiratoire. Par la suite, un mouvement 4D des artères coronaires est déterminé sur l'ensemble du cycle cardiaque. Enfin, la connaissance des mouvements respiratoire et cardiaque permet de réaliser la reconstruction tomographique des artères coronaires.

Nous avons testé notre approche sur une base de 22 patients et avons proposé de nouveaux outils et applications cliniques à partir de ces modélisations tridimensionnelles et dynamiques. Ces outils diagnostiques ont été prototypés et feront l'objet d'une validation clinique.

Mots-clés : angiographie coronaire, reconstruction stéréoscopique 3D, mouvement 4D, reconstruction tomographique.

3D and 3D+t modelling of coronary arteries from rotational sequences of X-ray projections

Abstract : X-ray angiography is the mostly used imaging modality for the diagnosis of coronary arteries pathologies. Current clinical routine relies on a rough processing of X-ray projections. However, images have defects such as length foreshortening, magnification effect, and superimpositions. These difficulties impact diagnosis and therapeutical orientation.

We propose to take advantage of a new angiography acquisition mode : the rotational mode, so that to produce tridimensional and dynamic models of the coronary tree. These models would allow to overcome the intrinsic defects of images.

Our work is divided in three parts. First, a 3D multi-ocular reconstruction leads to a static model of coronary arteries centerlines, including the respiratory motion. Then, a 4D motion model of coronary arteries is computed over the entire cardiac cycle. Finally, knowledge of respiratory and cardiac motions is incorporated to perform the tomographic reconstruction of coronary arteries.

We have tested our approach on a 22 patients database and have proposed new tools and clinical applications for these tridimensional and dynamic models. These diagnostic tools have been prototyped and will be involved in clinical studies.

Keywords : coronary angiography, 3D stereoscopic reconstruction, 4D motion, tomographic reconstruction.

Thèse préparée dans l'équipe Chir (Chirurgie Informatique et Robotique)
à l'Institut National de Recherche en Informatique et Automatique
2004 route des Lucioles, 06902 Sophia-Antipolis, France.