

TABLE DES MATIÈRES

	Page
INTRODUCTION.....	1
CHAPITRE 1 REVUE DES CONNAISSANCES ET ÉTAT DE L'ART	7
1.1 Anatomie du système cardiovasculaire	7
1.1.1 Le coeur	9
1.1.2 Anatomie des artères coronaires.....	9
1.1.3 Pathologies des artères coronaires.....	11
1.1.3.1 Athérome et sténose coronaire.....	12
1.1.3.2 Athérosclérose, thrombose et infarctus.....	12
1.1.4 Angioplastie des artères coronaires	14
1.2 Dynamique et cinématique du coeur.....	15
1.2.1 Réseau nerveux et cycle cardiaque	15
1.2.2 Electrocardiographie (ECG).....	16
1.2.3 Mouvement cardiaque et mouvement respiratoire.....	17
1.3 Imagerie des artères coronaires	21
1.3.1 Modalités d'imagerie	21
1.3.1.1 Angiographie 2D	22
1.3.1.2 Tomodensitométrie 3D/4D.....	23
1.3.2 Traitements des images médicales	25
1.3.2.1 Segmentation des images 2D et 3D	25
1.3.2.2 Projection des données 3D.....	31
1.4 Compensation du mouvement des artères coronaires	33
1.4.1 Méthodes de suivi 2D.....	37
1.4.2 Méthodes de reconstruction 3D	40
1.4.3 Recalage 3D/2D.....	44
1.4.3.1 Recalage 3D/2D par atlas déformable.....	51
1.4.3.2 Recalage 3D/2D par modèle vasculaire non-rigide.....	55
1.4.3.3 Recalage 3D/2D stochastique.....	58
1.4.4 Sommaire de la revue de littérature	66
CHAPITRE 2 MÉTHODOLOGIE	69
2.1 Description introductive	70
2.1.1 Cadre d'étude.....	70
2.1.2 Solution de compensation proposée.....	72
2.2 Modèle génératif	73
2.2.1 Réseau Bayésien dynamique	74
2.2.2 Composantes du modèle génératif	76
2.3 Estimation de vraisemblance.....	79

2.3.1	Métrique de similarité.....	80
2.3.1.1	Similarité cosinus	81
2.3.1.2	Covariance normalisée	82
2.3.1.3	Covariance normalisée de gradients	82
2.3.1.4	Information Mutuelle.....	83
2.3.2	Technique de diffusion.....	84
2.3.2.1	Transformée de distance Euclidienne	85
2.3.2.2	Transformée de distance rationnelle	86
2.4	Modèle de mouvement cardiaque	87
2.4.1	Modèle de déformation local	87
2.4.1.1	Le repère planisphérique	89
2.4.1.2	Changement de coordonnées	91
2.4.1.3	Déformation planisphérique	93
2.4.2	Modèle de déformation global.....	94
2.4.3	Évolution cyclique des paramètres	95
2.4.3.1	Estimation de la phase cardiaque	95
2.4.3.2	Gabarits de paramètres	98
2.5	Compensation du mouvement comme maximisation a posteriori.....	102
2.5.1	Approche Bayésienne	102
2.5.2	Filtre de particules	104
2.6	Évaluation du modèle proposé	107
2.6.1	Erreurs évaluées	108
2.6.1.1	Erreur cible-à-objet (TRE)	108
2.6.1.2	Erreur systématique et distorsion statistique	109
2.6.2	Processus de simulation.....	109
2.6.2.1	Séquence de déformation	110
2.6.2.2	Critère de similarité	112
2.6.2.3	Perturbations envisagées	112
2.6.2.4	Filtre de particules.....	114
2.6.2.5	Tableau de configuration	114
2.6.3	Évaluation avec des données réelles	114
CHAPITRE 3	RÉSULTATS ET DISCUSSIONS.....	117
3.1	Données de tests	118
3.1.1	Fantôme vasculaire.....	118
3.1.2	Données MSCT segmentées	119
3.1.3	Angiographies segmentées	120
3.2	Définition de gabarits de paramètres.....	121
3.3	Évaluation des critères de similarité	124
3.3.1	Mesures considérées	124
3.3.2	Résultats	125
3.4	Comportement de la méthode de compensation.....	127
3.4.1	Procédé d'évaluation.....	127

3.4.2	Résultats	129
3.5	Robustesse de la méthode de compensation	135
3.5.1	Influence du recalage initial	136
3.5.2	Influence du bruit de formation d'images	141
3.5.3	Variabilité inter-patients	145
3.6	Compensation de mouvement sur des données réelles	149
CONCLUSION		157
ANNEXE I : Sélection du meilleur point-de-vue		161
ANNEXE II : Résultats complémentaires pour les tests de recalage initial		165
ANNEXE III : Résultats complémentaires pour les tests inter-patients		171
APPENDICE A : Anatomie détaillée des artères coronaires		173
APPENDICE B : Commentaires sur l'estimation spectrale de la phase cardiaque		177
BIBLIOGRAPHIE		178

LISTE DES TABLEAUX

	Page
Tableau 1.1	Déplacement et vitesse des artères coronaires pour les mouvements cardiaque et respiratoire 18
Tableau 1.2	Résultats obtenus dans Aouadi et Sarry [2007] 63
Tableau 2.1	Notations adoptées pour le modèle stochastique 72
Tableau 2.2	Tableau de configuration de simulation 116
Tableau 3.1	Paramètres de simulation pour l'évaluation des critères de similarité 125
Tableau 3.2	Classement des critères de similarité suivant trois critères d'erreur normalisés 126
Tableau 3.3	Paramètres de simulation pour l'évaluation de l'influence des paramètres de la méthode 128
Tableau 3.4	Paramètres de simulation par défaut 134
Tableau 3.5	Paramètres de simulation pour l'évaluation de l'influence du recalage initial 137
Tableau 3.6	Paramètres de simulation pour l'évaluation de l'influence de l'incertitude sur la position 3D des points de la ligne centrale 142
Tableau 3.7	Erreurs TRE 2D et 3D pour les tests de variabilité inter-patient 146
Tableau 3.8	Paramètres de similarité et du filtre de particules pour l'évaluation sur données réelles 152
Tableau 3.9	Configuration manuelle des gabarits pour la compensation sur données réelles 152

LISTE DES FIGURES

	Page
Figure 0.1	Schéma global de notre méthode de compensation 4
Figure 1.1	Anatomie du coeur..... 8
Figure 1.2	Termes d'orientation anatomique utilisés par les cliniciens 10
Figure 1.3	Anatomie sommaire des artères coronaires 11
Figure 1.4	Sténose, thrombose, et pose de stent par angioplastie 13
Figure 1.5	Réseau nerveux d'impulsion et électrocardiogramme 17
Figure 1.6	Évolution de l'activité cardiaque au cours d'un cycle en fonction du rythme cardiaque 20
Figure 1.7	Dispositifs d'imagerie à rayons X CT et C-arm 24
Figure 1.8	Représentation géométrique des vecteurs propres de la matrice Hessienne pour des structures tubulaires 30
Figure 1.9	Exemple de filtrage vasculaire sur une image angiographique cardiaque 31
Figure 1.10	Schématisation du recalage 3D/2D itératif par méthode projective 36
Figure 1.11	Méthode de suivi structurel des bifurcations sur des séquences XA 39
Figure 1.12	Déformation non-rigide par B-solide 43
Figure 1.13	Modélisation de l'arbre coronaire comme un graphe 56
Figure 1.14	Modélisation géométrique de la silhouette 59
Figure 2.1	Fonctionnement détaillé de l'algorithme de recalage 3D/2D 71
Figure 2.2	Réseau Bayésien dynamique modélisant l'évolution du processus Markovien 73
Figure 2.3	Illustration de l'équation de transition sur l'estimation de la valeur d'un paramètre de déformation 78

Figure 2.4	Illustration de l'information apportée par une transformation de distance ...	85
Figure 2.5	Exemple imagé des étapes de segmentation	86
Figure 2.6	Exemples de transformées de distance rationnelles	87
Figure 2.7	Comparaison des repères cylindrique, sphérique et planisphérique	89
Figure 2.8	Exemple de repère planisphérique	90
Figure 2.9	Passage au système de coordonnées planisphérique	91
Figure 2.10	Estimation spectrale de la phase cardio-respiratoire sur une séquence angiographique	97
Figure 2.11	Graphes de la fonction τ pour différentes valeurs de δ et μ	101
Figure 2.12	Représentation graphique de résultats statistiques sous forme de diagramme en boîte	110
Figure 3.1	Fantôme vasculaire utilisé pour les tests	118
Figure 3.2	Lignes centrales extraites des segmentations de cinq examens CT de patients atteints de cardiopathies coronariennes	119
Figure 3.3	Exemple de ligne centrale 3D réelle avec information de rayon artériel	120
Figure 3.4	Images angiographiques segmentées	121
Figure 3.5	Exemple de spécification des paramètres de déformation pour la création d'un mouvement cardiaque factice	122
Figure 3.6	Évolution de la mesure de similarité et des erreurs TRE 2D et 3D, en fonction de la confiance au gabarit et du nombre de particules, pour différentes altérations de mouvement sans désynchronisation	132
Figure 3.7	Évolution de la mesure de similarité et des erreurs TRE 2D et 3D, en fonction de la confiance au gabarit et du nombre de particules, pour différentes perturbations de désynchronisation	133
Figure 3.8	Évolution de la mesure de similarité et des erreurs TRE 2D et 3D, en fonction de la confiance au gabarit et du nombre de particules, pour les paramètres de perturbation sélectionnés pour la suite des simulations	134

Figure 3.9	Évolution des erreurs TRE 2D et 3D moyennes au cours de la séquence et en fonction de $\Sigma_{i,0}$	138
Figure 3.10	Cinq exemples de variation de l'erreur TRE 2D au cours de séquences de déformation pour chaque valeur de $\Sigma_{i,0}$	139
Figure 3.11	Variation des erreurs TRE 2D et 3D au cours de la séquence de déformation $M = 3$ pour $\sigma_x \in [0.01, 0.05, 0.15]$	143
Figure 3.12	Évolution des erreurs TRE au cours de la séquence et en fonction de σ_x pour l'étude du bruit de formation des images	144
Figure 3.13	Variabilité inter-patient de l'erreur TRE 2D moyenne au cours de quatre séquences de déformation	147
Figure 3.14	Variabilité inter-patient de l'erreur TRE 3D moyenne au cours de quatre séquences de déformation	148
Figure 3.15	Résultats visuels de l'évaluation sur données réelles	154
Figure 3.16	Comparaison des paramètres estimés et des paramètres de gabarit pour l'évaluation sur données réelles	155

LISTE DES ABRÉVIATIONS, SIGLES ET ACRONYMES

2D/3D/4D	Deux, Trois et Quatre dimensions
ACP	Analyse de Composantes Principales
AG/AD	Atrium Gauche/Droit
AV	Noeud atrioventriculaire
bpm	Battements par minute
CHD	Cardiopathie coronarienne (<i>Coronary Heart Disease</i>)
CT	Tomodensitométrie (<i>Computed Tomography</i>)
Cx	Branche circonflexe de l'artère coronaire gauche
CVD	Maladie cardio-vasculaire (<i>Cardio-Vascular Disease</i>)
DRR	Radiographie synthétisée numériquement (<i>Digitally Reconstructed Radiography</i>)
DSA	Angiographie par soustraction numérique (<i>Digital Substraction Angiography</i>)
DT	Transformée de distance (<i>Distance Transform</i>)
ECG	Électrocardiographie, Électrocardiogramme
HMM	Modèle de Markov caché (<i>Hidden Markov Model</i>)
ICP	Algorithme <i>Iterative Closest Point</i>
IRM	Imagerie par résonance magnétique
IVA	Branche interventriculaire antérieure de l'artère coronaire gauche
IVP	Branche interventriculaire postérieure de l'artère coronaire droite

LCA	Artère coronaire gauche (<i>Left Coronary Artery</i>)
MAP	Maximisation à posteriori
MCMC	Méthodes d'échantillonnage séquentiel de Monte-Carlo (<i>Markov Chain Monte-Carlo</i>)
MLE	Estimation du maximum de vraisemblance (<i>Maximum-Likelihood Estimation</i>)
MSCT	Tomodensitométrie multi-tranches (<i>Multi-Slice Computed Tomography</i>)
NHLBI	National Heart, Lung and Blood Institute
RCA	Artère coronaire droite (<i>Right Coronary Artery</i>)
RVG	Branche rétroventriculaire gauche de l'artère coronaire droite
RMS	Valeur efficace (<i>Root Mean Square</i>)
ROI	Région d'intérêt (<i>Region Of Interest</i>)
SIR	Échantillonnage avec rééchantillonnage par importance (<i>Sampling Importance Resampling</i>)
TRE	Erreur cible-à-objet (<i>Target to Registration Error</i>)
VG/VD	Ventricule Gauche/Droit
XA	Angiographie par imagerie à rayons X

INTRODUCTION

Toutes les 25 secondes en moyenne, un incident cardiovasculaire directement lié aux artères coronaires se produit en Amérique du Nord (Roger et al. [2011]). Une personne en meurt chaque minute. Selon les derniers rapports de l'Organisation Mondiale de la Santé, les maladies cardiovasculaires (CVD) sont la première cause de mortalité à travers le monde, avec 17.3 millions de décès chaque année (soit un tiers de la mortalité à l'échelle mondiale). Les cardiopathies coronariennes (CHD) sont responsables d'une mort sur six aux États-Unis et en Europe (Roger et al. [2011], Allender et al. [2008]).

Toute contribution scientifique permettant d'aider à la prévention, au dépistage, au diagnostic, à l'intervention, au traitement ou au rétablissement des patients atteints de CVD, ou même simplement à réduire les coûts actuels liés à ces procédures, est la bienvenue. Le domaine de l'analyse d'information en imagerie médicale est en particulier très sollicité actuellement pour fournir des outils fiables permettant une meilleure visualisation des données médicales, une meilleure interaction avec celles-ci, des diagnostics automatisés, et toute autre assistance chirurgicale pré-, intra- ou post-opératoire.

Les CHD s'opèrent communément au moyen d'interventions percutanées qui ne nécessitent pas l'ouverture du thorax ; un long tube flexible appelé *cathéter* est inséré dans le système sanguin par l'artère fémorale pour accéder à la région cardiaque, on parle de *chirurgie minimalement invasive*. Ce type d'intervention requiert toutefois l'utilisation de dispositifs d'imagerie pour le diagnostic médical et la navigation intra-opératoire. En général, un volume statique de la zone cardiaque est acquis par tomodensitométrie (CT-scan) pour le diagnostic, et des séquences d'images à rayons X (XA) sont acquises durant l'intervention à différents instants. Le chirurgien est capable de fusionner mentalement les informations acquises avant l'opération, avec les images observées pendant ; il s'agit là d'une tâche extrêmement complexe, et que le mouvement cardiaque observable sur les images ne facilite pas.

En outre, les vaisseaux sanguins ne sont pas visibles tels quels sur les images radiographiques acquises pendant l'opération ; un composant iodé (toxique à forte dose) doit être injecté dans le flot sanguin pendant l'acquisition des images afin de rendre le sang radio-opaque pour quelques secondes, et ainsi faire ressortir les vaisseaux et artères par contraste sur les images : on parle d'*angiographie*.

Plusieurs études (Markelj et al. [2010], Dubuisson-Jolly et al. [1998], Eigler et al. [1994]) avancent qu'une stabilisation artificielle – ou *compensation du mouvement* – des artères coronaires sur les séquences angiographiques peut améliorer de façon significative la navigation et la précision pendant les interventions. Plusieurs approches existent dans la littérature pour résoudre ce problème : reconstruction 3D, suivi temporel, ou recalage 3D/2D par exemple.

Ce problème est difficile principalement pour les raisons suivantes :

- Le mouvement cardiaque est brusque et complexe à modéliser (déformations non-linéaires causées par les activités cardiaques et respiratoires),
- L'anatomie des artères coronaires varie significativement d'un patient à un autre, ce qui complique la conception de méthodes d'apprentissage,
- L'application souhaitée (navigation intra-opératoire) requiert des solutions potentiellement calculables en *temps réel*, ce qui limite la complexité des algorithmes proposés.

Les tendances récentes de recherche en compensation du mouvement sont aux méthodes de recalage 3D/2D, qui visent à aligner des données médicales provenant de différentes modalités d'imagerie dans un même repère de l'espace. Les approches existantes favorisent soit une *personnalisation* des algorithmes visant à les rendre spécifiques au patient traité, soit une *expertise* du système basée sur un apprentissage simulé. Toutefois, une vérité commune à la majorité des méthodes en compensation cardiaque est que celles-ci ne tirent pas parti du caractère *cyclique* du mouvement ; nous le verrons dans la revue de littérature.

Par ailleurs, le nombre de paramètres utilisés dans les modèles présentés sont généralement très conséquents, ce qui d'une part complique et ralonge l'étape d'optimisation de ces paramètres lors du recalage, et d'autre part incite à la formulation de contraintes fortes qui ont pour effet de limiter l'efficacité de ces algorithmes dans le cas de déformations importantes ou soudaines (comme c'est le cas pour la déformation cardiaque).

Notre projet de recherche appartient à la catégorie des méthodes de recalage 3D/2D, et propose un *algorithme stochastique de compensation du mouvement 3D des artères coronaires à partir d'une séquence angiographique sous un seul angle de vue*. Ce dernier point permet de contourner les problèmes actuels de synchronisation ou de mise en correspondance entre différentes vues, tout en réduisant l'encombrement de la salle d'opération et la quantité de radiation pour le patient. La cyclicité du mouvement est incluse implicitement dans notre modèle et nous supposons qu'un modèle 3D des artères coronaires du patient traité est préalablement segmenté sur un volume CT pré-opératoire. La question à laquelle nous tentons de répondre est la suivante : **le mouvement 3D des artères coronaires peut-il être estimé ou compensé efficacement à l'aide d'un modèle décrivant le mouvement cardiaque, et avec pour seules informations un modèle 3D statique des artères et une séquence angiographique monoculaire ?**

Pour y répondre, nous adoptons une approche *projective*, schématisée Fig. 0.1. Un modèle de déformation non-rigide 3D est tout d'abord défini avec peu de paramètres, et un modèle de Markov caché est proposé pour modéliser le processus qui résulte en l'observation des images angiographiques. Les relations définies dans le réseau Bayésien qui représente le modèle Markovien permettent de contraindre de manière flexible l'évolution des paramètres de déformation au cours du temps, tout en incluant implicitement la contrainte de cyclicité de mouvement dans le processus d'optimisation. Le recalage est effectué à chaque nouvelle image en estimant les paramètres de déformation les plus pertinents, de manière à ce que la projection du modèle 3D déformé s'aligne au mieux avec les artères observées sur l'image angiographique recalée.

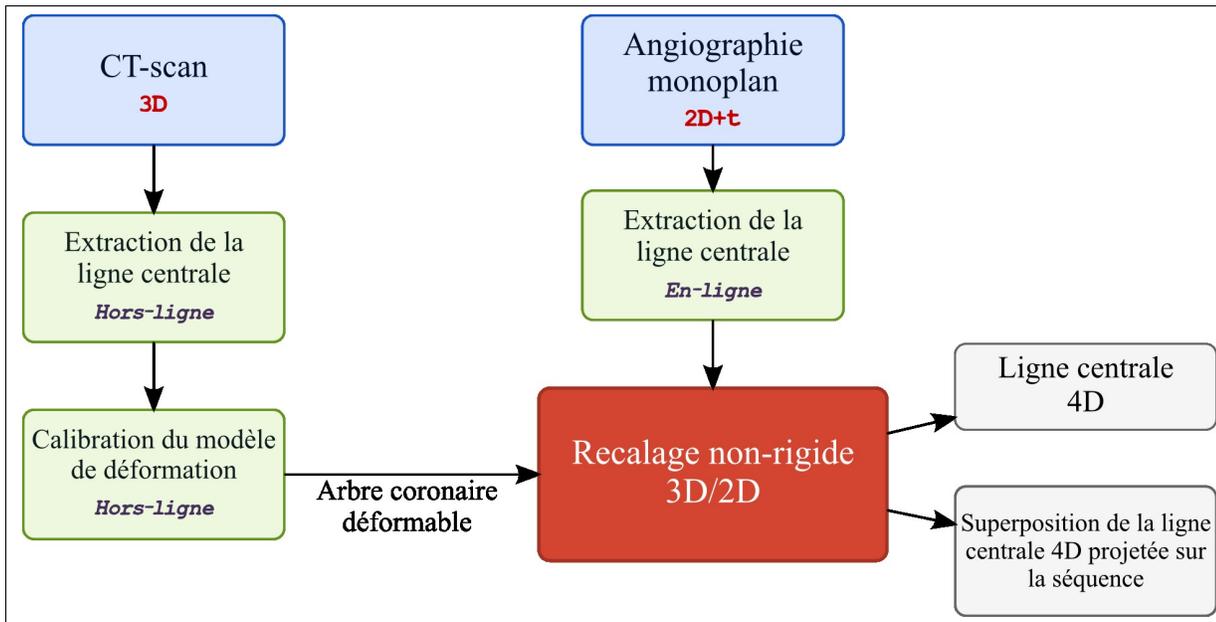


Figure 0.1 - Schéma global de notre méthode de compensation

La *ligne centrale* des artères coronaires désigne l'ensemble des courbes imaginaires passant par le centre de toute section des artères.

Le choix du meilleur recalage à chaque instant est basé sur une mesure de similarité entre l'image projetée et l'image observée, et l'estimation des paramètres de déformation optimaux est effectuée par filtrage particulière. Les temps de calcul atteints sont particulièrement faibles (quelques secondes par image) par rapport aux méthodes existantes (quelques minutes par image), et ouvrent la voie à des méthodes de compensation en *temps réel* moyennant une implémentation optimisée.

Les contributions principales de ce mémoire sont de permettre la compensation non-rigide du mouvement cardiaque en trois dimensions, avec un faible temps de calcul, à partir d'une séquence angiographique sous un seul angle de vue, et à l'aide d'une méthode *générale mais personnalisable*, capable d'apprendre les caractéristiques du mouvement cardiaque spécifiques à un patient en même temps qu'elle le compense.

Bien que la solution proposée soit encore expérimentale, et que certains points restent à consolider, les résultats obtenus sont très prometteurs, et nous espérons que cette étude encour-

agira la future collaboration de domaines de recherche présentement distincts pour répondre à cette problématique, à savoir : l'étude de la cinématique cardiaque, l'étude des modèles de déformation cardiaque, et l'étude du recalage 3D/2D.

Ce mémoire présente les résultats des travaux de recherche menés au Laboratoire d'Imagerie Interventionnelle du département de Génie Logiciel et des Technologies de l'Information de l'École de Technologie Supérieure à Montréal, sous la supervision des Pr. Luc Duong (PhD) et Pr. Christian Desrosiers (PhD), et avec la collaboration du Dr. Joachim Miro (M.D.) au département d'Hémodynamique du Centre Hospitalier Universitaire Sainte-Justine à Montréal.

Son contenu est divisé en trois chapitres. Le premier chapitre permet au lecteur de se familiariser avec les concepts médicaux, les caractéristiques du mouvement cardiaque, et les méthodologies scientifiques du domaine de la compensation du mouvement. Les publications de la littérature les plus pertinentes au regard de notre axe de recherche sont classées selon la méthodologie adoptée, présentées et discutées pour mettre en évidence la contribution de notre travail. Le second chapitre décrit le schéma de fonctionnement de notre méthodologie, puis traite ensuite point par point des différents composants de ce schéma. Les hypothèses de validité y sont clairement spécifiées, et la stratégie d'évaluation y est présentée. Le troisième et dernier chapitre présente et discute les résultats obtenus conformément à la stratégie d'évaluation proposée. La conclusion reprend enfin la formulation de notre problématique, et souligne les points clés de la méthodologie qui permettent d'y répondre. Des améliorations, ainsi que des extensions à notre travail sont suggérées à la lumière des résultats obtenus.

CHAPITRE 1

REVUE DES CONNAISSANCES ET ÉTAT DE L'ART

Nous présentons dans ce chapitre l'ensemble des informations nécessaires à la compréhension de la problématique posée, ainsi que de son contexte. Le contenu est divisé en quatre parties principales : l'anatomie du système cardiovasculaire, l'étude du mouvement cardiaque, les méthodes d'imagerie médicale qui permettent d'évaluer ce dernier, et enfin l'étude du problème de recalage 3D/2D sur des images médicales. Cette dernière partie présente les travaux scientifiques trouvés dans la littérature, qui nous ont paru pertinents au regard de notre problématique, et qui mettent en évidence la contribution de notre travail de recherche.

1.1 Anatomie du système cardiovasculaire

Afin de faciliter la présentation du contexte médical de notre projet, il est nécessaire d'effectuer un bref survol de l'anatomie cardiaque et des pathologies qui touchent les artères coronaires. Le coeur, et le réseau vasculaire auquel il est relié, constituent ensemble le *système cardiovasculaire*. Ils assurent l'un et l'autre les deux fonctions principales de ce système, à savoir : la **fonction vasculaire**, c'est-à-dire l'acheminement du sang à travers le réseau vasculaire, et la **fonction cardiaque** qui décrit littéralement le rôle de «pompe» du muscle cardiaque. Le réseau vasculaire est un *circuit fermé* de circulation sanguine, que l'on peut diviser en deux parties qui se rejoignent au niveau des poumons :

- Le circuit *systémique*, dont le rôle est d'alimenter nos organes en oxygène et substrats : il est contrôlé par le **coeur gauche** (atrium¹ et ventricule gauche).
- Le circuit *pulmonaire*, dont le rôle est d'assurer l'évacuation du dioxyde de carbone et des déchets présents dans le sang. Les veines et capillaires transportant le sang «usé» se rejoignent pour former les veines caves supérieures et inférieures, qui ramènent le sang vers le **coeur droit** (atrium et ventricule droit, voir Fig. 1.1(a)).

1. L'atrium est aussi appelé *oreillette*.

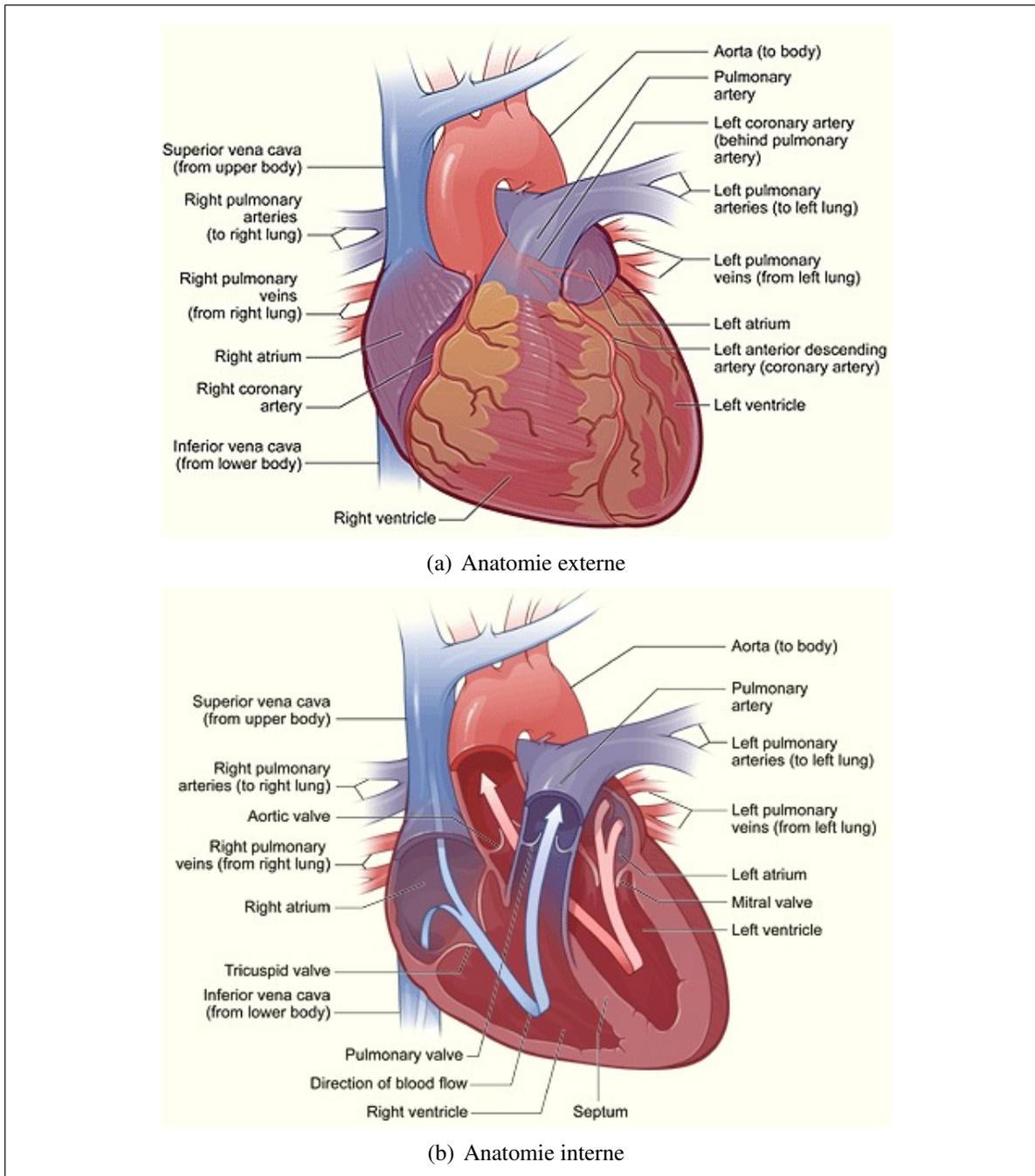


Figure 1.1 - Anatomie du coeur

Tirées de www.nhlbi.nih.gov/health/health-topics/images/heart_interior.gif et www.nhlbi.nih.gov/health/health-topics/images/hhw_1.gif avec l'autorisation du National Heart, Lung and Blood Institute (NHLBI).

1.1.1 Le coeur

Le muscle cardiaque, ou *myocarde*, est constitué de quatre cavités musculaires (voir Fig. 1.1(b)) fonctionnant de manière coordonnée pour assurer la **fonction cardiaque** ; il s'agit de faire circuler le sang dans le réseau vasculaire à un rythme qui permette au corps de rester en vie.

Les cavités musculaires se regroupent en deux couples atrium-ventricule (droit et gauche) séparés par une paroi appelée *septum* ; on parle de paroi *inter-auriculaire* entre les deux atriums, et de paroi *inter-ventriculaire* entre les deux ventricules. Les ventricules assurent les fonctions d'éjection du sang, tandis que les atriums jouent le rôle d'antichambres en accueillant le sang provenant des veines caves et artères pulmonaires (voir Fig. 1.1).

Atrium et ventricule sont séparées par des «soupapes» appelées *valvules atrioventriculaires* (tricuspides à droite, mitrales à gauche) ; celles-ci empêchent le sang de circuler à contre-sens au moment de la contraction cardiaque. Les ventricules sont également séparés des artères dans lesquelles ils éjectent le sang par des valvules *sigmoïdes*, qui empêchent le reflux vers les ventricules au moment de la relaxation cardiaque.

1.1.2 Anatomie des artères coronaires

Les artères coronaires se déploient autour du coeur (voir Fig. 1.3) : leur rôle est de vasculariser le muscle cardiaque afin qu'il puisse fonctionner, les pathologies qui touchent ces artères (décrites §1.1.3) sont donc potentiellement mortelles.

On distingue les parties droite (RCA) et gauche (LCA) de l'arbre vasculaire formé par ces artères. Nous donnons ci-après une description sommaire de leur anatomie, le lecteur intéressé pourra trouver plus de détails en Appendice A page 173. Il est nécessaire de définir au préalable quelques termes anatomiques (les définitions qui suivent utilisent les termes d'orientation anatomique définis Fig. 1.2) :

Ostium : c'est une ouverture ou un court canal vers une cavité, ou qui permet la communication entre deux cavités. On parle par exemple de l'ostium coronaire gauche (resp. droit)

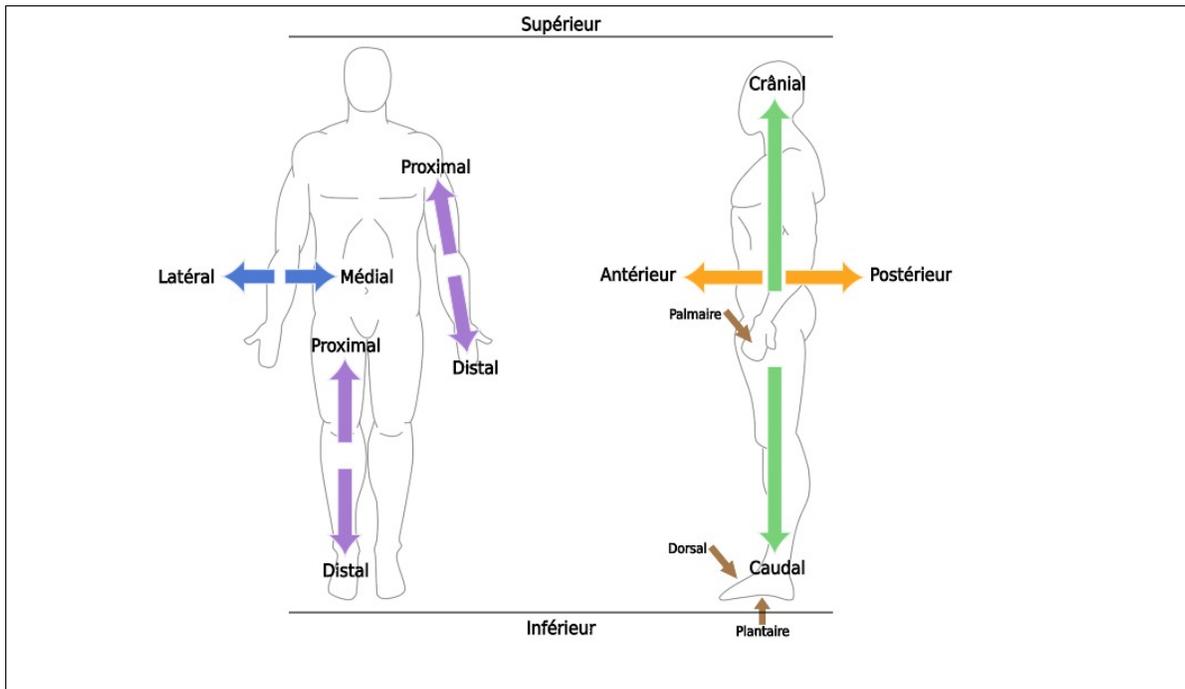


Figure 1.2 - Termes d'orientation anatomique utilisés par les cliniciens

Tirée de fr.wikipedia.org/wiki/Systeme_de_reference_en_anatomie.

pour désigner la racine de l'artère coronaire gauche (LCA) (resp. RCA pour l'artère coronaire droite) au niveau de l'aorte.

Apex : désigne la pointe distale du myocarde, commune aux deux ventricules.

Noeud sinusal : ensemble de cellules situé dans la paroi proximale de l'atrium droit (AD), et dont la dépolarisation déclenche la contraction auriculaire.

La topologie de la LCA est notablement plus complexe que celle de la RCA. Elle prend naissance sur l'aorte (ostium coronaire gauche) et se sépare en deux ramifications principales : la branche interventriculaire antérieure (IVA) et la branche circonflexe (Cx). Celles-ci alimentent respectivement les parois antérieure et latérale du VG. La RCA vascularise quant à elle l'atrium droit (AD), le septum interauriculaire, et la partie antérieure du ventricule droit (VD). Elle donne naissance principalement aux branches interventriculaire postérieure (IVP) et rétroventriculaire gauche (RVG), qui alimentent respectivement le septum interventriculaire et la séparation atrioventriculaire sur la partie distale du VD.

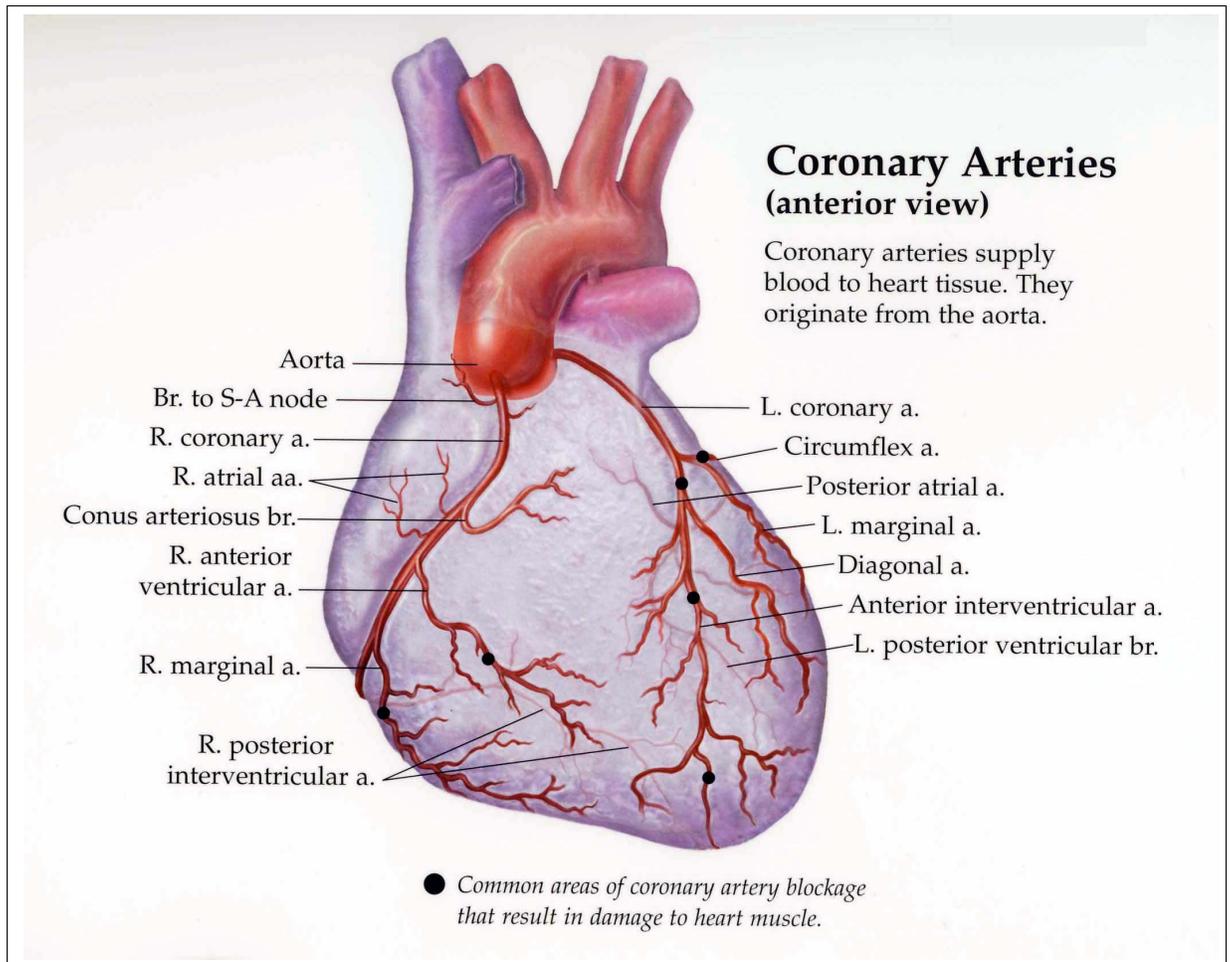


Figure 1.3 - Anatomie sommaire des artères coronaires

Tirée de www.houstonheartcenter.com/Coronary_Arteries.jpg avec l'autorisation du Northwest Houston Heart Center.

1.1.3 Pathologies des artères coronaires

Les pathologies des artères coronaires (CHD) peuvent causer une dévascularisation locale du muscle cardiaque, se traduisant généralement par une atrophie musculaire partielle ou un infarctus (mortel).

Dans la suite, nous traitons en particulier des pathologies de *sténose* et de *thrombose*, dont nous détaillons les causes et les effets. Les interventions chirurgicales dans ces cas seront décrites dans la section suivante, §1.1.4.

1.1.3.1 Athérome et sténose coronaire

L'*athérome* est un dépôt de matières grasses (lipides, glucides complexes, tissus adipeux entre autres) qui se forme localement par accumulation sur la paroi interne (ou *lumen*) des artères coronaires. La formation de plaque d'athérome est particulièrement dangereuse car elle peut causer l'obstruction des canaux sanguins, et donc dégrader la vascularisation du muscle cardiaque.

Elle est généralement causée par un déséquilibre entre les concentrations de *mauvais* et de *bon* cholestérol dans le sang . Il existe d'ailleurs une forte corrélation entre le niveau de cholestérol dans le sang, la pression sanguine, et les risques de CVD mortelles. Certains facteurs comportementaux comme le tabagisme, l'obésité ou la consommation excessive de sel et d'alcool favorisent également la formation de plaques.

Lorsque l'obstruction du flot sanguin est *partielle*, on parle de **sténose coronaire** (voir Fig. 1.4(a)). Il en résulte généralement une atrophie partielle et locale du muscle cardiaque appelée *ischémie du myocarde*. Ce phénomène cause des maux de poitrines, ou *angors*², et peut être le signe précurseur d'un infarctus.

1.1.3.2 Athérosclérose, thrombose et infarctus

Lorsque la paroi fibreuse qui recouvre l'athérome sur le lumen du canal artériel est trop fine, celle-ci peut *rompre* en entraînant une coagulation dangereuse au niveau de la plaie vasculaire : c'est l'**athérosclérose** (voir Fig. 1.4(b)). La coagulation entraînée peut être à l'origine d'une obstruction *totale* de l'artère par un caillot sanguin – on parle alors de **thrombose** – pouvant entraîner la mort immédiate de la personne par arrêt cardiaque (infarctus).

2. Forme contractée du latin *angor pectoris* qui signifie littéralement *angine de poitrine*.

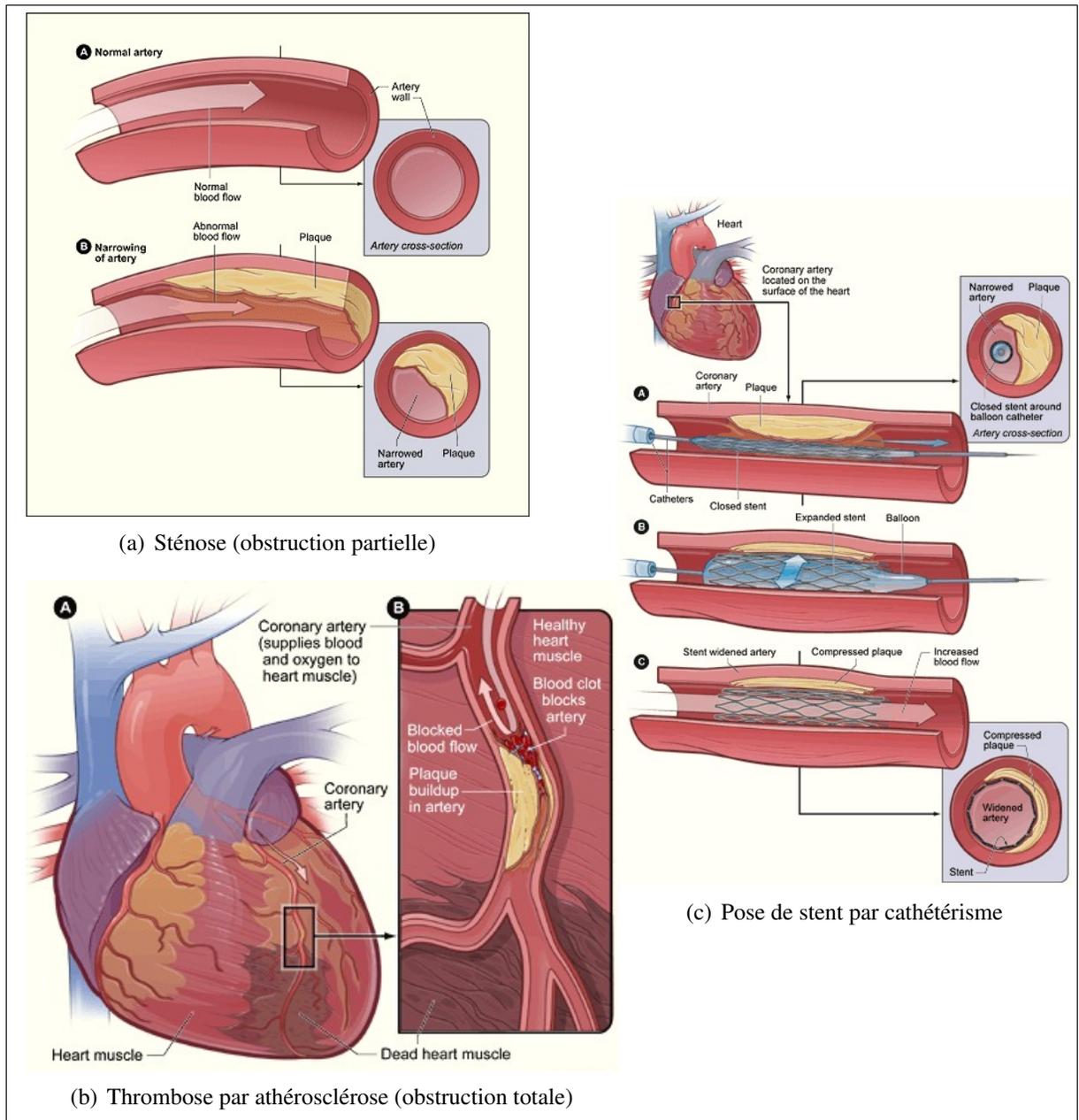


Figure 1.4 - Sténose, thrombose, et pose de stent par angioplastie

Tirées de www.nhlbi.nih.gov/health/health-topics/images/ather_lowres.gif,
www.nhlbi.nih.gov/health/health-topics/images/heart_coronary_artery.gif et
www.nhlbi.nih.gov/health/health-topics/images/stent_lowres.gif avec l'autorisation du NHLBI.

1.1.4 Angioplastie des artères coronaires

Les CHD mentionnées précédemment (sténoses et thromboses coronaires) s'opèrent communément sans avoir à ouvrir le thorax du patient pour accéder à la région cardiaque. En effet, les chirurgiens procèdent dans la plupart des cas par **cathétérisme cardiaque** ; un long tube creux et flexible, appelé *cathéter*, est inséré dans le réseau vasculaire – généralement au niveau de l'*artère fémorale* dans la jambe droite, mais parfois également au niveau de l'*artère radiale* dans l'avant-bras – puis guidé «à l'aveugle» par le chirurgien jusqu'à la zone à opérer (en l'occurrence jusqu'aux artères coronaires). Les instruments chirurgicaux adaptés sont ensuite glissés à l'intérieur du cathéter pour pouvoir opérer *directement sur la paroi interne des artères*, d'où le terme d'**angioplastie**.

Il existe plusieurs procédures d'angioplastie par cathétérisme :

Sans pose de stent : une sorte de «ballon gonflable» est glissé au travers du cathéter, et dilaté à l'endroit de la sténose. De cette manière, le diamètre original de l'artère est restauré, et le flot sanguin dans la zone en question est accru.

Avec pose de stent : lorsque la procédure précédente n'est pas suffisante pour rétablir un flot sanguin normal de façon permanente, on place un tube métallique appelé *stent* sur le ballon, lequel une fois déplié se fixe à la paroi de l'artère pour maintenir l'ouverture (voir Fig. 1.4(c)).

Atherectomie : un outil similaire à une *fraiseuse*, capable de «hâcher» la plaque d'athérome en le faisant tourner, est inséré le long du cathéter, et utilisé sur la plaque d'athérome. Cette procédure est également appelée *revascularisation percutanée*.

Ces procédures font partie des interventions dites *minimalement invasives*, parce qu'elles permettent de réduire considérablement l'effraction corporelle du patient et le traumatisme causé par l'acte chirurgical.

Elles ne requièrent en général qu'une anesthésie locale, et permettent par ailleurs de réduire les coûts hospitaliers, les risques d'infection intra-opératoire, ainsi que le temps de rétablissement du patient (le patient peut généralement quitter l'hôpital dans la journée).

Cependant, étant donné que l'intervention se déroule «à l'aveugle» pour le chirurgien, des dispositifs d'imagerie médicale doivent être utilisés pour guider le cathéter dans le réseau artériel (voir §1.3.1).

1.2 Dynamique et cinématique du coeur

Nous nous intéressons maintenant aux caractéristiques *temporelles* du muscle cardiaque. La principale particularité du coeur est qu'il est constamment en mouvement à l'intérieur de notre corps. Ce mouvement est causé par une activité électrique, permise par un réseau nerveux, qui déclenche cycliquement la contraction. Le cycle se répète à une fréquence plus ou moins élevée dépendamment de facteurs comme l'effort physique, l'anxiété, la déshydratation, l'adrénaline ou encore la consommation de certaines substances comme la caféine, les amphétamines ou le cannabis par exemple.

Dans cette section, nous présentons sommairement l'anatomie nerveuse du coeur dans un premier temps, puis caractérisons sa cinématique, en nous basant sur les études de Husmann et al. [2007] et Shechter et al. [2006].

1.2.1 Réseau nerveux et cycle cardiaque

L'activité électrique du coeur, responsable de son activité musculaire, est contrôlée par deux systèmes nerveux : le **système nerveux intrinsèque** (réseau nerveux dans les parois du coeur appelé *tissu nodal*, voir Fig. 1.5(a)), et le **système nerveux extrinsèque** (qualifié d'*autonome* ou de *végétatif*, contrôlé par le cerveau). Le premier a pour rôle de transformer l'impulsion électrique en contraction mécanique, tandis que le second régule la fréquence des impulsions envoyées par le cerveau.

Les fibres du muscle cardiaque, ou *cardiomyocytes*, sont formées de protéines contractiles (filaments d'actine et myosine) qui possèdent la propriété d'être *polarisées* au repos, et de se contracter en cas de dépolarisation. L'influx électrique de contraction est tout d'abord propagé dans les atriums, jusqu'au noeud atrioventriculaire, puis³ par le faisceau de His et les fibres de Purkinje jusqu'aux parois des ventricules (voir Fig. 1.5(a)). Il est littéralement transformé en énergie mécanique par les cardiomyocytes, ce qui provoque la contraction musculaire.

Le cycle cardiaque comporte quant à lui trois phases principales :

Systole auriculaire : elle correspond à une diminution du volume des atriums due à une contraction musculaire. Cette contraction crée un différentiel de pression entre les cavités auriculaires et ventriculaires, suffisant pour ouvrir les valves atrioventriculaires (tricuspide et mitrale, voir §1.1.1) et éjecter le sang vers les ventricules.

Systole ventriculaire : elle correspond à une diminution du volume des ventricules causée par une contraction musculaire. Cette contraction referme les valvules atrioventriculaires dans un premier temps, empêchant le reflux vers les cavités auriculaires, et éjecte le sang vers l'aorte ou vers l'artère pulmonaire par les valvules sigmoïdes.

Diastole : elle correspond à la période de relâchement des cavités auriculaires ou ventriculaires, pendant laquelle celles-ci se remplissent de sang. Par exemple, le ventricule est en fin de phase diastolique au moment de la systole auriculaire.

1.2.2 Electrocardiographie (ECG)

L'électrocardiographie (ECG) est une méthode de mesure de l'activité électrique du coeur. Chaque phase de la contraction possède une signature électrique particulière, et le signal électrique typique au cours d'un battement est donc *segmenté* en différentes ondes correspondant à chacune des phases de la contraction (voir Fig. 1.5(b)). Ces ondes, notées (P,Q,R,S,T) sont décrites ci-après.

3. L'influx électrique est retardé d'environ 120ms par le noeud atrioventriculaire, temps nécessaire pour assurer l'éjection du sang des atriums vers les ventricules avant la contraction ventriculaire.

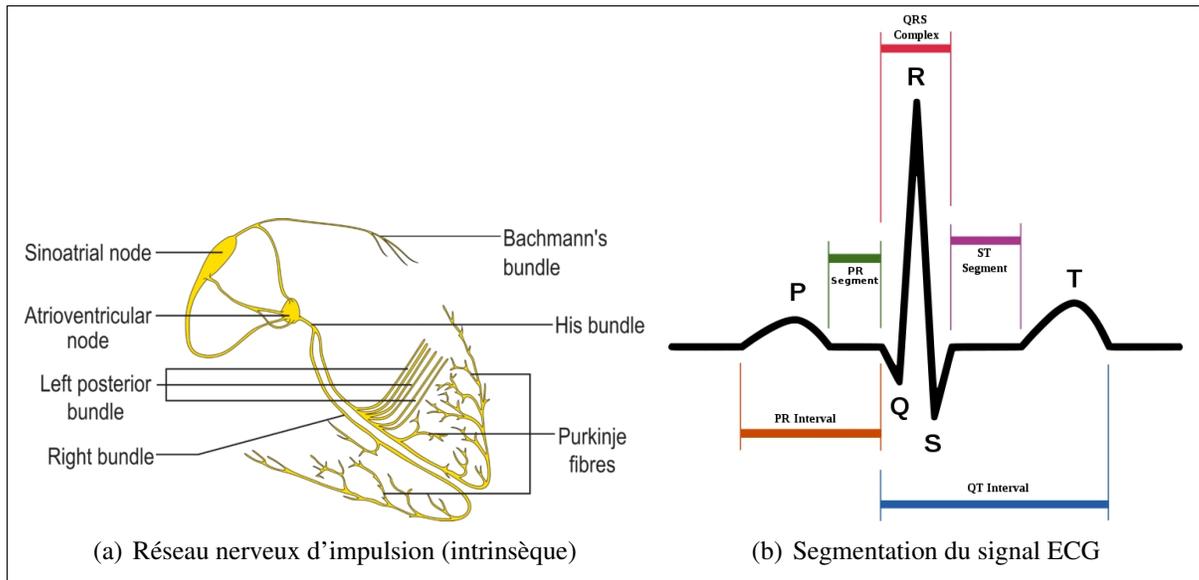


Figure 1.5 - Réseau nerveux d'impulsion et électrocardiogramme

Tirées de [en.wikipedia.org/wiki/File :ConductionsystemoftheheartwithouttheHeart.png](http://en.wikipedia.org/wiki/File:ConductionsystemoftheheartwithouttheHeart.png) et [en.wikipedia.org/wiki/File :SinusRhythmLabels.svg](http://en.wikipedia.org/wiki/File:SinusRhythmLabels.svg).

L'impulsion initiale provient du noeud sinusal : elle n'est pas visible sur l'ECG. La propagation de l'onde électrique dans les atriums, qui entraîne leur contraction, laisse une trace de déflexion positive sur l'ECG : c'est l'**onde P**. Celle-ci est suivie d'un segment plat (pas d'activité électrique) qui correspond aux 120ms d'attente au niveau du noeud atrioventriculaire, mentionnés précédemment. Suite à cette attente, l'onde électrique se propage rapidement à travers le faisceau de His et les fibres de Purkinje, entraînant la contraction rapide et puissante des ventricules ; il s'agit des ondes Q, R et S. On parle communément de **complexe QRS**. Enfin, on observe une nouvelle déflexion positive après le complexe QRS, l'**onde T**, qui correspond à la phase de repolarisation des cardiomyocytes ventriculaires ; il s'agit d'un phénomène purement électrique qui marque la fin des contraintes mécaniques appliquées au coeur.

1.2.3 Mouvement cardiaque et mouvement respiratoire

Plusieurs études (voir Bachta et al. [2009], Husmann et al. [2007], Shechter et al. [2006], Chen et Carroll [2003]) se sont intéressées à la **cinématique cardiaque**, en utilisant différentes méthodes d'estimation, que nous verrons plus en détails dans la suite du mémoire. Nous présentons ici les résultats concernant les déplacements mesurés des artères coronaires.

Tableau 1.1

Déplacement et vélocité des artères coronaires pour les mouvements cardiaque et respiratoire

Tiré de Shechter et al. [2006]. Les statistiques sont calculées sur dix expériences (8 hommes, 2 femmes, âge moyen 65 ans). Les spécifications anatomiques pour les différentes parties RCA_i et LCA_i sont données §1.2.3.

(a) Déplacement global des artères coronaires (mm)					
Repères Coronaires	Cardiaque	Respiratoire			
RCA_1	14.4 ± 1.9	5.0 ± 1.3			
RCA_2	26.3 ± 3.1	6.4 ± 1.9			
RCA_3	23.2 ± 1.6	7.2 ± 2.2			
LCA_1	7.9 ± 2.2	4.6 ± 1.4			
LCA_2	8.5 ± 1.7	5.0 ± 1.6			
LCA_3	9.6 ± 1.3	5.6 ± 2.1			
LCA_4	12.1 ± 2.4	6.3 ± 1.6			

(b) Vélocités des artères coronaires (mm/s)					
Repères Coronaires	Systole	Remplissage Diastole	Contraction Auriculaire	Expiration	Inspiration
RCA_1	69.8 ± 13.8	41.1 ± 15.0	63.0 ± 21.4	4.5 ± 1.6	6.6 ± 1.3
RCA_2	130.7 ± 19.4	70.4 ± 36.2	120.8 ± 46.7	5.7 ± 1.6	8.0 ± 2.5
RCA_3	101.8 ± 13.4	60.1 ± 23.8	103.4 ± 40.7	6.4 ± 1.7	9.0 ± 3.1
LCA_1	34.5 ± 8.8	27.9 ± 9.2	29.1 ± 13.8	5.5 ± 2.0	6.0 ± 1.8
LCA_2	39.1 ± 5.4	32.6 ± 11.3	31.5 ± 13.9	5.7 ± 2.4	6.3 ± 2.0
LCA_3	47.5 ± 9.3	35.6 ± 12.6	36.8 ± 14.3	7.6 ± 3.9	7.8 ± 3.0
LCA_4	56.4 ± 10.1	46.7 ± 17.9	51.3 ± 28.3	6.9 ± 3.1	8.5 ± 4.3

L'étude la plus complète à ce sujet est celle de Shechter et al. [2006] ; on y présente les déplacements et vélocités des artères coronaires, indépendamment au cours des activités cardiaque et respiratoire. Les mesures présentées dans cette étude sont reportées Tab. 1.1.

Dans Shechter et al. [2006], les artères coronaires sont segmentées en sept parties selon les ramifications ou la position (proximale/distale) sur le coeur (cf. Tab. A.1 et Tab. A.2) :

Droite : ostium droit (1), partie latérale (2), partie distale (3)

Gauche : ostium gauche (1), bifurcation IVA/Cx (2), point de l'IVA situé à 5cm de l'ostium (3), idem pour le repère Cx (4)

Les résultats obtenus au cours de cette étude indiquent que la contraction cardiaque cause un mouvement globalement orienté dans la direction *médiale/distale/antérieure* (gauche/bas/devant, voir Fig. 1.2), tandis que le mouvement causé par la respiration (depuis la fin d'expiration jusqu'à la fin d'inspiration) est orienté principalement dans la direction *distale* (vers le bas).

Les déplacements causés par la contraction cardiaque sont par ailleurs plus importants et plus rapides dans les parties distales des coronaires, et concentrés en début de systole et de diastole. Enfin, le mouvement causé par l'activité respiratoire est d'amplitude comparable pour l'inspiration et l'expiration, la vitesse est faible en début et fin de phase, et forte en milieu de phase (inspiration comme expiration).

Husmann et al. [2007] apporte une analyse supplémentaire du mouvement des coronaires en observant que l'activité cardiaque à l'intérieur d'un cycle⁴ change en fonction du rythme cardiaque. L'auteur appuie son étude sur l'observation de courbes de vitesse des artères coronaires ; on distingue deux pics notables de vitesse, ainsi que deux creux (voir Fig. 1.6).

Avec l'augmentation du rythme cardiaque (entre 40 et 100 bpm dans cette étude), le premier pic de vitesse reste stable (déplacement moyen de 3%R-R), tandis que le second peut-être retardé jusqu'à 40%R-R (il intervient à environ 25% du cycle à faible rythme cardiaque, et jusqu'à 65% du cycle à des rythmes cardiaques importants) !

Le premier creux de vitesse se déplace identiquement entre l'intervalle 10-20% (60 bpm et moins) et l'intervalle 50-60% (>75bpm). Le second creux est quant à lui retardé dans un premier temps (de 40-50% à 70-80%), puis disparaît complètement à rythme cardiaque élevé (>80 bpm).

4. On considère dans cette étude qu'un cycle cardiaque est défini entre deux pics R de l'ECG (voir §1.2.2). On parle d'**intervalle R-R**, et de pourcentages de celui-ci, pour se repérer temporellement à l'intérieur d'un cycle cardiaque.

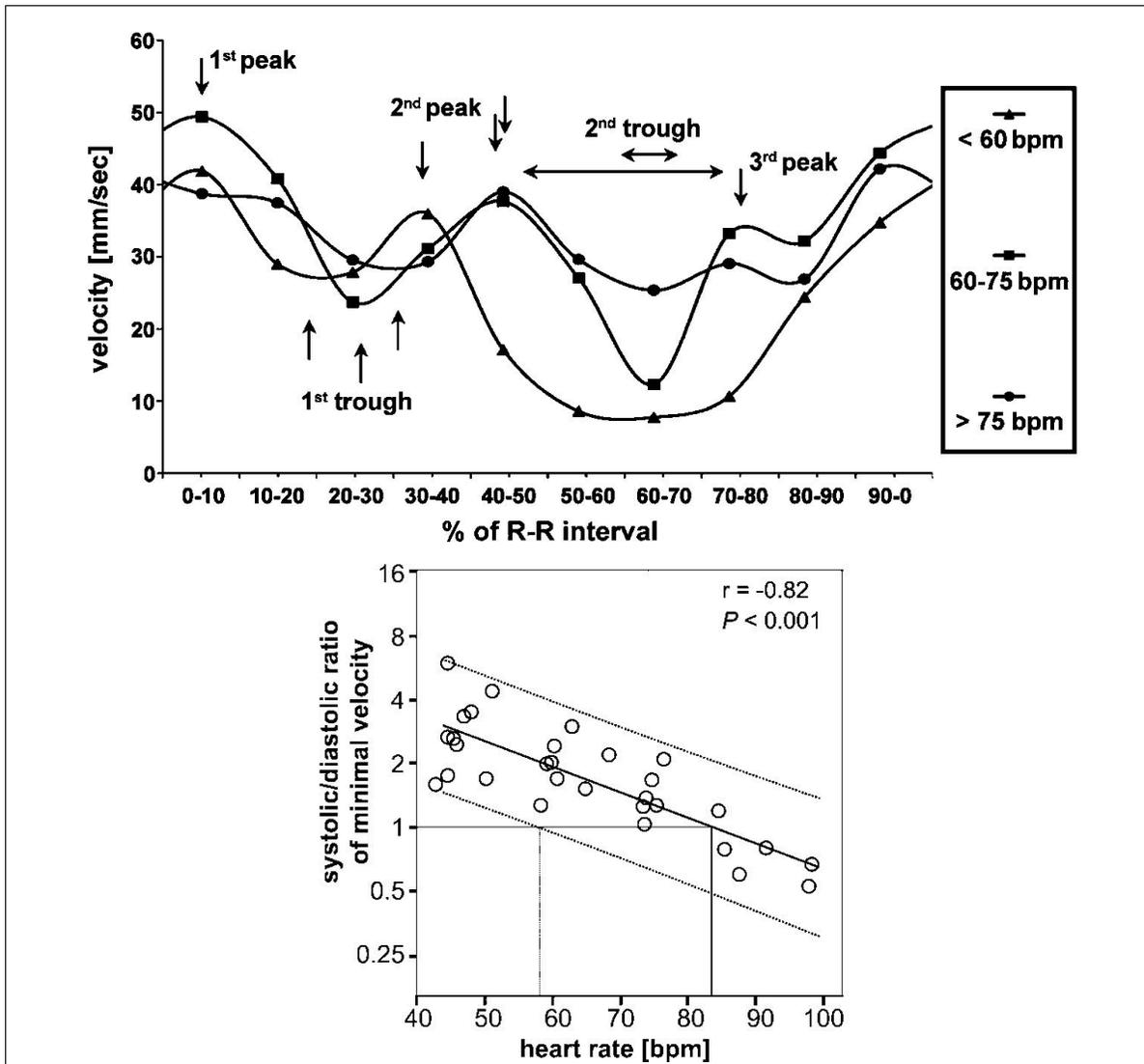


Figure 1.6 - Évolution de l'activité cardiaque au cours d'un cycle en fonction du rythme cardiaque

Tirés de Husmann et al. [2007]. La première figure représente la vitesse moyenne des coronaires au cours d'un cycle cardiaque. La seconde figure représente l'évolution du ratio (Vélocité systolique minimale)/(Vélocité diastolique minimale) en fonction du rythme cardiaque. Ceci indique clairement une évolution du mouvement cardiaque au cours d'un cycle en fonction du rythme cardiaque.

Enfin, pour relier ces observations à l'aspect *fonctionnel* du coeur, on observe que les proportions du cycle R-R que représentent les phases systoliques et diastoliques varient avec le cycle cardiaque ; à faible rythme, la répartition est généralement de 30% pour la phase systolique, et de 70% pour la phase diastolique (complémentaire).

À rythme élevé, la phase systolique occupe 60% de l'intervalle R-R, ce qui signifie que dans le temps, la phase diastolique est «plus raccourcie» que la phase systolique à mesure que le rythme cardiaque augmente.

Ceci peut être expliqué par le fait que la phase diastolique est essentiellement passive, puisqu'elle correspond à une période de relaxation musculaire, et peut donc être accélérée. En revanche, la phase systolique ne peut être facilement accélérée parce qu'elle correspond à un processus électro-mécanique qui demande un certain temps à être exécuté, quel que soit le rythme auquel ce processus est activé.

1.3 Imagerie des artères coronaires

Dans les parties précédentes, nous avons présenté l'anatomie de la région cardiaque, le fonctionnement du cœur, les pathologies des artères coronaires, et les caractéristiques de leur mouvement. Nous nous intéressons ici aux techniques qui permettent de visualiser les artères coronaires à partir des données issues de dispositifs d'imagerie médicale.

Nous présentons tout d'abord les deux modalités d'imagerie qui seront utilisées dans ce mémoire (CT et XA), pour nous intéresser ensuite aux méthodes scientifiques qui permettent d'analyser les images acquises par le biais de ces modalités.

1.3.1 Modalités d'imagerie

Il existe trois principes physiques qui permettent d'imager les organes du corps humain sans avoir à l'ouvrir :

Absorption : cette méthode consiste à «bombarder» la zone à imager de particules capables de traverser le corps, et ayant la caractéristique d'être *plus ou moins absorbées* par les différents tissus qu'elles traversent. En recueillant ces particules derrière la zone à imager, on peut alors former une image sur laquelle l'intensité de chaque pixel est liée à l'absorption du rayon qui a été recueilli à cet endroit. C'est le principe de base de l'**imagerie par rayons X** (XA et CT-scan).

Réflexion : cette méthode consiste à mesurer des temps de propagation d'ondes ultra-sonores émises à la surface de la peau. Les ondes émises se propagent dans le corps en traversant différents tissus, et sont réfléchies à l'interface entre deux zones d'impédances sonores différentes (qui correspondent généralement à deux organes différents). Le retour de ces ondes sur la sonde d'émission permet de mesurer le temps d'aller-retour, et ainsi de former une *carte de profondeurs* en attribuant à chaque pixel une intensité proportionnelle à ce temps. Il s'agit d'une méthode d'*imagerie de surface*, et la définition des images acquises est généralement mauvaise comparée aux autres méthodes d'imagerie. L'**échographie** (non-invasive) est basée sur ce principe.

Induction : cette méthode exploite les caractéristiques atomiques des particules qui forment notre corps, et en particulier leur temps de relaxation magnétique. Il s'agit d'imposer un fort champs magnétique au patient, de sorte que les moments magnétiques de tous les atomes de la zone à imager soient tout d'abord alignés (tout comme l'aiguille d'une boussole s'aligne sur le champs magnétique terrestre). De faibles oscillations de ce champs sont alors appliquées, et permettent de caractériser l'activité magnétique moyenne en chaque pixel ou voxel de l'espace à imager. L'utilisation de ces caractéristiques pour la formation d'image médicales est un domaine de recherche à lui seul. L'**imagerie par résonance magnétique** (IRM) (non-invasive) se base sur ce principe.

1.3.1.1 Angiographie 2D

Angiographie signifie littéralement *imagerie des vaisseaux*. Cette modalité d'imagerie est basée sur le principe d'absorption expliqué au paragraphe précédent. Cependant, les vaisseaux sanguins sont généralement de fines structures peu absorbantes et n'apparaissent pas tels quels sur les images à rayons X. Un *liquide iodé* (toxique à forte dose) doit être injecté dans le flot sanguin qui circule dans les artères au moment l'acquisition, de sorte à accroître l'absorption des rayons X par le sang, et ainsi rendre ces artères visibles sur les images médicales.

Les angiographies coronaires sont généralement réalisées lors de *interventions par cathétérisme cardiaque* (voir §1.1.4) pour la navigation intra-opératoire. Le liquide radio-opaque est injecté directement dans les artères par le cathéter, alors qu'un dispositif d'imagerie 2D à rayons X – typiquement un dispositif C-arm, voir Fig. 1.7(a) – acquiert les images. La visualisation des artères permet de localiser les sténoses artérielles diagnostiquées sur les examens pré-opératoires comme les CT-scan (voir section suivante) ; en effet, les perturbations du flot sanguin apparaissent comme des *irrégularités* dans la forme des vaisseaux, visibles sur les images.

1.3.1.2 Tomodensitométrie 3D/4D

Les images **tomodensitométriques** sont formées par l'application du *théorème de Radon* (voir Natterer [2001]). Cette méthode permet d'estimer un *plan de coupe* à partir d'un ensemble de projections à rayons X selon des directions coplanaires et concourantes au centre de l'image finale.

Le patient est allongé sur une table coulissante, qui permet de placer la zone à imager dans un tube d'émission de rayons X (voir Fig. 1.7(b)). Le canon à rayons X est fixé sur un rail circulaire, et tourne à très haute vitesse en acquérant les images, tandis que la table du patient avance de manière à exposer entièrement l'organe à imager. Les données finales de l'examen se présentent sous forme de «tranches» qui représentent les sections de l'organe d'intérêt.

Le dispositif, et par abus de langage les images et volumes médicaux correspondants, sont communément désignés par l'acronyme CT-scan, pour *Computed Tomography Scan(ner)*. Tout comme l'angiographie, cette modalité se base sur le principe physique d'absorption ; les intensités des pixels sur les plans de coupe sont liées à l'**unité d'Hounsfield**, qui caractérise l'*opacité aux radiations* des tissus imagés.

Dans le cas de l'imagerie coronaire par tomodensitométrie, **le mouvement cardiaque induit une incohérence des informations acquises sur les différents plans de coupe**. Aussi la procédure d'acquisition est-elle généralement synchronisée sur le signal ECG de manière à n'acquérir de projections que lorsque le coeur est au repos (mi- ou fin de diastole).

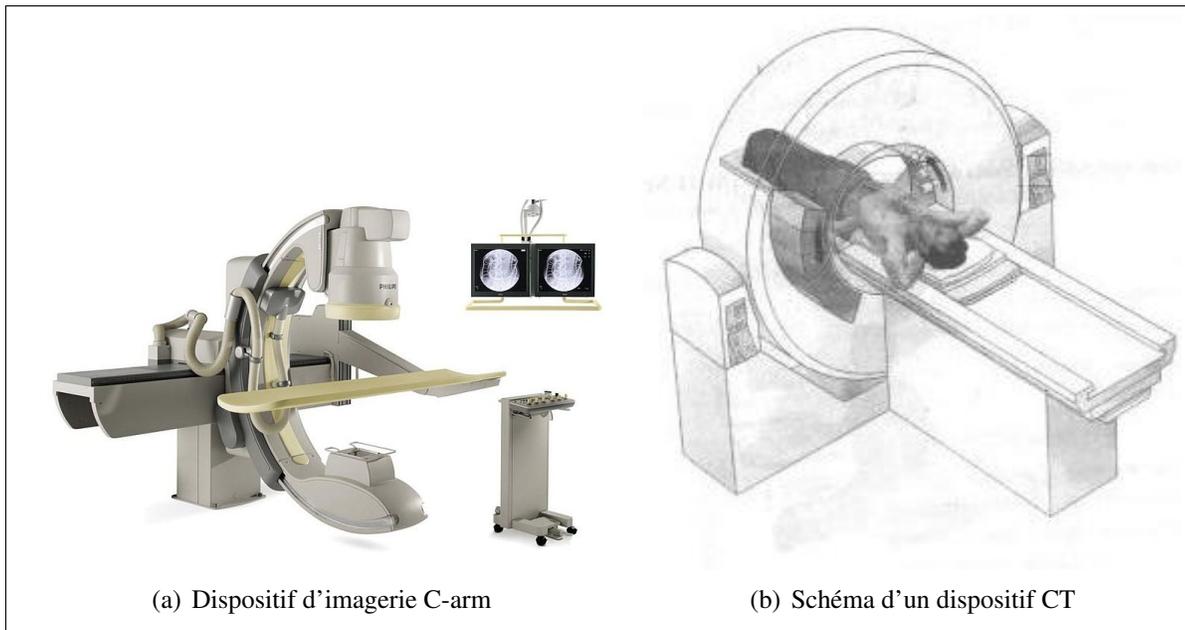


Figure 1.7 - Dispositifs d'imagerie à rayons X CT et C-arm

Tirées de [en.wikipedia.org/wiki/File :Philips_II.jpg](https://en.wikipedia.org/wiki/File:Philips_II.jpg) et cs.wikipedia.org/wiki/Soubor :CTScan.jpg.

Les mouvements résiduels causés par la respiration sont des sources d'erreurs lors de la reconstruction ; on parle d'**artéfacts de reconstruction**. La seule technique permettant de contourner ce problème à l'heure actuelle est de demander au patient de retenir sa respiration pendant le temps de l'examen, ce qui impose à la procédure de devoir être effectuée rapidement.

Enfin, comme pour les procédures d'angiographies, il faut remarquer que les structures vasculaires sont naturellement peu visibles sur des images à rayons X ; un liquide radio-opaque doit également être injecté en intra-veineuse dans le flux de circulation sanguine pendant l'acquisition. Malgré la précision de ce type d'imagerie (de l'ordre de 0.2mm pour les appareils les plus récents), cette procédure reste donc particulièrement *invasive* dans le cas de l'imagerie des artères coronaires, tant pour les radiations auxquelles le patient est exposé, que le liquide iodé qui doit lui être injecté.

1.3.2 Traitements des images médicales

Les algorithmes d'imagerie médicale supposent la disponibilité de données issues des modalités présentées dans les paragraphes précédents. Des traitements ultérieurs peuvent/doivent parfois être appliqués à ces données, selon l'application, afin de les rendre exploitables. Cependant, quelle que soit la valeur ajoutée de nouvelles techniques d'imagerie, il est important : **(1)** que celles-ci ne perturbent pas l'ordre établi en milieu hospitalier (*respect des processus en place*), **(2)** qu'elles n'ajoutent pas de responsabilité au personnel médical (*transparence*), **(3)** qu'elles n'encombrent pas d'avantage le bloc opératoire (*impact d'encombrement*).

Dans le cas de l'imagerie des artères coronaires, il est nécessaire de soumettre les images et volumes médicaux à des traitements qui permettent soit d'isoler les artères sur ces images (problème de *segmentation*), soit de comparer les données 3D et 2D acquises par ces modalités (modèles de *projection*). C'est l'objet des deux sections suivantes.

1.3.2.1 Segmentation des images 2D et 3D

L'objectif général des méthodes de segmentation est de regrouper des pixels qui se «ressemblent» (selon des critères à définir) en régions, de manière à pouvoir identifier les objets qui composent une scène observée. Les caractéristiques qui permettent d'évaluer globalement ces méthodes sont :

- La nécessité d'intervention d'un personnel qualifié pour l'exécution de l'algorithme : on caractérise le *degré d'automatisme* de la méthode. On distingue les méthodes automatiques, semi-automatiques et manuelles.
- Le *temps d'exécution* : un paramètre de qualité important selon que l'application concerne des traitements pré ou intra-interventionnel, ou même interactifs.
- La *précision* : à quel point les résultats obtenus correspondent-ils à la réalité ?
- La *généralité* de la méthode : est-il possible de reproduire les résultats obtenus dans des cas différents ?

Les méthodes de segmentation se distinguent par leur approche :

Filtrage : cette catégorie consiste à *transformer l'image* en assignant à chaque pixel une nouvelle intensité, donnée par une fonction conçue spécifiquement pour réaliser la tâche de segmentation recherchée. Dans la plupart des méthodes de filtrage, la nouvelle intensité de chaque pixel est assimilable à une «note d'appartenance» à l'objet recherché.

Labelisation : il s'agit de créer une nouvelle image de même taille que l'image à segmenter, appelée *masque de segmentation*, dans laquelle on assigne à chaque pixel un *label de région*. Le nombre de régions (ou de labels), ainsi que les critères utilisés pour leur assigner des pixels, dépendent de la modélisation du problème à résoudre.

Délimitation : on cherche ici les *frontières* qui séparent les différentes régions de l'image. Le résultat final peut être présenté sous la forme d'un masque de segmentation, comme pour les algorithmes de labelisation, mais l'objectif général diffère de ces méthodes.

Les méthodes de la troisième catégorie se divisent principalement en trois approches distinctes : l'image peut tout d'abord être interprétée comme un *graphe non-orienté* dont les sommets sont les pixels, et les arêtes représentent les relations de 4 ou 8-voisinage⁵, pondérées par la différence absolue d'intensité entre les sommets à leurs extrémités. Les méthodes correspondantes (dérivées de Boykov et Funka-Lea [2006]) cherchent alors à résoudre un problème de *coupe minimale* (ou de *flot maximal*), elles constituent les méthodes dites de **graph-cuts**.

Ces méthodes résolvent essentiellement un problème de classification à deux classes, sont notablement longues à calculer, et requièrent une initialisation manuelle de *seed-points* pour labeliser les deux zones à délimiter.

5. Pour un pixel donné, le 4-voisinage est l'ensemble des pixels se trouvant à une distance de Manhattan unitaire, et le 8-voisinage est l'ensemble des pixels se trouvant à une distance Euclidienne $\leq \sqrt{2}$.

Une autre approche au problème de délimitation est celle des **contours-actifs** (Kass et al. [1988], D. et Cohen [1991], Cootes et al. [1994]). Cette approche requiert une intervention initiale de l'utilisateur, qui spécifie les points de contrôle d'une spline de délimitation approximative. Cette spline est ensuite itérativement *déplacée et déformée* par l'algorithme, qui tente de *minimiser une fonction d'énergie* comprenant un terme de cohérence structurelle (qui tend à limiter les déformations de la spline), et un terme d'énergie essentiellement lié au gradient de l'image (la spline est «attirée» vers les zones de fort gradient).

Enfin, une dernière approche au problème de délimitation est celle des **courbes de niveau** (Vese et Chan [2002], Malladi et al. [1995]); celle-ci repose sur l'*équation différentielle* des courbes de niveau (ce qui en fait une méthode de segmentation itérative) qui lie l'évolution temporelle d'un contour fermé φ^6 à son évolution spatiale :

$$\frac{\partial \varphi}{\partial t} + \mathbf{v} \cdot \nabla \varphi = 0 \quad (1.1)$$

Les contraintes appliquées au contour φ , qui le déforment à chaque itération, sont contenues dans le vecteur \mathbf{v} qui s'applique orthogonalement au contour, par produit scalaire avec le gradient $\nabla \varphi$. Ces contraintes sont définies dépendamment de l'application recherchée.

Cette famille de méthode présente l'avantage d'être très flexible sur la définition du contour et des contraintes appliquées. Par exemple, rien n'impose à φ de rester connexe au fil des itérations. Ces méthodes sont par ailleurs relativement rapides à calculer (dépendamment des contraintes définies) ; en cardiologie notamment, Wang et al. [2011] propose une méthode calculable en un temps de l'ordre du dixième de seconde sur des images de taille classique (512×512 pixels).

6. φ est généralement interprété comme l'intersection d'un plan avec une surface convexe, d'où le nom de courbes de *niveau*.

Les trois approches présentées ci-dessus requièrent toutes une intervention manuelle de l'utilisateur pour l'étape d'initialisation, et ne correspondent donc pas aux critères souhaités pour notre étude. On peut attribuer cette nécessité d'une intervention humaine au fait qu'aucune connaissance *a priori* sur la structure à segmenter (les artères coronaires) n'est incluse dans les équations de base qui régissent ces méthodes.

L'objectif énoncé quant aux méthodes de la seconde catégorie correspond au problème général de *clustering* ; les informations disponibles sur les pixels (comme leur intensité par exemple) sont interprétées comme des coordonnées dans un espace de caractéristiques, et l'on cherche alors les partitions de cet espace qui permettent de définir les groupements les plus pertinents. C'est pour cette raison que la plupart des méthodes de cette catégorie se basent sur l'étude de l'histogramme de l'image à segmenter, en utilisant des stratégies de clustering par méthode k-means (Otsu [1979]), fuzzy c-means (Bellemare et Meunier [2004]), mean-shift (Comaniciu et Meer [2002]), gaussienne non-paramétrique (Hadida et al. [2011]) et random-walker (Desrosiers et al. [2012]).

Le problème général de segmentation est complexe ; bien que nous soyons en mesure d'analyser instantanément ce que nous voyons, de reconnaître et de localiser tous les objets d'une scène quelconque, il est difficile d'expliquer précisément *comment* nous parvenons à le faire. Les objets visibles sur des images sont caractérisables par leur couleur, leur forme, leur texture, *etc.* mais ces caractéristiques évoluent de manière complexe en fonction de l'éclairage, du point de vue, de l'usure, *etc.* Il est également évident que la *reconnaissance* d'un objet dans une scène implique une *connaissance* préalable.

Parmi les méthodes de la première catégorie appliquées à la segmentation des artères, l'algorithme de Frangi et al. [1998] est considéré comme une référence *de facto* en matière de filtrage vasculaire. Les autres approches traitant de la détection de structures tubulaires sur des images (Koller et al. [1995], Sato et al. [1998]) adoptent des approches similaires. Ces méthodes tirent explicitement et formellement parti de connaissances structurelles sur les artères.

1.3.2.1.1 Filtre vasculaire de Frangi

L'idée de Frangi et al. [1998] part d'une constatation simple portant sur les méthodes qui, à l'époque, procédaient par seuillage d'intensité sur les images : le contraste des artères varie en fonction de leur diamètre, et n'est pas une information suffisante pour les isoler (le diaphragme apparaît également comme une structure sombre sur les images angiographiques par exemple). Il est nécessaire de prendre en compte des informations structurelles décrivant plus particulièrement la structure d'intérêt (en l'occurrence, des *structures tubulaires longues et fines*), et de tenir compte de la variation du diamètre des artères (approche *multi-échelle*).

Les variations locales d'intensité dans une image sont analysées grâce au gradient de cette dernière. Les tendances de variation quant à elles correspondent au *second ordre* de différenciation, soit au calcul local de la matrice Hessienne en chaque pixel⁷. En notant I l'image à segmenter, i les lignes de cette image, et j ses colonnes, la matrice Hessienne \mathcal{H} correspond à :

$$\mathcal{H}(i, j) = \begin{bmatrix} \frac{\partial^2 I}{\partial i^2} & \frac{\partial^2 I}{\partial i \partial j} \\ \frac{\partial^2 I}{\partial j \partial i} & \frac{\partial^2 I}{\partial j^2} \end{bmatrix} \quad (1.2)$$

L'analyse des vecteurs propres de cette matrice permet de mettre en évidence les directions et l'amplitude des tendances de variation d'intensité dans l'image. Cela revient à imaginer une ellipse dont le petit axe serait aligné avec la direction dans laquelle l'intensité varie le moins (voir Fig. 1.8).

L'analyse qui suit est en trois dimensions (segmentation de données volumétriques), mais le raisonnement est similaire pour des images. En supposant que les vecteurs propres soient triés par norme croissante, on note λ_1 , λ_2 et λ_3 les valeurs propres correspondantes (ces notations concordent avec la Fig. 1.8). La structure tubulaire idéale correspond aux cas où :

$$|\lambda_1| \approx 0, \quad |\lambda_1| \ll |\lambda_2|, \quad \lambda_2 \approx \lambda_3.$$

7. Les différenciations partielles de l'image I dans l'équation (1.2) sont un abus de notation adopté par commodité ; l'image étant étant discrète, les différences de premier et second ordre le sont également.

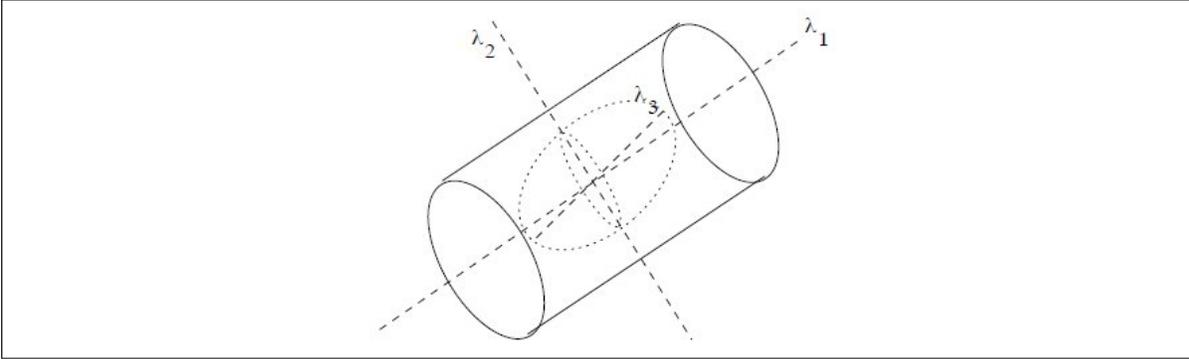


Figure 1.8 - Représentation géométrique des vecteurs propres de la matrice Hessienne pour des structures tubulaires (Tiré de Frangi et al. [1998])

On se donne alors trois caractéristiques pour décrire la «forme» de l'ellipse :

$$\underbrace{\mathcal{R}_A = \frac{|\lambda_2|}{|\lambda_3|}}_{\text{Section circulaire}} \quad \underbrace{\mathcal{R}_B = \frac{|\lambda_1|}{\sqrt{|\lambda_2 \lambda_3|}}}_{\text{Sphéricité}} \quad \underbrace{\mathcal{S} = \sqrt{\sum_{i=1}^3 \lambda_i^2}}_{\text{Contraste}}$$

Pour une structure tubulaire idéale, nous avons $\mathcal{R}_A \approx 1$ et $\mathcal{R}_B \ll 1$. La quantité \mathcal{S} est faible dans les zones uniformes. Ces coefficients nous permettent de définir une **fonction de vascularité**, qui peut être perçue comme un «score d'appartenance» à un vaisseau sanguin. L'application de cette fonction en chaque point de l'image constitue donc un *filtrage* dont l'objectif est de mettre en valeur les pixels qui ont un fort score d'appartenance aux artères coronaires :

$$\mathcal{V}_0(s) = \begin{cases} 0 & \text{si } \lambda_2 \text{ ou } \lambda_3 > 0, \\ \left(1 - e^{-\frac{\mathcal{R}_A^2}{2\alpha^2}}\right) \left(1 - e^{-\frac{\mathcal{R}_B^2}{2\beta^2}}\right) e^{-\frac{\mathcal{S}^2}{2\sigma^2}} & \text{sinon} \end{cases} \quad (1.3)$$

où s est un facteur d'échelle, qui correspond à un pré-traitement à effectuer (filtrage gaussien de variance s^2) avant de calculer les caractéristiques \mathcal{R}_B , \mathcal{R}_A et \mathcal{S} en chaque point de l'image.

Cette fonction possède par ailleurs trois paramètres (α, β, σ) qui contrôlent la *sensibilité* de la mesure aux différentes caractéristiques. Frangi et al. [1998] recommande des paramètres $\alpha = \beta = 0.5$, et un paramètre σ égal à la moitié de la plus grande valeur de la caractéristique \mathcal{S} sur l'image. Un résultat typique est illustré Fig. 1.9.

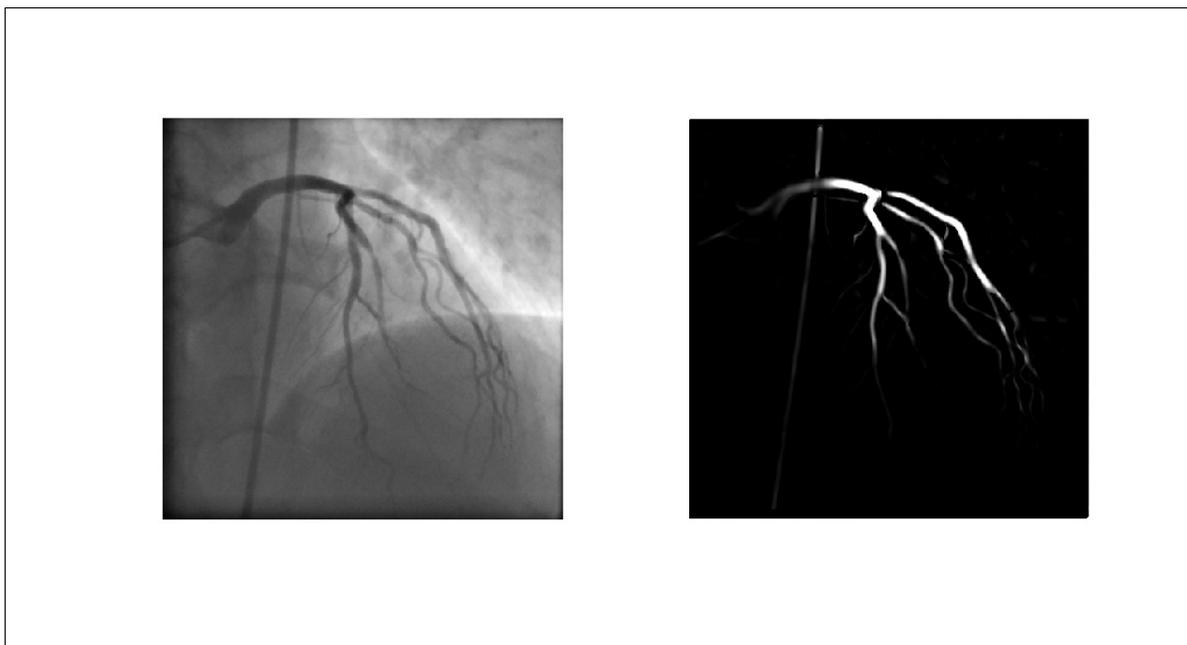


Figure 1.9 - Exemple de filtrage vasculaire sur une image angiographique cardiaque

1.3.2.2 Projection des données 3D

Le problème de la projection de volumes médicaux (CT par exemple) se pose naturellement lorsque l'on cherche à comparer les données visibles dans ce volume aux données observées sur des images (XA par exemple). On parle de *modèle de caméra*.

Le modèle généralement adopté en imagerie médicale est celui du **sténopé**. On modélise l'image observée comme la projection en perspective d'un objet de l'espace. La conséquence directe de la perspective est que la profondeur par rapport au plan de projection affecte l'image observée ; on utilise des coordonnées dites *homogènes* pour pouvoir formuler simplement l'effet de la profondeur. Deux repères sont définis pour formuler le modèle du sténopé :

- a. Le repère du monde $(O, \vec{x}_o, \vec{y}_o, \vec{z}_o)$, dans lequel on repère les points des objets projetés.
- b. Le repère lié à la caméra $(C, \vec{u}, \vec{v}, \vec{z}_c)$, dans lequel C est le *centre optique* de la caméra, et \vec{z}_c est orienté *vers* l'objet à projeter.

On suppose l'existence d'un point X de coordonnées homogènes $(x, y, z, 1)$ dans le repère du monde, vu par la caméra. Les coordonnées (u, v) de ce point dans le plan de projection sont :

$$\begin{pmatrix} \alpha u \\ \alpha v \\ \alpha \end{pmatrix} = \underbrace{\begin{bmatrix} k_u & 0 & c_u \\ 0 & k_v & c_v \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}}_{\text{Projection}} \underbrace{\begin{bmatrix} & t_x \\ R & t_y \\ & t_z \end{bmatrix}}_{\text{Changement de repère 3D}} \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \\ 1 \end{pmatrix} \quad (1.4)$$

Le terme de droite est volontairement écrit sous la forme d'un produit de trois termes : une matrice de projection, une matrice de changement de repère, et le point à projeter. Notons le facteur α dans le terme de gauche : il s'agit du *facteur d'échelle*. Il exprime la perspective de la projection, ou en d'autres termes, l'effet de la profondeur sur la projection.

Les deux premiers termes contiennent respectivement les *paramètres intrinsèques*, et les *paramètres extrinsèques* du modèle de projection. Les uns décrivent les caractéristiques propres à la caméra, tandis que les autres décrivent la scène de projection :

Paramètres intrinsèques :

- k_u et k_v sont les facteurs de grossissement de la caméra.
- (c_u, c_v) sont les coordonnées selon \vec{u} et \vec{v} de la projection orthogonale du centre optique sur le plan d'imagerie.

Paramètres extrinsèques :

- R est la matrice de rotation qui décrit l'orientation de la caméra dans le repère du monde.
- $\mathbf{t} = (t_x, t_y, t_z)$ sont les coordonnées du point C dans le repère du monde.

1.4 Compensation du mouvement des artères coronaires

Le mouvement d'organes lors de l'acquisition d'images médicales complique significativement l'analyse de celles-ci :

- Lors de la reconstruction de volumes tomodensitométriques, le déplacement de la structure imagée au cours de l'acquisition est une source d'incohérence des données présentes sur les images successives qui composent le volume. Ces incohérences sont à l'origine d'*artéfacts* parfois visibles dans le volume final.
- Lors de *chirurgies minimalement invasives*, le mouvement de la structure à opérer sur les images acquises pendant l'intervention complique la navigation des outils chirurgicaux. Lors d'interventions percutanées des artères coronaires par exemple, l'évaluation de la position dans l'espace du cathéter à partir de projections angiographiques (XA) sous différents angles de vue demande un effort mental considérable du chirurgien, et le mouvement cardiaque rend cette estimation imprécise.

Markelj et al. [2010], Dubuisson-Jolly et al. [1998] et Eigler et al. [1994] mentionnent qu'une stabilisation artificielle des artères coronaires sur les images angiographiques pendant les interventions percutanées peut améliorer la précision de la navigation du cathéter, et donc les conditions d'intervention. On parle de **compensation du mouvement des artères coronaires**⁸.

Ce problème est difficile pour plusieurs raisons :

- a. Le mouvement cardiaque (voir §1.2.3) est une *combinaison complexe de mouvements rigides et non-rigides* causés par les activités cardiaque et respiratoire. Par ailleurs, ce mouvement est *Brusque*, et change en fonction du rythme cardiaque (voir Fig. 1.6), ce qui complique d'avantage sa modélisation.

8. Dans la littérature anglophone, on parlera de *motion compensation* ou de *motion cancelation*. L'expression *annulation de mouvement* n'est (à notre connaissance) pas utilisée en français.

- b. L'acquisition de données pouvant confirmer toute modélisation de ce mouvement requiert l'utilisation de techniques avancées provenant de plusieurs domaines de recherche actuelle ou récente (techniques de segmentation par exemple, voir §1.3.2.1).
- c. L'analyse du mouvement des artères coronaires en particulier est entravée par les faits :
 - (a) que leur *topologie* varie significativement d'un patient à un autre,
 - (b) qu'il s'agit de structures fines qui ne sont *pas visibles* telles quelles sur les modalités d'imagerie disponibles,
 - (c) et que l'objectif serait d'utiliser cette analyse potentielle sur des patients atteints de pathologies coronaires, et qui ne correspondent donc pas au «cas sain moyen» que l'on serait tenté d'étudier.
- d. Enfin, concernant le problème de compensation du mouvement ; quand bien même une solution efficace serait proposée, il faudrait que celle-ci soit potentiellement calculable en *temps réel* – puisque c'est là l'objectif ultime de la méthode – et qu'elle *minimise l'impact sur les processus cliniques* actuels (pas d'intervention laborieuse du personnel clinique pour les étapes pré-opératoires par exemple).

L'ensemble des méthodes publiées dans la littérature qui traitent de la compensation du mouvement se basent sur des techniques d'**optimisation** visant à trouver la *meilleure solution* à chaque nouvelle image, étant donnée une modélisation du problème.

En réalité, la littérature qui traite *spécifiquement* du problème de compensation est relativement réduite, mais plusieurs approches permettent cependant de répondre à ce problème de manière détournée : les modèles de **suivi**, par exemple (ou *tracking* en anglais, voir Dubuisson-Jolly et al. [1998], Bellemare et Meunier [2004]), qui estiment la position d'une structure d'intérêt dans les images successives d'une séquence, peuvent être utilisés pour répondre au problème de compensation.

Certains modèles de **prédiction** (Ortmaier et al. [2005], Bachta et al. [2009]), qui estiment la position future d'une structure d'intérêt en se basant sur les positions précédentes connues, ne sont pas utilisables tels quels (à cause du besoin de disposer de positions connues) mais peuvent servir à guider les algorithmes d'optimisation. Les modèles de **reconstruction** (Shechter et al. [2003], Chen et Carroll [2003]), qui évaluent la position dans l'espace d'une structure d'intérêt à partir de plusieurs vues de celle-ci, permettent également (à condition qu'ils soient rapidement calculables) de répondre au problème de compensation. Enfin, les modèles de **recalage** (entre autres McLaughlin et al. [2002], Chan et al. [2004], Turgeon et al. [2005], Florin et al. [2005], Jomier et al. [2006], Zikic et al. [2008], Groher et al. [2009], Ruijters et al. [2009], Markelj et al. [2010]), qui tentent d'aligner les données acquises par différentes modalités dans un même repère de l'espace, constituent également une approche valide au problème de compensation.

La littérature concernant les méthodes de reconstruction est aujourd'hui très fournie, et l'étude des problèmes de *segmentation* et de *mise en correspondance* – prémisses nécessaires à tout algorithme de reconstruction en stéréovision – est de mieux en mieux maîtrisée, et laisse de moins en moins de place à la recherche. Il apparaît que ces méthodes sont limitées par le fait qu'elles sont essentiellement *indépendantes* du cas traité (aucune information spécifique au patient n'est utilisée), et qu'elles sont généralement *longues à calculer* (pas d'application possible en temps réel).

Ces constatations poussent aujourd'hui à l'extension de ces méthodes, par l'utilisation de données pré-opératoires (et devient alors un problème de **recalage**), et/ou par la simulation d'un **apprentissage** (en ayant recours à des méthodes d'intelligence artificielle).

La première approche soutient implicitement une *personnalisation* du traitement, tandis que la seconde place sa confiance sur le développement d'une *expertise* du problème. L'inconvénient majeur de la seconde approche étant qu'elle nécessite une base de données conséquente pour justifier d'un apprentissage pertinent et impartial. Dans la littérature, on différencie les méthodes de recalage *intrapatient* ou *par atlas*.

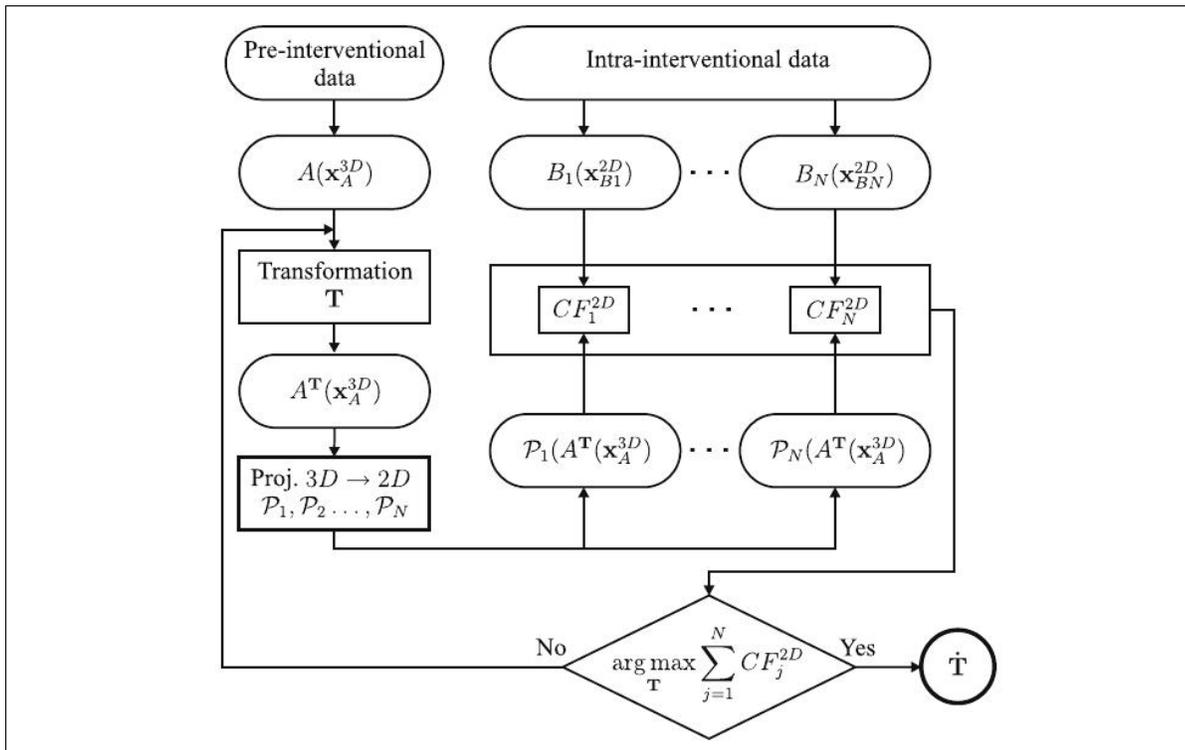


Figure 1.10 - Schématisation du recalage 3D/2D itératif par méthode projective

Tiré de Markelj et al. [2010]. Dans cette figure, les blocs CF_i^{2D} correspondent aux critères de similarité (*Criterion Functions*).

L'effort de la recherche en imagerie médicale ces dernières années semble s'accroître sur les méthodes de **recalage**. L'idée d'être en mesure d'exploiter pleinement l'information provenant de différentes sources d'imagerie est en effet prometteuse. Dans le domaine particulier de l'imagerie cardiaque, les examens pré-opératoires (comme les CT-scan) permettent de relaxer les contraintes sur le *temps de calcul* des algorithmes, et suggèrent la conception de méthodes **générales mais personnalisables** au patient traité, le temps disponible entre l'examen pré-opératoire et l'intervention pouvant être utilisé pour *calibrer* l'algorithme à un cas précis.

Dans la suite, nous présentons les méthodes de la littérature les plus pertinentes au regard de notre projet. L'accent de cette revue de littérature est mis plus particulièrement sur les méthodes de recalage projectives (voir Fig. 1.10).

Plusieurs critères permettent de classer les différentes méthodes existantes (voir Markelj et al. [2010]), mais dans l'intérêt de présenter les contributions de notre travail, nous les regroupons dans les catégories principales suivantes : méthodes de suivi, de reconstruction, de recalage par atlas déformable, de recalage par modèle vasculaire non-rigide, et méthodes de recalage stochastique. Bien que certaines de ces catégories se recoupent, nos commentaires sur ces méthodes concerneront spécifiquement chaque regroupement proposé. Enfin, les méthodes qui n'entrent dans aucune des catégories précédentes seront discutées au cas par cas.

1.4.1 Méthodes de suivi 2D

Une première approche simpliste au problème de compensation pourrait être de considérer la segmentation des artères coronaires (voir §1.3.2.1) sur chacune des images de la séquence angiographique comme un suivi de la structure d'intérêt.

Cependant, l'utilisation d'une méthode de segmentation uniquement n'offre aucun formalisme pour exploiter le suivi effectué dans un contexte de navigation intra-opératoire ; l'évolution de la structure d'intérêt n'est pas modélisée, et les cohérences structurelles et temporelles ne sont pas contrôlées. Une telle approche n'est donc pas exploitable au regard de la problématique de compensation du mouvement.

Dubuisson-Jolly et al. [1998] propose d'interpréter les artères coronaires segmentées sur chacune des images comme une courbe continue et affine par morceaux, ce que l'auteur désigne par le terme de *polyline*. La segmentation est effectuée par l'application d'un filtre de détection de rainures présenté dans Koller et al. [1995]. La *polyline*, une fois construite, est modélisée comme un graphe dont les arêtes sont les différents segments, pondérées par la longueur de ces derniers, et dont les sommets sont les points de cassure, auxquels sont associés leurs coordonnées 2D dans l'image.

Le segment d'artère ainsi modélisé est ensuite *propagé* sur les images suivantes en autorisant les sommets du graphe à se déplacer, sous contrainte de minimisation d'une *fonction d'énergie* comportant trois termes :

Rainure : ce terme assure que chaque portion de segment coïncide bien avec des pixels localement alignés avec une rainure du masque de segmentation courant.

Élongation : ce terme limite les variations trop importantes de longueur des portions de segment (modélisé comme une contrainte de rappel élastique).

Configuration : ce terme vise à préserver la configuration de la *polyline* en pénalisant les variations angulaires entre les différentes portions du segment.

La première contrainte tend à aligner le segment d'artère avec une rainure, tandis que les deux autres contraintes assurent une stabilité structurelle du suivi.

Cet algorithme est efficace pour effectuer le suivi d'une structure affine par morceaux sur des séquences angiographiques (breveté par l'entreprise Siemens Corporate Research, voir Dubuisson-Jolly et al. [2001]). Cependant, l'étape d'optimisation lors de la propagation du segment d'une image à l'autre énumère de façon exhaustive les possibilités de déplacement des différentes portions de segment, ce qui peut rapidement devenir intraitable en termes de temps de calcul.

Bellemare et Meunier [2004] décrit une méthode de *suivi structurel* sur des séquences XA. La modélisation structurelle repose sur l'observation simple que les bifurcations de l'arbre coronaire ont une forme de «Y». L'auteur propose un modèle de suivi à quatre paramètres : deux coordonnées (c_x, c_y) pour le centre du «Y», et deux angles (θ_1, θ_2) pour l'orientation relative de ses branches.

Une initialisation est nécessaire pour définir les régions d'intérêt (ROI) dans lesquelles se trouvent les bifurcations sur l'une des images de la séquence. La méthode est ensuite décrite par une série de cinq étapes (voir Fig. 1.11) :

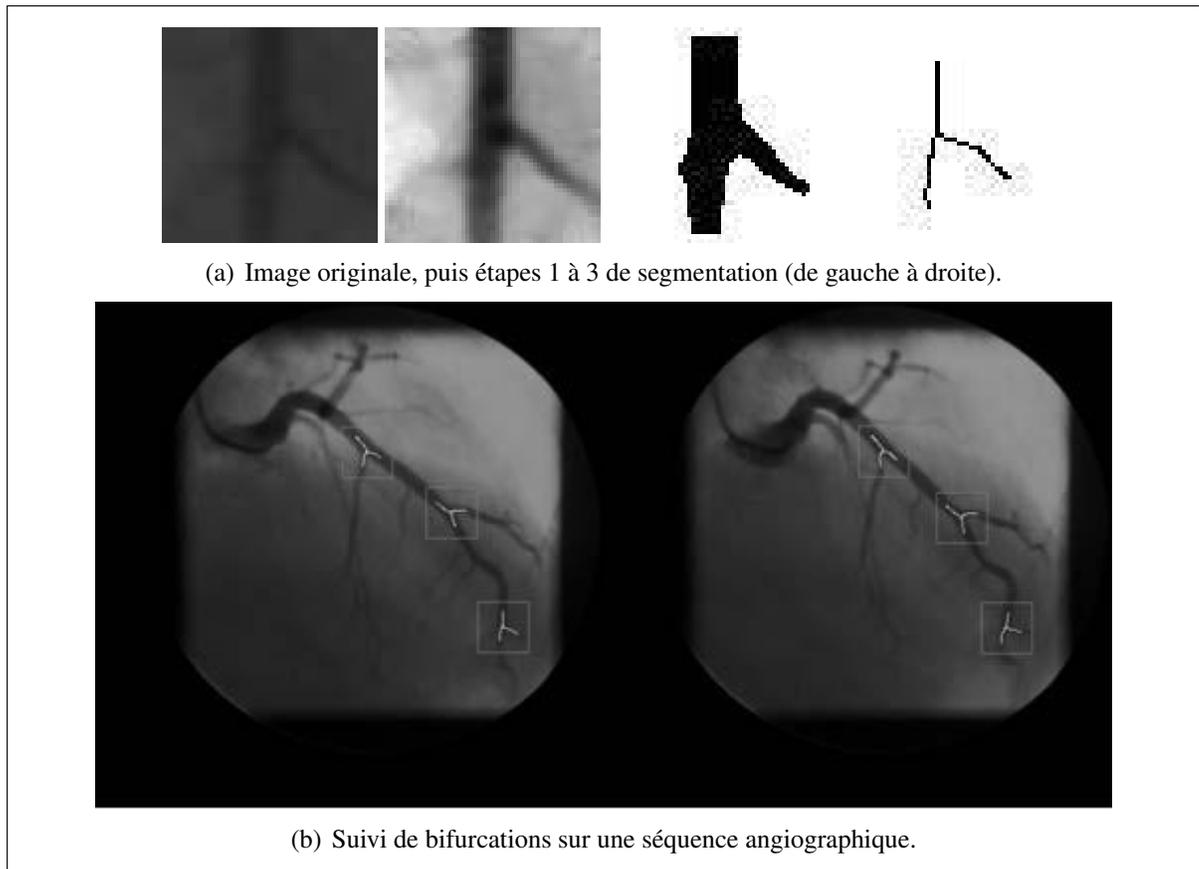


Figure 1.11 - Méthode de suivi structurel des bifurcations sur des séquences XA (Tiré de Bellemare et Meunier [2004])

1/ Rehaussement : rehaussement de contraste (Cheng et Sun [2000]) dans la ROI de manière à mettre en valeur la structure d'intérêt (le vaisseau sanguin).

2/ Segmentation : clustering à deux classes sur l'histogramme de la ROI utilisant l'algorithme Fuzzy C-Means (Bezdek et al. [1984]).

3/ Amincissement : méthode de squelettisation connexe (Blum [1967]).

4/ Estimation : calcul des quatre paramètres du modèle.

5/ Propagation : mise à jour de la ROI sur l'image suivante et retour à l'étape 1.

Cette approche, ainsi d'ailleurs que l'ensemble des méthodes qui se basent sur le suivi des bifurcations, se heurte cependant aux difficultés suivantes ; la détection des bifurcations sur les images angiographiques est une tâche non-triviale, et particulièrement sensible à la qualité de la segmentation vasculaire sous-jacente, qui n'est elle-même actuellement pas encore parfaitement contrôlée. Par ailleurs, étant donné le contexte projectif, les problèmes de superposition (on parle d'*occlusion*) entre les bifurcations et les artères ou le cathéter conduisent à de fausses estimations de la position de la bifurcation, voire à des erreurs de détection. Ces problèmes sont mentionnés par l'auteur dans sa conclusion.

1.4.2 Méthodes de reconstruction 3D

Les méthodes de compensation par reconstruction 3D diffèrent des méthodes de recalage par leur approche ; elles procèdent globalement en deux étapes, la première étant la reconstruction 3D des artères à chaque instant à partir de plusieurs images synchrones sous différents angles de vue, et la seconde visant à appliquer des contraintes aux différentes reconstructions de manière à assurer une *évolution temporelle cohérente* de la déformation.

Chen et Carroll [2003] propose une étude complète portant sur l'analyse des déformations 3D dans le temps des artères coronaires. La méthode traite point par point des traitements appliqués depuis l'acquisition des séquences XA jusqu'à l'évaluation de la cinématique des artères.

L'étape de segmentation est semi-automatique ; une intervention humaine est nécessaire pour indiquer plusieurs points se trouvant sur les artères coronaires dans la première image de la séquence. Par la suite, l'approche est très similaire à celle de Dubuisson-Jolly et al. [1998] : des courbes sont créées à partir des points spécifiés en considérant ces derniers comme les points de contrôle de splines cubiques, lesquelles sont ensuite déformées afin de s'aligner au mieux possible sur un masque de rainures calculé à partir de l'image initiale. La structure finale obtenue est utilisée comme initialisation de segmentation sur l'image suivante, et déformée de la même façon que sur la première image, avec des contraintes additionnelles de *flot optique* (entre les deux images) et de *hiérarchie* (calculées à partir des embranchements trouvés sur la première structure segmentée).

Le problème de mise en correspondance est également traité, en prenant en compte les ambiguïtés pouvant survenir dans les cas où les séquences XA seraient acquises sous différents angles de façon *asynchrone*. Ces considérations conduisent à une reconstruction 3D de l'arbre coronaire à différents instants du cycle cardiaque. Celles-ci sont ensuite compilées en un modèle 4D (3D+temps) pour décrire le mouvement des artères coronaires dans le temps. La compilation est effectuée en pénalisant l'allongement et les variations angulaires trop importantes (comme Dubuisson-Jolly et al. [1998]), et en modélisant la déformation à l'aide de surfaces de Bézier afin d'assurer la régularité du mouvement calculé.

Les caractéristiques retenues pour l'analyse de la déformation ainsi reconstruite sont la *courbure* et la *torsion* locale, calculées à l'aide de B-splines pour représenter la ligne centrale des artères en 3D, et la *flexion globale*, calculée en comparant les angles entre deux portions de segment successives sur deux modèles 3D reconstruits à deux instants successifs. Les temps de calcul présentés par les auteurs sont de plusieurs minutes par image, sans compter l'interaction nécessaire en début de séquence pour l'étape de segmentation manuelle. Ceci illustre bien le point soulevé à la page 35, que les méthodes de recalage basées sur les algorithmes de reconstruction sont généralement coûteuses en termes de temps de calcul.

Shechter et al. [2003, 2004, 2005] décrit une méthode de compensation de mouvement dont l'approche globale vise à un suivi des artères coronaires en 3D à partir de séquences angiographiques bi-planes supposées synchrones. Les contraintes de régularité imposées pour la reconstruction du mouvement (4D) s'appliquent à un modèle 3D *a priori* de l'arbre coronaire, lui-même reconstruit à partir de paires d'images segmentées pour chaque patient.

L'étape de segmentation est similaire à celle décrite dans Chen et Carroll [2003]; le filtre vasculaire de Frangi et al. [1998] est appliqué à chaque image de la séquence, et une segmentation interactive est ensuite effectuée pour dessiner la ligne centrale des artères coronaires. Une hiérarchie est là encore calculée sur le résultat de cette segmentation, et la ligne centrale est divisée en *segments*, dont les deux extrémités sont soit situées à des bifurcation de l'arbre coronaire, soit à une bifurcation et à une «feuille» de l'arbre.

Chacun de ces segments est ensuite interpolé par une courbe B-spline, ce qui offre une représentation compacte de l'arbre coronaire, et les correspondances point-à-point sont évaluées à l'aide d'un algorithme d'exploration de graphe, et de considération épipolaires. Une reconstruction 3D segment par segment est enfin calculée avec une approche de minimisation au sens des moindres carrés, à partir de ces correspondances. Ces reconstructions sont à leur tour interpolées par des splines cubiques pour assurer régularité et connexité à la reconstruction finale.

La reconstruction 4D est effectuée en évaluant les paramètres d'un modèle de déformation entre deux reconstructions 3D successives. L'optimisation correspondante procède par minimisation d'une fonction d'énergie en trois étapes, qui correspondent à trois types de mouvement, du *plus grossier au plus fin* (*coarse-to-fine* en anglais) :

Rigide : il s'agit de la déformation classique (rotation+translation) appliquée globalement à l'arbre coronaire. On compte six degrés de liberté pour cette optimisation.

Affine : ce type de mouvement est similaire au précédent, mais la matrice de transformation homogène (voir équation (1.4)) est supposée contenir cette fois 12 coefficients indépendants (alors que six d'entre eux étaient contraints pour le mouvement rigide).

B-solide : l'utilisation d'un B-solide permet d'exprimer une déformation non-rigide appliquée à l'arbre coronaire tout entier (modélisé comme une courbe B-spline 3D), héritant des propriétés de régularité des splines. Cela revient à considérer l'ensemble des points de contrôle de la spline 3D comme les sommets d'une grille 3D qui contient l'arbre coronaire. La déformation du B-solide revient alors à spécifier une nouvelle configuration de cette grille en bougeant localement les sommets internes (voir Fig. 1.12).

Plusieurs points de cette méthode sont à noter pour la suite ce mémoire ; tout d'abord, durant la phase d'optimisation, l'auteur utilise les reconstructions 3D, *ainsi que* les masques vasculaires de la séquence angiographique. Ces derniers sont rendus flous par l'application de filtres gaussiens de variance tout d'abord importante pour guider l'optimisation des mouvements grossiers, puis de plus en plus faible à mesure que l'optimisation devient fine. Ces masques sont très similaires aux *transformées de distances* (Fabbri et al. [2008]) que nous utilisons dans

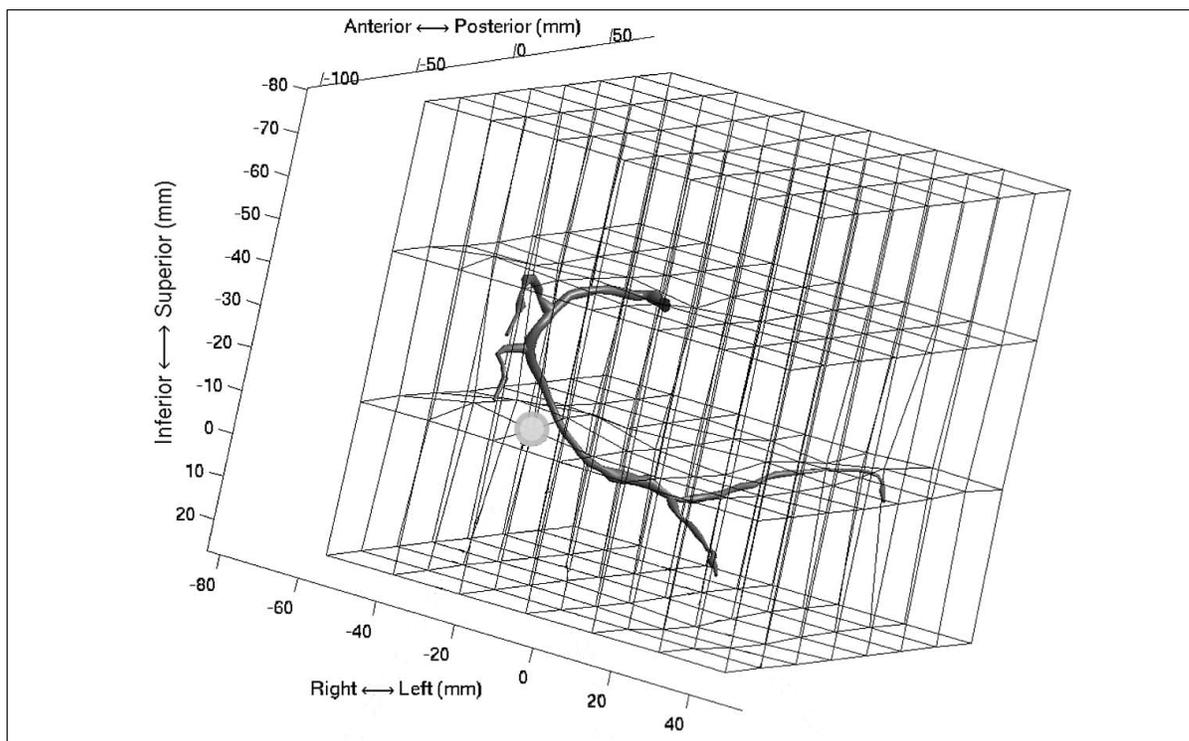


Figure 1.12 - Déformation non-rigide par B-solide (Adapté de Shechter et al. [2004])

notre méthode, et que nous décrivons au §2.3.2. Par ailleurs, un défaut notable de cette méthode est qu'elle procède par déformation, non de la structure à recalculer, mais de l'espace qui la contient (voir Fig. 1.12) ce qui augmente drastiquement le nombre de paramètres décrivant la déformation, et rend l'optimisation délicate et longue à calculer.

Les erreurs de reprojexion mesurées suite à la reconstruction 4D du mouvement sont notablement plus importantes durant la phase de systole. Cette constatation fait suite au point souligné en introduction : l'optimisation d'un grand nombre de paramètre requiert des contraintes fortes qui ont pour effet de limiter l'efficacité du recalage dans le cas de mouvement soudains comme celui du coeur. L'utilisation d'une grille plus dense pour formuler une déformation plus fine du B-solide mènerait à des temps de calcul prohibitifs. Enfin, l'auteur fait remarquer qu'aucune contrainte de *cohérence temporelle* n'est formulée, et appelle à l'extension de sa méthode par l'application de *régularisation temporelle*.

« *An extension to the method presented in this paper calls for the implementation of temporal continuity [...] during the cardiac cycle [...]. This knowledge would have to be embedded in the temporal regularizing functions, in order to be able to correctly capture rapid motion changes.* »

Shechter et al. [2003]

Ces indications décrivent précisément le travail que nous avons tenté de réaliser durant notre recherche, et que nous présentons dans ce mémoire.

1.4.3 Recalage 3D/2D

Markelj et al. [2010] définit le problème de recalage 3D/2D comme la *réconciliation de données pré- et intra-opératoires dans un même repère de l'espace par l'optimisation d'un critère de recalage*. Plus spécifiquement, il s'agit de transformer les données 3D (typiquement CT-scan ou modèle de l'arbre coronaire dans notre cas) pour parvenir à la meilleure correspondance possible avec les données 2D (images de la séquence XA dans notre cas).

L'auteur assimile très justement l'intérêt d'une telle tâche à celui de **réalité augmentée**, dans le sens où l'information existante est *enrichie* d'information calculée pour améliorer son interprétation et son utilisation. En outre, la précision de la navigation percutanée peut être améliorée en fournissant au chirurgien un plan virtuel de navigation, et des indications sur la progression de l'intervention selon ce plan à chaque instant.

Timinger et al. [2004] propose par exemple une solution simple de compensation pour la *navigation intra-opératoire* ; le cathéter utilisé fait partie d'un dispositif magnétique capable d'estimer la position et l'orientation du cathéter dans l'espace à partir de huit senseurs. Les expériences sont menées sur un fantôme cardiaque mécanique.

La position exacte du cathéter – grâce au dispositif magnétique – est connue à chaque instant, et on peut le représenter dans un volume virtuel supposément acquis avant l'intervention afin de guider cette dernière. Les mouvements cardiaques et respiratoires sont compensés de la manière suivante :

- La mise à jour de la position du cathéter est synchronisée sur le signal ECG, et interrompue entre les moments où les ondes P et T sont perçues (voir §1.2.2, on parle d'*ECG gating* en anglais). Ainsi la position du cathéter est mise à jour uniquement lorsque le coeur est (supposément) au repos.
- Le mouvement résiduel est supposé être causé par la respiration, et un modèle affine simple (rotations+translations) est utilisé pour modéliser ce déplacement. La position exacte du cathéter étant connue en plusieurs points, le calcul des paramètres de ce modèle à chaque instant ne pose aucun défi particulier. Par simple inversion, on peut ensuite appliquer ce déplacement au volume virtuel, et stabiliser ainsi artificiellement le cathéter.

Toutefois, le défaut majeur de cette approche concerne l'utilisation d'un dispositif magnétique : ceux-ci sont très peu utilisés en clinique à cause des risques d'interférence avec les autres appareils déjà présents dans la salle d'opération. Par ailleurs, les expériences sont menées uniquement sur un fantôme mécanique, et il est nécessaire de reproduire les performances présentées dans un contexte réel pour évaluer l'utilité pratique de cette approche. Également, l'alignement initial du repère lié au volume CT segmenté (faisant office de «fantôme virtuel») avec le repère dans lequel la position du cathéter est mesurée grâce au dispositif magnétique est en-soi une tâche non-triviale de recalage. Enfin, l'hypothèse que le coeur est au repos entre les ondes T et P est contestable à la lumière des résultats présentés précédemment Fig. 1.6.

La classification des méthodes de la littérature peut se faire suivant de nombreux critères. Markelj et al. [2010] propose une classification détaillée en fonction des critères suivants : les modalités d'imagerie concernées (CT, IRM, XA), les dimensions des données (2D,3D,4D), la nature du recalage (comparaison d'intensités, ou de caractéristiques calculées sur les données comme la segmentation par exemple), la stratégie de correspondance (reconstruction, projection ou rétro-projection), les déformations géométriques considérées (rigides ou non-rigides), l'interaction humaine (pour la segmentation ou pour l'initialisation par exemple), la stratégie d'optimisation, la spécificité de la méthode (spécifique au patient ou par atlas) et enfin l'objet du recalage (cerveau, os, vaisseaux, *etc.*).

Les points importants de cette étude concernent principalement les difficultés générales du problème de recalage 3D/2D, et les problèmes liés spécifiquement aux choix correspondants à la *nature du recalage*. Le premier point souligne que le problème de recalage 3D/2D est un problème *mal-posé* par essence, puisqu'une solution unique de recalage n'est pas toujours assurée ; les résultats fournis par ces algorithmes pouvant donc être faux, il est clair que les applications peuvent au mieux servir d'*indications*, mais ne doivent en aucun cas remplacer ou modifier les données originales. C'est pourquoi l'application de notre travail vise à *superposer* la projection des artères 3D déformées sur chaque image angiographique (voir Fig. 0.1).

Le second point comporte plusieurs volets de commentaires, mais traite principalement des points suivants :

- Concernant les méthodes procédant par *comparaison d'intensités*, une technique très largement employée est celle de *synthèse numérique de radiographies* (DRR) : cette technique consiste à projeter chaque voxel des données 3D une fois la déformation appliquée, de manière à générer une radiographie simulée comparable à l'image 2D recalée. Le problème lié à l'utilisation de cette technique intervient dans un contexte d'optimisation ; le parcours des données 3D à chaque itération d'un algorithme d'optimisation rallonge significativement le temps de calcul nécessaire pour effectuer le recalage.
- Alternativement, les méthodes qui procèdent par *comparaison de caractéristiques* sont sensibles à la technique d'extraction employée sur les images à comparer (segmentation par exemple).
- Pour l'une comme pour l'autre de ces approches, le choix d'une *métrique de similarité* est particulièrement sensible puisque celle-ci définit la fonction à optimiser : dans le cas des méthodes par comparaison d'intensité par exemple, le comportement de cette métrique n'est par expérience ni globalement monotone, ni globalement convexe, ce qui impose un recalage initial proche de la solution finale, et ces méthodes ne sont donc adaptées que pour des recalages de faible amplitude.

Ces points sont investigués par les études de Chen et al. [2008] et McLaughlin et al. [2002].

McLaughlin et al. [2002] compare les performances de recalage 3D/2D rigide multimodal sur des structures vasculaires cérébrales entre deux méthodes procédant respectivement par comparaison d'intensités et de caractéristiques. Pour la méthode par comparaison d'intensités, la structure vasculaire est segmentée en 3D sur un examen IRM, et le recalage est effectué en comparant des DRR générées à partir de cette segmentation, avec les images provenant de deux séquences DSA (angiographie par soustraction numérique) sous des angles de vue différents, à l'aide de la métrique de *différence de gradients*. Pour la méthode de comparaison de caractéristiques, la ligne centrale de la structure vasculaire est segmentée en 3D sur l'examen IRM, et en 2D sur les images DSA. La métrique utilisée calcule pour chaque point de la ligne centrale projetée, la distance au point le plus proche de la ligne centrale segmentée sur les images DSA. Les résultats montrent que l'approche par comparaison d'intensités est plus précise (erreur moyenne de 1.4 mm, contre 2.3 mm pour l'approche par comparaison de caractéristiques).

Notons que l'utilisation de séquences DSA est très répandue pour les applications de recalage vasculaire : on soustrait l'arrière-plan de chaque image d'une séquence angiographique en acquérant au préalable une image radiographique sans injection d'agent de contraste. Cette méthode est particulièrement indiquée lorsque les organes en arrière-plan sont immobiles, ce qui n'est généralement pas le cas sur des séquences angiographiques cardiaques (le diaphragme est déplacé par les poumons lors de la respiration).

Chen et al. [2008] plaide également pour la robustesse et l'efficacité des approches par comparaison d'intensités, mais souligne que les problèmes de temps de calcul pour la synthèse de radiographies simulées doivent être adressés, et que le choix d'une stratégie d'optimisation est particulièrement sensible. Son étude est appliquée au recalage rigide des os crâniens, et propose une méthode de calcul efficace de DRR partielle, ainsi qu'une fonction de coût basée sur des contraintes hybrides qui rendent l'optimisation plus robuste.

La boîte crânienne est tout d'abord segmentée en 3D sur un examen CT, puis projetée selon les angles de vues correspondant aux images radiographiques de manière à obtenir des images binaires. Les contours de la structure d'intérêt ainsi projetée sont ensuite calculés, épaissis (avec une largeur arbitraire d'une trentaine de pixels sur des images de taille 512×512), puis superposés aux images radiographiques utilisées pour le recalage de manière à obtenir un *ruban* d'image radiographique. Une technique de *ray tracing* est ensuite employée pour retrouver les voxels correspondants à ce ruban dans le volume CT, et une image DRR partielle est enfin générée pour obtenir le ruban correspondant de simulation radiographique. Les images partielles simulées et radiographiques sont ensuite comparées à l'aide d'une métrique *d'information mutuelle normalisée*.

La fonction de coût définie pour l'optimisation comporte le terme de similarité précédent, ainsi qu'un terme provenant du domaine des courbes de niveaux (voir §1.3.2.1), d'où la désignation de *contrainte hybride*. Le terme correspondant est donné par :

$$E_{levelset} = \frac{\sum_{\text{Intérieur}} (I - \mu)^2 + \sum_{\text{Extérieur}} (I - \nu)^2}{A \cdot I_{max}^2} \quad (1.5)$$

où I est l'image radiographique, A le nombre de pixels dans cette image, I_{max} l'intensité maximale sur cette image, et μ (resp. ν) l'intensité moyenne à l'intérieur (resp. à l'extérieur) du contour calculé sur la projection binaire du modèle 3D et superposé à l'image radiographique. L'optimisation de la fonction de coût ainsi définie est réalisée par recherche du *meilleur voisin*, couplée avec une technique d'interpolation parabolique assurant un comportement localement convexe de la fonction de coût. Les temps de recalage présentés sont de quelques minutes, et la précision du recalage est sous-millimétrique.

L'utilisation d'une fonction de coût hybride est intéressante, et peu rencontrée dans la littérature. Le terme de *levelset* précédent est particulièrement adapté à l'imagerie crânienne car l'extérieur de la silhouette sur les images radiographiques du crâne ne correspond pas à des organes, et figure donc en noir (car les rayons X ne sont pas absorbés). Cependant, dans un contexte d'imagerie cardiaque, les artères coronaires sont entourées d'autres organes et tis-

sus dont elles ne peuvent être distinguées uniquement par des considérations d'intensités (voir §1.3.2.1.1).

Non sans certaines similarités, Chan et al. [2004] et Jomier et al. [2006] exploitent l'information de voisinage d'une structure vasculaire projetée lors du recalage, de manière à contourner les contraintes de temps de calcul imposées par la génération de DRR. Les deux études utilisent l'information disponible sur les *rayons vasculaires* lors de la projection.

Chan et al. [2004] propose une méthode multimodale pour le recalage 3D/2D rigide de structures vasculaires cérébrales, à partir d'un examen IRM 3D, et d'une séquence DSA sous un seul angle de vue. L'IRM est tout d'abord segmenté pour obtenir un volume binaire, auquel une *transformation de distance* (DT) est appliquée ; celle-ci permet d'extraire la ligne centrale de la structure vasculaire (courbe de maximum d'intensité) ainsi que le rayon vasculaire associé en chaque point (la valeur de la DT en ce point). La structure 3D est ensuite modélisée comme un ensemble de sphères grâce aux centres et rayons ainsi définis, ce qui permet une projection binaire simple de la surface vasculaire visible sous différents angles de vue. La minimisation de la différence quadratique (à l'aide de l'algorithme de Powell, Powell [1978]) entre la projection ainsi obtenue et l'image DSA permet d'estimer les paramètres rigides de la transformation recherchée. La précision de recalage est inférieure à 2 mm, pour un temps de calcul d'environ 25 secondes.

Jomier et al. [2006] propose une méthode multimodale pour le recalage 3D/2D rigide de structures vasculaires hépatiques dans le cadre de chirurgies TIPS (shunt intra-hépatique par voie transjugulaire), à partir d'un examen CT ou IRM, et de deux images DSA sous des angles de vue orthogonaux. Afin d'éviter le calcul coûteux de DRR, l'auteur propose une méthode de comparaison tirant parti de l'information disponible sur le rayon de la structure vasculaire en chaque point ; la ligne centrale est tout d'abord segmentée sur l'examen 3D, puis projetée sur une image binaire. Un filtrage Gaussien de variance et d'amplitude égales au rayon vasculaire en chaque point de la ligne centrale projetée est ensuite appliqué.

La métrique de recalage est définie comme la somme des *similarités cosinus* (somme des produits pixel à pixel) entre l'image ainsi filtrée et les images DSA. La minimisation de cette métrique est effectuée à l'aide d'un algorithme génétique, en optimisant séquentiellement les paramètres rigides, ce qui revient à ignorer les dépendances entre les différents mouvements, et peut donc conduire à de mauvais résultats. Néanmoins, les précisions présentées sont sous-millimétriques pour des temps de calcul d'environ 20 secondes.

Enfin Turgeon et al. [2005] présente une méthode rigide et intramodale de recalage 3D/2D des artères coronaires. Celles-ci sont tout d'abord segmentées sur un examen volumétrique CT. Des séquences angiographiques sont ensuite simulées par la génération de DRR, segmentées automatiquement à l'aide de filtres vasculaires (Koller et al. [1995], Sato et al. [1998]), puis binarisées sans amincissement. Les projections binaires de la segmentation 3D résultent, elles, en des images non amincies des artères et comparables aux segmentations des images angiographiques simulées. La métrique de *corrélation entropique* (Astola et Virtanen [1982]) est utilisée pour cette comparaison. L'optimisation est effectuée par l'algorithme Downhill Simplex (Nelder et Mead [1965]), et exécutée à trois reprises avec des initialisations différentes pour éviter les phénomènes de convergence vers des optima locaux. Les expériences sont menées dans un environnement entièrement simulé à partir d'un CT-scan segmenté et considéré comme un standard de référence. Deux types de recalage sont effectués indépendamment avec des séquences angiographiques sous un seul, et deux angles de vue. Les précisions atteintes lors de simulation idéales sont respectivement de 1.60 ± 0.21 et 0.53 ± 0.08 mm. Dans le pire contexte de simulation (perturbation de l'intensité des radiographies simulées, désynchronisation entre les vues, erreurs sur les positions 3D), l'algorithme converge dans 94% des cas avec deux vues angiographiques, et la précision moyenne est de 2.19 ± 0.77 mm. Une implémentation sur carte graphique permet des temps de calcul de 17 secondes pour le recalage avec deux vues angiographiques, et de 32 secondes avec une seule vue, à cause de la convergence plus lente de l'optimisation.

L'inconvénient majeur de cette étude est que l'évaluation proposée, bien qu'elle soit quantitative, est conduite dans un environnement entièrement simulé ; une étude ultérieure est nécessaire pour évaluer les performances atteintes dans un contexte réel.

Dans la suite, nous présentons des regroupements de méthodes selon des sous-catégories de recalage que nous avons jugées pertinentes, à savoir ; recalage par atlas déformable (§1.4.3.1), recalage par modèle vasculaire non-rigide (§1.4.3.2 page 55), et recalage stochastique (§1.4.3.3 page 58). Nous décrivons ces approches principalement à l'aide des critères de nature du recalage (par intensités ou par caractéristiques), de stratégie d'optimisation, de spécificité de la méthode (spécifique au patient ou par atlas), des déformations considérées (rigides ou non-rigides), des temps de calcul et des précisions de recalage atteintes.

1.4.3.1 Recalage 3D/2D par atlas déformable

La construction d'un atlas dans un contexte de recalage consiste dans un premier temps à proposer un modèle capable de décrire de manière *paramétrique* une structure d'intérêt à recaler, puis dans un second temps à compiler plusieurs segmentations de cette structure provenant d'examens réels, en décrivant chacune d'entre-elles à l'aide des paramètres du modèle défini. Une analyse statistique subséquente permet par la suite d'estimer une structure d'intérêt *moyenne*, les structures d'intérêt particulières (appries ou nouvelles) étant alors décrites quantitativement comme des *déviations* par rapport à cette moyenne ; on parle **d'atlas déformable**.

Formellement, une structure particulière S sera décrite grâce à l'atlas déformable \mathcal{A} par n paramètres $(w_i)_{i=1..n}$, à l'aide d'une équation du type :

$$S = \mathcal{A}(w_1, \dots, w_n) = \bar{S} + \sum_{i=1}^n w_i \mathbf{e}_i \quad (1.6)$$

où \bar{S} est la structure d'intérêt moyenne apprise sur les segmentations de l'atlas et $(\mathbf{e}_i)_i$ les vecteurs qui représentent les déformations induites par les différents paramètres du modèle.

Généralement, les modèles employés pour la construction d'atlas possèdent initialement un très grand nombre de paramètres (typiquement plusieurs centaines, voire milliers de paramètres), et l'on a recours à des techniques de *réduction de dimensionnalité* comme l'analyse de composantes principales (ACP) par exemple, afin de réduire ce nombre à quelques dizaines de paramètres pour le recalage. Ci-après, nous présentons succinctement cinq approches de recalage par atlas déformable (Fleute et Lavallée [1999], Tang et Ellis [2005], Sadowsky et al. [2007], Hurvitz et Joskowicz [2008], Chen et al. [2011]), et expliquons pourquoi ces méthodes ne peuvent pas être appliquées au problème de compensation du mouvement cardiaque.

Fleute et Lavallée [1999] présente une méthode appliquée au recalage 3D/2D du fémur par atlas déformable. L'auteur utilise un atlas simulé pour les expériences, qui comporte quatre paramètres de déformation non-rigide, et six paramètres (rotations et translations) de déformation globale rigide. L'auteur propose une adaptation de l'algorithme ICP (Besl et McKay [1992]) au contexte de recalage 3D/2D ; les contours du fémur sont calculés sur quatre images radiographiques sous différents angles de vue, et le contour du modèle 3D déformé provenant de l'atlas est calculé pour chacun des angles de vue correspondants. La mise en correspondance de ces contours est effectuée pour chaque angle de vue en assignant à chaque point du contour 3D projeté le point du contour 2D le plus proche. L'optimisation des paramètres de déformation est effectuée en deux temps, en estimant la déformation rigide d'abord, et non-rigide ensuite, au moyen de l'algorithme Downhill Simplex. Le temps de calcul est d'environ une minute. L'inconvénient majeur de cette étude provient de l'utilisation d'un atlas simulé, qui ne permet pas d'évaluer l'efficacité de cette méthode dans un contexte réel.

Tang et Ellis [2005] traite de la même problématique, mais construit un atlas déformable par la compilation de fémurs segmentés sur des examens CT. La modélisation proposée est particulièrement intéressante ; le fémur segmenté en 3D est interpolé par k sphères dont les centres et rayons sont optimisés pour occuper le plus grand volume possible. La surface du fémur est ensuite paramétrée en «tirant» de manière isotrope depuis le centre de chaque sphère n rayons, et en mesurant la distance à l'intersection avec la surface segmentée. Une ACP permet de réduire le nombre de paramètres ainsi définis ($4k + kn$) à une dizaine de paramètres seulement

(avec 85% de variance cumulative⁹). L'optimisation repose sur la génération de DRR à partir du modèle 3D déformé, comparées aux radiographies par la métrique de *covariance de gradients* et en utilisant également l'algorithme Downhill Simplex. Les temps de calcul présentés varient de 4.5 à 8 minutes pour un nombre de radiographies allant de 2 à 4 : ces temps de calcul élevés sont causés par le calcul de DRR durant l'optimisation. La précision de recalage atteinte est sous-millimétrique.

Sadowsky et al. [2007] propose une méthode de recalage du coccyx sur des images radiographiques acquises sous différents angles de vue. Un atlas déformable est construit par la segmentation de 100 CT-scans, et les déformations autorisées correspondent aux paramètres d'une surface tétraédrale calculée sur les différentes segmentations. Une ACP permet de réduire le nombre de paramètres de déformation non-rigides à 15. L'optimisation repose également sur la génération de DRR, comparées à un nombre de radiographies variant de trois à huit sous différents angles de vue, à l'aide de la métrique *d'information mutuelle normalisée*, et de l'algorithme Downhill Simplex. Dans cette étude, l'auteur s'intéresse particulièrement aux problèmes de radiographies *partielles* du coccyx, ce qui justifie l'acquisition d'un si grand nombre de vues pour évaluer l'impact sur la précision du recalage effectué. Cependant l'évaluation est menée sur des données radiographiques simulées uniquement.

Hurvitz et Joskowicz [2008] procède de manière similaire à Sadowsky et al. [2007], en formant un atlas déformable au moyen de surfaces tétraédrales calculées sur des segmentations de fémurs (11 paramètres de déformation non-rigide après ACP pour 95% de variance cumulative). La phase d'optimisation proposée est quant à elle similaire à l'adaptation de l'ICP présentée dans Fleute et Lavallée [1999] ; la correspondance entre le contour projeté et le contour segmenté sur l'image radiographique est évaluée de manière non-rigide grâce à une descente de gradient, en utilisant une métrique de *différence de gradients* pour comparer les contours.

9. Seules trois des cinq études présentées précisent la variance cumulative retenue pour l'ACP.

Les paramètres de déformation de l’atlas sont ensuite estimés au moyen d’un algorithme de Pattern Search (Lewis et Torczon [1996]) en utilisant quatre points de vue différents pour les images angiographiques. Les précisions atteintes sont d’environ 1.4 mm, et les temps de calcul ne sont pas précisés. L’évaluation est effectuée sur des données radiographiques simulées et *in vitro*, et une modélisation est proposée pour représenter les distorsions de géométrie et d’intensité sur les images radiographiques simulées.

Enfin Chen et al. [2011] s’intéresse au problème de recalage 3D/2D des os carpiens (os du poignet) par atlas déformable, à partir d’une *séquence radiographique temporelle monoculaire*. La modélisation de l’atlas déformable est effectuée grâce à 10 segmentations CT, et concerne la description de huit os indépendants qui forment le poignet. Un premier modèle rigide décrit les rotations et translations globales pour chacun de ces os, puis une ACP est appliquée et retient huit paramètres rigides pour une variance cumulative de 98%. Un second modèle non-rigide est ensuite construit par ACP sur les distributions de points décrivant la surface de chaque os sur chaque reconstruction ; trois modes non-rigides sont retenus pour une variance cumulative de 84%. L’optimisation porte sur la minimisation d’une fonction de coût, qui repose sur la corrélation entre les gradients des images de la séquence radiographique et des projections simulées des surfaces du modèle 3D déformé. Elle est réalisée par une recherche du meilleur voisin, couplée avec une technique d’interpolation parabolique visant à rendre la métrique de similarité localement convexe (de la même manière que dans Chen et al. [2008]). Le point négatif de cette méthode est que la formulation de la fonction de coût ne permet pas son utilisation dans un contexte de *suivi* (à l’instant t , les images fluoroscopiques aux temps $(t - 1)$ et $(t + 1)$ sont utilisées), ce qui en fait une méthode dite **hors-ligne**. Cette méthode est cependant particulièrement intéressante car elle s’attaque au problème d’estimation du mouvement 3D à partir d’une séquence 2D sous un seul angle de vue.

En effet, ce dernier point signifie en pratique une *réduction de l’encombrement spatial* du bloc opératoire (dispositif monoplan et non plus biplan), et une *réduction de moitié de la dose de radiation* pour le patient.

L'avantage principal des méthodes de recalage par atlas déformable est (Hurvitz et Joskowicz [2008]) qu'elles ne requièrent pas, une fois l'atlas construit, de données 3D pré-opératoires pour effectuer le recalage, ce qui se traduit par une réduction de dose de radiation pour le patient, une réduction des coûts hospitalier, et une réduction du délai entre le diagnostique et l'intervention. Par ailleurs, l'utilisation de données 3D statistiques *non-spécifiques* au patient, mais qui *s'adaptent* à ce dernier au cours du recalage, témoigne d'une approche **générale mais personnalisable** comme nous le suggérons page 36. Leurs désavantages sont (Hurvitz et Joskowicz [2008]) que le recalage ainsi formulé conduit à des reconstructions globalement moins précises de la structure d'intérêt (comparées aux segmentations des examens 3D), et qu'elles ne permettent pas de décrire des structures qui différeraient considérablement de la structure moyenne pour des raisons pathologiques par exemple.

Dans le cas des artères coronaires, ce dernier point est particulièrement problématique ; en effet, la topologie des artères varie significativement d'un patient à un autre, et la construction d'un atlas déformable ne peut donc se faire raisonnablement en suivant une méthodologie comme celle décrite à l'équation (1.6). Cependant, bien que ces limitations soient causées par l'utilisation de critères *topologiques* pour définir l'atlas, notons que l'apprentissage effectué repose principalement sur l'estimation de *modes de déformation* ; il peut être intéressant d'envisager un apprentissage basé sur un *modèle de déformation* dans le contexte cardiaque (dont l'évolution des paramètres au cours d'un cycle seraient appris), et de permettre ainsi la construction d'un atlas sur des critères non topologiques, mais cinématiques. Il s'agit de l'un des aspects du travail que nous présentons dans ce mémoire.

1.4.3.2 Recalage 3D/2D par modèle vasculaire non-rigide

Zikic et al. [2008] et Groher et al. [2009] présentent des approches identiques au problème de recalage 3D/2D non-rigide des artères coronaires à partir d'une séquence angiographique sous un seul angle de vue.

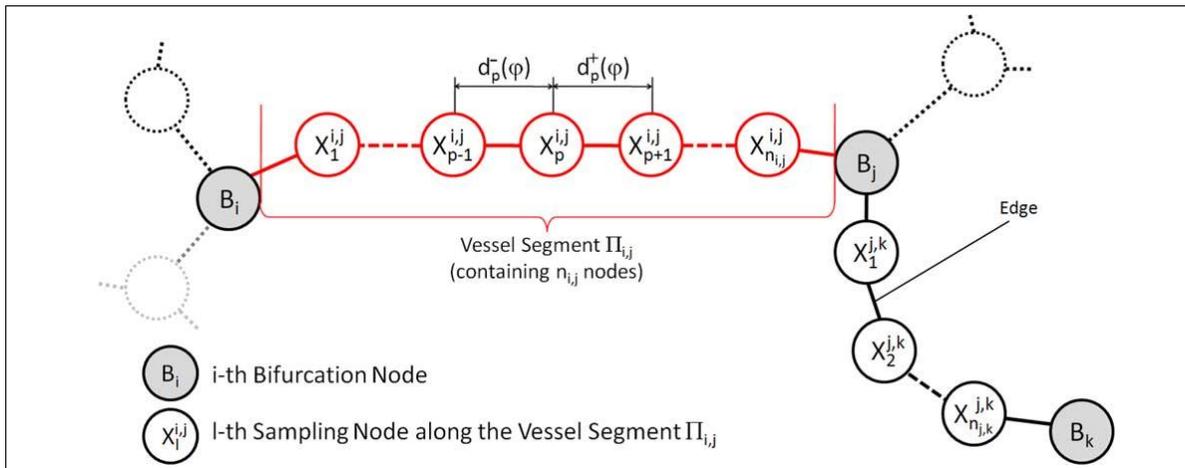


Figure 1.13 - Modélisation de l'arbre coronaire comme un graphe (Tiré de Groher et al. [2009])

L'analyse de cette approche est intéressante, car le contexte défini (non-rigide et monoculaire) est particulièrement complexe, d'autant qu'il concerne le mouvement cardiaque (voir §1.4) ; tout modèle répondant à ces contraintes se doit donc d'être particulièrement robuste.

L'application recherchée reste celle d'aide à la navigation intra-opératoire, et l'utilisation d'un seul angle de vue permet incidemment de contourner certains problèmes méthodologiques comme ceux de synchronisation entre les différentes vues, et de mises en correspondances entre les différentes segmentations.

L'approche non-rigide présentée repose sur de fortes contraintes de *conservation de longueur* et de *régularité de déformation* (à la façon de Dubuisson-Jolly et al. [1998] et Chen et Carroll [2003]), qui permettent de lever l'ambiguïté sur la déformation 3D produisant une projection 2D donnée, tout en assurant que cette déformation soit cohérente sur l'ensemble de la structure. En effet, les contraintes de conservation de longueur seules sont essentiellement *locales*, car elles s'appliquent entre un point de l'artère et ses voisins, mais n'imposent pas de *tendance de déformation globale*.

La ligne centrale de l'arbre coronaire 3D, supposée segmentée sur un examen CT pré-opératoire, est modélisée comme un *graphe* (voir Fig. 1.13) dont les nœuds peuvent se déplacer locale-

ment les uns par rapport aux autres, et dont les arêtes sont pondérées par la longueur qui sépare les deux noeuds à ses extrémités (comme dans Dubuisson-Jolly et al. [1998]).

La déformation 3D entre deux instants consiste donc en des déplacements locaux des noeuds du graphe, que l'on cherche à retrouver en minimisant une fonction d'énergie constituée de quatre termes :

$$\text{Énergie} = \text{Différence 2D} + \text{Allongement} + \text{Irrégularité} + \text{Correspondance}$$

Les images 2D sont supposées segmentées, et les lignes centrales 2D également modélisées comme des graphes. La minimisation de cette fonction d'énergie alterne les étapes de mise en correspondance des noeuds des graphes 3D et 2D (technique de *graph-matching* décrite dans Gold et Rangarajan [1996]), et la mise à jour de la déformation du graphe 3D.

Le terme de **correspondance** tel qu'exprimé dans Groher et al. [2009] tend à favoriser une indexation des noeuds du graphe 3D relativement proche (une fois projetée) de l'indexation du graphe 2D ; en d'autres termes, pour un indice i donné, la projection du noeud X_i (3D) doit être proche du noeud x_i (2D), ce qui laisse une ambiguïté sur la façon dont l'indexation initiale est fixée.

Le terme de **différence 2D** est évalué en supposant une correspondance, comme la distance entre les noeuds 3D projetés, et leur correspondant 2D. Le terme d'**allongement** correspond à la différence entre les pondérations des arêtes avant et après déformation. Enfin, le terme d'**irrégularité** est évalué comme l'«accélération» de la courbe analytique décrite par l'interpolation des noeuds 3D par des splines cubiques.

Les points négatifs de cette méthode concernent particulièrement le problème de l'initialisation de la correspondance entre les graphes 3D et 2D (qui a du être faite manuellement sur des données réelles), le temps de calcul important (>3min/image, sans segmentation), directement relié au nombre d'itérations de l'algorithme d'optimisation (plusieurs milliers), lui-même relié au nombre de paramètres à estimer (un vecteur de déplacement par noeud du graphe 3D).

1.4.3.3 Recalage 3D/2D stochastique

Ce dernier regroupement de méthodes concerne les approches accordant une attention particulière à la *stratégie d'optimisation*. Les méthodes stochastiques désignent des procédés de calculs qui se basent sur des modélisations probabilistes. Les méthodes d'optimisation correspondantes sont plus robustes que les méthodes d'optimisation classiques, notamment parce qu'elles ne font généralement aucune hypothèse sur le comportement de la fonction de coût/d'énergie à optimiser, mais interprètent plutôt cette dernière comme une densité de probabilité à estimer, généralement à l'aide de techniques d'échantillonnage (Knuth [1973], Duda et al. [2001]).

Dans les approches que nous présentons ci-après, l'une des forces notable des méthodes stochastiques employées est qu'elles n'excluent pas l'existence de *plusieurs modes* dans la distribution à estimer : ceci se traduit par l'exploration simultanée de plusieurs déformations pertinentes lors du recalage, sans pour autant que les paramètres de celles-ci soient nécessairement dans le même voisinage de l'espace de paramètres.

Sidenbladh et al. [2000] présente une méthode stochastique de suivi de silhouette humaine sur des séquences vidéo. Les images de la séquence sont interprétées comme des *évidences* – au sens probabiliste du terme – à l'étape d'optimisation, et l'objectif formulé est celui de *maximisation a posteriori* (MAP), l'estimation portant sur les paramètres de déformation décrivant la silhouette.

La modélisation proposée se divise en trois parties :

Modèle de déformation : il s'agit de modéliser l'objet qui doit être suivi (la silhouette) en précisant ses *caractéristiques géométriques*, ainsi que les paramètres qui permettent de décrire de façon compacte l'ensemble des configurations possibles. Ce modèle influe directement sur la complexité de l'optimisation à effectuer pour retrouver la séquence temporelle de paramètres qui décrit la séquence vidéo observée. En effet, plus ce modèle est complexe, et plus il y aura de paramètres à estimer à chaque nouvelle image.

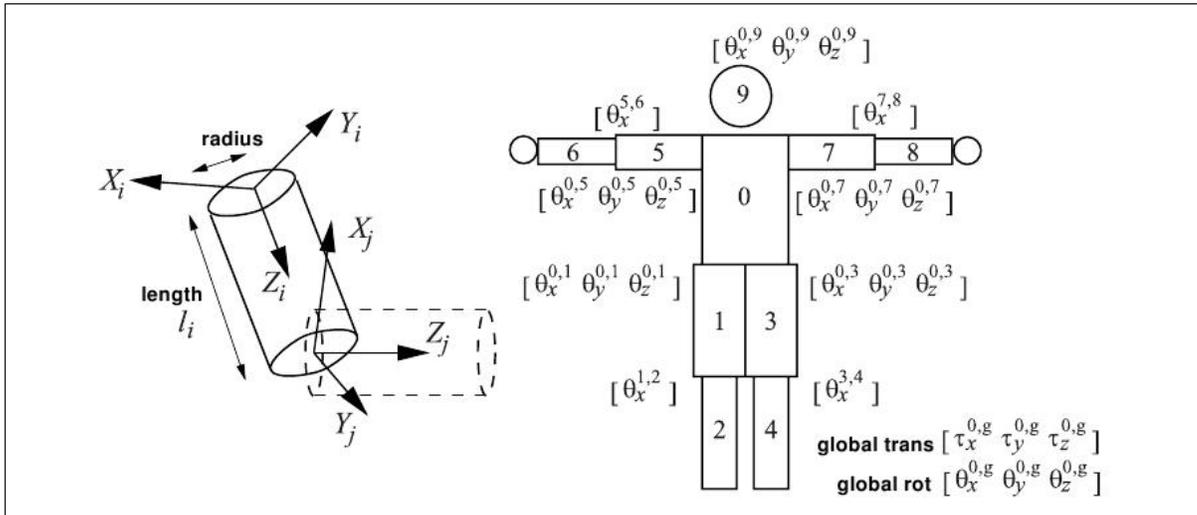


Figure 1.14 - Modélisation géométrique de la silhouette

Tiré de Sidenbladh et al. [2000]. La silhouette est modélisée comme un ensemble connexe de neuf cylindres et une sphère possédant des degrés de liberté en translation et/ou en rotation. Un repère global permet de paramétrer les mouvements d'ensemble en rotation et translation.

Modèle d'apparence : la méthode ne suppose aucune segmentation des images de la séquence observée, il est donc nécessaire de formuler un modèle d'apparence capable d'assurer le suivi de la silhouette. L'auteur modélise la distribution d'intensités «à l'intérieur» de chaque membre projeté comme une distribution Gaussienne multimodale. Cette distribution dépend de l'*orientation relative* de chaque membre par rapport au plan de projection : si le membre est parallèle au plan de projection, la distribution d'intensités observée sera considérée comme *moins bruitée* que si le membre est orthogonale à ce plan, ce qui exprime l'incertitude liée à la *profondeur*, étant donné l'angle d'observation.

Évolution temporelle : ce modèle décrit l'évolution temporelle des paramètres du modèle de déformation sous forme de *probabilités de transition*. Ces probabilités concernent les transitions de *valeur*, et de *vélocité* des paramètres, ce qui assure une robustesse accrue dans un contexte de suivi : en effet, de grandes variations des paramètres de déformation sont alors envisageables, tant que l'évolution de leur vélocité est contrôlée.

Le modèle de déformation est illustré Fig. 1.14. Pour décrire le modèle d'évolution temporelle, nous considérons un écoulement discret du temps $(t, t + 1, \dots, t + n)$, et l'on note \mathbf{I}_t l'image observée, ϕ_t les paramètres de déformation, \mathbf{V}_t leur vitesse instantanée (premier ordre temporel), et \mathbf{R}_t l'apparence de l'objet à l'instant t (qui peut être interprétée comme une *texture*, nous ne détaillerons pas ici le modèle d'apparence). L'évolution temporelle du processus stochastique est alors spécifiée par les relations suivantes :

- \mathbf{R}_t ne dépend que de \mathbf{I}_{t-1} et ϕ_{t-1}
- ϕ_t ne dépend que de ϕ_{t-1} et \mathbf{V}_{t-1}
- \mathbf{V}_t ne dépend que de \mathbf{V}_{t-1}

L'objectif de l'estimation MAP consiste à trouver la «meilleure explication» (formulée en termes de paramètres de déformation) à l'image observée, en maximisant la probabilité conjointe *a posteriori* $p(\phi_t, \mathbf{V}_t, \mathbf{R}_t | \mathbf{I}_{0..t})$. En utilisant les lois probabilistes de marginalisation, de Bayes, ainsi que le modèle de transition retenu, on formule une expression récursive de cette densité :

$$\underbrace{p(\phi_t, \mathbf{V}_t, \mathbf{R}_t | \mathbf{I}_{0..t})}_{\text{A posteriori}(t)} \propto \underbrace{p(\mathbf{I}_t | \phi_t, \mathbf{R}_t)}_{\text{Vraisemblance}(t)} \int \underbrace{p(\phi_t | \phi_{t-1}, \mathbf{V}_{t-1}) p(\mathbf{V}_t | \mathbf{V}_{t-1}) p(\mathbf{R}_t | \mathbf{I}_{t-1}, \phi_{t-1})}_{\text{Transition } (t-1) \rightarrow t} \underbrace{p(\phi_{t-1}, \mathbf{V}_{t-1}, \mathbf{R}_{t-1} | \mathbf{I}_{0..t-1})}_{\text{A posteriori}(t-1)} d\phi_{t-1} d\mathbf{V}_{t-1} d\mathbf{R}_{t-1} \quad (1.7)$$

Malheureusement (ou heureusement selon le point de vue...) il n'est pas possible de résoudre analytiquement cette équation car le terme de vraisemblance $p(\mathbf{I}_t | \phi_t, \mathbf{R}_t)$ n'est pas une fonction analytique des paramètres de déformation (projection perspective, problèmes d'occlusions, et texture inconnue). Afin de maximiser la densité conjointe *a posteriori*, Sidenblad et al. [2000] utilise un *filtre de particules* (Doucet et Smith [2001], Arulampalam et al. [2002], Djuric et al. [2003]), qui procède à l'estimation de cette densité par échantillonnage du terme de droite dans l'équation (1.7). L'utilisation pratique de cette méthode requiert toutefois la spé-

cification des probabilités $p(\mathbf{I}_t|\phi_t, \mathbf{R}_t)$, $p(\phi_t|\phi_{t-1}, \mathbf{V}_{t-1})$ et $p(\mathbf{V}_t|\mathbf{V}_{t-1})$; l'auteur propose deux applications, l'une concernant l'hypothèse de mouvement continu et lisse (pénalisant les variations brusques), et l'autre se plaçant dans le contexte d'une action spécifique de la silhouette, à savoir la *marche*.

Ce dernier commentaire décrit l'un des aspects du travail présenté dans ce mémoire; dans notre application, nous présenterons une modélisation du mouvement cardiaque, en tant que description de l'évolution de paramètres de déformation au cours d'un battement. Bien qu'elle ne soit pas appliquée au suivi du mouvement cardiaque, la méthode décrite par Sidenbladh et al. [2000] est particulièrement intéressante car elle permet de séparer clairement les différents choix liés à la modélisation du problème. Il en résulte un *contrôle accru* du processus d'optimisation d'une part, puisque celui-ci est directement guidé par le modèle d'évolution temporelle, et la possibilité d'une *évaluation quantitative* de l'impact des choix de modélisation d'autre part.

Florin et al. [2005] présente une méthode stochastique de recalage rigide et multimodale 3D/2D des artères cérébrales à partir d'examens IRM 3D et d'une image DSA sous un seul angle de vue. L'auteur souligne à nouveau les différences entre les méthodes basées sur une comparaison d'intensités (précises mais gourmandes en temps de calcul à cause de la génération de DRR) et celles basées sur une comparaison de caractéristiques (sensibles à l'algorithme d'extraction de caractéristiques). Il compare également les stratégies d'optimisation en avançant que l'exploration simultanée de plusieurs poses pertinentes de la structure à recaler suggère l'utilisation de méthodes stochastiques, à comparer avec les méthodes classiques qui sont sujettes à convergence vers des optima locaux, ce qui réduit l'amplitude de déformation recouvrable à un voisinage de la solution optimale, et requiert donc une initialisation relativement précise.

La méthode présentée suppose une segmentation 3D des artères cérébrales sur l'examen IRM, ainsi qu'une segmentation 2D sur l'image DSA, au moyen de filtres vasculaires. Une transformation de distance est appliquée à l'image 2D segmentée, et comparée à la projection de la segmentation 3D par la métrique de *similarité cosinus*.

L'optimisation est effectuée par Condensation (Doucet et Smith [2001], Arulampalam et al. [2002]) – similaire au filtrage particulaire – et comparée à l'algorithme de Levenberg-Marquard (Bates et Watts [1988]). Les résultats obtenus montrent que l'optimisation stochastique performe beaucoup mieux (rapport d'erreurs variant de 3 à 5) que ce dernier, tant en moyenne qu'en variance. Les temps de calcul reportés sont de l'ordre de la minute.

Cette étude prouve les performances des méthodes d'optimisation stochastiques, tant par rapport aux autres méthodes d'optimisation, que par rapport au contexte de recalage 3D/2D monoculaire. Cependant, l'application du recalage des artères cérébrales est plus simple que celle du recalage des artères coronaires (structure d'intérêt et arrière-plan statiques) ; la structure à recalculer étant statique, une modélisation de l'évolution des paramètres au cours du temps n'est pas pertinente dans ce contexte. Nous étendrons cette approche dans ce mémoire.

Aouadi et Sarry [2007] présente une méthode intéressante, qui diffère sensiblement des autres approches stochastiques au recalage 3D/2D. L'évaluation est conduite sur les données de l'Université d'Utrecht (van de Kraats et al. [2005]), qui sont de nature très variée (fantômes numériques, MSCT, radiographies, séquences rotationnelles à rayons X et DRR). Les déformations considérées sont rigides, mais la modélisation inclut de nombreux aspects peu rencontrés dans la littérature, comme la modélisation du procédé de formation des images à rayons X pour expliquer les différences d'intensités entre CT et radiographies classiques, dues à des puissances d'émission différentes.

La stratégie d'optimisation proposée est purement stochastique, et particulièrement complexe. Dans un premier temps, un échantillonnage aléatoire est effectué dans l'espace des paramètres – comprenant les paramètres de pose (rotations et translations) et les paramètres liés au modèle d'intensité mentionné plus haut – et en supposant que l'intervalle de variation de chaque paramètre ait été préalablement borné. Dans un second temps, pour chaque jeu de paramètres, les données 3D utilisées sont sous-échantillonnées avant la projection, afin de réduire les temps de calcul. Ce sous-échantillonnage est effectué de manière aléatoire à plusieurs reprises. Pour chaque sous-échantillonnage, une projection est générée, et le score d'*information mutuelle* est

évalué avec l'image 2D utilisée pour le recalage. Finalement, le sous-échantillonnage correspondant à la valeur médiane des scores de similarité ainsi obtenus est sélectionné, et ce score est retenu comme le score de similarité du jeu de paramètres courant. Dans un troisième temps, les n meilleurs scores de similarité ainsi obtenus sont analysés en exécutant un algorithme de clustering par *single linkage* (Gower et Ross [1969]) visant à déterminer les *modes principaux* de la distribution de similarités.

Enfin dans un quatrième et dernier temps, une population de jeux de paramètres est régénérée à partir des modes déterminés à l'étape précédente, en utilisant une méthode de rééchantillonnage par *estimateur du minimum de covariance* (Rousseeuw et Driessen [1999]). Les performances sont comparées avec une méthode similaire utilisant une méthode *d'échantillonnage avec rééchantillonnage par importance* (SIR), et une méthode de *recuit simulé* (Aarts et van Laarhoven [1985]).

Les erreurs moyennes en 3D et dans le plan de projection, obtenues en utilisant des données 2D sous un seul angle de vue, sont reportées Tab. 1.2. On y reporte également les taux de succès des algorithmes évalués. On remarque que la méthode d'échantillonnage proposée (MCD) a un taux de succès comparable à la méthode d'échantillonnage SIR, mais permet un recalage sensiblement plus précis. Les méthodes d'optimisation par échantillonnage performant globalement mieux que la méthode de recuit simulé, ce qui prouve à nouveau la supériorité des méthodes d'optimisation stochastiques dans un contexte de recalage 3D/2D.

Enfin Ruijters et al. [2009] propose une méthode simple de recalage rigide intramodal 3D/2D des artères coronaires à partir d'un volume CT, et d'une séquence angiographique simulée par DRR sous un seul angle de vue. La ligne centrale 3D des artères est tout d'abord segmentée sur l'examen CT, et un filtre vasculaire est appliqué aux images de la séquence simulée. La stratégie de correspondance consiste à projeter la ligne centrale 3D sur une image binaire, pour lui appliquer ensuite une transformation de distance, et évaluer la *similarité cosinus* de cette image avec l'image angiographique filtrée.

Tableau 1.2
 Résultats obtenus dans Aouadi et Sarry [2007]

Tiré de Aouadi et Sarry [2007]. Les erreurs sont en millimètres (mm). Les acronymes signifient respectivement : recuit simulé (SA), échantillonnage avec rééchantillonnage par importance (SIR), estimateur du minimum de covariance (MCD).

	Erreur 3D moyenne	Erreur 2D moyenne	Taux de succès
SA	4.38	2.46	50.29%
SIR	2.47	1.66	90%
MCD	1.78	1.22	90.42%

La maximisation de cette mesure est effectuée à l'aide de deux algorithmes, dont les performances sont évaluées ; l'algorithme de Powell (Powell [1978]), et une méthode d'échantillonnage stochastique. Cette dernière peut être décrite en réitérant K fois le procédé suivant ; N échantillons $(\mathbf{e}_1, \dots, \mathbf{e}_N)$ sont tirés aléatoirement dans l'espace des paramètres (rotations et translations), et pour chaque échantillon, un score de similarité est calculé. Les n meilleurs échantillons $(\mathbf{e}_{i_1}, \dots, \mathbf{e}_{i_n})$ sont ensuite sélectionnés, et régénèrent chacun aléatoirement m nouveaux échantillons selon des lois multivariées $(\mathcal{N}(\mathbf{e}_i, r^k \Sigma))_{i \in \{i_1, \dots, i_n\}}$, k étant le numéro de l'itération courante, et $r \in [0, 1]$. Ce dernier rééchantillonnage permet de revenir à la première étape, et d'incrémenter k . Bien que la méthodologie soit claire et intéressante, les points négatifs de cette étude concernent son évaluation. Outre le fait que celle-ci soit conduite uniquement sur des simulations, les erreurs de recalage obtenues ne sont pas données en termes d'erreur moyenne globale, mais en tant qu'erreur par rapport aux valeurs optimales des paramètres de pose, ce qui ne permet pas de comparer les performances atteintes par rapport aux études précédentes. Par ailleurs, les paramètres (r, K, n, m, N) semblent être assignés arbitrairement lors de l'évaluation, bien que l'influence de ces paramètres sur les performances de recalage mériterait d'être étudiée de manière approfondie. À titre d'exemple, l'auteur fixe $N = 25$ (25 échantillons aléatoires par itération) pour les expériences, ce qui semble bien faible étant donné l'espace de paramètres à 6 dimensions, et les déplacements considérées pour les simulations (12 mm d'écart-type en translation, et 4° en rotation).

Les méthodes Florin et al. [2005], Aouadi et Sarry [2007], Ruijters et al. [2009] sont particulièrement pertinentes au regard de notre projet de recherche, et il est important de décrire nos contributions par rapport à ces études. Florin et al. [2005] traite d'un problème de recalage stochastique des artères cérébrales qui, contrairement aux artères coronaires, ne subissent pas de déformation au cours du temps. Dans notre contexte, une extension de cette méthode est nécessaire, et nous proposerons un modèle de mouvement cardiaque qui permettra de guider l'optimisation stochastique. Aouadi et Sarry [2007] est une méthode générale de recalage stochastique particulièrement complexe à mettre en oeuvre, qui n'est pas appliquée au problème de la compensation du mouvement des artères coronaires, et qui ne propose pas non plus de modèle de mouvement. Il est légitime de se demander si une méthodologie plus simple, enrichie d'un modèle de mouvement, permettrait d'obtenir des résultats comparables dans notre contexte. Enfin Ruijters et al. [2009] propose une méthode de recalage stochastique appliquée aux artères coronaires, ce qui correspond à notre contexte. Cependant là encore, aucun modèle de mouvement n'est proposé, le recalage envisagé est rigide uniquement, et l'influence des paramètres du modèle présenté n'est pas évaluée. Nous présenterons dans ce mémoire une méthode de recalage stochastique des artères coronaires enrichie d'un modèle temporel de déformation non-rigide. L'influence des paramètres de notre modèle sera évaluée au travers d'un ensemble de simulations, et validée sur un cas réel.

Ceci achève la présentation des méthodes de compensation choisies dans la littérature. Ci-après, nous proposons une synthèse des points principaux à retenir de ce chapitre. Dans le chapitre suivant, nous présenterons la méthodologie de notre travail, ainsi que la stratégie d'évaluation adoptée. Nous porterons une attention toute particulière à l'étude de l'influence des paramètres de notre modèle sur les performances de recalage atteintes. Cette étude permettra de caractériser clairement le comportement de l'algorithme proposé en fonction des paramètres contrôlables. Les résultats de cette étude, ainsi que la validation de notre méthode sur des données réelles, seront présentées dans le chapitre 3.

1.4.4 Sommaire de la revue de littérature

Une bonne conception d'un algorithme de compensation du mouvement des artères coronaires nécessite au préalable une bonne compréhension du mouvement cardiaque (Shechter et al. [2006], Husmann et al. [2007]). Selon Markelj et al. [2010], la difficulté du problème de compensation a poussé la majorité des chercheurs en imagerie interventionnelle à proposer des techniques de recalage rigide, ce que nous avons pu constater lors de notre revue.

Cependant, les artères coronaires – solidaires du péricarde, surface externe du coeur – ont un mouvement essentiellement non-rigide. Certains modèles électro-mécaniques du coeur on vu le jour, mais leur utilité dans le monde de la recherche en analyse d'images médicales, ainsi que dans le domaine clinique, est limitée, principalement à cause de l'impossibilité de rassembler les informations requises par ces modèles (segmentation complète du muscle cardiaque, propriétés biomécaniques comme l'élasticité du muscle, la densité des cardiomyocytes ou encore les propriétés de conduction du réseau d'impulsion), et des capacités de calcul insuffisantes.

Il apparaît que, si l'objectif est de parvenir à des modèles fins, permettant de décrire avec une précision contrôlée le mouvement des artères coronaires, les informations disponibles pour guider ces modèles sont paradoxalement de qualité, de disponibilité et de précision incertaines.

À mesure que le problème de mise en correspondance est de mieux en mieux maîtrisé, les méthodes publiées se tournent peu à peu vers des modélisations plus complexes, non-rigides, des artères coronaires. Alors que l'analyse du mouvement devient de plus en plus fine, il est intéressant de remarquer que la modélisation des artères le devient également... On modélise la ligne centrale comme un graphe avec plusieurs centaines de noeuds (Zikic et al. [2008], Groher et al. [2009]), et l'utilisation de splines est rendue commune (Shechter et al. [2003, 2004, 2005], Chen et Carroll [2003]). Mais bien que ces dernières présentent des avantages non négligeables de régularité (en termes analytiques), il ne faut pas perdre de vue qu'elles augmentent de façon dramatique le nombre de paramètres nécessaires pour décrire un état du système. Ce confort apparent de flexibilité se paye donc à prix fort à l'heure de l'optimisation. C'est d'ailleurs l'un des points soulevés dans la discussion de Shechter et al. [2003].

Le nombre important de paramètres conduit la plupart du temps à la formulation de contraintes fortes pour les phases d'optimisation des algorithmes proposés, qui correspondent presque toujours à des préoccupations de *conservation structurelle* (pénalisation de l'allongement des artères par exemple), de *cohérence globale de déformation* ou de *cohérence temporelle*. L'effet immédiat de ces contraintes est qu'elles affectent la «réactivité» des modèles correspondants, et les rendent généralement inaptes à capturer des mouvements brusques, comme c'est le cas pour le mouvement cardiaque. Ces considérations portent par ailleurs généralement sur la comparaison à l'état de l'instant précédent seulement (et/ou suivant, comme dans Chen et al. [2011] par exemple), et très peu de méthodes présentées tirent avantage de la *cyclicité* du mouvement cardiaque. En ce sens, nous pensons que l'accent est généralement mis sur le modèle de *déformation*, plutôt que sur le modèle de *mouvement*, distinction lexicale que nous conserverons dans la suite de ce mémoire.

Il est vrai que les contraintes imposées par la cyclicité du mouvement (de l'ordre de la seconde) peuvent à première vue sembler inconciliables avec une approche d'optimisation image par image (intervalle temporel de l'ordre de la centiseconde), d'autant que *cyclicité* ne signifie **pas** *périodicité*. Nous présenterons dans ce mémoire une manière d'inclure les contraintes de cyclicité du mouvement directement dans le modèle d'optimisation.

Une alternative au dilemme apparent entre finesse de modélisation, et nombre de paramètres du système, est offerte par les méthodes *d'apprentissage* ; la construction d'un atlas déformable (Fleute et Lavallée [1999], Tang et Ellis [2005], Sadowsky et al. [2007], Hurvitz et Joskowicz [2008], Chen et al. [2011]) permet de mettre en commun les déformations observées pour un grand nombre de patients, et une analyse subséquente de composantes principales (méthode d'ACP par exemple) permet de réduire grandement le nombre de paramètres du modèle en conservant uniquement ceux qui ont un rôle récurrent.

On constate cependant que la plupart des atlas présentés sont construits sur la base de considérations *topologiques*, bien que l'information recherchée corresponde généralement à des *modes de déformation* ; les considérations topologiques étant exclues dans le contexte de re-

calage des artères coronaires (car trop variables d'un patient à l'autre), nous proposons également dans ce mémoire une méthode capable d'apprendre les paramètres d'un modèle de déformation compacte, qui peut être utilisée pour la construction d'un atlas statistique.

Enfin, on voit apparaître de plus en plus d'applications au recalage 3D/2D à partir de données 2D sous un seul angle de vue (Sidenbladh et al. [2000], Chan et al. [2004], Turgeon et al. [2005], Florin et al. [2005], Aouadi et Sarry [2007], Hurvitz et Joskowicz [2008], Zikic et al. [2008], Ruijters et al. [2009], Groher et al. [2009], Chen et al. [2011]). Ces applications laissent miroiter une réduction de l'encombrement de la salle d'opération, et une réduction de la dose de radiation pour le patient. Dans le contexte cardiaque, le mouvement non-rigide s'ajoute à la complexité inhérente de ces approches, et des méthodes d'optimisation robustes sont requises.

Les stratégies de correspondance se divisent principalement entre les approches par intensité et les approches par comparaison de caractéristiques. Les premières sont plus précises que les secondes (McLaughlin et al. [2002]), mais requièrent la génération de DRR rallongeant le temps de calcul, tandis que les approches par comparaison de caractéristiques sont sensibles aux performances des algorithmes de segmentation. Pour l'une comme pour l'autre de ces méthodes, les fonctions à optimiser ne sont pas globalement convexes, et causent la convergence de la plupart des techniques d'optimisation classiques vers des optima locaux. La supériorité des approches stochastiques est démontrée (Florin et al. [2005], Aouadi et Sarry [2007], Ruijters et al. [2009]), notamment car ces méthodes ne font aucune hypothèse sur la fonction à optimiser, et permettent l'exploration simultanée de déformations pertinentes mais différentes, en interprétant cette fonction comme une densité de probabilité multimodale.

Pour terminer, et suite à ces constatations, notre travail démontrera l'avantage d'inclure l'information de cyclicité du mouvement cardiaque dans le processus d'optimisation. Nous proposerons une méthode probabiliste permettant l'apprentissage d'un modèle de déformation choisi avec peu de paramètres, que nous calculerons à l'aide d'une technique stochastique d'échantillonnage. Le recalage 3D/2D sera effectué à l'aide d'une séquence angiographique sous un seul angle de vue, et suivant une approche par comparaison de caractéristiques.

CHAPITRE 2

MÉTHODOLOGIE

Dans ce chapitre, nous rappelons la problématique au centre de laquelle s'est construite ce projet de maîtrise, la démarche employée pour tenter d'y répondre, et l'approche d'évaluation retenue. Le coeur de la méthodologie est centré autour du *modèle stochastique de compensation*, inspiré d'un modèle de suivi de silhouette humaine décrit dans Sidenbladh et al. [2000]¹. La méthodologie est divisée en trois parties :

Modèle génératif – Ce modèle vise à représenter le processus qui résulte en l'observation des images de la séquence angiographique comme un processus probabiliste ; en l'occurrence, un **processus de Markov caché**. Ce dernier permet d'exprimer comment des données *observées* sont générées à partir de données *partiellement ou non observées*, tout en permettant la formulation de contraintes de cohérence spatiale et temporelle. On y modélise les dépendances entre les paramètres du modèle qui caractérisent l'évolution de ce processus dans le temps.

Estimation de vraisemblance – Nous spécifions ici la stratégie d'évaluation de la qualité d'une déformation proposée ; c'est grâce à cette mesure que nous pourrions déterminer les paramètres de déformation les plus probables, en comparant l'image projetée des artères déformées, et l'image angiographique observée.

Modèle de mouvement – La déformation cardiaque est tout d'abord formulée au moyen d'un modèle de déformation sélectionné dans la littérature. L'évolution des paramètres de ce modèle au cours d'un cycle cardiaque est idéalement apprise au préalable, et constitue une connaissance *a priori* requise pour l'optimisation. Cependant, cette connaissance n'est pas disponible pour la phase d'apprentissage ; nous remédions à ce problème en présentant une modélisation auxiliaire sous forme de *fonctions de gabarit*.

1. À titre anecdotique, cet article a été récompensé par le Prix Koenderink à la Conférence Européenne de Vision par Ordinateur (ECCV) en 2000 ; ce prix promeut les contributions fondamentales au domaine de la vision par ordinateur.

2.1 Description introductive

La problématique de notre étude porte sur la conception d'une méthode de compensation du mouvement 3D des artères coronaires, à partir d'une séquence angiographique sous un seul angle de vue et de données CT pré-opératoires segmentées.

Selon la classification proposée par Markelj et al. [2010], notre travail peut être qualifié de **méthode projective intra-modalité itérative et intrinsèque par optimisation d'une mesure de similarité basée sur la comparaison de caractéristiques** (voir Fig. 1.10 page 36). *Projective* car pour être comparées, les données 3D sont projetées dans le même repère que les données 2D observées. *Intra-modalité* car CT et XA sont deux modalités d'imagerie par rayon X. *Intrinsèque* car les seules informations utilisées pour l'optimisation sont les structures anatomiques visibles sur les images. *Itérative* car les phases de mesure de similarité et de transformation des artères en 3D se succèdent au cours du recalage.

Dans les paragraphes suivants, nous précisons le cadre de validité de notre étude, et décrivons plus en détails la solution de compensation proposée.

2.1.1 Cadre d'étude

Dans la suite de ce chapitre, les hypothèses suivantes sont toujours vraies, et fixent le **cadre de validité** de notre étude :

- Le mouvement cardiaque résulte d'un *mouvement local* non-rigide d'origine cardiaque, et d'un *mouvement global* rigide d'origine cardio-respiratoire.
- On suppose l'existence et la disponibilité de données CT pré-opératoires segmentées par un clinicien, et traitées de manière à en tirer un modèle 3D numérique de la ligne centrale des artères coronaires.

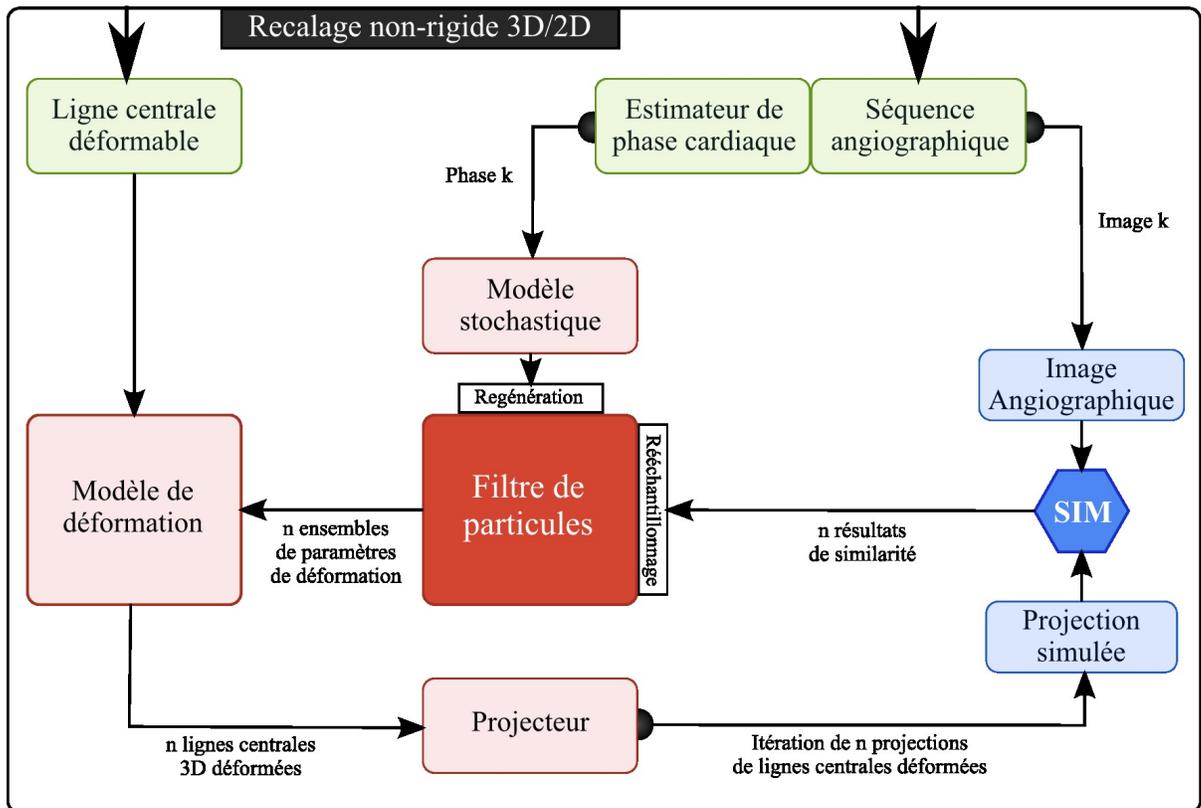


Figure 2.1 - Fonctionnement détaillé de l'algorithme de recalage 3D/2D

Ce schéma détaille le fonctionnement du bloc "Recalage non-rigide 3D/2D" Fig. 0.1 page 4.

- On suppose l'existence et la disponibilité d'une séquence angiographique acquise à une fréquence suffisante pour apprécier le mouvement cardiaque. Chaque image de cette séquence est segmentée de manière à obtenir une séquence d'images 2D binaires de la ligne centrale des artères coronaires en mouvement.
- On suppose enfin que les paramètres de la scène d'observation (modèle projectif) sont connus, et qu'un recalage rigide du modèle 3D pré-opérateur a été effectuée sur l'une des images de la séquence angiographique traitée.

Tableau 2.1
Notations adoptées pour le modèle stochastique

t, t_k	Temps (continu et discret)	Scalaire
$\mathbf{X}(t), \mathbf{X}_k$	Coordonnées 3D de la ligne centrale	Matrice $n_x \times 3$
$\phi(t), \phi_k$	Phase cardiaque	Scalaire $\in [0, 2\pi[$
$\boldsymbol{\theta}(\phi), \boldsymbol{\theta}_k$	Paramètres de déformation	Vecteur 1×12
$\mathbf{v}(\phi), \mathbf{v}_k$	Vélocités instantanées des paramètres de déformation	Vecteur 1×12
$\hat{\mathbf{v}}(\phi)$	Fonctions de gabarit des vélocités instantanées	Vecteur 1×12
$\mathbf{I}(t), \mathbf{I}_k$	Image angiographique	Matrice $n_I \times p_I$
σ_ϕ^2	Variance de synchronisation	Scalaire ≥ 0
$\Sigma_{\theta,0}$	Matrice de covariance statique des paramètres	Matrice 12×12
Σ_θ	Matrice de covariance adaptative des paramètres	Matrice 12×12
α	Confiance au gabarit	Scalaire $\in [0, 1]$
$\hat{\circ}$	Estimée de \circ	Taille variable

2.1.2 Solution de compensation proposée

Le schéma détaillé du fonctionnement de notre algorithme de recalage² est donné Fig. 2.1 : à chaque nouvelle image de la séquence angiographique, le **modèle stochastique** aura pour rôle, à partir de l'**estimation de la phase cardiaque** courante et au moyen d'un **filtre de particules**, de générer n déformations «pertinentes». Ces déformations prendront la forme de *jeux de paramètres* pour un **modèle de déformation** à définir. Celles-ci seront ensuite appliquées à la ligne centrale 3D, puis **projetées**, afin d'obtenir n images simulées comparables à l'image angiographique courante. Enfin, un **modèle de similarité** aura pour rôle d'attribuer un «score» à chacune des déformations calculées, afin de sélectionner le meilleur recalage proposé par le filtre de particules. Au fil de ce chapitre, nous détaillerons le fonctionnement de chacun des blocs figurant dans ce schéma. Nous adopterons les notations du Tab. 2.1.

2. On remarquera une certaine similarité avec la Fig. 1.10 page 36 (tirée de Markelj et al. [2010]) : notre méthode de recalage est une méthode *projective* et *itérative*.

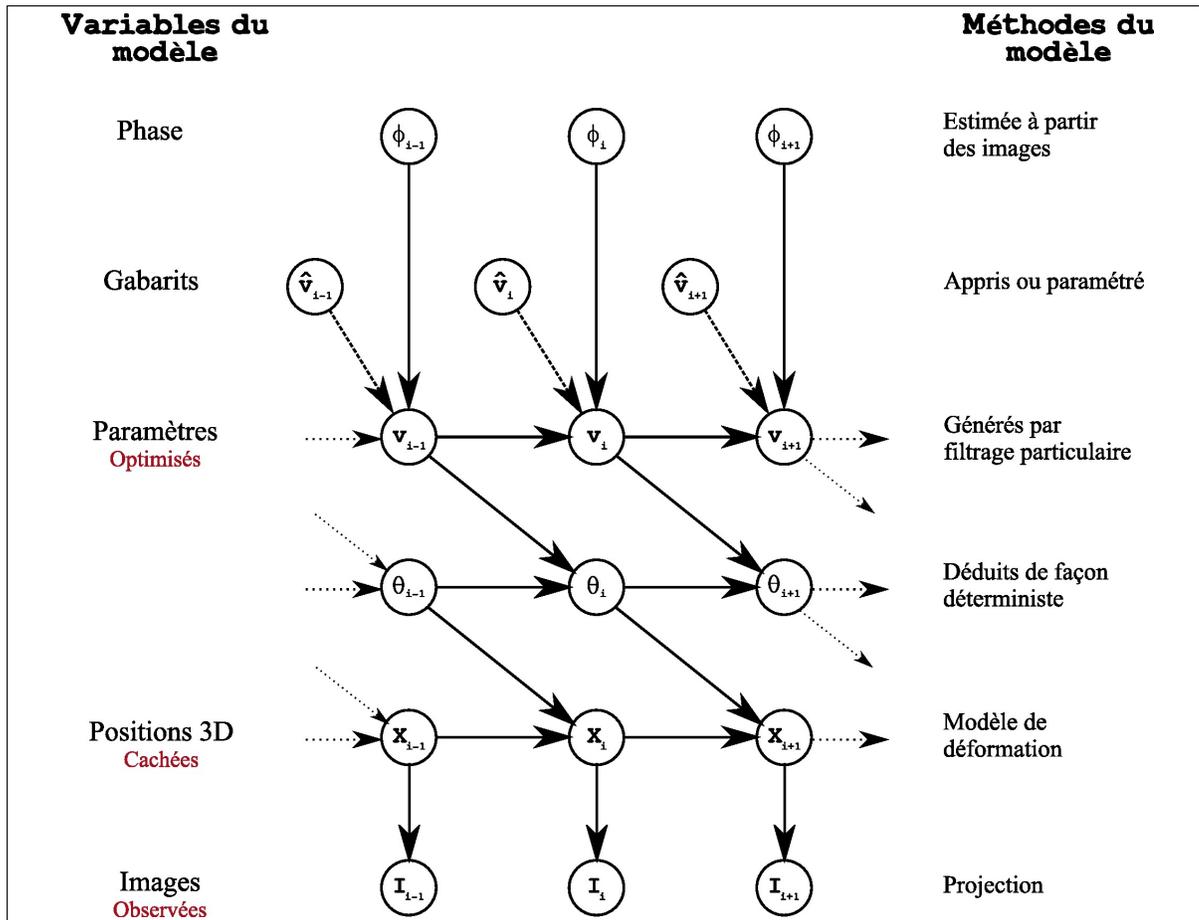


Figure 2.2 - Réseau Bayésien dynamique modélisant l'évolution du processus Markovien

2.2 Modèle génératif

L'objectif du modèle génératif est d'expliquer comment des données *observées* (images angiographiques) sont générées à partir de données *partiellement ou non observées* (paramètres de déformation et positions 3D). D'une part, l'imprédictibilité qui caractérise l'évolution des points 3D dans le temps nous place dans un contexte typique d'utilisation de processus stochastiques (conçus pour décrire l'évolution de variables aléatoires dans le temps). D'autre part, la présence de variables *cachées* réfère sans ambiguïté à la famille des modèles de Markov Cachés. Enfin, puisque les différentes variables qui décrivent notre système évoluent de manière manifestement liée dans le temps, il convient d'utiliser des *modèles relationnels* pour représenter leurs dépendances, comme les réseaux Bayésiens (voir Fig. 2.2).

En effet, les calculs élémentaires en probabilités mettent en évidence l'importance de relations de dépendance ou d'indépendance entre des variables aléatoires ; ces relations permettent principalement de simplifier l'ensemble des possibilités à envisager dans un contexte décisionnel (Russell et Norvig [2010]). Les réseaux Bayésiens sont des outils classiques qui permettent de représenter de manière compacte les relations entre variables aléatoires, et permettent donc d'identifier sans ambiguïté les hypothèses de dépendances sous-jacentes à la modélisation proposée.

2.2.1 Réseau Bayésien dynamique

Le réseau Bayésien Fig. 2.2 est constitué de six niveaux. Au niveau correspondant à la phase par exemple, on remarque que les sommets ne sont pas reliés entre eux ; cela signifie que la valeur de la phase à chaque instant est indépendante de la phase à l'instant précédent. Cette absence de lien correspond à un *choix de modélisation* ; dans notre cas, nous avons choisi d'estimer la valeur de la phase à chaque instant (voir §2.4.3.1). Généralement, les choix de modélisation visent à **réduire le nombre de variables** du modèle afin de le simplifier.

Par exemple, une modélisation simple, récursive et probabiliste de l'évolution de la phase au cours du temps aurait pu être une relation du type :

$$\phi_k \equiv \phi_{k-1} + \frac{2\pi r_{k-1} \Delta_t}{60} + \varepsilon \quad [2\pi] \quad \text{avec} \quad \varepsilon \sim \mathcal{N}(0, \sigma_\phi^2) \quad (2.1)$$

Dans l'équation (2.1), σ_ϕ^2 représente l'incertitude de l'estimation, $\phi \in [0, 2\pi[$ est la phase cardiaque, $\Delta_t = t_k - t_{k-1}$ l'intervalle de temps entre deux images (en secondes), et r le rythme cardiaque instantané (en battements par minutes, ou bpm). Cependant, cette modélisation présente plusieurs désavantages : premièrement, étant formulée de manière récursive, elle requiert une phase d'initialisation, ce qui suppose que nous soyons capables d'évaluer la phase cardiaque à un moment donné. Deuxièmement, aussi logique que soit cette formulation, la valeur de la phase ainsi estimée n'assure pas de cohérence avec le mouvement observé sur les images angiographiques. Enfin, elle implique la connaissance de la fonction r à chaque instant.

Alternativement, le fait d'ignorer la relation possible entre la phase à deux instants consécutifs permet de simplifier le réseau Bayésien, et donc les relations qui seront utilisées pour la compensation. Une méthode d'estimation indépendante de la phase, basée sur *l'étude des déplacements* dans les images de la séquence, sera présentée §2.4.3.1. Nous conserverons la modélisation d'une estimation bruitée :

$$p(\phi_k | \hat{\phi}_k) \sim \mathcal{N}(\hat{\phi}_k, \sigma_\phi^2) \quad (2.2)$$

Une remarque importante sur le réseau Fig. 2.2 est que celui-ci est schématisé de manière **causale**, indépendamment des traitements que l'on peut effectuer pour estimer ou calculer les variables concernées. Ainsi, bien que nous estimions la phase à partir des images, les deux variables correspondantes ne sont *pas liées* dans ce réseau, car la phase n'affecte les images angiographiques observées qu'à travers la déformation des artères coronaires. Le fait que la phase se trouve au premier niveau signifie par ailleurs que nous considérons que *l'ensemble du système est régulé par la variation de la phase cardiaque*.

Les connexions du second niveau (représentant l'évolution des vitesses des gabarits de paramètres de déformation) sont représentées en pointillés car les fonctions de gabarit ne font pas partie du système causal ; nous supposons néanmoins leur existence afin de *guider* notre recherche des paramètres de déformation aux niveaux trois et quatre.

Les troisième et quatrième niveaux représentent respectivement l'évolution des vitesses et des valeurs des paramètres de déformation. Dans notre cas, ces paramètres sont associés au modèle de déformation présenté aux §2.4.1 et §2.4.2, bien que cette association ne soit pas précisée dans le réseau Bayésien.

Ces paramètres influent bien évidemment sur la position des points 3D décrivant la ligne centrale des artères coronaires. La position de ces points est inconnue, et il n'existe aucun moyen simple de l'évaluer pendant l'intervention ; c'est pour cette raison que nous qualifions les variables du niveau cinq de **variables cachées**. Le fait que les sommets de ce niveau soient con-

nectés dans le sens d'écoulement du temps signifie implicitement l'existence d'une **cohérence spatiale** caractérisant la déformation cardiaque, que nous formulerons plus bas.

Enfin, le dernier niveau représente l'évolution des images de la séquence angiographique, qui sont liées à la position 3D de la ligne centrale des artères coronaires. Dans notre cas, ces images sont connues, et l'objectif que nous nous fixons est *d'estimer à chaque instant les paramètres de déformation expliquant au mieux la position 3D de la ligne centrale qui conduirait à l'observation de l'image angiographique.*

2.2.2 Composantes du modèle génératif

Une autre remarque concernant les réseaux Bayésiens est qu'ils ne représentent les relations entre les différentes variables du système que de manière *globale*, et ne montrent pas les détails. Dans cette section, nous formulons ces détails en donnant explicitement ces relations.

Pour ce faire, nous nous munissons de trois fonctions :

Projection : c'est la fonction $\mathcal{P} : \mathbf{X}_k \mapsto \mathbf{I}_k$, qui représente les transitions entre les niveaux cinq et six. Lors de l'optimisation, c'est cette transition qui nous permettra de générer des images angiographiques simulées, comparables aux images connues et filtrées de la séquence (voir bloc de projection Fig. 2.1). Étant donnée une ligne centrale déformée \mathbf{X}_k , nous avons donc $\mathcal{P}(\mathbf{X}_k) = \mathbf{I}_k$.

Déformation : c'est la fonction $\mathcal{D} : (\mathbf{X}_{k-1}, \boldsymbol{\theta}_{k-1}) \mapsto \mathbf{X}_k$, représentant les transitions horizontales (temporelles) et verticales entre les niveaux quatre et cinq. Nous supposons que le modèle de déformation (voir §2.4) explique *parfaitement* le déplacement de la ligne centrale ; en conséquence, la relation de déformation est *déterministe* :

$$p(\mathbf{X}_k | \mathbf{X}_{k-1}, \boldsymbol{\theta}_{k-1}) = \delta(\mathbf{X}_k, \mathcal{D}(\mathbf{X}_{k-1}, \boldsymbol{\theta}_{k-1})) \quad (2.3)$$

où $\delta(\cdot, \cdot)$ est le symbole de Kronecker. Incidemment, toute estimation des paramètres de déformation $\hat{\boldsymbol{\theta}}_{k-1}$ résulte en une estimation $\hat{\mathbf{X}}_k = \mathcal{D}(\mathbf{X}_{k-1}, \hat{\boldsymbol{\theta}}_{k-1})$.

Nous aurions pu choisir alternativement une relation de déformation *bruitée* décrite par une équation du type :

$$p(\mathbf{X}_k | \mathbf{X}_{k-1}, \boldsymbol{\theta}_{k-1}) = \mathcal{N}(\mathcal{D}(\mathbf{X}_{k-1}, \boldsymbol{\theta}_{k-1}), \boldsymbol{\Sigma}_x) \quad (2.4)$$

où³ $\boldsymbol{\Sigma}_x = \sigma_x^2 I$. Nous retrouverons d'ailleurs cette perturbation lors des simulations (voir §2.6.2.3). Toutefois, nous n'avons pas opté pour cette modélisation pour deux raisons ; premièrement pour maintenir une cohérence structurelle des points 3D, et deuxièmement pour réduire le nombre de paramètres à estimer lors de l'optimisation.

Gabarit : notre méthode requiert une connaissance *a priori* sur la vitesse des paramètres de déformation : nous détaillerons ce point au §2.4.3.2. Pour l'heure, nous notons $\hat{\mathbf{v}}$ la fonction de la phase ϕ qui décrit l'*évolution attendue* des paramètres de déformation au cours d'un cycle cardiaque.

Restent à caractériser les transitions temporelles des niveaux trois et quatre (paramètres de déformation). Le choix de contraindre non seulement les *valeurs* des paramètres, mais également leur *vitesse*, est inspiré de Sidenbladh et al. [2000].

L'avantage de ce type de contrainte est qu'elle permet des *dérives lentes* de paramètres (petits incréments ou décréments de vitesse à chaque instant) qui pourraient, dans notre contexte, être causées par la respiration par exemple. Compte-tenu des notations Tab. 2.1, les transitions temporelles des niveaux trois et quatre s'expriment alors :

$$p(\boldsymbol{\theta}_k | \boldsymbol{\theta}_{k-1}, \mathbf{v}_{k-1}) = \delta(\boldsymbol{\theta}_k, \boldsymbol{\theta}_{k-1} + \mathbf{v}_{k-1}) \quad (2.5)$$

$$p(\mathbf{v}_k | \mathbf{v}_{k-1}, \hat{\mathbf{v}}, \phi_k) \sim \mathcal{N}\left(\underbrace{\alpha \hat{\mathbf{v}}(\phi_k) + (1 - \alpha) \mathbf{v}_{k-1}}_{\text{Moyenne}}, \underbrace{\boldsymbol{\Sigma}_{\theta,0} + \hat{\mathbf{V}}_k \boldsymbol{\Sigma}_{\theta}}_{\text{Variance}}\right) \quad (2.6)$$

L'équation (2.5) revient à faire l'approximation que *vitesse instantannée* et *vitesse moyenne* sont égales, soit $\mathbf{v}_{k-1} \approx \boldsymbol{\theta}_k - \boldsymbol{\theta}_{k-1}$.

3. Ne pas confondre la matrice identité I avec la notation \mathbf{I} pour les images.

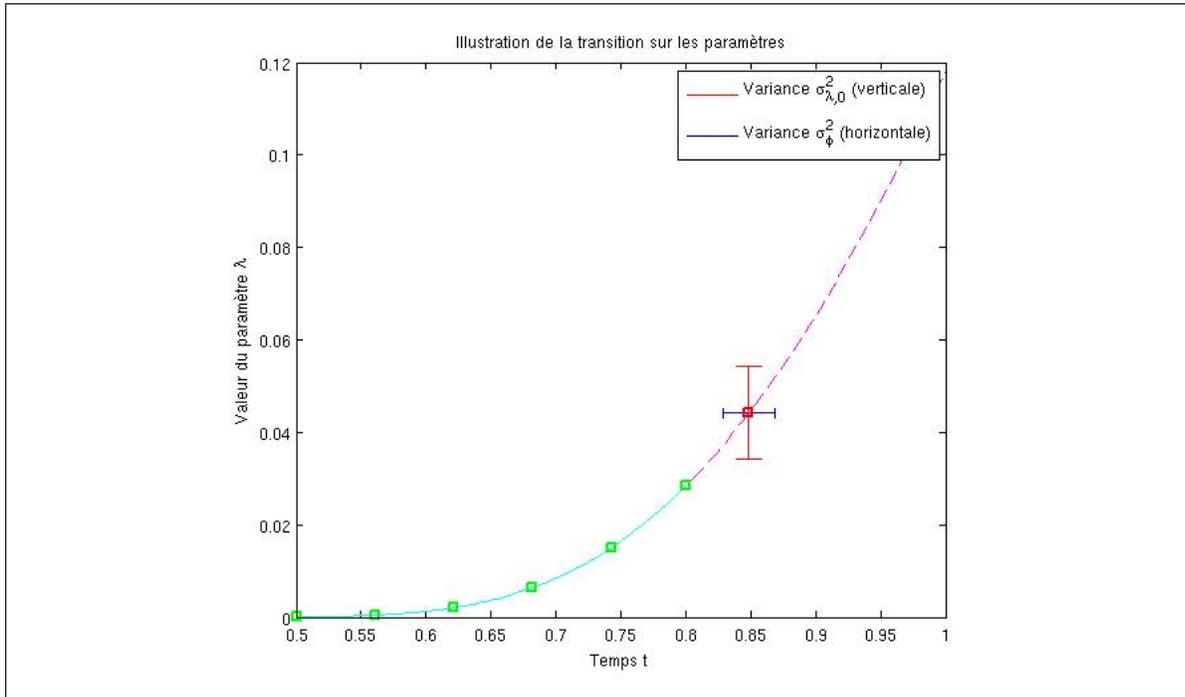


Figure 2.3 - Illustration de l'équation de transition sur l'estimation de la valeur d'un paramètre de déformation

Dans l'équation (2.6), nous notons $\hat{\mathbf{V}}_k = \text{diag}(|\hat{\mathbf{v}}(\phi_k)|)$, où $|\hat{\mathbf{v}}(\phi_k)|$ désigne le vecteur des magnitudes de $\hat{\mathbf{v}}(\phi_k)$. Par ailleurs, afin de réduire le nombre de paramètres à contrôler, nous choisissons pour la suite $\Sigma_{\theta,0}$ et Σ_{θ} comme des **matrices diagonales** (l'interdépendance entre les différents paramètres, si elle existe, est négligée). Nous insistons par ailleurs sur le fait que la dépendance probabiliste est formulée sur la variable ϕ , et non sur la variable estimée $\hat{\phi}$. On suppose donc que ϕ_k dépend seulement de $\hat{\phi}_k$, et pas de ϕ_{k-1} . Ceci correspond à l'hypothèse d'estimation bruitée de la phase formulée équation (2.2).

Une représentation unidimensionnelle et simplifiée des équations (2.6) et (2.2) est proposée Fig. 2.3. Les notations sont adaptées au cas scalaire. La courbe pleine représente les points connus $(\theta_{k-i})_{i=1}^n$, et le point de croix représente la zone d'incertitude sur la valeur θ_k , dont la position est recherchée. Comme indiqué par la légende, l'intervalle vertical représente la variance sur la *valeur* de θ_k (uniquement $\sigma_{\theta,0}^2$ pour simplifier), tandis que l'intervalle horizontal représente l'incertitude sur la *phase* cardiaque courante (variance σ_{ϕ}^2).

Commentons enfin la moyenne et la variance de l'équation de transition (2.6) :

$$\text{Moyenne} \quad \alpha \hat{\mathbf{v}}(\phi_k) + (1 - \alpha) \mathbf{v}_{k-1} \quad :$$

$$\text{Variance} \quad \Sigma_{\theta,0} + \hat{\mathbf{V}}_k \Sigma_{\theta} \quad :$$

Il s'agit d'une combinaison pondérée d'un *terme d'inertie* $(1 - \alpha) \mathbf{v}_{k-1}$, et d'un terme provenant du *gabarit* $\alpha \hat{\mathbf{v}}(\phi_k)$. Le coefficient $\alpha \in [0, 1]$ joue le rôle de pondération, et exprime la *confiance au gabarit*.

Elle est formée d'une partie *statique* $\Sigma_{\theta,0}$, qui modélise l'*incertitude minimale* sur la valeur de θ_k , et d'un *terme d'excitation* $\hat{\mathbf{V}}_k \Sigma_{\theta}$ pondéré par le coefficient Σ_{θ} qui joue le rôle de *variance adaptative*.

Nous avons donc formulé l'ensemble des relations qui décrivent l'évolution de notre système dans le temps. Les deux sections qui suivent traiteront du *modèle de similarité* et du *modèle de mouvement*. Le premier sera constitué d'une technique de diffusion et d'une métrique de similarité qui permettront ensemble de comparer la projection de la ligne centrale déformée à l'image angiographique observée, tandis que le second formulera en détails les fonctions \mathcal{D} (modèle de déformation de paramètres θ), et $\hat{\mathbf{v}}$ (fonctions de gabarits de vitesses).

2.3 Estimation de vraisemblance

Nous présentons maintenant un procédé d'estimation quantitative de la vraisemblance d'un recalage 3D/2D donné. Étant donnée l'approche projective de notre méthode, cette estimation se fera par comparaison d'une image angiographique simulée (projection binaire de la ligne centrale déformée, soit $\mathcal{P}(\hat{\mathbf{X}}_k)$ avec les notations précédentes) et de l'image de la séquence angiographique \mathbf{I}_k pour laquelle un recalage est recherché. Nous devons donc définir un **critère de similarité**, noté \mathcal{S} , permettant d'évaluer la «ressemblance» entre deux images.

Les critères de similarité dans les méthodes projectives de recalage 3D/2D sont les yeux des méthodes d'optimisation en amont : ils sont les garants de la *qualité* d'une déformation du modèle 3D, en fournissant un *indice quantitatif* de la distance à l'objectif que constitue la mise en relation de la ligne centrale 3D avec les artères observées sur une image angiographique.

Cette mise en relation peut être interprétée comme la *vraisemblance*, au sens probabiliste, d'une déformation :

$$p(\mathbf{I}_k | \mathbf{X}_k) = \mathcal{S}(\mathbf{I}_k, \mathcal{P}(\mathbf{X}_k)) \quad (2.7)$$

Dans cette partie, nous présentons les critères de similarité considérés par notre approche de compensation. Leur qualité sera évaluée dans le prochain chapitre en fonction de la précision du recalage qu'ils permettront d'atteindre. Ces critères sont formés de deux composants :

Métrique de similarité : celle-ci permet de mesurer la *distance* entre deux images, selon des critères que nous définirons au §2.3.1.

Technique de diffusion : il s'agit d'une transformation appliquée à l'image binaire, en amont de la métrique de similarité, qui permet d'altérer le comportement de cette dernière en la rendant «plus tolérante». Nous détaillerons son fonctionnement au §2.3.2.

2.3.1 Métrique de similarité

Essentiellement, une métrique (ou mesure) de similarité est une fonction mathématique, qui à deux images associe un réel. On parle de *mesure normalisée* si ce réel est borné, et on se ramène alors généralement à l'intervalle $[0, 1]$. Une telle fonction peut prétendre au rôle de mesure de similarité si ses valeurs sont d'autant plus grandes que les images se «ressemblent», la notion de ressemblance restant à définir.

L'article Penney et al. [1998] propose une étude de performances portant sur les mesures de similarité communément utilisées en imagerie médicale. Les images traitées sont des radiographies synthétisées numériquement (DRR) à partir d'un volume CT, et des images fluoroscopiques.

L'étude montre que deux mesures (*pattern intensity* et *gradient difference*) se distinguent particulièrement par leur qualité sur la série de tests proposée. Spécifiquement, ces deux mesures permettent une quantification efficace de la similarité, et résistante aux perturbations comme l'apparition d'instruments médicaux sur les images fluoroscopiques, ou encore dans le cas où

certaines organes (tissus mous) seraient visibles sur les images fluoroscopiques seulement, et non sur les DRR.

Dans notre contexte d'étude toutefois, nous avons supposé (voir §2.1.1) que les images provenant de la séquence angiographique étaient segmentées et traitées de manière à obtenir des images binaires sur lesquelles figurent la ligne centrale des artères coronaires. Notons également qu'il existe des mesures de similarité résistantes à certains types de transformation (transformation d'échelle, rigide, projective, *etc.*), mais que leur utilisation est proscrite pour notre application puisqu'elles fausseraient l'estimation des paramètres de déformation recherchés pour le recalage 3D/2D.

Nos critères de sélection reposent sur la *simplicité d'implémentation* et la *rapidité de calcul*. Nous présentons ci-dessous six mesures de similarité répondant à ces souhaits : la **similarité cosinus**, la **covariance normalisée**, la **covariance de gradients** et l'**information mutuelle**, ainsi que deux variantes normalisées de cette dernière.

2.3.1.1 Similarité cosinus

La *similarité cosinus*⁴ est définie au moyen d'une opération matricielle appelée *produit interne de Froebenius*, noté $A : B$ pour deux matrices A et B . La *norme de Froebenius*, communément utilisée en algèbre, découle de ce produit :

$$\forall A, B \in \mathbb{R}^{n \times p}, A : B = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^p a_{i,j} b_{i,j} = \text{Tr}(A^t B) \quad \text{et} \quad \|A\|_F = \sqrt{A : A} \quad (2.8)$$

Étant données ces définitions, la similarité cosinus entre deux matrices A et B se définit alors de la façon suivante :

$$\forall A, B \in \mathbb{R}^{n \times p}, S_C(A, B) = \frac{A : B}{\|A\|_F \|B\|_F} \quad (2.9)$$

4. Le nom de cette métrique vient simplement de l'égalité du produit scalaire $\mathbf{a} \cdot \mathbf{b} = \|\mathbf{a}\| \|\mathbf{b}\| \cos \theta$.

Le produit de Froebenius consiste à sommer les termes du produit d'Hadammard (terme à terme) entre deux matrices. Le quotient de cette quantité par le produit $\|A\|_F\|B\|_F$ assure que la mesure est *normalisée*. Puisque dans notre cas, les valeurs de A et B sont non-négatives (intensités de pixels), cette mesure sera toujours dans l'intervalle $[0, 1]$.

2.3.1.2 Covariance normalisée

La *covariance normalisée* entre deux matrices A et B peut être considérée comme une mesure de similarité cosinus *centrée* :

$$\forall A, B \in \mathbb{R}^{n \times p}, \quad S_{\Gamma}(A, B) = \frac{(A - \bar{A}) : (B - \bar{B})}{\|A - \bar{A}\|_F \|B - \bar{B}\|_F} \quad (2.10)$$

Avec la notation $\bar{A} = \frac{1}{np} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^p a_{i,j}$. Un inconvénient notable de cette mesure est qu'elle prend ses valeurs dans l'intervalle $[-1, 1]$, sans pour autant que la valeur -1 signifie que les images ne soient absolument pas similaires. En effet, en prenant $B = \bar{A} - A$, on obtient $S_{\Gamma}(A, B) = -1$, mais B n'est pourtant ni plus ni moins que le «négatif» de A . Cette mesure de similarité est donc quelque peu ambiguë.

2.3.1.3 Covariance normalisée de gradients

Pour une image $A \in \mathbb{R}^{n \times p}$, on définit les *gradients* $\nabla_i A$ et $\nabla_j A$ dans les directions ligne (i) et colonne (j) (par abus de notation, A est discrète), de telle façon que :

$$\nabla_i A = \frac{\partial A}{\partial i} \quad \text{et} \quad \nabla_j A = \frac{\partial A}{\partial j} \quad (2.11)$$

On définit alors la covariance normalisée de gradients comme une moyenne arithmétique des covariances normalisées dans chaque direction de différenciation :

$$\forall A, B \in \mathbb{R}^{n \times p}, \quad S_{\nabla}(A, B) = \frac{S_{\Gamma}(\nabla_i A, \nabla_i B) + S_{\Gamma}(\nabla_j A, \nabla_j B)}{2} \quad (2.12)$$

2.3.1.4 Information Mutuelle

La définition de l'*information mutuelle* est un peu plus longue, car elle nécessite l'introduction de concepts provenant de la théorie de l'information. Nous présentons ces concepts de façon pratique, étant donné notre contexte d'imagerie.

Nous supposons deux images $A, B \in \llbracket 0, 255 \rrbracket^{n \times p}$ dont les intensités sont comprises entre 0 et 255. Nous notons leurs histogrammes respectifs $H_A, H_B \in \llbracket 0, np \rrbracket^{1 \times 256}$. Nous définissons ensuite l'*histogramme joint* des images A et B , noté H_{AB} , de la façon suivante, en notant $|\{\cdot\}|$ le cardinal de l'ensemble $\{\cdot\}$:

$$\forall (k, l) \in \llbracket 1, 256 \rrbracket, \quad H_{AB}(k, l) = \left| \left\{ (i, j) \mid A_{i,j} = k - 1, B_{i,j} = l - 1 \right\} \right| \quad (2.13)$$

Nous avons $H_{AB} \in \llbracket 0, 2np \rrbracket^{256 \times 256}$. En interprétant l'histogramme non comme un «comptage» mais comme une probabilité d'occurrence d'intensité, on en déduit les *probabilités marginales* $p_A = \frac{H_A}{np}$ et $p_B = \frac{H_B}{np}$, et la *table de probabilités jointes*, $p_{AB} = \frac{H_{AB}}{np}$. L'information mutuelle des image A et B est alors définie par la quantité :

$$\forall A, B \in \llbracket 0, 255 \rrbracket^{n \times p}, \quad S_\mu(A, B) = \sum_{k=1}^{256} \sum_{l=1}^{256} p_{AB}(k, l) \log \left(\frac{p_{AB}(k, l)}{p_A(k)p_B(l)} \right) \quad (2.14)$$

Une analyse rapide montre que cette quantité n'est *pas normalisée*. Afin de remédier à ce problème, plusieurs approches sont possibles (nous en présentons deux ci-dessous), et requièrent toutes la définition de l'*entropie* d'une image :

$$\forall A \in \llbracket 0, 255 \rrbracket^{n \times p}, \quad h_A = - \sum_{k=1}^{256} p_A(k) \log p_A(k) \quad (2.15)$$

La première version normalisée de l'information mutuelle, extraite de Witten et Frank [2005] (page 292), est appelée **incertitude symétrique** :

$$\forall A, B \in \llbracket 0, 255 \rrbracket^{n \times p}, \quad S_U(A, B) = \frac{2S_\mu(A, B)}{h_A + h_B} \quad (2.16)$$

Cette quantité est à valeurs dans $[0, 1]$, bien que la valeur 1 ne puisse être atteinte dans la plupart des cas (1 est donc un majorant, et non une borne supérieure).

La seconde version normalisée, appelée **corrélation entropique** (Astola et Virtanen [1982]), est définie par :

$$\forall A, B \in \llbracket 0, 255 \rrbracket^{n \times p}, \quad S_E(A, B) = 2 \left(1 - \frac{2h_{AB}}{h_A + h_B} \right) \quad (2.17)$$

Elle est également à valeurs dans $[0, 1]$, et prend des valeurs très proches de l'incertitude symétrique.

2.3.2 Technique de diffusion

Les mesures de similarité définies précédemment permettent de mesurer une *distance* entre deux images. Lorsque ces images sont binaires cependant, l'information de similarité fournie par ces mesures peut être insuffisante pour conduire à la convergence d'un algorithme d'optimisation ; on a recours à des techniques de diffusion comme les *transformées de distance* (DT), qui permettent d'améliorer la qualité des mesures en les rendant «plus tolérantes».

Fabbri et al. [2008] décrit cette transformation comme une *opération morphologique* appliquée à une image binaire I . L'opération de base – comprendre : sur laquelle se basent toutes les variantes de DT – est le calcul d'une *carte des distances* à une structure d'intérêt \mathcal{O} observée dans l'image binaire. Ceci suppose que nous sommes capables d'isoler la «structure d'intérêt» en question dans nos images *avant* de les binariser, ou en d'autres termes, de les *segmenter*. Dans notre cas, il s'agit de l'une de nos hypothèses (voir §2.1.1).

L'intérêt d'une DT par rapport à d'autres techniques de diffusion (filtrage Gaussien par exemple), est que la définition de la diffusion souhaitée reste très flexible une fois la carte des distances calculée, et que cette dernière se calcule avec une complexité algorithmique inférieure à celle des techniques de filtrage à noyau.

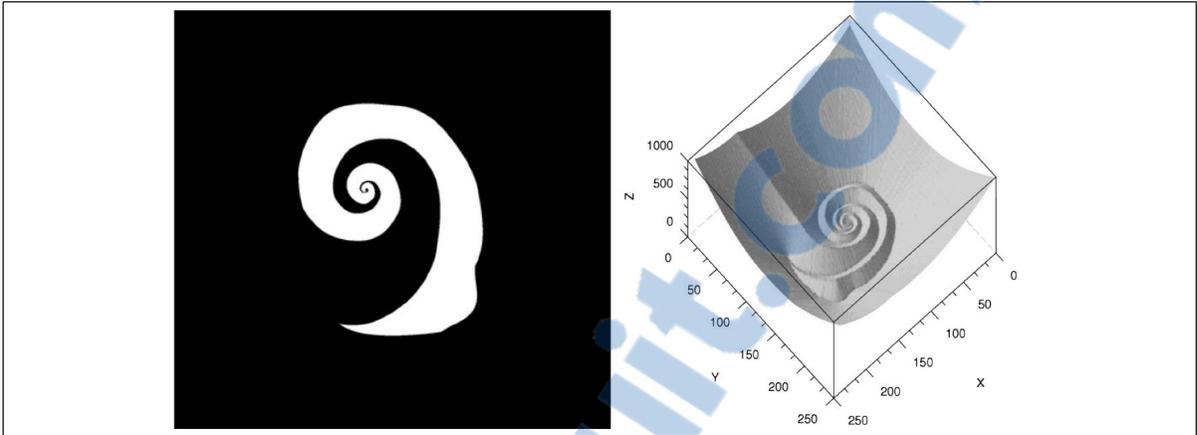


Figure 2.4 - Illustration de l'information apportée par une transformation de distance (Tiré de Fabbri et al. [2008])

En effet, la complexité algorithmique du calcul correspondant est en $\mathcal{O}(n^2)$ pour une image carrée de taille n (Cuisenaire et Macq [1999]), contre $\mathcal{O}(s^2n^2)$ pour un filtrage de la même image avec un noyau de taille s . Le défaut principal des transformées de distance est qu'elles ne permettent pas telles quelles de définir des transformations non-isotropes, ce qui n'est pas notre souhait ici.

2.3.2.1 Transformée de distance Euclidienne

La transformée de distance Euclidienne, notée \mathcal{E} , dérive directement du calcul de la *carte des distances*, que nous noterons \mathcal{D} par la suite.

Le calcul de cette dernière consiste à assigner à chaque pixel d'une image binaire \mathbf{I} , la distance du plus proche pixel ayant une intensité opposée. Le calcul de \mathcal{E} consiste alors simplement à seuiller les valeurs de \mathcal{D} pour en faire une image en niveaux de gris, avec la définition souhaitée (codée sur 8 bits par exemple). Nous proposons une illustration des différentes étapes de la segmentation Fig. 2.5, afin de concrétiser visuellement les hypothèses et définitions que nous avons données jusqu'ici.

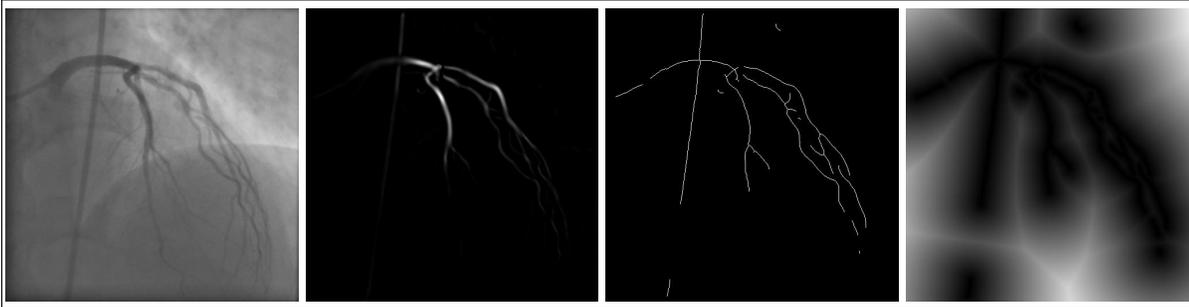


Figure 2.5 - Exemple imagé des étapes de segmentation

De gauche à droite : image angiographique ; résultat du filtre vasculaire de Frangi ; amincissement et binarisation de l'image filtrée ; transformée de distance Euclidienne de l'image binaire.

Comme nous le disions plus haut, la définition de la diffusion souhaitée reste très flexible une fois la carte des distances \mathcal{D} calculée. Dans la section suivante, nous présentons la technique de diffusion retenue pour notre étude.

2.3.2.2 Transformée de distance rationnelle

La diffusion souhaitée pour notre étude doit respecter les contraintes suivantes : **(1)** les intensités sont à valeurs dans $[0, 1]$, **(2)** les pixels correspondants aux artères ont une intensité égale à 1, et cette intensité décroît strictement vers 0 à mesure que l'on s'en éloigne, **(3)** la *vitesse de décroissance*, ou en d'autres termes, l'étendue du «flou» causé par la DT doit être paramétrable. La formulation retenue, notée \mathcal{Q}_r pour un paramètre r donné, est la suivante :

$$\forall r \in \mathbb{R}^+, \quad \mathcal{Q}_r = \frac{1}{1 + \mathcal{D}^r} \quad (2.18)$$

Un exemple de résultat obtenu pour différentes valeurs de r est illustré Fig. 2.6. On remarque que pour des valeurs de r proches de 0, le contraste de l'image originale est dégradé et la majorité des pixels de l'image ont une couleur grisâtre. À mesure que r augmente, le contraste est peu à peu restauré, et le «rayonnement» apparent de la structure d'intérêt est de plus en plus localisé. Pour de fortes valeurs de r , l'intérêt de la DT est minime car ses effets sont localisés dans un voisinage très proche de l'objet visible. Ceci conclut la présentation des critères de similarité.

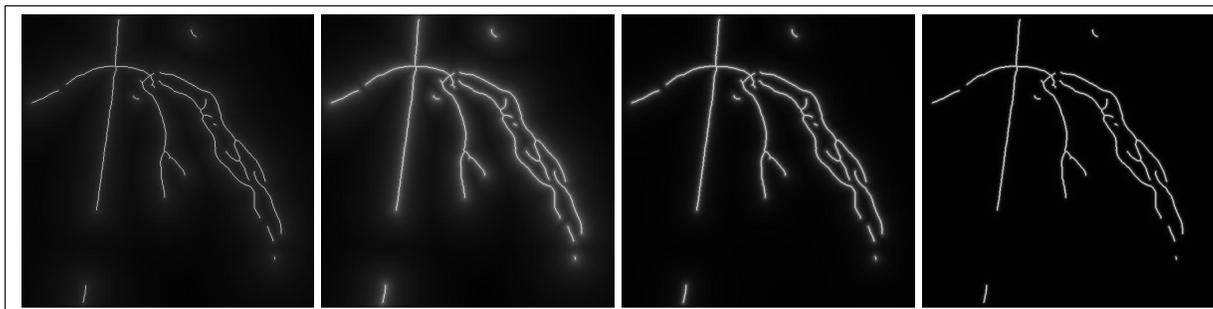


Figure 2.6 - Exemples de transformées de distance rationnelles (de gauche à droite, pour $r = 0.1, 0.5, 1, 2$)

2.4 Modèle de mouvement cardiaque

Le modèle de mouvement est constitué de deux parties principales :

- Un modèle de **déformation**, qui permet d'exprimer une «configuration» de la ligne centrale au moyen de paramètres. Selon nos hypothèses (voir §2.1.1), ce modèle devra comporter une partie locale expliquant la déformation cardiaque non-rigide (§2.4.1), et une partie globale expliquant le mouvement d'ensemble rigide du coeur (§2.4.2).
- Un **gabarit** de déformation, qui modélise l'évolution attendue des paramètres de déformation au cours d'un cycle cardiaque (§2.4.3 page 95).

2.4.1 Modèle de déformation local

Frangi et al. [2001] propose une revue des modélisations 3D du coeur présentes dans la littérature. De nombreux critères sont proposés pour classer ces méthodes, comme l'objet de la modélisation (surface, volume, modèle déformable ou non), la méthodologie adoptée (méthodes polynômiales, modèles physiques, statistiques, spectraux et géométriques), la régularité du modèle (discret ou continu), la modalité concernée (CT, IRM, *etc.*), et la stratégie d'évaluation proposée.

Le modèle de déformation que nous recherchons pour notre application doit posséder les propriétés suivantes :

- Être exploitable avec la ligne centrale 3D comme seule information spatiale.
- Comporter peu de paramètres – sans détériorer l’ensemble des déformations possibles – contrôlant des déformations intuitives.
- Être continu.
- Être rapidement calculable.

Parmi les modèles présentés dans Frangi et al. [2001], la plupart des méthodes polynômiales et physiques ne répondent pas à ces critères en raison du trop grand nombre de paramètres (surfaces paramétrées), ou de la quantité de calcul requise (modèles bio-mécaniques).

L’une des méthodes qui a retenu notre attention en raison de sa simplicité, et de son contexte d’application pertinent (suivi du mouvement surfacique du ventricule gauche sur des séquences 3D), est celle de Declerck et al. [1998]. L’auteur y modélise le ventricule comme partiellement cylindrique (sur la partie latérale), et partiellement sphérique (sur la partie distale) ; une modélisation hybride qui nous a semblé particulièrement intéressante.

Cette modélisation est ensuite exploitée pour définir un nouveau système de coordonnées, dit **planisphérique**, soigneusement créé pour qu’une déformation affine dans ce système affecte la surface du ventricule de manière *réaliste et intuitive*. Toute la difficulté de l’application à notre contexte repose donc sur la définition du repère planisphérique pour une ligne centrale 3D donnée. La déformation de cette dernière consiste ensuite simplement en deux changements de coordonnées (aller et retour), séparés d’une opération matricielle (transformation affine).

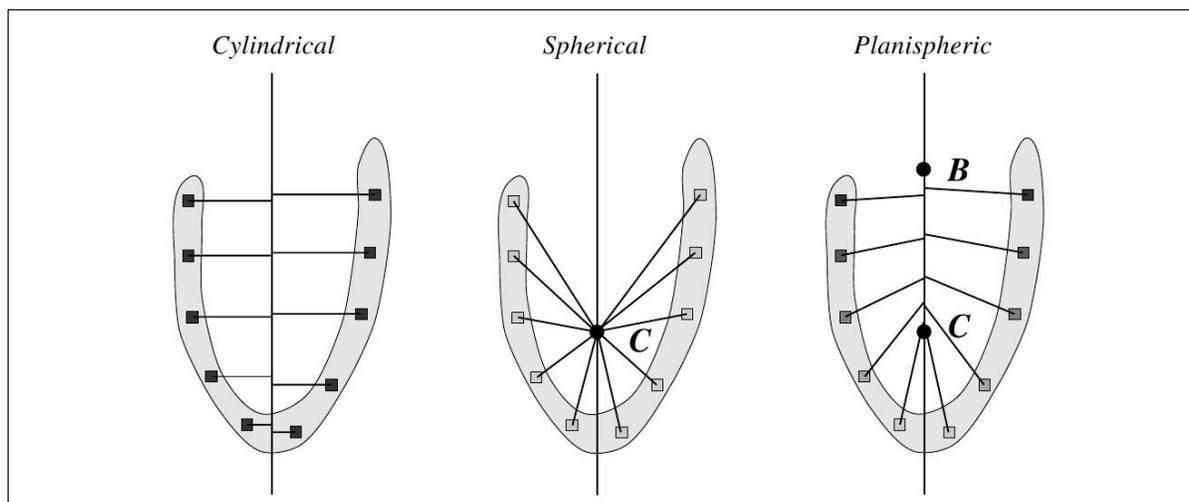


Figure 2.7 - Comparaison des repères cylindrique, sphérique et planisphérique (Tiré de Declerck et al. [1998])

2.4.1.1 Le repère planisphérique

Une comparaison des repères cylindrique, sphérique et planisphérique est illustrée Fig. 2.7. On y remarque que le repère planisphérique se comporte comme un repère sphérique, dont le centre serait autorisé à «glisser» sur un segment en fonction de la position du point repéré dans l'espace. On comprend également que la définition d'un tel repère requiert *un axe*, et *deux points de référence*, appelés **base** et **centre** du repère planisphérique.

L'auteur fournit les indications suivantes quant au placement du centre et de la base du repère planisphérique : en imaginant le ventricule comme une ellipse tronquée, le centre C est placé au barycentre de la cavité ainsi créée, et la base B au centre de la partie tronquée. En termes anatomiques, le centre C est situé au centre du ventricule, et la base B au centre de la séparation atrioventriculaire. Dans notre cas, ce type d'indication ne peut malheureusement pas être suivi à la lettre, puisque nous disposons seulement de la ligne centrale 3D des artères coronaires (voir cadre d'étude §2.1.1). Faute de quoi, notre implémentation propose un outil manuel et interactif pour la définition de ce repère : l'axe est déplacé et orienté manuellement, et les positions de la base et du centre sont exprimées en proportion de l'amplitude $z_{max} - z_{min}$ de l'arbre coronaire suivant l'axe principal, voir Fig. 2.8.

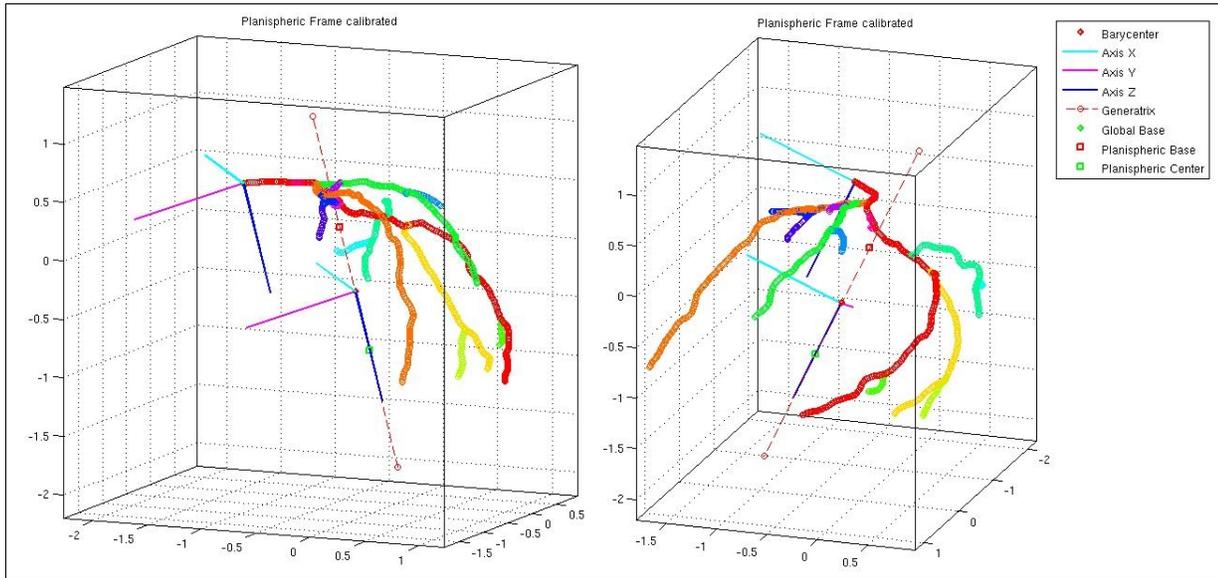


Figure 2.8 - Exemple de repère planisphérique

La base B et le centre C du repère planisphérique sont représentés par des carrés respectivement rouge et vert sur l'axe rouge en pointillés.

En notant N et M les projections des points de la ligne centrale 3D sur l'axe principal, respectivement les plus proches de l'ostium et de l'apex, on définit donc la position de la base B et du centre C à l'aide de deux paramètres $(\alpha_B, \alpha_C) \in [0, 1]^2$ de la manière suivante :

$$B = N + \alpha_B \overrightarrow{NM} \quad \text{et} \quad C = N + \alpha_C \overrightarrow{NM} \quad (2.19)$$

En l'absence de clinicien, nous avons choisi d'assigner des valeurs (α_B, α_C) qui semblaient donner de bons résultats expérimentaux lors des déformations. Dans notre implémentation, nous avons choisi $\alpha_B = 0.33$ et $\alpha_C = 0.66$.

Dans le cas où cette assignation arbitraire serait inacceptable en contexte clinique, il est toujours possible d'utiliser des approches comme Zheng et al. [2007] qui permettraient de calculer automatiquement l'axe principal, la base et le centre des ventricules directement dans le procédé de segmentation du CT-scan pré-opératoire, et ce sans intervention du clinicien.

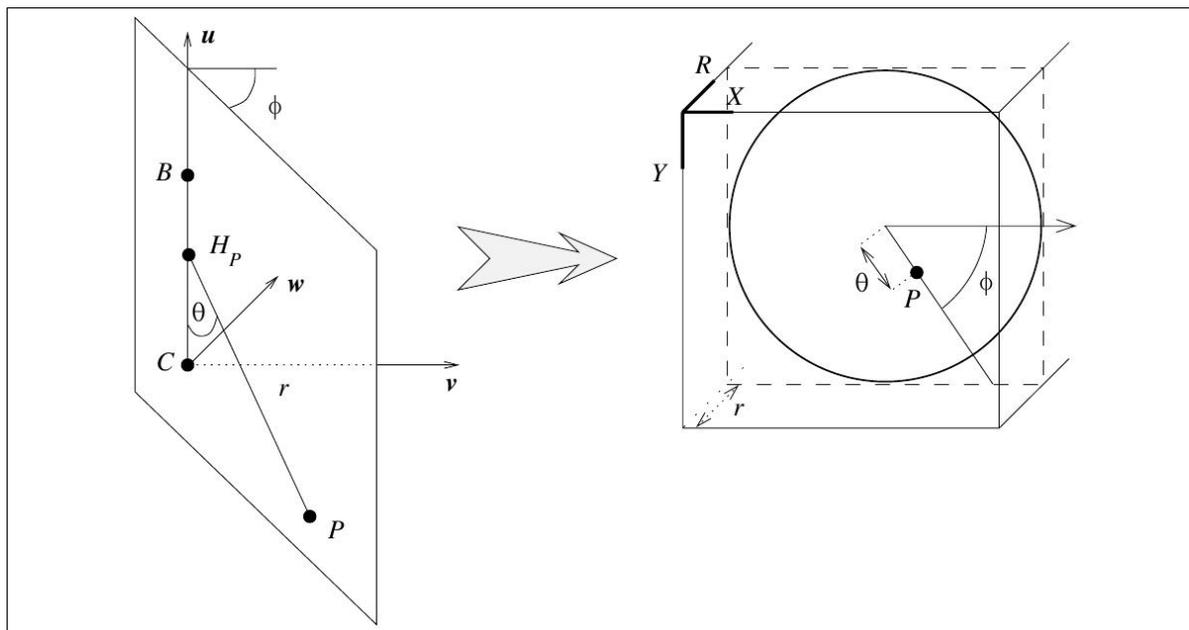


Figure 2.9 - Passage au système de coordonnées planisphérique (Tiré de Declerck et al. [1998])

Nous soulignons enfin qu'une intervention manuelle à cette étape de la méthode de compensation est acceptable dans la mesure où tous les traitements présentés jusqu'à présent s'appliquent à des données *pré-opératoires*. On parle de traitement **hors-ligne**.

2.4.1.2 Changement de coordonnées

Comme annoncé plus haut, la déformation planisphérique s'effectue dans un système de coordonnées différent du système cartésien, appelé **système planisphérique**. Nous formulons ici les détails du passage entre ces deux systèmes.

Comme illustré Fig. 2.9, étant donné un repère cartésien $(C, \vec{u}, \vec{v}, \vec{w})$, les coordonnées planisphériques de centre C et de base B d'un point P de l'espace nécessitent l'assignation d'un point H_P sur le segment $[B, C]$, appelé **centre instantané** de P . La relation $\overrightarrow{BH_P} = \cos \theta \overrightarrow{BC}$ lie implicitement les positions de H_P et de P , mais cette relation n'est pas exploitable car le calcul de l'angle θ requiert au préalable la position du point H_P .

L'annexe de Declerck et al. [1998] propose un calcul rigoureux de la position de H_P grâce à des considérations géométriques avancées, mais implique l'utilisation d'une méthode d'approximation numérique pour le trouver le zéro d'une fonction exhibée dans cette annexe, et ce pour chaque point P de l'arbre coronaire. Ce calcul ne pose *a priori* aucun problème, étant donné que ce traitement est effectué *hors-ligne*, et que le couple (H_P, P) est définitif, quelle que soit la déformation appliquée post-assignation. Nous proposons toutefois ci-dessous une approximation simple qui permet une assignation instantanée de ces couples.

Cette approximation consiste à estimer la position de H_P grâce à une correspondance linéaire entre les segments $[N, M]$ (précédemment définis) et $[B, C]$. Ceci revient à considérer que $(\overrightarrow{BC}, \overrightarrow{H_P P}) \approx (\overrightarrow{BC}, \overrightarrow{BP})$. Nous obtenons ainsi la relation simple :

$$\overrightarrow{BH_P} = \frac{\overrightarrow{NP} \cdot \overrightarrow{NM}}{\|\overrightarrow{NM}\|^2} \overrightarrow{BC} \quad (2.20)$$

Une fois les centres H_P assignés à tous les points de la ligne centrale, on peut déterminer les coordonnées sphériques (r_P, θ_P, ϕ_P) de centre H_P du point P dans le repère $(H_P, \vec{u}, \vec{v}, \vec{w})$, tel qu'illustré Fig. 2.9, puis réaliser enfin le changement de coordonnées tant attendu :

$$\begin{cases} X_P = \frac{\theta_P}{\pi} \cos \phi_P \\ Y_P = \frac{\theta_P}{\pi} \sin \phi_P \\ R_P = \frac{r_P}{\sigma_r} \end{cases} \quad \text{avec} \quad \sigma_r = 2 \max_P(r_P) \quad (2.21)$$

Le retour au système cartésien consiste simplement à inverser le système (2.21)⁵ :

$$\begin{cases} r_P = \sigma_r \cdot R_P \\ \theta_P = \pi \sqrt{X_P^2 + Y_P^2} \\ \phi_P = \text{atan2}(Y_P, X_P) \end{cases} \quad (2.22)$$

5. De part la définition des coordonnées planisphériques (Fig. 2.9), nous avons bien $\theta \in [0, \pi]$.

puis à exprimer les coordonnées sphériques (r_P, θ_P, ϕ_P) dans le repère cartésien.

2.4.1.3 Déformation planisphérique

Finalemeent la déformation planisphérique s'exprime de façon affine dans le système de coordonnées adéquat, à l'aide de **six paramètres** :

$$\begin{aligned} \hat{X} &= a_0X - a_1Y + a_2 \\ \hat{Y} &= a_1X + a_0Y + a_3 \\ \hat{R} &= a_4R + a_5 \end{aligned} \iff \begin{pmatrix} \hat{X} \\ \hat{Y} \\ \hat{R} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_0 & -a_1 & 0 & a_2 \\ a_1 & a_0 & 0 & a_3 \\ 0 & 0 & a_4 & a_5 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} X \\ Y \\ R \\ 1 \end{pmatrix} \quad (2.23)$$

Comme nous le disions plus haut, ces paramètres contrôlent des déformations intuitives et pertinentes compte-tenu du contexte de déformation cardiaque. Les interprétations suivantes sont données pour des valeurs positives (ou > 1 pour les paramètres diagonaux) des paramètres correspondants. Ces interprétations sont «inversées» si les valeurs de ces paramètres sont négatives (ou dans $[0, 1]$) :

a_0 : élévation de la partie proximale de l'arbre coronaire.

a_1 : torsion globale autour de l'axe planisphérique, dans le sens *latéral-antérieur*.

a_2 : pivotement de l'axe planisphérique centré sur la base B , dans la direction *distale-antérieure*.

a_3 : pivotement de l'axe planisphérique centré sur la base B , dans la direction *distale-médiale*.

a_4 : facteur d'échelle global.

a_5 : il s'agit d'un paramètre d'échelle redondant, jouant le rôle d'*offset* ou de *modulation d'échelle* selon son utilisation. En ce sens, nous ne le considérons pas comme un paramètre de déformation en tant que tel, ce qui ramène en pratique à 5 le nombre de paramètres de déformation pour ce modèle.

2.4.2 Modèle de déformation global

Le lecteur attentif aura remarqué Fig. 2.8 la présence d'un repère global centré sur l'ostium coronaire. En effet, conformément aux hypothèses formulées §2.1.1, le mouvement cardiaque possède une composante *non-rigide* (à laquelle nous venons d'associer un modèle de déformation) **et** une composante *rigide*, résultat conjoint des activités cardiaque et respiratoire.

La déformation globale (constituée de trois rotations et de trois translations) est supposée être appliquée au coeur à partir de l'ostium coronaire (zone de rattachement au circuit sanguin, seule attache du coeur, anatomiquement parlant bien entendu). Le repère cartésien global associé est donc centré sur l'ostium, et arbitrairement aligné avec le repère cartésien local, centré au barycentre de l'arbre coronaire. La transformation globale se formule comme suit :

$$\begin{bmatrix} x_k \\ y_k \\ z_k \end{bmatrix} = \begin{pmatrix} & t_{x,k-1} \\ \mathbf{R}_{k-1} & t_{y,k-1} \\ & t_{z,k-1} \end{pmatrix} \begin{bmatrix} x_{k-1} \\ y_{k-1} \\ z_{k-1} \\ 1 \end{bmatrix} \quad (2.24)$$

avec \mathbf{R}_{k-1} la matrice de rotation, et $\mathbf{t}_{k-1} = [t_{x,k-1}, t_{y,k-1}, t_{z,k-1}]$ le vecteur de translation.

Ceci achève le modèle de déformation des artères coronaires, avec **douze paramètres**, dont six contrôlent les mouvements non-rigides locaux.

Quels que soient les paramètres de déformation choisis, cette déformation sera calculée séquentiellement en appliquant les *rotations globales* d'abord, les *translations globales* ensuite, et les *déformations locales* enfin. Notons également que le repère local est par définition relatif au repère global, et que tout mouvement global l'affecte donc de la même manière que les points de la ligne centrale 3D. Ceci assure que les coordonnées des points de la ligne centrale dans le repère local restent inchangées quelle que soit la déformation globale imposée.

2.4.3 Évolution cyclique des paramètres

Il convient ici de décrire *l'évolution attendue* des paramètres du modèle de déformation durant un cycle cardiaque complet. Nous présenterons dans un premier temps une *méthode d'estimation de la phase cardiaque* à partir de la séquence angiographique observée ; le fait d'utiliser les images dans le procédé d'estimation assure une cohérence entre la phase cardiaque courante et le mouvement des artères coronaires observé sur les images.

Dans un second temps, nous introduirons les *gabarits de paramètres* comme des fonctions de la phase estimée répondant à l'objectif formulé ci-dessus (description de l'évolution des paramètres de déformation au cours d'un battement cardiaque). Ces gabarits sont idéalement appris empiriquement, et nous décrivons comment cet apprentissage peut être réalisé. Toutefois, une modélisation alternative de ces fonctions est requise au préalable de tout apprentissage ; nous proposons une modélisation simple qui permet de remédier à ce problème.

2.4.3.1 Estimation de la phase cardiaque

L'estimation de la phase cardiaque peut être effectuée à partir du signal ECG en délimitant alternativement les phases systoliques et diastoliques, au moyen d'une méthode comme Weissler et al. [1968]. Cependant, cette méthode ne permet pas d'assurer la cohérence entre la phase cardiaque estimée à l'instant courant, et le mouvement observé sur les images angiographiques utilisées pour le recalage.

En comparaison, la méthode de Sundar et al. [2009] permet d'estimer les phases cardiaques et respiratoires au moyen d'une méthode spectrale simple, en incluant les images observées dans le processus d'estimation. On modélise de façon simpliste le changement observé d'une image à une autre comme une translation lors de laquelle le pixel (x, y) sera translaté aux coordonnées $(x - x_k, y - y_k)$.

Cette modélisation une fois traduite dans le domaine spectral s'exprime, en notant \mathcal{F} la transformation de Fourier :

$$\mathbf{I}_{k+1}(x, y) = \mathbf{I}_k(x - x_k, y - y_k) \iff \mathcal{F}_{k+1}(\xi, \eta) = \exp(-j2\pi(\xi x_k + \eta y_k)) \mathcal{F}_k(\xi, \eta) \quad (2.25)$$

On remarque alors que la phase de la quantité $\mathcal{F}_{k+1} \mathcal{F}_k^*$ dans le domaine spectral varie en même temps que les translations observées d'une image à l'autre. Ces variations de phase peuvent être mesurées en étudiant les variations de l'énergie spectrale correspondante (Sundar et al. [2009]) :

$$E_k = \int \frac{\mathcal{F}_k^* \mathcal{F}_{k+1}}{|\mathcal{F}_k^*| |\mathcal{F}_{k+1}|} df \quad (2.26)$$

Le théorème de Parseval assure par ailleurs que les variations de E dans le domaine spectral sont égales aux variations d'énergie causées par les déplacements spatiaux, il est donc légitime de chercher à estimer ainsi les phases cardiaques et respiratoires. Le signal temporel correspondant à cette énergie est assimilable à un signal *modulé en amplitude* ; le signal porteur correspondant à la phase cardiaque, et le signal modulant à la phase respiratoire. Un filtrage passe-bas permet de récupérer le signal respiratoire, et le signal cardiaque par soustraction. Un exemple de résultat obtenu sur une séquence angiographique, superposé au signal ECG correspondant, est illustré Fig. 2.10. Nous vérifions expérimentalement que les pics du signal cardiaque correspondent précisément aux instants de déplacement maximal des artères coronaires sur les images angiographiques. Des commentaires annexes sont fournis en Appendice B à propos du déphasage systématique entre le signal cardiaque ainsi estimé, et le signal ECG.

Il s'agit maintenant de décrire comment la phase $\hat{\phi}$ est estimée dans l'intervalle $[0, 2\pi[$ à l'aide de cette méthode. Tout d'abord, puisque les maxima du signal cardiaque ainsi mesuré correspondent bien aux instants de déplacement maximal au cours d'un cycle, nous associons la valeur $\hat{\phi} = \pi$ aux instants correspondants. Deux cas sont ensuite distingués :

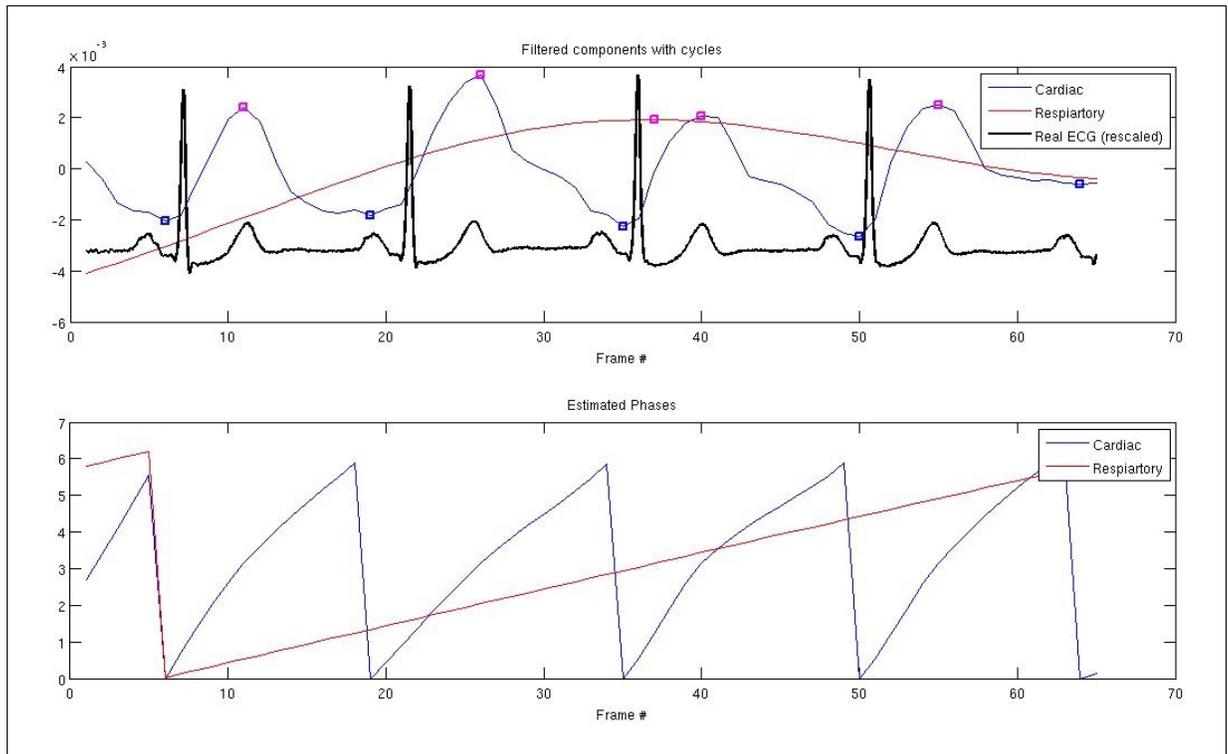


Figure 2.10 - Estimation spectrale de la phase cardio-respiratoire sur une séquence angiographique

En haut ; ECG (en gras), et signaux cardiaque (en bleu, rapide) et respiratoire (en rouge, lent) estimés par Sundar et al. [2009]. En bas ; notre estimation des phases correspondantes sur $[0, 2\pi[$.

- Dans les portions correspondantes à la succession d'un minimum et d'un maximum, la phase $\hat{\phi}$ est interpolée entre 0 et π . Cette portion est alors assimilable à une *phase de contraction cardiaque* (d'un déplacement minimum vers un déplacement maximum).
- Inversement, $\hat{\phi}$ est interpolée entre π et 2π lors de la succession d'un maximum et d'un minimum. Cette portion est alors assimilable à une *phase de relaxation cardiaque* (d'un déplacement maximum vers un déplacement minimum).

Ce procédé assure que la contraction cardiaque a bien lieu lorsque la phase estimée vaut π , et permet de séparer les phases de contraction et de relaxation du mouvement cardiaque. Notons qu'aucune hypothèse de périodicité n'a été formulée ; cette méthode est indépendante du rythme cardiaque, et repose uniquement sur l'efficacité de la méthode d'estimation spectrale présentée plus haut. En particulier, la relation entre la phase et le temps peut être non-linéaire.



On remarque d'ailleurs sur les estimations Fig. 2.10 que les phases de contraction cardiaque sont systématiquement plus courtes que les phases de relaxation (en moyenne 38% du cycle pour la phase de contraction) : cette observation est cohérente avec les résultats présentés par Husmann et al. [2007] sur les proportions des phases systoliques et diastoliques (voir §1.2.3 page 17), compte-tenu du rythme cardiaque moyen mesuré (56.9 bpm).

2.4.3.2 Gabarits de paramètres

Disposant d'une correspondance entre la phase cardiaque et le temps grâce à l'estimation précédente, on s'intéresse maintenant à l'évolution attendue des paramètres du modèle déformation au cours d'un battement cardiaque, afin d'exprimer les contraintes de cyclicité du mouvement.

Dans la section suivante (§2.5), nous verrons que la solution proposée au problème de compensation du mouvement sera formulée comme un problème de *maximisation a posteriori* (MAP). Contrairement aux problèmes de maximisation de vraisemblance (ML), ces approches requièrent une *connaissance a priori* sur les variables aléatoires à estimer : c'est le rôle des gabarits de vitesses présentés dans cette section.

Idéalement, cette connaissance est apprise sur des recalages validés par des cliniciens, de manière à construire un analogue d'atlas, tel que présenté dans notre revue de littérature (voir §1.4.3.1 page 51). Toutefois, il est clair qu'il faille préciser une méthode alternative pour les recalages qui préludent à cet apprentissage. Dans les paragraphes qui suivent, nous distinguons le cas idéal du cas pratique préalable à l'apprentissage, en précisant dans chaque cas comment ces gabarits sont définis.

2.4.3.2.1 Cas idéal d'apprentissage

Dans le cas idéal, on suppose la disponibilité d'un nombre n de recalages effectués sur des séquences angiographiques suffisamment longues pour que l'apprentissage des paramètres de déformation par notre méthode stochastique puisse être mis en évidence⁶.

6. Le-dit phénomène d'apprentissage pourra être observé lors de la validation finale de notre méthode sur des données réelles (voir §3.6 page 149).

Dans ce cas, une analyse statistique effectuée pour tous les recalages sur la séquence temporelle correspondant à chaque paramètre peut être conduite, afin de déterminer une *courbe moyenne* de variation pour chaque paramètre au cours du cycle cardiaque.

Les gabarits de vitesses \hat{v} peuvent alors être définis *empiriquement* par différenciation de ces courbes. En procédant ainsi, une attention toute particulière devra être accordée à la variance des courbes correspondantes, pour évaluer le caractère représentatif des courbes moyennes calculées.

Alternativement, certaines méthodes de la littérature (comme Baum et al. [1970], conçue spécifiquement pour les modèles de Markov cachés) permettent d'évaluer plus rigoureusement les courbes des différents paramètres en utilisant des procédés expérimentaux. Quelle que soit la méthode employée, l'estimation empirique des gabarits de vitesses \hat{v} vise à constituer une connaissance *a priori* pertinente pour notre méthode de compensation.

2.4.3.2.2 Comment procéder sans apprentissage

Lorsqu'aucun apprentissage n'est disponible, une méthode auxiliaire doit être proposée pour injecter manuellement la connaissance *a priori* requise pour le recalage.

Nous proposons d'introduire une fonction τ pour modéliser l'évolution d'un paramètre de déformation au cours du cycle cardiaque, en précisant une **valeur initiale** (m), une **valeur maximale** (M), un **instant de contraction** (μ) et un **facteur de maintien** (δ). Les gabarits de vitesses seront alors définis par $\hat{v} = \left[\frac{\partial \tau_i}{\partial \phi} \right]_{i=1}^{12}$ (une fonction par paramètre de déformation).

Puisque la concaténation de deux cycles doit mener à une déformation réaliste, nous imposons à τ des *contraintes de raccordement* C^1 aux bornes de l'intervalle de définition $[0, 2\pi[$:

$$\tau \in C^1_{[0, 2\pi[} \quad \tau(0) = \tau(2\pi^-) \quad \frac{\partial \tau}{\partial \phi}(0) = \frac{\partial \tau}{\partial \phi}(2\pi^-) \quad (2.27)$$

Nous définissons alors la fonction suivante :

$$\forall (m, M, \mu, \delta) \in \mathbb{R}^2 \times [0, 2\pi] \times \mathbb{R}_+^*, \forall \phi \in]0, 2\pi[$$

$$\tau(\phi; m, M, \mu, \delta) = m + (M - m) \exp\left(-\frac{(f(\phi) - f(\mu))^2}{2\delta}\right) \quad (2.28)$$

avec $f : x \in]0, 2\pi[\mapsto \tan\left(\frac{x - \pi}{2}\right)$, introduite pour respecter les contraintes énoncées précédemment avec le prolongement C^1 suivant :

$$\tau(0) = \tau(2\pi) = m \quad \text{et} \quad \frac{\partial \tau}{\partial \phi}(0) = \frac{\partial \tau}{\partial \phi}(2\pi) = 0 \quad (2.29)$$

La fonction τ correspondante est illustrée Fig. 2.11 pour différentes valeurs de δ et μ . Notons qu'il existe d'autres modélisations possibles des paramètres de déformation dans la littérature, comme le modèle proposé par Bachta et al. [2009]. Celui-ci repose sur une *modélisation harmonique* des paramètres, influencée par les phases cardiaque et respiratoire, mais a été jugée trop lourdement paramétrée compte-tenu de notre application ; une modélisation simple avec une harmonique pour la phase respiratoire, et deux harmoniques pour la phase cardiaque, conduirait à la spécification de 15 paramètres pour décrire la fonction τ , et ce pour chaque paramètre de déformation.

Dans ce qui suit, nous considérons que la fonction τ décrite à l'équation (2.28) est utilisée pour modéliser les variations attendues des 12 paramètres du modèle de déformation au cours d'un cycle cardiaque. Les différenciations de ces fonctions par rapport à la phase permettent de former le vecteur \hat{v} des gabarits de vitesses.

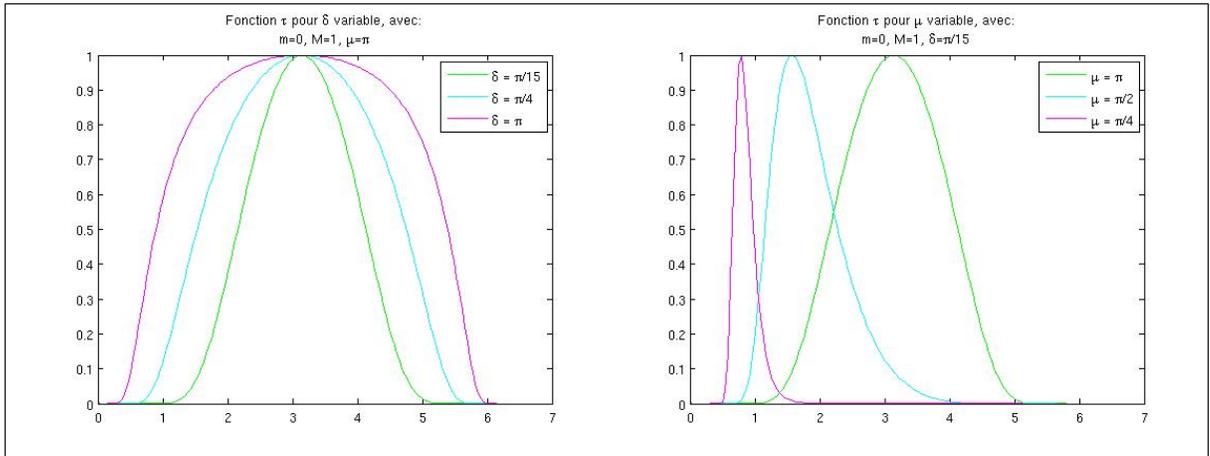


Figure 2.11 - Graphes de la fonction τ pour différentes valeurs de δ et μ

Sur les deux figure, $m = 0$ et $M = 1$. La figure de gauche illustre les graphes de τ pour $\mu = \pi$ et δ variable. La figure de droite illustre les graphes de τ pour $\delta = \pi/15$ et μ variable.

2.4.3.2.3 Vers un apprentissage plus compact

À la lumière des paragraphes précédents, on remarque qu'il est également possible de concilier l'utilisation d'une fonction τ comme définie précédemment pour l'apprentissage des gabarits de vitesses \hat{v} ; avec l'hypothèse d'une fonction τ adaptée à la modélisation des paramètres θ au cours du cycle cardiaque, on pourrait imaginer que l'apprentissage ne se fasse pas directement sur les vitesses des paramètres de déformation, comme nous le suggérons plus haut, mais qu'il se fasse plutôt sur les paramètres (m, M, μ, δ) de la fonction τ pour chaque paramètre de déformation.

L'avantage de ce type d'apprentissage est qu'il résulte en une estimation *plus compacte* ; au lieu d'avoir à estimer autant de valeurs que d'images au cours d'un cycle cardiaque (une fréquence d'acquisition classique est de 15Hz, celle des battements cardiaques est typiquement de 60bpm) pour chaque paramètre de déformation, nous n'avons plus que quatre paramètres à estimer par cycle et par paramètre de déformation.

2.5 Compensation du mouvement comme maximisation a posteriori

Dans les sections précédentes nous avons présenté les différents composants du modèle stochastique de compensation. Nous montrons maintenant comment les utiliser pour résoudre notre problématique.

2.5.1 Approche Bayésienne

Inspirés par le travail de Sidenbladh et al. [2000], nous formulons l'objectif de compensation du mouvement comme une estimation du *maximum a posteriori* (MAP). Nous développons ci-dessous l'expression de la probabilité conjointe *a posteriori* afin de mettre en évidence une formulation exploitable pour l'implémentation.

En utilisant tout d'abord la règle du produit, nous obtenons :

$$\begin{aligned}
 p(\boldsymbol{\theta}_k, \mathbf{v}_k, \phi_k, \mathbf{X}_k | \bar{\mathbf{I}}_k) &= p(\boldsymbol{\theta}_k, \mathbf{v}_k, \phi_k, \mathbf{X}_k | \mathbf{I}_k, \bar{\mathbf{I}}_{k-1}) \\
 &\propto p(\mathbf{I}_k | \boldsymbol{\theta}_k, \mathbf{v}_k, \phi_k, \mathbf{X}_k, \bar{\mathbf{I}}_{k-1}) p(\boldsymbol{\theta}_k, \mathbf{v}_k, \phi_k, \mathbf{X}_k, \bar{\mathbf{I}}_{k-1}) \\
 &\propto \underbrace{p(\mathbf{I}_k | \mathbf{X}_k)}_{\text{Vraisemblance (2.7)}} p(\boldsymbol{\theta}_k, \mathbf{v}_k, \phi_k, \mathbf{X}_k | \bar{\mathbf{I}}_{k-1})
 \end{aligned}$$

avec la notation $\bar{o}_k = [o_k, o_{k-1}, \dots, o_1]$.

En *marginalisant* ensuite le second facteur, et en remarquant que le réseau Bayésien Fig. 2.2 page 73 est de premier ordre, il vient :

$$\begin{aligned}
 p(\boldsymbol{\theta}_k, \mathbf{v}_k, \phi_k, \mathbf{X}_k | \bar{\mathbf{I}}_{k-1}) &= \int p(\bar{\boldsymbol{\theta}}_k, \bar{\mathbf{v}}_k, \bar{\phi}_k, \bar{\mathbf{X}}_k | \bar{\mathbf{I}}_{k-1}) d\bar{\boldsymbol{\theta}}_{k-1} d\bar{\mathbf{v}}_{k-1} d\bar{\phi}_{k-1} d\bar{\mathbf{X}}_{k-1} \\
 &= \int p(\boldsymbol{\theta}_k, \boldsymbol{\theta}_{k-1}, \mathbf{v}_k, \mathbf{v}_{k-1}, \phi_k, \phi_{k-1}, \mathbf{X}_k, \mathbf{X}_{k-1} | \bar{\mathbf{I}}_{k-1}) d\boldsymbol{\theta}_{k-1} d\mathbf{v}_{k-1} d\phi_{k-1} d\mathbf{X}_{k-1} \\
 &= \int \underbrace{p(\boldsymbol{\theta}_k, \mathbf{v}_k, \phi_k, \mathbf{X}_k | \boldsymbol{\theta}_{k-1}, \mathbf{v}_{k-1}, \phi_{k-1}, \mathbf{X}_{k-1}, \bar{\mathbf{I}}_{k-1})}_{\text{Transition } (k-1) \rightarrow k} \\
 &\quad \underbrace{p(\boldsymbol{\theta}_{k-1}, \mathbf{v}_{k-1}, \phi_{k-1}, \mathbf{X}_{k-1} | \bar{\mathbf{I}}_{k-1})}_{\text{A posteriori } (k-1)} d\boldsymbol{\theta}_{k-1} d\mathbf{v}_{k-1} d\phi_{k-1} d\mathbf{X}_{k-1}
 \end{aligned}$$

Reste à développer le premier facteur de l'intégrande, conformément au réseau Bayésien Fig. 2.2 :

$$\begin{aligned} p(\boldsymbol{\theta}_k, \mathbf{v}_k, \phi_k, \mathbf{X}_k | \boldsymbol{\theta}_{k-1}, \mathbf{v}_{k-1}, \phi_{k-1}, \mathbf{X}_{k-1}, \bar{\mathbf{I}}_{k-1}) \\ = \underbrace{p(\boldsymbol{\theta}_k | \boldsymbol{\theta}_{k-1}, \mathbf{v}_{k-1})}_{(2.5)} \underbrace{p(\mathbf{X}_k | \mathbf{X}_{k-1}, \boldsymbol{\theta}_{k-1})}_{(2.3)} p(\mathbf{v}_k, \phi_k | \mathbf{v}_{k-1}) \end{aligned}$$

Puis en introduisant enfin les termes déterministes :

$$p(\mathbf{v}_k, \phi_k | \mathbf{v}_{k-1}) = \underbrace{p(\mathbf{v}_k | \mathbf{v}_{k-1}, \hat{\mathbf{v}}, \phi_k)}_{(2.6)} \underbrace{p(\phi_k | \hat{\phi}_k)}_{(2.2)}$$

On peut finalement écrire :

$$\begin{aligned} p(\boldsymbol{\theta}_k, \mathbf{v}_k, \phi_k, \mathbf{X}_k | \bar{\mathbf{I}}_k) &\propto p(\mathbf{I}_k | \mathbf{X}_k) p(\phi_k | \hat{\phi}_k) \\ &\int \underbrace{p(\mathbf{X}_k | \mathbf{X}_{k-1}, \boldsymbol{\theta}_{k-1}) p(\boldsymbol{\theta}_k | \boldsymbol{\theta}_{k-1}, \mathbf{v}_{k-1}) p(\mathbf{v}_k | \mathbf{v}_{k-1}, \hat{\mathbf{v}}, \phi_k)}_{\text{Transition } (k-1) \rightarrow k} \\ &\underbrace{p(\boldsymbol{\theta}_{k-1}, \mathbf{v}_{k-1}, \phi_{k-1}, \mathbf{X}_{k-1} | \bar{\mathbf{I}}_{k-1})}_{\text{A posteriori } (k-1)} d\boldsymbol{\theta}_{k-1} d\mathbf{v}_{k-1} d\phi_{k-1} d\mathbf{X}_{k-1} \end{aligned} \quad (2.30)$$

L'équation (2.30) mérite quelques commentaires intéressants :

- Maximiser le terme de transition mis en évidence dans l'intégrande revient à choisir la déformation qui maximise notamment la probabilité $p(\mathbf{v}_k | \mathbf{v}_{k-1}, \hat{\mathbf{v}}, \phi_k)$, soit $\mathbf{v}_k = \alpha \hat{\mathbf{v}}(\phi_k) + (1 - \alpha) \mathbf{v}_{k-1}$ (voir Eq. (2.6) page 77, le raisonnement est identique pour les deux autres probabilités dans ce terme de transition). Cela signifie que le terme intégral assure une **cohérence spatio-temporelle** en poussant à choisir une solution proche de «ce qui était prévu» par le modèle.
- Par ailleurs, la maximisation du terme de **vraisemblance** $p(\mathbf{I}_k | \mathbf{X}_k)$ se fait indépendamment de tout modèle, et évalue simplement la *distance* entre l'image du recalage projeté, et l'image angiographique observée. C'est un terme *partial* qui pousse à choisir la solution qui correspond le mieux à l'évidence observée.

Toutefois, l'équation (2.30) est inexploitable telle quelle, notamment à cause du changement de système de coordonnées intervenant dans le terme de déformation, et à cause de la fonction de similarité, qui imbrique la projection perspective, la transformation de distance et la mesure de similarité. Afin de maximiser cette quantité, nous avons recours à une technique d'optimisation probabiliste appelée **filtrage particulaire**.

2.5.2 Filtre de particules

Le filtre de particules est une méthode d'optimisation probabiliste appartenant à la catégorie des méthodes séquentielles de Monte-Carlo (MCMC). Ces méthodes sont communément utilisées pour évaluer des densités de probabilité (comme l'intégrale de la formule (2.30)) en adoptant une approche par échantillonnage. Cela revient à assimiler l'opération d'intégration à une sommation «suffisamment dense» (approche mathématique classique en approximation numérique). Le filtrage particulaire est un processus itératif comprenant trois étapes principales répétées séquentiellement, que nous nommerons **génération**, **évaluation** et **rééchantillonnage**.

Pour décrire formellement son fonctionnement, plaçons nous à l'itération i , et supposons l'existence d'une population de n échantillons $(\mathbf{e}_{i,1}, \mathbf{e}_{i,2}, \dots, \mathbf{e}_{i,n})$, aussi appelés **particules**. Dans notre cas, chacune de ces particules est un vecteur de paramètres de déformation, et nous avons donc une population de lignes centrales 3D déformées ainsi qu'une population de projections angiographiques simulées correspondantes.

L'étape d'**évaluation** consiste à attribuer un *score* à chacun de ces échantillons, correspondant à la valeur de vraisemblance calculée sur les données observées. Dans notre cas, la vraisemblance est évaluée grâce à une mesure de *similarité* entre les projections angiographiques simulées, et l'image segmentée de la séquence angiographique courante (voir Fig. 2.1 et §2.3). À la fin de cette étape, nous avons donc un ensemble de n couples échantillon/score $\left\{(\mathbf{e}_{i,k}, s_k)\right\}_{k=1}^n$.

S'en suit l'étape de **rééchantillonnage**, qui a pour objectif de sélectionner les meilleurs éléments de la population à l'itération courante, en fonction des scores obtenus à l'étape d'évaluation. Cette population sélectionnée sera ensuite utilisée pour *régénérer* une nouvelle population

d'échantillons à l'itération suivante. Cette étape assure non seulement une évolution cohérente du système dans le temps, mais permet également de *propager* aux instants futurs l'information acquise par les recalages passés ; on parle d'**apprentissage** stochastique.

La sélection en question consiste en une série de n tirages aléatoires dans la population $(\mathbf{e}_{i,k})_{k=1}^n$, tels que la probabilité à chaque tirage que l'échantillon k soit sélectionné vale :

$$p(\mathbf{e}_{i,k}) = \frac{s_k}{\sum_{j=1}^n s_j}$$

Autrement dit, la probabilité de sélectionner l'échantillon $\mathbf{e}_{i,k}$ est proportionnelle au score s_k qu'il aura obtenu à l'étape d'évaluation. Ce procédé porte le nom d'*échantillonnage avec rééchantillonnage par importance* (SIR) ; il s'agit du coeur de la méthode de filtrage particulière. Notez que rien n'interdit de sélectionner plusieurs fois le même échantillon.

Enfin, la *transition* à l'itération $(i + 1)$ se fait en **générant** une nouvelle population d'échantillons $(\mathbf{e}_{i+1,1}, \mathbf{e}_{i+1,2}, \dots, \mathbf{e}_{i+1,n})$ à partir de la population rééchantillonnée à l'étape précédente, et suivant les équations de transition au §2.4.3, pour estimer une nouvelle population de déformations possibles à l'instant k , en fonction des scores de similarité obtenus par la population de déformations à l'instant $(k - 1)$.

Sur le schéma Fig. 2.1 page 71, nous venons de décrire le bloc noir indiqué «Filtre de particules», ainsi que la boucle inférieure de traitement à laquelle il est relié. Les blocs auxiliaires indiqués «Rééchantillonnage» et «Regénération» correspondent respectivement aux étapes de *rééchantillonnage SIR* et de *regénération*.

Récapitulons le fonctionnement du filtrage particulière pour notre application :

Initialisation : Nous nous plaçons à l'instant t_0 tel que $\hat{\phi}(t_0) = \hat{\phi}_0$. On suppose que les gabarits de paramètres $(\tau^i)_{i=1}^{12} = \tau$ ont été préalablement configurés, et qu'un recalage a déjà effectué à l'instant t_0 (qu'il ait été calculé à l'aide de notre méthode ou par d'autres techniques de recalage). On note θ_0 les paramètres de déformation correspondants à ce recalage initial.

Première population : Pour générer la première population, on considère que la *confiance au gabarit* α est égale à 1 ; en effet, nos particules n'ont pas de vélocité à l'instant initial, et il semble donc raisonnable d'utiliser le gabarit pour leur en donner une. Nous utilisons ensuite l'équation (2.2) pour générer une population aléatoire de n phases $(\phi_{0,i})_{i=1}^n$, en effectuant n tirages aléatoires de loi $\mathcal{N}(\hat{\phi}_0, \sigma_\phi^2)$. Cette population de phase est utilisée dans l'équation (2.6) pour générer une population de n vélocités $(\mathbf{v}_{0,i})_{i=1}^n$ en effectuant n tirages aléatoires gaussiens multivariés (autant de variables que de paramètres de déformation) suivant une loi $\mathcal{N}(\hat{\mathbf{v}}(\phi_{0,i}), \Sigma_{\theta,0} + \hat{\mathbf{V}}_{0,i} \Sigma_\theta)_{i=1}^n$.

Évaluation : Les vélocités générées à l'étape précédente permettent de calculer n jeux de paramètres de déformation grâce à l'équation (2.5), soit $(\boldsymbol{\theta}_{1,i} = \boldsymbol{\theta}_0 + \mathbf{v}_{0,i})_{i=1}^n$. Il en résulte une population de n lignes centrales 3D déformées $(\mathbf{X}_{1,i})_{i=1}^n$, et les projections simulées correspondantes par application des fonctions \mathcal{D} et \mathcal{P} . Les scores associés sont calculés grâce à l'équation de *vraisemblance* (2.7) : $(s_i = \mathcal{S}(\mathbf{I}_1, \mathcal{P}(\mathbf{X}_{1,i})))_{i=1}^n$. À cette étape, nous sélectionnons la particule ayant obtenu le meilleur score de similarité comme la **solution de recalage** pour l'image correspondante.

Rééchantillonnage SIR : La sélection est effectuée comme expliquée plus haut, en assignant une probabilité de tirage à chaque particule $\boldsymbol{\theta}_{1,i}$ telle que $p(\boldsymbol{\theta}_{1,i}) = \frac{s_i}{\sum_{j=1}^n s_j}$. On note la sélection correspondante au moyen des indexes $(i_k)_{k=1}^n \in \llbracket 1, n \rrbracket^n$, de telle façon que la population sélectionnée soit notée $(\boldsymbol{\theta}_{1,i_k})_{k=1}^n$.

Génération : La génération d'une nouvelle population de vélocités $(\boldsymbol{\theta}_{1,i})_{i=1}^n$ pour la transition à l'itération suivante procède de façon similaire à la génération de la première population de particules expliquée plus haut. Une population de phase $(\phi_{1,i})_{i=1}^n$ est constituée par la réalisation de n tirages aléatoires de loi $\mathcal{N}(\hat{\phi}_1, \sigma_\phi^2)$. La nouvelle population de particules est alors calculée en propageant cette fois les vélocités à l'itération précédente, et en utilisant le coefficient de confiance au gabarit α . On procède par n tirages gaussiens multivariés suivant une loi $\mathcal{N}(\alpha \hat{\mathbf{v}}(\phi_{1,k}) + (1 - \alpha) \mathbf{v}_{0,i_k}, \Sigma_{\theta,0} + \hat{\mathbf{V}}_{1,k} \Sigma_\theta)_{k=1}^n$.

Ceci achève la présentation de notre méthode stochastique de compensation du mouvement. Nous avons décrit le fonctionnement de chacun des blocs du schéma Fig. 2.1 page 71, que nous vous invitons à réviser pour apprécier de manière globale l'ensemble des méthodes et modèles présentés dans les sections précédentes. Nous présentons ci-après la méthodologie adoptée pour l'évaluation de notre technique de compensation.

2.6 Évaluation du modèle proposé

Dans notre étude, l'évaluation proposée sera scindée en deux parties. Notre premier objectif sera d'évaluer la **validité théorique** de notre approche pour le problème de compensation du mouvement 3D à partir d'une séquence monoculaire. Cette évaluation consistera en une batterie de simulations au moyen de données synthétiques basées sur des modèles 3D réels de la ligne centrale, lesquels sont supposés segmentés à partir d'examens volumétriques CT pré-opératoires. Ceci revient à supposer dans un premier temps la validité du modèle de déformation (on suppose qu'il décrit parfaitement la déformation cardiaque), et une segmentation parfaite des images angiographiques.

Dans un second temps, nous évaluerons la **validité clinique** de notre méthode de compensation, au moyen de *données entièrement réelles*. Celles-ci comporteront comme précédemment une segmentation 3D de la ligne centrale coronaire sur un examen volumétrique CT pré-opératoire, et une séquence angiographique du même patient, segmentée à l'aide du filtre vasculaire de Frangi et al. [1998] et soumise à un algorithme d'amincissement topologique afin d'extraire une séquence de projections binaires de la ligne centrale en 2D.

Ces deux évaluations reposeront sur l'estimation de *critères quantitatifs* de qualité, que nous décrivons dans les sections ci-après.

2.6.1 Erreurs évaluées

Les méthodes de compensation du mouvement des artères coronaires en imagerie médicale sont particulièrement difficiles à évaluer car les résultats obtenus ne peuvent être que rarement comparés à un mouvement effectivement mesuré. En effet, peu d'examens médicaux (4DCT par exemple) permettent d'imager en 3D les artères coronaires en mouvement (les techniques d'IRM ne permettent pas, à notre connaissance, de reconstruire le mouvement coronaire en 4D). Par ailleurs, de tels examens sont rares, et donc peu disponibles, car ils sont relativement dangereux pour le patient (irradiation accrue à cause de la durée de l'examen, et augmentation de la dose de perfusion de l'agent de contraste iodé). L'utilisation de simulations est donc indispensable pour ce type de méthode, et l'évaluation sur données réelles doit se baser sur des critères pertinents et aussi robustes que possible.

2.6.1.1 Erreur cible-à-objet (TRE)

L'*erreur cible-à-objet* caractérise la distance entre l'objectif visé et le résultat atteint. Dans le cas de simulations, par exemple, nous pourrions mesurer concrètement la distance entre la ligne centrale 3D déformée que nous tentons d'estimer à partir d'une projection, et la ligne centrale 3D déformée obtenue par application de la transformation estimée à cet instant. On parlera d'erreur TRE 3D.

Avec les notations précédentes, nous aurons donc à l'instant t_k :

$$\text{TRE}_{3D}(\mathbf{X}_k, \hat{\mathbf{X}}_k) = \|\mathbf{X}_k - \hat{\mathbf{X}}_k\|_F = \sqrt{\text{Tr} \left((\mathbf{X}_k - \hat{\mathbf{X}}_k)(\mathbf{X}_k - \hat{\mathbf{X}}_k)^t \right)} \quad (2.31)$$

Dans notre cas, nous pourrions également décliner la mesure d'erreur TRE *dans le plan de projection* (que nous noterons TRE 2D) ; cette mesure reflètera de manière plus fidèle les performances de notre méthode en termes de *maximisation de la similarité 2D*, l'erreur en profondeur étant inévitablement causée par l'ambiguïté intrinsèque du problème de compensation 3D à partir d'une seule projection.

2.6.1.2 Erreur systématique et distorsion statistique

Les mesures d'erreur en sciences sont très souvent accompagnées d'analyses statistiques rudimentaires, qui présentent les indices de moyenne, écart-type, quantiles, *etc.* On distingue en particulier l'*erreur systématique* (moyenne), et la *distorsion statistique* (écart-type).

Une représentation graphique compacte est généralement employée pour représenter ce type de résultats ; il s'agit des **diagrammes en boîte** (aussi appelés, plus sobrement, *boîtes à moustaches*).

Le fonctionnement de ces diagrammes est illustré Fig. 2.12 : les limites de la boîte principale indiquent le premier quartile (Q_1), la médiane (M) et le troisième quartile (Q_3). Les deux autres extrémités représentent $Q_1 - 1.5(Q_3 - Q_1)$ (ou la plus petite observation si elle est plus grande que cette quantité), et symétriquement, $Q_3 + 1.5(Q_3 - Q_1)$ (ou la plus grande observation si elle est plus petite que cette quantité).

2.6.2 Processus de simulation

Comme annoncé en introduction de la section §2.6, les simulations seront réalisées au moyen de données 3D réelles, et de projections angiographiques simulées. Le processus de simulation consiste donc dans un premier temps à générer une séquence de déformation réaliste, à déformer la ligne centrale 3D en conséquence, puis à projeter la structure déformée à chaque instant pour obtenir une séquence d'images binaires. L'algorithme de compensation sera ensuite lancé sur cette séquence avec une connaissance *a priori*, que nous altérerons pour évaluer sa résistance.

Plusieurs points restent à préciser quant à l'implémentation pratique d'un tel processus. Ci-dessous, nous décrivons comment sont générées les séquences de déformation utilisées pour les simulations, ainsi que les paramètres qui définissent ces dernières.

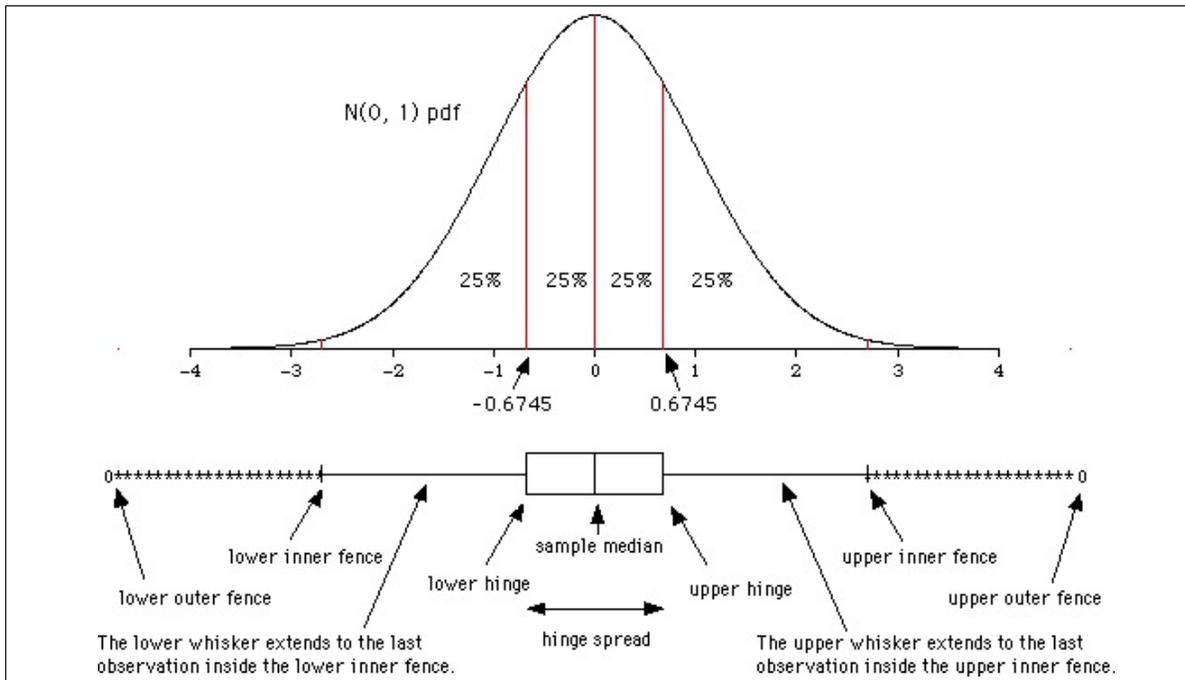


Figure 2.12 - Représentation graphique de résultats statistiques sous forme de diagramme en boîte

Tiré de www.math.mcmaster.ca/peter/s2ma3/Images/norm_quart.gif avec l'autorisation du Pr. Peter D.M. Macdonald (Université McMaster).

2.6.2.1 Séquence de déformation

Lors de notre implémentation, nous avons porté une attention particulière au **découplage** des différents composants d'une simulation, afin de permettre une *modularité accrue*, et un *meilleur contrôle* du programme. Une séquence de déformation repose sur la définition des composants suivants :

Ligne centrale – Il s'agit bien entendu d'un composant essentiel. La ligne centrale est chargée sous forme d'une liste de coordonnées 3D et de rayons artériels correspondants, segment par segment. Ces points correspondent à une segmentation effectuée préalablement sur un examen volumétrique CT. Le rayon des artères est une information qui n'est présentement pas utilisée dans notre modélisation mais qui pourrait facilement être incluse (en évitant l'étape d'amin-cissement sur les séquence angiographique, et en modifiant le modèle de projection comme dans Chan et al. [2004] par exemple).

Phase – La phase peut être définie manuellement, ou extraite d’une séquence angiographique par la méthode présentée §2.4.3.1. Pour nos simulations, nous avons opté pour cette seconde option : les phases cardiaques et respiratoires ont été extraites d’une séquence angiographique biplane acquise à 15Hz par plan de projection (30Hz alterné). L’estimation correspondante contient quatre cycles cardiaques complets et un cycle respiratoire.

Fonctions de gabarit – Les fonctions de gabarit peuvent provenir d’un apprentissage préalable. Elles peuvent également être déterminées manuellement, indépendamment pour les mouvements *cardiaque rigide*, *respiratoire rigide*, et *cardiaque non-rigide*. Lors de nos tests, nous n’avons pas inclus de mouvement respiratoire, mais nous précisons que l’implémentation le permet. Lors des simulations, et en l’absence de données apprises, les fonctions de gabarit pour les mouvements cardiaques rigide et non-rigide ont été assignées à la fonction présentée §2.4.3.2.

Paramètres du gabarit – Lorsque les gabarits ont été appris au préalable, cette étape est obsolète. Lorsque ce n’est pas le cas, les paramètres de gabarit doivent être précisés pour chaque paramètre de déformation. Ces paramètres dépendent bien entendu du modèle de déformation considéré. Dans notre cas, il s’agit du modèle planisphérique (voir §2.4.1) pour le mouvement non-rigide, et du modèle rigide (voir §2.4.2) pour le mouvement rigide.

Projecteur – Le projecteur suit le modèle du sténopé présenté au §1.3.2.2. La résolution des images générées a été configurée à 512×512 pixels, et la perspective est déterminée dynamiquement pour que la ligne centrale 3D non-déformée occupe au maximum 80% de l’image binaire une fois projetée. L’orientation de la caméra est également calculée dynamiquement par un programme *optimisant l’angle de vue* pour que la structure projetée soit «la plus visible» possible (voir Annexe I).

2.6.2.2 Critère de similarité

Le processus de simulation requiert également une paramétrisation du critère de similarité utilisé pour guider l'optimisation. Comme décrit §2.3, ce critère est composé d'une *transformation de distance*, et d'une *mesure de similarité*.

Les paramètres du modèle de similarité sont donc, dans un premier temps, l'identification indépendante de la transformation de distance appliquée aux images de la séquence angiographique d'une part, et aux images simulées par le filtre de particules d'autre part, et dans un second temps, l'identification de la mesure de similarité utilisée. Lorsque la transformée de distance requiert la configuration de paramètres (voir §2.3.2.2), ceux-ci sont également inclus dans le modèle de similarité.

2.6.2.3 Perturbations envisagées

La connaissance *a priori* fournie au filtre de particules pendant les simulation correspond toujours exactement aux données du gabarit, que celles-ci aient été apprises ou configurées. Cependant, la séquence d'images générée à partir de ce gabarit peut être *altérée* avant la simulation, afin d'effectuer des tests de robustesse par exemple. Ces altérations sont spécifiées **indépendamment des paramètres du modèle**, et nous insistons donc sur le fait que les paramètres correspondants *ne font pas partie du modèle de compensation proposé* ; ils sont utilisés uniquement pour les simulations, afin de spécifier les caractéristiques de ces dernières.

Erreur de recalage initial – Une erreur de recalage initial peut être introduite, au moyen de *trois paramètres* : $\Sigma_{i,0}$, Σ_i et $\sigma_{i,\phi}$. Une telle perturbation causera un *mauvais alignement* entre la position initiale donnée au filtre de particules (voir §2.5.2), et la première image de la séquence angiographique :

- Le paramètre $\sigma_{i,\phi}$ est analogue au paramètre σ_ϕ du modèle de compensation : il modélise une *erreur de synchronisation initiale* portant sur la phase cardiaque. Nous aurons $\phi_i \sim \mathcal{N}(\hat{\phi}_i, \sigma_{i,\phi}^2)$.

- Les paramètres $(\Sigma_{i,0}, \Sigma_i)$ modélisent l'*erreur de recalage initial* a proprement parler, et sont analogues aux paramètres $(\Sigma_{\theta,0}, \Sigma_{\theta})$ du modèle de compensation à l'instant initial. Ce sont des matrices de covariance, supposées diagonales pour réduire le nombre de paramètres de simulation. Étant donné qu'à l'instant initial, les gabarits vitesse ne suffisent pas à définir les paramètres de déformation (il faut un point de référence), nous utilisons la fonction τ définie Eq. (2.28) page 100 pour définir les paramètres initiaux $\theta_i \sim \mathcal{N}(\tau(\phi_i), \Sigma_{i,0} + \hat{V}_i \Sigma_i)$, avec $\hat{V}_i = \text{diag}(|\hat{v}(\phi_i)|)$ (même notations qu'à l'Eq. (2.6) page 77).

Altération de la séquence de déformation – La séquence de déformation spécifiée par les gabarits \hat{v} peut être altérée lors de la création d'une séquence d'images à recaler, afin d'évaluer la robustesse de l'algorithme par rapport à sa connaissance *a priori* par exemple. En comparaison à la perturbation du recalage initial, celle-ci s'applique aux images ultérieures de la séquence, et nous définissons trois paramètres qui la contrôlent : $\Sigma_{d,0}$, Σ_d et $\sigma_{d,\phi}$. Les matrices de covariance $\Sigma_{d,0}$ et Σ_d sont également supposées diagonales. L'altération envisagée est appliquée aux gabarits de *vélocités*, et se traduit donc par un **bruit cumulatif** sur les paramètres de déformation :

$$\phi_{k-1} \sim \mathcal{N}(\hat{\phi}_{k-1}, \sigma_{d,\phi}^2) \quad \text{et} \quad \theta_k \sim \mathcal{N}(\theta_{k-1} + \hat{v}(\phi_{k-1}), \Sigma_{d,0} + \hat{V}_{k-1} \Sigma_d)$$

Le fait d'utiliser un bruit cumulatif rend l'altération potentiellement *très conséquente*, ce qui permettra d'évaluer la résistance de l'algorithme de compensation aux *dérives* de la structure suivie, auxquelles il est censé résister de par sa conception (voir §2.4.3).

Dégradation de la mesure de similarité – Enfin, on modélise le bruit qui perturbe la correspondance entre les images angiographiques et le modèle 3D provenant du CT-scan comme une incertitude sur la position des points de la ligne centrale déformée. Cette incertitude se traduit par des projections «floues» après transformation de distance, et affecte donc directement la mesure de similarité. La variance de cette incertitude est notée σ_x^2 . On a alors simplement $\mathbf{x}_{\text{bruité}} \sim \mathcal{N}(\mathbf{x}, \Sigma_x)$ pour chaque point de la ligne centrale, où $\Sigma_x = \sigma_x^2 I$.

2.6.2.4 Filtre de particules

Pour terminer, la définition d'une simulation implique bien entendu une configuration du *filtre de particules*. Conformément à ce qui a été présenté §2.5.2, on compte $3 + 2 \times 12 = 28$ paramètres au total, à savoir : le nombre de particules (N), la confiance au gabarit (α), la variance de synchronisation (σ_ϕ^2), la matrice de covariance statique ($\Sigma_{\theta,0}$), en enfin la matrice de covariance adaptative (Σ_θ).

2.6.2.5 Tableau de configuration

L'ensemble des paramètres de simulation sont regroupés de manière compacte sous forme d'un **tableau de configuration** donné Tab. 2.2. La troisième colonne de ce tableau 2.2 sera utilisée pour indiquer quel paramètre nous ferons varier pendant l'expérience. Par exemple, si nous effectuons un test en faisant varier le nombre de particules N du filtre de particules, nous indiquerons un signe « \checkmark » à la ligne correspondante.

La section «Perturbations» du tableau de configuration contient les paramètres de *simulation* ; comme mentionné au paragraphe §2.6.2.3 précédent, nous insistons une dernière fois sur le fait que ces paramètres *n'appartiennent pas* à notre modèle de compensation. Nous les présentons simplement de cette manière afin que les paramètres contrôlables lors des expériences puissent être spécifiées de manière indépendante, compacte, et sans ambiguïté. Notons que dans certaines simulations, ces paramètres pourront tout à fait être assignés aux mêmes valeurs que les paramètres du modèle : par exemple, la matrice diagonale $\Sigma_{d,0}$ sera égale à $\Sigma_{\theta,0}$ la plupart du temps (sauf au cours de la simulation §3.3).

2.6.3 Évaluation avec des données réelles

Le processus d'évaluation sur des données réelles nécessite moins de configuration que pour les simulations. En effet, seules les configurations du critère de similarité (voir §2.6.2.2) et du filtre de particules (voir §2.6.2.4) subsistent, soit les deux premiers compartiments du Tab. 2.2.

Concernant la configuration du système lors d'utilisations cliniques, les paramètres de similarité (DT_a, DT_s, S) ainsi que le nombre de particules N demeurent constants une fois fixés (les évaluations expérimentales du chapitre suivant permettent d'effectuer un choix éclairé pour ces paramètres). Pour une installation donnée, le paramètre σ_ϕ spécifiant l'écart-type de synchronisation en phase est également constant une fois fixé.

Dans le cas où les gabarits de paramètres seraient appris au préalable sur un nombre conséquent de séquences, la matrice $\Sigma_{\theta,0}$ pourra être déterminée expérimentalement à partir de cet apprentissage, et seuls les paramètres α et Σ_θ devront être spécifiés à chaque utilisation, dépendamment du comportement souhaité lors de l'optimisation. Enfin si les gabarits ne sont pas appris, mais configurés à l'aide de fonctions comme suggéré au §2.4.3.2.2, les paramètres de gabarit pour chaque paramètre de déformation, ainsi que la matrice $\Sigma_{\theta,0}$ s'ajouteront à la configuration requise du système avant toute compensation.

Tableau 2.2
Tableau de configuration de simulation

Similarité	DT_a	DT appliquée à l'image angiographique
	DT_s	DT appliquée à l'angiographie simulée
	S	Métrique de similarité
Filtre de Particules	N	Nombre de particules
	$\Sigma_{\theta,0}$	Matrice de covariance statique des paramètres
	Σ_{θ}	Matrice de covariance adaptative des paramètres
	σ_{ϕ}	Écart-type de synchronisation
	α	Confiance au gabarit
Perturbations	$\Sigma_{i,0}$	Matrice de covariance statique de recalage initial
	Σ_i	Matrice de covariance adaptative de recalage initial
	$\sigma_{i,\phi}$	Écart-type de synchronisation initiale
	$\Sigma_{d,0}$	Matrice de covariance statique d'altération cumulative
	Σ_d	Matrice de covariance adaptative d'altération cumulative
	$\sigma_{d,\phi}$	Écart-type de synchronisation
	σ_x	Écart-type des positions 3D

CHAPITRE 3

RÉSULTATS ET DISCUSSIONS

Dans ce chapitre, nous décrivons l'ensemble des tests effectués pour l'évaluation de notre méthode stochastique de compensation du mouvement. Nous décrivons dans une première section l'ensemble des données utilisées pour ces tests. La seconde section vise à évaluer les performances de recalage 3D/2D permises par les différentes mesures de similarité présentées au §2.3. Cette évaluation nous permet de sélectionner le meilleur couple (métrique de similarité, transformation de distance) pour la suite des tests.

Dans la troisième section, nous étudions l'influence des *paramètres intrinsèques* du modèle (confiance au gabarit ou nombre de particules, par exemple, voir le second compartiment du tableau de configuration 2.2) sur la qualité du recalage final. Cette évaluation nous permet de caractériser quantitativement le fonctionnement interne de notre méthode de compensation, et de mieux comprendre le rôle de chaque paramètre.

L'influence de facteurs externes (qualité du recalage initial ou topologie 3D de la ligne centrale par exemple) sur les performances de recalage est ensuite évaluée dans la quatrième section, et conclut l'évaluation de la *robustesse théorique* de notre méthode de compensation.

Enfin, la méthode de compensation de mouvement est validée sur une séquence angiographique réelle, et les résultats obtenus sont discutés.

Tous les tests sont menés conformément à la méthodologie d'évaluation présentée au §2.6 du chapitre précédent, et en particulier, les paramètres de simulation sont regroupés dans des tables de configuration semblables à la table 2.2.

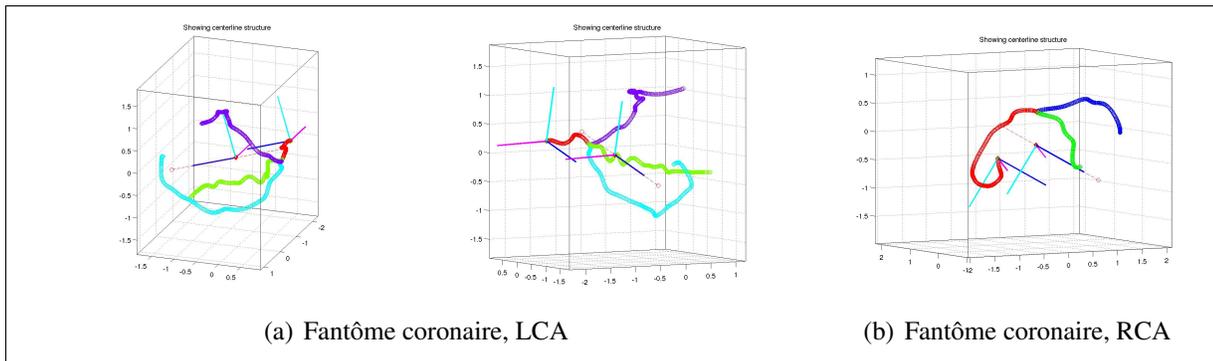


Figure 3.1 - Fantôme vasculaire utilisé pour les tests

3.1 Données de tests

Les données utilisées pour les tests sont constituées d'un **fantôme cardiaque**, de **cinq lignes centrales coronaires** segmentées sur des examens CT «réels», et de **séquences angiographiques biplanes** dont certaines sont associées aux lignes centrales 3D. Nous décrivons chacune de ces données ci-dessous.

3.1.1 Fantôme vasculaire

Le fantôme vasculaire utilisé pour les tests est composé d'arborescences coronaires gauches (LCA, Fig. 3.1(a)) et droites (RCA, Fig. 3.1(b)), dans lesquelles chaque segment est défini par la position de points de contrôles en 3D.

Ces structures sont représentées indépendamment Fig. 3.1. Pour une meilleure visualisation, les points de contrôle des différents segments ont été interpolés puis rééchantillonnés afin d'augmenter la densité des points décrivant l'arbre coronaire. L'arbre coronaire gauche y figure sous deux angles de vue différents, et chaque segment est représenté d'une couleur différente.

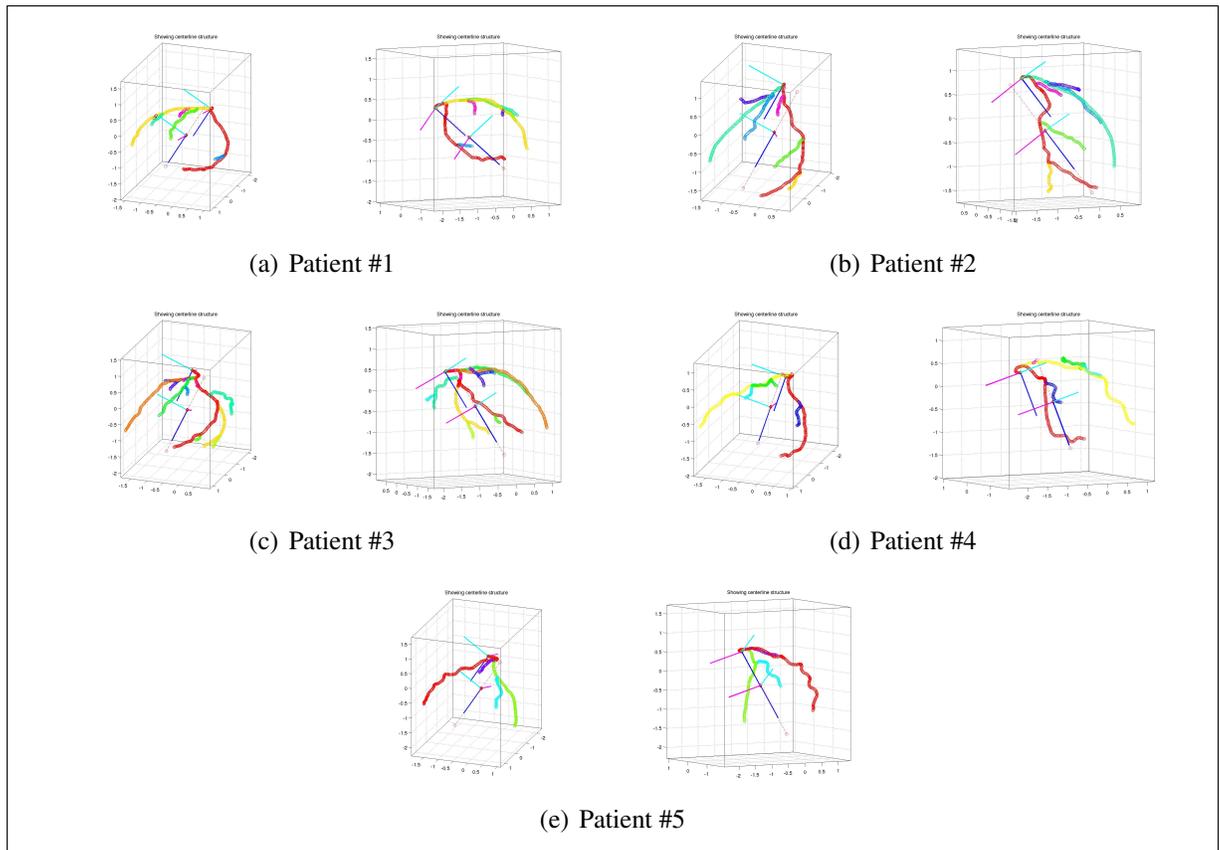


Figure 3.2 - Lignes centrales extraites des segmentations de cinq examens CT de patients atteints de cardiopathies coronariennes

3.1.2 Données MSCT segmentées

Les cinq lignes centrales 3D extraites des segmentations d'examens CT réels sont illustrées Fig. 3.2. Chaque arbre coronaire est présenté sous deux angles de vue différents pour permettre une meilleure visualisation des données. Chaque ligne centrale est décrite segment par segment, comme précédemment, par des points de contrôle donnés en trois dimensions. Nous avons également augmenté artificiellement la densité des points sur la Figure 3.2.

Les rayons artériels associés à chaque point de contrôle sont fournis dans les données, mais n'ont pas été utilisés dans la formulation de notre méthode de compensation. Un exemple d'illustration avec l'information artérielle est donné Fig. 3.3.

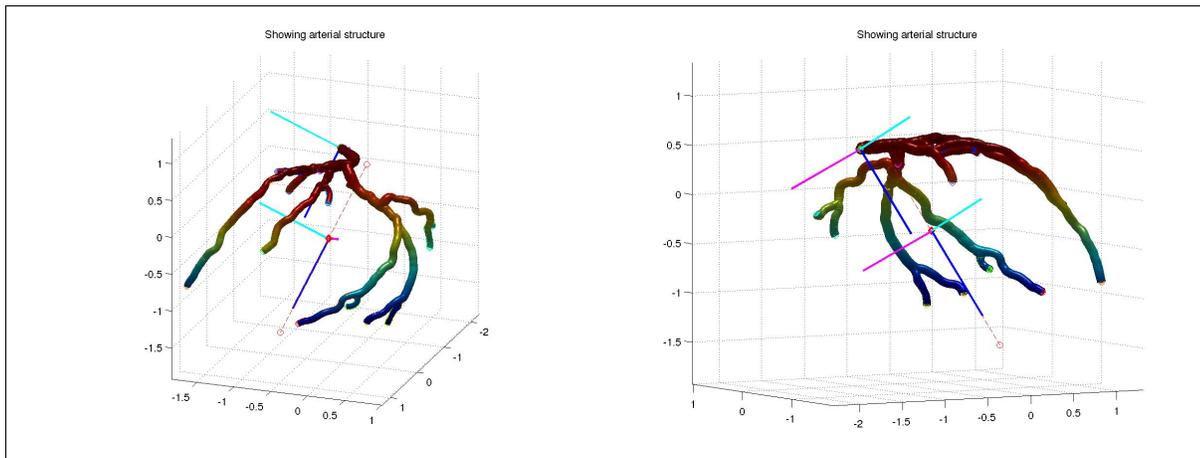


Figure 3.3 - Exemple de ligne centrale 3D réelle avec information de rayon artériel

3.1.3 Angiographies segmentées

Nous disposons de cinq séquences angiographiques biplanes associées aux cinq patients pour lesquels nous possédons un modèle 3D de ligne centrale. Ces séquences sont relativement courtes ; elles sont acquises sur l'équivalent d'un demi-cycle cardiaque pour certaines, ou sur un cycle complet pour d'autres.

Une séquence angiographique biplane plus longue est également disponible, et comporte quatre cycles cardiaques complets ainsi qu'un cycle respiratoire. C'est sur cette séquence que les tests d'estimation de la phase cardiaque (voir Fig. 2.10) ont été menés.

Ces séquences ont été traitées, conformément aux hypothèses posées au §2.1.1, au moyen du filtre vasculaire de Frangi et al. [1998], puis binarisées et amincies de manière à obtenir les résultats présentés Fig. 3.4.

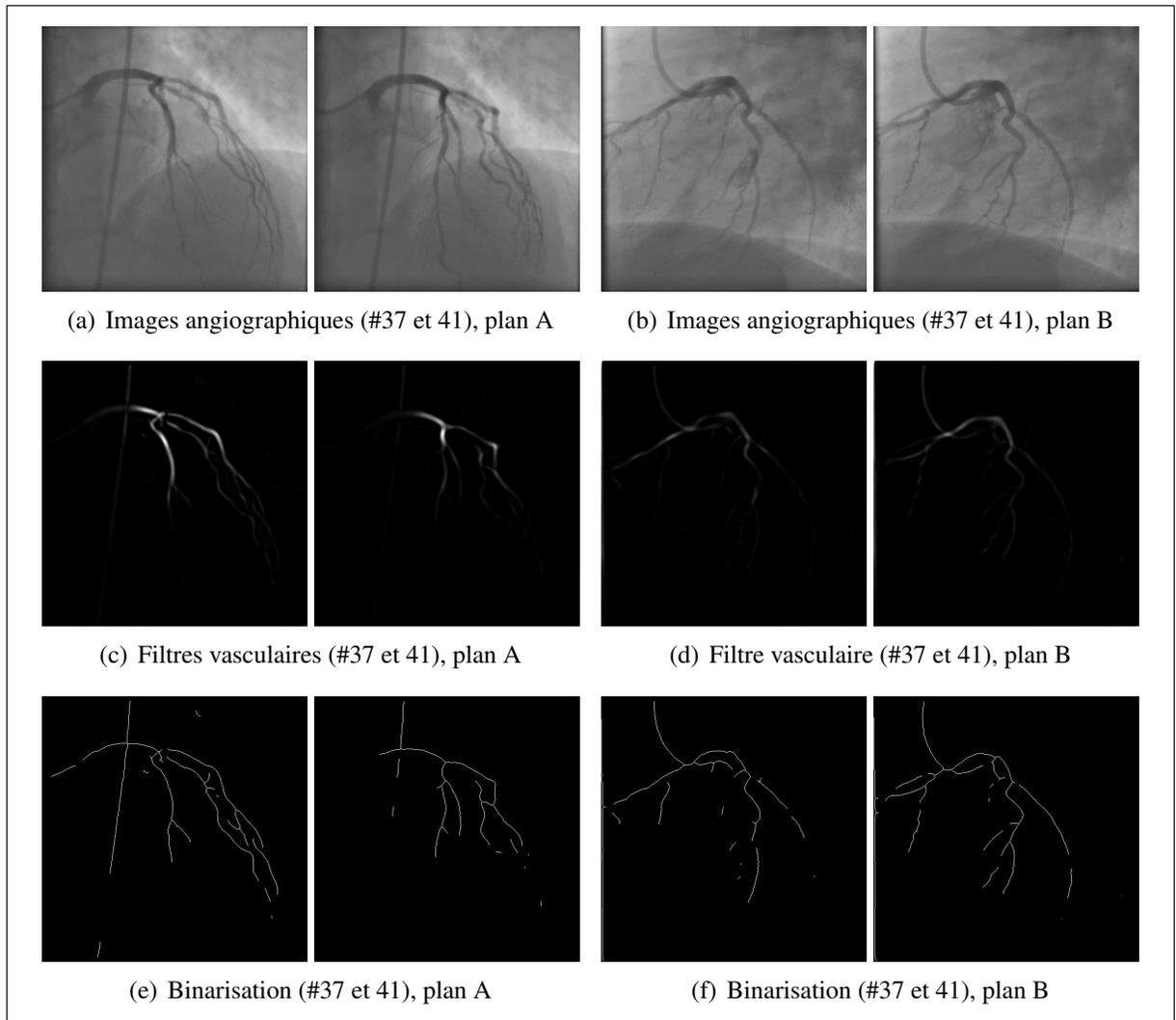


Figure 3.4 - Images angiographiques segmentées

3.2 Définition de gabarits de paramètres

En l'absence de modèle 3D de la ligne centrale déformée au cours d'un battement cardiaque – acquis par modalité 4D (4DCT par exemple) ou encore reconstruit à partir de séquences angiographiques comme présenté dans Shechter et al. [2003] – nous avons généré des *mouvements cardiaques factices*, en nous basant sur les mesures présentées au §1.2.3 page 17, et sur l'observation des séquences générées. Après l'observation d'un mouvement pertinent au regard de ces critères, les lignes centrales 3D ont été *normalisées* de manière à ce que leur *rayon sphérique moyen* $\bar{\rho}$ (défini à partir du barycentre de chaque structure) soit unitaire.

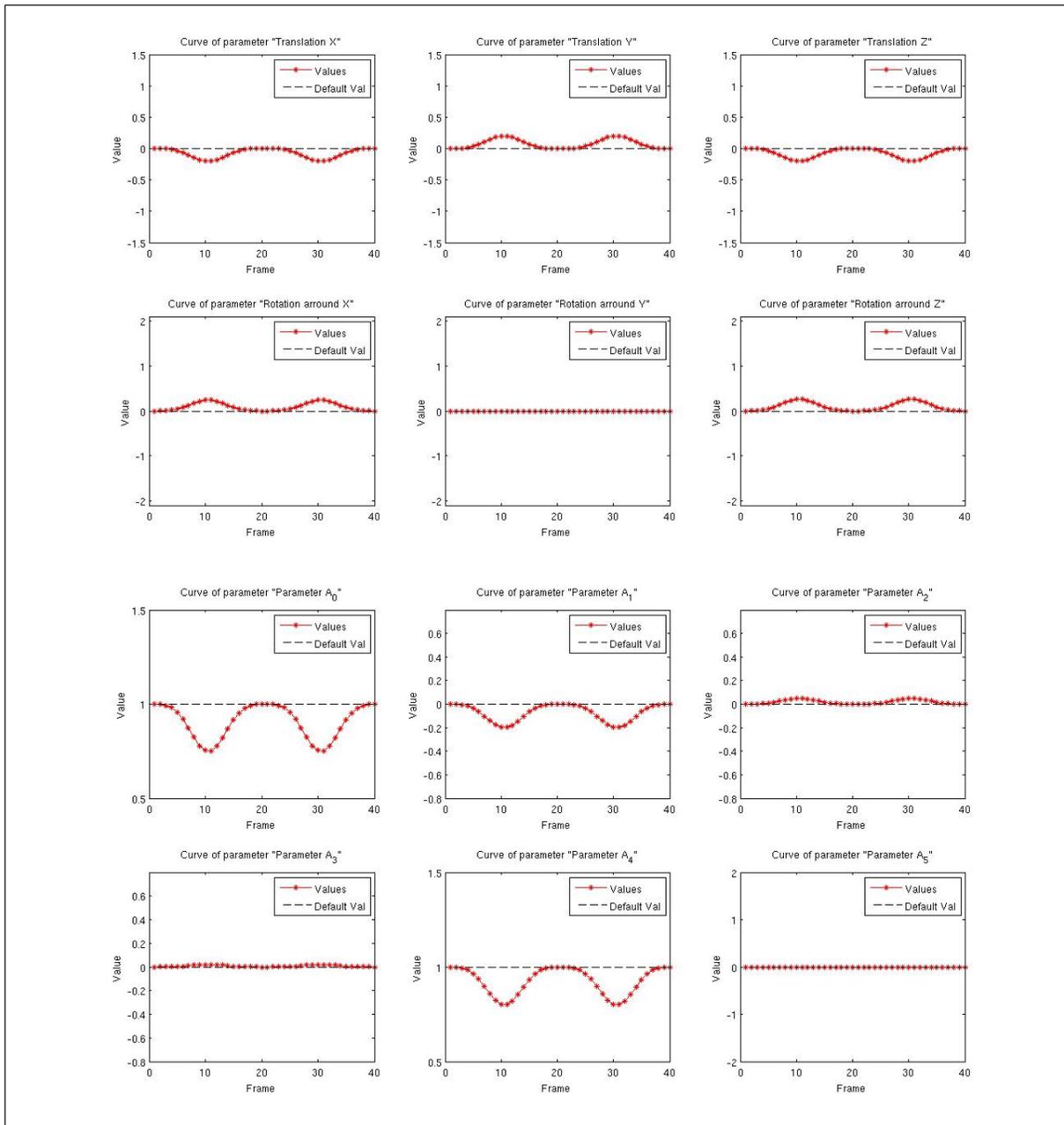


Figure 3.5 - Exemple de spécification des paramètres de déformation pour la création d'un mouvement cardiaque factice

Les six premiers graphiques correspondent aux translations et rotations globales du modèle de mouvement. Les six derniers correspondent aux paramètres non-rigides de déformation planisphérique.

Les angles de vue optimaux ont ensuite été déterminés automatiquement pour chaque structure à l'aide de la méthode décrite à l'Annexe I. Deux cycles cardiaques ont enfin été extraits de l'estimation de phase réalisée sur la séquence angiographique longue (voir Fig. 2.10 page 97).

Les fonctions de gabarit n'ayant pas pu être apprises à partir de mouvements 4D existants, nous avons utilisé la fonction τ définie à l'équation (2.28) pour d'écrire l'évolution des différents paramètres de déformation au cours du cycle cardiaque. Ceux-ci sont composés de paramètres rigides $[t_x, t_y, t_z, r_x, r_y, r_z]$ et non-rigides $[a_0, a_1, a_2, a_3, a_4, a_5]$, et les fonctions de gabarit correspondantes ont toutes été configurées avec $\mu = \pi$ et $\delta = \pi/15$ (voir Fig. 2.11) afin de simplifier la génération de mouvements, les seuls paramètres restants à spécifier étant les valeurs minimales et maximales de chaque paramètre de déformation.

Un exemple de spécification des paramètres de déformation est donné Fig. 3.5. Sur cette figure, les paramètres de translation ont été remis à l'échelle lors de la normalisation des lignes centrales. Par ailleurs, afin de modéliser de manière réaliste la variance des différents paramètres de déformation d'une part, et de simplifier la définition des matrices de covariance du modèle $(\Sigma_{\theta,0}, \Sigma_{\theta})$ et de nos simulations $(\Sigma_{i,0}, \Sigma_i, \Sigma_{d,0}, \Sigma_d)$ d'autre part, nous avons défini la fonction suivante :

$$\Sigma(x) = x^2 \times \text{diag}([12^2, 12^2, 12^2, 1, 1, 1, 10^2, 10^2, 3^2, 4^2, 6^2, 0]) \quad (3.1)$$

Cette matrice de covariance pondère les «variations relatives» considérées pour les 12 paramètres de déformation (dans l'ordre translations, rotations, paramètres planisphériques). On lit par exemple que les variations des paramètres de translation sont potentiellement plus importantes que celles du facteur d'échelle a_4 . Notez que la définition de Σ est qualitative et a été déterminée manuellement à la lumière des expériences de déformation. L'objectif vise uniquement à simplifier l'expression des variances envisagées lors des simulations de manière réaliste. On notera par exemple $\Sigma_{d,0} = \Sigma(10^{-3})$ pour indiquer de façon compacte, et pour tous les paramètres de déformation, la matrice de covariance de l'altération cumulative des gabarits de vitesses lors de la génération d'une séquence de mouvement.

3.3 Évaluation des critères de similarité

L'évaluation des critères de similarité vise à choisir une métrique ainsi qu'une transformation de distance pour la suite des expériences. Nous utilisons pour ce faire la ligne centrale 3D correspondant au patient #3 (voir Figures 3.3 et 3.2(c)), et un gabarit de mouvement cardiaque généré au moyen de la procédure décrite précédemment.

3.3.1 Mesures considérées

Les paramètres des simulations pour cette évaluation sont regroupés dans le tableau de configuration 3.1. Ce tableau indique que nous faisons ici varier les métriques de similarité, les transformations de distance, et les perturbations sur la séquence de mouvement générée, les autres paramètres de simulation étant fixés à des valeurs arbitraires, mais qualitativement raisonnables.

L'approche proposée pour cette évaluation consiste à exécuter l'algorithme de compensation avec l'ensemble des critères de similarité, indépendamment sur plusieurs séquences de mouvement afin de limiter les *effets de chance* (notre méthode est essentiellement aléatoire).

Ainsi, pour chaque valeur de $\Sigma_{d,0}$, nous générons *cinq mouvements* perturbés aléatoirement de la manière décrite dans la section 2.6.2.3, que nous projetons ensuite pour générer cinq séquences angiographiques binaires. Pour chacune de ces séquences, nous exécutons 24 fois l'algorithme de compensation, étant données les combinaisons suivantes :

- Trois métriques de similarité : cosinus (équation (2.9)), covariance normalisée (équation (2.10)), et corrélation entropique (équation (2.17)),
- Transformation de distance Euclidienne (\mathcal{E}) pour les images angiographiques, et transformation rationnelle (\mathcal{Q}_r) pour les images simulées, avec quatre valeurs de r .
- Transformation rationnelle (\mathcal{Q}_r) pour les images simulées et pour les images angiographiques, avec quatre valeurs de r .

Tableau 3.1
Paramètres de simulation pour l'évaluation des critères de similarité

Similarité	DT_a	✓	\mathcal{E} et Q_r avec $r \in [0.5, 0.75, 1, 1.25]$
	DT_s	✓	Q_r avec $r \in [0.5, 0.75, 1, 1.25]$
	S	✓	S_C, S_Γ, S_E
Filtre de Particules	N		200
	$\Sigma_{\theta,0}$		$\Sigma(10^{-4})$
	Σ_θ		$\mathbf{0}$
	σ_ϕ		0.1
	α		0.9
Perturbations	$\Sigma_{i,0}$		$\mathbf{0}$
	Σ_i		$\mathbf{0}$
	$\sigma_{i,\phi}$		0
	$\Sigma_{d,0}$	✓	$\Sigma(10^{-3}), \Sigma(2 \times 10^{-3}), \Sigma(5 \times 10^{-3})$
	Σ_d		$\mathbf{0}$
	$\sigma_{d,\phi}$.25
	σ_x		0

3.3.2 Résultats

Pour chacune des perturbations $\Sigma_{d,0}$, nous évaluons à chaque image des cinq mouvements générés, et pour chaque critère de similarité, l'erreur cible-à-objet $\|\mathbf{X}_k - \hat{\mathbf{X}}_k\|_F$, puis nous calculons l'erreur TRE moyenne $TRE_{moy,k}$, la variance de cette erreur $TRE_{var,k}$, et l'erreur TRE maximale $TRE_{max,k}$ sur l'ensemble des points de la ligne centrale.

Ces erreurs sont ensuite moyennées sur les cinq mouvements générés par valeur de $\Sigma_{d,0}$, puis sur toutes les valeurs de $\Sigma_{d,0}$, puis sur toutes les images de la séquence. On obtient trois indices d'erreur TRE_{moy} , TRE_{var} et TRE_{max} pour chaque critère de similarité.

Tableau 3.2

Classement des critères de similarité suivant trois critères d'erreur normalisés

Rang	Métrique	DT_a	DT_s	TRE_{moy}	TRE_{max}	TRE_{var}
1	S_C	$Q_{0.5}$	$Q_{0.5}$	0.42355	0.48858	0.50751
2	S_E	Q_1	Q_1	0.43526	0.50554	0.55223
3	S_Γ	Q_1	Q_1	0.43663	0.52348	0.57753
4	S_C	$Q_{1.25}$	$Q_{1.25}$	0.44482	0.53033	0.59049
5	S_Γ	$Q_{0.75}$	$Q_{0.75}$	0.44570	0.53176	0.58981
6	S_C	Q_1	Q_1	0.45166	0.54276	0.60206
7	S_E	$Q_{0.5}$	$Q_{0.5}$	0.45780	0.51687	0.55856
8	S_E	$Q_{1.25}$	$Q_{1.25}$	0.46024	0.52722	0.57214
9	S_Γ	$Q_{1.25}$	$Q_{1.25}$	0.46145	0.55590	0.61960
10	S_E	\mathcal{E}	Q_1	0.46186	0.52173	0.56073
11	S_E	\mathcal{E}	$Q_{0.75}$	0.46253	0.53334	0.58294
12	S_E	$Q_{0.75}$	$Q_{0.75}$	0.46412	0.54246	0.60371
13	S_Γ	$Q_{0.5}$	$Q_{0.5}$	0.46461	0.55421	0.62044
14	S_E	\mathcal{E}	$Q_{1.25}$	0.48144	0.54370	0.53445
15	S_E	\mathcal{E}	$Q_{0.5}$	0.48558	0.53388	0.54157
16	S_C	$Q_{0.75}$	$Q_{0.75}$	0.48740	0.57662	0.62325
17	S_Γ	\mathcal{E}	$Q_{0.5}$	0.68566	0.75027	0.78761
18	S_C	\mathcal{E}	$Q_{0.5}$	0.73103	0.80179	0.87108
19	S_Γ	\mathcal{E}	Q_1	0.81195	0.86756	0.91708
20	S_Γ	\mathcal{E}	$Q_{0.75}$	0.81216	0.85588	0.82992
21	S_Γ	\mathcal{E}	$Q_{1.25}$	0.81800	0.84758	0.82840
22	S_C	\mathcal{E}	$Q_{0.75}$	0.88956	0.92586	0.93668
23	S_C	\mathcal{E}	Q_1	0.93699	0.97289	1.00000
24	S_C	\mathcal{E}	$Q_{1.25}$	1.00000	1.00000	0.96865

Le classement des différents critères de similarité se fait suivant les valeurs de TRE_{moy} , puis suivant celles de TRE_{max} , puis suivant celles de TRE_{var} . Le classement final est présenté Tab. 3.2, les trois critères d'erreur ont été normalisés colonne par colonne.

On remarque qu'à peu d'exceptions près, le classement des différentes métriques pour chacune des quantités TRE_{moy} , TRE_{var} et TRE_{max} est identique à son classement final. On remarque également que les paramètres du modèle de similarité influent énormément sur la précision du recalage (diminution de plus de 50% d'erreur entre la première et la dernière ligne). Pour la suite des tests, **nous sélectionnons la métrique de similarité cosinus, et la transformation de distance $Q_{0.5}$** , qui correspond à la combinaison ayant obtenu les meilleurs résultats suivant tous nos critères d'erreur.

3.4 Comportement de la méthode de compensation

Cette section vise à déterminer l'influence des *paramètres intrinsèques* du modèle de compensation stochastique sur la qualité du recalage. Les paramètres intrinsèques correspondent *stricto sensu* aux deux premiers compartiments des tables de configuration ; la section précédente nous ayant permis de sélectionner des paramètres de similarité, nous nous intéressons ici aux *paramètres du filtre de particules*. Le procédé de simulation envisagé pour cette évaluation est spécifié Tab. 3.3. Nous utilisons également le patient #3 (voir Fig. 3.2(c)) pour ces tests.

3.4.1 Procédé d'évaluation

Conformément à la table 3.3, les variations considérées pour cette évaluation concernent le nombre de particules (N), la covariance statique des paramètres ($\Sigma_{\theta,0}$) et la confiance aux gabarits (α). Ces variations seront étudiées sous l'influence de perturbations par **déviation cumulative** ($\Sigma_{d,0}$) ou par **désynchronisation** ($\sigma_{d,\phi}$)¹.

Dans un premier temps, une séquence de mouvement est générée pour chaque couple de perturbation considéré ($\Sigma_{d,0}, \sigma_{d,\phi}$). Nous obtenons donc douze séquences de déformation, que nous projetons pour obtenir *douze séquences angiographiques* à traiter.

1. Notez que dans notre implémentation, les désynchronisations sont exprimées en *unités d'images* (homogènes au temps), et non en unités de phase (cela serait conceptuellement incorrect). Pour conserver une cohérence avec les résultats présentés, nous avons conservé cette représentation dans les tables de configuration. Les facteurs concernés sont σ_ϕ , $\sigma_{i,\phi}$ et $\sigma_{d,\phi}$.

Tableau 3.3

Paramètres de simulation pour l'évaluation de l'influence des paramètres de la méthode

Similarité	DT_a		Q_r avec $r = 0.5$
	DT_s		Q_r avec $r = 0.5$
	S		S_C
Filtre de Particules	N	✓	[20, 40, 60, 80, 100, 300, 600, 1000, 1500, 2000, 3000]
	$\Sigma_{\theta,0}$	✓	$\Sigma(5 \times 10^{-4}), \Sigma(10^{-3}), \Sigma(5 \times 10^{-3})$
	Σ_{θ}		$\mathbf{0}$
	σ_{ϕ}	✓	[0, 0.3, 1, 1.5]
	α	✓	[0, 0.2, 0.4, 0.6, 0.8, 1]
Perturbations	$\Sigma_{i,0}$		$\mathbf{0}$
	Σ_i		$\mathbf{0}$
	$\sigma_{i,\phi}$		0
	$\Sigma_{d,0}$	✓	$\Sigma(5 \times 10^{-4}), \Sigma(10^{-3}), \Sigma(5 \times 10^{-3})$
	Σ_d		$\mathbf{0}$
	$\sigma_{d,\phi}$	✓	[0, 0.3, 1, 1.5]
	σ_x		0

Notez que les séquences de déformations sont toutes générées à partir d'un même gabarit de paramètres, qui est donné au filtre de particules comme connaissance *a priori* pour chaque expérience. Bien que les effets de chance dans le procédé aléatoire de perturbation soient inévitables en ne générant qu'une seule séquence par couple $(\Sigma_{d,0}, \sigma_{d,\phi})$, nous n'avons pas réitéré l'expérience sur plusieurs séquences de mouvement possédant les mêmes paramètres de perturbation en raison de la quantité de calcul exigée². Les résultats attendus présentent donc des «irrégularités», que nous discutons plus bas.

2. Les traitements pour ces tests ont duré environ 36h sur une station de calcul haute performance disponible à l'École de Technologie Supérieure, à raison d'une moyenne de 7.5ms par particule avec une implémentation optimisée (mémoire et temps d'exécution) en Matlab/C++, lancée en parallèle sur vingt-quatre coeurs de calcul.

Pour chacune des séquences angiographiques ainsi générées, nous avons tout d'abord assigné les paramètres $(\Sigma_{\theta,0}, \sigma_{\phi})$ de manière cohérente avec les perturbations $(\Sigma_{d,0}, \sigma_{d,\phi})$ considérées, puis exécuté l'algorithme de compensation avec toutes les combinaisons de paramètres intrinsèques (N, α) .

Pour chacune des simulations, et à chaque image, la différence $\|\mathbf{X}_k - \hat{\mathbf{X}}_k\|_F$ a été évaluée **dans le repère de projection** (changement de repère 3D) afin d'estimer l'erreur TRE 3D d'une part, et l'erreur **dans le plan** (*in-plane error* en anglais, désignée par le terme TRE 2D dans la suite) d'autre part. Enfin, la mesure de similarité $s_k = \mathcal{S}(\mathbf{X}_k, \mathcal{P}(\hat{\mathbf{X}}_k))$ est également considérée comme un critère d'évaluation à chaque instant.

Les deux indices d'erreur (TRE 2D et 3D) ont ensuite été moyennés sur l'ensemble des points de la ligne centrale à chaque instant, puis les trois indices d'évaluation (TRE 2D, 3D, et s) moyennés sur l'ensemble de la séquence de mouvement. Nous regroupons ces résultats sous la forme de *trois matrices* pour chaque couple $(\Sigma_{d,0}, \sigma_{d,\phi})$, contenant à chaque ligne/colonne (i, j) les trois indices précédents, pour les paramètres intrinsèques correspondants au $i^{\text{ème}}$ nombre de particules, et au $j^{\text{ème}}$ taux de confiance au gabarit.

Ces matrices sont représentées sous la forme de *heatmaps* indexés par (N, α) , que nous interpolons afin de lisser les résultats obtenus et améliorer leur visualisation. Ces *heatmaps* sont présentés sur les Figures 3.6, 3.7 et 3.8 ci-après.

3.4.2 Résultats

Les résultats présentés sont regroupés principalement en deux catégories ; selon les variations de $\Sigma_{d,0}$ à $\sigma_{d,\phi} = 0$ fixé (voir Fig. 3.6), et selon les variations de $\sigma_{d,\phi}$ à $\Sigma_{d,0} = \Sigma(10^{-3})$ fixé (voir Fig. 3.7).

Chacune de ces figures comporte trois sous-figures, présentant respectivement l'évolution des indices s , TRE 2D et TRE 3D. Les résultats obtenus pour les paramètres intrinsèques qui seront considérés comme *paramètres par défaut* pour la suite des simulations (voir Tab. 3.4) sont présentés Fig. 3.8.

En comparant les résultats obtenus Fig. 3.6 et Fig. 3.7, on constate clairement que l'influence de l'altération du mouvement (contrôlée par $\Sigma_{d,0}$) sur la qualité du recalage est plus importante que l'influence des désynchronisations (contrôlées par $\sigma_{d,\phi}$). Ceci correspond à la remarque faite au §2.6.2.3, que la nature cumulative du bruit considéré peut résulter en des altérations très conséquentes du mouvement observé.

De part la fonction $\Sigma(\cdot)$, les altérations observées sur les séquences angiographiques générées sont notablement plus importantes en translation que sur les autres paramètres de déformation ; pour les valeurs importantes de $\Sigma_{d,0}$, ces *dérives* ont causé la disparition de la structure d'intérêt sur certaines projections angiographiques, ce qui explique le pic d'erreur (en bas à gauche) observable sur le second graphique Fig. 3.6(a). Par ailleurs, l'observation des séquences de compensation prouve de manière générale une *bonne résistance aux dérives lentes*, ce qui confirme nos espérances (voir §2.6.2.3 page 112).

La qualité du recalage est bien entendu globalement décroissante à mesure que les perturbations sont plus importantes. Par ailleurs, des *effets de chance* sont particulièrement observables dans la troisième colonne Fig. 3.6 : ils causent des *irrégularités* (bosses et creux) sur les *heatmaps*.

Nous espérons que les effets de désynchronisation affecteraient les résultats de manière plus visible (voir Fig. 3.7). Spécifiquement, nous nous attendions à ce qu'ils rendent le *heatmap* de similarité «plus convexe» à mesure que les perturbations de synchronisation augmentent. Ces effets de convexité sont observables, mais très légers.

Nous expliquons ce résultat en revenant sur le procédé de désynchronisation présenté au §2.6.2.3 : celui-ci est effectuée par un tirage aléatoire centré sur la phase courante, et de variance $\sigma_{d,\phi}$. Tout d'abord, le fait que le tirage soit centré sur la valeur correcte limite les chances que la nouvelle phase soit très différente, car la probabilité de tirage la plus importante demeure associée à la bonne valeur.

Par ailleurs, de part la nature impulsive du mouvement cardiaque, les déviations de phase ont, sur la plus grande partie du cycle cardiaque, un effet limité sur la variation des paramètres de déformation. Enfin, chaque particule subissant sont propre tirage de phase, et ce avec les mêmes paramètres que les perturbations envisagées, la probabilité que la phase tirée pour la perturbation soit «très loin» de la population de phase tirée par le filtre de particules est faible, et diminue à mesure que le nombre de particules augmente.

Il est intéressant de noter que cette dernière remarque est d'autant plus vraie que le tirage aléatoire considéré pour la désynchronisation est *unidimensionnel*, ce qui est à mettre en contraste avec les tirages aléatoires associés aux vitesses de paramètres (qui génèrent des populations de recalages) qui sont eux, *multivariés*.

Les perturbations du gabarit de mouvement contrôlées par $\Sigma_{d,0}$ sont donc non seulement cumulatives, mais à mesure que l'écart-type des paramètres de déformation $\Sigma_{\theta,0}$ pour le filtre de particules augmente en même temps que la perturbation $\Sigma_{d,0}$, le sous-espace de vitesses dans lequel se fait le tirage de particules s'étend *non sur une, mais sur douze dimensions*. Afin de conserver une certaine «densité» de particules dans ce sous-espace, **le nombre N de particules doit donc augmenter exponentiellement pour une augmentation linéaire de l'écart-type des paramètres de déformation**, ce qui explique que les effets de petites variations de $\Sigma_{d,0}$ se répercutent de manière si importante sur la qualité du recalage. On remarque d'ailleurs que c'est pour cette raison qu'il est intéressant de choisir un modèle de déformation avec le moins de paramètres possible.

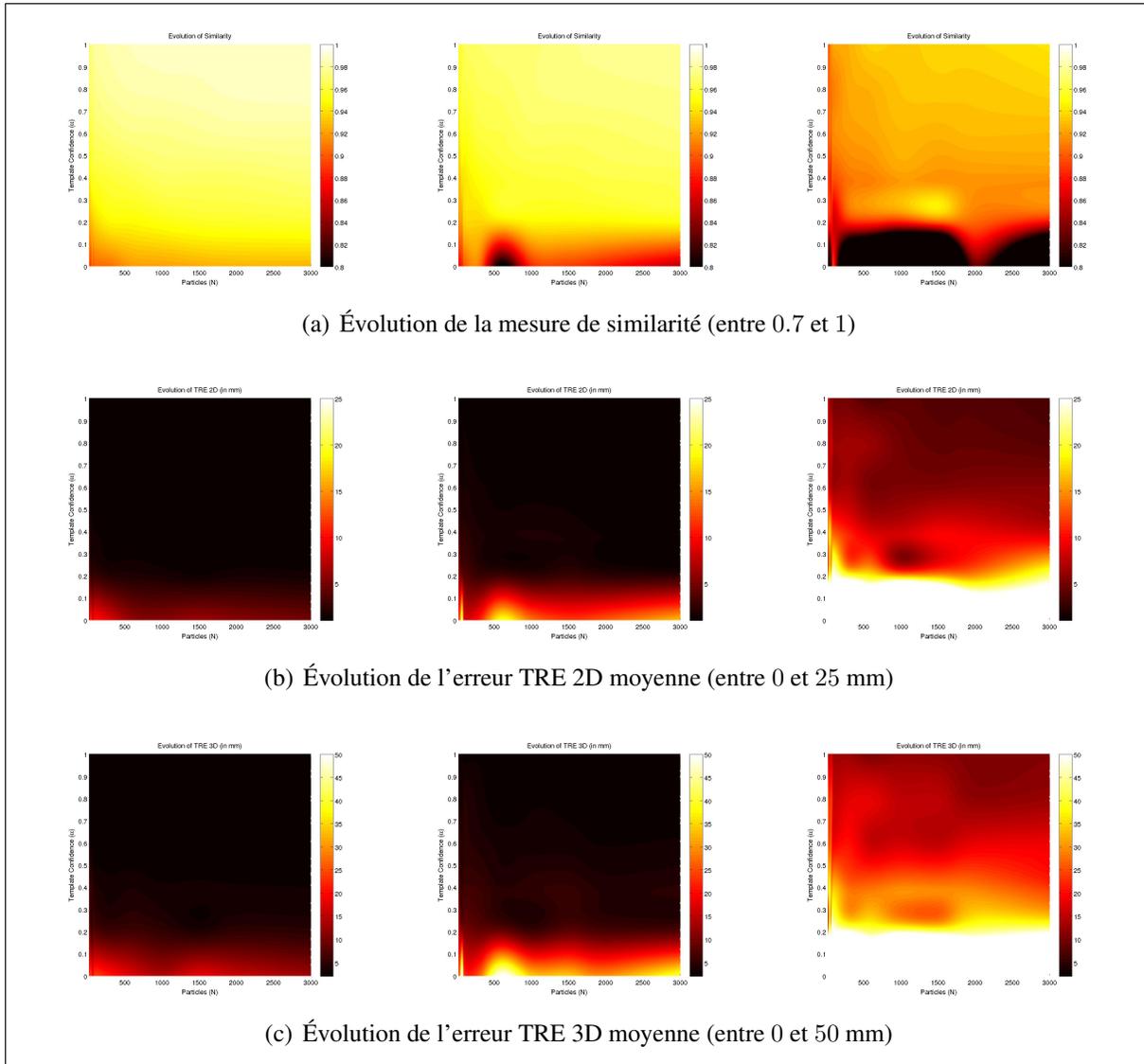


Figure 3.6 - Évolution de la mesure de similarité et des erreurs TRE 2D et 3D, en fonction de la confiance au gabarit et du nombre de particules, pour différentes altérations de mouvement sans désynchronisation

La coloration ainsi que les axes sont uniformisés sur chaque ligne. Les *heatmaps* représentent, l'évolution des indices de similarité et des erreurs TRE moyennes 2D et 3D, en fonction de α (variant de 0 à 1) et de N (variant de 20 à 3000), et de gauche à droite pour

$$\Sigma_{d,0} \in \{\Sigma(5 \times 10^{-4}), \Sigma(10^{-3}), \Sigma(5 \times 10^{-3})\}.$$

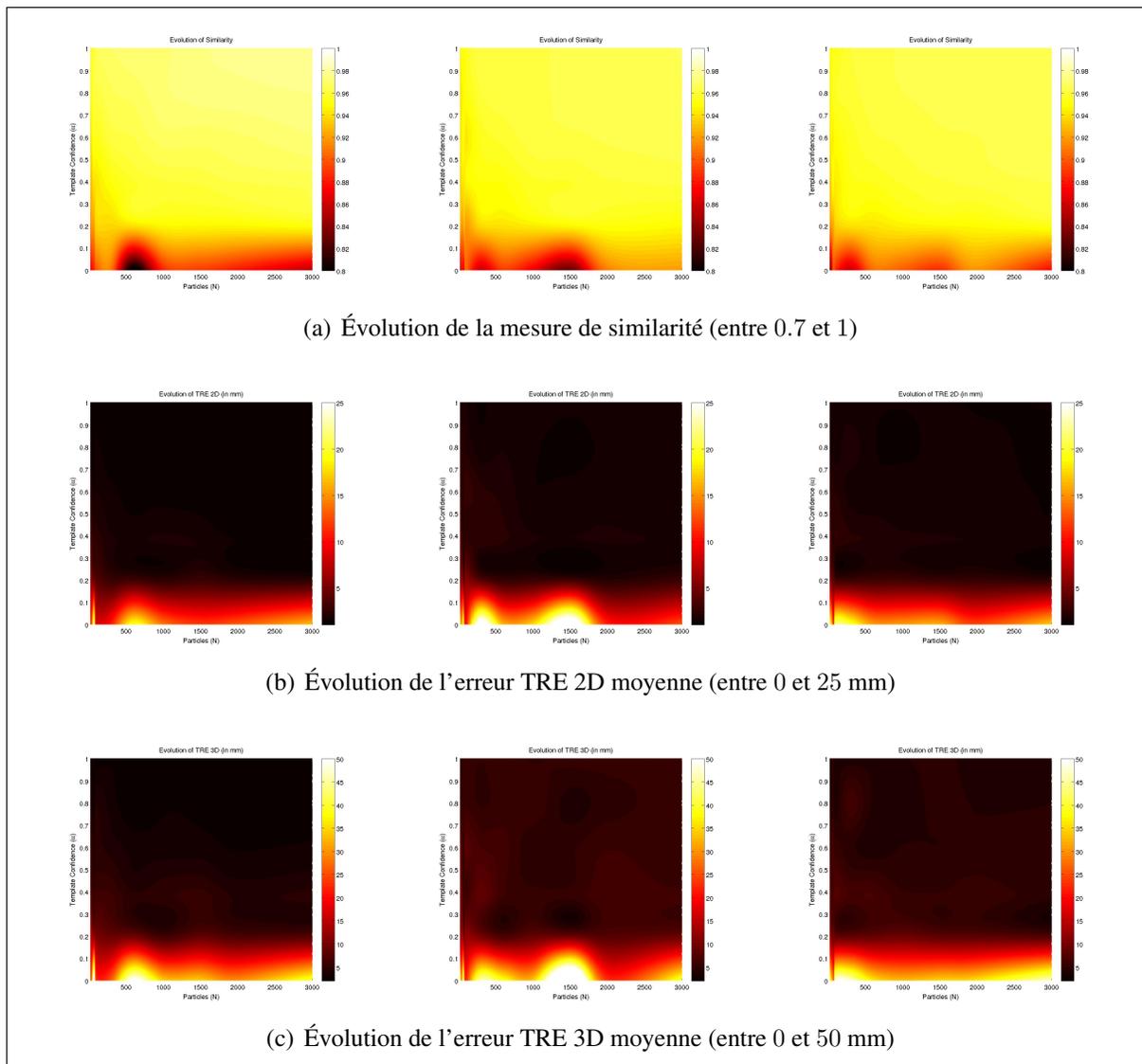


Figure 3.7 - Évolution de la mesure de similarité et des erreurs TRE 2D et 3D, en fonction de la confiance au gabarit et du nombre de particules, pour différentes perturbations de désynchronisation

La coloration ainsi que les axes sont uniformisés sur chaque ligne. Les *heatmaps* représentent, l'évolution des indices de similarité et des erreurs TRE moyennes 2D et 3D, en fonction de α (variant de 0 à 1) et de N (variant de 20 à 3000), et de gauche à droite pour $\sigma_{d,\phi} \in [0, 1, 1.5]$.

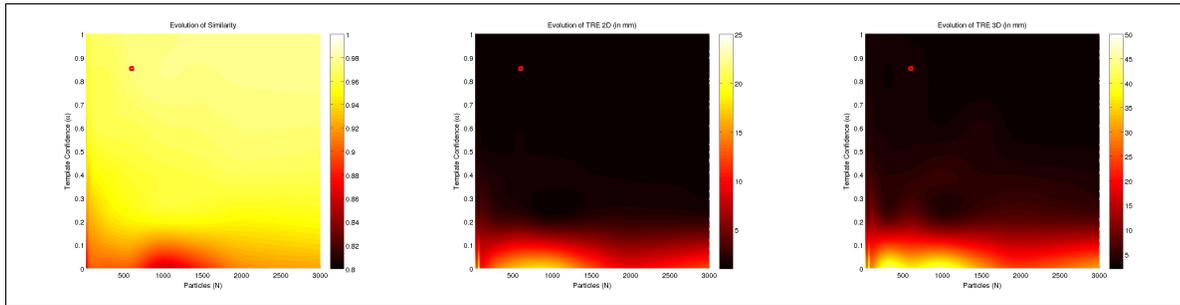


Figure 3.8 - Évolution de la mesure de similarité et des erreurs TRE 2D et 3D, en fonction de la confiance au gabarit et du nombre de particules, pour les paramètres de perturbation sélectionnés pour la suite des simulations

Les paramètres d’affichage sont identiques à ceux des Figures 3.6 et 3.7.

De gauche à droite, on représente l’évolution de la mesure de similarité et des erreurs TRE en fonction de N et α , et pour $\Sigma_{d,0} = \Sigma(10^{-3})$ et $\sigma_{d,\phi} = 0.3$. Les points mis en évidence (coins haut-gauche) correspondent aux paramètres $N = 600$ et $\alpha = 0.85$ retenus pour la suite des simulations.

Tableau 3.4

Paramètres de simulation par défaut

Similarité	DT_a	Q_r avec $r = 0.5$
	DT_s	Q_r avec $r = 0.5$
	S	S_C
Filtre de Particules	N	600
	$\Sigma_{\theta,0}$	$\Sigma(10^{-3})$
	Σ_{θ}	$\mathbf{0}$
	σ_{ϕ}	0.3
	α	0.85
Perturbations	$\Sigma_{i,0}$	$\mathbf{0}$
	Σ_i	$\mathbf{0}$
	$\sigma_{i,\phi}$	0
	$\Sigma_{d,0}$	$\Sigma(10^{-3})$
	Σ_d	$\mathbf{0}$
	$\sigma_{d,\phi}$	0.3
	σ_x	0

Pour finir, cette évaluation nous permet de sélectionner des valeurs de N et α raisonnables pour la suite des expérimentations, et de mieux comprendre l'influence des paramètres $\Sigma_{\theta,0}$ et σ_ϕ . Notre choix de paramètres par défaut, correspondant à un *compromis entre efficacité et temps de calcul*, est présenté dans la table de configuration 3.4, les résultats des tests effectués avec ces paramètres sont présentés Fig. 3.8.

Avec ces paramètres (notamment $N = 600$), **le temps de calcul moyen par image est de 12 à 15 secondes sur une station personnelle classique** avec un processeur Intel Core 2 Duo (testé sur des ordinateurs Mac Mini³ et Dell Studio⁴), **et de 4 à 5 secondes sur les stations de calcul haute performance à l'ÉTS⁵**. Ces temps de calculs sont à mettre en contraste avec ceux des méthodes présentées dans la revue de littérature (voir §1.4) qui sont généralement de l'ordre de la minute.

3.5 Robustesse de la méthode de compensation

Les tests précédents nous ont permis de mieux comprendre le comportement de l'algorithme de compensation en fonction des paramètres que nous contrôlons. L'objectif ici est d'évaluer la sensibilité de notre méthode face à des facteurs externes qui ne peuvent être contrôlés, et donc de caractériser sa **robustesse**.

Nous proposons trois évaluations concernant l'*influence du recalage initial*, l'*influence du bruit de formation des images angiographiques* que nous modélisons comme une incertitude sur la position 3D des points de la ligne centrale avant projection, et l'*influence de la topologie de la ligne centrale*, que nous étudions en comparant les résultats obtenus avec les différents modèles 3D dont nous disposons.

3. Mac Mini, 4Gb RAM, Intel Core 2 Duo P8700 2.53GHz.

4. Dell Studio 15", 4Gb RAM, Intel Core 2 Duo P8600 2.4GHz.

5. Serveur Dell Base, 128Gb RAM, 2× AMD Opteron 6174 (12 coeurs) 2.2GHz.

3.5.1 Influence du recalage initial

La simulation envisagée pour l'évaluation de l'influence du recalage initial est spécifiée dans la table de configuration 3.5. Le seul paramètre variant pour cette expérience est $\Sigma_{i,0}$, qui contrôle a proprement parler l'écart-type statique de la perturbation sur les paramètres de recalage initial (voir Tab. 2.2 page 116). Une désynchronisation initiale est également introduite en fixant⁶ $\sigma_{i,\phi} = 0.2$. Les variations du paramètre Σ_i introduiraient une ambiguïté sur l'amplitude de la perturbation causée (puisque'elle pondère les gabarits de vitesses $\hat{v}(\phi_i)$), et rendraient donc difficile l'interprétation des résultats ; ce paramètre est assigné à 0 pour cette évaluation.

Par ailleurs, afin de limiter les sources de perturbation qui pourraient compromettre la qualité de la compensation (autres que l'erreur de recalage initial), nous réduisons $\Sigma_{d,0}$ d'un facteur 10 par rapport à sa valeur par défaut, et $\sigma_{d,\phi}$ à 0.2.

Comme au §3.3, les effets de chance sont atténués en générant tout d'abord *trois séquences de mouvement* avec les perturbations considérées (nous désignerons ces séquences par la lettre M , avec $M = 1, 2$ ou 3). La perturbation initiale étant également aléatoire, l'algorithme de compensation est exécuté à *dix reprises* pour chacune des cinq valeurs de $\Sigma_{i,0}$ et sur chaque séquence de mouvement. Une fois encore, la différence cible-à-objet $\|\mathbf{X}_k - \hat{\mathbf{X}}_k\|_F$ est évaluée à chaque image et interprétée dans le repère de projection afin d'estimer les erreurs TRE 2D et 3D. Nous proposons ci-dessous deux visualisations de l'évolution de ces erreurs.

Les erreurs TRE sont tout d'abord moyennées sur les dix essais effectués par couple $(\Sigma_{i,0}, M)$. On calcule ensuite sur l'ensemble des points de la ligne centrale (à chaque instant) les statistiques nécessaires à la représentation de l'évolution de ces erreurs au cours de la séquence de mouvement sous forme de *diagrammes en boîte* (voir §2.6.1.2). Nous obtenons donc un diagramme par couple de valeur $(\Sigma_{i,0}, M)$ et par type d'erreur, soit 30 diagrammes au total (voir Annexe II) ; cinq desquels (pour chaque valeur de $\Sigma_{i,0}$) sont illustrés Fig. 3.10, et représentent l'évolution de l'erreur TRE 2D au cours des séquences de mouvement indiquées par M .

6. Nous rappelons que les écarts-types de phase sont spécifiés en unités d'images.

Tableau 3.5
Paramètres de simulation pour l'évaluation de l'influence du recalage initial

Similarité	DT_a		Q_r avec $r = 0.5$
	DT_s		Q_r avec $r = 0.5$
	S		S_C
Filtre de Particules	N		600
	$\Sigma_{\theta,0}$		$\Sigma(5 \times 10^{-4})$
	Σ_{θ}		0
	σ_{ϕ}		0.2
	α		0.85
Perturbations	$\Sigma_{i,0}$	✓	$\Sigma(5 \times 10^{-4}), \Sigma(7 \times 10^{-4}), \Sigma(10^{-3}), \Sigma(3 \times 10^{-3}), \Sigma(6 \times 10^{-3})$
	Σ_i		0
	$\sigma_{i,\phi}$		0.2
	$\Sigma_{d,0}$		$\Sigma(5 \times 10^{-4})$
	Σ_d		0
	$\sigma_{d,\phi}$		0.2
	σ_x		0

Une représentation plus compacte est également proposée pour observer la tendance d'évolution des erreurs TRE au cours de la séquence **et** en fonction de la valeur de $\Sigma_{i,0}$. Ces représentations surfaciques sont construites en moyennant les erreurs TRE sur l'ensemble des points de la ligne centrale, puis sur les trois séquences $M \in \{1, 2, 3\}$. Les surfaces illustrées Fig. 3.9 ont été interpolées pour lisser les résultats et améliorer la visualisation.

La tendance observée sur les graphiques de la figure 3.10 concorde avec les variations des surfaces de la figure 3.9 : l'erreur de recalage sur la séquence augmente globalement à mesure que $\Sigma_{i,0}$ augmente.

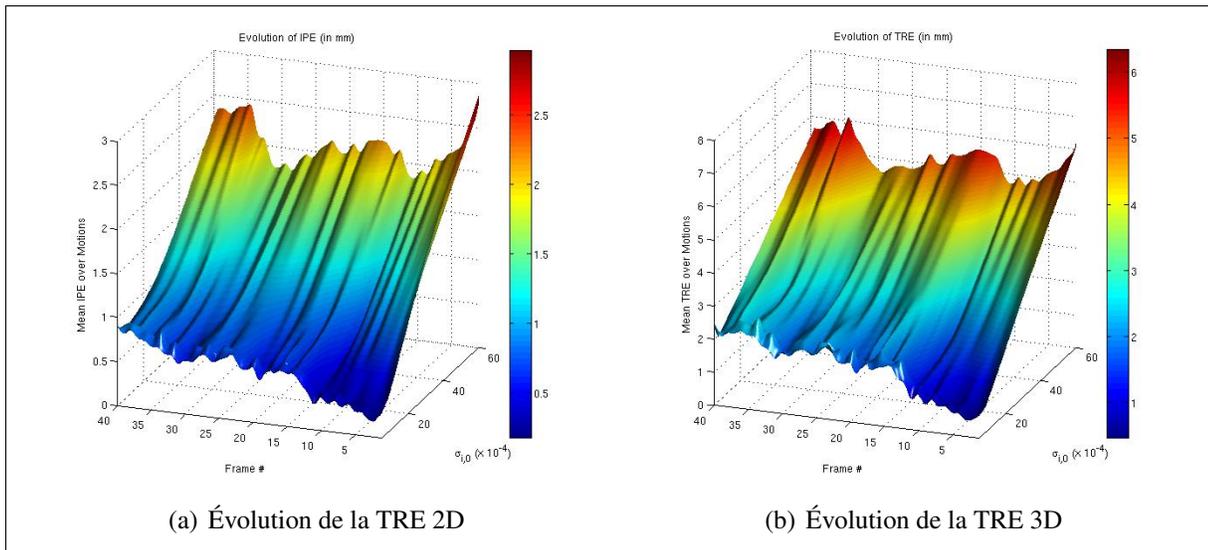


Figure 3.9 - Évolution des erreurs TRE 2D et 3D moyennes au cours de la séquence et en fonction de $\Sigma_{i,0}$

Les «franges» observables sont vraisemblablement causées par l'absence de lissage dans le procédé d'optimisation ; nous verrons plus tard des effets «d'oscillation» dans les séquences de paramètres estimées. On observe un phénomène d'inflexion sur les surfaces de la figure 3.9 (que l'on retrouve sur les graphiques de l'Annexe II) :

- Pour des valeurs faibles de $\Sigma_{i,0}$, l'erreur de recalage a tendance à *croître en début de séquence*, et à se stabiliser par la suite.
- À l'inverse, pour des valeurs importantes de $\Sigma_{i,0}$, l'erreur de recalage a tendance à *décroître en début de séquence*, et à se stabiliser par la suite.

Ces observations suggèrent l'existence d'une valeur de transition de $\Sigma_{i,0}$, pour laquelle l'erreur TRE initiale moyenne, causée par la perturbation du recalage initial, serait identique à la valeur de stabilisation de l'erreur TRE sur la séquence. Pour interpréter ce phénomène, nous rappelons que les sources de perturbations cumulatives de la séquence de recalage, contrôlées par les paramètres $(\Sigma_{d,0}, \sigma_{d,\phi})$, ont été réduites, mais pas annulées lors de ces expériences. En toute vraisemblance, cette valeur de transition devrait donc être comparable à la valeur de $\Sigma_{d,0}$, à savoir $\Sigma(5 \times 10^{-4})$.

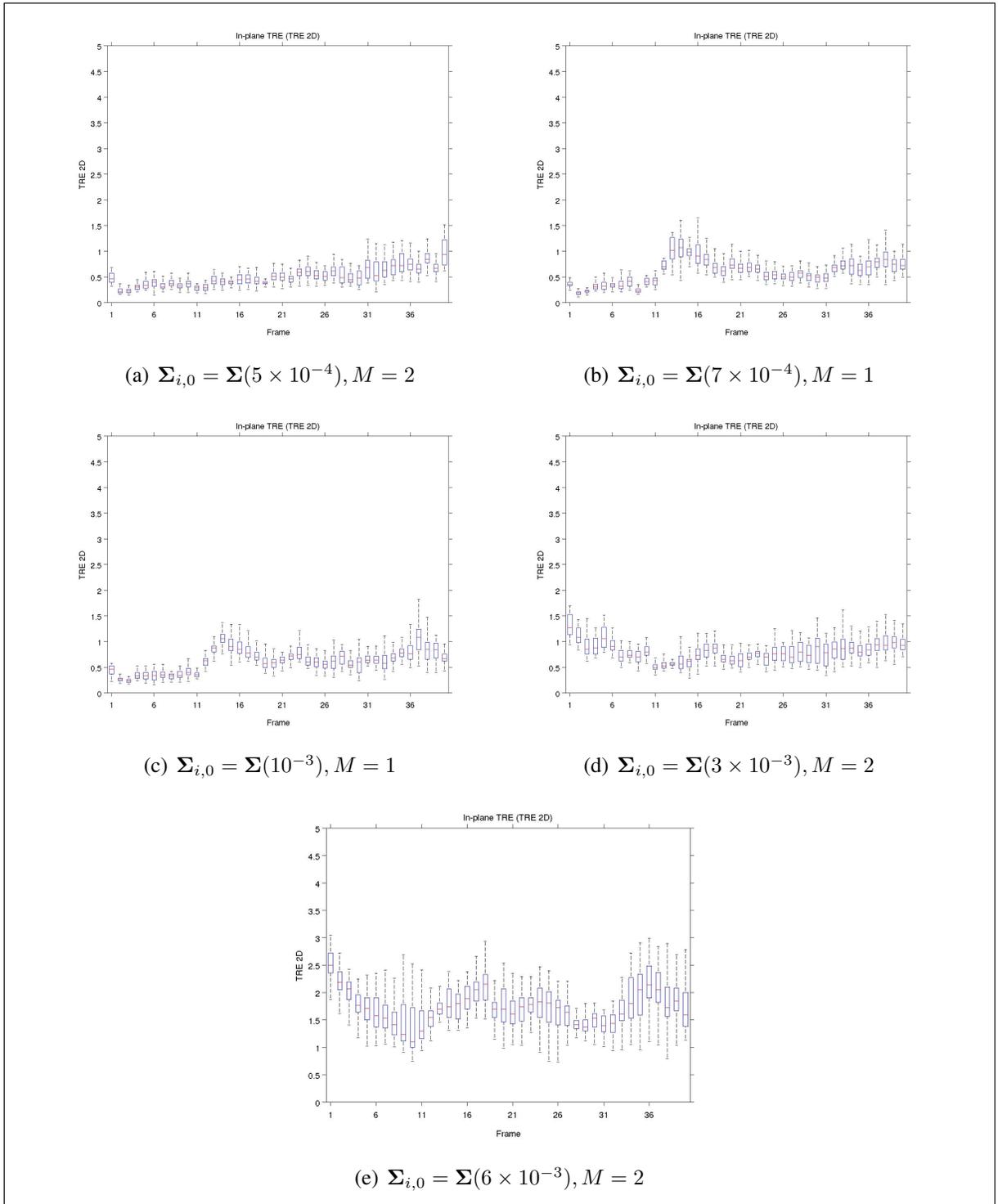


Figure 3.10 - Cinq exemples de variation de l'erreur TRE 2D au cours de séquences de déformation pour chaque valeur de $\Sigma_{i,0}$

Nous confirmons cette interprétation en calculant la valeur moyenne de $\Sigma_{i,0}$ correspondant aux points d'inflexions des surfaces d'erreur 2D et 3D selon cet axe. Ce calcul consiste à minimiser la fonction de courbure (en notant L la longueur de la séquence de mouvement) :

$$J : \Sigma_{i,0} \mapsto \sum_{k=2}^L \left| TRE_{2D,k}(\Sigma_{i,0}) - TRE_{2D,k-1}(\Sigma_{i,0}) \right| \quad (3.2)$$

Les calculs effectués sur les surfaces Fig. 3.9 indiquent un minimum pour $\Sigma_{i,0} = \Sigma(15.5 \times 10^{-4})$ pour l'erreur TRE 2D, et $\Sigma_{i,0} = \Sigma(2 \times 10^{-3})$ pour l'erreur TRE 3D, soit une valeur moyenne de $\Sigma(17.75 \times 10^{-4})$, qui est légèrement différente mais bien comparable à $\Sigma_{d,0}$.

Enfin, on remarque des «bosses» d'erreur de plus en plus importantes à mesure que $\Sigma_{i,0}$ augmente, tant sur les surfaces de la Fig. 3.9 que sur les diagrammes de la Fig. 3.10. L'occurrence de ces bosses correspond approximativement aux instants de contraction, qui sont également les instants auxquels les perturbations cumulatives sont maximales. Ce phénomène n'est pas (ou moins, voir Fig. 3.10(b)) visible pour de faibles valeurs de $\Sigma_{i,0}$.

Ces observations nous conduisent à la déduction que pour des recalages initiaux de mauvaise qualité, notre méthode de compensation est plus sensible aux perturbations causées par le mouvement cardiaque. Nous pouvons analyser cette sensibilité en caractérisant l'évolution des vitesses des paramètres de déformation \mathbf{v} dans ces cas. Plus le recalage initial sera loin de la réalité, et plus ces vitesses évolueront indépendamment des gabarits $\hat{\mathbf{v}}$ lorsque le coeur est repos. En particulier, elles seront de magnitude notablement plus importante. Si la position du coeur au repos n'est pas retrouvée avant la contraction (*i.e.* si les magnitudes des vitesses \mathbf{v} ne diminuent pas avant cet instant), les vitesses \mathbf{v} interféreront avec les vitesses $\hat{\mathbf{v}}$ dans le terme $\alpha \hat{\mathbf{v}}(\phi_k) + (1 - \alpha) \mathbf{v}_{k-1}$ du modèle de transition (voir Eq. (2.6) page 77). L'effet de cette interférence est imprévisible, et dépend des valeurs \mathbf{v} instantanées du filtre de particules. De manière générale, on peut dire que la compensation du mouvement est alors incertaine, ce qui explique la «sensibilité» observée.

3.5.2 Influence du bruit de formation d'images

L'objectif est ici d'évaluer l'influence du bruit qui perturbe la correspondance entre les images angiographiques et le modèle 3D provenant du CT-scan sur la qualité de la compensation. Ce bruit est très présent en imagerie cardiaque par rayons X, et est lié aux *déviations des rayons X* entre la source et le détecteur, qui causent un «flou» sur les images angiographiques observées (voir §1.3.1.1). Il affecte notamment la qualité de la mesure de similarité (voir §2.3) dans notre application. Ce bruit peut être atténué physiquement en augmentant la puissance d'émission de la source (on parle d'*intensité de diagnostique*), mais au prix d'une exposition accrue aux radiations pour le patient.

Mathématiquement, une modélisation communément admise du processus de formation des images angiographiques se fait de manière probabiliste, au moyen d'un processus stochastique suivant une *loi de Poisson*. Dans notre cas, nous modélisons ce bruit de façon simpliste en l'interprétant comme une incertitude sur la position 3D des points \mathbf{X}_k de la ligne centrale, avant la projection simulée de l'image angiographique (voir §2.6.2.3). La configuration associée à cette expérience est spécifiée Tab. 3.6. Nous utilisons également le patient #3 (voir Fig. 3.2(c)) pour ces tests.

Nous considérons des variations du paramètre σ_x , les autres paramètres étant assignés à leur valeur par défaut. Toujours afin de limiter les effets de chance, nous générons trois séquences mouvements ($M = 1, 2$ et 3) avec les paramètres de perturbation par défaut, que nous projetons pour obtenir *trois séquences angiographiques* à recalculer.

Tableau 3.6

Paramètres de simulation pour l'évaluation de l'influence de l'incertitude sur la position 3D des points de la ligne centrale

Similarité	DT_a		Q_r avec $r = 0.5$
	DT_s		Q_r avec $r = 0.5$
	S		S_C
Filtre de Particules	N		600
	$\Sigma_{\theta,0}$		$\Sigma(10^{-3})$
	Σ_{θ}		0
	σ_{ϕ}		0.3
	α		0.85
Perturbations	$\Sigma_{i,0}$		0
	Σ_i		0
	$\sigma_{i,\phi}$		0
	$\Sigma_{d,0}$		$\Sigma(10^{-3})$
	Σ_d		0
	$\sigma_{d,\phi}$		0.3
	σ_x	✓	[0.01, 0.03, 0.05, 0.08, 0.1, 0.15, 0.2]

Le processus de bruitage étant également aléatoire, nous exécutons l'algorithme de compensation à *trois reprises* sur chaque séquence, et pour chaque paramètre σ_x . Les erreurs TRE 2D et 3D sont évaluées à chaque instant et pour chaque séquence. On représente comme précédemment l'évolution de celles-ci au cours de chaque séquence (σ_x, M) , moyennées sur les trois essais effectués par séquence, et sous forme de *diagrammes en boîte* (voir Fig. 3.11). Nous proposons également une visualisation surfacique de l'évolution des erreurs TRE au cours des séquences et en fonction de σ_x (voir Fig. 3.12).

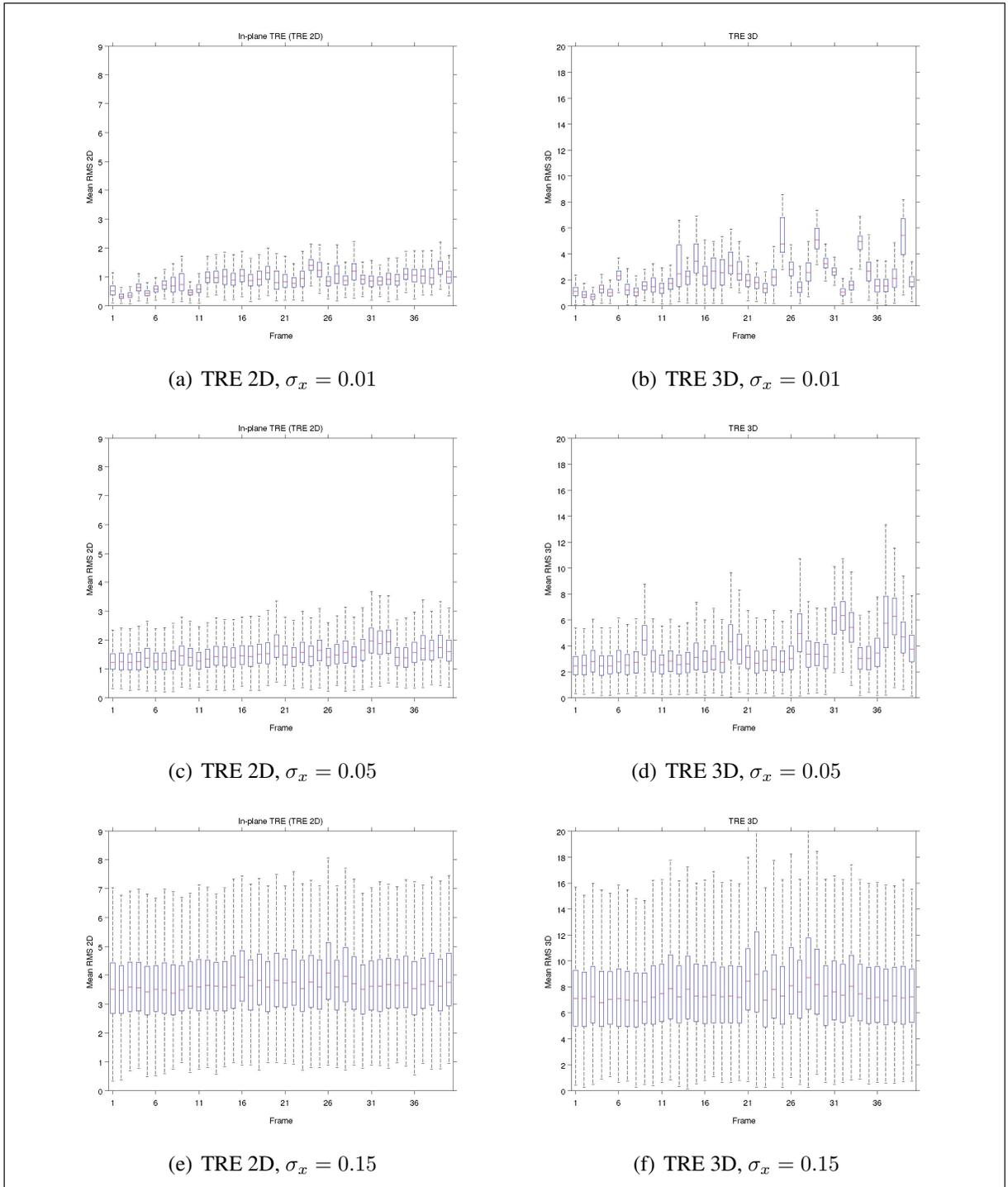


Figure 3.11 - Variation des erreurs TRE 2D et 3D au cours de la séquence de déformation $M = 3$ pour $\sigma_x \in [0.01, 0.05, 0.15]$

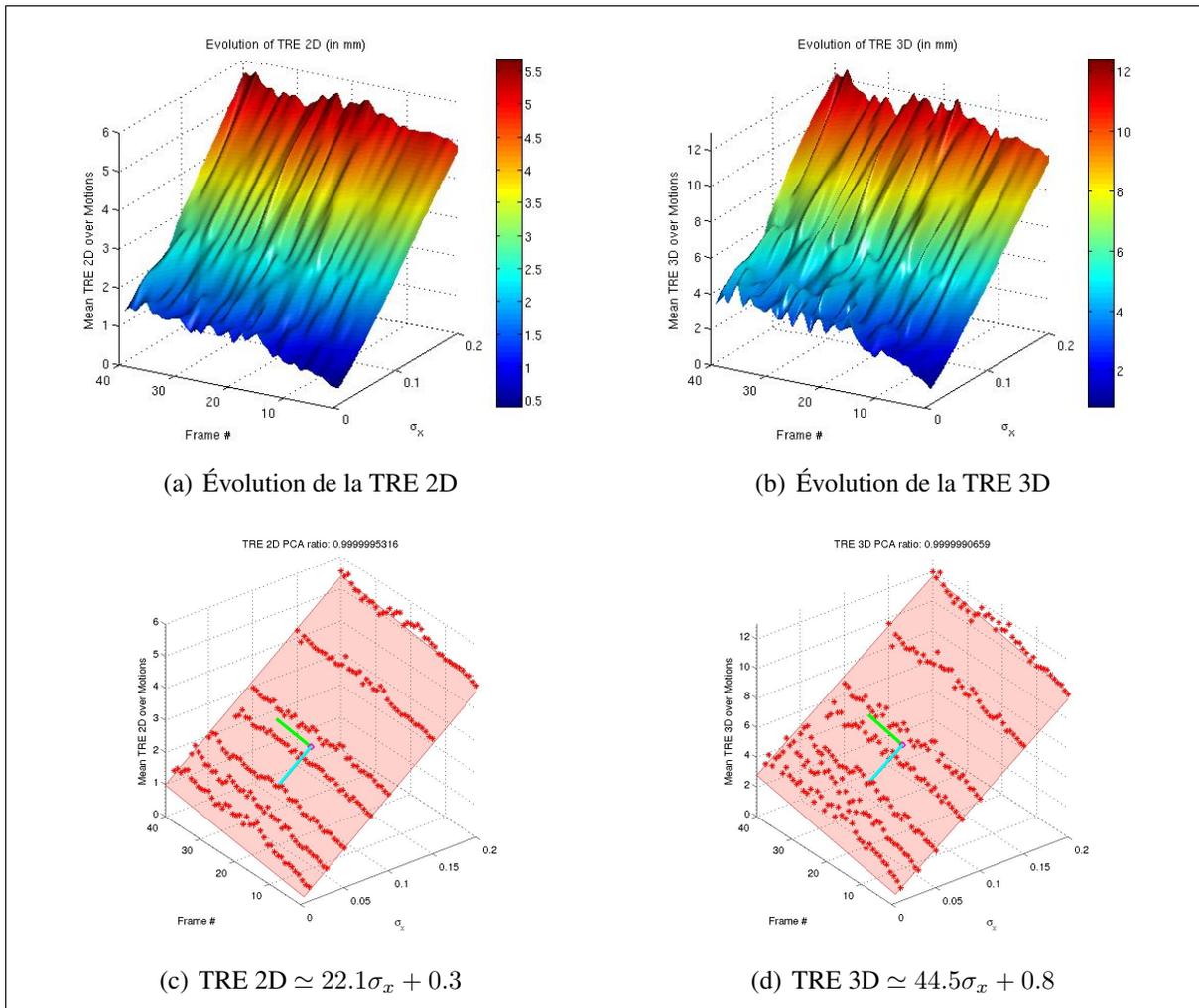


Figure 3.12 - Évolution des erreurs TRE au cours de la séquence et en fonction de σ_x pour l'étude du bruit de formation des images

Notons que l'échelle de σ_x est normalisée au même titre que le rayon moyen des artères 3D utilisées (voir §3.2); $\sigma_x = 0.2$ correspond donc à un écart-type d'incertitude de 20% du rayon moyen sur les positions \mathbf{X} . Ce rayon moyen est de 30.04 mm pour le patient #3.

Une analyse rapide des Figures 3.12 et 3.11 mène à la conclusion que **l'effet du bruit de formation des images (tel que modélisé) est linéaire sur les erreurs TRE**. Cette intuition est confirmée en analysant les *éléments propres des matrices de covariance* associées aux valeurs des erreurs TRE 2D et 3D au cours des séquences et en fonction de σ_x (méthode d'*analyse de composantes principales*, ou ACP, voir Fig. 3.12(c) et Fig. 3.12(d)).

En classant les valeurs propres de ces matrices par ordre décroissant, nous obtenons des ratios supérieurs à $1 - 10^{-6}$ (pour l'erreur TRE 2D et 3D) correspondants à la «proportion d'information contenue» dans les deux premières dimensions propres.

Ceci signifie qu'en projetant les données originales des surfaces Fig. 3.12 dans les plans construits à l'aide des deux vecteurs propres de normes principales de la matrice de covariance associée à chaque surface, nous conserverions plus de 99,9999% de l'information donnée par ces surfaces, ce qui prouve notre point précédent avec une excellente précision (voir Fig. 3.12(c) et Fig. 3.12(d)).

Nous n'avons pas jugé utile de faire figurer dans ce mémoire l'ensemble des diagrammes boîtes correspondants à ces expériences, en raison de leur grande similarité ; les résultats obtenus avec les mouvements $M = 1, 2$ et 4 sont en tous points semblables aux résultats présentés Fig. 3.11.

3.5.3 Variabilité inter-patients

Cette dernière évaluation vise à déterminer l'**influence de la topologie du modèle 3D** des artères coronaires sur la qualité de la compensation. Pour ce faire, les *cinq modèles 3D* illustrés sur la figure 3.2 sont utilisés.

Toujours pour éviter les effets de chance, quatre mouvements sont générés avec les paramètres de perturbation par défaut (Tab. 3.4), et l'algorithme de compensation est exécuté à trois reprises, pour chaque mouvement et pour chaque topologie.

Les erreurs TRE 2D et 3D sont calculées comme précédemment et moyennées sur les trois itérations à chaque mouvement. Le tableau Tab. 3.7 donne les erreurs TRE moyennes (sur les points X) globales sur toute la durée de la séquence, pour chacun des quatre mouvements, et pour chacun des cinq patients. Afin de comparer les résultats obtenus pour chaque patient, nous étudions la variabilité des erreurs TRE 2D (resp. 3D) *moyenne* et *maximale* (sur les points) en fonction des différents patients, et au cours des différentes séquences de mouvement. Nous obtenons donc un diagramme en boîte pour chaque type d'erreur (TRE 2D et 3D, moyenne et maximale), et pour chaque mouvement ($M = 1, 2, 3$ et 4).

Tableau 3.7
Erreurs TRE 2D et 3D pour les tests de variabilité inter-patient

(a) Erreurs TRE 2D (moyenne \pm écart-type, en mm)						
$M =$	Patient 1	Patient 2	Patient 3	Patient 4	Patient 5	Moyenne
1	1.08 \pm 0.38	0.98 \pm 0.37	1.06 \pm 0.44	0.84 \pm 0.34	0.93 \pm 0.38	0.98 \pm 0.39
2	1.04 \pm 0.44	0.83 \pm 0.34	0.93 \pm 0.42	0.75 \pm 0.32	0.76 \pm 0.32	0.86 \pm 0.38
3	1.01 \pm 0.35	0.88 \pm 0.32	0.97 \pm 0.39	0.75 \pm 0.26	0.81 \pm 0.28	0.88 \pm 0.34
4	1.00 \pm 0.37	0.86 \pm 0.35	1.04 \pm 0.43	0.83 \pm 0.34	0.80 \pm 0.31	0.91 \pm 0.38
Moy.	1.03 \pm 0.39	0.89 \pm 0.35	1.00 \pm 0.42	0.80 \pm 0.32	0.82 \pm 0.33	0.91 \pm 0.38
(b) Erreurs TRE 3D (moyenne \pm écart-type, en mm)						
$M =$	Patient 1	Patient 2	Patient 3	Patient 4	Patient 5	Moyenne
1	2.89 \pm 1.03	2.58 \pm 0.99	2.66 \pm 1.06	2.05 \pm 0.79	2.58 \pm 1.08	2.55 \pm 1.03
2	2.64 \pm 1.19	2.35 \pm 1.01	2.80 \pm 1.22	2.17 \pm 1.14	2.07 \pm 0.87	2.41 \pm 1.13
3	2.57 \pm 0.95	2.74 \pm 1.08	2.76 \pm 1.19	2.14 \pm 0.74	2.21 \pm 0.72	2.48 \pm 0.99
4	2.47 \pm 0.87	2.61 \pm 1.10	2.86 \pm 1.32	2.10 \pm 0.83	2.68 \pm 1.13	2.54 \pm 1.10
Moy.	2.64 \pm 1.03	2.57 \pm 1.05	2.77 \pm 1.21	2.11 \pm 0.89	2.38 \pm 1.00	2.50 \pm 1.07

Les Figures 3.13 et 3.14 illustrent les diagrammes en boîte respectivement pour l'erreur TRE 2D moyenne, et 3D moyenne, et pour les quatre mouvements générés. Les diagrammes représentant l'évolution des erreurs TRE maximales sont donnés en Annexe III.

L'information à analyser pour cette évaluation est la *largeur des boîtes* dans ces diagrammes ; plus celles-ci sont larges, et plus les erreurs mesurées pour chaque patient varient pour une même séquence de mouvement et à un même instant.

Nous constatons en observant ces figures que **la topologie des artères affecte les résultats de compensation de manière non-négligeable**. La variance inter-patients maximale mesurée pour l'erreur TRE 2D moyenne (pour $M = 3$ à la 37^{ème} image) vaut 0.35 mm (2.35 mm pour l'erreur TRE 3D moyenne, mesurée pour $M = 3$ à la 27^{ème} image).

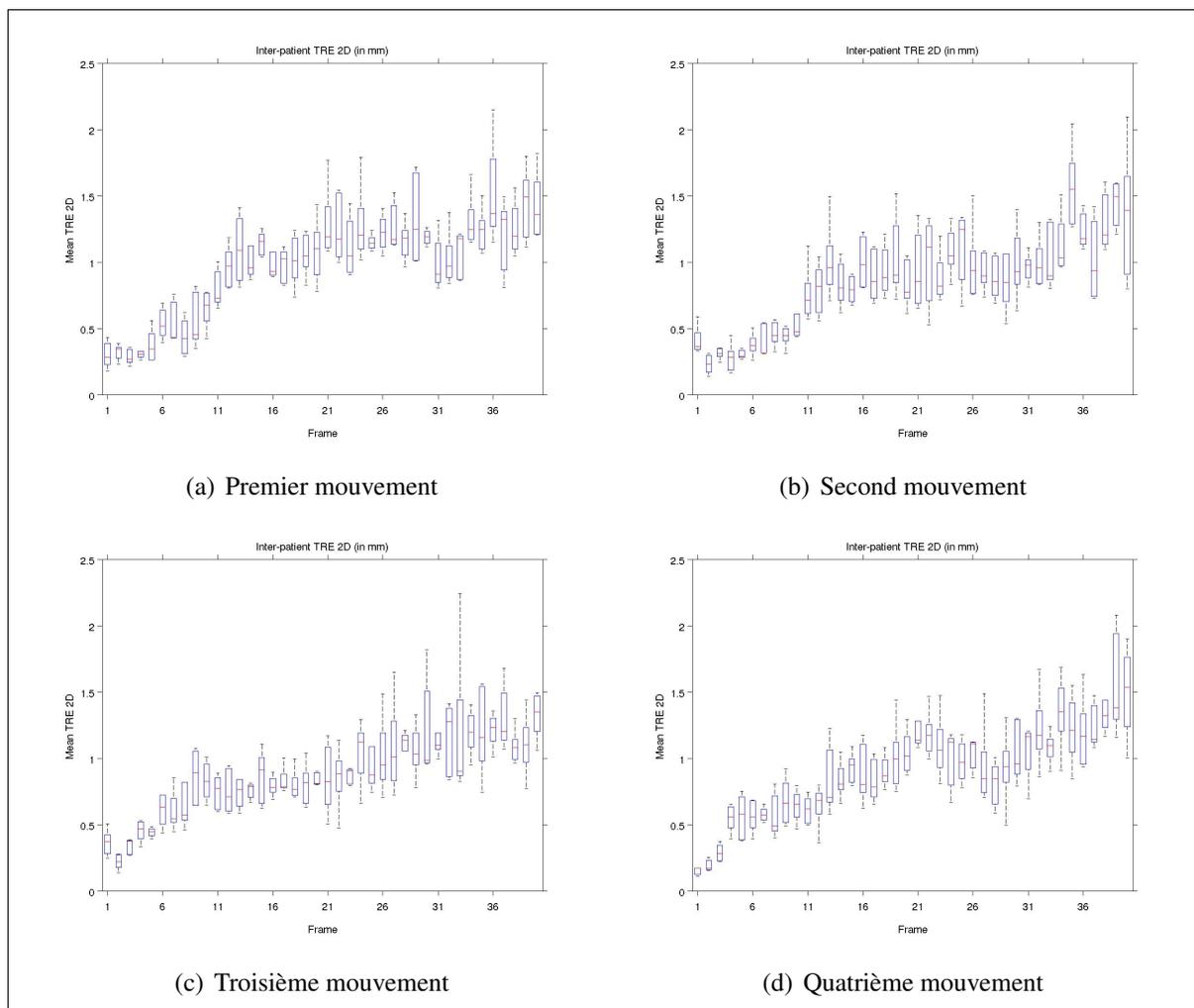


Figure 3.13 - Variabilité inter-patient de l'erreur TRE 2D moyenne au cours de quatre séquences de déformation

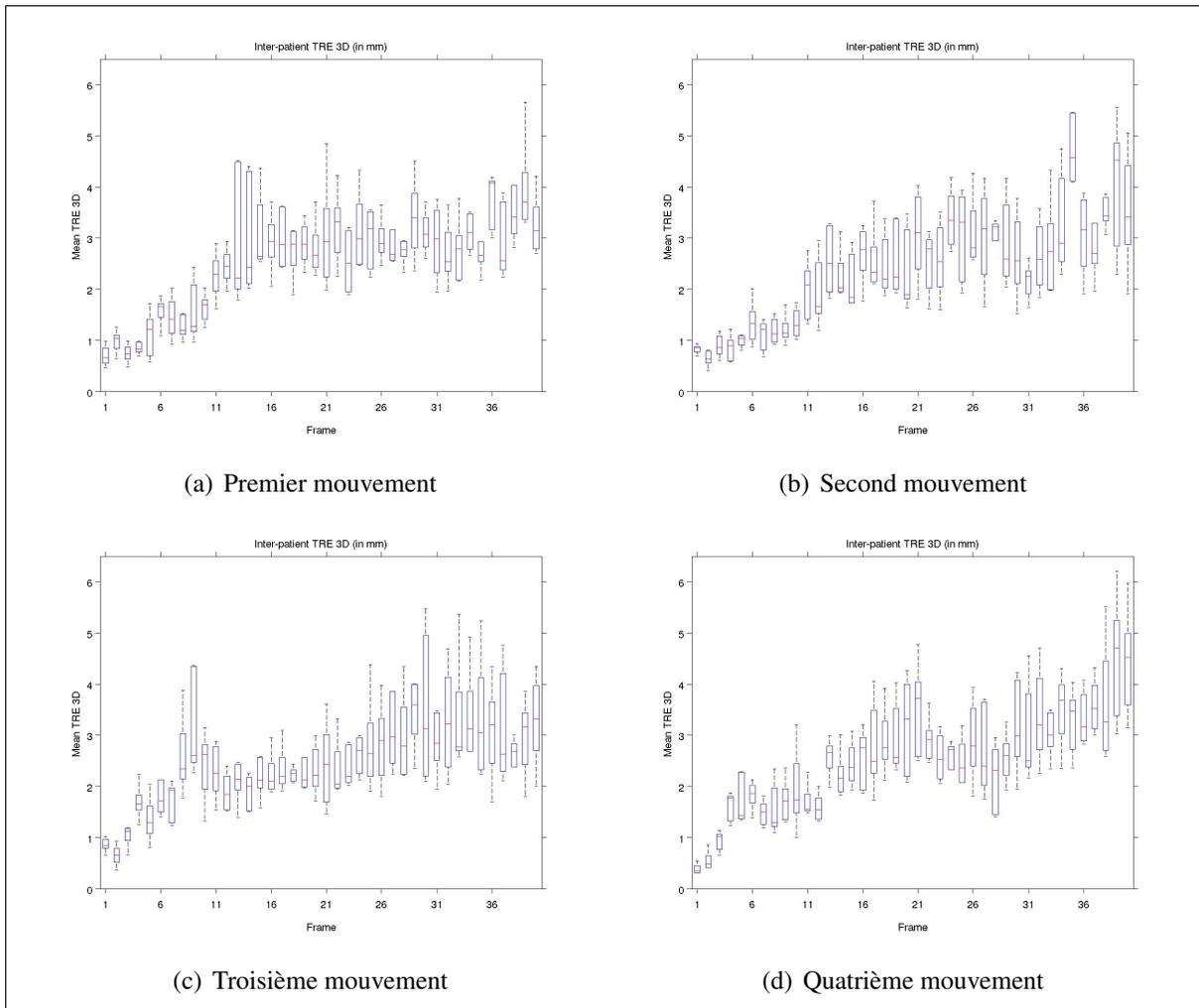


Figure 3.14 - Variabilité inter-patient de l'erreur TRE 3D moyenne au cours de quatre séquences de déformation

3.6 Compensation de mouvement sur des données réelles

L'évaluation de notre méthode sur des données réelles est particulièrement complexe pour plusieurs raisons :

- Premièrement, si nous disposons de modèles 3D des artères coronaires, et de séquences angiographiques correspondantes, notre hypothèse d'un recalage initial parfait est *non-triviale*, et il nous est nécessaire de disposer d'un moyen de projeter le modèle 3D dans le même repère que les images observées. Par ailleurs, les informations relatives aux paramètres intrinsèques et extrinsèques du dispositif à rayons X utilisé en salle d'opération (généralement disponibles) *ne sont pas suffisantes*, notamment parce que la position du patient sur la table d'opération peut varier entre les examens CT et XA. Il s'agit donc en-soi d'un problème de *recalage rigide*, qui doit être adressé.
- Deuxièmement, la question de l'*évaluation quantitative* pose problème, puisque la position 3D réelle des artères coronaires est *inconnue*, et qu'il n'existe aucun moyen simple de la déterminer.

Des reconstructions 3D peuvent être effectuées par des considérations épipolaires (comme dans Shechter et al. [2003]), à partir d'angiographies biplanes ou rotationnelles, mais sortent du cadre de ce mémoire.

- Enfin, divers facteurs de perturbation entrent en ligne de compte par rapport au cadre de simulation précédent ; par exemple, la segmentation des images angiographiques est un problème de recherche actuelle, et les méthodes existantes sont perfectibles. Le filtrage vasculaire des images angiographiques résulte donc en des *segmentations imparfaites*, ce qui affecte les performances de notre méthode de compensation. Nous discuterons plus bas les effets de ces perturbations.

Les remarques précédentes soulignent la nécessité d'établir clairement notre cadre d'évaluation.

Les données du patient #3 seront utilisées. La séquence angiographique correspondante contient 18 images pour un cycle cardiaque complet, celle-ci a été segmentée à l'aide du filtre vasculaire de Frangi et al. [1998], puis seuillée pour obtenir une séquence d'images binaires, sur laquelle nous avons manuellement retiré le cathéter avant d'exécuter un amincissement topologique (voir Fig. 3.15(a) et 3.15(b)).

Le filtre de particules et les gabarits de paramètres ont été configurés selon les Tableaux 3.8 (paramètres par défaut) et 3.9. Dans le Tableau 3.9, les deux dernières colonnes ($\sigma_{\theta,0}$ et σ_{θ}) correspondent aux écarts-types des différents paramètres de déformation. Les matrices de covariance du modèle $\Sigma_{\theta,0}$ et Σ_{θ} sont calculées en plaçant les carrés de ces valeurs sur la diagonale des matrices correspondantes. Faute d'apprentissage disponible, les gabarits ont été configurés manuellement à l'aide de la fonction définie Eq. (2.4.3.2.2) page 99, de manière à ce que le mouvement généré présente les mêmes *tendances* que la séquence observée. Le gabarit synthétique ainsi généré permet au filtre de particules de disposer d'une connaissance *a priori* approximative, mais pertinente, du mouvement à compenser.

Spécifiquement, la visualisation de la séquence angiographique nous a conduit aux observations suivantes :

- Sur le mouvement observé, la contraction est clairement composée d'une translation globale, d'une rotation globale, et d'un mouvement non-rigide local.
- Ces trois mouvements apparaissent séquentiellement dans l'ordre translation-rotation-contraction, ce qui signifie que la «durée» (paramètre δ_{ϕ}) du mouvement de translation est plus longue que celle du mouvement de rotation, qui à son tour est plus longue que la durée de contraction. Nous avons donc :

$$\delta_{\phi,\text{translation}} > \delta_{\phi,\text{rotation}} > \delta_{\phi,\text{non-rigide}}$$

Les paramètres de gabarit ont été assignés en conséquence :

$$\delta_{\phi,\text{translation}} = \pi/5 \quad \delta_{\phi,\text{rotation}} = \pi/15 \quad \delta_{\phi,\text{non-rigide}} = \pi/30$$

- Les rotations observées sont faibles et se font selon les axes x et y du repère global (voir Fig. 2.8 page 90), dans des sens opposés :

$$M(r_y) = -M(r_x) = \pi/30$$

- Les translations observées sont notablement plus importantes selon l'axe z que selon les axes x et y :

$$M(t_z) = -3 \quad M(t_y) = -M(t_x) = -1$$

- Les contractions proximales (a_0) et globales (a_4) sont faibles⁷ :

$$M(a_0) = M(a_4) = 0.9$$

- Enfin les mouvements de pivotement et de torsion (a_1 , a_2 et a_3) sont très faibles :

$$M(a_1) = M(a_2) = M(a_3) = -0.03$$

Les coefficients $\Sigma_{\theta,0}$ et Σ_{θ} ont été harmonisés sur les différents types de paramètres compte tenu des observations précédentes. L'ensemble des paramètres de gabarit, ainsi que les coefficients de déviation, sont résumés Tab. 3.9. La validation des résultats – faute de reconstruction 3D du mouvement observé – se fera de façon *visuelle* en superposant la projection du recalage à chaque instant sur l'image de la séquence traitée (voir Fig. 3.15(c)). Une reprojexion sur le second plan de l'angiographie est également illustrée Fig. 3.15(d).

Les résultats obtenus sont globalement *très encourageants* : entre la première et la dernière image de la séquence, la structure projetée s'aligne peu à peu avec la structure observée sur le plan de projection traité.

7. Nous rappelons que les valeurs par défaut des paramètres de déformation correspondants sont unitaires (facteurs d'échelle).

Tableau 3.8

Paramètres de similarité et du filtre de particules pour l'évaluation sur données réelles

Similarité	DT_a	Q_r avec $r = 0.5$
	DT_s	Q_r avec $r = 0.5$
	S	S_C
Filtre de Particules	N	600
	σ_ϕ	0.3
	α	0.85

Tableau 3.9

Configuration manuelle des gabarits pour la compensation sur données réelles

Paramètre	m	M	μ	δ	$\sigma_{\theta,0}$	σ_θ
t_x	0	1	π	$\pi/5$	0.15	0.1
t_y	0	-1	π	$\pi/5$	0.15	0.1
t_z	0	-3	π	$\pi/5$	0.15	0.1
r_x	0	$-\pi/30$	π	$\pi/15$	$\pi/200$	0.05
r_y	0	$\pi/30$	π	$\pi/15$	$\pi/200$	0.05
r_z	0	0	π	$\pi/15$	$\pi/500$	0
a_0	1	0.9	π	$\pi/30$	0.01	0
a_1	0	-0.03	π	$\pi/30$	10^{-3}	0
a_2	0	-0.03	π	$\pi/30$	10^{-3}	0
a_3	0	-0.03	π	$\pi/30$	10^{-3}	0
a_4	1	0.9	π	$\pi/30$	0.01	0.01
a_5	0	0	π	$\pi/30$	0	0

Cependant, on remarque un défaut de recalage (voir les branches supérieures) sur les images 2 et 3 Fig. 3.15(c) : ces erreurs sont causées par les *segmentations bruitées* des images angiographiques correspondantes (Fig. 3.15(b)), et non par les insuffisances du modèle de déformation (la dernière image de la séquence est visuellement parfaitement recalée).

Les résultats du recalage sur la seconde projection (qui n'est pas connue de l'algorithme de compensation) est incorrecte ; ce résultat illustre l'une des faiblesses prédictibles de notre méthode, à savoir que l'estimation du mouvement basée sur un seul plan de projection n'assure pas une bonne précision dans la direction orthogonale au plan.

Pour finir, nous proposons une comparaison visuelle Fig. 3.16 entre les paramètres de déformation estimés par notre méthode de compensation (générés par le filtre de particules) et ceux du gabarit définis manuellement. Afin que cette analyse ne se limite pas à l'évolution sur un seul cycle cardiaque, et pour mettre en évidence le phénomène d'apprentissage, nous avons reproduit l'évaluation en concaténant artificiellement la séquence angiographique sur deux cycles.

Sur cette figure, les 12 paramètres de déformation de notre modèle sont représentés au cours de la séquence angiographique concaténée sur deux cycles. On observe que certains paramètres du gabarit correspondent approximativement au recalage effectué (t_x , a_1 et a_3 notamment), mais certaines déviations significatives sont également mises en évidence (t_y , t_z , r_x , a_2 et a_4).

Spécifiquement ces déviations suggèrent que la valeur par défaut des paramètres correspondants (paramètre m des gabarits) a été mal assignée, ce qui signifie que le recalage initial était erroné. On remarque toutefois que l'algorithme «s'adapte» à ce manquement, en dérivant image après image vers des valeurs de paramètres de déformation qui expliquent mieux le mouvement observé. Notons que ce comportement est permis notamment par la formulation des contraintes *non sur la valeur, mais sur la vitesse des paramètres* (voir §2.2.2). Ainsi à terme, l'information utile des gabarit (les tendances de variation) sera conservée, mais la valeur des paramètres peut être déviée. Cette déviation est particulièrement visible pour le paramètre r_y par exemple ; l'estimation correspondante oscille tout en augmentant en moyenne au cours de la séquence. Ceci met en évidence la capacité d'apprentissage de notre méthode stochastique de compensation ; ce phénomène permet d'assurer la personnalisation d'un recalage donné, malgré la formulation générale du problème – une grande force étant donnée la difficulté du problème posé.

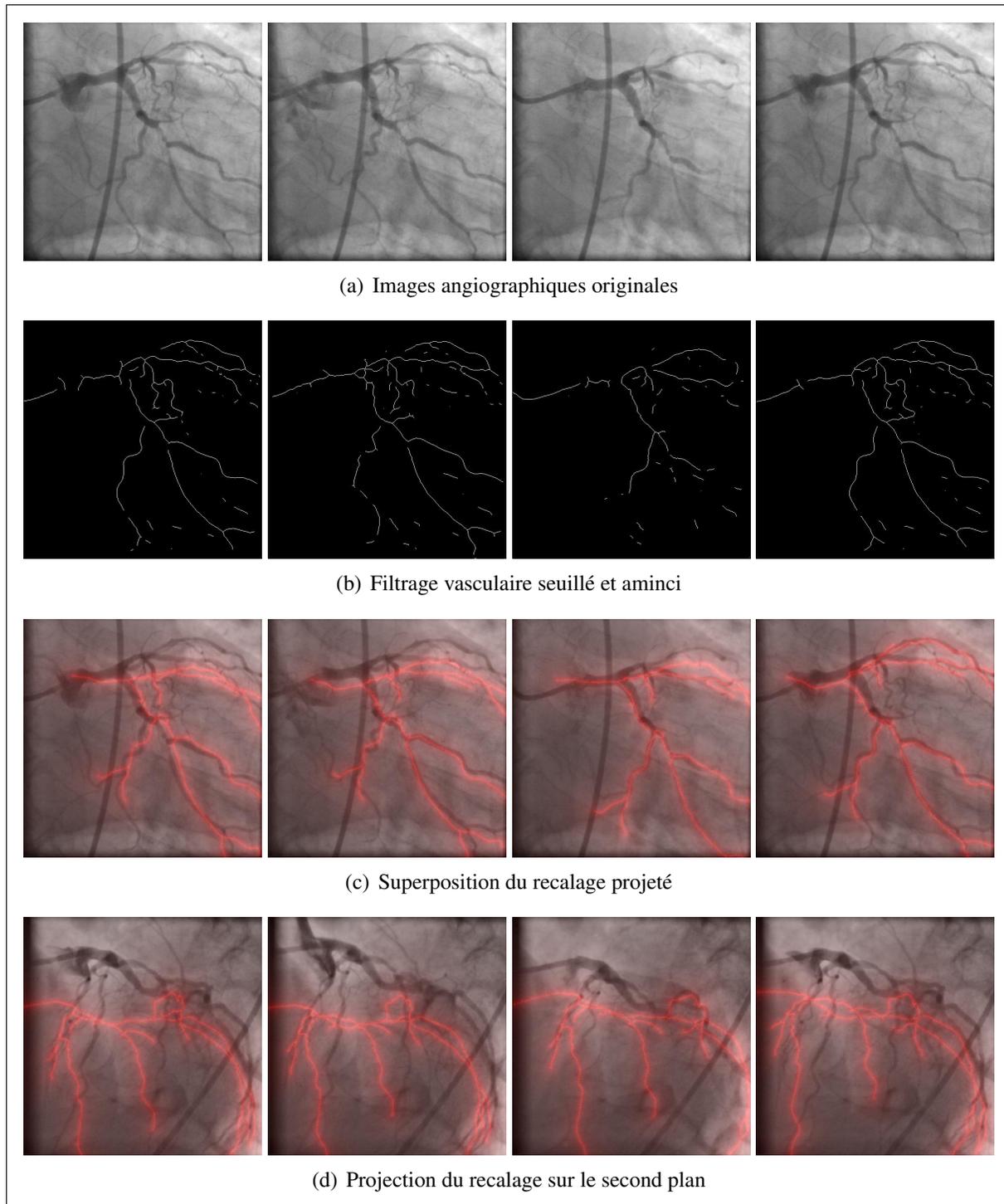


Figure 3.15 - Résultats visuels de l'évaluation sur données réelles

De gauche à droite figurent les images #1,6,12 et 18 de la séquence traitée.

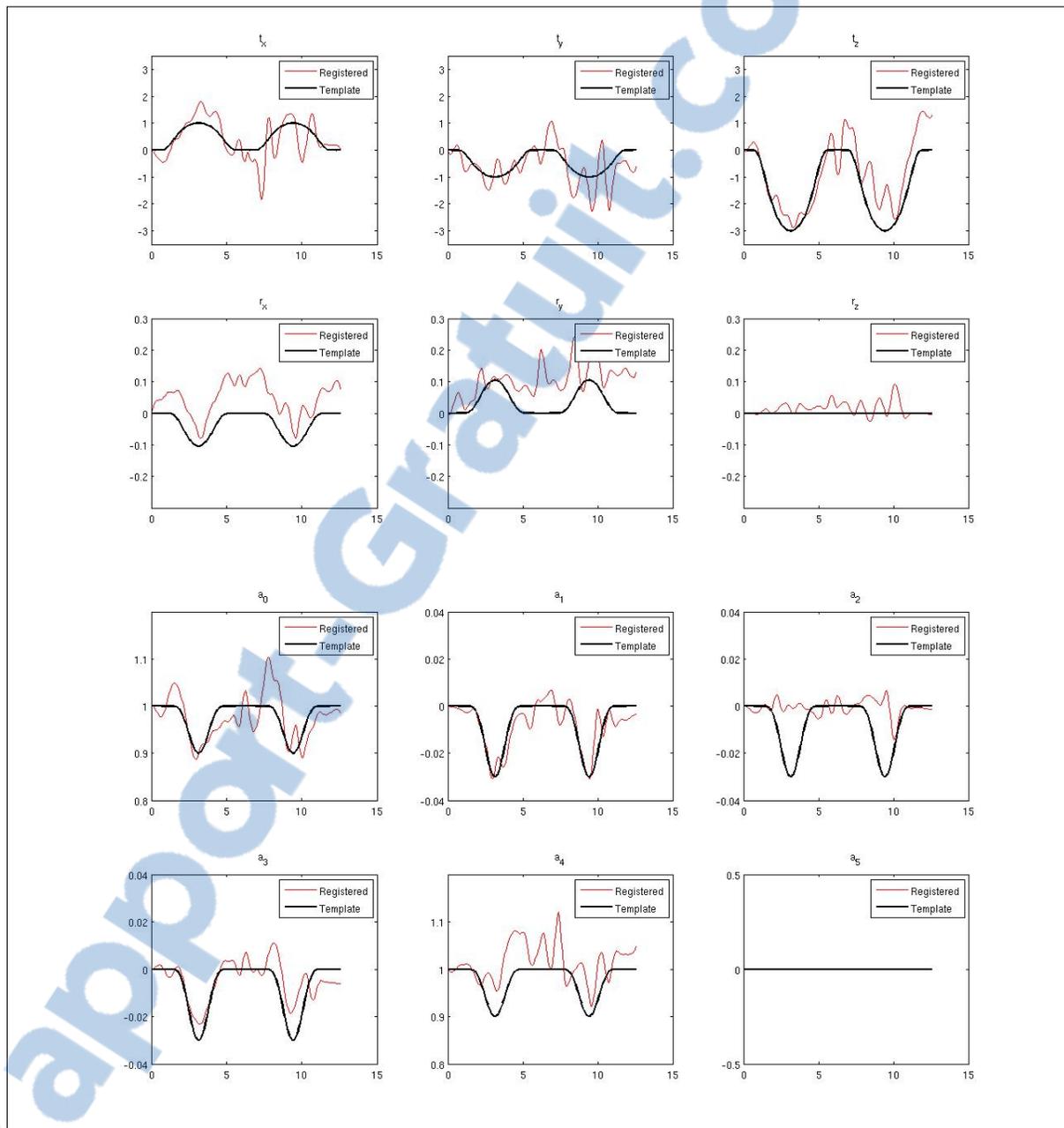


Figure 3.16 - Comparaison des paramètres estimés et des paramètres de gabarit pour l'évaluation sur données réelles

En noir, les courbes de gabarits, en rouge celles de recalage.

CONCLUSION

Dans le contexte de la compensation du mouvement des artères coronaires sur des séquences angiographiques à rayons X, nous avons présenté une méthode stochastique procédant par recalage 3D/2D à partir d'une séquence monoculaire (*i.e.* sous un seul angle de vue), qui tire parti de la cyclicité du mouvement cardiaque. Notre approche se classe parmi les méthodes projectives, itératives, et basées sur une comparaison de caractéristiques (segmentation des données volumétriques et des images de la séquence). Elle est entièrement basée sur l'analyse d'images, ce qui permet une utilisation transparente dans un environnement hospitalier. Nous rappelons que le problème de compensation du mouvement des artères coronaires est difficile principalement à cause de la nature brusque et non-rigide du mouvement cardiaque, de la grande variabilité de la topologie des artères coronaires en fonction des patients traités, et des contraintes de temps de calcul imposées par une application potentielle en temps réel.

Nos contributions principales par rapport aux autres méthodes de la littérature reposent sur la modélisation stochastique du processus de compensation, sur l'utilisation d'un modèle de mouvement cardiaque, et sur la capacité de notre méthode à apprendre les paramètres du mouvement observé en même temps qu'elle le compense. Cette approche est, à notre connaissance, unique dans littérature, et nous nous sommes efforcés de démontrer son efficacité et sa robustesse. Le modèle stochastique permet notamment de compartimenter efficacement les différents acteurs de notre méthode (estimation de la phase cardiaque, modèle de déformation et modèle de similarité) et de réguler leur interaction au cours du temps. L'utilisation conjointe d'un modèle de déformation compact et d'une technique d'estimation de la phase cardiaque permet d'une part d'introduire une contrainte de cyclicité du mouvement, et d'autre part de réduire considérablement le nombre de paramètres à optimiser pour le recalage, ce qui se traduit par des temps de calcul particulièrement faibles (quelques secondes par image). Enfin le fait de contraindre non les valeurs des paramètres de déformation au cours du cycle cardiaque, mais leur vélocité, confère à notre modèle une capacité de personnalisation du traitement malgré sa formulation générale, et le phénomène d'apprentissage est mis en évidence lors de l'évaluation sur une séquence angiographique réelle.

L'objectif de recalage 3D/2D interprété comme un problème de maximisation *a posteriori* (MAP) permet d'estimer les paramètres de la déformation recherchée à chaque instant suivant un compromis entre *vraisemblance* (évaluée par la mesure de similarité) et *pertinence*. La pertinence d'une déformation repose toutefois sur une connaissance *a priori* de l'évolution des paramètres de déformation au cours d'un cycle cardiaque. Celle-ci est constituée par des gabarits de vitesses idéalement appris empiriquement, et qui doivent être fournis à l'algorithme au préalable de la compensation.

La validation a été effectuée en deux temps ; en caractérisant tout d'abord l'influence des différents paramètres du modèle et celle de facteurs externes (erreur de recalage initial, erreur sur les gabarits et incertitude sur la position des points 3D) au moyen de simulations, puis en évaluant les résultats obtenus sur des données réelles.

Il apparaît suite à ces évaluations que l'incertitude sur les paramètres de déformation a des effets bien plus marqués que l'incertitude sur la phase cardiaque. Le choix d'une métrique de similarité peut affecter considérablement la qualité du recalage (d'un facteur 2 entre le meilleur cas et le pire cas lors de nos expérimentations). L'effet de l'incertitude sur les positions 3D des points de la ligne centrale des artères coronaires est linéaire sur la précision du recalage. L'effet d'un mauvais recalage initial est incertain, et le mouvement n'est pas toujours recouvrable parce que les perturbations introduites par l'erreur initiale s'ajoutent aux perturbations causées par le mouvement cardiaque brusque. La topologie des artères coronaires affecte la qualité du recalage de manière non-négligeable ; nous constatons des variances moyennes de 0.38 mm dans le plan de projection, et de 1.07 mm en trois dimensions.

La validation sur des données réelles met en évidence la capacité d'apprentissage de notre méthode, ainsi que son incapacité à estimer précisément le mouvement de profondeur par rapport au plan de projection. Les résultats obtenus sont très encourageants (la projection du recalage est visuellement correcte dans le plan de projection), et appellent à de plus amples expérimentations sur des données réelles.

Nous suggérons ci-après des extensions possibles de notre travail, à court terme et à long terme. Le point principal à discuter concerne les gabarits de vélocités. Lors de nos expérimentations, nous avons été contraints de proposer une méthode de configuration manuelle, mais ces gabarits sont idéalement appris empiriquement. Cet apprentissage peut être effectué par une extension directe de notre méthode à l'utilisation d'une séquence angiographique biplane ; les seules modifications impliquent une projection supplémentaire du modèle 3D déformé, et une sommation des mesures de similarité correspondantes aux deux angles de projection. Alternativement, le mouvement des artères coronaires peut être reconstruit en utilisant des acquisitions provenant d'autres modalités comme des examens 4DCT ou des angiographies rotationnelles. Quelle que soit la technique utilisée pour l'estimation du mouvement 4D sur plusieurs cas cliniques, la synthèse des résultats obtenus consisterait alors à moyenner ces estimations sur le cycle cardiaque (en portant une attention particulière à la variance de ces estimations pour assurer la validité de cette approche), et à les différencier pour fournir la connaissance *a priori* requise par notre algorithme de compensation.

Concernant les points de méthodologie, il serait pertinent d'investiguer l'effet d'un filtrage particulière itératif à chaque instant, en réduisant globalement le nombre de particules utilisées pour chaque itération (suivant une approche assimilable à une technique «diviser pour régner»). Dans ce cas, il pourrait être envisageable de définir des paramètres de confiance au gabarit (α), et de variances sur les paramètres de déformation ($\Sigma_{\theta,0}, \Sigma_{\theta}$) modulés par la mesure de similarité moyenne à chaque itération (suivant une approche «en entonnoir», ou *coarse-to-fine* en anglais, et comme décrit dans Ruijters et al. [2009]).

Pour terminer, les applications cliniques de la technique présentée dans ce mémoire sont nombreuses. Tout d'abord, une utilisation relativement directe consisterait à fournir au chirurgien un plan de navigation 3D actualisé à chaque instant pendant les interventions par cathétérisme. Ceci permettrait une amélioration considérable des conditions d'intervention, notamment au regard des problèmes de localisation qui peuvent intervenir à cause de la complexité topologique du réseau artériel traversé, ou du faible contraste angiographique causé par un diamètre artériel trop faible dans les cas pédiatriques par exemple.

En second lieu, l'apprentissage permis par la méthode présentée permettrait à terme de constituer une base de données conséquente de mouvements cardiaques. Il serait alors naturel et pertinent de chercher à savoir si oui ou non des méthodes classiques d'intelligence artificielle (régression, regroupement, classification, *etc.*) permettraient de reproduire les diagnostics associés aux données enregistrées. Ces méthodes pourraient permettre des diagnostics automatisés dans certains cas, voire même révéler de nouveaux critères statistiquement significatifs pour le diagnostic de certaines pathologies.

En troisième et dernier lieu, l'une des applications à long terme les plus importantes des méthodes de compensation concerne les interventions chirurgicales entièrement robotisées. En effet, l'estimation précise, robuste et rapidement calculable de la position en 3D et à tout instant de structures anatomiques aussi complexes que les artères coronaires permettrait le guidage automatisé d'instruments chirurgicaux (miniaturisés ou par cathétérisme) à travers le réseau sanguin lors d'interventions robotisées sans support humain – un progrès scientifique potentiellement majeur dans le domaine de la santé.

ANNEXE I

SÉLECTION DU MEILLEUR POINT-DE-VUE

1 Notations

Dans la suite, nous utilisons les notations suivantes :

- \mathcal{O} est un objet décrit par un nuage de N points supposé réparti de façon homogène dans l'espace qu'il occupe. On note \mathcal{B} le barycentre du nuage de points.
- $\mathbf{X}_i = (X_{i,1}, X_{i,2}, X_{i,3})$ est le $i^{\text{ème}}$ point 3D de \mathcal{O} .
- (α, β) sont deux angles (primaire et secondaire) qui suffisent à déterminer la position d'une "caméra" orbitant sur une sphère centrée sur \mathcal{B} . Le rayon de la sphère est supposé suffisant pour visualiser la totalité de l'objet.
- $\mathbf{Y}_i(\alpha, \beta) = (Y_{i,1}, Y_{i,2})$ est le point 2D correspondant au point \mathbf{X}_i projeté sur le plan d'observation, sachant la position de la caméra (α, β) .
- $\varepsilon_i(\alpha, \beta)$ est un coefficient de pénalité pour le $i^{\text{ème}}$ point 3D, qui dépend du point de vue (α, β) (par exemple, une pénalité binaire pour la visibilité du point sous cet angle de vue). On impose $\sum_{i=1}^N \varepsilon_i(\alpha, \beta) = 1$ (normalisation).
- (P_1, \dots, P_n) sont n caractéristiques calculables pour chaque point 3D X_i . Ces caractéristiques concernent les points 3D seulement, et sont supposées *indépendantes*.

2 Recherche formelle du meilleur point de vue

La sélection du meilleur point de vue suppose l'existence d'une mesure de qualité pour un point de vue (α, β) donné. On définit la qualité de l'angle de de vue (α, β) :

$$Q_{\mathcal{O}}(\alpha, \beta) = \sum_{i=1}^N \varepsilon_i(\alpha, \beta) \sum_{j=1}^n P_j(X_i) \left\| \frac{\partial \mathbf{Y}_i(\alpha, \beta)}{\partial P_j} \right\| \quad (\text{A I.1})$$

où $\| \cdot \|$ est une norme quelconque (Euclidienne par exemple).

Cette formule décrit simplement une somme des contributions de chaque point 3D pour une vue (α, β) , pénalisée par la visibilité (rôle de ε), et pondérée par les caractéristiques considérées. L'angle d'observation optimal correspond à l'image sur laquelle les points projetés peuvent le plus facilement être discriminés en fonction des caractéristiques d'observation considérées.

Sélectionner la meilleure orientation pour la mesure Q consiste alors simplement à trouver :

$$(\alpha_0, \beta_0) = \arg \max_{\alpha, \beta} Q_{\mathcal{O}}(\alpha, \beta)$$

L'équation A I.1 n'est toutefois valide que si les caractéristiques sont *indépendantes*. Nous considérerons que c'est bien le cas en première approximation.

3 Application

Dans la suite, $V(\alpha, \beta)$ est le vecteur unitaire orthogonal au plan d'observation orienté dans le sens *Camera* \rightarrow \mathcal{B} . Nous définissons une unique caractéristique d'observation, que nous nommons *silhouette*, donnée par l'ensemble des rayons $P(X_i) = d(\mathcal{B}, \mathbf{X}_i)$ où d est la distance Euclidienne. Enfin, nous définissons un coefficient de pénalité binaire ε_i pour chaque point \mathbf{X}_i , qui vaut 1 si \mathbf{X}_i est visible sous l'angle d'observation courant, et 0 sinon.

Pour chaque point \mathbf{X}_i , Φ_i représente l'angle $(V(\alpha, \beta), \overrightarrow{\mathbf{X}_i\mathcal{B}})$ entre le rayon associé à ce point, et la direction d'observation. Nous munissons par ailleurs le plan d'observation d'un système de coordonnées cylindriques centré à la projection de \mathcal{B} . Chaque point projeté y possède une coordonnée radiale $\rho(Y_i) = P(X_i)\sin\Phi_i$, et une coordonnée angulaire θ_i , qui est mesurée par rapport à une référence arbitraire mais statique.

Ce système de coordonnées nous permet d'exprimer $\frac{\partial \theta}{\partial P} = 0$, et $\frac{\partial \rho}{\partial P} = \sin \Phi$. Nous cherchons donc :

$$(\alpha_0, \beta_0) = \arg \max_{\alpha, \beta} \sum_{\mathbf{X}_i} \varepsilon_i P(X_i) |\sin \Phi_i|$$

Ce résultat est simple et rapide à calculer étant donné un nuage de points 3D (quel que soit le référentiel dans lequel leurs coordonnées sont exprimées). Le résultat (α_0, β_0) de cette optimisation définit l'angle qui maximise l'information visible de *silhouette*.

Selon les cas d'application, il peut être nécessaire d'ajouter des contraintes sur la zone admissible de solutions. Par exemple en imagerie cardiaque, la solution optimale ne peut correspondre à un angle d'observation dans la direction codale-craniale (des pieds vers la tête); en effet, même s'il existait un système d'imagerie capable d'acquérir des images sous cet angle de vue, l'ensemble des tissus du corps seraient imagés par la même occasion, et il serait impossible de distinguer le coeur. Il faut donc restreindre l'ensemble de recherche des angles primaires et secondaires en tenant compte de cette contrainte.

Enfin, quelques mots sur la méthode d'optimisation :

- Si l'objet \mathcal{O} possède des propriétés quelconques de symétrie, il se peut qu'il y ait plusieurs solution équivalentes ; il faut donc prévoir une procédure pour prendre une décision dans de telles situations.
- Si la topologie de l'objet \mathcal{O} est complexe, il se peut également qu'il existe une multitude de maxima locaux. Dans ce cas, on peut :
 - Itérer le processus d'optimisation plusieurs fois en démarrant à des positions différentes,
 - Utiliser un algorithme d'optimisation comme le *recuit simulé*, qui permette de sortir des optima locaux.

ANNEXE II

RÉSULTATS COMPLÉMENTAIRES POUR LES TESTS DE RECALAGE INITIAL

Les Figures II.1, II.2 et II.3 (resp. II.4, II.4 et II.4) représentent l'évolution de l'erreur TRE 2D (resp. 3D) au cours des séquences de mouvement traitées par l'algorithme de compensation. Elles correspondent aux résultats des expériences décrites §3.5.1 page 136, pour l'évaluation de l'influence du recalage initial sur la qualité de la compensation.

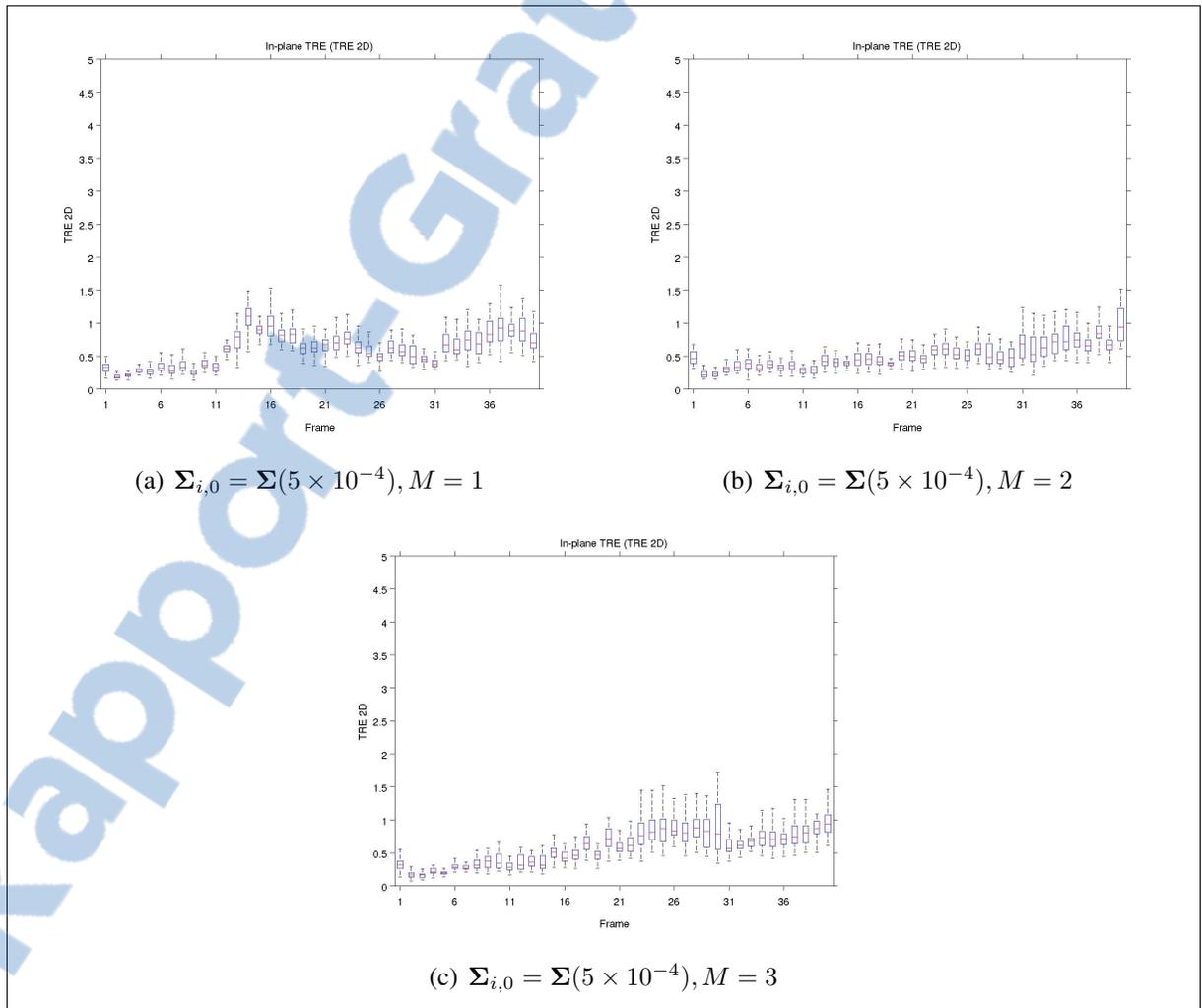


Figure-A II.1 - Évolution de l'erreur TRE 2D au cours des séquences de mouvement pour $\Sigma_{i,0} = \Sigma(5 \times 10^{-4})$.

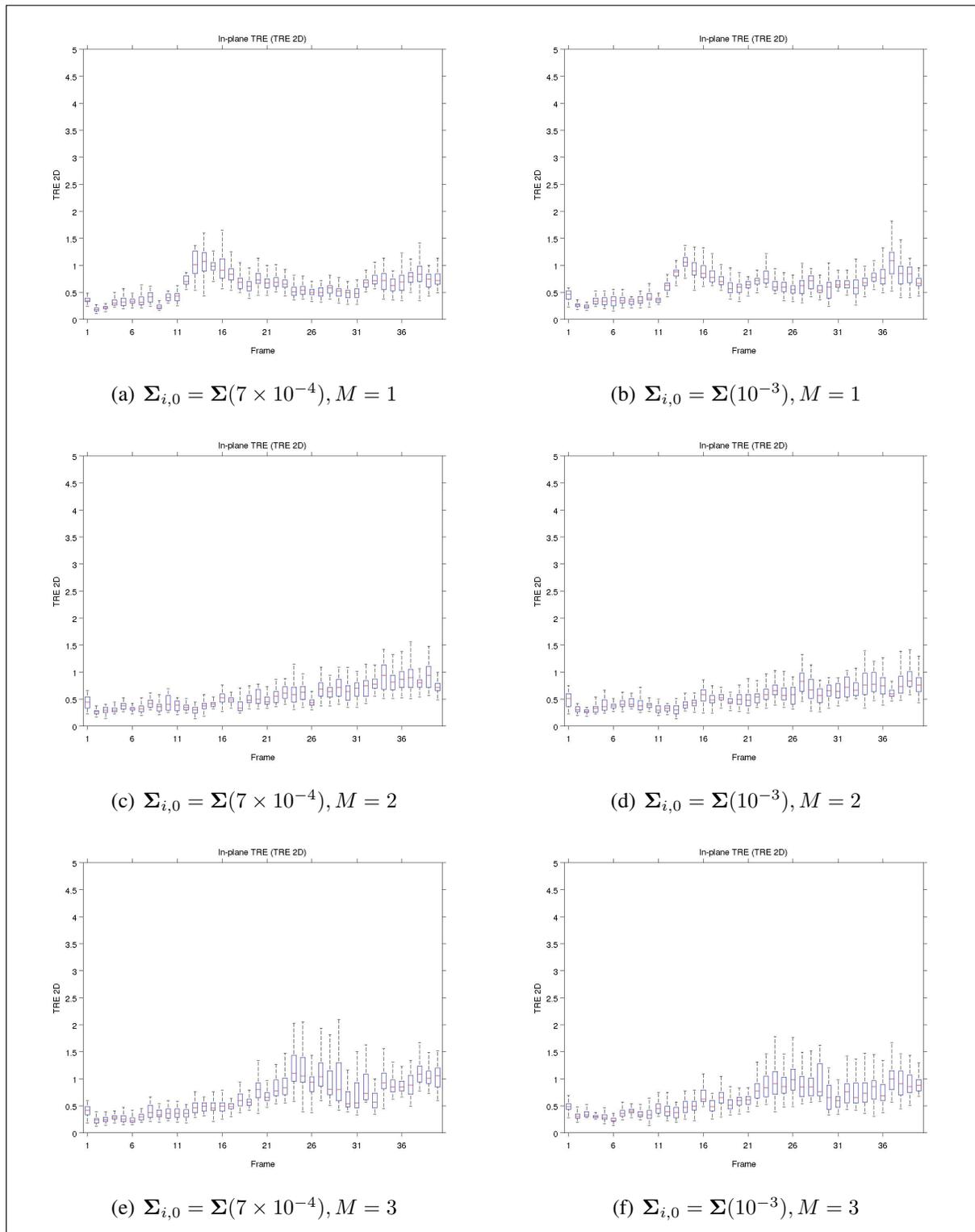


Figure-A II.2 - Évolution de l'erreur TRE 2D au cours des séquences de mouvement pour $\Sigma_{i,0} \in \{\Sigma(7 \times 10^{-4}), \Sigma(10^{-3})\}$.

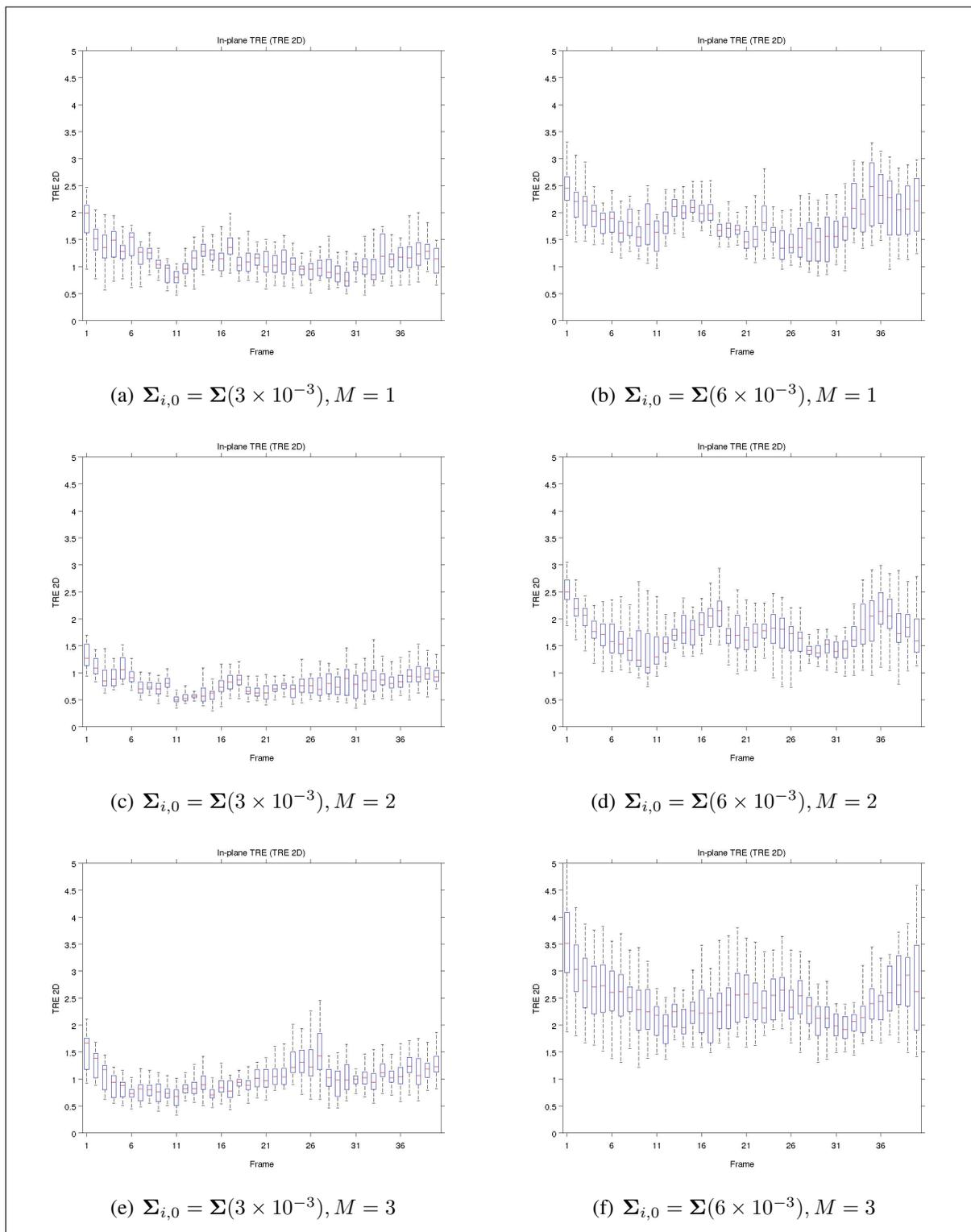


Figure-A II.3 - Évolution de l'erreur TRE 2D au cours des séquences de mouvement pour $\Sigma_{i,0} \in \{\Sigma(3 \times 10^{-3}), \Sigma(6 \times 10^{-3})\}$.

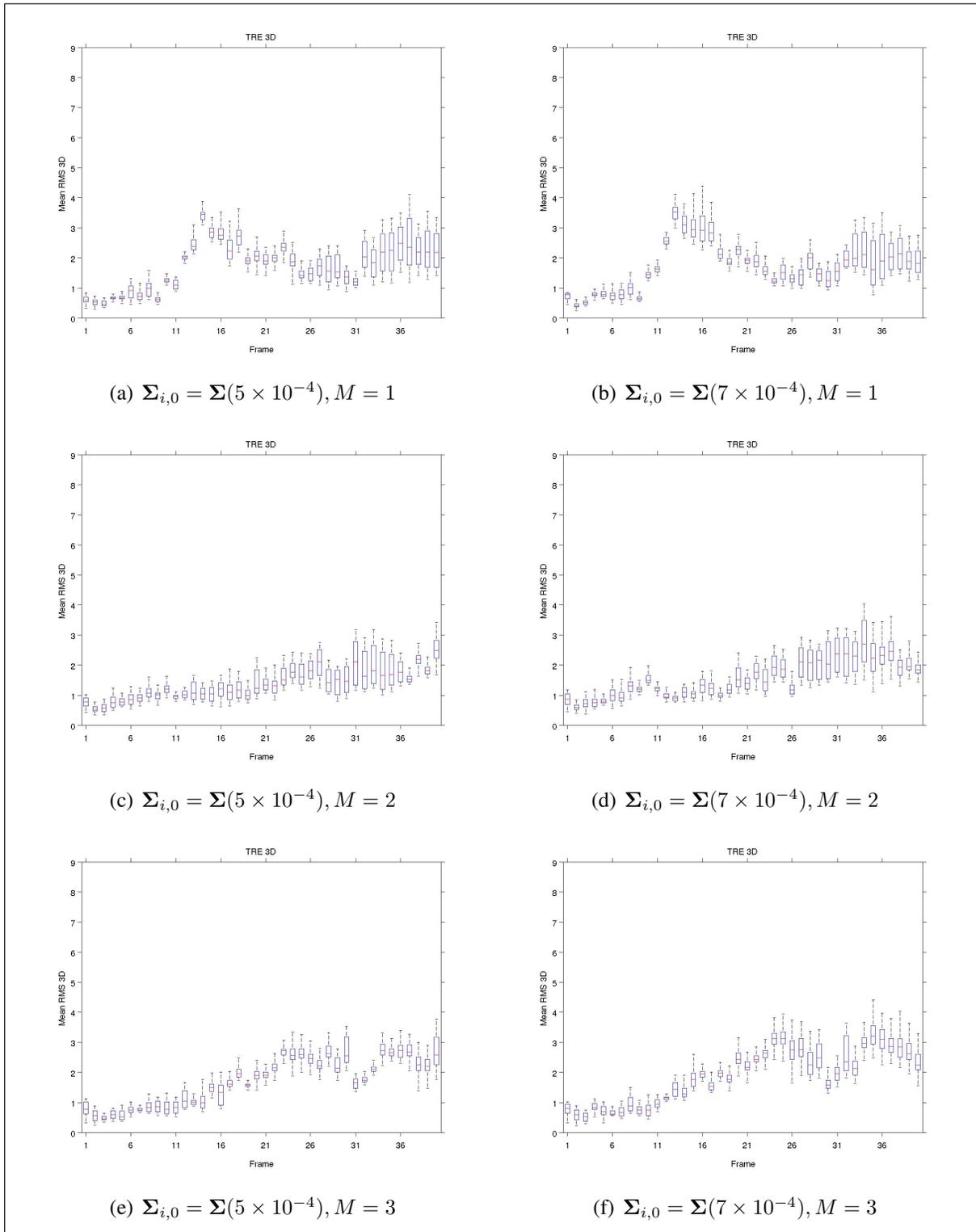


Figure-A II.4 - Évolution de l'erreur TRE 3D au cours des séquences de mouvement pour $\Sigma_{i,0} \in \{\Sigma(5 \times 10^{-4}), \Sigma(7 \times 10^{-4})\}$.

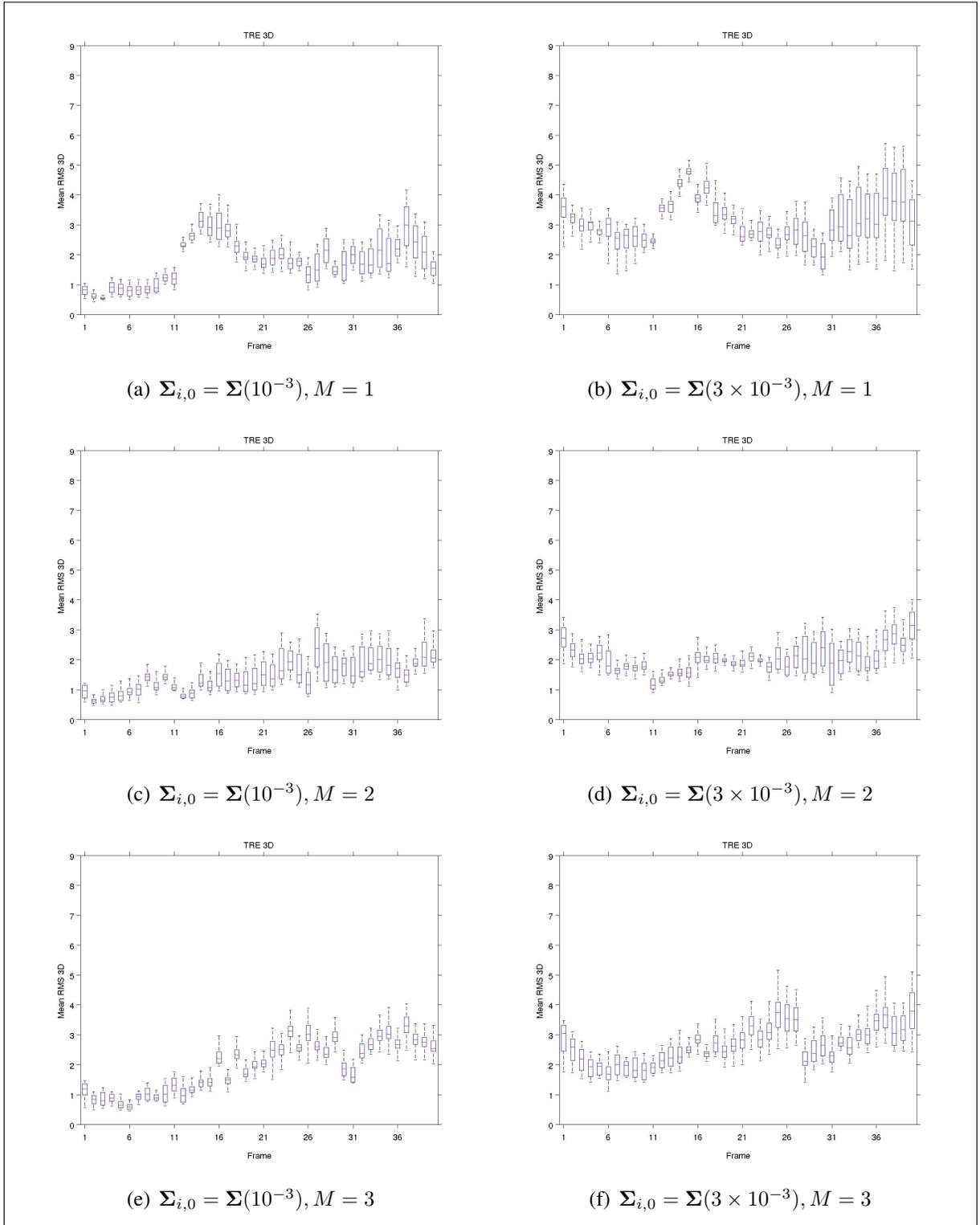


Figure-A II.5 - Évolution de l'erreur TRE 3D au cours des séquences de mouvement pour $\Sigma_{i,0} \in \{\Sigma(10^{-3}), \Sigma(3 \times 10^{-3})\}$.

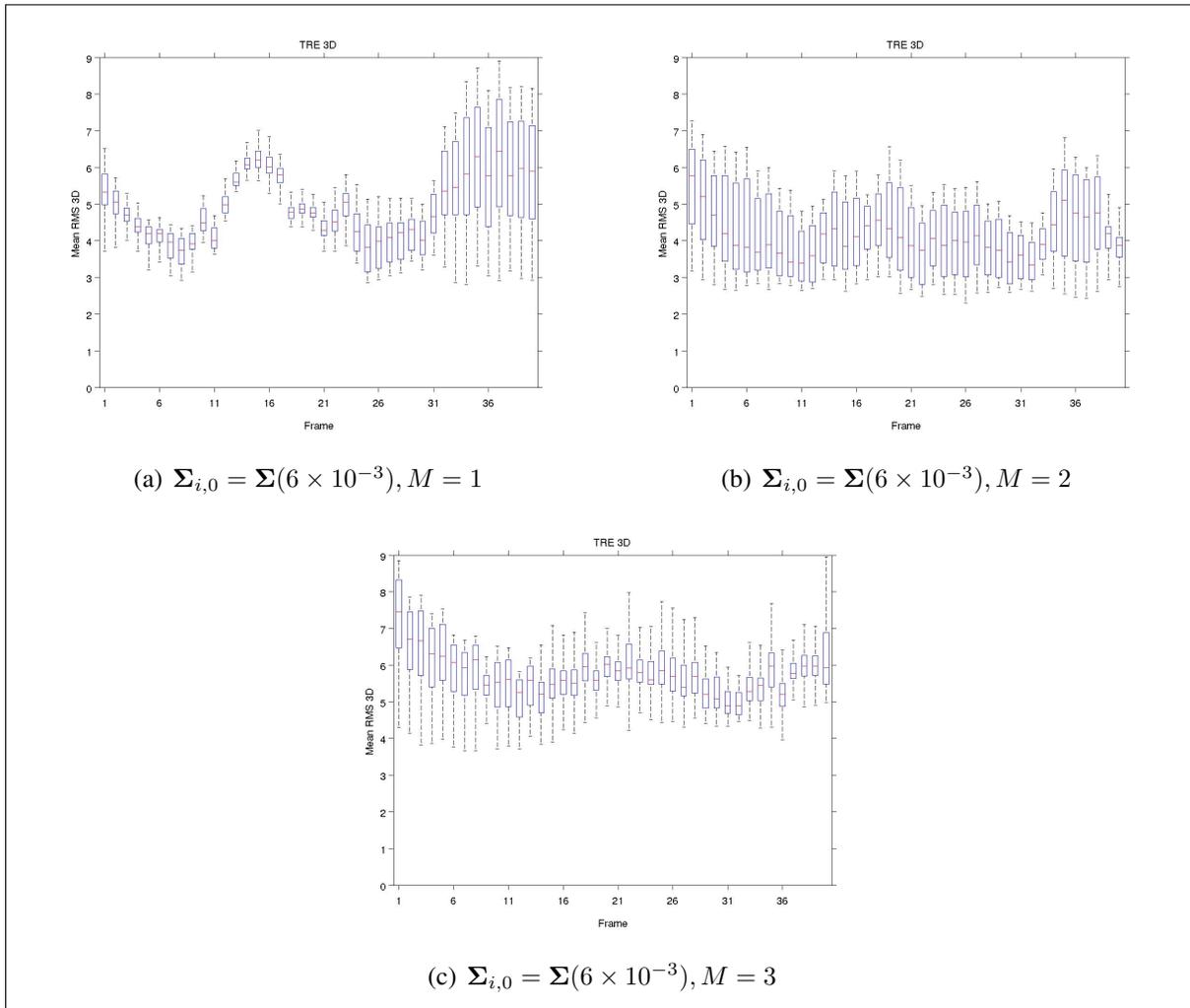


Figure-A II.6 - Évolution de l'erreur TRE 3D au cours des séquences de mouvement pour $\Sigma_{i,0} = \Sigma(6 \times 10^{-3})$.

ANNEXE III

RÉSULTATS COMPLÉMENTAIRES POUR LES TESTS INTER-PATIENTS

Les Figures III.1 et III.2 illustrent l'évolution des erreurs TRE 2D et 3D *maximales* au cours des différentes séquences de mouvements ($M = 1, 2, 3$ et 4). Ces figures correspondent aux résultats des expériences décrites §3.5.3 page 145 de ce mémoire, et visent à évaluer l'influence de la topologie 3D des artères sur la qualité de la compensation.

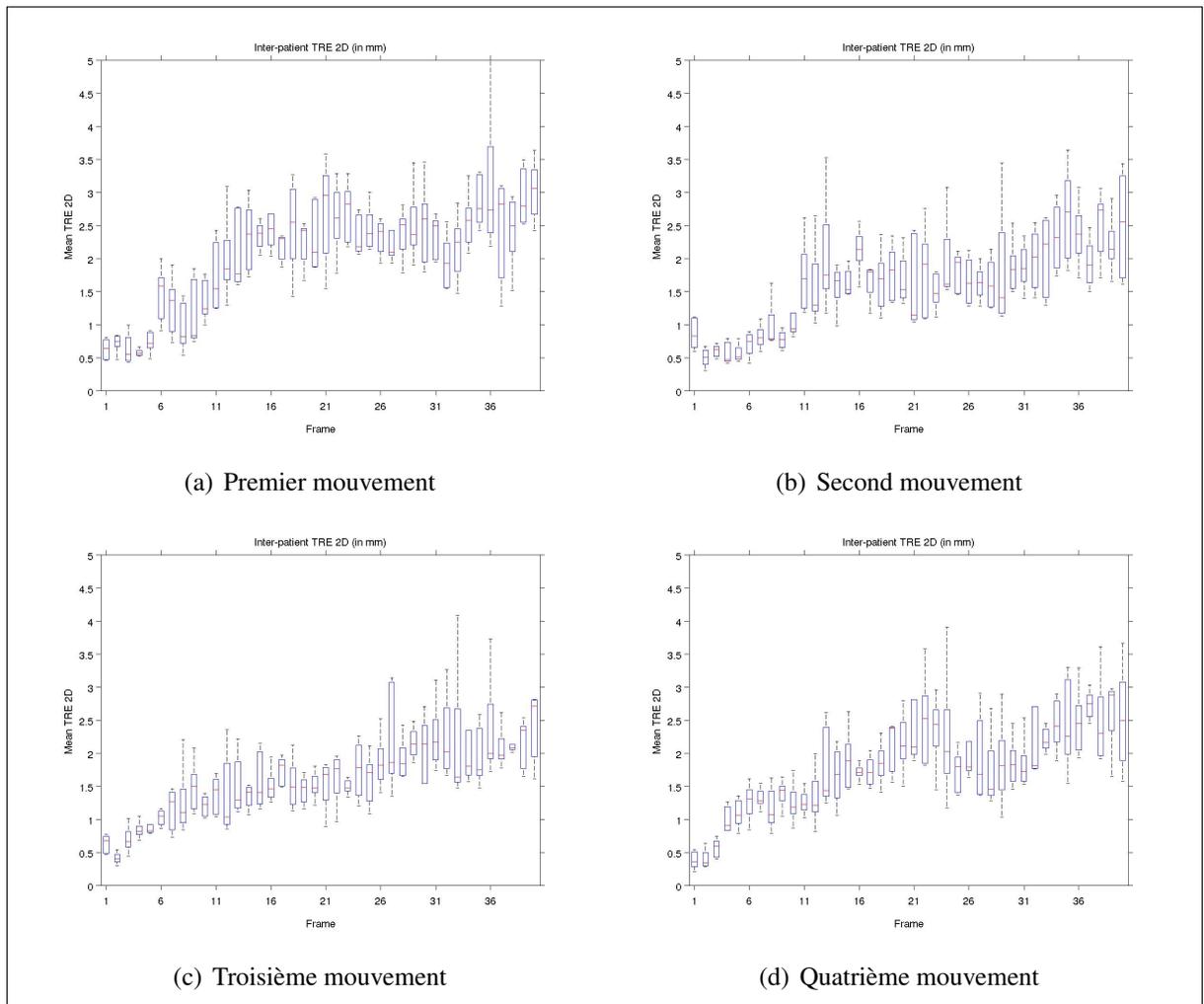


Figure-A III.1 - Variabilité inter-patient de l'erreur TRE 2D maximale au cours de quatre séquence de déformation.

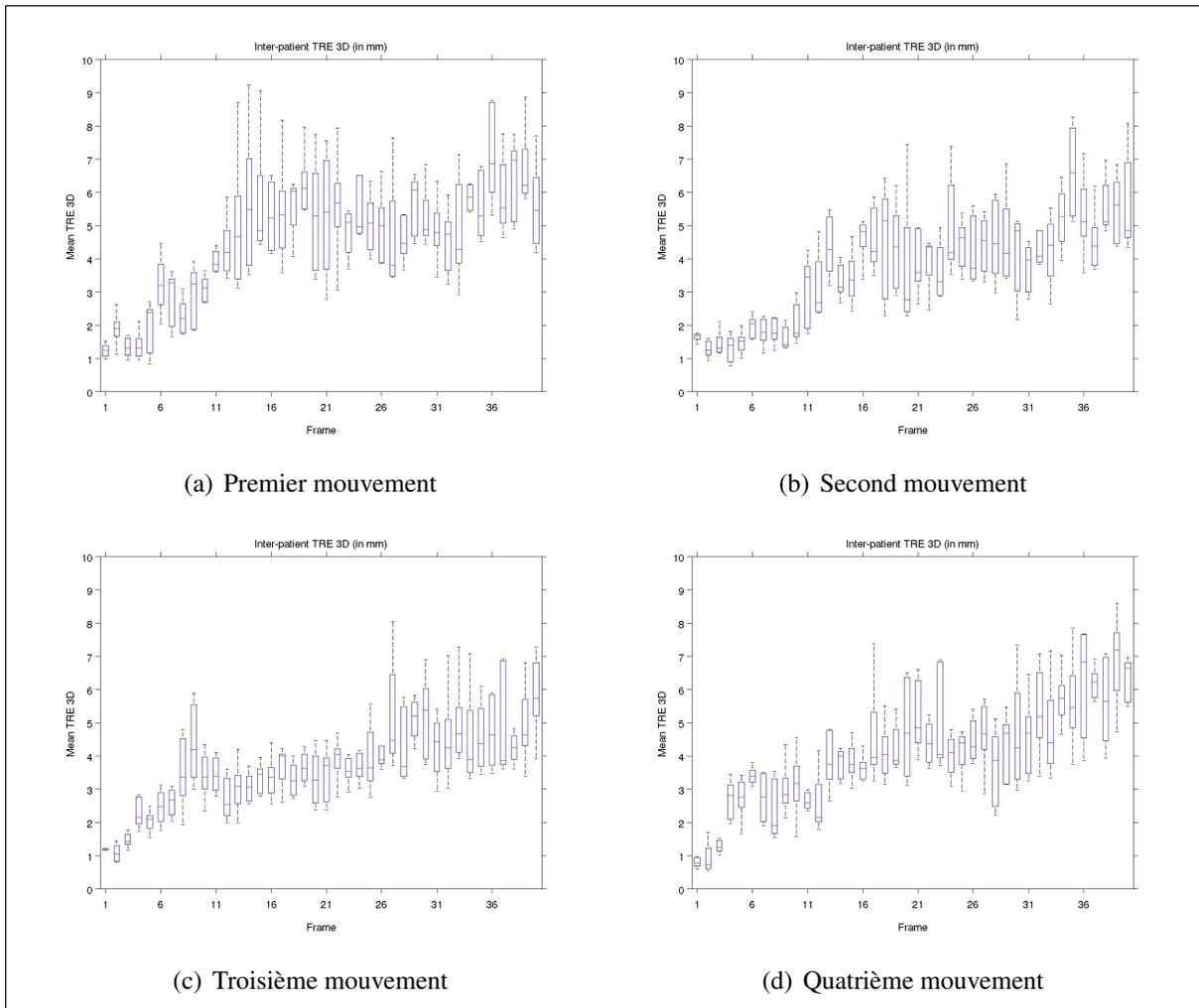


Figure-A III.2 - Variabilité inter-patient de l'erreur TRE 3D maximale au cours de quatre séquence de déformation.

La variance inter-patients maximale mesurée pour l'erreur TRE 2D maximale (pour $M = 1$ à la 36^{ème} image) vaut 1.28 mm (5.23 mm pour l'erreur TRE 3D maximale, mesurée pour $M = 1$ à la 14^{ème} image).

APPENDICE A

ANATOMIE DÉTAILLÉE DES ARTÈRES CORONAIRES

Nous présentons ici l'anatomie détaillée des artères coronaires sous forme de tableaux, indépendamment pour l'artère coronaire gauche (LCA, Tab. A.1), et droite (RCA, Tab. A.2). Les termes grisés dans les colonnes de gauche signifient que les structure anatomiques correspondantes ne sont pas toujours présentes (en fonction du patient). Afin de comprendre ces descriptions, il est nécessaire de maîtriser les termes d'orientation anatomique donnés Fig. 1.2 page 10.

Il est par ailleurs nécessaire de définir quelques termes médicaux pour la compréhension des descriptions qui suivent :

Sillon atrioventriculaire : désigne la zone distale du septum inter-auriculaire, la zone proximale du septum interventriculaire, ainsi que les régions des valves mitrale et tricuspide.

Sinus : il s'agit d'une veine coronaire située dans le sillon atrioventriculaire droit.

Croix du coeur : intersection des sillons interventriculaires, interauriculaires et atrioventriculaires.

Tableau-A A.1
Anatomie détaillée de l'artère coronaire gauche (LCA)

<p>Tronc</p>	<p>Le tronc de la LCA désigne la section vasculaire allant de l'ostium coronaire gauche à la bifurcation IVA/Cx ; ce sont les deux ramifications principales de la LCA qui irriguent respectivement la paroi antérieure et la paroi latérale du VG.</p>
<p>Interventriculaire Antérieure (IVA)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Diagonales • Septales 	<p>Le rôle de l'IVA est de vasculariser la paroi antérieure du VG. Les branches naissant de part et d'autre de l'IVA sont regroupées en deux catégories, les <i>diagonales</i> (côté médial de l'IVA), et les <i>septales</i> (côté latéral). Les diagonales sont des branches de rayon relativement important, dont le rôle est d'irriguer la partie antérieure du VG. Les septales sont plus fines que les diagonales, et irriguent les deux tiers proximo-antérieurs du septum interventriculaire.</p>
<p>Circonflexe (Cx)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Marginales • (IVP) 	<p>La ramification Cx vascularise le sillon atrioventriculaire gauche. Elle donne naissance aux branches <i>marginales</i>, dont le nombre varie de 1 à 4, qui irriguent la paroi médiale du VG. Lorsqu'il y en a plusieurs, certaines médiales descendent jusqu'à l'apex ; on parlera de marginales <i>distales</i> dans ce cas, ou de marginales <i>hautes</i> sinon. Enfin, lorsque la LCA est dite <i>dominante</i>, l'IVP (voir Tab. A.2) prend naissance sur la partie basse de la Cx (et non sur la RCA).</p>

Tableau-A A.2

Anatomie détaillée de l'artère coronaire droite (RCA)

<p>Coronaire Droite (RCA)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Infudibulaire • Noeud sinusal • Branche ventriculaire • Marginale droite 	<p>La RCA est constituée de trois segments logiques que l'on distingue généralement par leur orientation ; les premier et troisième segments sont horizontaux, et le second segment est vertical. Le tout forme un "C" plus ou moins sinueux sur la paroi du VD, partant du sillon atrioventriculaire droit, et descendant jusqu'à la croix du coeur, où la RCA se sépare en deux branches majeures : l'IVP et la RVG (voir ci-après). Son rôle principal est d'alimenter l'AD, la partie antérieure du VD et le septum interauriculaire.</p> <p>La RCA donne également naissance à plusieurs branches artérielles dites <i>colatérales</i> ; sur le premier segment, on trouve l'artère infudibulaire, et l'artère du noeud sinusal dans 50% des cas. Sur le second segment, on trouve les branches ventriculaires, et parfois, une artère marginale droite pouvant rejoindre l'apex. Enfin, la bifurcation IVP/RVG mentionnée ci-dessus se situe sur le troisième segment.</p>
<p>Interventriculaire Postérieure (IVP)</p> <p><i>Si RCA dominante (85% des cas)</i></p>	<p>L'IVP vascularise la partie distale du VD, elle suit le trajet du sillon interventriculaire postérieur.</p>
<p>Rétroventriculaire Gauche (RVG)</p>	<p>La RVG vascularise également la paroi distale du VG, elle suit le sillon atrioventriculaire gauche et donne naissance aux <i>branches diaphragmatiques</i> et à l'artère du noeud atrioventriculaire.</p>

APPENDICE B

COMMENTAIRES SUR L'ESTIMATION SPECTRALE DE LA PHASE CARDIAQUE

Les commentaires de cet appendice concernent les résultats d'estimation spectrale de la phase cardiaque par la méthode de Sundar et al. [2009], présentés Fig. 2.10 page 97.

Sur cette figure, et comme sur les résultats présentés dans Sundar et al. [2009], on remarque un déphasage systématique entre le signal ECG et la phase cardiaque estimée à partir des images. Spécifiquement, les pics du signal cardiaque spectral correspondent aux ondes T du signal ECG, et non aux ondes R comme nous pourrions l'espérer. Bien qu'il n'y ait (à notre connaissance) pas d'explication démontrée de ce déphasage dans la littérature, nous proposons ci-dessous une explication basée sur des considérations anatomiques.

Comme mentionné au §1.2.2, les pics R du signal ECG correspondent aux instants où l'onde électrique d'impulsion est *propagée* à travers les réseaux nerveux de His et de Purkinje dans les parois des ventricules, tandis que les ondes T correspondent aux phases de *repolarisation* des cardiomyocytes dans ces mêmes parois. Les pics R sont donc des pics d'activité électrique, et non de déformation ni de mouvement. Bien que la contraction cardiaque soit directement causée par cette impulsion, il est raisonnable de penser que le phénomène physique qui permet cette contraction n'est pas instantané d'une part, et que d'autre part, la phase de repolarisation indique l'arrêt effectif des contraintes appliquées par les cardiomyocytes : soit le moment où la phase de contraction se termine, et où la déformation est maximale.

En rappelant alors que la méthode d'estimation spectrale de la phase cardiaque présentée dans Sundar et al. [2009] est basée sur l'analyse du mouvement observé sur les images angiographiques, il semble raisonnable de penser que le déphasage observé ne soit pas une erreur causée par le procédé d'estimation, mais bien un retard induit par le temps nécessaire à la contraction du myocarde.

BIBLIOGRAPHIE

- Aarts, E. H. L. et P. J. M. van Laarhoven, 1985. Statistical Cooling : A General Approach to Combinatorial Optimization Problems. *Philips Journal of Research*, 40 :193–226.
- Allender, S., Peter Scarborough, Vito Peto, Mike Rayner, Jose Leal, Ramon Luengo-Fernandez, et Alastair Gray, 2008. *European cardiovascular disease statistics*. European Heart Network. URL <http://hdl.handle.net/10536/DRO/DU:30020501>.
- Aouadi, S. et L. Sarry, 2007. Evaluation of a stochastic approach to 2d-3d intensity-based registration. *Conf Proc IEEE Eng Med Biol Soc*, 2007 :6388–6391. doi : 10.1109/IEMBS.2007.4353817. URL <http://dx.doi.org/10.1109/IEMBS.2007.4353817>.
- Arulampalam, M., S. Maskell, N. Gordon, et T. Clapp, feb 2002. A tutorial on particle filters for online nonlinear/non-gaussian bayesian tracking. *Signal Processing, IEEE Transactions on*, 50(2) :174–188. ISSN 1053-587X. doi : 10.1109/78.978374.
- Astola, J. et I. Virtanen, 1982. *Entropy correlation coefficient, a measure of statistical dependence for categorized data*. Proceedings of the University of Vaasa : Discussion papers. Vaasan korkeakoulu. ISBN 9789516831650. URL <http://books.google.ca/books?id=qoGXAAAACAAJ>.
- Bachta, W., P. Renaud, L. Cuvillon, E. Laroche, A. Forgione, et J. Gangloff, nov 2009. Motion prediction for computer-assisted beating heart surgery. *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on*, 56 (11) :2551–2563. ISSN 0018-9294. doi : 10.1109/TBME.2009.2026054.
- Bates, D. et D.G. Watts, 1988. *Nonlinear regression analysis and its applications*. Wiley series in probability and mathematical statistics : Applied probability and statistics. Wiley. ISBN 9780471816430. URL <http://books.google.ca/books?id=0oYpAQAAMAAJ>.
- Baum, L. E., Ted Petrie, George Soules, et Norman Weiss, 1970. A Maximization Technique Occurring in the Statistical Analysis of Probabilistic Functions of Markov Chains. *The Annals of Mathematical Statistics*, 41(1) :164–171. ISSN 00034851. doi : 10.2307/2239727. URL <http://dx.doi.org/10.2307/2239727>.
- Bellemare, C. et J. Meunier, 2004. Structural method for tracking coronary arteries in coronary cineangiograms. *Proceedings of the 1st Canadian Conference on Computer and Robot Vision (CRV'04)*, 00 :378–384.
- Besl, P. J. et Neil D. McKay, February 1992. A method for registration of 3-d shapes. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 14 :239–256. ISSN 0162-8828. doi : 10.1109/34.121791. URL <http://dl.acm.org/citation.cfm?id=132013.132022>.
- Bezdek, J. C., Robert Ehrlich, et William Full, 1984. Fcm : The fuzzy c-means clustering algorithm. *Computers & Geosciences*, 10(2-3) :191 – 203. ISSN 0098-3004. doi : 10.1016/0098-3004(84)90020-7. URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0098300484900207>.
- Blum, H., 1967. A transformation for extracting descriptors of shape. *Models for the Perception of Speech and Visual Forms*, pages 362–380. MIT Press.

- Boykov, Y. et Gareth Funka-Lea, 2006. Graph cuts and efficient n-d image segmentation. *International Journal of Computer Vision*, 70 :109–131. ISSN 0920-5691. URL <http://dx.doi.org/10.1007/s11263-006-7934-5>. 10.1007/s11263-006-7934-5.
- Chan, H., A.C.S. Chung, S.C.H. Yu, et W.M.I.I.I. Wells, april 2004. 2d-3d vascular registration between digital subtraction angiographic (dsa) and magnetic resonance angiographic (mra) images. *Biomedical Imaging : Nano to Macro, 2004. IEEE International Symposium on*, pages 708 – 711 Vol. 1. doi : 10.1109/ISBI.2004.1398636.
- Chen, S.-Y. et J.D. Carroll, june 2003. Kinematic and deformation analysis of 4-d coronary arterial trees reconstructed from cine angiograms. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 22(6) :710 –721. ISSN 0278-0062. doi : 10.1109/TMI.2003.814788.
- Chen, X., Martin R Varley, Lik-Kwan Shark, Glyn S Shentall, et Mike C Kirby, 2008. A computationally efficient method for automatic registration of orthogonal x-ray images with volumetric ct data. *Physics in Medicine and Biology*, 53(4) :967. URL <http://stacks.iop.org/0031-9155/53/i=4/a=010>.
- Chen, X., Jim Graham, Charles Hutchinson, et Lindsay Muir, 2011. Inferring 3d kinematics of carpal bones from single view fluoroscopic sequences. Fichtinger, G., Anne Martel, et Terry Peters, editors, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2011*, volume 6892 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 680–687. Springer. ISBN 978-3-642-23628-0.
- Cheng, H. D. et Ying Sun, 2000. A hierarchical approach to color image segmentation using homogeneity. *Image Processing, IEEE Transactions on*. URL <http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/summary?doi=10.1.1.98.4551>.
- Comaniciu, D. et P. Meer, May 2002. Mean shift : a robust approach toward feature space analysis. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 24(5) :603 –619. ISSN 0162-8828. doi : 10.1109/34.1000236.
- Cootes, T., A Hill, CJ Taylor, et J Haslam, 1994. Use of active shape models for locating structures in medical images. *Image and Vision Computing*, 12(6) :355 – 365. ISSN 0262-8856. doi : 10.1016/0262-8856(94)90060-4. URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0262885694900604>. <ce :title>Information processing in medical imaging</ce :title>.
- Cuisenaire, O. et B. Macq, mar 1999. Fast and exact signed euclidean distance transformation with linear complexity. *Acoustics, Speech, and Signal Processing, 1999. Proceedings., 1999 IEEE International Conference on*, volume 6, pages 3293 –3296 vol.6. doi : 10.1109/ICASSP.1999.757545.
- D., L. et Cohen, 1991. On active contour models and balloons. *CVGIP : Image Understanding*, 53 (2) :211 – 218. ISSN 1049-9660. doi : 10.1016/1049-9660(91)90028-N. URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/104996609190028N>.
- Declerck, J., Jacques Feldmar, et Nicholas Ayache, 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. ISSN 1361-8415. doi : DOI:10.

- 1016/S1361-8415(98)80011-X. URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/B6W6Y-45PJY02-6/2/be7515251b1b259ef7ced896a7cdbfb7>.
- Desrosiers, C., L. Duong, et J.-P. Morin, FÈvrier 2012. Image segmentation using random-walks on the histogram. *Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference Series*, volume 8314 of *Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference Series*.
- Djuric, P., J.H. Kotecha, Jianqui Zhang, Yufei Huang, T. Ghirmai, M.F. Bugallo, et J. Miguez, sep 2003. Particle filtering. *Signal Processing Magazine, IEEE*, 20(5) :19 – 38. ISSN 1053-5888. doi : 10.1109/MSP.2003.1236770.
- Doucet, A. et Adrian. Smith, 2001. *Sequential Monte Carlo methods in practice*. Springer, New York, NY [u.a.].
- Dubuisson-Jolly, M.-P., Cheng-Chung Liang, et A. Gupta, jan 1998. Optimal polyline tracking for artery motion compensation in coronary angiography. *Computer Vision, 1998. Sixth International Conference on*, pages 414 –419. doi : 10.1109/ICCV.1998.710752.
- Dubuisson-Jolly, M.-P., C.-C. Liang, et A. Gupta, February 2001. Motion compensation of an image sequence using optimal polyline tracking. URL <http://www.freepatentsonline.com/6195445.html>.
- Duda, R., P.E. Hart, et D.G. Stork, 2001. *Pattern classification*. Pattern Classification and Scene Analysis : Pattern Classification. Wiley. ISBN 9780471056690. URL <http://books.google.ca/books?id=YoxQAAAAMAAJ>.
- Eigler, N. L., M. P. Eckstein, K. N. Mahrer, et J. S. Whiting, Jun 1994. Improving detection of coronary morphological features from digital angiograms. effect of stenosis-stabilized display. *Circulation*, 89(6) :2700–2709.
- Fabbri, R., Luciano Da F. Costa, Julio C. Torelli, et Odemir M. Bruno, February 2008. 2d euclidean distance transform algorithms : A comparative survey. *ACM Comput. Surv.*, 40 :2 :1–2 :44. ISSN 0360-0300. doi : <http://doi.acm.org/10.1145/1322432.1322434>. URL <http://doi.acm.org/10.1145/1322432.1322434>.
- Fleute, M. et S. Lavallée, 1999. Nonrigid 3-d/2-d registration of images using statistical models. Taylor, C. et Alain Colchester, editors, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI'99*, volume 1679 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 138–147. Springer Berlin / Heidelberg. ISBN 978-3-540-66503-8. URL http://dx.doi.org/10.1007/10704282_15. 10.1007/10704282_15.
- Florin, C., James Williams, Ali Khamene, et Nikos Paragios, 2005. Registration of 3d angiographic and x-ray images using sequential monte carlo sampling. Liu, Y., Tianzi Jiang, et Changshui Zhang, editors, *Computer Vision for Biomedical Image Applications*, volume 3765 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 427–436. Springer Berlin / Heidelberg. ISBN 978-3-540-29411-5. URL http://dx.doi.org/10.1007/11569541_43. 10.1007/11569541_43.
- Frangi, A., W.J. Niessen, et M.A. Viergever, jan 2001. Three-dimensional modeling for functional analysis of cardiac images, a review. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 20(1) :2 –5. ISSN 0278-0062. doi : 10.1109/42.906421.

- Frangi, A., Wiro Niessen, Koen Vincken, et Max Viergever, 1998. Multiscale vessel enhancement filtering. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, MICCAI 1998*, pages 130–137. URL <http://dx.doi.org/10.1007/BFb0056195>.
- Gold, S. et A. Rangarajan, apr 1996. A graduated assignment algorithm for graph matching. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 18(4) :377–388. ISSN 0162-8828. doi : 10.1109/34.491619.
- Gower, J. C. et G J S Ross, 1969. Minimum spanning trees and single linkage cluster analysis. *Applied Statistics*, 18(1) :54–64. URL <http://www.jstor.org/stable/2346439>.
- Groher, M., D. Zikic, et N. Navab, june 2009. Deformable 2d-3d registration of vascular structures in a one view scenario. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 28(6) :847–860. ISSN 0278-0062. doi : 10.1109/TMI.2008.2011519.
- Hadida, J., C. Desrosiers, et L. Duong, Mars 2011. Intensity-based hierarchical clustering in CT-scans : application to interactive segmentation in cardiology. *Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference Series*, volume 7964 of *Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference Series*. doi : 10.1117/12.878285.
- Hurvitz, A. et Leo Joskowicz, 2008. Registration of a ct-like atlas to fluoroscopic x-ray images using intensity correspondences. *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, 3 :493–504. ISSN 1861-6410. URL <http://dx.doi.org/10.1007/s11548-008-0264-z>. 10.1007/s11548-008-0264-z.
- Husmann, L., S. Leschka, L. Desbiolles, T. Schepis, O. Gaemperli, B. Seifert, P. Cattin, T. Frauenfelder, T. Flohr, B. Marincek, P. Kaufmann, et H Alkadhi, Nov 2007. Coronary artery motion and cardiac phases : dependency on heart rate – implications for ct image reconstruction. *Radiology*, 245 (2) :567–576. doi : 10.1148/radiol.2451061791. URL <http://dx.doi.org/10.1148/radiol.2451061791>.
- Jomier, J., Elizabeth Bullitt, Mark Van Horn, Chetna Pathak, et Stephen Aylward, 2006. 3d/2d model-to-image registration applied to tips surgery. Larsen, R., Mads Nielsen, et Jon Sporring, editors, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2006*, volume 4191 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 662–669. Springer Berlin / Heidelberg. ISBN 978-3-540-44727-6. URL http://dx.doi.org/10.1007/11866763_81. 10.1007/11866763_81.
- Kass, M., Andrew Witkin, et Demetri Terzopoulos, 1988. Snakes : Active contour models. *International Journal of Computer Vision*, 1 :321–331. ISSN 0920-5691. URL <http://dx.doi.org/10.1007/BF00133570>. 10.1007/BF00133570.
- Knuth, D., 1973. *The art of computer programming*. Number vol. 3 in Addison-Wesley Series in Computer Science and Information Processing. Addison-Wesley. ISBN 9780201038033. URL <http://books.google.ca/books?id=uvkYAQAIAAJ>.
- Koller, T., G. Gerig, G. Szekely, et D. Dettwiler, jun 1995. Multiscale detection of curvilinear structures in 2-d and 3-d image data. *Computer Vision, 1995. Proceedings., Fifth International Conference on*, pages 864–869. doi : 10.1109/ICCV.1995.466846.

- Lewis, R. M. et Virginia Torczon, 1996. Pattern search algorithms for bound constrained minimization. Technical report, ICASE, NASA Langley Research.
- Malladi, R., J.A. Sethian, et B.C. Vemuri, feb 1995. Shape modeling with front propagation : a level set approach. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 17(2) :158 –175. ISSN 0162-8828. doi : 10.1109/34.368173.
- Markelj, P., D. Tomazevic, B. Likar, et F. Pernus, 2010. A review of 3d/2d registration methods for image-guided interventions. *Medical Image Analysis*, In Press, Corrected Proof :-. ISSN 1361-8415. doi : DOI:10.1016/j.media.2010.03.005. URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1361841510000368>.
- McLaughlin, R., John Hipwell, David Hawkes, J.Alison Noble, James Byrne, et Tim Cox, 2002. A comparison of 2d-3d intensity-based registration and feature-based registration for neurointerventions. Dohi, T. et Ron Kikinis, editors, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention ? MICCAI 2002*, volume 2489 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 517–524. Springer Berlin / Heidelberg. ISBN 978-3-540-44225-7. URL http://dx.doi.org/10.1007/3-540-45787-9_65. 10.1007/3-540-45787-9_65.
- Natterer, F., 2001. *The mathematics of computerized tomography*. Classics in applied mathematics. Society for Industrial and Applied Mathematics. ISBN 9780898714937. URL <http://books.google.de/books?id=gjS01hLbcD0C>.
- Nelder, J. A. et R. Mead, 1965. A simplex method for function minimization. *The Computer Journal*, 7(4) :308–313. doi : 10.1093/comjnl/7.4.308. URL <http://comjnl.oxfordjournals.org/content/7/4/308.abstract>.
- Ortmaier, T., M. Groger, DH Boehm, V. Falk, et G. Hirzinger, Oct 2005. Motion estimation in beating heart surgery. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 52(10) :1729–1740. doi : 10.1109/TBME.2005.855716. URL <http://dx.doi.org/10.1109/TBME.2005.855716>.
- Otsu, N., January 1979. A threshold selection method from gray-level histograms. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, 9(1) :62–66.
- Penney, G., J. Weese, J.A. Little, P. Desmedt, D.L.G. Hill, et D.J. Hawkes, August 1998. A comparison of similarity measures for use in 2-d-3-d medical image registration. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 17(4) :586 –595. ISSN 0278-0062. doi : 10.1109/42.730403.
- Powell, M., 1978. A fast algorithm for nonlinearly constrained optimization calculations. Watson, G., editor, *Numerical Analysis*, volume 630 of *Lecture Notes in Mathematics*, pages 144–157. Springer Berlin / Heidelberg. ISBN 978-3-540-08538-6. URL <http://dx.doi.org/10.1007/BFb0067703>. 10.1007/BFb0067703.
- Roger, V. L., Alan S. Go, Donald M. Lloyd-Jones, Robert J. Adams, Jarett D. Berry, Todd M. Brown, Mercedes R. Carnethon, Shifan Dai, Giovanni de Simone, Earl S. Ford, Caroline S. Fox, Heather J. Fullerton, Cathleen Gillespie, Kurt J. Greenlund, Susan M. Hailpern, John A. Heit, P. Michael Ho, Virginia J. Howard, Brett M. Kissela, Steven J. Kittner, Daniel T. Lackland, Judith H. Lichtman, Lynda D. Lisabeth, Diane M. Makuc, Gregory M. Marcus, Ariane Marelli, David B. Matchar, Mary M. McDermott, James B. Meigs, Claudia S. Moy, Dariush Mozaffarian,

Michael E. Mussolino, Graham Nichol, Nina P. Paynter, Wayne D. Rosamond, Paul D. Sorlie, Randall S. Stafford, Tanya N. Turan, Melanie B. Turner, Nathan D. Wong, et Judith Wylie-Rosett, 2011. Heart disease and stroke statistics — 2011 update. *Circulation*, 123(4) :e18–e209. doi : 10.1161/CIR.0b013e3182009701. URL <http://circ.ahajournals.org/content/123/4/e18.short>.

Rousseeuw, P. J. et Katrien Van Driessen, August 1999. A fast algorithm for the minimum covariance determinant estimator. *Technometrics*, 41 :212–223. ISSN 0040-1706. doi : 10.2307/1270566. URL <http://dl.acm.org/citation.cfm?id=331435.331458>.

Ruijters, D., Bart ter Haar Romeny, et Paul Suetens, Juin 2009. Vesselness-based 2d-3d registration of the coronary arteries. *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, 4(4) : 391–397. URL <http://dx.doi.org/10.1007/s11548-009-0316-z>.

Russell, S. et P. Norvig, 2010. *Artificial intelligence : a modern approach*. Prentice Hall series in artificial intelligence. Prentice Hall. ISBN 9780132071482. URL <http://books.google.ca/books?id=nj-wPwAACAAJ>.

Sadowsky, O., Gouthami Chintalapani, et Russell H. Taylor, 2007. Deformable 2d-3d registration of the pelvis with a limited field of view, using shape statistics. *Proceedings of the 10th international conference on Medical image computing and computer-assisted intervention, MICCAI'07*, pages 519–526, Berlin, Heidelberg, 2007. Springer-Verlag. ISBN 3-540-75758-9, 978-3-540-75758-0. URL <http://dl.acm.org/citation.cfm?id=1775835.1775906>.

Sato, Y., Shin Nakajima, Nobuyuki Shiraga, Hideki Atsumi, Shigeyuki Yoshida, Thomas Koller, Guido Gerig, et Ron Kikinis, 1998. Three-dimensional multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images. *Medical Image Analysis*, 2(2) :143 – 168. ISSN 1361-8415. doi : 10.1016/S1361-8415(98)80009-1. URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1361841598800091>.

Shechter, G., F. Devernay, E. Coste-Maniere, A. Quyyumi, et E.R. McVeigh, april 2003. Three-dimensional motion tracking of coronary arteries in biplane cineangiograms. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 22(4) :493 –503. ISSN 0278-0062. doi : 10.1109/TMI.2003.809090.

Shechter, G., C. Ozturk, J.R. Resar, et E.R. McVeigh, aug. 2004. Respiratory motion of the heart from free breathing coronary angiograms. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 23(8) :1046 – 1056. ISSN 0278-0062. doi : 10.1109/TMI.2004.828676.

Shechter, G., B. Shechter, J.R. Resar, et R. Beyar, april 2005. Prospective motion correction of x-ray images for coronary interventions. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 24(4) :441 –450. ISSN 0278-0062. doi : 10.1109/TMI.2004.839679.

Shechter, G., J.R. Resar, et E.R. McVeigh, march 2006. Displacement and velocity of the coronary arteries : cardiac and respiratory motion. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 25(3) :369 –375. ISSN 0278-0062. doi : 10.1109/TMI.2005.862752.

Sidenbladh, H., Michael Black, et David Fleet, 2000. Stochastic tracking of 3d human figures using 2d image motion. Vernon, D., editor, *Computer Vision ECCV 2000*, volume 1843 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 702–718. Springer Berlin / Heidelberg. URL http://dx.doi.org/10.1007/3-540-45053-X_45. 10.1007/3-540-45053-X_45.

- Sundar, H., Ali Khamene, Liron Yatziv, et Chenyang Xu, 2009. Automatic image-based cardiac and respiratory cycle synchronization and gating of image sequences. Yang, G.-Z., David Hawkes, Daniel Rueckert, Alison Noble, et Chris Taylor, editors, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, MICCAI 2009*, volume 5762 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 381–388. Springer Berlin / Heidelberg. URL http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-04271-3_47. 10.1007/978-3-642-04271-3_47.
- Tang, T. et Randy Ellis, 2005. 2d/3d deformable registration using a hybrid atlas. Duncan, J. et Guido Gerig, editors, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2005*, volume 3750 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 223–230. Springer Berlin / Heidelberg. ISBN 978-3-540-29326-2. URL http://dx.doi.org/10.1007/11566489_28. 10.1007/11566489_28.
- Timinger, H., Sascha Krueger, Joern Borgert, et Ruediger Grewer, 2004. Motion compensation for interventional navigation on 3d static roadmaps based on an affine model and gating. *Physics in Medicine and Biology*, 49(5) :719. URL <http://stacks.iop.org/0031-9155/49/i=5/a=005>.
- Turgeon, G., G Lehmann, G Guiraudon, M Drangova, D Holdsworth, et T Peters, DÈcembre 2005. 2d-3d registration of coronary angiograms for cardiac procedure planning and guidance. *Med Phys*, 32(12) :3737–49–. URL <http://ukpmc.ac.uk/abstract/MED/16475773>.
- van de Kraats, E., G.P. Penney, D. Tomazevic, T. van Walsum, et W.J. Niessen, sept. 2005. Standardized evaluation methodology for 2-d-3-d registration. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 24 (9) :1177 –1189. ISSN 0278-0062. doi : 10.1109/TMI.2005.853240.
- Vese, L. A. et Tony F. Chan, 2002. A multiphase level set framework for image segmentation using the mumford and shah model. *International Journal of Computer Vision*, 50 :271–293. ISSN 0920-5691. URL <http://dx.doi.org/10.1023/A:1020874308076>. 10.1023/A :1020874308076.
- Wang, C., Frimmel Hans, et Smedby Orjan, 2011. Level-set based vessel segmentation accelerated with periodic monotonic speed function. Anglais.
- Weissler, A., WS Harris, et CD Schoenfeld, FÈvrier 1968. Systolic time intervals in heart failure in man. *Circulation*, 37(2) :149–59–. URL <http://ukpmc.ac.uk/abstract/MED/5640345>.
- Witten, I. et E. Frank, 2005. *Data mining : practical machine learning tools and techniques*. Morgan Kaufmann series in data management systems. Morgan Kaufman. ISBN 9780120884070. URL <http://books.google.ca/books?id=QTnOcZJz1UoC>.
- Zheng, Y., A. Barbu, B. Georgescu, M. Scheuering, et D. Comaniciu, 2007. Fast automatic heart chamber segmentation from 3d ct data using marginal space learning and steerable features. *ICCV 2007*, pages 1 –8. doi : 10.1109/ICCV.2007.4408925.
- Zikic, D., M. Groher, A. Khamene, et N. Navab, Avril 2008. Deformable registration of 3D vessel structures to a single projection image. *Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference Series*, volume 6914 of *Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference Series*. doi : 10.1117/12.770575.