

THESIS / THÈSE

MASTER EN SCIENCES INFORMATIQUES

Médecine nucléaire

détection de tumeurs dans la région pulmonaire sur base d'acquisitions PET/CT synchronisées

Calande, Stéphane

Award date:
2009

[Link to publication](#)

General rights

Copyright and moral rights for the publications made accessible in the public portal are retained by the authors and/or other copyright owners and it is a condition of accessing publications that users recognise and abide by the legal requirements associated with these rights.

- Users may download and print one copy of any publication from the public portal for the purpose of private study or research.
- You may not further distribute the material or use it for any profit-making activity or commercial gain
- You may freely distribute the URL identifying the publication in the public portal ?

Take down policy

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.



F.U.N.D.P.
FACULTE D'INFORMATIQUE

RUE GRANDGAGNAGE, 21
5000 NAMUR (BELGIQUE)



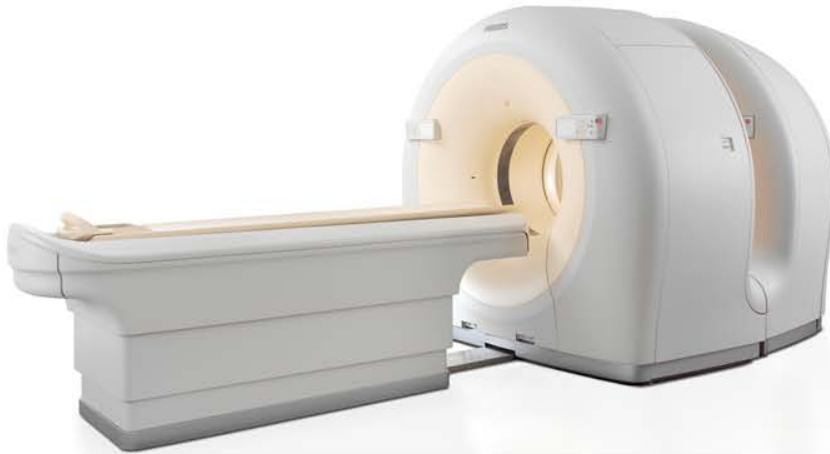
CLINIQUES UNIVERSITAIRES
DE MONT-GODINNE

AVENUE DU DOCTEUR GASTON THERASSE, 1
5530 YVOIR (BELGIQUE)

Médecine Nucléaire

*Détection de tumeurs dans la région
pulmonaire sur base d'acquisitions
PET/CT synchronisées*

Stéphane CALANDE



Année académique 2008-2009

Mémoire présenté en vue de l'obtention du grade de Master en Informatique

Résumé

La qualité des images provenant de l'imagerie par émission de positons (PET) est altérée par les mouvements respiratoires des patients. Dans l'optique d'une superposition de ces images fonctionnelles avec des images anatomiques provenant du CT, mais aussi pour un diagnostic correct, il est impératif de corriger cet artéfact. Actuellement, la solution proposée pour prendre en compte ces effets est de synchroniser les acquisitions sur la respiration, ce qui permet d'obtenir plusieurs images représentant chacune un intervalle précis du cycle respiratoire. Bien que ce type d'acquisitions puisse réduire l'impact des mouvements respiratoires, elle présente des inconvénients, notamment la durée d'acquisition qui augmente proportionnellement au nombre d'images construites. Une méthode permet cependant d'utiliser des algorithmes de recalage qui réalignent les différentes images synchronisées pour ensuite les sommer. La qualité exigée des images synchronisées s'en retrouve diminuée, et donc aussi indirectement la durée d'acquisition. Une application informatique est développée afin de pouvoir mettre en pratique cette technique au sein du service de médecine nucléaire de Mont-Godinne.

Mots-clés : PET/CT ; Mouvement respiratoire ; Acquisitions synchronisées à la respiration ; Correction du mouvement ; Techniques de recalage

Abstract

The quality of images from positron emission tomography (PET) imaging is affected by patients' respiratory movements. Aiming at superpositing these functional images with anatomical images from CT, but also at improving the diagnosis, it is imperative to correct this artifact. The solution currently proposed to account for these effects is to synchronize acquisitions on breathing, which allows to obtain several images, each representing a specific interval of the respiratory cycle. Although such acquisitions could reduce the impact of respiratory movements, this approach has drawbacks, including the acquisition time which increases proportionally to the number of constructed images. However, a method allows to use registration algorithms to realign the gated images and, subsequently, sum them together. The required quality of gated images decreases and thus indirectly the acquisition time. An IT application is developed in order to implement this technology within the nuclear medicine department of Mont-Godinne.

Keywords : PET/CT ; Respiratory motion ; Respiratory gating acquisitions ; Motion correction ; Registration techniques

Remerciements

Les premières personnes que je souhaite remercier sont tout naturellement Jean-Paul Leclercq et Hubert Meurisse, le promoteur et le maître de stage/co-promoteur de ce travail.

Dès le début du stage, j'ai reçu un accueil très chaleureux de la part d'Hubert Meurisse. Il m'a guidé, il a toujours été présent pour répondre à mes questions, tout en me laissant une grande liberté dans les choix effectués. Habité d'un grand sens de l'humour, ce fut un réel plaisir de travailler avec lui.

Je remercie également de tout coeur Jean-Paul Leclercq. Sa disponibilité et la rapidité avec laquelle il répondait à mes emails étaient sans limite. Ses conseils étaient toujours très judicieux. Je m'estime très heureux d'avoir pu collaborer avec un tel promoteur.

J'adresse un remerciement tout particulier à Salima Bouazza, qui réalisait en parallèle un mémoire médical sur les acquisitions synchronisées. Sa gentillesse, sa disponibilité et ses éclaircissements sur certains aspects médicaux m'ont été d'une grande aide. Je lui souhaite d'ailleurs beaucoup de succès dans sa future carrière de médecin.

L'aide que m'a apportée Jean George, spécialiste en radiophysique, est aussi à souligner. Sa connaissance en matière de PET/CT et d'acquisitions synchronisées, notamment, ont joué un grand rôle pour faciliter ma compréhension du problème et pour effectuer les tests.

D'une manière plus générale, un grand merci à l'ensemble du service de médecine nucléaire, dirigé par Monsieur Thierry Vander Borgh. L'ambiance de travail y a toujours été des plus conviviales.

Durant le début du stage, j'ai pu compter sur Marc Honoré, le stagiaire m'ayant précédé dans le service de médecine nucléaire, afin de répondre à mes diverses questions. Je lui en suis très reconnaissant.

En tant que débutant dans le développement de programmes d'imagerie médicale, il a été nécessaire pour moi de poser bon nombre de questions sur des forums spécialisés afin de résoudre les problèmes que je rencontrais. Je tiens donc à remercier l'ensemble de la communauté de ITK, VTK et GDCM active sur ce genre de forum, mais particulièrement Mathieu Malaterre, développeur de GDCM, avec qui l'échange de messages se compte peut-être plus en centaines qu'en dizaines.

Arrivant au terme de mes études, je tiens à remercier sincèrement l'ensemble de l'équipe des professeurs et assistants de la Faculté d'Informatique de Namur. Ils offrent un enseignement de qualité et sont très accessibles et sympathiques.

D'un point de vue plus personnel, un grand merci à toute ma famille, qui m'a toujours soutenu durant l'ensemble de mes études, et plus particulièrement à mes parents, qui m'ont donné la possibilité de suivre ces études, et ce dans des conditions idéales.

Merci enfin à Audrey, ma future épouse, qui m'a soutenu (et supporté) tout au long du stage et de la rédaction de ce mémoire. Ses connaissances mathématiques m'ont d'ailleurs été d'une aide précieuse, tout comme sa relecture.

Table des matières

Introduction	9
1 Cadre	11
1.1 Pathologies	11
1.1.1 Le cancer du poumon	11
1.1.2 Les différentes formes de cancer du poumon	12
1.1.3 Traitements médicaux	12
1.2 L'imagerie médicale	13
1.2.1 Différentes techniques	13
1.2.2 Visualisation	14
1.3 PET-scan	15
1.3.1 Principe de fonctionnement	15
1.3.2 Déroulement de l'examen	15
1.3.3 Détection du traceur	16
1.3.4 Remarque sur la durée d'acquisition	17
1.3.5 Les imperfections du PET	17
1.4 CT-scan	18
1.4.1 Principe de fonctionnement	19
1.4.2 Inconvénient	20
1.5 Le couplage PET/CT	20
1.5.1 Intérêt	20
1.5.2 Différences	21
1.6 Les acquisitions synchronisées aux mouvement respiratoire	21
1.6.1 Les modes d'enregistrement du signal respiratoire	22
1.6.2 Construction des images	22
1.6.3 Remarques intéressantes	24
1.6.4 Inconvénients	25
1.7 Indice de SUV	26
1.8 Problématique de la respiration	27
1.8.1 Présentation du problème	27
1.8.2 Illustration du phénomène	28
1.8.3 La respiration	29
2 Objectifs	31
2.1 Correction d'images PET	31
2.2 Visualisateur 4D	32

3	Matériels et méthodes	33
3.1	Principe de la correction	33
3.1.1	Prérequis : acquisitions PET/CT synchronisés	33
3.1.2	Etape 1 : Matérialisation du mouvement par des champs de vecteurs	33
3.1.3	Etape 2 : Application des champs de vecteurs aux images PET	34
3.1.4	Etape 3 : Sommation de l'information	35
3.1.5	Utilité	35
3.2	Concepts d'imagerie	35
3.2.1	Les caractéristiques d'une image	35
3.2.2	Le cropping	38
3.2.3	Le resampling	39
3.3	Recalage d'images	40
3.3.1	Définition	40
3.3.2	Applications médicales	40
3.3.3	Différents types de recalage	42
3.3.4	Le recalage non-rigide	42
3.4	La norme DICOM	44
3.4.1	Précisions techniques	44
3.4.2	Origines	44
3.4.3	Objectifs	45
3.4.4	Le format	45
3.4.5	Intérêt	45
3.5	Le format MetaImage	47
3.5.1	Les fichiers .mhd et .raw	47
3.5.2	Les fichiers compressés .mha	48
3.6	Moyens techniques	48
3.6.1	Le PET/CT de Mont-Godinne	48
3.6.2	Possibilité d'acquisitions synchronisées	51
3.6.3	Les fantômes physiques	53
3.7	Logiciels et bibliothèques d'imagerie	55
3.7.1	Visualisation et analyse d'images	55
3.7.2	Traitement d'images	58
3.8	Programmes de traitement d'images existants	59
3.8.1	Outils développés antérieurement	59
3.8.2	Diffeomorphic Demons	60
3.9	Outils de développement	63
3.9.1	CMake	63
3.9.2	MinGW	64
3.9.3	MSys	64
3.9.4	Eclipse	64
3.9.5	Visual Editor	64
4	Résultats	67
4.1	Correction d'images PET	67
4.1.1	Les nouveaux outils développés	67
4.1.2	Amélioration des performances de l'algorithme de recalage	71
4.1.3	Les étapes du processus	76
	(1) Choisir les options	79
	(2) Trier les images	79

(3) Convertir de DICOM en MetaImage	81
(4) Détecter les caractéristiques des images	82
(5) Déterminer les valeurs du recadrage	82
(6) Effectuer le recadrage	83
(7) Lancer l'algorithme de recalage	83
(8) Créer un champ de vecteurs nul	84
(9) Créer des champs de vecteurs aux dimensions du CT	84
(10) Adapter les champs de vecteurs aux dimensions du PET	85
(11) Appliquer les champs de vecteurs	86
(12) Sommer l'information contenue dans les images	86
(13) Convertir de MetaImage en DICOM	87
(14) Copier les résultats localement	87
(15) Envoyer les résultats sur Telemis	88
(16) Prévoir une visualisation comparative	88
(17) Supprimer le répertoire temporaire	88
4.1.4 Deux modes d'utilisation	89
4.1.5 L'installateur	91
4.1.6 Guide d'utilisation	91
4.1.7 Résultats des tests	92
4.2 Visualisateur 4D	97
4.2.1 Les fonctions actuelles	97
4.2.2 Les fonctionnalités à ajouter	98
5 Discussion et évaluation	101
5.1 La région à sélectionner pour le recadrage	101
5.1.1 Meilleure interface de recadrage	101
5.1.2 Recadrage automatique	102
5.2 Durée d'une correction	103
5.2.1 Modifier la structure de l'application	103
5.2.2 Etape à supprimer	104
5.2.3 La création d'un système distribué	104
5.2.4 Synchronisation basée sur l'amplitude	105
5.3 Durée des acquisitions synchronisées	107
5.4 Tests sur fantômes	108
5.5 Correction sur le mode-liste	108
Conclusion	111
Bibliographie	116
Annexes	117
I. Guide d'utilisation	117

Introduction

A une époque particulièrement concernée par l'accroissement et le vieillissement de la population, le cancer est considéré comme la deuxième cause de décès dans les pays développés, juste après les maladies cardio-vasculaires.

Au niveau mondial, l'OMS¹ [1] indique que c'est le cancer du poumon qui provoque le plus de décès et que cette tendance devrait se maintenir jusqu'en 2030, sauf en cas d'une intensification considérable des efforts de lutte anti-tabac. En effet, le tabagisme serait à l'origine de 1,8 million de décès annuels sous forme de cancer.

Depuis quelques années, le milieu médical dispose d'une technique révolutionnaire facilitant le diagnostic des cancers. Il s'agit de la tomographie par émission de positons, appelée plus couramment PET. Cette méthode, pratiquée par des spécialistes en médecine nucléaire, permet de mesurer l'activité métabolique des organes grâce aux émissions produites par la désintégration d'un produit radioactif injecté préalablement au patient.

L'appareil capable de pratiquer cette technique, le PET-scan, reste à l'heure actuelle très onéreux, et peu d'hôpitaux belges ont d'ailleurs la chance d'en posséder un.

Un examen réalisé sur PET-scan nécessite toutefois un temps d'acquisition relativement long, ce qui oblige le patient à rester immobile pendant plusieurs minutes. Le patient ne peut toutefois pas rester en apnée durant d'aussi longues périodes, la qualité des images se retrouve alors altérée par les mouvements respiratoires du sujet.

Des méthodes expérimentales sont apparues pour constituer des images moins affectées par ces artefacts, il s'agit des acquisitions synchronisées au mouvement respiratoire. Les résultats actuels sont assez positifs, mais l'inconvénient de telles acquisitions est qu'elles nécessitent une durée d'examen encore plus longue. De plus, les logiciels d'imagerie utilisés de nos jours ne sont pas parfaitement prévus pour visualiser correctement de telles images.

Dans le premier chapitre de ce travail, nous comprendrons dans les détails le domaine qui nous occupe, celui du cancer du poumon et de l'imagerie médicale adaptée à cette pathologie. Au fil de la lecture du chapitre, le lecteur prendra conscience de la problématique liée à la respiration du patient.

Nous présenterons alors les objectifs du travail, qui seront le fil conducteur de ce mémoire.

Ensuite, le chapitre intitulé *Matériels et méthodes* permettra au lecteur de prendre connaissance de tous les moyens (techniques, informatiques, théoriques,...) utilisés pour répondre aux objectifs.

1. Organisation Mondiale de la Santé

Les solutions apportées aux objectifs, qui ont été développées durant un stage d'environ 5 mois dans le service de médecine nucléaire des cliniques universitaires de Mont-Godinne (septembre 2008-février 2009), seront alors décrites en long et en large dans le chapitre *Résultats*.

Finalement, nous terminerons par une discussion afin de justifier plus en détail les choix qui ont été effectués. Ce chapitre sera également complété par les nombreuses perspectives d'avenir inhérentes à ce travail.

Un soin particulier a été apporté pour que ce mémoire soit agréable à lire. Le lecteur y trouvera beaucoup d'illustrations, d'exemples ou encore d'analogies afin de faciliter la compréhension du sujet.

Bonne lecture !

Chapitre 1

Cadre

Ce premier chapitre va permettre de se familiariser avec le domaine de recherche, le milieu médical et en particulier l'imagerie médicale.

Au fil de la lecture, le lecteur prendra conscience de la problématique liée à la respiration des patients. C'est d'ailleurs sur ce sujet que le chapitre se clôturera.

Le décor sera ainsi planté et nous pourrons définir les objectifs de ce travail.

1.1 Pathologies

Dans le cadre de ce mémoire, les lésions sur lesquelles se porte notre intérêt sont les tumeurs cancéreuses des poumons. C'est donc le cancer du poumon qui est ici au centre de notre attention.

1.1.1 Le cancer du poumon

En matière de cancer en Belgique, l'évolution la plus inquiétante est celle du cancer du poumon et du cancer du sein [2]. Le cancer du poumon est le second cancer le plus fréquent chez l'homme (voir figure 1.1) et serait principalement lié au tabagisme. De plus, l'incidence de ce cancer tend à augmenter chez la femme dans certaines tranches d'âge.

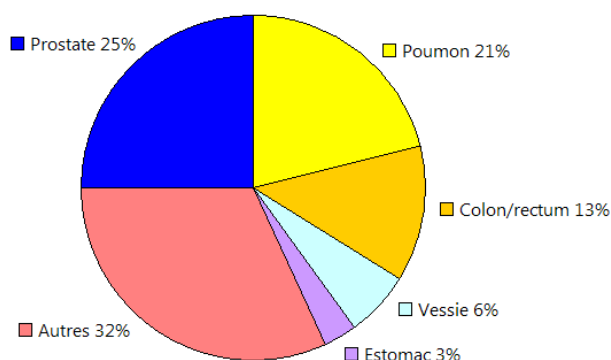


FIGURE 1.1 – Statistiques sur les origines des cancers chez les hommes en Belgique [2]

Ce cancer demeure le plus mortel parmi tous les types de cancers [3]. Le risque d'en mourir est particulièrement élevé, car le diagnostic survient le plus souvent lorsque la

maladie en est à un stade avancé (en moyenne, à l'âge de 70 ans). Par ailleurs, ce type de cancer peut se propager aisément dans le reste du corps étant donné le contact étroit des poumons avec plusieurs vaisseaux sanguins et lymphatiques.

Selon ces mêmes sources, seulement 14 pourcents des personnes sont encore en vie plus de cinq ans après le diagnostic. Même si la personne répond bien au traitement dans un premier temps, les rechutes sont courantes dans les mois ou les années qui suivent.

1.1.2 Les différentes formes de cancer du poumon

Notons toutefois qu'il existe plusieurs types de cancer du poumon [4]. Il convient de distinguer les cancers primitifs, qui sont apparus en premier dans les poumons, des cancers secondaires, qui ont évolué dans une autre partie du corps et ont ensuite gagné les poumons.

Présentons brièvement les cancers primitifs. On en distingue deux formes [3], qui croissent et se propagent différemment dans le corps. Elles ne se traitent pas non plus de la même manière.

- **Cancer du poumon à petites cellules.** Il s'agit de la forme la plus dangereuse de cancer du poumon. Au moment du diagnostic, le risque que le cancer se soit déjà dispersé ailleurs dans le corps est élevé. Environ 20 % des cas de cancers du poumon se présentent sous cette forme.
- **Cancer du poumon non à petites cellules.** Cette forme de cancer du poumon, qui représente environ 80 % de cas, se détecte et se traite plus facilement que le cancer à petites cellules. Cette catégorie comprend trois sous-groupes : l'adénocarcinome, le carcinome épidermoïde et le carcinome à grandes cellules indifférenciées. Il en existe d'autres formes, beaucoup plus rares.

1.1.3 Traitements médicaux

Le traitement dépend de plusieurs facteurs : la forme de cancer, son degré d'avancement, l'état de santé de la personne, et naturellement, ce que souhaite la personne atteinte.

Il arrive dans certains cas que le médecin et le patient considèrent que les effets secondaires des traitements dépassent les bénéfices. Dans ce cas de figure, il est possible d'opter pour des soins palliatifs, qui vont soulager sans pour autant traiter la maladie.

Cancer à petites cellules

Habituellement, il est presque impossible de le traiter au moyen d'une chirurgie. On propose alors une combinaison de chimiothérapie et de radiothérapie. Ce type de cancer répond très bien à la chimiothérapie, mais malheureusement, les rechutes sont fréquentes. Les traitements permettent de réduire la taille du cancer, de ralentir sa croissance tout en prévenant les métastases¹. En général, ils durent quelques semaines ou quelques mois, avec des arrêts pour permettre au corps de récupérer.

En cas de métastases, la radiothérapie sera administrée à l'endroit où elles sont logées.

Cancer non à petites cellules

1. Foyer infectieux secondaire, formé à la suite de la dissémination de cellules cancéreuses par voie sanguine ou lymphatique à partir du premier foyer (tumeur primaire ou primitive) [5].

On a recours à la chirurgie lorsque la tumeur est localisée et peut être retirée de façon sécuritaire. Le chirurgien effectue l'ablation soit d'une petite partie du poumon (résection cunéiforme périphérique), soit d'un lobe entier (lobectomie), soit d'un poumon en entier. Cette intervention ne nécessite que quelques jours d'hospitalisation mais par contre, la récupération peut prendre plusieurs mois. Un programme de réadaptation peut éventuellement aider à ce que le patient retrouve l'amplitude de mouvement dans le thorax et le bras et sa pleine capacité respiratoire. Avec le temps et grâce aux exercices de respiration, le tissu pulmonaire en place prend de l'expansion et le souffle s'améliore.

Dans certains cas, il est possible de combiner la radiothérapie ou la chimiothérapie à la chirurgie afin de prévenir une rechute.

Pour les personnes qui reçoivent le diagnostic de cancer à un stade avancé, il est souvent trop tard pour que la tumeur soit retirée par chirurgie. Le médecin propose alors généralement la chimiothérapie ou la radiothérapie afin de ralentir la croissance du cancer. Ces traitements peuvent prolonger la vie, mais ils provoquent cependant des effets indésirables.

Des médicaments expérimentaux peuvent aussi être utilisés pour ralentir la progression de la tumeur.

1.2 L'imagerie médicale

L'imagerie médicale est le procédé qui permet aux médecins d'examiner l'intérieur du corps d'un patient sans devoir l'opérer [6]. Elle peut être utilisée à des fins cliniques pour l'établissement d'un diagnostic ou pour le traitement de pathologies mais aussi dans le cadre de travaux de recherche scientifique étudiant la physiologie des êtres vivants. Dans ce sens, il va de soi que l'imagerie médicale revêt une grande importance dans le domaine de la cancérologie.

Le but de l'imagerie médicale est donc de créer une représentation visuelle intelligible d'une information à caractère médical. Il s'agit là d'un concentré d'informations bien plus efficace qu'un texte ou qu'une explication verbale. Mais dans un sens plus large, le domaine de l'imagerie médicale englobe également l'ensemble des techniques permettant de stocker et de manipuler ces informations. Ainsi, il existe une norme pour la gestion informatique des données issues de l'imagerie médicale : la norme DICOM. Cette norme sera étudiée en détail plus loin dans ce travail.

1.2.1 Différentes techniques

Il existe un grand nombre de techniques d'imagerie médicale différentes.

Suivant les techniques utilisées, les examens d'imagerie médicale permettent d'obtenir des informations sur le fonctionnement des organes (leur physiologie, leur métabolisme, etc.) ou sur leur anatomie (leur taille, leur volume, leur localisation, la forme d'une éventuelle lésion, etc.). Dans le premier cas on parle d'imagerie **fonctionnelle** et dans le second d'imagerie structurelle ou **anatomique** (voir figure 1.2).

Parmi les méthodes d'imagerie fonctionnelle les plus couramment employées en médecine, on peut citer d'une part les techniques de médecine nucléaire basées sur l'émission



FIGURE 1.2 – Les principales modalités d'imagerie fonctionnelles et structurales [7]

de rayons gamma par des traceurs radioactifs qui, après injection, se concentrent dans les régions d'intense activité métabolique, ou encore les techniques électrophysiologiques qui mesurent les modifications de l'état électrochimique des tissus (en particulier en lien avec l'activité nerveuse).

Les méthodes d'imagerie structurales sont aussi très variées. Elles regroupent les méthodes tomographiques basées soit sur les rayons X, soit sur la résonance magnétique, les méthodes échographiques (qui utilisent les ultra-sons), ou encore les méthodes optiques (qui utilisent les rayons lumineux).

Ces différents types de techniques sont souvent employés de façon complémentaire, parfois même au sein d'un même système d'imagerie qui permet alors des acquisitions multimodales, simultanées ou non. Nous verrons que c'est le cas du PET/CT.

1.2.2 Visualisation

Parmi les différentes modalités d'imagerie présentées, plusieurs d'entre elles permettent d'obtenir des images en 3 dimensions du corps du patient, c'est-à-dire un volume.

Toutefois, la visualisation de telles images se fait régulièrement par coupes et donc via des images 2D. Afin de désigner sous quel angle le volume est observé, il est nécessaire de se familiariser avec le jargon médical qui définit un système de référence anatomique.

Ce système de référence anatomique repose sur un ensemble de plans et d'axes définis par rapport à la position standard de l'organisme décrit.

Comme le montre la figure 1.3, le plan sagittal est le plan qui sépare la moitié gauche de la moitié droite du corps. Le plan axial ou transversal est horizontal et sépare le corps en une partie supérieure (du côté de la tête) et une partie inférieure (du côté des pieds). Finalement, le plan coronal est un plan qui sépare le corps en une partie antérieure et une partie postérieure.

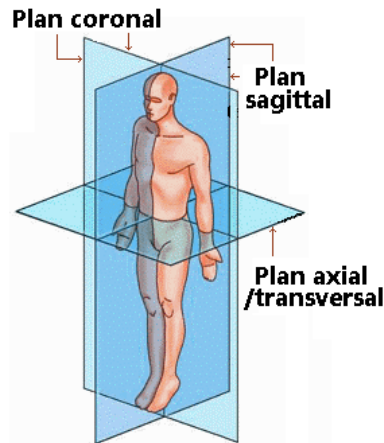


FIGURE 1.3 – Le système de référence anatomique [8]

1.3 PET-scan

1.3.1 Principe de fonctionnement

La tomographie par émissions de positons² (PET) est une technique d'imagerie nucléaire qui fait appel au noyau de certains atomes [9]. En pratique, l'injection intraveineuse d'un traceur radioactif spécifique permet d'obtenir des informations sur le fonctionnement des tissus ou de l'organe exploré. On peut ainsi visualiser des foyers de cellules consommant beaucoup de glucose, comme les cellules cancéreuses du fait de leur importante activité et de leur rapide multiplication.

Par ce procédé, on détermine donc avec précision les zones atteintes en cas de cancer déjà diagnostiqué. Cela permet également d'évaluer l'efficacité du traitement ou chercher la cause d'une anomalie dans le bilan sanguin.

1.3.2 Déroulement de l'examen

La personne doit être à jeun. Le médecin injecte au patient un traceur environ une heure avant l'examen pour laisser au produit le temps de se diffuser dans le corps. Le traceur le plus souvent utilisé est le fluor couplé à une molécule de sucre pour former le fluorodéoxyglucose ou "FDG", dont la demi-vie est de 118 minutes [10].

Les cellules cancéreuses absorbent plus de glucose radioactif que les cellules normales puisque les cellules cancéreuses métabolisent le glucose à un taux approximativement 20 fois supérieur à celui d'un tissu normal [11]. Lorsque la tumeur absorbe le glucose, le fluor est absorbé également et émet un signal qui est détecté par les capteurs du PET.

Lors de l'examen, qui se déroule dans une salle réservée à la médecine nucléaire, le patient est allongé sur le dos et doit rester immobile. La séance dure une vingtaine de minutes. Tout au long de l'examen, le lit sur lequel est installé le patient coulisse le long de l'appareil afin de couvrir l'ensemble du corps du patient.

2. Notez que la langue française autorise les deux orthographes : *positon* et *positron*

1.3.3 Détection du traceur

L'atome de Fluor F18 émet un **positon**, qui s'échappe du noyau et après un parcours très bref de quelques millimètres dans la matière, rencontre un électron appartenant à un autre atome. Le positon est la particule soeur de l'électron, sa charge électrique est identique à celle de l'électron, mais celle-ci est positive.

Cette rencontre électron - positon (matière - antimatière) entraîne la disparition des deux particules au cours de la **réaction d'annihilation**.

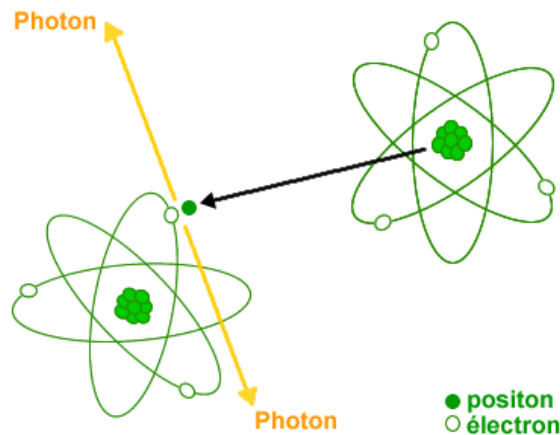


FIGURE 1.4 – L'annihilation [12]

Cette réaction d'annihilation provoque l'émission de deux photons, émis dans des directions diamétralement opposées.

Selon l'équation célèbre $E = mc^2$, ces deux photons (photons gamma) emportent avec eux une énergie de 511 KeV (Kilo-électron-volt)

Cette cascade d'événements : émission du positon, annihilation et émission des deux photons se répète plusieurs milliers de fois par seconde au cours de l'examen.

Les détecteurs du PET-scan sont disposés en couronne, réalisant un véritable "anneau de détecteurs" autour du patient. Ces détecteurs sont composés de deux éléments principaux : le cristal et le photomultiplicateur.

Le cristal permet la détection des photons : lorsque le photon émis percute le cristal, il y a émission de lumière. Cette lumière est ensuite transformée en signal électrique et amplifiée par un photomultiplicateur couplé au cristal.

Les photons émis à 180 degrés l'un de l'autre sont donc détectables par des cristaux opposés.

L'endroit précis de l'annihilation se trouve donc sur une ligne rejoignant ces cristaux. Le système électronique dit de "détection en coïncidence" enregistre ainsi ces deux signaux opposés afin de savoir s'ils proviennent de la même réaction d'annihilation.

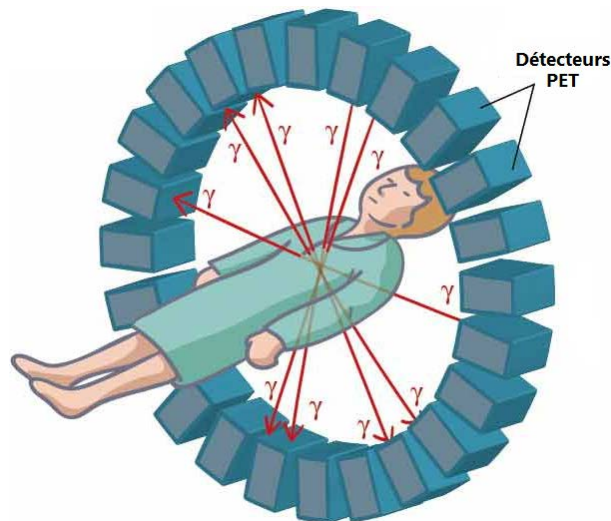


FIGURE 1.5 – Les détecteurs PET [13]

Tout au long de l'examen, l'ensemble des événements détectés sont enregistrés dans un fichier appelé **"mode-liste"**, qui garde, en série et pour chaque événement, une information spatiale et temporelle. Au terme de l'acquisition, c'est grâce à ce fichier que le système informatique du PET-scan est en mesure de construire une image en 3 dimensions présentant la répartition du traceur dans l'organisme du patient.

En effet, l'endroit de l'annihilation se situe à quelques millimètres de l'atome de fluor et par voie de conséquence du FDG.

1.3.4 Remarque sur la durée d'acquisition

La longue durée de l'examen s'explique tout simplement du fait qu'il faille récolter suffisamment d'information (les photons détectés) afin de construire une image d'une qualité suffisante. A titre d'exemple, le PET de Mont-Godinne, lorsqu'il est figé sur une position, permet une acquisition sur une amplitude de 16 centimètres sur le patient et reste figé sur cette position durant une minute et trente secondes afin d'obtenir suffisamment d'information. Pour couvrir le corps entier d'une personne mesurant 1,6 m, il faut donc compter environ 15 minutes.

1.3.5 Les imperfections du PET

Les images obtenues via le PET-scan résultent d'un comptage des coïncidences détectées. Cependant, suite à certains phénomènes physiques et aux caractéristiques de l'appareillage, l'information recueillie est biaisée.

Toutefois, bon nombre de mécanismes sont mis au point actuellement afin de permettre aux PET-scans modernes de contrer au mieux ces différentes sources d'erreurs. Nous présentons par la suite ces principales sources d'erreur.

Les coïncidences aléatoires

Les coïncidences aléatoires résultent de la mesure de deux photons enregistrés pendant la même fenêtre temporelle, mais qui sont issus de deux annihilations différentes.

Les coïncidences diffusées

La diffusion Compton est un phénomène qui entraîne une perte d'énergie et un changement de direction du photon incident. Ce changement de trajectoire fausse l'image, puisque la ligne de réponse détectée n'est plus corrélée à son lieu d'émission. En plus d'un changement dans la direction d'incidence du photon, la diffusion Compton se traduit également par une perte d'énergie du photon. Dès lors, l'une des solutions pour éviter ces coïncidences diffusées est de ne pas tenir compte des photons dont l'énergie, estimée par le détecteur, est inférieure à 511 KeV.

L'effet de volume partiel

L'effet de volume partiel est la conséquence de la résolution spatiale limitée des images produites par le PET-scan [14]. Le corps du patient, d'une très grande complexité, pour être représenté sur une image, doit être saucissonné en cubes de plusieurs millimètres d'épaisseur, qui formeront les voxels³ de l'image.

L'effet de volume partiel se traduit par une sous-estimation de la concentration dans les petites structures⁴ puisqu'une partie de l'activité se trouve située en dehors de la structure du fait de la résolution spatiale du système. En dehors de la structure, l'effet de volume partiel entraîne une sur-estimation des concentrations due à la contamination des structures voisines⁵. Les biais de quantification observés sont fortement dépendants de la taille des lésions et de la résolution spatiale du système.

L'atténuation

L'atténuation constitue l'artéfact le plus important en PET. Elle est due à l'interaction des photons d'annihilation avec les tissus du patient ou autres matériaux qui les séparent des capteurs du PET-scan. Sans une bonne correction d'atténuation, l'image obtenue sous-évalue nettement les fixations profondes, où seulement 5% des photons provenant du centre du corps seraient détectés [15]. Pour la corriger, il faut connaître la distribution des coefficients d'atténuation du patient mesurée à l'aide d'une source externe⁶. Le coefficient d'atténuation traduit la probabilité d'interaction des photons dans le milieu par unité de longueur.

1.4 CT-scan

Le CT-scan ou tomodensitométrie ou encore scanner est une technique d'imagerie médicale qui consiste à calculer une reconstruction 3D des tissus à partir d'une analyse tomographique obtenue en soumettant le patient au balayage d'un faisceau de rayons X [16].

Cette technique, qui a été mise au point au début des années 1970, nécessite des ordinateurs capables de réaliser les calculs nécessaires à la reconstruction des images, c'est qui explique d'ailleurs son apparition si tardive.

Il s'agit d'une technique d'imagerie structurelle, à l'inverse du PET-scan qui est une technique d'imagerie fonctionnelle.

3. L'équivalent du pixel en 3D

4. "spill-out effect"

5. "spill-over effect"

6. le CT par exemple

1.4.1 Principe de fonctionnement

L'appareil se présente sous la forme d'un anneau. Au sein de cet anneau se trouve un émetteur de rayons X qui tourne autour du patient ainsi que des récepteurs chargés de mesurer l'intensité des rayons après leur passage dans le corps. Les données obtenues sont ensuite traitées par ordinateur, ce qui permet de recomposer des vues en coupe des organes ou des vues en trois dimensions (voir figures 1.6 et 1.7).



FIGURE 1.6 – Le mouvement circulaire continu du tube radiogène autour du patient, synchronisé au déplacement linéaire de la table, génère une acquisition volumétrique en forme de spirale, ou hélicoïdale. Des images en tranches peuvent ensuite être reconstruites dans tous les plans, et manipulées par ordinateur pour mettre en évidence certaines régions d'intérêt. [17]

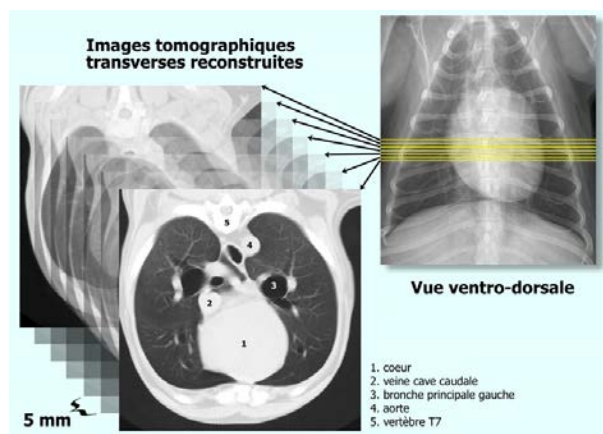


FIGURE 1.7 – Illustration des différentes coupes produites grâce à la tomographie du CT sur un chien [17]

Il est possible de faire ressortir certains tissus, en particulier les vaisseaux sanguins, grâce à l'injection d'un produit dit « de contraste » (souvent un complexe de l'iode) qui a la propriété d'absorber fortement les rayons X et donc de rendre très visibles les tissus où ce produit est présent.

A l'heure actuelle, et grâce aux scanners multidétecteurs à acquisition spiralée, on peut obtenir en quelques secondes seulement une exploration très précise d'un large volume du

corps humain. L'examen est donc très rapide et il est d'ailleurs parfois demandé au patient de bloquer sa respiration afin d'éviter tout artéfact provenant du mouvement respiratoire de ce dernier.

1.4.2 Inconvénient

L'exposition répétée à des radiations peut être nocive pour l'organisme, mais le rapport bénéfice/risque lié à l'irradiation penche largement en faveur de la tomодensitométrie, lorsque la demande est justifiée, ce qui en fait un examen de plus en plus pratiqué. L'imagerie par résonance magnétique (IRM), technique non irradiante, peut représenter une alternative pour certaines applications précises mais ne peut pas remplacer l'imagerie scanographique.

1.5 Le couplage PET/CT

Actuellement, on dispose de technologies hybrides PET/CT. Cette complémentarité entre d'une part, l'imagerie anatomique, et d'autre part, l'imagerie fonctionnelle constitue une grande avancée en matière d'oncologie moderne [18].

1.5.1 Intérêt

En effet, les images PET, à elles seules, contiennent peu d'information anatomiques [19]. Les images de cette modalité ne permettent pas toujours de différencier une captation physiologique du traceur, souvent variable d'un patient à l'autre, d'une lésion proprement dite car la structure sous-jacente n'est pas identifiée. Ce genre de situation est par exemple fréquent dans l'abdomen où le FDG filtré et non réabsorbé par les reins est présent dans les voies urinaires excrétrices.

Ainsi, la distinction entre captation normale et pathologique est facilitée par la fusion des images fonctionnelles issues du PET et anatomiques issues du scanner (CT). De plus, elle permet une localisation précise de la lésion.

Historiquement, les deux examens étaient réalisés à des moments séparés, et il était donc plus difficile de superposer correctement les deux images, notamment à cause du positionnement du patient qui est variable d'une fois à l'autre.

Mais depuis peu, une composante CT a été ajoutée à la composante PET. Initialement, cette composante CT était utilisée uniquement pour l'atténuation et pour mieux focaliser les foyers hypermétaboliques. Mais à l'heure actuelle, les CT joints au PET sont équivalents aux CT diagnostiques de qualité.

Les PET/CT modernes offrent la possibilité d'une fusion en temps réel des deux modes exploratoires (voir figure 1.8).

En plus de fournir deux types d'images différentes en un seul examen, le PET/CT présente d'autres avantages.

Comme cela vient d'être évoqué, le CT permet de construire une carte d'atténuation afin de minimiser les artéfacts des images PET dus à ce phénomène d'atténuation ⁷.

7. Cf. section 1.3.5 page 18

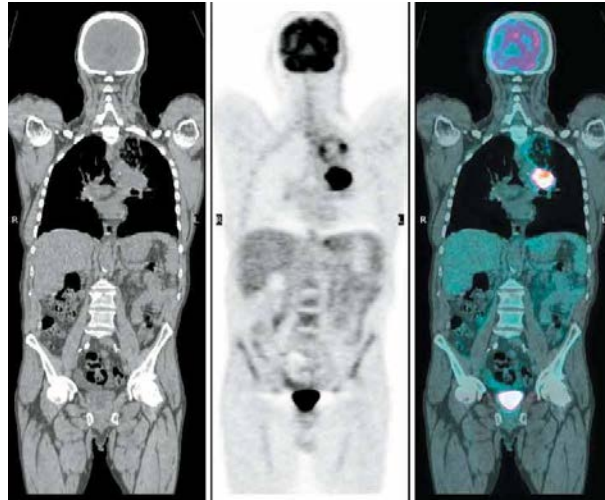


FIGURE 1.8 – Illustration de la fusion des images PET et CT. [20] À gauche, l'image CT, au centre l'image PET et à droite l'image fusionnée PET/CT. On comprend l'utilité de l'information anatomique du CT et fonctionnelle du PET.

Cela permet aussi indirectement de diminuer la durée de l'examen [21], ce qui améliore le confort du patient. Sans oublier que le patient réalise un seul examen au lieu de deux.

1.5.2 Différences

Le temps d'acquisition du CT est court (quelques secondes) alors que l'acquisition des données d'émission PET requiert un temps relativement long (quelques minutes) [18]. Dès lors, le PET subit des interférences parasites qui sont liées aux mouvements du patient, principalement sa respiration ou encore ses battements cardiaques, sans parler d'autres mouvements involontaires éventuels.

En ajoutant le fait que l'acquisition PET et CT n'aient pas lieu en même temps, la position des organes peut différer légèrement entre la position moyenne obtenue par le PET et celle observée par le CT. Ces variations de positions sont moins intenses dans certaines régions, par exemple au niveau du cerveau. Par contre, la région du thorax et de l'abdomen sont particulièrement concernées par le mouvement respiratoire.

1.6 Les acquisitions synchronisées aux mouvements respiratoires

Afin de contrer les effets néfastes de la respiration du patient, des méthodes de compensation ont été élaborées, parmi lesquelles l'acquisition synchronisée à la respiration [21].

Ce type d'acquisition implique, simultanément à l'acquisition de données PET ou CT, l'enregistrement d'un signal respiratoire. Grâce à ce signal respiratoire, tout événement perçu durant l'acquisition peut être associé à un instant précis du cycle respiratoire du patient.

1.6.1 Les modes d'enregistrement du signal respiratoire

L'acquisition synchronisée à la respiration nécessite un mode d'enregistrement du signal respiratoire basé le plus souvent sur l'utilisation d'un détecteur externe. En voici les principales alternatives :

- Une ceinture élastique, pourvue de capteurs sensibles à l'étirement qui mesure les variations de circonférence de la cage thoracique.
- Un spiromètre placé sur le nez ou la bouche du patient qui mesure les flux d'air inspirés et expirés. Le débit est converti par ordinateur et donne une estimation du volume des poumons.
- La thermistance qui évalue la différence de température de l'air circulant pendant la respiration du patient par rapport à celui de la pièce.
- Un système de positionnement en temps réel basé sur le suivi, à l'aide de caméras infrarouges, de deux marqueurs réfléchissants placés sur un bloc attaché à la cage thoracique du patient.

1.6.2 Construction des images

Alors qu'un examen classique entraîne la construction d'une seule image, les acquisitions synchronisées permettent de créer plusieurs images, chacune d'entre elles représentant spécifiquement à un instant (ou plutôt intervalle) précis du cycle respiratoire. Pour cela, chaque événement survenu durant l'examen est utilisé dans la construction de l'une de ces images en fonction de l'instant où il est survenu (début d'inspiration, fin de l'inspiration, début de l'expiration,...). D'où l'importance de l'enregistrement du signal respiratoire tout au long de l'examen.

Cependant, des choix s'imposent en ce qui concerne les intervalles respiratoires. Premièrement, il faut fixer le nombre d'intervalles, c'est-à-dire "en combien de morceaux on divise le cycle respiratoire". Dans la suite de ce travail, nous appellerons ce nombre n . Ensuite, il est obligatoire de déterminer sur quelle base s'opère le découpage. Deux choix sont possibles : en fonction du temps ou en fonction de l'amplitude.

En fonction du temps

Deux cas de figures sont possibles. Les intervalles de temps peuvent être fixes. Supposons que l'on estime la durée d'un cycle respiratoire à 4 secondes. Les intervalles sont alors fixés à $\frac{4}{n}$ seconde(s). Dans ce cas, il se peut que certains intervalles soient tronqués en cas de cycle respiratoire plus court que la moyenne, ou que certains signaux soient ignorés dans le cas d'un cycle respiratoire plus long que la moyenne. Ce genre de situation est représenté sur la figure 1.9.

A l'inverse, les intervalles peuvent être variables et s'adapter à la longueur de chacun des cycles. L'intervalle est alors spécifique à chacun des cycles et vaut la durée du cycle divisée par n (figure 1.10).

Remarquons que c'est l'instant de l'inspiration maximale qui est à chaque fois utilisé pour déterminer le début et la fin d'un cycle respiratoire⁸.

8. Voir la ligne verticale rouge sur les figures 1.9 et 1.10

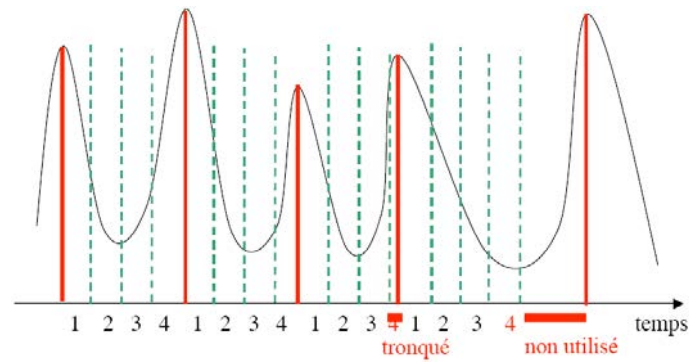


FIGURE 1.9 – Amplitude pulmonaire en fonction du temps. (1) Toutes les phases de durée égale [22]

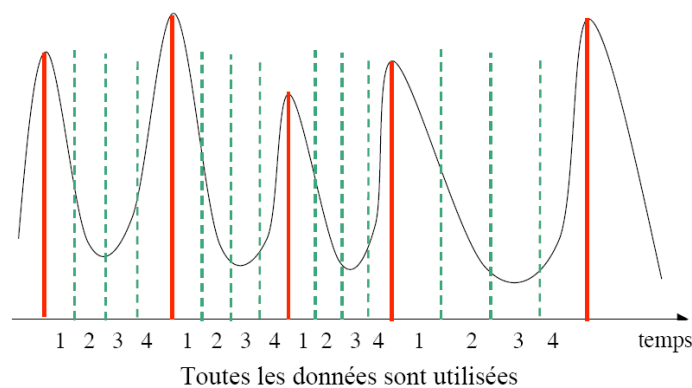


FIGURE 1.10 – (2) Chaque phase de durée variable en fonction de la durée de chaque cycle respiratoire [22]

En fonction de l'amplitude

Par amplitude, on entend la capacité à gonfler la cage thoracique pour inspirer de l'air. Le volume de la cage thoracique peut ainsi varier de plusieurs centimètres durant la ventilation.

A nouveau, plusieurs possibilités sont offertes. Le premier cas concerne les intervalles fixes (figure 1.11).

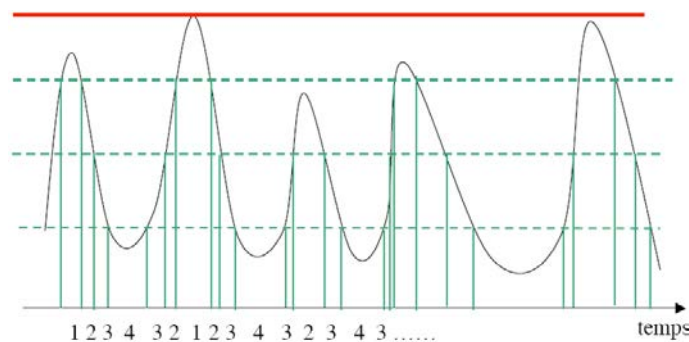


FIGURE 1.11 – (3) Toutes les phases d'amplitude égale [22]

La seconde possibilité propose des intervalles variables et déterminés de manière à ce que chaque intervalle ait intercepté le même nombre d'événements (figure 1.12). Cela permet de produire n images de qualité équivalente.

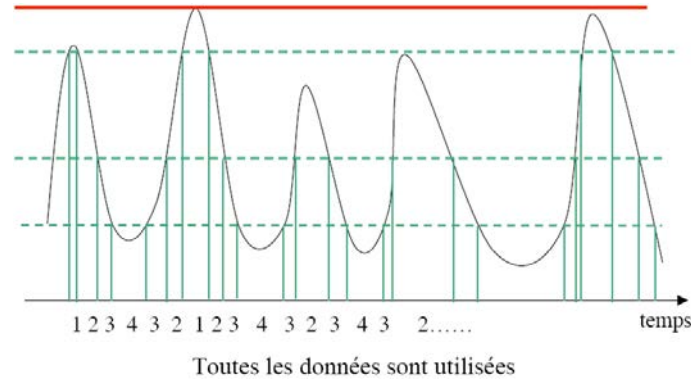


FIGURE 1.12 – (4) Amplitude variable de telle sorte que chaque intervalle contienne le même nombre d'événements [22]

Finalement, la dernière possibilité consiste à utiliser des intervalles variables qui diffèrent lors de chaque cycle et qui valent l'amplitude du cycle divisé par n (figure 1.13).

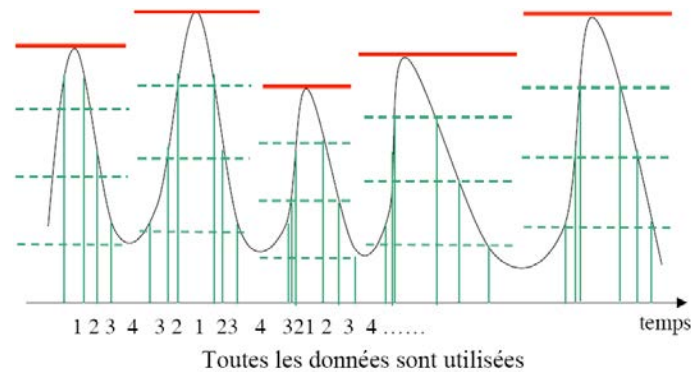


FIGURE 1.13 – (5) Toutes les phases d'amplitude égale pour un cycle respiratoire [22]

Au terme de l'acquisition synchronisée, on obtient ainsi n volumes CT et n volumes PET reconstruits. Chacune des n images représente la région pulmonaire à un instant précis du cycle respiratoire. En visualisant successivement ces images les unes à la suite des autres, on aperçoit aisément le mouvement respiratoire.

1.6.3 Remarques intéressantes

Différences entre PET et CT

Tout d'abord, précisons qu'une acquisition synchronisée en CT est beaucoup plus rapide que son équivalente en PET puisque, rappelons-le, les acquisitions CT se réalisent en quelques secondes seulement.

Intérêt de la synchronisation CT

On pourrait se demander l'intérêt de l'acquisition synchronisée CT. L'utilité est double. D'une part, cela permet d'obtenir, pour chaque image PET son équivalente CT relative à la même phase respiratoire, ce qui est intéressant pour une bonne superposition des images. D'autre part, ces images CT sont aussi très utiles dans le contexte de la correction d'atténuation⁹.

1.6.4 Inconvénients

Malheureusement, les acquisitions synchronisées présentent leurs limites.

Mouvements respiratoires

Bien que les images issues d'une acquisition synchronisée soient beaucoup moins altérées par les mouvements respiratoires qu'une image classique moyennée, elle restent tout de même légèrement exposées au mouvement. Sur la figure 1.14, on peut observer que la phase respiratoire représentée en bleu est particulièrement exposée à ce problème.

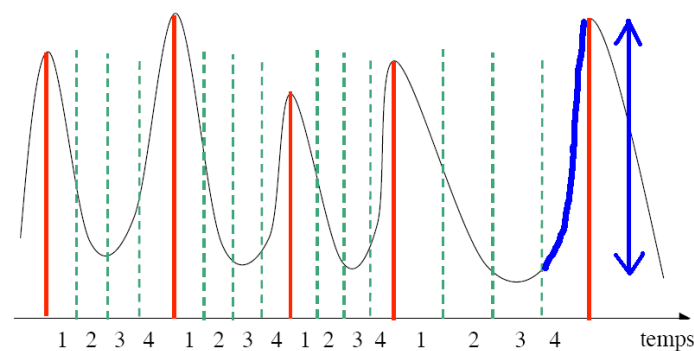


FIGURE 1.14 – Cas extrême où un intervalle reste très exposé au mouvement respiratoire. Dans la réalité, le nombre de phases est souvent bien supérieur à 4.

Irrégularité des cycles respiratoires

Certaines des techniques présentées souffrent également de l'irrégularité respiratoire des patients, en particulier lorsque les intervalles sont basés sur le temps (technique (1) et (2)), mais aussi pour la technique (5) car une même phase respiratoire enregistre des mouvements dont le niveau d'amplitude est très différent d'un cycle à l'autre.

A l'inverse, les méthodes (3) et (4) sont beaucoup moins touchées par les cycles irréguliers.

Cependant, il existe plusieurs approches pour contrer cet effet. Par exemple, le système informatique pourrait simplement ignorer les cycles trop irréguliers. On pourrait aussi penser à utiliser des instructions audios afin d'inciter le patient à maintenir un rythme respiratoire régulier [21].

9. Cf. section 1.3.5 page 18

Dosimétrie CT

Rappelons que le CT-scan nécessite le balayage de rayons X sur le patient. Une acquisition synchronisée aboutissant à la construction de n images au lieu d'une seule, la dosimétrie¹⁰ s'en retrouve augmentée.

Notons toutefois que la dosimétrie varie en fonction de la qualité d'image désirée. Ainsi, la dose d'une acquisition synchronisée CT serait approximativement équivalente à la dose (relativement importante) délivrée lors d'un scanner thoracique diagnostique [21].

La question de savoir si les effets secondaires dépassent les bénéfices est donc de mise.

Temps d'acquisition PET

Un problème important à aborder est celui du temps d'acquisition de ce type d'examen en PET-scan. Lors d'un examen non-synchronisé, dans lequel on construit une seule image, le PET-scan doit rester figé un minimum de temps sur chaque position afin de recueillir suffisamment de statistiques pour construire une image de qualité. Lors d'une acquisition synchronisée, n images sont créées. Si, par exemple, on souhaite que les n images générées soient d'une qualité environ équivalente à une image qui aurait été créée lors d'un examen classique, le PET-scan doit rester figé n fois plus longtemps sur chaque position.

A Mont-Godinne, puisque l'amplitude du PET-scan est de 16 centimètres et que la durée habituelle par position est de 1 min 30, cela signifie que lorsque $n = 10$ ¹¹, il faudrait 15 minutes d'examen pour une amplitude de 16 centimètres seulement.

Sachant qu'il est très inconfortable pour un patient de rester parfaitement immobile sur le lit du PET-scan durant de nombreuses minutes, on comprend qu'il s'agit d'un problème important. Nous y reviendrons par la suite.

1.7 Indice de SUV

La visualisation des images PET, à elle seule, n'est pas suffisante aux médecins pour établir le diagnostic. Ces derniers ont souvent recours à ce que l'on appelle la "SUV".

SUV signifie « Standardized Uptake Value », en français : la valeur de fixation normalisée. Il s'agit de l'index le plus communément utilisé pour caractériser la fixation du FDG (fluorodéoxyglucose) en tomographie par émission de positons (PET).

La valeur de SUV permet de donner une estimation précise de la concentration de FDG dans une région d'intérêt du corps du patient. Cette valeur revêt tout naturellement une grande importance en matière de diagnostic et de suivi de cancers.

La formule permettant de déterminer la SUV est [24, 25] :

$$SUV = \frac{\text{Concentration Du Radiotraceur Dans La Tumeur}}{\frac{\text{Activité Injectée}}{\text{Poids Du Patient}}} = \frac{\text{Fixation (kBq/mL)}}{\frac{\text{Dose Injectée (kBq)}}{\text{Poids Du Patient (mL)}}}$$

10. Quantité de la dose absorbée suite à l'exposition de rayonnements ionisants [23].

11. La norme à Mont-Godinne

Tout d'abord, rappelons que Bq est l'abréviation de Becquerel et qu'il s'agit d'une unité du système international désignant le nombre de désintégrations radioactives par seconde au sein d'une certaine quantité de matière. C'est d'ailleurs la raison pour laquelle le Becquerel est à chaque fois divisé par une valeur en millilitre dans la formule du SUV. Un Becquerel correspond à une désintégration par seconde.

Le dénominateur de la fraction représente l'activité moyenne de la substance radioactive si celle-ci s'était uniformément répartie dans le corps. Le numérateur représente l'activité sur une région d'intérêt en particulier.

Au plus le rapport entre les deux est élevé, au plus il exprime une hyperfixation du traceur sur la région déterminée (voir figure 1.15).

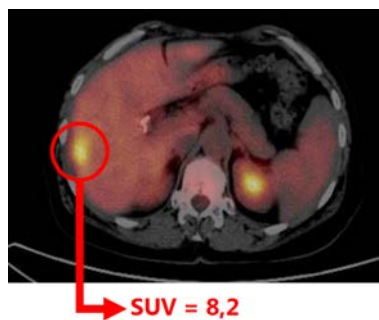


FIGURE 1.15 – Illustration d'une mesure de SUV sur une image fusionnée PET/CT [26]

Afin de donner un ordre de grandeur de la signification des valeurs de SUV, prenons par exemple la région pulmonaire. Une valeur de SUV de 2 ou 3 y est pathologique, il peut s'agir d'une région infectieuse ou inflammatoire. Si les valeurs sont plus élevées, il s'agit d'une région tumorale. Lorsque la SUV dépasse 10, on parle alors d'une tumeur agressive. Rappelons également qu'il est normal que certains organes présente une captation modérée du traceur. Ainsi, la foie présente habituellement une SUV de 2 ou 3.

Les logiciels d'imagerie utilisés à l'hôpital offrent généralement la possibilité de calculer automatiquement les valeurs de SUV en cliquant simplement sur la région d'intérêt.

1.8 Problématique de la respiration

1.8.1 Présentation du problème

Récapitulons d'abord les divers enseignements tirés de ce chapitre.

Notre attention se porte sur les cancers des poumons. A ce sujet, nous avons vu que le PET-scan était une technologie d'imagerie révolutionnaire pour aider le diagnostic de ce genre de pathologie. Les images en provenance de cet appareil deviennent encore plus lisibles et compréhensibles lorsqu'on les superpose avec une imagerie plus anatomique qui caractérise le CT.

La SUV, quant à elle, se révèle être une valeur particulièrement adaptée pour chiffrer la fixation du glucose et mesurer l'importance des lésions.

L'inconvénient principal du PET-scan est la durée de ses acquisitions, pourtant indispensable pour construire une image de qualité suffisante.

Bien sûr, on peut demander au patient de rester immobile durant plusieurs minutes, mais on ne peut toutefois pas lui demander de bloquer sa respiration aussi longtemps. Dès lors, la qualité des images se retrouve affectée par ce mouvement respiratoire. Les structures présentes dans la région pulmonaire sont déformées. Les valeurs de SUV de telles régions d'intérêt sont faussées, puisque ces valeurs sont déterminées sur base des images.

Nous l'avons compris, la respiration pose réellement problème lorsqu'il s'agit d'analyser la région pulmonaire d'images en provenance du PET-scan.

Dans les sections précédentes, nous avons découvert la possibilité d'effectuer des acquisitions synchronisées. Bien qu'expérimentales, elles constituent une solution, mais elles présentent malgré tout certains inconvénients.

1.8.2 Illustration du phénomène

Des études sur patients ont été menées [21] afin de mesurer les impacts de la respiration sur les images PET. Pour cela, des acquisitions synchronisées et non-synchronisées ont été effectuées.

Les déplacements les plus importants des lésions ont été observés le long de l'axe Z du patient, c'est à dire l'axe joignant la tête aux pieds. Ceci est logique étant donné le mouvement du diaphragme de haut en bas. Ces déplacements atteignent parfois 18 millimètres. La figure 1.16 permet d'observer un tel déplacement. Les deux images, en provenance d'une acquisition PET synchronisée, illustrent deux phases respiratoires différentes et confirme bien un déplacement de la lésion.

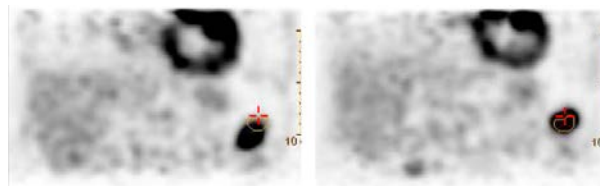


FIGURE 1.16 – Illustration du déplacement d'une lésion au cours de deux phases respiratoires différentes [21]

D'autres résultats ont montré que la plupart du temps, les lésions occupent un volume plus grand sur les acquisitions non-synchronisées que sur les acquisitions synchronisées. Le résultat est logique puisque le mouvement respiratoire déplace la lésion et donc l'étendue des sources d'annihilation augmentent.

Cela explique finalement que les valeurs de concentration de glucose (SUV) soient moins élevées sur les images non-synchronisées (puisque le volume de la lésion y est plus grand).

1.8.3 La respiration

Finalement, il n'est certainement pas inutile de détailler quelque peu le processus respiratoire humain, et plus précisément la ventilation, qui est le mécanisme physique produisant le mouvement respiratoire.

Fonctionnement

Le système respiratoire [27] se compose de la trachée, des bronches, des poumons, du diaphragme et des muscles intercostaux. Les bronches relient la trachée aux poumons. Les muscles intercostaux permettent de respirer profondément et de tousser, mais le diaphragme reste le muscle respiratoire le plus important. Les poumons sont protégés par le sternum, les côtes et l'épine dorsale (voir figure 1.17).

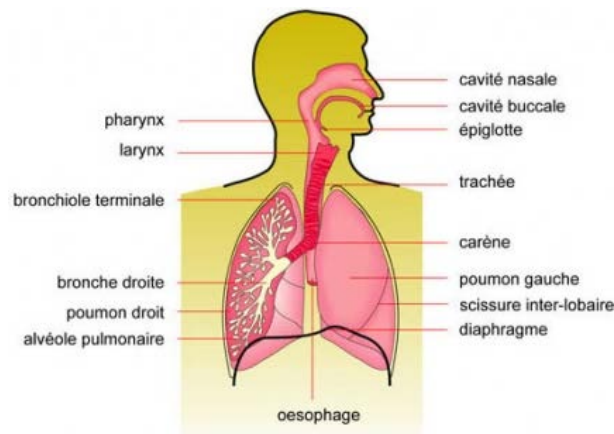


FIGURE 1.17 – Schéma de l'appareil respiratoire [28]

La respiration est gérée par le cerveau. Les êtres humains respirent en moyenne 10 à 20 fois par minute. C'est le centre respiratoire, situé dans le cerveau, qui envoie des messages vers le diaphragme et les muscles intercostaux afin de gérer leur contraction. Quand le diaphragme descend, la partie inférieure des poumons est tirée vers le bas, les poumons se gonflent et le cerveau en est informé. C'est l'inspiration. Le cerveau demande la contraction du diaphragme et des muscles intercostaux. Le diaphragme pousse alors vers le haut la partie inférieure des poumons. C'est l'expiration.

Les poumons sont élastiques et recouverts par une plèvre. Cette dernière les protège et permet le gonflement et la contraction des poumons dans le thorax.

Les poumons servent en tout premier lieu à inspirer et à filtrer l'air. Dans l'air inspiré se trouve de l'azote, de l'oxygène, de l'eau, du dioxyde de carbone et encore d'autres particules. Par le nez et la bouche, le larynx, la trachée et les bronches, les particules arrivent dans les poumons, dans lesquels on retrouve des millions d'alvéoles pulmonaires et un vaste réseau de petits vaisseaux sanguins (capillaires). C'est à ce niveau que se produit l'échange d'oxygène et de dioxyde de carbone.

Volumes d'air

Lors d'une inspiration normale, 0,5 litre d'air entre dans les poumons [29]. Mais lors d'une inspiration forcée, les poumons peuvent contenir un volume d'air d'environ 3 litres.

Sans surprise, une expiration normale correspond aussi à un rejet de 0,5 litre d'air. Par contre, une expiration forcée ne permet d'expirer qu'1,5 litre. Quoi qu'il arrive, il reste toujours au minimum 1,5 litre d'air dans les poumons, on ne peut jamais les vider complètement.

Asymétrie entre l'inspiration et l'expiration

Il est intéressant de remarquer que les phases d'inspiration et d'expiration sont de durée différente et donc la variation de l'amplitude pulmonaire est asymétrique.

Selon certaines sources [30], la ventilation pulmonaire chez un sujet au repos montre que l'expiration est plus longue que l'inspiration. Le rapport serait de 2/3 pour l'expiration et 1/3 pour l'inspiration. De plus, on peut différencier deux phases au cours de l'expiration : une rapide et une lente.

La figure 1.18 permet d'observer l'illustration d'un tel cycle respiratoire.

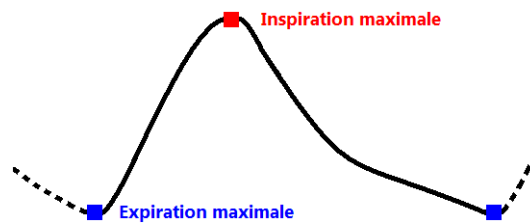


FIGURE 1.18 – Schématisation d'un cycle respiratoire

Chapitre 2

Objectifs

La premier chapitre a permis de bien comprendre le problème d'imagerie dû aux artefacts produits par la respiration du patient. C'est sur ce problème que se concentre ce travail.

Nous l'avons vu, des acquisitions synchronisées sont possibles. Ce type d'acquisition permet de minimiser l'impact du mouvement respiratoire sur les images mais présente des inconvénients, nous en avons d'ailleurs abordés plusieurs.

Ce travail a pour but de remédier à deux grands inconvénients des acquisitions synchronisées.

2.1 Correction d'images PET

L'objectif principal fait suite aux travaux de Marc Honoré [18], étudiant ayant réalisé son stage et son mémoire sur ce sujet durant l'année académique 2007-2008.

La problématique sur laquelle on se penche est la durée des acquisitions synchronisées PET. Comme cela a déjà été expliqué, une acquisition synchronisée produit n images au lieu d'une seule et doit donc récolter n fois plus de signal afin d'atteindre une qualité d'image comparable à ce qu'aurait produit une acquisition classique. C'est ce qui explique la si longue durée d'une acquisition synchronisée.

Tout d'abord, partons d'un constat. Une tel examen produit n images relativement nettes (car moins touchées par le mouvement respiratoire). Cependant, l'intérêt de disposer d'autant d'images n'est pas grand. Une seule image pourrait suffire.

L'idée générale est donc de construire une seule image, appelons-la I , encore plus nette et plus précise, au départ des n images provenant de l'acquisition synchronisée. Cette image serait de grande qualité car elle utiliserait l'information contenue dans les n images de départ.

La qualité finale de I serait tellement grande que l'on pourrait se permettre de diminuer la durée des acquisitions synchronisées. De cette manière, chacune des n images serait de moins bonne qualité, certes, mais l'image finale I obtiendrait alors une qualité "normale".

La principale question que l'on se pose est "*Comment construire cette image I , sans qu'elle soit altérée par les mouvements respiratoires*"¹ ?"

1. Sachant que les n images de départ représentent chacune une phase respiratoire différente !

La réponse à cette question nécessite une longue réflexion et c'est justement ce sujet qui sera traité dès le début du chapitre suivant.

2.2 Visualisateur 4D

Le second désavantage d'une acquisition synchronisée est qu'il s'agit d'une technique très récente et encore rarement utilisée. Il en résulte que les logiciels actuels destinés à la visualisation d'images médicales n'offrent pas toutes les fonctionnalités requises pour visualiser ce type d'image.

La particularité de ces images est qu'elles contiennent une dimension supplémentaire : le temps. En effet, si l'on affiche brièvement une image représentant la phase respiratoire 0, suivi de son équivalente de la phase respiratoire 1, et ainsi de suite jusqu'à n , on visualise parfaitement le mouvement respiratoire et cela permet d'apprécier à l'oeil nu le déplacement des tissus dans la région pulmonaire.

La possibilité d'observer de telles animations est rarement possible dans de tels logiciels, et dans le meilleur des cas il s'agit d'une manipulation longue et fastidieuse et qui nécessite de sélectionner les images adéquates.

Il est alors dommage de disposer de ces images et de ne pas être en mesure de les visualiser correctement.

Alors que le premier objectif concerne principalement le traitement d'image, cet objectif secondaire nécessite d'entrer dans le domaine de la visualisation d'images, ce qui est tout à fait différent.

En effet, le but est ici de mettre sur pied un visualisateur 4D capable de fournir les animations précitées. Bien entendu, cette fonctionnalité n'est pas la seule requise. Idéalement, le visualisateur se doit de comporter un certain nombre d'autres fonctionnalités standards auxquelles le personnel médical est habitué.

C'est à la fin du chapitre suivant que nous verrons en détail ce que l'on peut attendre de ce visualisateur.

Chapitre 3

Matériels et méthodes

Dans cette partie, nous allons passer en revue et détailler l'ensemble des outils dont nous allons nous servir afin d'atteindre les objectifs fixés. Nous verrons qu'il peut s'agir de logiciels, de bibliothèques informatiques, d'algorithmes,... mais aussi de moyens techniques.

3.1 Principe de la correction

Afin de comprendre l'utilité de chaque matériel ou méthode que nous allons énoncer, il est indispensable de présenter au préalable le principe de correction d'images. De manière générale, et sans entrer dans les détails techniques, nous allons présenter la méthode utilisée pour corriger les images en provenance du PET-scan.

3.1.1 Prérequis : acquisitions PET/CT synchronisés

Le prérequis de la méthode est d'avoir effectué une acquisition synchronisée PET et CT sur le patient. Pour rappel, durant une acquisition synchronisée, chaque événement détecté est véritablement dispatché dans la construction d'une image particulière en fonction de l'instant où il est survenu dans le cycle respiratoire. Si on décide de découper le cycle respiratoire en n intervalles, il en résultera n images $(0, 1, \dots, n - 1)$.

- L'indice 0 correspond à la phase d'inspiration totale
- L'indice 1 correspond à la phase respiratoire suivante (début de l'expiration)
- ...
- L'indice $n - 1$ correspond à la phase précédant la phase 0

Après une acquisition synchronisée, nous disposons donc de :

- n images PET : $PT_0, PT_1, \dots, PT_{n-1}$
- n images CT : $CT_0, CT_1, \dots, CT_{n-1}$ (voir figure 3.1)

3.1.2 Etape 1 : Matérialisation du mouvement par des champs de vecteurs

La première étape consiste à calculer des champs de vecteurs exprimant la déformation et le mouvement subi par le corps du patient entre les différentes phases respiratoires. Ce calcul sera effectué sur des images CT, en raison de leur bonne résolution spatiale.

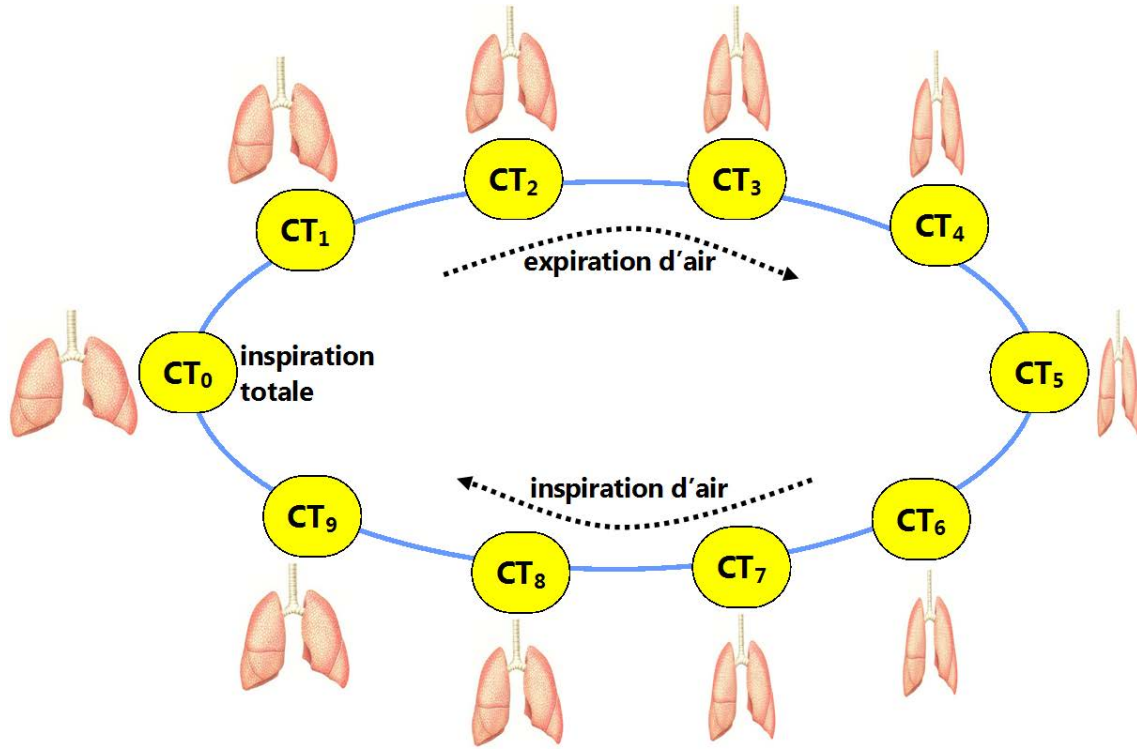


FIGURE 3.1 – Illustration (grossière) des différentes images CT provenant d'une acquisition synchronisée

Soit X et Y des images exprimant deux phases respiratoires différentes. Dans la suite, nous utiliserons la notation $X \Rightarrow Y$ pour représenter le champ de vecteurs à appliquer à l'image X pour la recaler¹ sur l'image Y .

Au total, nous allons calculer $n - 1$ champs de vecteurs sur les images CT : $CT_1 \Rightarrow CT_0$, $CT_2 \Rightarrow CT_0, \dots, CT_{n-1} \Rightarrow CT_0$

3.1.3 Etape 2 : Application des champs de vecteurs aux images PET

C'est ici que les champs de vecteurs vont apporter leur utilité. Mais d'abord introduisons une nouvelle notation. Soit X , Y et Z des images différentes. L'expression $X \star (Y \Rightarrow Z)$ signifiera qu'à X , on applique la déformation exprimée par le champ de vecteurs $Y \Rightarrow Z$.

La deuxième étape va nous conduire à effectuer les $n - 1$ opérations suivantes :

- $PT_1 \star (CT_1 \Rightarrow CT_0)$
- $PT_2 \star (CT_2 \Rightarrow CT_0)$
- ...
- $PT_{n-1} \star (CT_{n-1} \Rightarrow CT_0)$

Appelons $PT'_1, PT'_2, \dots, PT'_{n-1}$ les images produites par ces opérations. L'importance de cette étape est qu'elle permet de recaler les images PET des phases respiratoires 1, 2, ..., $n - 1$ sur l'image de la phase 0. Les n images $PT_0, PT'_1, PT'_2, \dots, PT'_{n-1}$ s'apparentent dès lors toutes à la même phase respiratoire, l'inspiration totale.

1. "pour qu'elle reprenne la forme de Y ", "pour qu'elle s'apparente à la même phase respiratoire que Y "

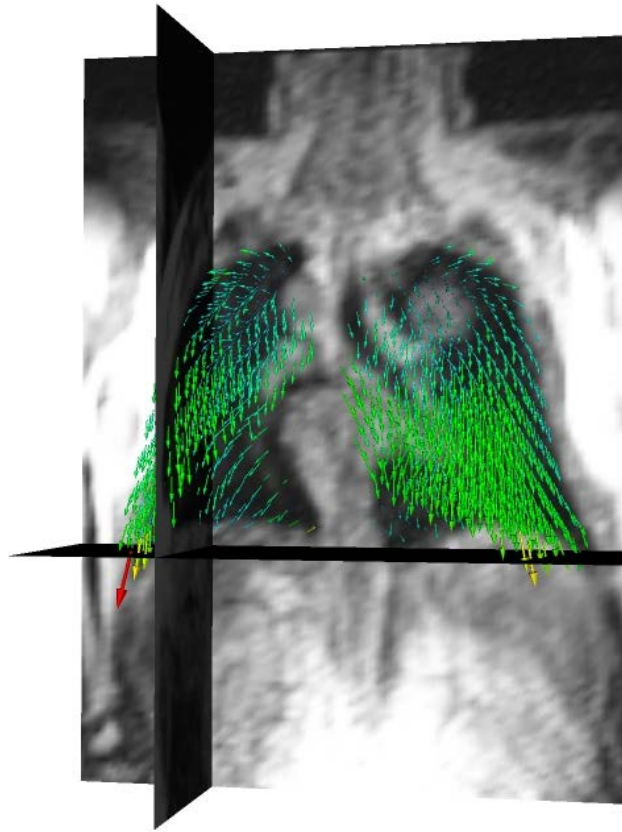


FIGURE 3.2 – Représentation d'un champ de déformation exprimant un mouvement respiratoire dans la région pulmonaire [31]

3.1.4 Etape 3 : Sommation de l'information

La démarche finale est de sommer l'information contenue dans ces n images PET afin de rassembler dans une seule image toute l'information disponible. Nous verrons en détail la manière de procéder dans une section ultérieure.

3.1.5 Utilité

L'intérêt de cette technique est qu'elle permet de générer une image PET dont on a minimisé les artefacts causés par le mouvement respiratoire. Alors qu'une image provenant d'une acquisition classique (non synchronisée) aurait été très exposée à ce problème.

Le décor étant planté, nous allons pouvoir présenter dans la suite de ce chapitre tous les outils et connaissances utiles pour mettre en oeuvre cette procédure.

3.2 Concepts d'imagerie

3.2.1 Les caractéristiques d'une image

Tout d'abord, il est utile de se rendre compte qu'une image médicale, contrairement à une simple "photo de vacances", est accompagnée d'informations permettant de connaître précisément l'espace physique qu'elle représente. Autrement dit, l'emplacement exact des objets représentés ainsi que leur taille dans le monde réel.

De plus, dans notre cas (PET et CT), ce qu'on appelle "image" est en trois dimensions, puisqu'elle représente le volume du corps humain.

Dans la suite, nous allons voir qu'une image est caractérisée par :

1. Son origine
2. Son spacing (taille réelle d'un pixel)
3. Son nombre de pixels
4. Sa matrice d'intensités de pixels

Avant tout, il faut savoir qu'à chaque appareil d'imagerie (PET, CT, IRM,...) est associé un système d'axes orthonormés (voir figure 3.3 [32]).

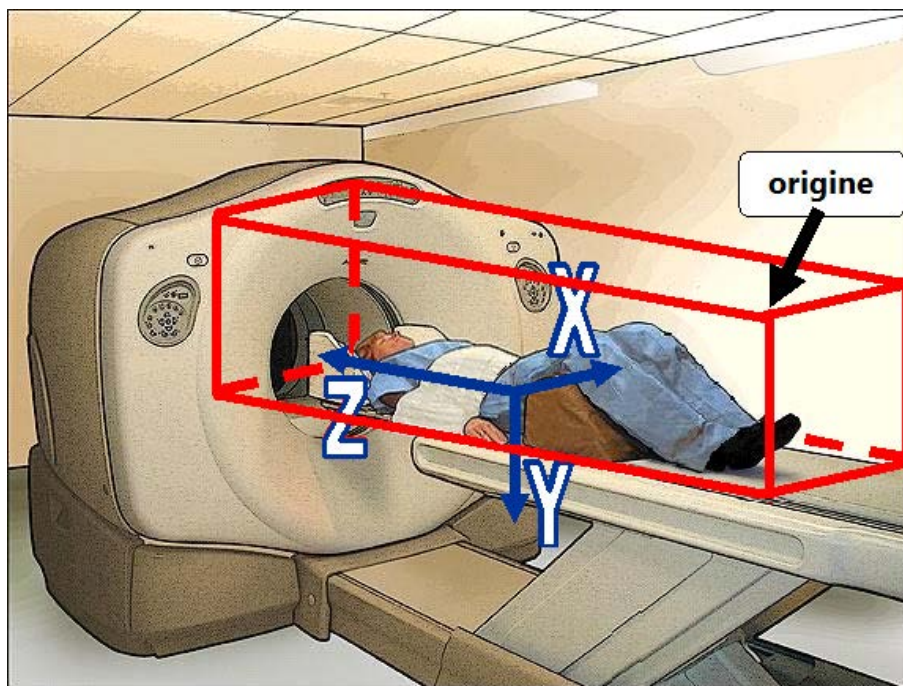


FIGURE 3.3 – Le système d'axes, le parallélépipède rectangle et l'origine de l'image

On peut voir le volume qu'une image représente comme un parallélépipède rectangle dont chaque côté est parallèle à l'axe X , Y ou Z . Ce parallélépipède doit contenir le sujet de l'image. Dans la figure 3.3 il s'agit du corps humain.

En premier lieu, une image est caractérisée par une **origine**. L'origine constitue le point de départ de la région d'intérêt. Il s'agit d'un sommet du parallélépipède rectangle. Ce sommet est exprimé en coordonnées relatives au système d'axes avec le millimètre pour unité.

Dans l'image 3.3, en se référant à la taille d'un humain moyen, on pourrait supposer que l'origine de l'image est approximativement $(-300, -400, -900)$.

La seconde caractéristique d'une image est son **spacing**. Partant du principe qu'une image est constituée d'un ensemble de points, appelés aussi pixels², le spacing (ou "taille de pixel") est la taille que représente un pixel dans l'espace physique. Au plus le spacing est petit, au plus la précision est grande. Cependant, le spacing peut varier sur chacun des axes. Sur la figure 3.4, on peut voir que le spacing sur l'axe Z est plus grand que sur les axes X et Y .

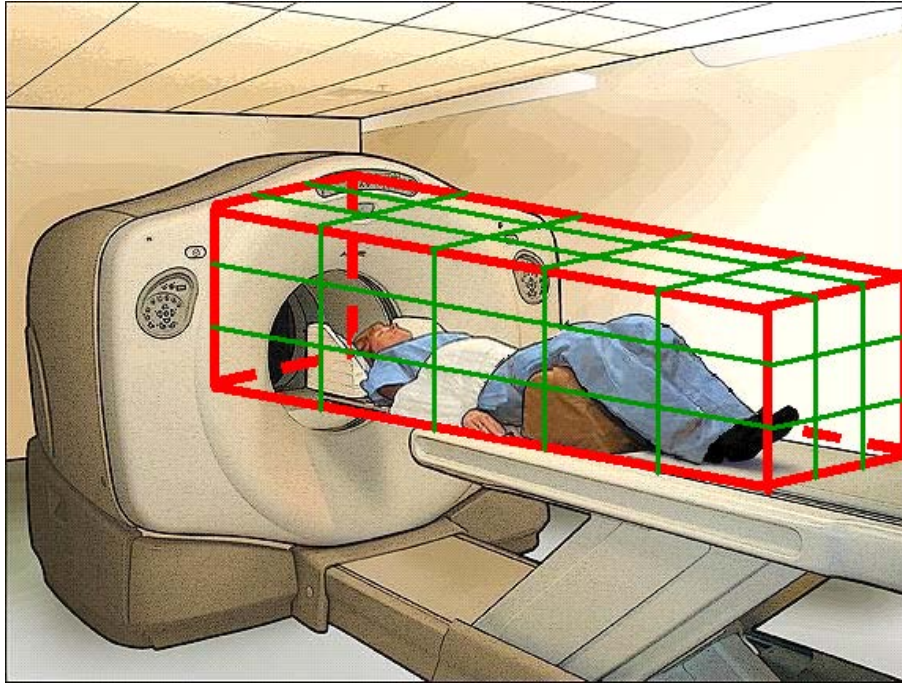


FIGURE 3.4 – Le saucissonnage du parallélépipède pour former les pixels

Sachant que la valeur du spacing est exprimée en millimètres nous pouvons approximer le spacing de la figure 3.4. $Spacing_x = 200$, $Spacing_y = 200$ et $Spacing_z = 360$.

Conjointement, une image est caractérisée par un **nombre de pixels** sur chacun des axes. Sa valeur dépend entièrement du spacing et de la taille de la région d'intérêt (parallélépipède rectangle). Sur la figure 3.4, $NbPixels_x = 3$, $NbPixels_y = 3$ et $NbPixels_z = 5$.

L'exemple est évidemment loin de la réalité car les images médicales ont une résolution bien meilleure. Le spacing des images PET et CT varie entre 1 et 5 millimètres. Nous y reviendrons par la suite.

Sur la figure 3.4, on remarque que le saucissonnage (lié au spacing) effectué sur la région d'intérêt a fait apparaître un ensemble de petites briques (parallélépipèdes rectangles). Chacune de ces briques représente un pixel de l'image, et chaque pixel est déterminé par une certaine valeur d'intensité. Cette valeur a été calculée en fonction de la quantité de signaux perçus par le PET ou le CT (cf. sections 1.3 et 1.4).

Lors de la visualisation de telles images, chaque valeur d'intensité est traduite par une certaine couleur et cela permet de faire apparaître l'intérieur du corps du patient : les organes, les tumeurs,...

2. En trois dimensions, un pixel est appelé voxel. Mais le terme pixel étant plus familier, nous l'utilisons dans la suite.

Cela nous amène finalement à introduire la notion de **matrices de pixels**. Il s'agit d'une matrice à trois dimensions qui contient les valeurs d'intensité de chaque pixel de l'image.

Précisons finalement qu'un champ de vecteurs de déformation est représenté par les mêmes concepts géométriques. L'unique différence vient du fait que les pixels contiennent un triplet de valeurs au lieu d'une seule valeur. On trouve alors des programmes qui schématisent ces triplets de valeurs par des petites flèches exprimant les vecteurs.

Maintenant que les concepts géométriques sont présentés, nous allons voir dans les sections suivantes deux grands types de transformation d'images qui renvoient aux notions que l'on vient de présenter.

3.2.2 Le cropping

Le cropping, que l'on pourrait traduire par "recadrage", est l'extraction d'une partie d'une image. Dans le cas d'un volume, cela consiste à extraire un sous-volume.

D'un point de vue plus technique, un cropping s'effectue en deux étapes :

1. Modification de l'origine de l'image (sur chacun des axes)
2. Modification du nombre de pixels de l'image (sur chacun des axes)

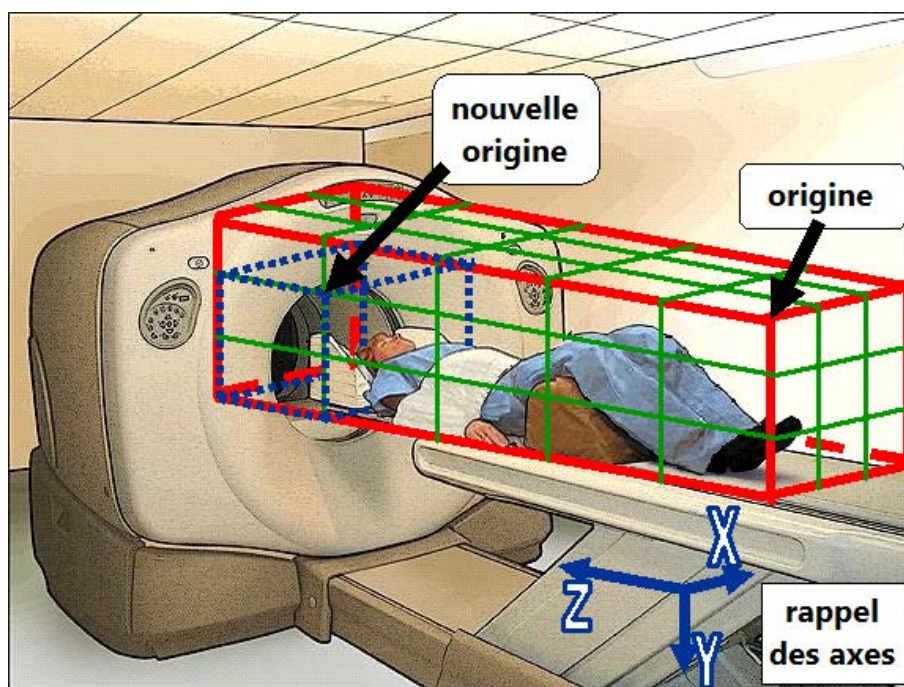


FIGURE 3.5 – Illustration d'un cropping

Un cropping est donc déterminé par 6 paramètres. Il faut d'abord spécifier un certain nombre de pixels indiquant la translation (décalage) que l'origine doit subir sur chacun des axes. Une nouvelle origine est donc fixée. Ensuite, il s'agit de déterminer combien de pixels sont conservés sur chacun des axes à partir de cette nouvelle origine.

La figure 3.5 donne un aperçu visuel d'un cropping de la tête du patient. Dans ce cas, le décalage de l'origine est de :

- 0 sur l'axe X
- 1 sur l'axe Y
- 4 sur l'axe Z

Le nombre de pixels à conserver à partir de la nouvelle origine est de :

- 3 sur l'axe X
- 2 sur l'axe Y
- 1 sur l'axe Z

3.2.3 Le resampling

Comme nous avons pu le voir, le cropping touche à deux caractéristiques de l'image : l'origine et le nombre de pixels. Le resampling est plus puissant. En plus de ces deux caractéristiques, il permet également de transformer le spacing d'une image.

Le resampling est très intéressant car il offre une grande diversité d'opérations possibles.

- Modifier la résolution d'une image. Supposons que l'on veuille diminuer la qualité d'une image, on pourrait diminuer par n le nombre de pixels sur chaque axe et multiplier par n le spacing sur chaque axe. De cette manière, le volume occupé dans l'espace reste inchangé, seule sa résolution a été modifiée.
- Effectuer un cropping. Comme nous l'avons vu, il suffit de modifier l'origine et le nombre de pixels, en laissant le spacing inchangé³.
- Déplacer la région d'intérêt (le parallélépipède rectangle). Sur base de l'exemple, supposons que l'on souhaite créer un volume de taille identique mais où la tête serait positionnée en son centre. L'opération consiste simplement à déplacer l'origine le long de l'axe Z , en laissant le spacing et le nombre de pixels inchangés.
- L'opération extrême consiste à modifier tous les paramètres : l'origine, le spacing et le nombre de pixels. Ceci revient à tracer un nouveau parallélépipède rectangle dans l'espace. La figure 3.6 illustre une telle opération. Comme on peut le voir, seule l'intersection entre l'ancien et le nouveau parallélépipède sera conservée dans la nouvelle image générée.

Ces exemples d'opérations ont permis de montrer qu'il arrive que la région d'intérêt délimitée par un resampling ne soit pas entièrement contenue dans la région d'intérêt originale. C'est pourquoi le resampling exige un autre paramètre : une valeur d'intensité par défaut. Cette valeur sera utilisée pour quantifier tout pixel se trouvant en dehors de la région d'intérêt initiale.

Pour synthétiser, voici les 10 paramètres nécessaires à un resampling :

- 3 coordonnées (X, Y, Z) déterminant l'emplacement de la nouvelle origine par rapport au système d'axe.
- 3 valeurs de spacing (sur chacun des axes)
- 3 valeurs de nombre de pixels (sur chacun des axes)
- 1 valeur d'intensité par défaut

3. Il en résulte que le cropping est un cas particulier du resampling

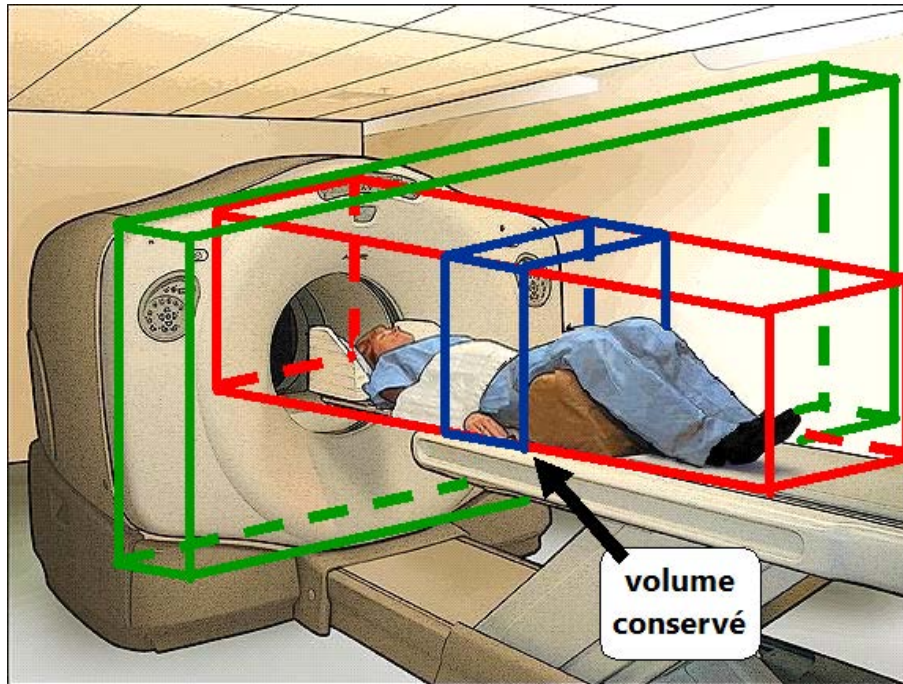


FIGURE 3.6 – Illustration d'un resampling

3.3 Recalage d'images

Afin de définir globalement les étapes du processus de correction d'images, nous avons introduit la notion de "recalage" de manière intuitive dans la section 3.1.2.

Cependant, la notion de recalage est plus complexe qu'elle n'y paraît. C'est pourquoi il est nécessaire de l'étudier plus en détail.

3.3.1 Définition

Le recalage [33] [34] est une technique de mise en correspondance d'images, dans le but de pouvoir combiner ou comparer leurs informations respectives. Cette mise en correspondance passe par la recherche d'une transformation géométrique permettant de passer d'une image (l'image "mouvante") à l'autre (l'image "fixe").

3.3.2 Applications médicales

Dans le milieu médical, on distingue deux grands types de recalages : le recalage multi-modal et le recalage mono-modal.

Le **recalage multi-modal** consiste à effectuer un recalage sur deux images provenant de modalités différentes. L'intérêt de cette mise en correspondance est d'enrichir les informations que l'on a sur le patient, par exemple pour combiner des données anatomiques avec des données fonctionnelles.

Dans ce cas, la nécessité d'un recalage s'explique par plusieurs raisons :

1. Chaque appareil médical possède son propre système d'axes et donc son propre référentiel sur base duquel l'image est représentée.

2. Deux images provenant de modalités différentes ne représentent jamais deux mêmes volumes⁴.

Le recalage se réduit donc à superposer les données **dans un même référentiel**, de manière à pouvoir faciliter la comparaison entre les deux images.

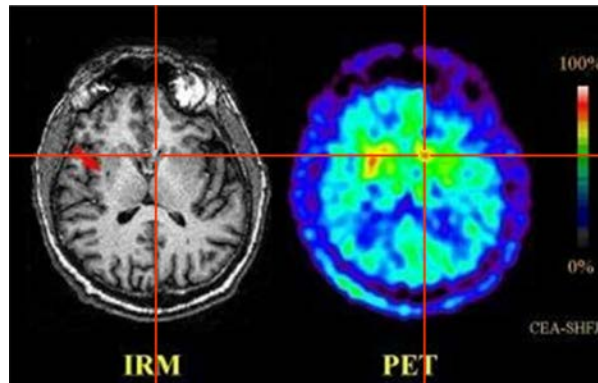


FIGURE 3.7 – Une image IRM (à gauche) mise en correspondance avec une image PET (à droite) [35]

En effet, une fois que les images sont contenues dans le même référentiel, il devient très simple pour un spécialiste, via un logiciel d'imagerie, de pouvoir profiter des caractéristiques fonctionnelle de l'une (ex : PET) et des caractéristiques anatomiques de l'autre (ex : CT, IRM). Ceci est illustré à la figure 3.7. Dans un tel logiciel, positionner le viseur sur l'une des images a pour effet de positionner le viseur au même endroit physique sur l'autre image.

Le **recalage mono-modal** met en correspondance des images de la même modalité.

Alors que dans le cas d'un recalage multi-modal, les sujets sont les mêmes, seule la représentation de l'image diffère, ici c'est plutôt l'inverse. Les images possèdent les mêmes caractéristiques puisqu'elles proviennent de la même modalité. Par contre, l'attention est plutôt portée sur la comparaison entre les sujets.

Citons plusieurs applications concrètes du recalage mono-modal :

- Il peut aider à mettre en correspondance des images d'un même patient prises à des moments différents, par exemple pour suivre l'évolution d'une lésion. Le but du recalage est de compenser les changements de positions du patient.
- Il peut mettre en correspondance les informations entre plusieurs patients, ce qui permet de créer des modèles anatomiques ou fonctionnels de référence (atlas) [18].
- Il permet aussi de superposer des données cliniques avec un tel atlas.

Dans notre processus de correction, nous sommes bien dans le cas d'un recalage mono-modal puisqu'il s'agit de recalcr un ensemble d'images PET sur une autre image PET.

4. Les volumes sont souvent de tailles différentes

3.3.3 Différents types de recalage

Selon l'utilisation que l'on en fait, on peut utiliser des techniques de recalage de complexité différente.

*"D'un point de vue médical, lorsque l'objectif est de compenser uniquement des différences de repères d'acquisition, on utilise des méthodes de **recalage rigide** : elles autorisent des transformations rigides uniquement (translations et rotations). Si l'objectif est de recalcr deux images afin de compenser des différences anatomiques, on fait appel à des algorithmes de **recalage non rigide** : ils permettent l'utilisation de transformations plus générales (transformations affines et tous types de transformations locales 3D telles que les B-splines, les transformations localement affines ou des transformations représentées par des champs de vecteurs plus ou moins réguliers)." [36]*

La figure 3.8 illustre bien les différentes transformations possibles.

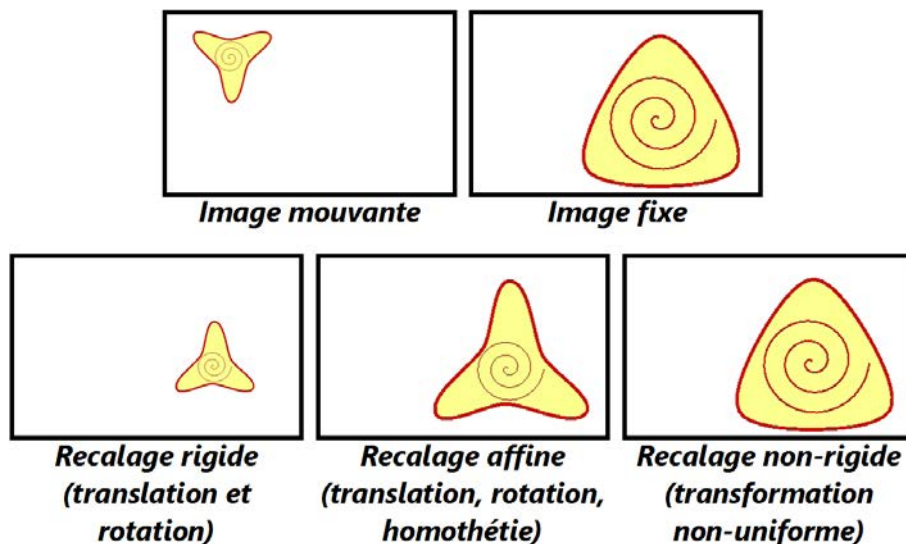


FIGURE 3.8 – Illustration des différents types de recalage. En haut, l'image fixe et l'image mouvante. En bas, les résultats des différents recalages selon leur degré de complexité.

3.3.4 Le recalage non-rigide

C'est le recalage non-rigide qui va nous intéresser car les mouvements respiratoires impliquent des mouvements très complexes.

Pour présenter le fonctionnement des algorithmes de recalage non-rigide, il faut introduire deux notions : les "structures caractéristiques de l'image" et les "modèles de déformation" [36].

Les structures caractéristiques

Durant un processus de recalage, il est nécessaire de pouvoir déterminer un critère de similarité entre les images, ce que l'on appelle la distance entre les images. L'objectif du recalage étant de minimiser cette distance.

Dans cette optique, il faut trouver des techniques permettant de déterminer cette distance entre deux images. Il existe pour cela diverses approches.

1. **Recherche de structures géométriques par segmentation** L'idée est de trouver des particularités géométriques (points, lignes, structures anatomiques,...) afin de délimiter des paires de structures qui correspondent généralement à des invariants mathématiques ou anatomiques des images. Il en résulte un ensemble de correspondances entre les deux images. D'après la position de ces points de repères dans chacune des images, il est possible de mesurer la distance entre les images.
2. **Prototypes iconiques** Les algorithmes iconiques sont d'une tout autre nature. Pour le calcul de la distance, ils se basent sur la matrice d'intensité de pixels des images. Pour estimer la similarité entre les images, ils peuvent avoir recours à diverses techniques, par exemple la somme des différences au carré (SSD), le coefficient de corrélation (CC), la rapport de corrélation (CR) ou encore l'information mutuelle (MI).
Soit A et B deux images que l'on souhaite recaler, N le nombre de pixel d'une image et X l'ensemble de ces pixels, la distance calculée au moyen de la somme des différences au carré serait simplement la suivante : $\frac{1}{N} \sum_X (A(X) - B(X))^2$
3. **Prototypes hybrides** Il existe également des méthodes hybrides qui utilisent conjointement les principes géométriques et iconiques.

Les modèles de déformation

Dans la suite, on notera A l'image fixe, B l'image mouvante et T une transformation géométrique portant sur ces images. Le but étant de trouver une transformation $\hat{T}$ telle que $A = \hat{T}(B)$. De plus, on suppose à présent connue la distance $D(A, B)$ entre deux images A et B .

Comme on l'a compris, le but du recalage est de minimiser cette distance. Mais avant de poursuivre, remarquons que l'objectif réel du recalage n'est pas *"de trouver la transformation exacte permettant de passer d'une image à l'autre : cette transformation serait bien trop irrégulière pour être utilisable et n'aurait aucune signification physique. En effet, il est en réalité impossible de recaler deux images issues de deux patients différents : les structures internes, bien que ressemblantes, recèlent de nombreuses différences qu'aucune transformation ne pourra corriger et que l'on ne souhaite pas corriger."* [36].

Il faut donc régulariser le champ théorique pour le rendre exploitable, c'est-à-dire poser des limites au recalage. Pour cela, plusieurs méthodes sont envisageables.

1. **Modèles paramétriques** L'idée est de contraindre T à appartenir à un ensemble $\mathcal{T}$ de transformations ayant peu de degrés de liberté : des groupes de transformations rigides ou affines, les B-splines, les bases de Fourier ou les ondelettes. Le recalage se réduit alors à un problème de minimisation de type :

$$\hat{T} = \min_{T \in \mathcal{T}} D(A, T(B))$$

2. **Régularisation compétitive** La contrainte précédente est stricte, car $\hat{T}$ n'a pas de raison d'appartenir à un ensemble fixe de transformations. Une solution consiste

à remplacer ce critère par une énergie de régularisation R dépendante de T . Le problème de minimisation devient :

$$\hat{T} = \min_T D(A, T(B) + R(T))$$

Nous ne détaillerons volontairement pas l'expression de $R(T)$, mais comprenons que l'intérêt est d'ajouter au problème de minimisation un paramètre tenant compte de la quantité des transformations effectuées, ce qui permet de régulariser le recalage.

3. **Régularisation incrémentale** La dernière approche que nous présentons est incrémentale. Partant d'une transformation T_i , on cherche alors une transformation T_{i+1} se rapprochant de la transformation $\hat{T}$ recherchée. Le problème de minimisation est semblable à l'approche précédente, sauf que l'énergie de régularisation porte à présent sur l'évolution de T_i :

$$T_{i+1} = \min_T D(A, T(B) + R(T - T_i))$$

3.4 La norme DICOM

Les images reconstruites à partir du PET et du CT sont encapsulées dans des fichiers à la norme DICOM (Digital Imaging and COmmunications in Medicine [37]). Cette structure de fichier permet de contenir un grand nombre d'informations.

En plus d'une image, chaque fichier renferme un tas de données qui donnent des précisions sur les caractéristiques de l'image, ou qui permettent de la contextualiser, par exemple en fournissant des renseignements sur le patient ayant subi l'examen (âge, sexe,...).

3.4.1 Précisions techniques

Bien que les images en provenance du PET/CT constituent des volumes, en réalité un fichier DICOM ne correspond pas à un volume entier mais à une tranche axiale de ce volume, en tout cas en ce qui concerne les images PET et CT (voir figure 3.9) Ce saucissonnage est directement lié aux notions de spacing sur l'axe Z que nous avons introduites à la page 37.

A titre d'exemple, le spacing du PET sur l'axe Z est de 4 millimètres⁵, cela signifie qu'un volume pulmonaire d'une longueur de 20 cm sur l'axe Z sera découpé en $200/4 = 50$ tranches, et donc 50 fichiers DICOM différents, ce que l'on appelle une "série DICOM". Une acquisition synchronisée fournissant une dizaine de volumes au lieu d'un seul, et sachant qu'il y a deux modalités différentes, à savoir le PET et le CT⁶, le nombre total de fichiers peut avoisiner le millier et la taille totale des fichiers peut atteindre 300 méga-octets.

3.4.2 Origines

C'est en 1985 que le DICOM a été créé par l'ACR (American College of Radiology) et la NEMA (National Electric Manufacturers Association). Le but était de standardiser les données en provenance des différents appareils de radiologie. Ce standard définit non seulement un format de fichier mais aussi un protocole de transmission des données (basé sur TCP/IP).

5. sur le PET-scan de Mont-Godinne

6. Comme nous le verrons, le CT a un spacing sur l'axe Z proche de celui du PET



FIGURE 3.9 – Exemple d'une coupe pulmonaire axiale en provenance du CT [38]

3.4.3 Objectifs

L'objectif de DICOM est donc de faciliter les transferts d'images entre les machines de différents constructeurs. En effet, avant la généralisation de ce format, chaque constructeur de matériel d'imagerie utilisait un format de données propriétaire, et ceci entraînait d'importants problèmes de gestion et de maintenance dans les établissements de santé : incompatibilités, coûts élevés, pertes d'information, etc.

3.4.4 Le format

Un fichier au format DICOM est constitué d'une suite de champs. Dans le cas d'une image, la matrice contenant les intensités de pixels ne constituent qu'un champ particulier.

Chaque champ est défini par :

- **Une étiquette ("tag").** C'est un code qui permet d'identifier le champ. Exemple : [0010|1010] est l'étiquette de l'âge du patient. Ce code est en deux parties : un numéro de groupe (2 octets) et un numéro d'élément (2 octets). Dans l'exemple, le groupe 0010 représente toutes les données propres au patient et l'élément 1010 représente son âge. Il y a beaucoup d'autres groupes (figure 3.10) et éléments, car énormément d'informations doivent être encapsulées : le poids du patient, la date de l'examen, la modalité, des données relatives à l'appareil, etc. Sans oublier, bien évidemment, l'origine, le spacing, le nombre de pixels (voir figure 3.11) et la matrice de pixels de l'image.
- **Une représentation de valeur ("value representation").** Représentée par deux octets, elle précise le type de données que l'on traite : une date, une séquence d'éléments, un entier court, une chaîne de caractères, etc. Notons que les représentations de valeurs sont uniquement nécessaires lors d'encodages dits "explicites". Dans le type d'encodage "implicite", il n'est pas nécessaire de spécifier les types de données.
- **Longueur de la valeur.** Cette valeur, représentée par 2 ou 4 octets dans certains cas [39], précise la longueur de la donnée qui va être lue.
- **Valeur.** Finalement, la donnée brute est encodée avec une longueur d'octets connue.

3.4.5 Intérêt

La compréhension de la norme DICOM a été primordiale pour traiter les images de manière correcte. Le processus de correction exige d'ailleurs l'extraction de plusieurs champs.

Groupe	Signification
0008	Méta-information (File Meta Information Version, SOP Class UID, SOP Instance UID, Transfert Syntax UID, ...), Identification du centre (Date d'examen, Type d'examen, Fabricant de la machine, Hôpital, Identification de la machine, ...).
0010	Les informations sur le patient (Nom, Identification, Date de naissance, Sexe, ...)
0018	Les informations sur l'acquisition de l'information (épaisseur de coupe, bolus, inclinaison du statif, paramètres kV, temps d'écho, position du patient, etc...).
0020	Positionnement et information relatives à l'acquisition (Orientation du patient, Série, plan de référence, Nombres d'images dans l'acquisition, StudyInstanceUID, SeriesInstanceUID, ...).
0028	Présentation de l'image (dimensions, niveaux de gris, tables de couleurs, bits alloués, bits stockés, bit le plus significatif, WindowWidth, WindowCenter...).
7FE0	Pixels de l'image (pixel data)

FIGURE 3.10 – Les principaux groupes de champs DICOM [40]

	Tous les champs		[Group,Element]	Libellé	Valeur
	Champs variants				
	Champs "critiques"				
[0002]	File Meta Elements		[0028-0002]	Samples per Pixel	1
[0008]	Study information		[0028-0004]	Photometric Interpretation	MONOCHROME2
[0010]	Patient		[0028-0010]	Rows	144
[0018]	Acquisition Group		[0028-0011]	Columns	144
[0020]	Relationship Group		[0028-0030]	Pixel Spacing	4\4
[0028]	Image presentation		[0028-0051]	Corrected Image	DECY\RADL\ATTN\SCA
[0040]	Private		[0028-0100]	Bits Allocated	16
[0054]	Private		[0028-0101]	Bits Stored	16
[7053]	Private		[0028-0102]	High Bit	15
	Champs à modifier		[0028-0103]	Pixel Representation	0
	Champs à ajouter		[0028-0106]	Smallest Image Pixel Value	0
	Champs à supprimer		[0028-0107]	Largest Image Pixel Value	1629
	Chercher		[0028-1050]	Window Center	400.068372
			[0028-1051]	Window Width	800.136745
			[0028-1052]	Rescale Intercept	0
			[0028-1053]	Rescale Slope	1

FIGURE 3.11 – Aperçu de quelques champs DICOM d'une image PET dans le logiciel DicomWorks

C'est dans la section 4.1.3 que nous verrons en détail l'utilité de ces champs, mais citons-les dès à présent :

- **Modality [0008|0060]** Il s'agit de la modalité : PET ou CT dans notre cas.
- **Series Description [0008|103E]** C'est une chaîne de caractères qui explique brièvement ce que représente l'image. Il s'agit donc d'un champ informel rempli par des personnes compétentes.
- **Series Instance UID [0020|000E]** C'est un numéro d'identification indiquant l'appartenance à une série. Comme nous l'avons vu plus haut, un volume est représenté par plusieurs coupes et chacune de ces coupes est encapsulée dans un fichier DICOM. Mais toutes les coupes d'un même volume présentent un numéro identique dans le champ [0020|000E]. C'est grâce à ce numéro que l'on peut reconstituer facilement une série DICOM.

- **Rows** [0028|0010] C'est le nombre de pixels sur l'axe Y .
- **Columns** [0028|0011] C'est le nombre de pixels sur l'axe X .
- **Number of slices** [0054|0081] Il s'agit du nombre tranches (coupes) axiales nécessaires pour représenter le volume en entier.

3.5 Le format MetaImage

Tout au long du processus de correction, excepté lors des premières et dernières étapes, nous avons choisi de manipuler les images dans le format MetaImage [41], comme l'a fait auparavant Marc Honoré [18]. L'avantage de passer du DICOM au format MetaImage est que l'on traite un volume en entier au lieu de traiter une multitude de fichiers représentant chacun une tranche du volume.

Remarquons dès à présent que ce format permet de représenter non seulement des images, mais également des champs de vecteurs. En effet, un champ de vecteurs est tout à fait semblable à une image, sauf que l'intensité d'un pixel d'une image (une seule valeur) s'apparente ici à un vecteur (trois valeurs).

3.5.1 Les fichiers .mhd et .raw

Ce format d'images, défini par ITK, encode les données de façon simple, intuitive et assez pratique. Ainsi, une image est représentée par deux fichiers : *nomFichier.mhd* et *nomFichier.raw*. Le premier fichier, dont l'extension *.mhd* signifie "Meta Header Data", est un fichier texte regroupant l'ensemble des caractéristiques de l'image.

```

1  NDims = 3
2  Offset = -301 -230 -30.5
3  ElementSpacing = 1.17188 1.17188 5
4  DimSize = 512 512 37
5  ElementType = MET_SHORT
6  BinaryDataByteOrderMSB = False
7  ElementDataFile = ct0.raw
```

FIGURE 3.12 – Structure minimale d'un fichier ".mhd"

Sur la figure 3.12, on peut voir la structure minimale d'un tel fichier. Voici la signification de ces champs :

1. **NDims** indique que l'image à lire est en trois dimensions : il s'agit d'un volume.
2. **Offset** indique la position de l'origine⁷ de l'image par rapport au système d'axes. L'unité utilisée est le millimètre.
3. **ElementSpacing** indique la séparation physique entre le centre d'un pixel et le centre du pixel suivant sur chaque direction. L'unité est également le millimètre.
4. **DimSize** indique la taille du volume en pixels dans chaque direction.
5. **ElementType** indique le type de donnée utilisé pour représenter les pixels. Dans l'exemple, il s'agit de *SHORT* ("entier court"), ce qui signifie que chaque pixel est représenté par deux octets et a une valeur comprise entre -32768 et 32767 .

7. Retourner à la page 36 pour un rappel des notions d'origine, de spacing et de nombre de pixels

6. **BinaryDataByteOrderMSB**⁸ indique si les données sont encodées en "little endian" ou en "big endian". Cette donnée est primordiale pour interpréter convenablement l'image.
7. **ElementDataFile** indique le nom du fichier qui contient les données binaires brutes de l'image. Ce fichier doit se trouver dans le même répertoire que celui que nous décrivons.

Le second fichier, dont l'extension est *.raw* contient les données binaires brutes. Les valeurs des pixels y sont inscrites les unes après les autres. Si un pixel est représenté par plusieurs composantes (exemple : un vecteur), celles-ci sont également écrites de manière contiguë à la suite l'une de l'autre. Une bonne interprétation de l'image contenue dans ce fichier *.raw* passe évidemment par une construction correcte du fichier équivalent *.mhd*

3.5.2 Les fichiers compressés *.mha*

Notons finalement qu'il existe une variante au format MetaImage qui consiste à coder toute l'image (caractéristiques et données brutes) dans un seul fichier d'extension *.mha*. Ce fichier a la particularité de compresser les données, et donc de faire gagner de l'espace disque. Par contre, il fait perdre l'avantage de pouvoir consulter rapidement les caractéristiques de l'image dans un fichier texte séparé.

Pour cette raison, nous n'avons pas utilisé cette variante, sauf pour les fichiers représentant des champs de vecteurs, tout simplement parce que l'algorithme de recalage que nous avons utilisé les génère par défaut en *.mha*. De plus, cela a permis de facilement distinguer les images (*.mhd* et *.raw*) des champs de vecteurs (*.mha*).

3.6 Moyens techniques

Cette partie va présenter concrètement les moyens techniques disponibles à Mont-Godinne sur lesquels la recherche a pu se baser.

3.6.1 Le PET/CT de Mont-Godinne

Alors que le service de médecine nucléaire de Mont-Godinne utilisait jusqu'en 2007 un simple PET-scan classique, il a fait l'acquisition en novembre 2007 d'un appareil de haute technologie récemment dévoilé par Philips. Il s'agit du PET/CT Gemini TF [42].

C'est en mars 2006 au Congrès européen de radiologie à Vienne que Philips a dévoilé son système exceptionnel de tomographie par émission de positons/tomodensitométrie (PET/CT).

Le premier avantage de cet appareil est tout d'abord qu'il couple le PET-scan et le CT-scan. Nous avons vu l'intérêt de ce couplage dans la section 1.5.

Par contre, ce qui est révolutionnaire, c'est qu'il s'agit du premier système sur le marché dans le monde qui utilise des mesures de temps de particules atomiques pour donner une régularité et une qualité d'image supérieures, procédé appelé "Time of flight", en français "temps de vol".

8. MSB signifie "Most Significant Bit", en français "bit de poids fort"



FIGURE 3.13 – Vue globale du PET/CT Philips Gemini TF [43]

Le temps de vol

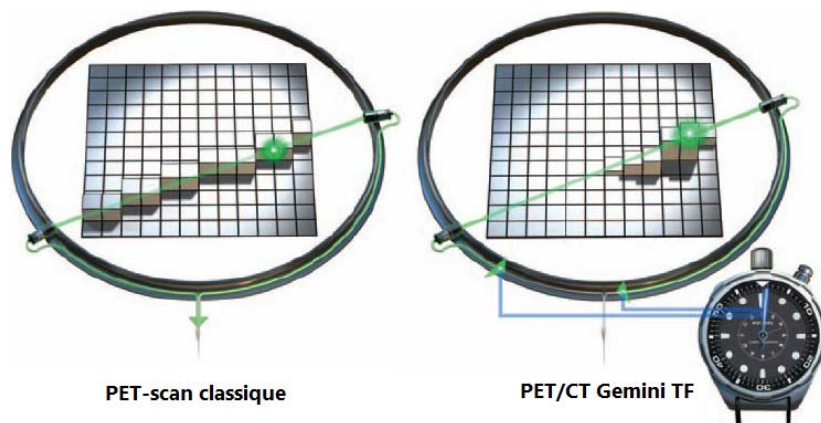


FIGURE 3.14 – Illustration de la technologie "Temps de vol" [44]

Pour rappel, dans un système PET conventionnel, un agent radioactif est injecté dans le patient. À mesure que chaque noyau décroît, il émet un positon qui entre immédiatement en collision avec un électron, émettant deux rayons gamma qui s'éloignent de la zone de la collision à 180 degrés l'un de l'autre. C'est grâce à la détection de ces paires de rayons gamma que le PET-scan détermine où l'agent est concentré. Bien que les rayons gamma de chaque paire soient détectés à des moments légèrement différents selon leur origine, les PET-scans classiques ne mesurent pas cette information. Avec le temps de vol, cette différence de temps peut être mesurée, ce qui permet de prédire le point d'origine avec une plus grande précision et cela induit une imagerie nettement plus exacte.

Comme le montre la figure 3.14, dans une imagerie PET classique (à gauche), il est seulement possible de détecter une droite sur laquelle s'est produit l'événement, mais pas de localisation précise. Par contre, avec la technologie "Temps de vol", on calcule la différence de temps entre la détection des deux rayons, ce qui permet d'identifier plus précisément l'origine de l'annihilation.

Avantages

Le Philips Gemini TF présente plusieurs avantages non négligeables.



FIGURE 3.15 – Aperçu du lit coulissant et de ses deux anneaux : le CT (à gauche) et le PET (à droite) [43]

Tout d’abord, il augmente plus de deux fois la sensibilité de l’image effective comparé au PET conventionnel.

Par ailleurs, l’acquisition de l’image est réduite à une dizaine de minutes pour une scintigraphie PET du corps entier, ce qui est très peu. A Mont-Godinne, avec l’ancien PET-scan, le nombre d’examens annuels était limité à 2000 et avec ce nouvel appareil, jusqu’à 5000 examens annuels sont possibles [45].

Finalement, l’atout principal découlant des précédents est une détection plus précoce de la maladie du patient.

Qualité des images

Tout au long de la lecture de ce mémoire, il est important de garder à l’esprit que, tant pour les images provenant du PET-scan que du CT-scan :

- Le spacing est toujours le même sur les axes X , Y et Z (mais diffère d’un axe à l’autre)
- Le nombre de pixels est toujours le même sur les axes X et Y
- Seul le nombre de pixels sur l’axe Z est variable selon la partie du corps que l’on souhaite étudier (corps entier, région pulmonaire, cerveau,...)

Pour que le lecteur puisse se représenter l’ordre de grandeur de ces chiffres, la figure 3.16 présente les caractéristiques d’une image qui représenterait un corps humain d’une taille de 180 centimètres.

Remarquons à ce titre que n’importe quelle image provenant du CT représente un parallélépipède rectangle dont la base est de 60 cm par 60 cm. Seule la hauteur (dans le sens du patient) diffère. Il s’agit du spacing sur l’axe Z (5 mm) multiplié par le nombre de tranches axiales (= nombre de pixels sur l’axe Z). Le lecteur pourra reproduire un raisonnement semblable pour les images provenant du PET.

Il est intéressant de remarquer que la qualité des images CT est vraiment meilleure au niveau des axes X et Y puisque le spacing y est seulement de 1 millimètre. Par contre, la tendance s’inverse légèrement au niveau de l’axe Z puisque le spacing du PET est de 4 millimètres contre 5 pour le CT.

Notons finalement que les dimensions des images PET sont légèrement inférieures à celles du CT sur les axes X et Y . La différence est de 2,4 centimètres.

<i>Pour le CT</i>	Axe X	Axe Y	Axe Z
Spacing	1.17188 mm	1.17188 mm	5 mm
Nombre de pixels	512	512	360

<i>Pour le PET</i>	Axe X	Axe Y	Axe Z
Spacing	4 mm	4 mm	4 mm
Nombre de pixels	144	144	450

	Axe X	Axe Y	Axe Z
<i>Dimensions réelles CT</i>	60 cm	60 cm	180 cm
<i>Dimensions réelles PET</i>	57,6 cm	57,6 cm	180 cm

FIGURE 3.16 – Caractéristiques des images sur le PET/CT de Mont-Godinne

3.6.2 Possibilité d’acquisitions synchronisées

Actuellement, le service de médecine nucléaire de Mont-Godinne offre la possibilité de réaliser des acquisitions PET/CT synchronisées au mouvement respiratoire du patient.

Afin de mesurer la ventilation, on enregistre la fréquence et l’amplitude du cycle de respiration grâce à une **ceinture de respiration** dont le fonctionnement est basé sur un système piézoélectrique.

Sur la figure 3.17, on peut voir plusieurs cycles respiratoires d’un patient de Mont-Godinne tels qu’ils sont traduits par la ceinture.



FIGURE 3.17 – Copie écran du logiciel qui permet de visualiser les variations de tension électrique

Principe de fonctionnement

La ceinture est placée autour du thorax ou de l'abdomen du patient. Les mouvements respiratoires de ce dernier engendrent un déplacement d'air dans la ceinture, ce qui a pour effet de modifier constamment la pression entre deux feuilles. Le changement de capacité liée au déplacement de ces feuilles permet de transformer en un signal électrique ce déplacement d'air. Autrement dit, cela permet de mesurer la variation de l'amplitude respiratoire du patient.

Ce principe est basé sur la piézoélectricité, qui est la propriété que possèdent certains corps de se polariser électriquement sous l'action d'une contrainte mécanique [46].

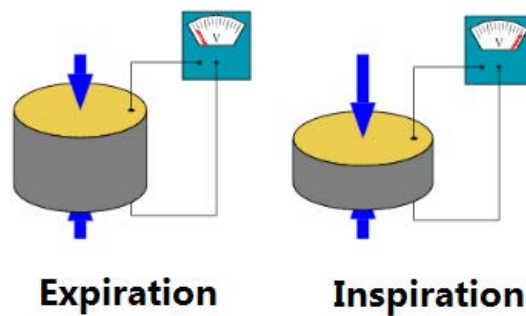


FIGURE 3.18 – Effet piézo-électrique

La figure 3.18 illustre bien ce phénomène. Lors de l'expiration, la pression exercée dans la ceinture est faible, et donc le signal électrique aussi. Lors de l'inspiration, le patient se remplit d'air, l'amplitude de sa région pulmonaire augmente, la pression dans la ceinture augmente, tout comme le signal électrique.

Problème

Le principal problème lié à l'utilisation d'une telle ceinture est le placement de celle-ci. En effet, on observe chez certains patients une déformation située principalement au niveau des poumons, et chez d'autres, elle est plutôt visible au niveau abdominal. Dès lors, il est peu aisé de trouver l'emplacement idéal.

Particularités de Mont-Godinne

Dans le service de médecine nucléaire de Mont-Godinne, les images provenant d'acquisitions synchronisées sont au nombre de 10. Le cycle respiratoire des patients est donc divisé en 10 phases respiratoires. Il est utile de retenir ce chiffre car nous l'utiliserons encore beaucoup dans la suite.

Quant au type de découpage des phases respiratoires, les intervalles choisis varient en fonction du temps de chaque cycle respiratoire et sont donc variables. La durée de chaque cycle respiratoire est divisée en 10 et les 10 portions représentent chacune une phase⁹.

Concernant la durée des acquisitions synchronisées, lors du stage effectué à Mont-Godinne, l'habitude était de multiplier la durée par 10 (le nombre de phases respiratoires). Nous l'avons d'ailleurs déjà précisé dans la section 1.6.4, page 26.

9. Rappel de ce type d'intervalle sur la figure 1.10, page 23

3.6.3 Les fantômes physiques

Les fantômes physiques sont des objets que l'on utilise dans le milieu médical pour effectuer des tests ou des simulations sur des appareils médicaux, le rôle du fantôme étant de prendre la place du patient.

Différents types de fantômes

Mont-Godinne dispose de deux types de fantômes.

Le premier type de fantôme est le fantôme anthropomorphe. Comme son nom l'indique, c'est un fantôme dont l'anatomie est semblable à un vrai corps humain, ou du moins à une partie de celui-ci, comme l'illustre la figure 3.19.



FIGURE 3.19 – Exemple de fantôme anthropomorphe [47]

Par contre, le second type de fantôme utilisé ne ressemble pas visuellement à un humain puisqu'il s'agit d'un objet cylindrique, dont la matière s'apparente à du plexiglas. Comme on peut le voir sur la figure 3.20, ce type de fantôme est pratique car il contient de petites sphères destinées à contenir le traceur. Ces sphères jouent alors le rôle de tumeurs ayant capté le traceur.

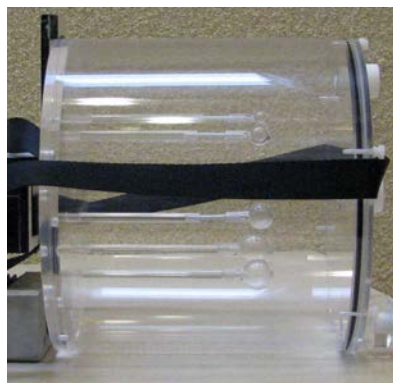


FIGURE 3.20 – Gros plan sur un fantôme de Mont-Godinne

Intérêt

Dans le cadre de notre travail, les fantômes ont joué un rôle important dans la simulation du cycle respiratoire.

En effet, en couplant un tel fantôme à un dispositif permettant de le faire coulisser le long de l'axe Z selon un mouvement régulier et périodique, et en reliant la ceinture respiratoire au fantôme (voir figure 3.21), cela a permis de réaliser une acquisition synchronisée sur un sujet dont on connaît précisément le mouvement. Ce qui est malheureusement impossible dans le cadre d'acquisitions réalisées sur de vrais patients.

Il est très intéressant de connaître précisément le mouvement ainsi que la forme des sources contenant le traceur car cela facilite la validation des résultats de correction d'images. Par exemple, si une image PET corrigée montre une tumeur de forme très ovale sur les coupes coronales ou sagittales¹⁰, cela signifie que la correction est mauvaise car :

- on sait que la source était parfaitement sphérique
- on peut deviner que la forme ovale est sans doute une conséquence directe du coulisement de la sphère le long de l'axe Z

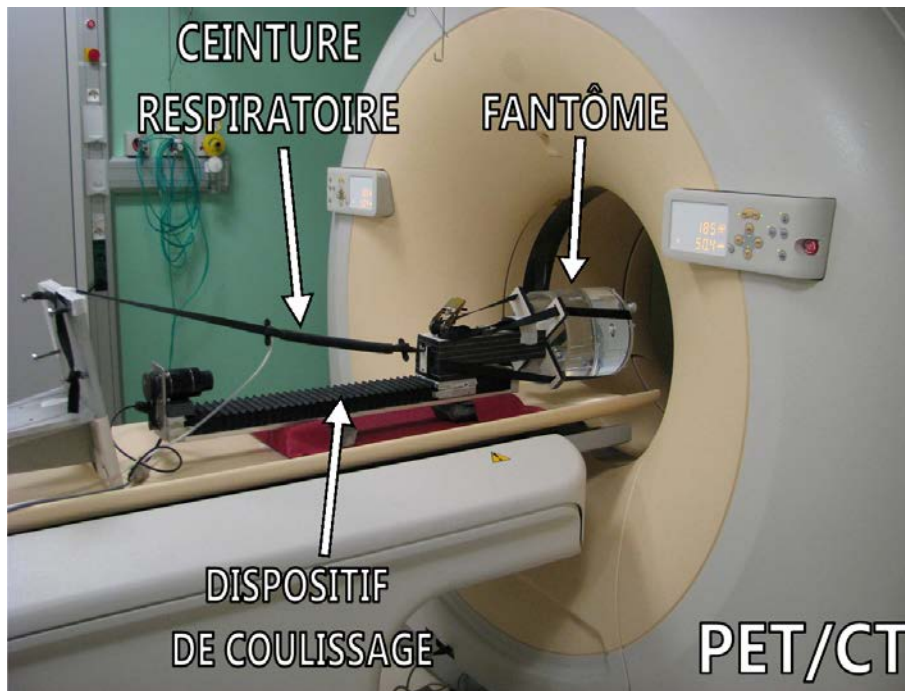


FIGURE 3.21 – Illustration d'une acquisition synchronisée sur un fantôme de Mont-Godinne

Limites

L'approche qui vient d'être présentée présente ses limites. Le mouvement produit par un tel dispositif est simpliste, car il s'agit d'une simple translation le long d'un axe. Or, les mouvements liés à la respiration d'un patient sont bien plus complexes. Dans le cas de la respiration réelle, on ne parle pas de simple déplacement mais plutôt de déformation, d'étirements,...

Mais chaque algorithme de recalage est spécifique et procède de manière différente. Comme nous l'avons vu dans la section 3.3, il existe des techniques de recalage rigide parfaitement adaptées à la correction d'un mouvement tel que sur la figure 3.21. Cependant,

10. Cf. section 1.2.2, page 14

l'algorithme que nous allons choisir pour corriger les images ne peut pas se limiter à de telles techniques, étant donné la complexité des déformations subies à l'intérieur du corps d'un patient.

On peut dès lors supposer qu'un tel algorithme ne se comportera pas de la même manière dans un cas réel ou dans un cas simpliste tel que nous venons de le présenter.

3.7 Logiciels et bibliothèques d'imagerie

Les travaux nous ont amenés à profiter de nombreux outils informatiques existants.

D'une part, on retrouve des **logiciels** qui ont principalement joué un rôle d'accompagnateur afin de faciliter l'interprétation des images et des résultats. Tous les logiciels ont leur spécificité et leur utilisation est souvent très complémentaire.

D'autre part, nous avons eu recours à plusieurs **bibliothèques** d'imagerie (ITK, VTK, GDCM). Ces bibliothèques mettent à disposition un très grand nombre de fonctions facilitant le traitement et la visualisation d'images. Il s'agit donc d'une ressource immense dans laquelle nous avons puisé pour développer les programmes nécessaires à l'atteinte de nos objectifs.

Nous pouvons cependant classer ces outils dans deux grandes catégories. Il y a tout d'abord tout ce qui concerne la visualisation et l'analyse d'images. Dans cette catégorie, on retrouve les outils que nous n'avons pas utilisés à des fins de transformation d'images. Ensuite, il y a les outils de traitement d'images que nous avons utilisés pour effectuer des modifications sur les images.

3.7.1 Visualisation et analyse d'images

DicomWorks

DicomWorks (figure 3.22) est un visualisateur simple et gratuit d'images au format DICOM. Son avantage est qu'il permet facilement d'afficher les champs (tags) DICOM.

MedINRIA

MedINRIA est un programme de visualisation d'images de différents formats. Ses atouts sont de pouvoir facilement comparer plusieurs images et de choisir la coupe de son choix (axiale, coronale, sagittale). De plus, il est très simple à utiliser.

Paraview

Paraview est un programme de visualisation 3D d'images de divers formats. Il offre la possibilité de superposer et de bien visualiser les volumes qu'occupent les images dans l'espace. Une autre fonctionnalité intéressante dans le cadre de notre recherche est la visualisation de champs de vecteurs.

La figure 3.23 illustre la superposition de deux volumes. Le plus grand parallélépipède contient une partie du corps humain provenant d'une image CT. On peut d'ailleurs apercevoir la colonne vertébrale et les côtes. Le second parallélépipède contient un champ de vecteurs exprimant une déformation. Ces vecteurs sont représentés par de petites flèches. Notez finalement que le système d'axes est bien représenté au centre de l'image.

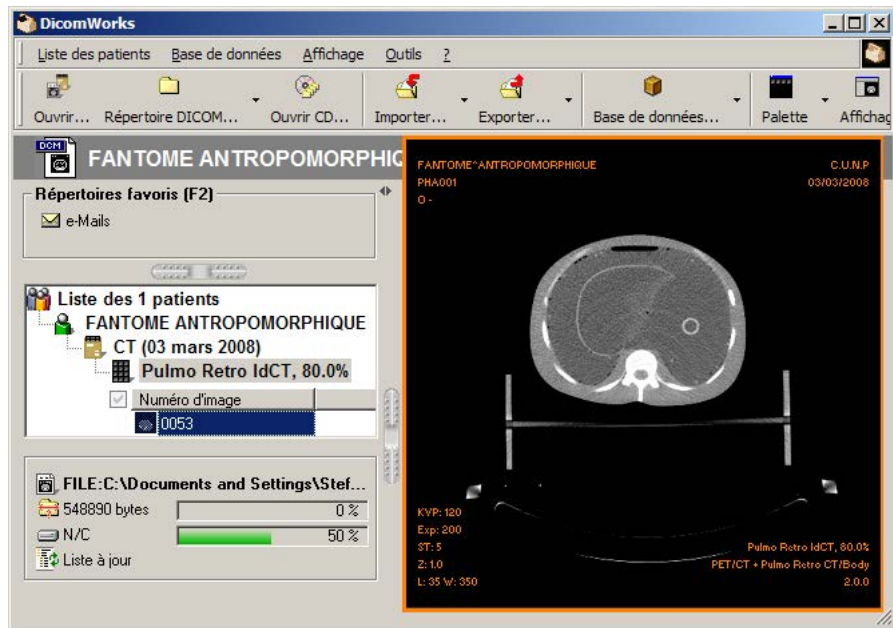


FIGURE 3.22 – DicomWorks

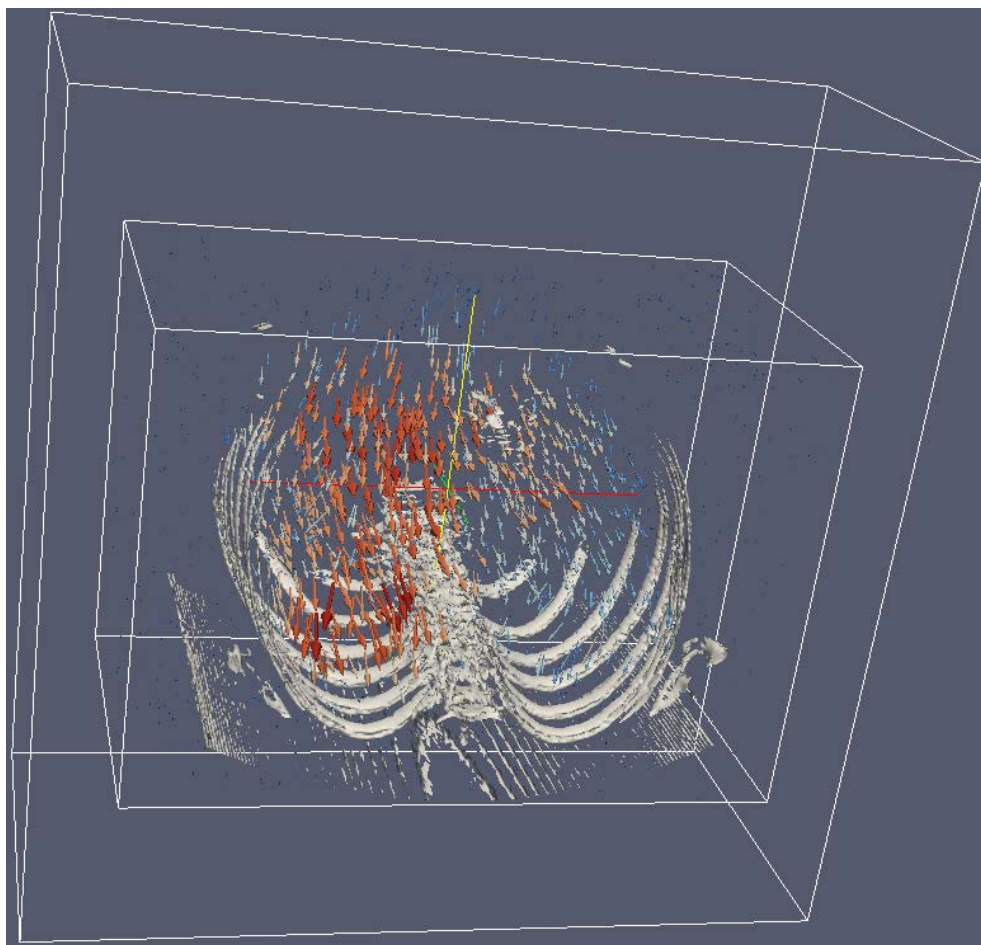


FIGURE 3.23 – Visualisation de volumes grâce au logiciel Paraview

Telemis

Telemis est une solution Java de gestion de l'imagerie médicale en hôpital.

Il permet à des hôpitaux et cliniques de contrôler leur production d'images médicales numériques et de les accompagner dans le passage vers un environnement totalement sans film. Les images peuvent être partagées à l'intérieur de l'hôpital (intra-muros) entre les départements produisant les images et les autres services. La solution permet aussi de partager les images extra-muros, entre de multiples institutions. Le produit permet un accès rapide, facile et sécurisé à toutes les images, ainsi qu'un nombre quasi illimité de systèmes de stockage et d'archivage [48].

Telemis est utilisé quotidiennement à Mont-Godinne. L'un des avantages de Telemis est qu'il supporte l'ajout de plugins, ce qui le rend personnalisable.

La figure 3.24 offre un aperçu général des services offerts par Telemis.

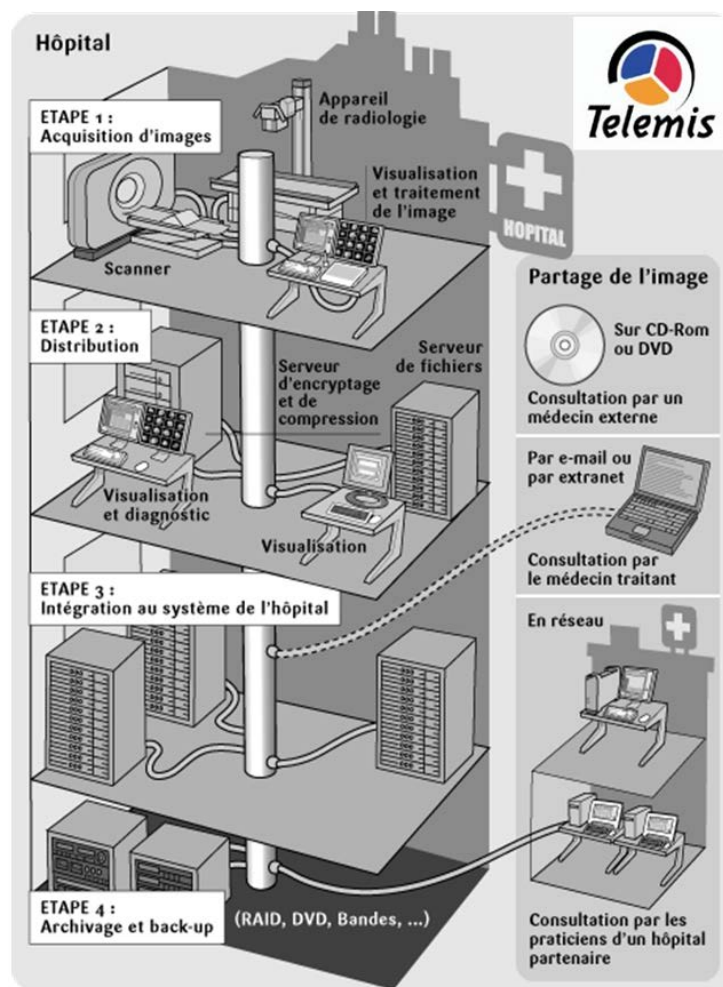


FIGURE 3.24 – La gestion d'imagerie médicale par Telemis [49]

VTk

VTk (*Visualization Toolkit* [50]) est un framework C++ open-source sous licence BSD¹¹ disponible gratuitement et conçu pour faciliter la visualisation d'images. VTk rend notamment possible la visualisation de volumes 3D et met à disposition divers outils, comme les widgets, qui permettent l'interaction avec l'image, ou encore les possibilités d'annoter l'image.



FIGURE 3.25 – VTk

Lors de la conception de VTk, en 1993, la motivation était de collaborer entre chercheurs (Will Schroeder, Ken Martin et Bill Lorensen) et de développer un framework libre pour les applications de visualisation de pointe.

Afin d'améliorer la détection de tumeurs, nous avons eu recours à VTk. Nous avons exploité ses capacités de visualisation par coupes, et nous avons eu recours à certains widgets d'interaction, que nous avons adaptés à nos besoins.

3.7.2 Traitement d'images

ITK

ITK (*Insight Segmentation and Registration Toolkit* [41] [52]) est un framework C++ open-source et multi-plateforme (licence BSD) qui fournit aux développeurs un ensemble d'outils logiciels pour l'analyse d'image. Il est utilisé pour le développement de programmes de recalage et de segmentation d'images.



FIGURE 3.26 – ITK

ITK a été développé initialement grâce au soutien de l'institut américain de la santé en 1999. Le but initial était de faciliter la manipulation des données fournies par le projet "Visible Human Project". ITK a également été développé, d'une manière plus générale, pour supporter des applications d'imageries médicales, et donc pour réduire les coûts et le temps de développement de telles applications, tant pour le milieu académique que commercial.

Ce framework nous a été très utile étant donné que plusieurs étapes de la correction correspondent à du traitement d'image. Nous verrons par la suite les différentes fonctionnalités que nous avons utilisées.

11. Licence libre utilisée pour la distribution de logiciels. Elle permet de réutiliser tout ou partie du logiciel sans restriction, qu'il soit intégré dans un logiciel libre ou propriétaire. [51]

GDCM

GDCM est une librairie C++ (licence BSD) pour la lecture, la manipulation et l'écriture de fichiers selon le standard DICOM.

Les images à traiter dans le cadre d'un hôpital étant à la norme DICOM, la librairie GDCM a surtout été utilisée pour faire le lien entre les images médicales et les outils proposés par ITK et VTK.

3.8 Programmes de traitement d'images existants

3.8.1 Outils développés antérieurement

Comme nous l'avons déjà souligné, le processus de correction exige un grand nombre d'opérations de traitement d'images.

Marc Honoré [18], durant son stage réalisé à Mont-Godinne en 2007, a développé quelques outils permettant d'effectuer des opérations élémentaires sur les images.

Afin de poursuivre l'objectif de correction d'images, certains de ces programmes sont nécessaires et ont été réutilisés, moyennant quelques adaptations dans certains cas.

Voici une brève explication de chacun d'entre eux¹² :

1. **__convert3D_dcm_to_mhd.exe** En spécifiant le chemin d'un répertoire contenant une série DICOM et un fichier de sortie (de type "image.mhd"), ce programme effectue la conversion de DICOM vers le format MetaImage (image.mhd et image.raw).
2. **__crop3D_img.exe** Ce programme effectue un recadrage de l'image (cropping). Comme nous l'avons vu dans la partie théorique, un cropping nécessite 6 paramètres : le déplacement de l'origine sur les 3 axes et le nombre de pixels à conserver sur les 3 axes. De plus, il faut spécifier le nom de l'image d'entrée (au format MetaImage) et le nom de l'image de sortie.
3. **__resample_vector_img.exe** Le but est ici d'effectuer un resampling sur une image au format MetaImage. En plus des noms d'entrée et de sortie de l'image, il faut spécifier 10 paramètres : l'emplacement de la nouvelle origine par rapport au système d'axes (3), le nombre de pixels (3) et le spacing (3) sur chacun des axes, et finalement la valeur d'intensité par défaut au cas où l'image recouvrirait des parties de l'espace physique non présentes dans l'image originale.
4. **__warp_img.exe** Ce programme est très important car il permet d'appliquer un champ de vecteurs à une image. On lui donne en entrée une image et un champ de vecteurs, il applique la déformation et l'enregistre dans un fichier dont le nom est également en paramètre. L'ensemble des fichiers manipulés est toujours au format MetaImage.

Ces programmes ont été réalisés en C++ et utilisent la bibliothèque ITK.

Nous présenterons plus précisément leur utilité lorsque nous détaillerons chacune des étapes techniques nécessaires au processus de correction.

12. cf. section 5.5 du mémoire de Marc Honoré [18]

3.8.2 Diffeomorphic Demons

"Diffeomorphic Demons" est l'algorithme de recalage que nous allons utiliser dans le cadre de la correction d'images PET, suite aux résultats de Marc Honoré [18].

Les concepteurs de l'algorithme des démons dans sa version difféomorphique ont tenu à l'intégrer dans ITK afin de fournir une implémentation open-source de leur méthode efficace de recalage [53].

C'est dans cette section que nous allons présenter les bases théoriques de cet algorithme.

Principe de l'algorithme Demons de Thirion

J.-P. Thirion [54] compare le recalage d'images à un processus de diffusion d'une image vers l'autre. Ainsi, les objets apparaissant sur l'image fixe retrouvent leurs vis-à-vis dans l'image mouvante mais pour passer d'une image à l'autre, ceux-ci ont subi une diffusion ou déformation.

Afin de comprendre le principe de l'algorithme des démons, il faut se représenter les deux images comme si elles étaient semi-perméables et superposées, comme l'illustre la figure 3.27.

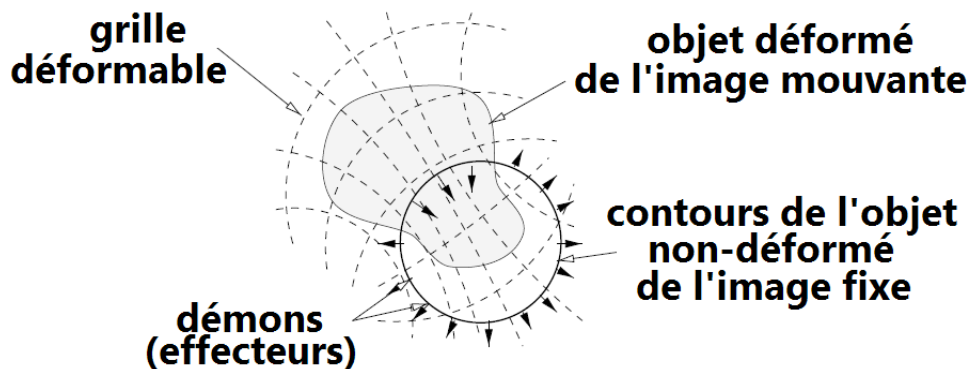


FIGURE 3.27 – Modèle de diffusion : une image déformée, considérée comme une grille déformable, est diffusée au travers des contours des objets de l'image statique par l'action des effecteurs (appelés démons)

Ensuite, il faut voir l'image mouvante comme une grille déformable dont chaque sommet peut être étiqueté de deux manières différentes :

- "à l'intérieur" signifie que sa position relative dans l'image fixe se situe à l'intérieur du contour de l'objet
- "à l'extérieur" signifie que sa position relative dans l'image fixe se situe en dehors du contour de l'objet

Sur les contours des objets de l'image fixe, on place ce que Thirion appelle des effecteurs, ou encore des "démons".

Selon lui, un démon est un effecteur situé en un point P de la frontière d'un objet O de l'image fixe. Le rôle du démon est d'agir localement, autrement dit de déformer la grille pour pousser le modèle mouvant :

- à l'intérieur de O si le sommet correspondant est classé "à l'intérieur"
- à l'extérieur de O si le sommet correspondant est classé "à l'extérieur"

C'est pourquoi chaque démon est associé à un vecteur perpendiculaire au contour, et ce vecteur a pour but de traduire l'action du démon (cf. figure 3.27).

Pour illustrer ce principe, considérons un cas simple de deux images affichant le même disque (figure 3.28).

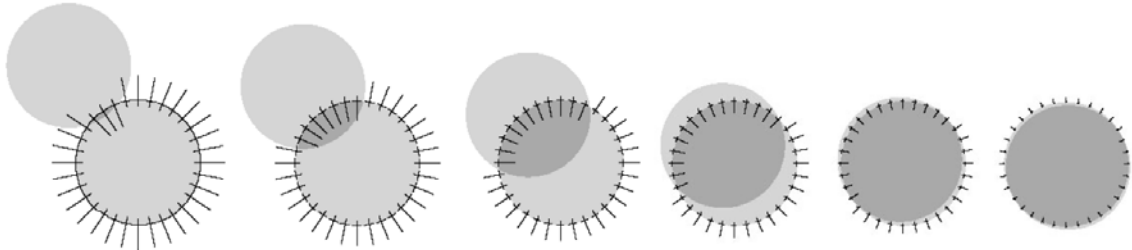


FIGURE 3.28 – Plusieurs itérations d'un modèle de diffusion

Un ensemble de démons a été placé sur le contour du disque de l'image fixe. La force des démons est orientée de l'intérieur vers l'extérieur du disque lorsque le point du modèle correspondant est classé "à l'extérieur". Par contre, lorsque le point est classé "à l'intérieur", la polarité est centrale.

La méthode est itérative. A chaque itération, le mouvement engendré par chacun des démons est appliqué au modèle. Cependant, la magnitude des forces est diminuée d'itération en itération, ceci afin d'atteindre une convergence.

A ce stade, il est intéressant de remarquer une limite de la technique. Supposons que les deux images de départ soient représentées par la figure 3.29.

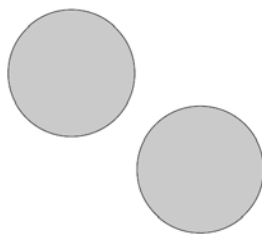


FIGURE 3.29 – Cas problématique

Dans ce cas de figure, les deux disques n'ont initialement aucune intersection, ce qui implique que le modèle de diffusion est inefficace.

Déroulement de l'algorithme

La première étape de l'algorithme consiste à fixer l'emplacement des démons sur l'image fixe. On peut choisir comme démons tous les pixels de l'image, seulement des points appartenant au contour des objets, ou encore des points extraits grâce à des méthodes de détection avancées.

La seconde étape est itérative et se décompose en deux parties. La première consiste à calculer individuellement la force de chaque démon, qui dépend de la direction et du sens du vecteur associé à ce démon. La deuxième est de générer une transformation générale tenant compte de toutes les forces et de l'appliquer à l'image mouvante.

Il existe plusieurs versions de l'algorithme qui diffèrent notamment par la détermination des démons, les méthodes d'interpolation des forces pour générer les transformations, le type de déformation autorisé (rigide, affine,...), etc.

L'algorithme Demons diffeomorphique

Par la suite, plusieurs chercheurs [55] ont offert une version optimisée de l'algorithme de Thirion. Il s'agit de la version diffeomorphique qui a été implémentée dans ITK et qui constitue la version plus performante.

Plutôt que de faire de l'optimisation classique, ils utilisent l'algorithme sur un espace de diffeomorphisme et exercent l'optimisation sur un groupe de Lie.

Cela nécessite l'utilisation d'optimisation géométrique, qui a pour avantage de :

- conserver la structure géométrique du groupe
- utiliser des routines d'optimisation non-contrainte
- garantir la même convergence que pour les méthodes de Newton classiques sur les espaces de vecteurs

Options de l'algorithme

L'algorithme tel qu'il a été implémenté offre deux options qui vont nous être très utiles par la suite.

D'une part, on peut lui fournir une **approximation du mouvement entre les images**, un champ de déformation. Cette approximation constituera pour l'algorithme une transformation initiale sur base de laquelle il va itérer. Autrement dit, si l'on dispose d'indications sur la déformation, il est intéressant de les mettre à profit pour accroître l'efficacité de l'algorithme.

D'autre part, on peut déterminer le **nombre d'itérations** que va effectuer l'algorithme, et ceci selon différents niveaux de résolution.

En effet, l'algorithme travaille sur **plusieurs niveaux de résolution**. Le principe est simple : les premières itérations s'opèrent sur des images dont la résolution a été diminuée¹³. Ceci permet de trouver plus rapidement¹⁴ une approximation de la déformation globale entre deux images. Ensuite, afin d'améliorer la précision, on itère sur des images d'une meilleure résolution, et ainsi de suite.

L'algorithme diffeomorphique autorise jusqu'à six niveaux de résolution différents, et il est possible de déterminer le nombre d'itérations sur chacun des niveaux (voir figure 3.30). Si on choisit 3 niveaux de résolution différents et que l'on souhaite effectuer 10 itérations au premier niveau, suivi de 15 itérations sur le second niveau et 20 sur le troisième, le nombre d'itérations du recalage s'écrit de la manière suivante : "10 x 15 x 20".

13. Le nombre de pixels est réduit

14. On y gagne beaucoup en temps de calcul

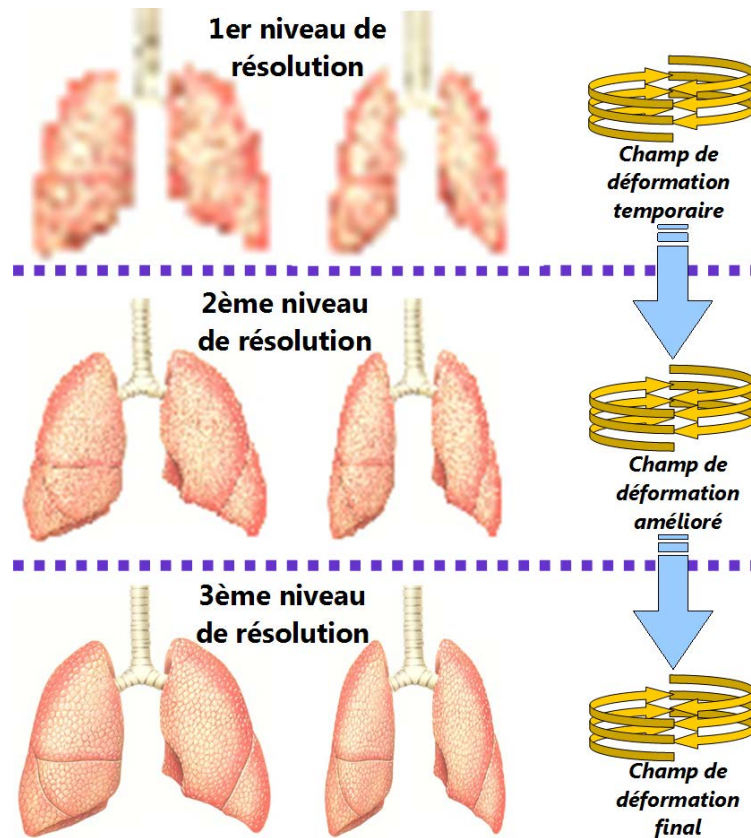


FIGURE 3.30 – Recalage en plusieurs niveaux de résolution. Chaque niveau de résolution correspond à un certain nombre d'itérations, représentées par les flèches. Les premières itérations de l'algorithme s'effectuent sur les images de moins bonne résolution et sont moins coûteuses en temps de calcul. Le champ de déformation devient de plus en plus précis à chaque nouvelle itération, en particulier dans le dernier niveau de résolution.

3.9 Outils de développement

3.9.1 CMake

CMake [56] est utilisé pour faciliter la compilation d'une application, et pour la rendre indépendante de l'environnement du programmeur. Le nom "CMake" est l'abréviation de "cross platform make".

Pour utiliser CMake, il faut tout d'abord écrire, selon une syntaxe particulière, un fichier de configuration appelé *CMakeLists.txt*, qui est une forme de makefile¹⁵ très simplifiée, faisant abstraction des détails propres à la plateforme utilisée. C'est notamment dans ce fichier que l'on spécifie les liens vers les bibliothèques nécessaires à la compilation d'un programme. Une fois ce fichier créé, le rôle du logiciel CMake est de générer automatiquement un makefile tout à fait adapté à l'environnement de compilation du programmeur.

Lorsque l'on utilise de très grosses bibliothèques telles que ITK, CMake est un outil indispensable, car les makefiles à générer sont souvent de très longue taille.

15. Les Makefiles sont des fichiers utilisés pour exécuter un ensemble d'actions, de commandes afin de réaliser une tâche, telle que la compilation d'un projet dans notre cas.

3.9.2 MinGW

MinGW (Minimalist GNU for Windows) [57] est une adaptation des logiciels de développement de GNU à la plate-forme Win32. MinGW inclut un ensemble de fichiers d'en-tête de Windows (w32api) pour le développement d'applications natives Win32.

C'est donc grâce à MinGW que nous avons pu développer des applications C++ capables d'interagir et de fonctionner sur le système d'exploitation Windows.

3.9.3 MSys

MSys (Minimal System) [57] est un système d'interface de programmation en ligne de commande. C'est une alternative à l'"Invite de commande Windows" ou encore à Cygwin. Tout comme Cygwin, le but de MSys n'est pas de rendre possible l'exécution de code natif Linux mais bien de fournir un environnement de travail semblable à Linux. A l'opposé de Cygwin, il ne fournit que des outils nécessaires à la programmation.

MSys est tout à fait complémentaire à MinGW. Ces deux applications sont d'ailleurs développées par la même équipe. MSys constitue la console qui permet d'exploiter MinGW et de gérer la création de programmes sous Windows comme dans un environnement Linux.

3.9.4 Eclipse

Eclipse est une célèbre plateforme de développement d'applications multi-langages comprenant un IDE ¹⁶ et un système de plugins qui permet d'en étendre le fonctionnement.

C'est dans l'environnement Eclipse IDE qu'ont été développées toutes les applications Java que nous présenterons tout au long de ce document.

3.9.5 Visual Editor

Visual Editor [58] est un plugin pour Eclipse qui permet de créer des interfaces graphiques en AWT, Swing, SWT, RCP,... très rapidement et très facilement. Comme son nom l'indique, son principe de fonctionnement est visuel.

Le grand avantage de ce plugin est que l'on peut développer l'interface graphique assez librement : une modification à la souris de l'interface entraîne la modification du code source, et la modification du code source entraîne une modification visuelle de l'interface (voir figure 3.31).

Ce plugin a été d'une aide précieuse pour la réalisation de toutes les interfaces de type Java.

16. Environnement de développement intégré

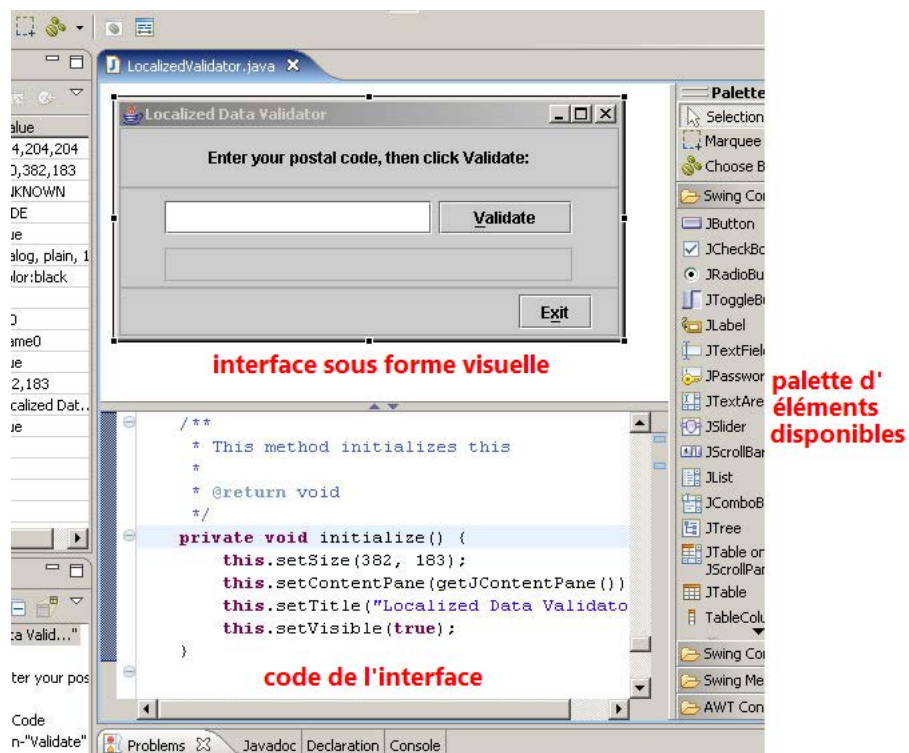


FIGURE 3.31 – Aperçu de Visual Editor [59]

Chapitre 4

Résultats

Dans cette partie, nous allons énoncer l'ensemble des applications réalisées dans le but de répondre aux objectifs, ainsi que les différents tests permettant de tester la méthode de correction.

4.1 Correction d'images PET

Nous allons commencer par présenter les résultats liés à l'objectif principal : la correction des images PET selon le principe de correction énoncé dans la section 3.1.

Remarquons que les applications développées se divisent en deux catégories. D'une part, on trouve un **ensemble d'outils élémentaires** développés en C++ s'appuyant sur les fonctionnalités offertes par ITK, VTK et GDCM. Chaque outil permet d'effectuer une opération précise sur les images ou sur les champs de déformation. D'autre part, une grande partie de l'application consiste à **coordonner l'utilisation de ces outils** et à suivre un fil conducteur permettant de corriger les images, en s'assurant du bon déroulement de toutes les étapes nécessaires. Cette partie a été développée en Java.

4.1.1 Les nouveaux outils développés

Dans la section 3.8.1, nous avons présenté les outils développés par Marc Honoré [18] que nous avons retenus.

A présent, nous allons voir d'autres programmes qui ont dû être développés dans le but de compléter la boîte à outils.

Le but est ici de présenter les programmes et ce qu'ils sont capables de faire, mais pas encore d'expliquer leur utilité. C'est lors de la présentation détaillée des différentes étapes de la correction que nous comprendrons à quels moments ces programmes doivent intervenir.

Lire certains champs d'un fichier DICOM (extrait d'une série DICOM)

1. *Nom du programme* : `_infoHeaderDicomOptimized.exe`
2. *Bibliothèque utilisée* : GDCM
3. *Paramètre* :
 - Fichier DICOM à lire

4. **But** : Ecrire sur la sortie standard la valeur des champs ¹ :
 - Modalité
 - Description de la série
 - Identifiant de la série
 - Nombre de pixels sur l'axe Y
 - Nombre de pixels sur l'axe X
 - Nombre de fichiers (tranches axiales) de la série DICOM

Créer un champ de vecteurs

1. **Nom du programme** : `_create_vector_img.exe`
2. **Bibliothèque utilisée** : ITK
3. **Paramètres** :
 - Origine du volume (3)
 - Spacing du volume (3)
 - Nombre de pixels du volume (3)
 - Valeur des pixels
 - Fichier MetaImage à créer
4. **But** : Créer un champ de vecteurs selon les dimensions spécifiées et ayant la même valeur de pixel sur tout le volume.

Créer un champ de vecteurs par addition de deux autres champs

1. **Nom du programme** : `_sum_mhd_images.exe`
2. **Bibliothèque utilisée** : ITK
3. **Paramètres** :
 - Fichiers MetaImage à additionner (2)
 - Fichier MetaImage à créer
4. **But** : Additionner deux champs de vecteurs de même dimension et produire le résultat dans un nouveau fichier.

Créer un champ de vecteurs par soustraction de deux autres champs

1. **Nom du programme** : `_sub_mhd_images.exe`
2. **Bibliothèque utilisée** : ITK
3. **Paramètres** :
 - Fichier MetaImage duquel on soustrait
 - Fichier MetaImage que l'on soustrait
 - Fichier MetaImage à créer
4. **But** : Soustraire un champ de vecteurs d'un autre champ de la même dimension et produire le résultat dans un nouveau fichier.

Remplacer une sous-région d'un champ de vecteurs par un champ de vecteurs de plus petite taille

1. **Nom du programme** : `_insert3D_vector_img_newFile.exe`
2. **Bibliothèque utilisée** : ITK

1. La signification de ces champs a été donnée à la page 46

3. *Paramètres :*

- Fichier MetaImage qui contient le grand champ de vecteurs
- Fichier MetaImage qui contient le petit champ de vecteurs à incruster
- Fichier MetaImage à créer

4. **But :** Soit deux champs de vecteurs, dont l'un est totalement inclus dans l'autre lorsqu'on les représente dans l'espace réel. Le but est de créer un nouveau champ de vecteurs représentant le plus grand dans lequel on a incrusté le plus petit ².

Construire une image en moyennant les pixels de plusieurs autres images

1. **Nom du programme :** `_mean_mhd_images.exe`

2. **Bibliothèque utilisée :** ITK

3. *Paramètres :*

- Fichiers MetaImage à inclure dans la moyenne (2+)
- Fichier MetaImage à créer

4. **But :** Etant donné $n \geq 2$ images de dimensions semblables, construire une image dont les pixels sont une moyenne des n pixels occupant la même position dans ces images.

Convertir un volume au format MetaImage en une série d'images DICOM

1. **Nom du programme :** `_convert_3Dmhd_to_dcmSeries.exe`

2. **Bibliothèque utilisée :** ITK couplée à GDCM

3. *Paramètres :*

- Fichier MetaImage à convertir
- Répertoire contenant une série DICOM sur laquelle on prend les en-têtes ³
- Répertoire de destination de la nouvelle série DICOM

4. **But :** Alors que l'un des programmes de Marc Honoré (section 3.8.1) effectue la conversion de DICOM vers MetaImage, il s'agit ici d'effectuer l'opération inverse. On transforme un volume au format MetaImage en une série DICOM. Nous avons vu précédemment que les fichiers MetaImage contenaient beaucoup moins d'information que les en-têtes DICOM. C'est pourquoi ce programme utilise une série DICOM existante grâce à laquelle il retrouve les informations perdues (voir figure 4.1). Il est évident que cette opération est délicate : il faut s'assurer que la série DICOM de laquelle on prend les en-têtes correspond bien au volume MetaImage à convertir.

Coupler les images d'une série DICOM avec les en-têtes d'une autre série

1. **Nom du programme :** `_pasteDicomHeaderImg.exe`

2. **Bibliothèque utilisée :** GDCM

3. *Paramètres :*

- Répertoire contenant une série DICOM de laquelle on prend les en-têtes
- Répertoire contenant une série DICOM de laquelle on prend les images
- Description de la série de la nouvelle série DICOM
- Répertoire de destination de la nouvelle série DICOM

2. Une illustration présentée ultérieurement (figure 4.10, page 85, étape 9) permettra de mieux comprendre l'intérêt de ce programme

3. Par en-tête, on entend tous les champs DICOM excepté le champ comprenant l'image

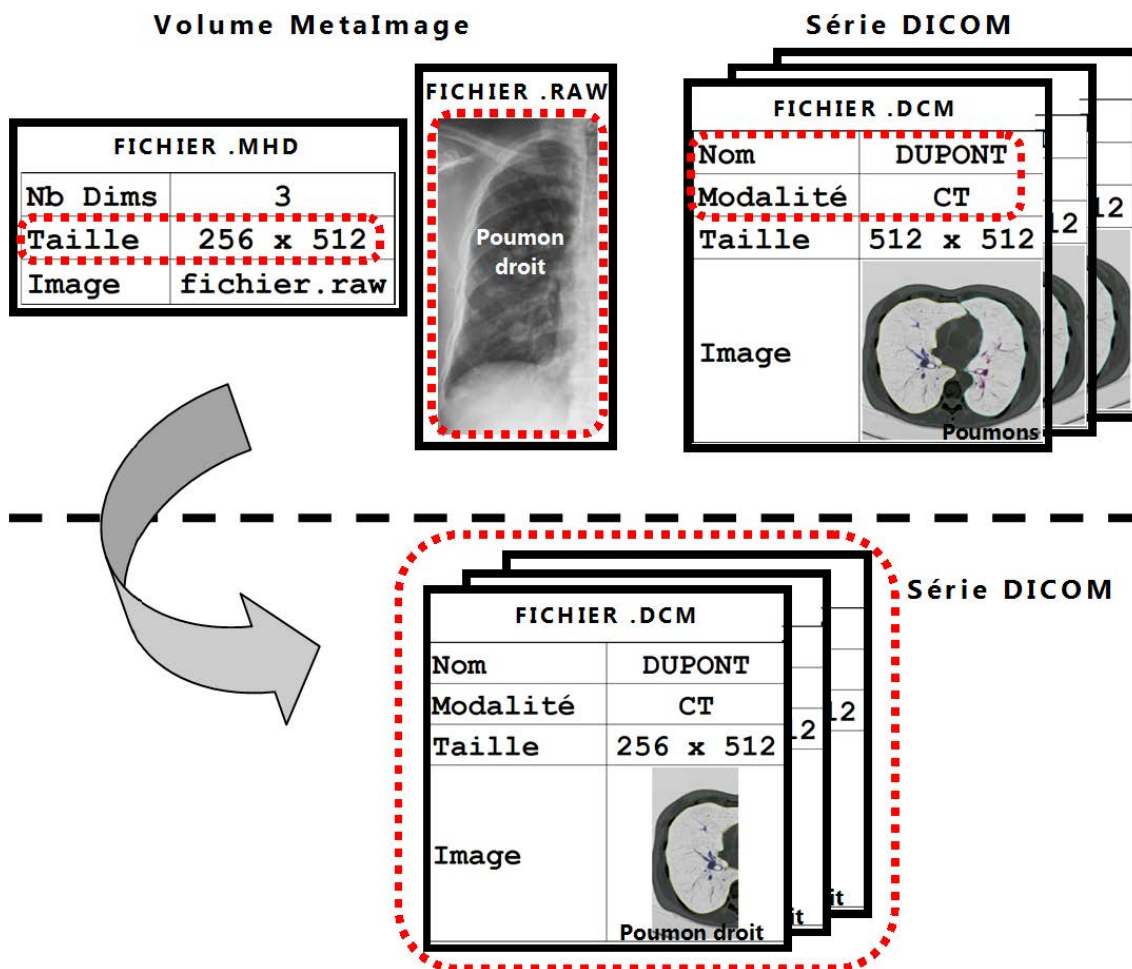


FIGURE 4.1 – Illustration d’une conversion. Dans l’exemple, le volume MetaImage (en haut à gauche) représente identiquement la même chose que la série DICOM originale (en haut à droite), excepté que seule la partie droite du volume (le poumon droit) a été conservée. Le volume a donc diminué de moitié. Le rôle du programme est de convertir le volume MetaImage en série DICOM. La difficulté de cette conversion provient du fait que le fichier MetaImage comporte très peu d’information par rapport au grand nombre de champs requis par la norme DICOM. Par exemple, MetaImage ne contient ni le "Nom" du patient, ni la "Modalité" de l’image. C’est pour cette raison que l’on a recours à une série DICOM originale dans laquelle le programme peut puiser tous les champs manquants.

4. **But** : Soit deux séries DICOM représentant des volumes de même dimension (origine, spacing, nombre de pixels), le but est de créer une nouvelle série DICOM qui contiendra le volume de l’une et les en-têtes de l’autre. Seul le champ de description de la série est personnalisable.

Sélectionner à la souris un sous-volume dans un volume

1. **Nom du programme** : `_interfaceCrop.exe`
2. **Bibliothèque utilisée** : VTK
3. **Paramètres** :
 - Nombre d’intervalles respiratoires
(= nombre de volumes différents = nombre de séries DICOM différentes)

– Préfixe des répertoires contenant chacun une série DICOM

4. **But :** Suite à une acquisition synchronisée, il résulte 10 volumes du corps, donc 10 séries DICOM représentant chacune un intervalle précis de la respiration. Le but de ce programme est d'offrir un petit visualisateur permettant de sélectionner, grâce à la souris, une sous-région de ces volumes.

Par exemple, on pourrait vouloir extraire la région pulmonaire d'un corps entier. Mais étant donné que la région pulmonaire est différente sur chaque intervalle respiratoire, cet outil de sélection offre la possibilité de se déplacer dans le temps⁴ pour s'assurer que la région sélectionnée contient le volume désiré **à tout moment du cycle respiratoire**.

En outre, il permet de modifier facilement le contraste de l'image avec la souris.

Le principe de sélection se déroule en deux étapes et est expliqué sur les figures 4.2 et 4.3.

A la fin, le programme écrit sur la sortie standard les valeurs du cropping à effectuer pour extraire la sous-région sélectionnée.

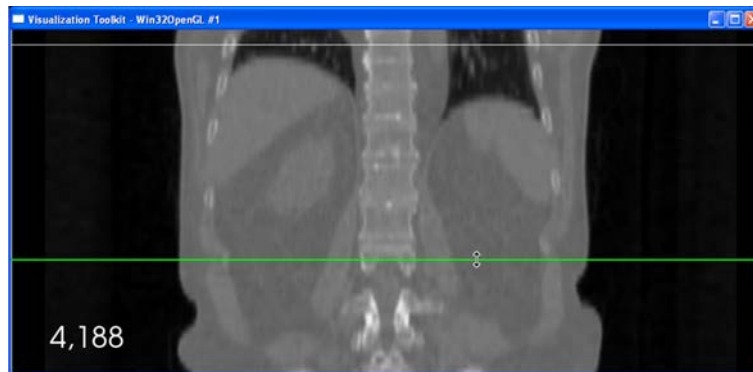


FIGURE 4.2 – Restriction de la sous-région au niveau de l'axe Z . Durant cette étape, l'utilisateur peut voyager au travers des différentes coupes coronales du corps humain. Son rôle est de placer deux droites sur le corps du patient qui auront pour but de délimiter la sous-région souhaitée sur l'axe Z .

4.1.2 Amélioration des performances de l'algorithme de recalage

L'étape du recalage constitue le pion essentiel de la correction, mais il s'agit d'une opération très coûteuse en temps.

Les premiers tests de recalage avec Demons entre deux images CT durant près de 4 heures⁵, il a été nécessaire de mettre tout en oeuvre pour augmenter la vitesse de recalage. Surtout qu'une correction implique 9 recalages, autrement dit $4 * 9 = 36$ heures.

Compiler ITK en mode optimisé

ITK est compilé par défaut en mode de débogage. Recompiler ce framework en mode optimisé ("release mode") permet d'accroître la vitesse de l'algorithme d'un facteur de 3, 1.

4. c'est-à-dire de visualiser la même coupe sur les différentes phases respiratoires

5. Et un PC devenu inutilisable

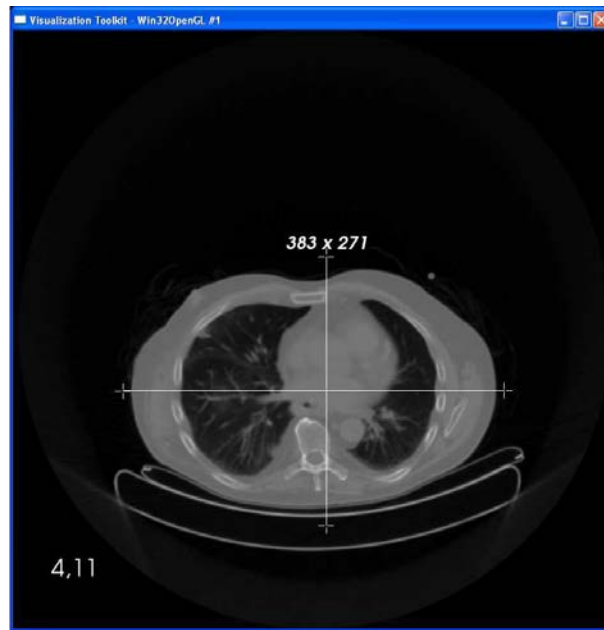


FIGURE 4.3 – Restriction de la sous-région au niveau des axes X et Y . Durant cette étape, l'utilisateur a la possibilité de se déplacer dans les coupes axiales du patient. Son rôle est de tracer un viseur délimitant la région à conserver au niveau des axes X et Y .

Exécuter les recalages 2 par 2

La plupart des machines actuelles possèdent des processeurs à double coeur, c'est la raison pour laquelle il est judicieux de lancer simultanément deux recalages. Ceci permet de maximiser le rendement de la machine puisque chaque unité de calcul est occupée par un recalage.

Les tests ont confirmé que sur une telle machine, le temps d'exécution d'un recalage ou de deux simultanément sont quasiment équivalents. Il en résulte une vitesse 2 fois supérieure.

Recadrer les images avant le recalage

L'observation de volumes CT permet de se rendre compte que la région du volume réellement sujette à un mouvement respiratoire est bien plus petite que le volume entier. Dès lors, une grande partie du volume ne nécessite pas de recalage.

La figure 4.4 illustre bien cette réalité. Il s'agit d'une image CT au niveau des poumons d'une patiente. Elle permet de constater que la région pulmonaire n'occupe dans ce cas que 28 % de la surface totale de l'image. Le reste de la surface est sans intérêt, il s'agit du lit du patient et du vide.

Cette illustration montre bien l'intérêt de rogner les images sur les axes X et Y .

La remarque peut également s'appliquer à l'axe Z , puisqu'on pourrait choisir de ne pas effectuer le recalage sur les parties du corps humain n'étant pas affectées par les mouvements respiratoires (la tête, le ventre,...).

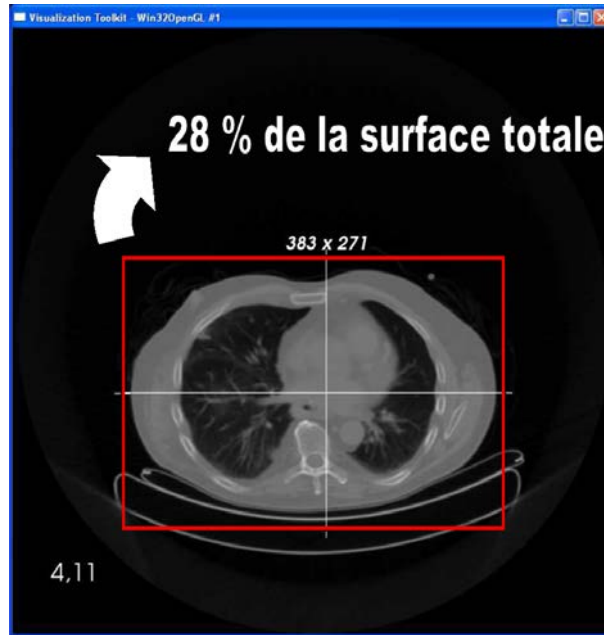


FIGURE 4.4 – Portion de l'image sujette à un mouvement respiratoire

Mais dans la réalité, les acquisitions synchronisées sont déjà très ciblées sur la région pulmonaire, et donc le rognage sur l'axe Z est rarement d'application.

Le fait de recadrer les images avant d'effectuer le recalage permet un gain de performance d'un facteur variant entre 2 et 4 principalement lié à la corpulence du patient.

Guider l'algorithme en lui fournissant un champ de déformation approximatif

Dans la section 3.8.2, nous avons vu qu'il était possible de fournir à l'algorithme Demons un champ de déformation initial sur lequel il pouvait initialiser ses calculs.

Partant du constat que les champs de déformation sont assez semblables d'un recalage à l'autre, cette possibilité est apparue très intéressante.

Nous allons maintenant présenter l'ordre dans lequel les recalages sont effectués et de quelle manière nous allons utiliser l'option évoquée.

Puisque les acquisitions synchronisées de Mont-Godinne divisent le cycle respiratoire en 10 intervalles, il nous faut effectuer 9 recalages⁶ (cf. section 3.1) :

- $CT_1 \Rightarrow CT_0$
- $CT_2 \Rightarrow CT_0$
- ...
- $CT_9 \Rightarrow CT_0$

Remarquons que le nombre 9 est impair, ce qui implique qu'un des recalages doit s'effectuer en solitaire (contrairement à l'astuce prévoyant de les faire s'exécuter systématiquement deux par deux).

6. nombre d'intervalles respiratoires moins un (c'est-à-dire l'intervalle fixe)

Dès lors, ces recalages vont s'effectuer en 5 étapes, c'est-à-dire la division entière de 9 par 2. Avant d'expliquer dans les détails l'ordre choisi pour l'exécution des algorithmes, un petit schéma synthétise cet ordre et permettra de mieux comprendre la suite des explications.

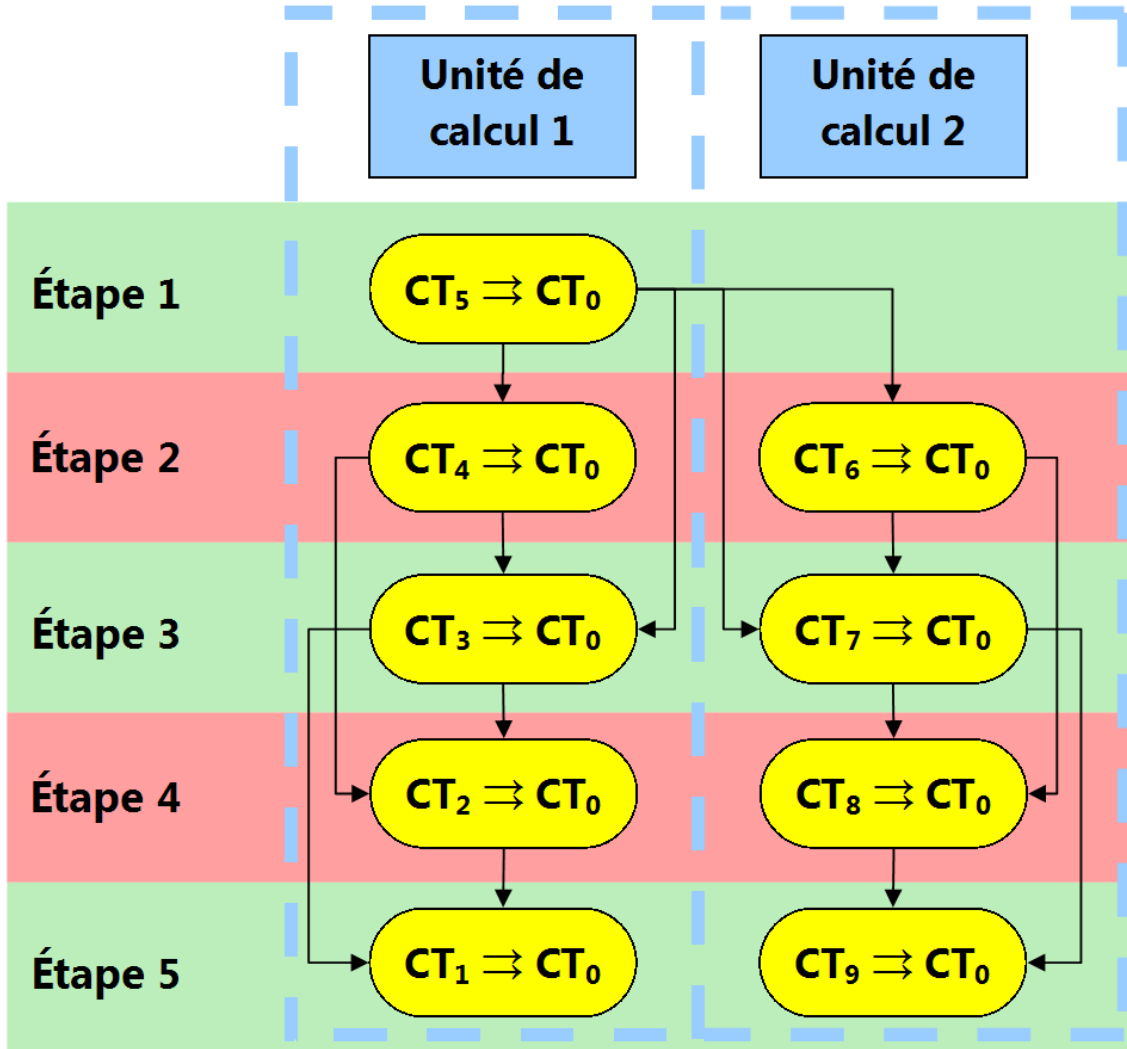


FIGURE 4.5 – Illustration de l'ordre des recalages. On peut observer les 5 étapes, ainsi que la répartition des tâches entre les deux unités de calcul. Les flèches indiquent les liens de dépendance entre les recalages.

Le tout premier recalage que nous choisissons d'exécuter est $CT_5 \Rightarrow CT_0$, et c'est lui que nous décidons d'exécuter en solitaire. La phase 5 a été choisie car il s'agit de la phase la plus lointaine de la phase 0, c'est environ la phase d'expiration totale. A cet égard, rappelons simplement que le mouvement respiratoire est cyclique⁷ et donc que la phase 9 est très proche de la phase 0.

Les deux recalages suivants que l'on exécute en parallèle sont $CT_4 \Rightarrow CT_0$ et $CT_6 \Rightarrow CT_0$, et c'est à partir de cette deuxième étape que nous allons utiliser la possibilité de

7. Cf. schéma de la page 34

fournir à l'algorithme un champ de vecteurs afin de le guider dans sa tâche. Dans cette optique, c'est le résultat de $CT_5 \Rightarrow CT_0$ que nous lui fournissons, tant pour $CT_4 \Rightarrow CT_0$ que pour $CT_6 \Rightarrow CT_0$, les phases 4 et 6 étant les plus proches de la phase 5.

Ensuite, pour la troisième étape, il est logique de lancer les recalages $CT_3 \Rightarrow CT_0$ et $CT_7 \Rightarrow CT_0$. Mais contrairement à ce que l'on pourrait penser, nous ne contenterons pas de fournir à ces algorithmes les résultats de $CT_4 \Rightarrow CT_0$ et $CT_6 \Rightarrow CT_0$ (4 étant proche de 3 et 6 étant proche de 7), mais nous allons fournir une meilleure approximation du champ de déformation.

Pour cela, nous faisons l'hypothèse que le mouvement subi par le corps humain lors de la respiration est linéaire, ou plus précisément localement linéaire. Cette hypothèse est certes incorrecte, mais elle s'approche de la réalité. De plus, rappelons que le but est définir un champ de vecteurs **approximé** (et non exact) pour orienter le recalage.

Pour bien comprendre l'idée, faisons l'analogie avec une fonction localement linéaire. Dans une telle fonction, la connaissance de 2 points A et B permet de calculer facilement le vecteur permettant de passer d'un point à l'autre $\overrightarrow{AB}$. Ensuite, on peut aisément trouver l'emplacement d'un troisième point C de cette fonction (proche de A et B) en calculant $B + \overrightarrow{AB}$.

C'est exactement ce principe que nous appliquons sur nos champs de vecteurs de déformation. Tout d'abord, remarquons que l'on possède, tant pour $CT_3 \Rightarrow CT_0$ que pour $CT_7 \Rightarrow CT_0$, de deux champs de vecteurs des recalages précédents. Dans notre analogie, il s'agit des points A et B :

- pour $CT_3 \Rightarrow CT_0$: $A = CT_5 \Rightarrow CT_0$ et $B = CT_4 \Rightarrow CT_0$
- pour $CT_7 \Rightarrow CT_0$: $A = CT_5 \Rightarrow CT_0$ et $B = CT_6 \Rightarrow CT_0$

Pour déterminer $\overrightarrow{AB}$, il suffit simplement de calculer la différence entre ces deux champs de vecteurs :

- pour $CT_3 \Rightarrow CT_0$: $\overrightarrow{AB} = B - A = CT_4 \Rightarrow CT_0 - CT_5 \Rightarrow CT_0 = CT_5 \Rightarrow CT_4$
- pour $CT_7 \Rightarrow CT_0$: $\overrightarrow{AB} = B - A = CT_6 \Rightarrow CT_0 - CT_5 \Rightarrow CT_0 = CT_5 \Rightarrow CT_6$

La dernière étape consiste à déterminer le point C . Il faut pour cela additionner B et $\overrightarrow{AB}$:

- pour $CT_3 \Rightarrow CT_0$: $C = B + \overrightarrow{AB} = CT_4 \Rightarrow CT_0 + CT_5 \Rightarrow CT_4 \simeq CT_3 \Rightarrow CT_0$
- pour $CT_7 \Rightarrow CT_0$: $C = B + \overrightarrow{AB} = CT_6 \Rightarrow CT_0 + CT_5 \Rightarrow CT_6 \simeq CT_7 \Rightarrow CT_0$

Cette dernière opération nous a permis de déterminer C , c'est-à-dire, dans notre cas, les champs de déformation $CT_3 \Rightarrow CT_0$ et $CT_7 \Rightarrow CT_0$. Il faut toutefois garder à l'esprit que le mouvement respiratoire n'est bien évidemment pas parfaitement linéaire, et c'est la raison laquelle nous avons utilisé le signe " $\simeq$ ".

Ce sont donc ces approximations qui seront données en entrée aux algorithmes de recalage afin de guider leurs calculs.

Les étapes 4 et 5 sont régies par le même principe.

Synthétisons brièvement le déroulement des recalages. Lors de la première étape, un seul recalage est lancé, et il ne dispose pas de champ de vecteurs en entrée pour le guider.

Lors de la seconde étape, on met à profit le résultat du premier recalage afin de guider les deux recalages suivants, effectués en parallèle. De la troisième à la cinquième étape, on pose l'hypothèse que le mouvement respiratoire est localement linéaire afin de fournir des champs de vecteurs encore plus précis pour améliorer les résultats, et ceci est rendu possible grâce au fait que l'on dispose, dans chaque cas, des champs de déformation calculés lors de **deux** étapes précédentes.

Cette astuce ne permet pas directement de faire gagner du temps mais permet d'obtenir un meilleur résultat. Cependant, en contrepartie, on peut se permettre de diminuer le nombre d'itérations pour tous les recalages bénéficiant de cette option, ce qui permettra alors de gagner du temps. Durant les tests, nous avons souvent choisi d'imposer deux fois moins d'itérations aux recalages bénéficiant d'un champ de déformation en entrée. Par exemple, si on lance le premier recalage ($CT_5 \Rightarrow CT_0$, qui ne bénéficie pas de cette option) en "20 x 20 x 20", les 9 autres recalages, bénéficiant de cette option, seront lancés avec "10 x 10 x 10" itérations⁸.

Excepté pour le premier recalage, il en découle que le temps d'exécution est réduit de moitié. Les temps d'exécution supplémentaires dûs aux calculs intermédiaires de notre méthode (addition et soustraction de champs de vecteurs) sont relativement courts et donc négligeables.

Utiliser une machine plus puissante

La dernière opportunité saisie afin d'augmenter la vitesse de recalage a été d'utiliser une machine plus performante et munie d'un processeur 64 bits. En comparaison avec les recalages effectués sur la première machine, cela a permis d'améliorer la vitesse d'un facteur de 3.8.

Gain final

Si l'on multiplie tous les gains de temps provenant de ces cinq astuces, la conclusion est que le temps nécessaire a été divisé par un facteur d'environ 120. Alors que le premier test de correction aurait nécessité 40 heures d'attente, il apparaît que l'on peut atteindre le même résultat en une vingtaine⁹ de minutes en profitant des astuces précédentes.

Il était important à ce stade de présenter les moyens mis en place pour réduire le temps d'exécution des recalages, car cela va conditionner (et complexifier) toutes les étapes du processus de recalage.

4.1.3 Les étapes du processus

Dans le chapitre 3. "*Matériels et méthodes*", nous avons pu découvrir différents programmes réalisés par Marc Honoré ainsi que l'algorithme de recalage, Demons.

En début de ce chapitre, nous avons présenté de nouveaux programmes ainsi qu'un ensemble d'astuces permettant de maximiser les performances de l'algorithme Demons.

Nous entrons maintenant dans le vif du sujet. Il s'agit à présent de manier correctement toutes les pièces du puzzle afin d'atteindre l'objectif final qui est de construire des images

8. La notion de recalage en plusieurs niveaux de résolution se trouve à la page 62

9. Par la suite, les tests ont été lancés avec encore plus d'itérations et donc les 20 minutes ont été dépassées.

PET de la région pulmonaire de bonne qualité. Nous allons donc passer en revue toutes les étapes techniques à franchir afin d'atteindre cet objectif, sachant que l'on dispose de l'ensemble des fichiers au format DICOM représentant les examens synchronisés en provenance du PET et du CT¹⁰.

Comme nous l'avons signalé antérieurement, c'est en Java que cette partie a été réalisée. Le but principal de l'application est d'orchestrer tous les programmes réalisés en C++, qui ont chacun une fonction précise à exercer sur les images.

Avant de détailler chacune des 17 étapes, nous pouvons apercevoir leur ordonnancement ainsi que les fichiers manipulés dans chacune d'entre elles sur les figures 4.6 et 4.7.

Afin de comprendre parfaitement la signification de ce schéma, il est utile de prendre connaissance des notations suivantes :

- Les formes colorées en vert sont des images spécifiques à la modalité PET
- Les formes colorées en orange sont des images spécifiques à la modalité CT
- L'extension ".dcm" indique un fichier DICOM représentant une coupe axiale d'un volume (2 dimensions)
- L'extension ".mhd" indique un fichier MetaImage représentant un volume (3 dimensions)
- L'extension ".mha" indique un fichier MetaImage représentant un champ de vecteurs applicable à un volume (3 dimensions)
- Les programmes C++ utilisés sont écrits en bleu sous le nom des étapes. Lorsqu'ils sont entre crochets, cela signifie qu'ils peuvent être utilisés ou non selon certaines options.
- Une dénomination de type "PT0fromPT5" signifie une image de la cinquième phase respiratoire recalée sur la phase respiratoire 0, autrement dit $PT_5 \Rightarrow PT_0$.

10. Pour rappel, le nombre total de ces fichiers peut avoisiner le millier

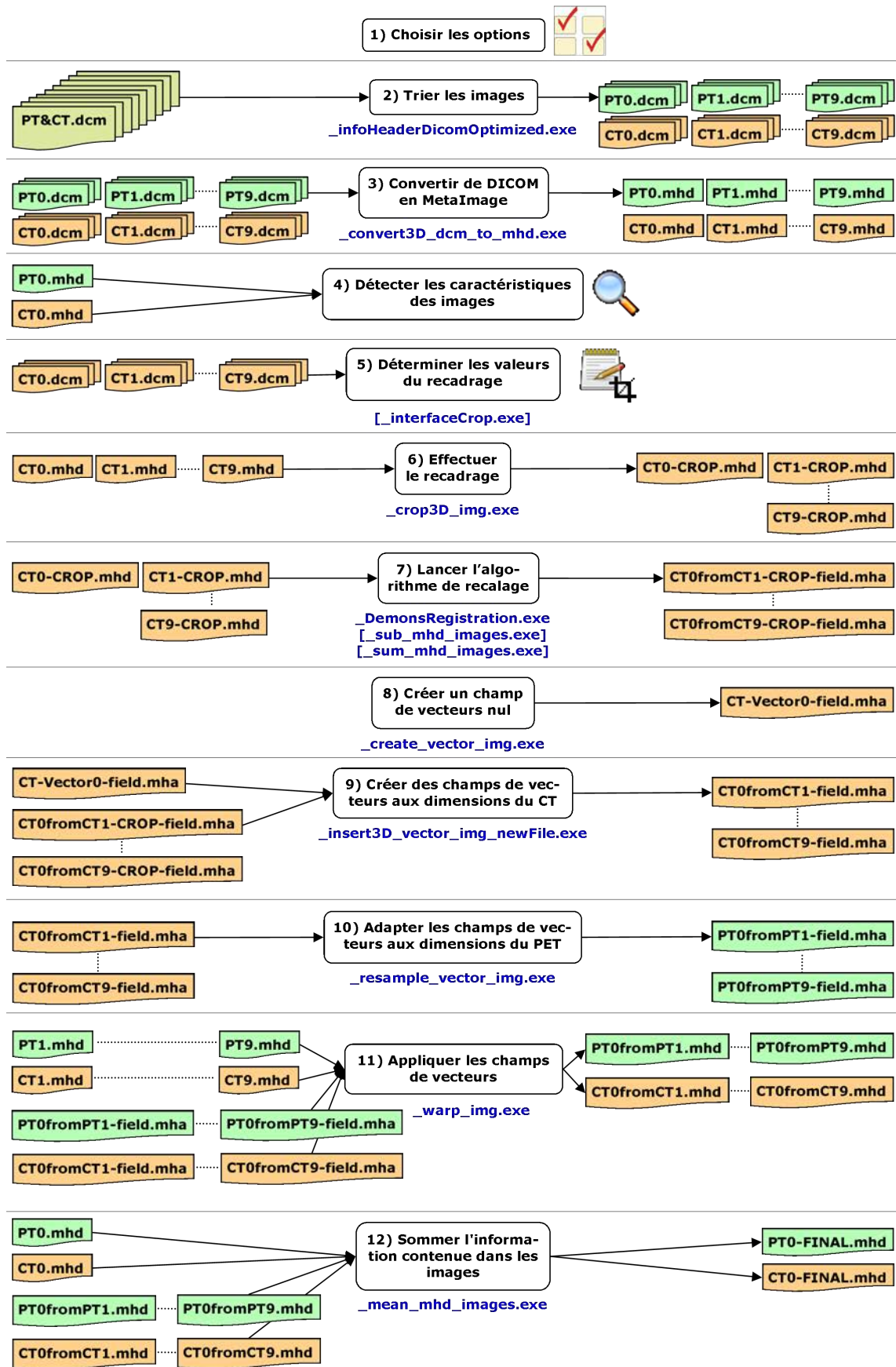


FIGURE 4.6 – Etapes du processus de correction (1-12)

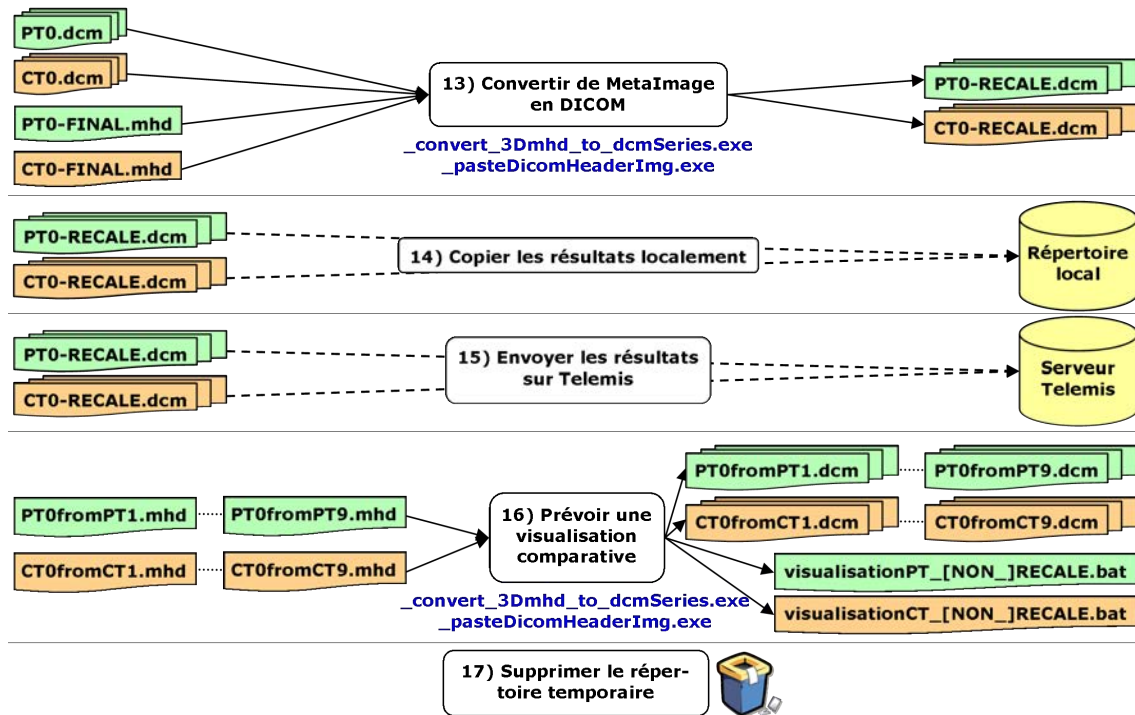


FIGURE 4.7 – Etapes du processus de correction (13-17)

(1) Choisir les options

La toute première étape est très différente des autres. Il s'agit de définir un certain nombre d'options qui influenceront la suite du processus.

Dès lors, ces options seront présentées au fur et à mesure de la présentation des étapes suivantes. Mais il faut garder à l'esprit que le choix des options se déroule en premier lieu.

A titre indicatif, la figure 4.8 illustre l'interface proposée à l'utilisateur pour déterminer ces options.

(2) Trier les images

La première opération élémentaire est de trier le grand nombre de fichiers DICOM représentant l'examen synchronisé.

Prenons un exemple réel d'une acquisition synchronisée ayant eu lieu en octobre 2008. Cet examen s'est concentré sur une portion de 18 centimètres sur l'axe Z de la région pulmonaire du patient. Le spacing sur l'axe Z du CT étant de 5 mm et de 4 mm pour le PET, le nombre de coupes axiales pour le CT est de $\frac{180}{5} = 36$ et de $\frac{180}{4} = 45$ pour le PET (voir figure 4.9). Le nombre de phases respiratoires étant de 10, le nombre total de fichiers DICOM est de $(36 + 45) * 10 = 810$ fichiers différents.

Correction PET/CT personnalisée

Options sur les images

Nombre d'instant respiratoires : Chaîne de caractères à ignorer dans le champ "Description" :

Instant sur lequel on recalc : Ce champ doit être rempli uniquement si le nombre représentant l'instant respiratoire n'est pas le 1er nombre qui apparaît dans la description de la série.
Exemple : PET/CT Godinne - s13_Resp_2_8_8 (image qui représente la 8ème phase du cycle respiratoire)
Chaîne à ignorer = PET/CT Godinne - s13_Resp_2_

Options sur la région de correction de l'image

☒ Utiliser une interface qui permet de personnaliser la région de l'image sur laquelle on effectue le recalage

☐ Effectuer le recalage sur un région par défaut : StartX : SizeX : StartY : SizeY : Valeurs par défaut

Options sur l'algorithme de recalage

☒ Demander aux algorithmes de se baser sur les vecteurs calculés par les algorithmes précédents ("InputField")

Itérations pour un algorithme sans "InputField" : Exemple : 10x15x20 = 10 itérations sur la petite résolution, 15 itérations sur la moyenne résolution, 20 itérations sur la haute résolution. 6 niveaux de résolutions sont possibles.

Itérations pour un algorithme avec "InputField" :

Options sur les résultats

Nom de la nouvelle série DICOM :

☒ Effectuer la correction sur les images CT (en plus des images PET)

☒ Envoyer les images recalées sur Telemis ☒ PET ☐ CT

☒ Copier les images recalées dans le répertoire local : ☒ PET ☒ CT

☒ Sommer les images non-recalées (pour pouvoir comparer le résultat final recalé et non-recalé) ☒ Envoyer sur Telemis ☐ Sauver localement

☐ Supprimer le répertoire temporaire à la fin de la correction (suppression de tous les résultats intermédiaires)

☐ Permettre la visualisation des mouvements respiratoires recalées et non-recalés (pour observer la différence après correction)

Remettre à 0 Valider

FIGURE 4.8 – Interfaces d'options

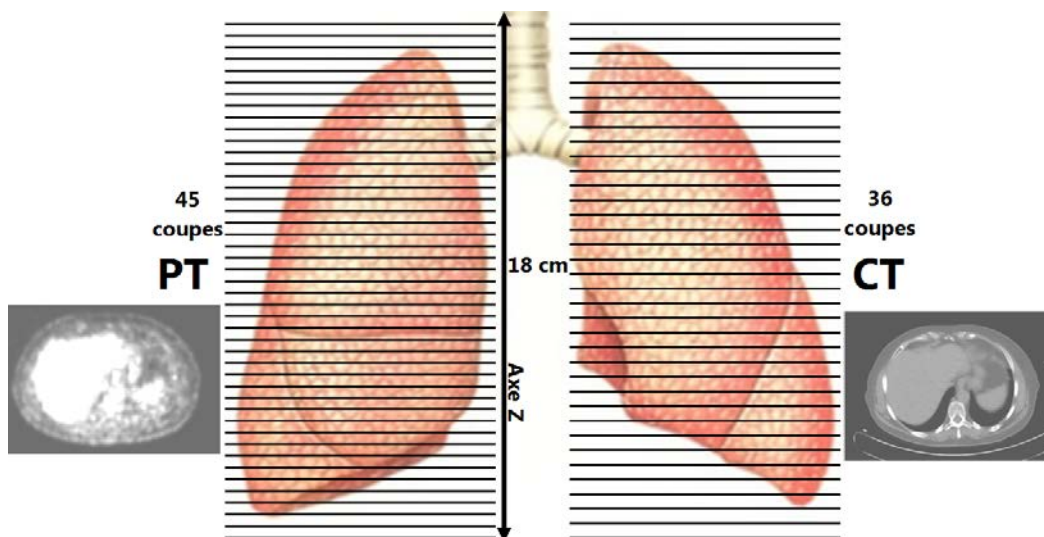


FIGURE 4.9 – Aperçu de l'intervalle séparant les coupes axiales PET et CT

Avant d'effectuer le tri, 20 répertoires sont créés : une moitié pour les 10 phases CT et l'autre moitié pour les 10 phases PET. Les répertoires ont pour noms : ct0, ct1,..., ct9 et pt0, pt1,..., pt9.

Il faut savoir que les noms originaux que portent les fichiers DICOM sont génériques et

n'ont aucune signification. Pour les trier, il est obligatoire de lire les champs contenus dans ces fichiers. C'est justement ce que fait le programme `__infoHeaderDicomOptimized.exe`¹¹.

Ce programme permet notamment d'extraire la modalité et la description de la série. Il s'agit des champs les plus importants. Comme son nom l'indique, le champ de modalité permet de savoir si le fichier provient du PET ou du CT. La description de la série, quant à elle, contient un nombre indiquant la phase respiratoire à laquelle l'image appartient.

A eux seuls, ces deux seuls champs doivent permettre, pour tout fichier, de déterminer vers lequel des 20 répertoires il doit être déplacé.

Cependant, par mesure de précaution, d'autres champs sont lus afin d'éviter toute erreur et de s'assurer qu'à la fin du tri, tous les bons fichiers (ni plus, ni moins) ont été lus et répartis correctement parmi les différents répertoires. Ces champs sont :

- **Identifiant de la série** : tous les fichiers étant déplacés vers un même répertoire doivent être d'une même série et donc porter obligatoirement le même identifiant.
- **Nombre de pixels sur l'axe X** : tous les fichiers d'une même modalité doivent comporter le même nombre de pixels sur l'axe X.
- **Nombre de pixels sur l'axe Y** : tous les fichiers d'une même modalité doivent comporter le même nombre de pixels sur l'axe Y.
- **Nombre de coupes axiales de la série DICOM** : le nombre de coupes axiales de la série correspond au nombre de fichiers par série DICOM. D'une part, ce champ doit être le même dans tous les fichiers d'une même modalité. D'autre part, le répertoire vers lequel un fichier est déplacé devra comporter à la fin du tri autant de fichiers que ce nombre¹².

Le nombre de vérifications est grand mais cela permet de réduire au maximum tout risque de mélanger des fichiers incompatibles.

Avant de passer à l'étape suivante, précisons que dans la pratique, le nombre de répertoires créé n'est pas systématiquement de 20, comme déclaré plus haut. En effet, afin d'anticiper tout changement dans les futures acquisitions synchronisées de Mont-Godinne, l'application s'adapte à n'importe quel nombre de phases respiratoires. Son fonctionnement ne tomberait pas à l'eau si, d'un jour à l'autre, les examens synchronisés étaient divisés en 15 intervalles respiratoires au lieu de 10.

(3) Convertir de DICOM en MetaImage

Cette étape est simple. Disposant du programme `__convert3D_dcm_to_mhd.exe`¹³, il s'agit de le lancer autant de fois que le nombre de répertoires créés lors de l'étape précédente.

Chaque série DICOM contenue dans un répertoire est transformée en un fichier d'extension ".mhd" qui représente un volume entier.

Pour reprendre l'exemple initial, alors qu'il fallait disposer de 810 fichiers pour représenter 20 volumes, on dispose à présent de 20 fichiers qui représentent la même chose.

11. Cf. page 67

12. Puisque 1 répertoire = 1 série DICOM

13. Cf. page 59

De plus, l'utilisation de la bibliothèque ITK est beaucoup plus aisée en manipulant des fichiers au format MetaImage qu'au format DICOM, et c'est la raison essentielle de cette conversion.

Au terme de cette étape, les répertoires de fichiers DICOM ct0, ct1,..., ct9 et pt0, pt1,..., pt9 ont permis de créer les fichiers ct0.mhd, ct1.mhd,..., ct9.mhd et pt0.mhd, pt1.mhd,..., pt9.mhd. Sans oublier qu'à chacun de ces fichiers correspond son équivalent avec l'extension ".raw" (la matrice de pixel¹⁴).

(4) Détecter les caractéristiques des images

Pour la suite du processus et pour manipuler correctement les images, il est indispensable de connaître les caractéristiques des images.

En ce qui concerne le nombre de pixels sur chacun des axes, cette information a été récupérée lors de la deuxième étape. Il reste toutefois à déterminer le spacing et l'origine des volumes PET et CT sur les axes X , Y et Z .

Pour cela, les fichiers "ct0.mhd" et "pt0.mhd" sont analysés et permettent de facilement déceler ces informations¹⁵.

Remarquons que les valeurs de spacing sont toujours les mêmes, d'un examen à l'autre, pour le PET et le CT. Mais, afin d'anticiper tout changement de technologie, cette vérification est apparue importante.

(5) Déterminer les valeurs du recadrage

Le recadrage (ou *cropping*) est l'une des astuces nécessaires à la réduction des temps de calculs pour effectuer le recalage.

A ce stade, il faut déterminer la portion du volume sur laquelle il est nécessaire d'effectuer le recalage. L'application réalisée offre deux possibilités pour déterminer le sous-volume à sélectionner.

La première est visuelle. Une interface permet à l'utilisateur de visualiser le volume et de déterminer avec la souris les limites de la région à conserver (sur les 3 axes). *__interfaceCrop.exe*¹⁶ est le programme qui permet d'effectuer cette manipulation. Il a été présenté dans la section 4.1.1 (page 70). Ce programme prend en entrée des fichiers au format DICOM et utilise les répertoires créés lors de la deuxième étape.

La seconde méthode est moins élaborée. Il s'agit de saisir manuellement les paramètres du recadrage, à savoir le décalage permettant de déterminer la nouvelle origine du volume, ainsi que le nombre de pixels à conserver sur chacun des axes.

Il est certain que cette méthode est beaucoup moins intuitive que la précédente mais elle reste toutefois très intéressante. La méthode visuelle est bien évidemment la plus recommandée car intuitive et précise, mais le reproche de cette technique est qu'elle nécessite

14. Cf. section 3.5.1 page 47

15. Cf. figure 3.12 page 47 pour l'aperçu d'un fichier d'extension ".mhd"

16. Cf. page 70

une intervention humaine à chaque nouveau processus de correction. Sans cela, on pourrait envisager des corrections d'images totalement automatiques ne nécessitant aucune intervention humaine¹⁷.

C'est dans ce but qu'est née l'idée de proposer cette méthode. Rappelons que, quelle que soit la corpulence du patient, la zone inférieure au lit est dénuée d'intérêt puisqu'elle n'est sujette à aucun mouvement respiratoire¹⁸. Lorsqu'on spécifie manuellement les valeurs du recadrage, le but est de trouver des valeurs qui déterminent un recadrage "standard" suffisamment large pour que l'on puisse s'assurer que n'importe quel patient, quelle que soit sa corpulence, puisse être entièrement compris dans la région restante de l'image. Une fois ces valeurs trouvées, elles peuvent être réutilisées lors de chaque recalage ultérieur.

Certes, lorsque le patient est de petite corpulence, cette méthode est désavantageuse par rapport à la première, mais cela permet à l'utilisateur de ne pas devoir sélectionner manuellement la région. C'est un choix à effectuer.

Des valeurs par défaut ont déjà fixées et sont proposées dès la première utilisation du programme, il n'est donc pas nécessaire à l'utilisateur d'effectuer des calculs, bien que ces valeurs peuvent être modifiées s'il le souhaite.

Notons une dernière différence entre les deux méthodes. Alors que la méthode visuelle offre la possibilité d'effectuer un recadrage sur les 3 axes, la seconde n'autorise pas le recadrage sur l'axe Z . La raison est simple. Il est impossible de déterminer à l'avance un recadrage par défaut sur l'axe Z puisque chaque acquisition est différente et la portion du corps humain représentée le long de l'axe Z diffère d'un examen à l'autre¹⁹. De plus, il y a à priori moins de raisons d'effectuer un recalage sur l'axe Z puisque les acquisitions synchronisées sont expressément ciblées sur la région pulmonaire.

(6) Effectuer le recadrage

Une fois les valeurs du recadrage connues, il reste à lancer le programme `__crop3D_img.exe`²⁰ sur chaque volume CT : `ct0.mhd`, `ct1.mhd`, ..., `ct9.mhd` avec les paramètres récupérés lors de l'étape précédente.

Les fichiers recadrés portent les mêmes noms que les originaux auxquels est ajoutée la mention "crop".

Remarquons qu'il est inutile d'effectuer un recadrage sur les images PET puisque c'est bien sur les images CT qu'il faut lancer l'algorithme permettant de rechercher les champs de déformation.

(7) Lancer l'algorithme de recalage

Disposant des volumes recadrés, l'étape la plus importante et la plus coûteuse en temps peut démarrer. L'utilisateur a le choix. Il peut choisir d'utiliser l'astuce présentée à la page 73, section 4.1.2 qui prévoit de fournir aux algorithmes des champs de vecteurs

17. En supposant que toutes les options soient déterminées à l'avance

18. A ce propos, il est intéressant de revisualiser la figure 4.4, page 73

19. Au contraire des axes X et Y pour lesquels il est acquis que la région représentée est de 60 cm sur 60 cm

20. Cf. page 59

afin de guider leurs résultats. Mais il peut également choisir un déroulement plus classique où aucun champ de vecteurs n'est utilisé pour démarrer quelconque recalage. La première solution est la plus recommandée, mais la seconde est proposée afin de permettre facilement d'effectuer des tests, par exemple pour comparer les résultats des deux techniques.

Quoi qu'il en soit, les algorithmes de recalage sont lancés en parallèle 2 par 2 pour maximiser le rendement et profiter du processus double coeur de la machine.

Remarquons également que tout au long de ce mémoire, nous avons toujours supposé que les images étaient recalées sur l'image de la première phase respiratoire (phase 0). Cependant, l'une des options de la première étape de ce processus consiste à choisir sur quelle phase on souhaite recaler les images. C'est lors de l'exécution de l'algorithme que cette option est prise en compte.

La dernière option offerte à l'utilisateur est de spécifier le nombre de résolutions différentes sur lequel il souhaite que l'algorithme opère, ainsi que le nombre d'itérations à effectuer sur chacune d'entre elles²¹. Ces choix sont différents selon qu'il s'agisse ou non d'un algorithme disposant d'un champ de vecteurs initial pour le guider²².

C'est le programme `_DemonsRegistration.exe` qui est utilisé pour effectuer le recalage. Et dans le cas où l'utilisateur choisit la méthode la plus élaborée expliquée plus haut, les programmes `_sum_mhd_images.exe` et `_sub_mhd_images.exe`²³ sont nécessaires pour effectuer des additions et soustractions de champs de vecteurs.

Les champs de vecteurs générés au terme de cette étape portent des noms du type "ct0fromct4-CROP-field.mha".

(8) Créer un champ de vecteurs nul

Les champs de vecteurs générés à l'étape précédente ne sont pas encore directement applicables, ni aux images PET, ni aux images CT puisqu'ils occupent des volumes plus petits que les volumes PET et CT (ceci est dû au recadrage).

Dans cette étape, c'est un champ de vecteurs vierge qui est créé, c'est-à-dire un champ dont tous les vecteurs sont nuls, mais aux dimensions du CT (spacing, nombre de pixels, origine). C'est programme `_create_vector_img.exe`²⁴ qui permet de créer ce champ.

Le fichier produit se nomme "ct-vector0-field.mha" et son utilité sera expliquée lors de l'étape suivante.

(9) Créer des champs de vecteurs aux dimensions du CT

Cette fois, c'est le programme `_insert3D_vector_img_newFile.exe`²⁵ qui est utilisé afin de générer des champs de vecteurs aux mêmes dimensions que les images CT originales.

Grâce à ce programme, on peut incruster chaque champ de vecteurs issu de l'étape du recalage (7) dans le champ de vecteurs vierge créé à l'étape précédente (8). La figure 4.10 illustre bien le cheminement du raisonnement depuis la sixième étape.

21. Cf. section 3.8.2 page 62

22. Auquel on imposera généralement moins d'itérations

23. Cf. page 68

24. Cf. page 68

25. Cf. page 68

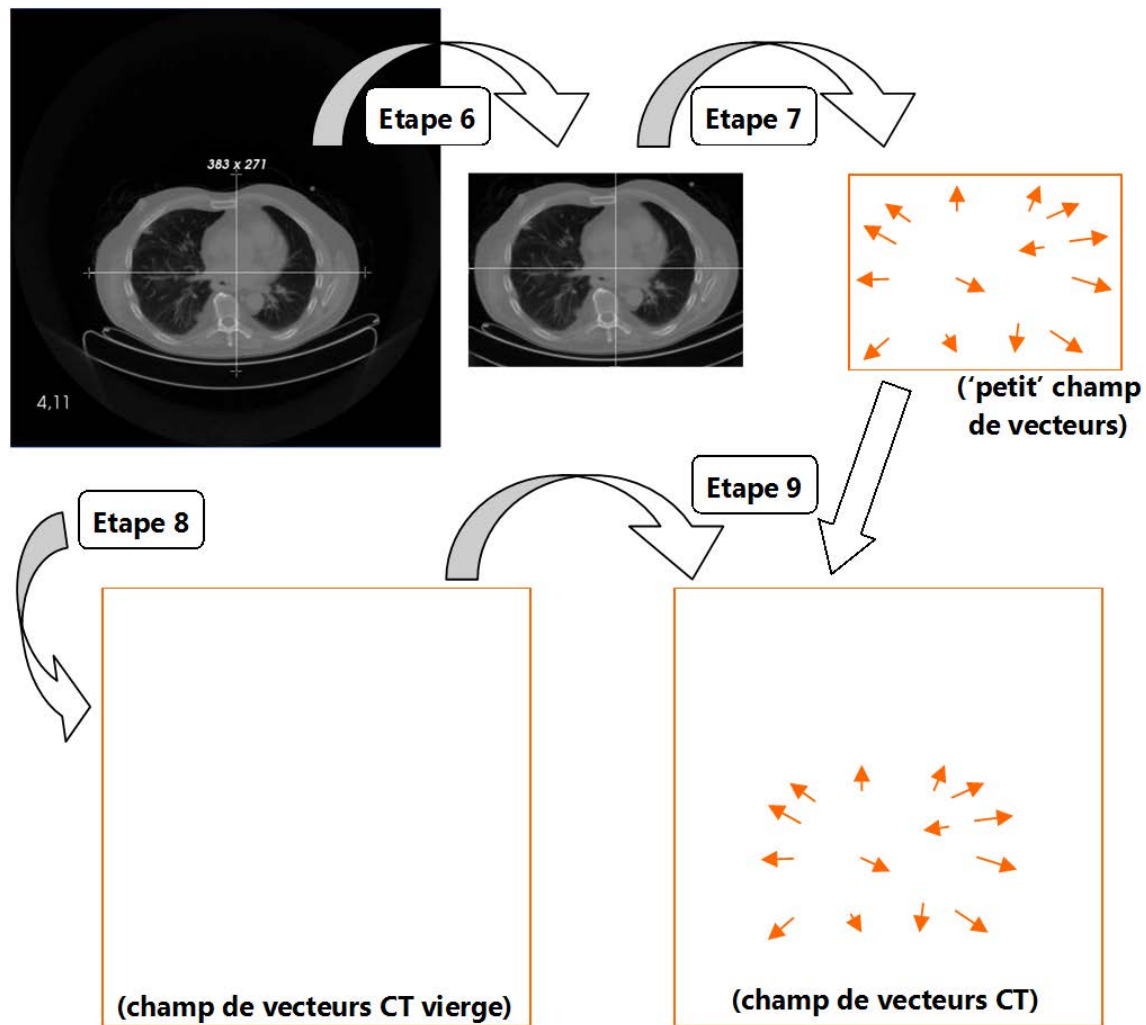


FIGURE 4.10 – Aperçu global de l'utilité des étapes 6 à 9. Après l'étape 6, on dispose d'images recadrées. Grâce à l'algorithme de recalage de l'étape 7, on dispose de champs de vecteurs aux mêmes dimensions que les images recadrées. L'étape 8 permet de créer un champ de vecteur vierge aux dimensions du CT et l'étape 9 prépare des champs de vecteurs dimensionnés au CT.

A l'issue de cette étape, on détient 9 champs de vecteurs prêts à être appliqués aux images CT originales. Ces champs de vecteurs sont nommés de la manière suivante : `ct0fromct1-field.mha`, `ct0fromct2-field.mha`, ..., `ct0fromct9-field.mha`.

(10) Adapter les champs de vecteurs aux dimensions du PET

Néanmoins, la section 3.1 expliquant le principe général de la correction précise que les champs de déformation sont à appliquer sur les images PET, et non les images CT. Dès lors, il est normal de se poser la question suivante : *"Pourquoi l'étape précédente prépare-t-elle des images aux dimensions du CT et non aux dimensions du PET ?"*

Effectivement, l'application des champs de vecteurs aux images CT originales semble dénuée d'intérêt. Cependant, dans l'optique de réaliser des tests et de mesurer l'efficacité de l'algorithme de recalage, il est très intéressant de pouvoir observer les différences entre

l'image originale et les images recalées CT, d'autant plus que les images CT sont d'une qualité visuelle bien supérieure aux images PET.

Ceci n'empêche pas qu'il faille obligatoirement prévoir des champs de vecteurs applicables aux images PET. C'est ici qu'intervient le programme `__resample_vector_img.exe`²⁶, auquel on fournit comme champs de vecteurs de référence ceux produits à l'étape précédente.

Concernant les paramètres, il suffit de spécifier les valeurs de spacing, origine et nombre de pixels des images PET originales.

Les fichiers produits sont nommés : `pt0frompt1-field.mha`, `pt0frompt2-field.mha`, ..., `pt0frompt9-field.mha`.

(11) Appliquer les champs de vecteurs

L'application des champs de vecteurs est l'une des étapes clés du processus. Toutes les conditions sont ici réunies pour pouvoir effectuer cette opération. Depuis la troisième étape, on dispose des images originales au format MetaImage. Et suite aux étapes 7 et 9, on détient des champs de vecteurs aux dimensions CT et PET.

C'est à l'utilisateur de choisir s'il souhaite appliquer les champs de déformation uniquement aux images PET ou également aux images CT (utile dans le cadre de tests).

Afin de réaliser cette opération, c'est le programme `__warp_img.exe`²⁷ qui apporte à présent son utilité.

Il permet d'appliquer à :

- `pt1.mhd` le champ de déformation `pt0frompt1-field.mha`
- `pt2.mhd` le champ de déformation `pt0frompt2-field.mha`
- ...
- `pt9.mhd` le champ de déformation `pt0frompt9-field.mha`

ainsi que l'équivalent CT si tel est le choix de l'utilisateur.

Les fichiers produits par cette opération sont nommés sous cette forme : `pt0frompt5.mhd`.

(12) Sommer l'information contenue dans les images

Une fois obtenues toutes les images recalées sur la phase respiratoire 0, on peut alors construire une image finale dont chacun des pixels vaut la moyennes des pixels positionnés aux même endroit dans les 10 autres images (les 9 recalées et l'image fixe).

L'opération s'effectue sur les images PET, mais également sur les CT si tel est le choix de l'utilisateur. C'est le programme `__mean_mhd_images.exe`²⁸ qui est prévu à cet effet.

Le fichier qui résulte de cette opération est appelé `pt0FINAL.mhd` et éventuellement `ct0FINAL.mhd`.

26. Cf. page 59

27. Cf. page 59

28. Cf. page 69

(13) Convertir de MetaImage en DICOM

À présent, la partie la plus importante du travail a été effectuée. Il s'agit maintenant de repasser du format MetaImage au format original, le DICOM.

L'astuce utilisée ici est de mettre à profit l'ensemble des champs DICOM présents sur la série DICOM originale de la phase 0, et de remplacer simplement le champ relatif à l'image par l'image contenue dans le fichier pt0FINAL.mhd (ou ct0FINAL.mhd).

C'est exactement ce que le programme `_convert_3Dmhd_to_dcmSeries.exe`²⁹ est censé pouvoir faire.

Toutefois, à l'heure d'effectuer certains tests, certains problèmes sont apparus. Une fonction provenant de GDCM ignore la copie de certains champs DICOM. Ces champs sont peu nombreux mais l'un d'entre eux est très important car il permet de calculer l'indice de SUV³⁰. Cependant, malgré cette petite défaillance, ce programme reste très important, car il gère parfaitement le découpage (ou "saucissonnage") du volume MetaImage (.mhd) et replace chaque tranche axiale dans un fichier DICOM particulier.

Dès lors, et compte tenu de cette dernière précision, ce programme a tout de même été utilisé, mais la perte de certains champs a été compensée par `_pasteDicomHeaderImg.exe`³¹. Ce dernier a été conçu pour être capable, ayant deux fichiers DICOM *a* et *b*, d'en créer un nouveau dont l'image provient de *a* et l'en-tête (les autres champs) proviennent de *b*.

C'est dans la série DICOM originale qui se trouvent tous les en-têtes corrects. Par contre, c'est dans la série DICOM créée par le programme `_convert_3Dmhd_to_dcmSeries.exe` que se trouve l'image correcte.

Il suffit donc, pour chaque fichier de la série, d'utiliser à bon escient le programme `_pasteDicomHeaderImg.exe` afin de résoudre le problème et de produire la série DICOM finale contenant les bons champs et la bonne image.

Une dernière remarque concerne le champ *Series Description [0008/103E]*. C'est ce champ qui est souvent affiché dans les logiciels d'imagerie et qui permet d'identifier de manière informelle ce que représente la série DICOM. Ce champ se doit d'être modifié par rapport à la série DICOM originale, on ne peut se contenter de le copier-coller. L'utilisateur a le choix de lui donner le nom qu'il souhaite mais par défaut, la série commence toujours par la modalité suivie de la phase respiratoire sur laquelle les images ont été recalées. Par exemple : *PET 0% texte_personnalisé*.

(14) Copier les résultats localement

Afin de conserver les résultats, c'est-à-dire les images corrigées, l'utilisateur a deux possibilités.

La première consiste à les conserver dans un répertoire local de sa machine. Cette étape se résume à un copier-coller.

La seconde possibilité est décrite à l'étape suivante.

29. Cf. page 69

30. Cf. page 26

31. Cf. page 69

(15) Envoyer les résultats sur Telemis

Il est possible d'envoyer les images sur le réseau afin de pouvoir les consulter ultérieurement depuis n'importe quelle machine de l'hôpital, notamment via le logiciel Telemis.

Connaissant l'IP et le port du serveur destinataire, c'est grâce à un programme appelé *store scu.exe* contenu dans les fichiers d'installation de Telemis que l'on peut aisément envoyer un à un les fichiers désirés sur le réseau.

(16) Prévoir une visualisation comparative

Comme cela a été présenté à la page 70, le programme *_interfaceCrop.exe* permet, en plus de sélectionner une sous-région d'un volume, de se déplacer dans le temps et dans l'espace. C'est-à-dire de voyager au travers des différentes coupes d'un volume, ainsi que de visualiser un cycle respiratoire complet (10 phases) sur une coupe donnée.

Afin de s'assurer que les images PET et CT ont correctement été recalées sur la phase 0, il est apparu très intéressant de lancer ce programme, non seulement avec les images originales, mais aussi avec les images recalées.

En effet, supposons le lancement de ce programme avec, en entrée, toutes les images recalées sur la phase 0. Si le recalage s'est correctement réalisé, un déplacement dans le temps ne devrait plus laisser apercevoir le mouvement respiratoire du patient.

Dès lors, cette étape, qui est optionnelle, propose à l'utilisateur de faciliter cette visualisation, en créant deux fichiers d'extension ".bat". En ouvrant ces fichiers, on lance automatiquement *_interfaceCrop.exe* avec les bons paramètres et les bonnes images. Parmi les deux fichiers créés, l'un visualise les images originales, où le mouvement respiratoire doit être visible, et l'autre visualise les 10 images recalées qui doivent masquer le mouvement respiratoire du patient.

Cette option est réellement très intéressante car elle permet une comparaison très simple et visuelle des résultats. De cette manière, il est beaucoup plus facile d'apprécier la qualité du recalage.

(17) Supprimer le répertoire temporaire

La succession des différentes étapes a donné naissance à une multitude de fichiers. La taille totale des fichiers augmente rapidement et peut dépasser plusieurs giga-octets. C'est pourquoi il est conseillé à l'utilisateur de supprimer ces fichiers temporaires. C'est une option qui lui est offerte.

4.1.4 Deux modes d'utilisation

Deux possibilités différentes ont été prévues pour lancer une correction d'images PET.

Mode personnalisable

La première d'entre elles est celle qui a été utilisée tout au long des tests. Elle est déclenchée manuellement et nécessite l'utilisation du logiciel *Telemis*, couramment utilisé dans l'hôpital afin de visualiser les images médicales.

Le grand avantage de *Telemis* est qu'il autorise facilement l'ajout de plugins, donc de programmes permettant d'effectuer des opérations sur les images.

L'ajout d'un plugin est relativement simple. Il suffit de créer un fichier texte selon un canevas bien précis dans lequel on spécifie 3 grandes informations :

1. **Le nom du plugin.** C'est le nom qui va apparaître dans les menus de *Telemis* et qui identifie le programme que l'on souhaite lancer, en l'occurrence le programme de correction. Dans le cas qui nous occupe, le nom donné est "Correction PET/CT personnalisée".
2. **Le chemin du programme de correction,** c'est-à-dire son emplacement sur la machine. Il s'agit de "C :/Program Files/CorrectionPETCT/Correction.bat"
3. **Le chemin d'exportation des images.** Avant de lancer le programme, *Telemis* importe les images cibles dans un répertoire local, et c'est seulement après que le programme de correction est lancé. Il va de soi qu'il est primordial que ce dernier connaisse lui aussi le répertoire d'importation des images.

Une fois le plugin créé, le lancement d'une correction se résume à quelques manipulations :

- Lancer *Telemis*
- Effectuer une recherche permettant d'afficher les 20 images synchronisées PET et CT
- Sélectionner ces 20 images (voir figure 4.11)
- Cliquer sur "Plugins" puis sur "Correction PET/CT personnalisée" (voir figure 4.12)
- Attendre quelques secondes pendant que *Telemis* importe les images vers le répertoire local.

On se trouve alors à l'étape 1 consistant à déterminer les options du recalage³². La suite est quasiment entièrement automatisée.

Mode automatique

Un autre mode de lancement est envisageable mais il est, cette fois, entièrement automatisé. Il ne nécessite ni intervention humaine, ni l'utilisation de *Telemis*. Ce mode de lancement pourrait être utilisé lorsque les acquisitions synchronisées seront plus fréquentes et qu'elles ne nécessiteront plus aucune intervention humaine dans la reconstruction des

32. Cf. page 79

Patients

Examens

Séries

NOM^PATIENT , 842725, DN: 1946-10-14, Examen: 6600683

S/L	Etat	ID de...	Type d'exa...	Orientat...	Description ▲	Date d'acquisition	
	No...	6600...	SC			2008-10-27 15:10:10	
7	Vu	6600...	CT	PET/CT God...	10800	0.0%	2008-10-27 15:10:10
19	No...	6600...	CT	PET/CT God...	10801	10.0%	2008-10-27 15:10:10
15	No...	6600...	CT	PET/CT God...	10802	20.0%	2008-10-27 15:10:10
2	No...	6600...	CT	PET/CT God...	10803	30.0%	2008-10-27 15:10:10
14	No...	6600...	CT	PET/CT God...	10804	40.0%	2008-10-27 15:10:10
10	No...	6600...	CT	PET/CT God...	10805	50.0%	2008-10-27 15:10:10
8	No...	6600...	CT	PET/CT God...	10806	60.0%	2008-10-27 15:10:10
5	No...	6600...	CT	PET/CT God...	10807	70.0%	2008-10-27 15:10:10
1	No...	6600...	CT	PET/CT God...	10808	80.0%	2008-10-27 15:10:10
11	No...	6600...	CT	PET/CT God...	10809	90.0%	2008-10-27 15:10:10
	No...	6600...	PT	PET/CT God...	205540	[RG-WB_CTAC] Pulmo PET ...	2008-10-27 15:39:52
	No...	6600...	PT	PET/CT God...	251160	[RG-WB_CTAC_pt_0] Pulm...	2008-10-27 15:39:52
18	No...	6600...	PT	PET/CT God...	269890	[RG-WB_CTAC_PT_10_90] ...	2008-10-27 15:39:52
12	No...	6600...	PT	PET/CT God...	165800	[RG-WB_CTAC_PT_1_0] Pu...	2008-10-27 15:39:52
3	No...	6600...	PT	PET/CT God...	265130	[RG-WB_CTAC_PT_2_10] P...	2008-10-27 15:39:52
9	No...	6600...	PT	PET/CT God...	171480	[RG-WB_CTAC_PT_3_20] P...	2008-10-27 15:39:52
16	No...	6600...	PT	PET/CT God...	176680	[RG-WB_CTAC_PT_4_30] P...	2008-10-27 15:39:52
4	No...	6600...	PT	PET/CT God...	522510	[RG-WB_CTAC_PT_5_40] P...	2008-10-27 15:39:52
13	No...	6600...	PT	PET/CT God...	182010	[RG-WB_CTAC_PT_6_50] P...	2008-10-27 15:39:52
17	No...	6600...	PT	PET/CT God...	267970	[RG-WB_CTAC_PT_7_60] P...	2008-10-27 15:39:52
6	No...	6600...	PT	PET/CT God...	180490	[RG-WB_CTAC_PT_8_70] P...	2008-10-27 15:39:52
20	No...	6600...	PT	PET/CT God...	185370	[RG-WB_CTAC_PT_9_80] P...	2008-10-27 15:39:52
	No...	6600...	PT	PET/CT God...	202780	[RG-WB_NAC] Pulmo PET B...	2008-10-27 15:39:52
	Vu	6600...	PT	PET/CT God...	190330	[WB_CTAC] Body	2008-10-27 15:16:08

FIGURE 4.11 – Sélection des 20 images PET et CT

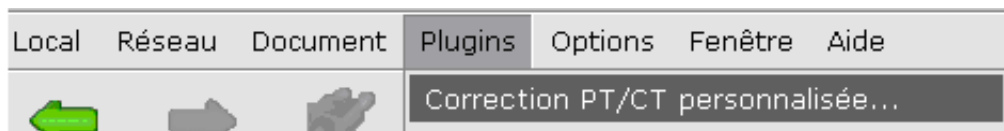


FIGURE 4.12 – Lancement du plugin de correction

images, ce qui n'était pas le cas durant la réalisation de cette solution, fin 2008. Ce mode a tout de même pu être testé grâce à des simulations.

A partir du PET/CT, il est techniquement possible de rediriger toutes les acquisitions PET/CT synchronisées vers une machine connectée au réseau, appelons cette machine *M*.

Un programme a été conçu afin de s'exécuter sur *M* en permanence. Ce programme tourne en boucle et vérifie toutes les secondes l'arrivée de nouvelles images dans un répertoire déterminé.

Ainsi, une fois qu'il détecte l'arrivée de nouvelles images en provenance du PET/CT, il attend que l'ensemble des images soient importées (car ceci peut prendre plusieurs minutes). A l'issue de cette attente, il déplace toutes les images vers un répertoire différent. Ensuite, il continue son attente de nouvelles images d'une part, et lance un processus de correction sur les images qu'il vient de recevoir d'autre part.

Comme nous l'avons vu précédemment, une correction nécessite un certain nombre d'options. Etant donné que ce processus automatique doit se passer de toute manipulation humaine, ces options doivent être fixées à l'avance pour toutes les futures corrections. Elles peuvent toutefois être modifiées entre deux corrections si l'utilisateur le souhaite, et ceci sans devoir interrompre le programme.

Précisons au même titre que dans ce mode de correction, le recadrage s'effectue également de manière automatique avec des valeurs fixées à l'avance, et non à l'aide de l'interface prévue à cet effet. On comprend ici l'utilité de l'option permettant de fixer manuellement les valeurs du recadrage³³.

4.1.5 L'installateur

Pour rendre la correction possible depuis n'importe quel terminal de l'hôpital³⁴, un installateur a été réalisé afin de pouvoir installer facilement l'entièreté de l'application en deux clics de souris.

Cette installation consiste principalement à créer plusieurs répertoires et à copier un certain nombre de fichiers vers le répertoire "Program Files" de la machine.

Le procédé d'installation détecte également le répertoire d'installation du logiciel *Telemis* et construit un fichier ayant pour rôle d'intégrer l'application de correction en tant que plugin de ce programme.

Une machine virtuelle Java est incluse dans les fichiers d'installation afin de s'assurer d'une exécution correcte de la partie Java de l'application.

D'avantages de détails concernant cette installateur se trouvent dans le guide d'utilisation en annexe.

4.1.6 Guide d'utilisation

Afin de faciliter la future utilisation de l'application, un guide d'utilisation complet a été rédigé. Il se trouve en annexe à la page 117.

Il est composé de 24 pages et est divisé en 3 grandes parties.

La première partie présente le principe général utilisé pour la correction des images, de manière quelque peu similaire à la section 3.1 de ce mémoire. Beaucoup d'illustrations permettent de comprendre le processus.

La seconde détaille précisément la marche à suivre pour installer l'application. Elle précise aussi quels fichiers et répertoires sont installés et leur utilité, afin de rendre cette installation tout à fait transparente.

Finalement, la dernière partie contient le mode d'emploi. Comment lancer une correction via le logiciel *Telemis*? Comment lancer une correction automatique? Chaque étape est illustrée par une copie d'écran.

Ce guide d'utilisation se veut très didactique et un soin particulier a été apporté de manière à ce qu'il soit accessible à tout un chacun³⁵.

33. Cf. page 82

34. Muni du système d'exploitation *Windows*

35. Naturellement, il est requis de connaître le fonctionnement du PET/CT

4.1.7 Résultats des tests

Dans cette section, nous allons présenter visuellement différents résultats provenant du processus de correction qui vient d'être présenté.

Les champs de vecteurs

Avant de présenter les résultats finaux, il est intéressant de jeter un oeil sur les champs des vecteurs.

Sur la figure 4.13, on peut observer, à gauche, une coupe CT des poumons d'une patiente. À droite, c'est un champ de vecteurs (en 3 dimensions) qui est représenté au moyen de petites flèches³⁶. Au plus ces flèches sont rouges, au plus elles indiquent un mouvement important. Ce champ de vecteurs exprime le mouvement ayant lieu entre la phase d'inspiration totale et la phase d'expiration totale. Pour visualiser au mieux cette image, il faut s'imaginer être aux pieds du patient et regarder vers sa tête. Etant donné qu'entre les deux phases précitées, le diaphragme monte (en direction de la tête du patient), il est logique que les flèches suivent la même direction.

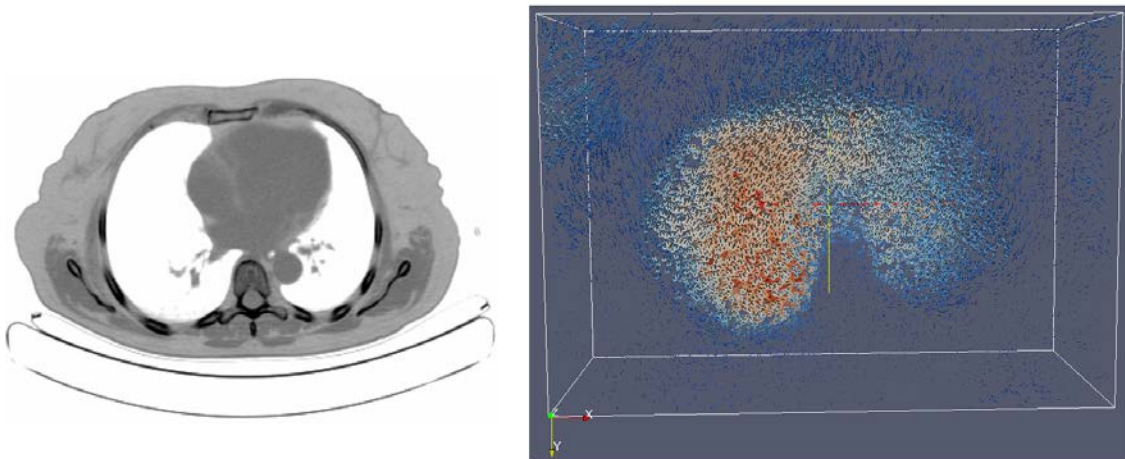


FIGURE 4.13 – Aperçu du champ de vecteurs

La figure suivante 4.14 est un montage dont le but est de situer plus facilement les régions sujettes au mouvement respiratoire. Elle permet de d'abord constater que le poumon droit de la patiente subit un mouvement plus important que son poumon gauche. On observe également qu'aucune flèche n'est présente sur la colonne vertébrale, le contraire serait anormal.

Tests sur le fantôme anthropomorphique

Présentons à présent les résultats des recalages effectués sur le fantôme anthropomorphique de Mont-Godinne³⁷.

36. via le logiciel *Paraview*

37. Cf. figure 3.19 à la page 53

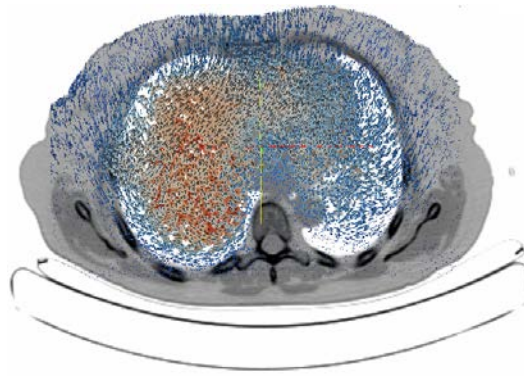


FIGURE 4.14 – Superposition des deux images

Ce fantôme, à l'intérieur duquel sont placées des sources radioactives, subit un mouvement de va-et-vient le long de l'axe Z afin de simuler le mouvement respiratoire.

Un processus de recalage a été lancé sur les images provenant de cette acquisition. La figure 4.15 montre, en fonction des différentes phases du cycle respiratoire, la position de l'une de ces sources radioactives sur un plan sagittal sur la modalité PET.

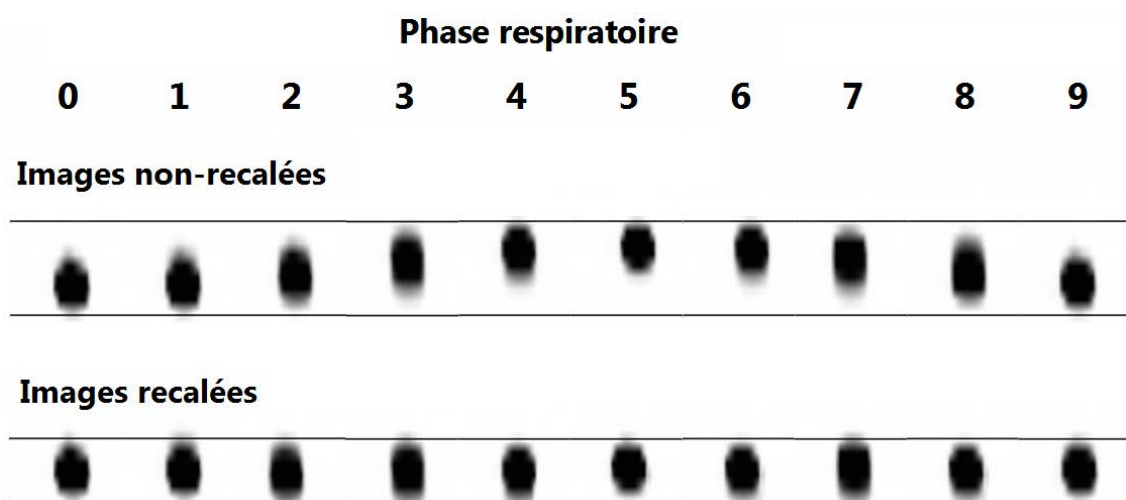


FIGURE 4.15 – Comparaison entre les images recalées et non-recalées

Sur les images non-recalées, on aperçoit aisément le mouvement de haut en bas que subit la source tout au long du cycle. Par contre, sur les images recalées (sur la phase respiratoire 0), le mouvement est devenu quasiment invisible. Les droites noires horizontales représentant les bornes inférieures et supérieures de l'emplacement de la source tout au long du cycle sont d'ailleurs beaucoup plus rapprochées sur les images recalées que sur les non-recalées.

Force est de constater que l'algorithme de recalage Demons a bien fonctionné lors de ce test.

Voyons à présent la différence entre la somme³⁸ des images non-recalées et la somme des images recalées, toujours depuis un plan sagittal sur la modalité PET.

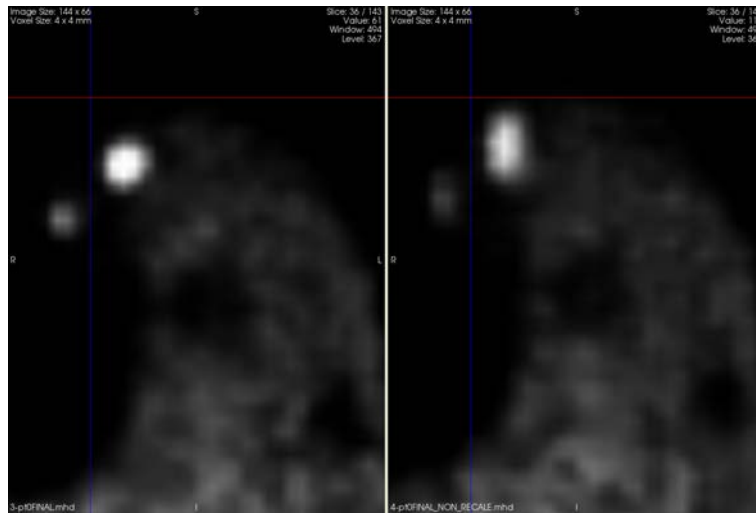


FIGURE 4.16 – Comparaison entre les images sommées recalées et sommées non-recalées

A droite, c'est l'image qui serait produite par un examen classique non-synchronisé. Bien évidemment, cette image est déformée à cause du mouvement haut-bas du fantôme. La source radioactive y apparaît d'ailleurs ovale.

Par contre, à gauche, sur les images recalées et sommées, la sphère y est beaucoup plus nette et sa forme sur l'image ressemble à sa forme réelle.

Dans ce genre de cas, il est évident que la valeur de SUV estimée de la source radioactive est plus élevée sur l'image de gauche que sur l'image droite. Sur l'image de droite, la concentration du traceur est faussée et sous-estimée car la source apparaît plus grande qu'elle ne l'est réellement.

La conclusion générale de ce test est que la correction du mouvement s'effectue correctement grâce à l'algorithme de recalage.

Tests sur patients

Des acquisitions synchronisées ont pu être réalisées sur des patients ayant donné leur accord. Nous présentons ici un cas de correction effectué sur l'un d'entre eux, chez qui 2 tumeurs sont particulièrement intéressantes à observer.

Tout d'abord, il est nécessaire de préciser que dans le cas de cette acquisition synchronisée, il a été décidé de multiplier le temps d'acquisition de la région d'intérêt par 10, afin de produire 10 images de qualité égale à une image provenant d'une acquisition classique. Notons également qu'une acquisition non-synchronisée a également été réalisée, dans le but de pouvoir comparer les résultats.

Analysons à présent la figure 4.17.

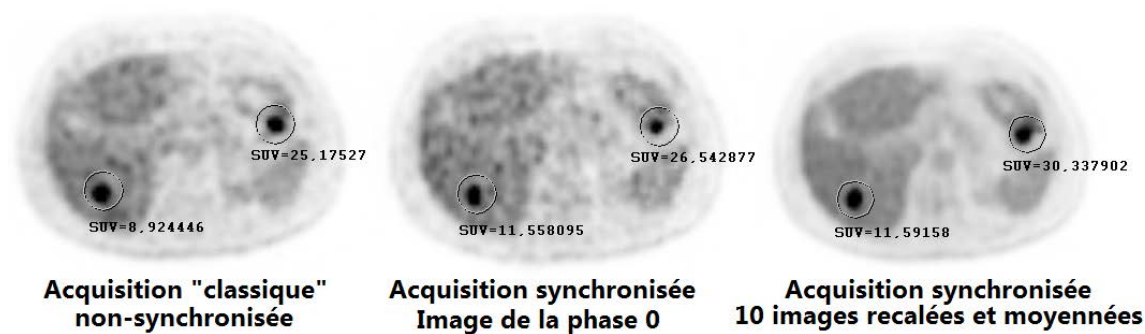


FIGURE 4.17 – Comparaison des coupes provenant d’une acquisition classique et d’une acquisition synchronisée

A gauche, nous pouvons voir une coupe axiale PET de ce patient qui provient de l’acquisition non-synchronisée. Les valeurs de SUV pour chacune des tumeurs sont respectivement de 8,92 et de 25,18.

Sur l’image centrale, il s’agit d’une image en provenance de l’acquisition synchronisée et qui représente la phase respiratoire 0. Le mouvement respiratoire a logiquement moins affecté l’image et il en résulte que les valeurs de SUV ont augmenté : 11,56 et 26,54.

Finalement, sur l’image de droite, il s’agit de la moyenne des 10 images recalées sur la phase 0. La valeur de SUV est presque pareille pour la première tumeur (11,59) et a augmenté pour la seconde (30,34). La SUV est censée être plus précise puisque l’image est également plus précise³⁹.

On remarque également que la netteté de la dernière image est particulièrement frappante par rapport aux deux autres. Ceci s’explique par deux raisons. D’une part parce que le processus de correction a tenté d’annuler le mouvement respiratoire. Mais d’autre part, parce que la durée de l’acquisition sur la région pulmonaire a été multipliée par 10, comme ceci a été expliqué plus haut.

Remarques

A ce stade, il est utile d’éclaircir l’esprit du lecteur.

Rappelons que l’objectif principal de ce travail est de fournir des images PET de la région pulmonaire de qualité en minimisant l’artéfact dû au mouvement respiratoire du patient.

Nous avons vu que les acquisitions synchronisées représentaient une solution. Malheureusement, pour obtenir des images de qualité suffisante, il faut multiplier le temps d’acquisition de la région pulmonaire par le nombre de phases respiratoires (n).

Notre processus de correction tente de remédier à cet inconvénient. Celui-ci mène à la construction d’une seule image (sur base de 10 autres images recalées). L’avantage de cette image est qu’elle possède une qualité visuelle bien supérieure à ces dernières, c’est d’ailleurs ce que vient de nous prouver le dernier test.

38. ou moyenne

39. A condition, bien entendu, que l’algorithme ait bien fonctionné

En diminuant d'un certain facteur la qualité de cette image finale, on peut réduire la durée d'une acquisition synchronisée, par exemple de moitié. Pour déterminer ce facteur, différents tests sont envisageables.

Au terme de ces tests, on pourra alors désigner la durée d'acquisition nécessaire pour que l'image finale construite soit de qualité suffisante pour établir un diagnostic.

Il s'agit réellement de trouver le juste équilibre. Au plus l'acquisition est longue, au plus l'image sera de bonne qualité. Mais il est intéressant de réduire la durée d'acquisition, notamment pour le confort du patient qui doit rester de longues minutes immobile.

Cependant, ce genre de tests n'a pas été réalisé durant le stage, car les quelques acquisitions synchronisées sur patient disponibles ont toutes été réalisées avec une durée d'acquisition multipliée par n .

Ce genre de tests a par contre été effectué sur fantômes, mais ces derniers sont critiquables, nous y reviendrons dans le chapitre "Discussions" ⁴⁰.

40. à la page 108

4.2 Visualisateur 4D

L'objectif secondaire de ce travail était d'offrir la possibilité de visualiser facilement des images provenant d'une acquisition synchronisée, tant PET que CT. Alors qu'une image provenant d'un examen classique est en trois dimensions, il est nécessaire de tenir compte dans un tel visualisateur d'une quatrième dimension : le temps.

Dans la réalisation du premier objectif, un visualisateur semblable a, en partie, été réalisé. Il s'agit du programme `_interfaceCrop.exe`⁴¹. Il a été nécessaire de créer ce programme afin d'effectuer un recadrage sur les images 3D.

Mais même si la finalité de ce programme est de sélectionner une région 3D dans un volume, les principales fonctions sont présentes.

Il offre la possibilité de se déplacer dans le corps du patient au travers des différentes coupes⁴². Il permet de se déplacer dans le temps, c'est-à-dire de visualiser successivement les différentes phases respiratoires d'une coupe donnée. Enfin il offre la possibilité de modifier le contraste de l'image avec la souris⁴³.

Pour transformer ce programme en un réel visualisateur 4D, plusieurs modifications étaient nécessaires :

1. Enlever la possibilité de sélectionner une région dans le volume (la fonctionnalité de base).
2. Permettre la visualisation des images sur le plan sagittal.
3. Permettre la visualisation du volume en entier, non pas sous forme de coupes en 2 dimensions mais via un effet de transparence permettant de représenter le volume en 3 dimensions. Cet effet est appelé "MIP"⁴⁴. La figure 4.18 illustre un tel effet sur des images CT. La plupart du temps, on visualise le volume grâce au MIP en faisant pivoter le volume sur lui-même, afin d'avoir une meilleure vision de ce dernier. Dans les logiciels d'imagerie habituels, il s'agit donc souvent d'une image animée. Etant donné que le MIP entraîne un certain nombre de calculs et que l'image est animée, sa visualisation nécessite beaucoup plus de performance qu'une simple coupe.
4. Offrir le choix d'une visualisation des images selon une vue axiale, coronale, sagittale, MIP, deux de ces vues, trois de ces vues, ou toutes ces vues en même temps. La fenêtre de visualisation est alors découpée en 1, 2, 3 ou 4 parties selon le choix qui est fait par l'utilisateur.

Le visualisateur 4D est, à l'heure actuelle, en cours de création. Plusieurs fonctions sont disponibles mais certaines sont encore manquantes. Ci-après, nous allons présenter le visualisateur tel qu'il se présente actuellement.

4.2.1 Les fonctions actuelles

Un aperçu global du visualisateur est visible sur la figure 4.19.

41. Cf. page 70

42. sur les plans axiaux et coronals

43. Cette option est très appréciée par le personnel médical afin de faciliter l'analyse des images

44. Un MIP (Maximum Intensity Projection) est une méthode de visualisation de volumes dont le principe est de projeter sur une surface 2D les pixels du volume dont l'intensité est maximale.



FIGURE 4.18 – Exemple d'un MIP sur des images CT

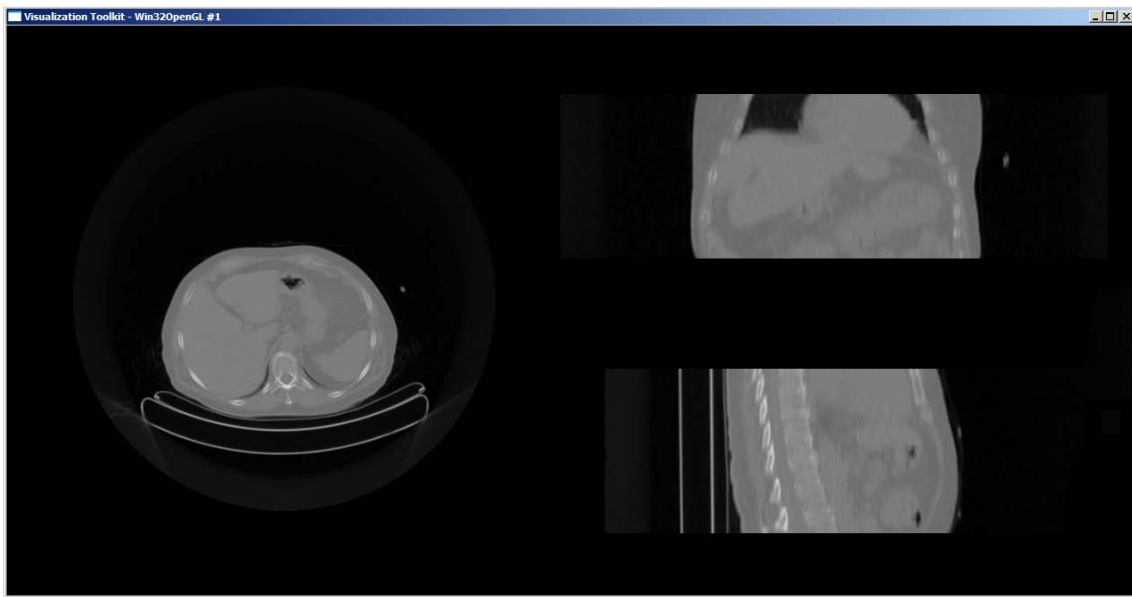


FIGURE 4.19 – Aperçu de l'état actuel du visualisateur 4D

Voici son fonctionnement :

- Pour afficher/masquer la vue axiale, l'utilisateur appuye sur la touche "A"
- Pour afficher/masquer la vue coronale, l'utilisateur appuye sur la touche "C"
- Pour afficher/masquer la vue sagittale, l'utilisateur appuye sur la touche "S"
- Pour se déplacer au travers des différentes coupes du patient, l'utilisateur place le curseur de la souris sur la vue sur laquelle où il souhaite se déplacer, il utilise ensuite la roulette de la souris pour se déplacer vers l'avant ou vers l'arrière.
- Pour se déplacer dans le temps (cycle respiratoire), l'utilisateur peut appuyer (une fois ou en permanence) sur la barre d'espace, ainsi que sur les flèches gauche/droite du clavier.
- Pour modifier le contraste de l'image, l'utilisateur doit maintenir enfoncé le bouton gauche de la souris et déplacer le curseur⁴⁵

4.2.2 Les fonctionnalités à ajouter

Deux éléments essentiels sont encore à intégrer à ce visualisateur.

45. De manière similaire à d'autres logiciels de visualisation d'images médicales

1. Une interface plus agréable où l'on peut, à titre d'exemple, choisir les vues (axiales, coronales, sagittales) grâce à un menu approprié et en utilisant la souris, au lieu d'utiliser les touches "A", "C" et "S". La remarque est équivalente pour le déplacement dans le temps.
2. L'effet MIP, qui permet de visualiser le volume en entier d'un coup d'oeil.

Bien évidemment, en dehors de ces deux fonctionnalités, il est permis de penser à une multitude d'autres options :

- Permettre le calcul de la SUV
- Permettre de fusionner les images PET et CT
- Permettre des zooms
- etc...

Mais la visualisation d'images est un domaine complexe et demande beaucoup de connaissances et de temps.

La raison pour laquelle le visualisateur n'a pas été terminé durant le stage est d'ailleurs principalement liée à des raisons de temps. Concernant le MIP, il existe des fonctions (plus ou moins récentes) dans VTK qui permettent un tel affichage, mais aucune d'entre elles n'a permis d'atteindre des performances de visualisation satisfaisantes lorsque l'on souhaitait créer un MIP animé par la rotation du volume. Des recherches plus approfondies permettront sans doute de trouver de meilleures solutions, car ce genre d'option est présente dans bon nombre d'autres logiciels d'imagerie où les performances de visualisation sont nettement meilleures.

Chapitre 5

Discussion et évaluation

Dans ce dernier chapitre, nous allons explorer les différentes possibilités permettant d'améliorer divers aspects du processus de correction, le premier de nos objectifs.

Nous ne reviendrons par contre pas sur les possibilités d'amélioration du visualisateur 4D, puisque ceci vient d'être évoqué dans la fin du chapitre précédent.

5.1 La région à sélectionner pour le recadrage

Afin de réduire le temps nécessaire pour effectuer l'étape de recalage, il a été prévu d'effectuer un recadrage sur l'image. Cependant, cette étape de recadrage implique souvent une manipulation humaine. Plusieurs pistes sont à explorer pour rendre cette étape plus pratique.

5.1.1 Meilleure interface de recadrage

Afin de sélectionner cette région à la souris, l'utilisateur dispose d'un programme (*_interfaceCrop.exe*) dont l'utilisation a été décrite à la page 70.

Certes, ce programme permet de cibler la région 3D à recadrer, mais il pourrait être amélioré, car son mode de fonctionnement est actuellement très rigide.

L'utilisateur est obligé de commencer par délimiter le recadrage sur l'axe Z et depuis une vue coronale. C'est la première étape. Lors de la seconde étape il doit alors délimiter le recadrage sur les axes X et Y selon une vue axiale.

A ce stade, il lui est impossible de faire marche arrière et de modifier le recadrage sur l'axe Z . Et tout au long des étapes, il est contraint de visualiser le volume sous forme de coupes 2D.

On pourrait, par exemple, prévoir une étape permettant de visualiser, sous forme 3D, sa sélection finale et offrir la possibilité à l'utilisateur de valider ou de modifier sa sélection.

En bref, même si ce programme fonctionne sans problème, il est tout à fait critiquable. Sans doute trop simple et trop rigide, on peut lui apporter bon nombre d'améliorations. Cependant, le choix a été fait, durant le stage, de mettre à profit le temps disponible pour d'autres aspects du processus de correction qui sont apparus plus importants.

5.1.2 Recadrage automatique

Cependant, après réflexion, il n'est peut-être pas utile de parfaire le programme *_interfaceCrop.exe*. En effet, il est très envisageable de créer un programme qui aurait pour but d'extraire automatiquement ces valeurs de recadrage.

Concernant l'axe Z , nous avons déjà montré que le recadrage était beaucoup moins intéressant puisque la région sur laquelle s'effectue une acquisition synchronisée se limite déjà à la région pulmonaire.

Par contre, concernant les axes X et Y , ce programme aurait simplement pour but de différencier les pixels représentant le corps du patient des pixels représentant le vide et de fournir les valeurs du recadrage en conséquence.

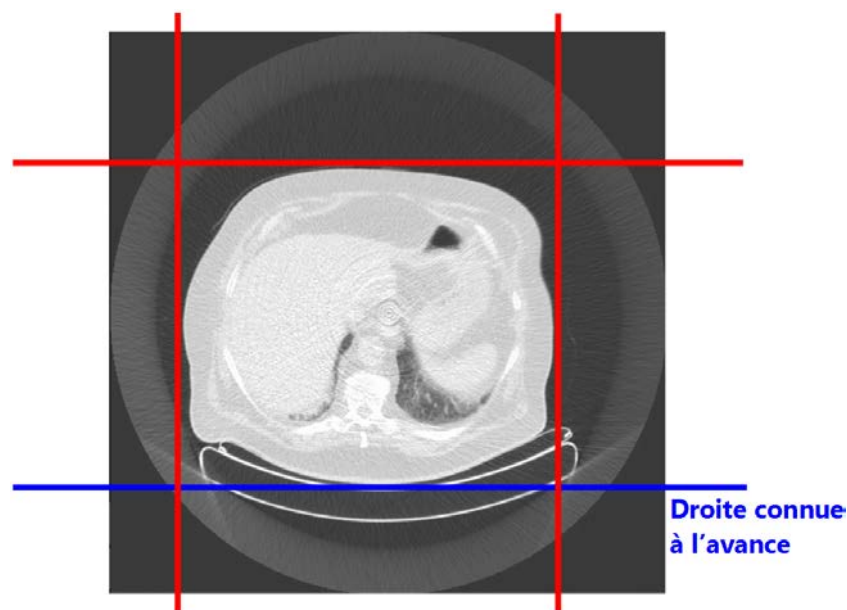


FIGURE 5.1 – Recadrage automatique

Sur la figure 5.1, on voit une nette différence entre ces deux types de pixels. Par expérience, on peut préciser que les pixels représentant le corps humain ont des valeurs très élevées, tandis que les pixels représentant le vide ont des valeurs proches de 0.

Tenant compte du fait qu'ITK est un framework utilisé également dans la segmentation d'images¹, il est plus que probable qu'une telle opération soit rendue possible grâce à cette bibliothèque.

Concernant la borne inférieure (droite bleue sur la figure 5.1), elle peut même être déterminée à l'avance puisque la position du lit sur lequel le patient est installé est également connue à l'avance.

Précisons toutefois que cette opération nécessiterait de passer en revue tous les (nombreux) fichiers de l'acquisition synchronisée. Il faut en effet sélectionner une région suffisamment grande pour que toutes les images puissent convenir à cette sélection, y compris

1. C'est-à-dire une opération qui a pour but de rassembler des pixels entre eux suivant des critères pré-définis

celles où le patient est en inspiration totale et où l'amplitude de sa cage thoracique est la plus grande.

5.2 Durée d'une correction

Même si des efforts tout particuliers ont été apportés pour réduire le temps d'un processus de correction, cela reste l'un des points faibles de la technique. C'est bien évidemment l'étape de recalage qui est la plus gourmande en temps, mais le reste des opérations n'est pas négligeable non plus, étant donné le nombre d'opérations et la quantité de fichiers à manipuler.

La durée totale varie beaucoup, principalement en fonction de la taille de l'image recadrée. Pour un bon recalage de la région pulmonaire, il faut compter approximativement de 30 à 50 minutes.

Bien que ce temps puisse paraître long, il faut le remettre dans le contexte de l'hôpital. Ce dernier dispose d'un seul PET/CT et un examen dure une trentaine de minutes. Le nombre d'examens PET/CT réalisés en fin de journée est donc très réduit. Sans oublier de préciser que les acquisitions synchronisées ne sont nécessaires que lorsque l'on souhaite analyser la région pulmonaire².

Ceci dit, diverses solutions sont envisageables pour réduire le temps de correction.

5.2.1 Modifier la structure de l'application

Actuellement, l'application se présente en deux parties : la partie générale en Java et la partie traitement d'images représentée par de petits programmes réalisés en C++.

Le choix de Java s'est fait pour plusieurs raisons. D'une part, le programme auquel le processus de correction a été intégré en tant que plugin, Telemis, a également été réalisé en Java. D'autre part, Java est un langage portable, haut niveau et donc plus maniable que le langage C++. La création de l'interface graphique a aussi été rendue plus facile grâce à Visual Editor, plugin d'Eclipse³.

Le fait de lancer les petits exécutables C++ pour chaque opération élémentaire de traitement d'image permet une bonne modularisation de l'application. Cela offre aussi l'avantage de conserver l'ensemble des fichiers temporaires car chaque exécutable prend en entrée des fichiers et en crée de nouveaux. Le disque dur est donc mis à contribution. Ayant à l'esprit que la méthode de correction est expérimentale, il est important de visualiser les résultats intermédiaires, comme les champs de vecteurs par exemple.

Par contre, cela diminue évidemment les performances du processus. Si l'on venait à valider complètement le processus de correction tel qu'il fonctionne actuellement, il serait possible d'améliorer le temps d'exécution en migrant l'application vers le C++ et en évitant de créer un grand nombre de fichiers temporaires. En effet, les accès au disque dur ralentissent certainement d'une manière non-négligeable la durée totale d'une correction.

2. Le reste du corps n'étant pas perturbé par le mouvement respiratoire

3. Cf. page 64

5.2.2 Etape à supprimer

Après une compréhension profonde de l'opération de "resampling", il est apparu que le processus de correction pouvait être légèrement raccourci. Les étapes 8 (Créer un champ de vecteurs nul) et 9 (Créer des champs de vecteurs aux dimensions du CT) pourraient être remplacées par une seule étape.

Pour rappel, l'étape 7 de recalage produit $n - 1$ champs vecteurs de petite taille (au dimensions du recadrage). Il faut alors transformer ces champs de vecteurs de manière à ce qu'ils soient applicables aux images CT originales. Pour cela, il suffirait d'utiliser le programme de resampling⁴ auquel on fournit les dimensions du CT (origine, spacing, nombre de pixels). On spécifierait alors un pixel par défaut de $(0, 0, 0)$. Cela constituerait une seule étape.

Cette manière de procéder serait plus simple encore que de créer un champ de vecteurs nul (étape 8) dans lequel on inscriste les petits champs de vecteurs (étape 9).

Cela valait la peine d'être précisé, mais fondamentalement, cela ne changerait presque rien au temps d'exécution total.

5.2.3 La création d'un système distribué

Durant le stage, il a été question de réaliser un système distribué afin d'accroître la vitesse de l'étape du recalage. Sachant qu'il faut lancer $n - 1$ algorithmes de correction ($n = 10$ à Mont-Godinne), l'idée était de répartir ces 9 algorithmes sur différentes machines.

Cependant, cette possibilité n'a finalement pas été implémentée, pour deux grandes raisons.

La première, c'est que d'autres pistes ont été trouvées pour diminuer le temps d'exécution. Notamment le fait de lancer deux algorithmes en parallèle pour tirer profit du double coeur du processeur, mais aussi l'option qui permet de fournir à l'algorithme un champ de vecteurs pour guider ses calculs.

Et justement, cette option était en discordance avec le système distribué, puisqu'un tel système impose une indépendance totale entre les différentes opérations de recalage. Or, le principe est de fournir en entrée le résultat du recalage précédent ou encore un champ de vecteurs calculé sur base des deux recalages précédents.

Il n'est toutefois pas question de prétendre qu'un tel système distribué apporterait de moins bonnes performances que l'option qui fournit un champ de vecteurs en entrée. Tout dépend bien sûr du nombre de machines disponibles.

Pour atteindre des résultats équivalents, selon nos estimations, une correction qui prend actuellement 40 minutes pour s'effectuer sur la machine actuelle (appelons-la M) s'effectuerait en :

- plus de 40 minutes si le système distribué contenait 2 machines équivalentes à M
- environ 33 minutes si le système distribué contenait 3 (ou 4) machines équivalentes à M

4. Les possibilités du resampling sont détaillées à la page 40

- environ 20 minutes si le système distribué contenait 5 machines équivalentes à M

Il serait inutile de disposer de plus de 5 machines, sachant que l'on peut à chaque fois lancer 2 algorithmes par machine (grâce au processeur double coeur).

Les désavantages du système distribué proviennent :

- du nombre d'itérations par recalage. Puisque l'option du champ de vecteurs en entrée n'est pas utilisée, chaque recalage est soumis à 2 fois plus d'itérations (sauf le premier recalage qui ne bénéficiait pas non plus de l'option)
- du temps supplémentaire spécifique au système distribué, c'est-à-dire principalement le temps de transfert des (nombreux) fichiers. Ce temps additionnel a été estimé au total à environ 4 minutes.

Le temps fixe nécessaire pour exécuter toutes les étapes autres que le recalage, quant à lui, a été estimé à 5 minutes, mais il est à prendre en compte tant pour le système distribué que pour le système non-distribué.

Ces chiffres restent des estimations, mais il apparaît évident qu'un système distribué peut encore apporter plus de vitesse au processus. Encore faut-il disposer d'un grand nombre de machines performantes.

Toutefois, au moment d'effectuer un choix entre le système distribué et l'option du champ de vecteur en entrée, c'est ce dernier qui a tout de même été retenu.

Etablir un système distribué constituait un bel objectif, mais il s'agissait d'un gros travail qui aurait demandé beaucoup de temps et qui aurait sans doute empêché de finaliser le développement du reste du processus.

Certes, l'autre option nécessitait la création d'un programme d'addition et de soustraction de champs de vecteurs⁵, mais cela reste incomparable avec la création d'un système distribué.

De plus, rappelons une fois encore que le processus de correction est expérimental et doit être testé avant d'être validé et utilisé couramment. S'est posée alors la question de l'intérêt de développer un système distribué très élaboré pour une technique qui pouvait être potentiellement vouée à l'échec.

La création d'un tel système est donc une perspective d'avenir très intéressante pour peu que l'on adopte définitivement la technique et que le gain de temps soit réellement désiré.

5.2.4 Synchronisation basée sur l'amplitude

Dans la section 1.6.2 (page 22), nous avons pris connaissance de l'ensemble des critères sur lesquels il était possible de déterminer les différentes phases respiratoires. On distingue deux grands types de découpage, l'un basé sur le temps et l'autre sur l'amplitude de la cage thoracique.

A Mont-Godinne, la durée de chaque cycle respiratoire est divisé en 10 et les phases respiratoires sont divisées via la méthode des intervalles de temps variables.

5. Cf. page 73

Cependant, pour la méthode de correction, il serait préférable que l'on utilise le découpage sur base de l'amplitude. Cela apporterait beaucoup d'avantages et nous allons comprendre lesquels.

Tout d'abord, remarquons qu'un cycle respiratoire est un mouvement qui se déroule en deux parties semblables. Le cycle débute en inspiration totale, puis le diaphragme monte, les poumons se vident d'air, la cage thoracique diminue de volume. On arrive alors à l'expiration maximale. Ensuite le diaphragme descend et les poumons se remplissent d'air. On en revient alors à l'inspiration maximale.

Si l'on découpe ce cycle en 10 phases (de 0 à 9), il découle instinctivement que les images représentant la phase 0 et la phase 9 sont identiques. Idem pour les phases 2 et 8, et ainsi de suite. Cependant, nous avons précisé au début de ce mémoire que l'inspiration et l'expiration n'avaient pas une durée égale. L'expiration est souvent plus longue que l'inspiration. Cette asymétrie rend notre intuition fausse.

Par contre, lorsque l'on utilise l'amplitude de la cage thoracique pour diviser les phases respiratoires, cela permet de contrer cette asymétrie. Dans ce cas, on peut vraiment affirmer que les images des phases 0 et 9 sont censées être identiques, et ainsi de suite,...

Ce constat nous pousse à aller plus loin. Etant donné cette symétrie entre les phases, on peut alors se permettre de diviser le nombre de phases respiratoires par 2. Ainsi, de 10 phases respiratoires on passerait à 5. Tous les signaux captés en tout début d'expiration et en toute fin d'inspiration serviraient à construire une seule image, etc. Le lecteur pourra d'ailleurs remarquer à cet égard que sur la figure 1.9, page 23 (temps), les phases respiratoires sont numérotées 1 2 3 4 1 2 3 4,... Tandis que sur la figure 1.11, page 23 (amplitude), les phases sont numérotées 1 2 3 4 3 2 1 , ...

Synthétisons : l'amplitude permet de rendre symétrique les phases respiratoires, cela permet alors de coupler les phases exprimant la même amplitude. De 10 phases, on passe alors à 5.

L'intérêt est triple.

Moins de recalages : processus de correction plus rapide

Il n'y a plus que 5 images. Au lieu de 9 recalages, il n'y a plus que $5 - 1 = 4$ recalages à effectuer. Sachant que les recalages occupent la grosse majorité du temps d'exécution total, il s'agit d'une piste très intéressante.

Durée d'acquisition moins longue

On le sait, l'objectif ultime de notre méthode de correction est de diminuer le temps des acquisitions synchronisées. Puisqu'il faudrait construire 5 images au lieu de 10, le temps d'acquisition pourrait être également divisé par 2. En effet, le nombre nécessaire de signaux d'annihilation à capter serait moins grand.

Dosimétrie CT diminuée

En imagerie CT, reproduire 5 images au lieu de 10 permet de diminuer la dosimétrie, c'est-à-dire que le patient serait exposé à un nombre plus réduit de rayons X durant l'examen. La dosimétrie est justement l'un des inconvénients des acquisitions synchronisées.

Après tous ces éclaircissements, il est clair que ce découpage basé sur l'amplitude est une perspective d'avenir très importante. Il reste à déterminer si cela est techniquement possible à Mont-Godinne. Mais sachant que c'est une ceinture respiratoire qui est utilisée pour mesurer la respiration des patients, cela pourrait être envisageable.

Il existe trois types de découpages basés sur l'amplitude. On peut discuter lequel choisir.

Il faut éliminer directement la variante où les intervalles sont variables et différents à chaque nouveau cycle⁶. Dans cette variante, les phases respiratoires correspondent à des niveaux d'amplitude différents d'un cycle à l'autre. Mais pour obtenir des images finales uniformes, il est évident que chaque image doit correspondre à des intervalles d'amplitude dont les bornes restent fixes tout au long de l'acquisition.

C'est par contre le cas des deux autres méthodes (revoir les figures 1.11 et 1.12). Parmi ces deux méthodes, le choix est moins évident.

Elles ont toutes deux un avantage et un inconvénient. L'avantage de l'une est l'inconvénient de l'autre et vice-versa.

Lorsque les intervalles sont variables (figure 1.12), l'avantage est que toutes les images sont de qualité équivalentes⁷, car les intervalles sont déterminés de manière à ce qu'elles contiennent toutes le même nombre d'événements (signaux d'annihilation). Par contre, les intervalles étant variables, certaines images peuvent être plus altérées par le mouvement respiratoire que d'autres. Certaines d'entre elles peuvent donner une impression de flou.

La réflexion est inversée pour le découpage à intervalles fixes représenté par la figure 1.9.

Le choix final entre les deux méthodes est discutable, mais puisque l'image finale résultant du processus de correction est une image moyennée, le fait que les 10 images soient toutes de la même qualité d'un point de vue statistique est peut-être ici moins important. La méthode des intervalles fixes serait alors préférée.

5.3 Durée des acquisitions synchronisées

Dans la section 2.1, page 31, nous avons compris la possibilité de réduire la durée des acquisitions synchronisées grâce à notre méthode de correction.

Cependant, il est nécessaire d'effectuer toute une série de tests, de préférence sur patients, afin de déterminer quelle est la durée d'acquisition suffisante pour que l'image finale moyennée et corrigée soit de qualité suffisante.

L'idéal serait de planifier des acquisitions synchronisées de durées différentes, de comparer les images finales et d'évaluer leur qualité. Ce genre d'acquisition n'était pas disponible durant le stage. Les acquisitions synchronisées étaient toutes effectuées sur une même durée. L'objectif est bien sûr de la faire diminuer.

Les recherches se poursuivent actuellement dans cette direction à Mont-Godinne.

6. Cf. figure 1.13, page 24

7. Le rendu de l'image

5.4 Tests sur fantômes

Plusieurs remarques sont à formuler à propos des tests réalisés sur fantômes⁸.

Pour rappel, ces fantômes contiennent des sources radioactives sphériques et subissent un mouvement de coulissage de long de l'axe Z afin de simuler le mouvement respiratoire.

Ce genre de simulation est critiquable lorsqu'on le soumet au processus de correction qui nous occupe.

En effet, le seul mouvement qui est matérialisé est un mouvement de translation. Or, nous l'avons vu en détail⁹, il existe un grand nombre d'algorithmes de recalages de complexités différentes. Dans le cas de ce test sur fantôme, un simple algorithme de recalage rigide devrait être en mesure de fournir un résultat sans doute meilleur que l'algorithme Demons, celui qui a été retenu.

La raison est simple. L'algorithme Demons est un algorithme prévu pour trouver des transformations entre images d'un niveau beaucoup plus complexe. On parle plus d'une déformation que d'un simple déplacement.

On peut même aller plus loin en affirmant que Demons n'est pas approprié pour de trop grands déplacements. Il faut se souvenir du mode de fonctionnement de l'algorithme (page 60) et en particulier le cas problématique illustré sur la figure 3.29.

Tous les résultats de correction sur des images provenant de ce type de simulation sur fantômes sont donc soumis à cette réalité et toute interprétation de ces résultats doit en tenir compte.

Finalement, ajoutons aussi que ce type de fantômes n'est pas non plus approprié pour déterminer la durée idéale d'une acquisition synchronisée. Le genre d'image produit par les acquisitions sur fantômes sont simplistes. Une grande partie de l'image est vide (souvent un fond noir) et seules quelques sphères (souvent représentées en blanc) sont visibles. Pour évaluer objectivement la qualité, la netteté, le rendu de l'image, ceci n'est en rien comparable avec une image sur laquelle figure l'ensemble des tissus et organes du patient.

5.5 Correction sur le mode-liste

Terminons cette discussion par une idée qui pourrait peut-être permettre de réaliser des acquisitions PET synchronisées d'une durée équivalente à des acquisitions classiques non-synchronisées. Ceci bien évidemment avec une qualité d'image identique et avec suppression du flou dans le cas de l'acquisition synchronisée.

Rappelons que durant l'examen PET, les signaux captés sont enregistrés dans un fichier appelé "mode-liste". Dans ce fichier, tous les événements sont répertoriés, avec une information sur l'emplacement du signal et l'instant où il est survenu.

Tout d'abord, on calculerait les champs de vecteurs entre les différentes images CT, comme le prévoit le processus de correction.

8. Cf. figure 3.20, page 53

9. Cf. section 3.3.3 page 42

Par contre, au lieu d'appliquer ces champs de vecteurs aux $n - 1$ images PET pour les recalculer sur la phase respiratoire fixe, l'idée serait d'appliquer ceux-ci directement sur le fichier "mode-liste". Ceci peut se faire en rectifiant dans le fichier l'emplacement de chacun des événements survenus, et cela en fonction des champs de vecteurs calculés sur les images CT.

De cette manière, le recalage ne se ferait pas sur des images mais sur l'emplacement des signaux d'annihilation, de manière anticipative.

Une fois que l'ensemble des signaux du fichier "mode-liste" serait corrigé, ou plus précisément le lieu d'émission de ces signaux, une (et une seule) image pourrait être construite car grâce à toutes ces informations.

Il est logique de se demander *"Quelle est la différence avec la méthode présentée tout au long de ce mémoire ?"*. La différence provient du fait que dans l'ancienne méthode, n images étaient créées lors de l'acquisition synchronisée. Il fallait donc une durée d'acquisition assez grande pour que ces images soient d'une qualité acceptable. Bien sûr, la qualité exigée n'était pas très élevée, sachant qu'à l'issue du processus, toutes les images sont moyennées et cela améliore la qualité de l'image finale.

A l'inverse, cette nouvelle méthode permettrait de construire une seule image, raison pour laquelle il n'y aurait aucun intérêt à faire durer une acquisition synchronisée plus longtemps qu'une acquisition classique.

Cette méthode est, certes, très intéressante, mais il faut étudier la possibilité technique de développer une telle méthode. Il ne s'agit plus d'opérer sur des fichiers DICOM indépendants du PET/CT, il est ici question de modifier un fichier (mode-liste) créé par le PET-scan et de reconstruire les images ultérieurement.

Il s'agit sans doute de la perspective d'avenir la plus intéressante de toutes mais dont la faisabilité est encore à considérer.

Conclusion

Prétendre que le domaine de l'imagerie médicale est simple serait un mensonge. Ce domaine est relativement complexe et il faut un certain temps pour en maîtriser toutes les finesses.

Mais la recherche de solutions au problème de correction des images PET est un domaine réellement passionnant.

D'autant plus que les premiers résultats provenant de l'application réalisée sont encourageants. Certes, de nombreux tests sont encore à effectuer sur patients, afin de réellement déterminer la durée d'acquisition idéale lors de la synchronisation respiratoire, mais les premières corrections ont tendance à indiquer que le recalage effectué par l'algorithme Demons est bon.

Etant donné que le nombre d'acquisitions synchronisées (et donc les possibilités d'effectuer des tests) étaient limités durant le stage (surtout au début), il était difficile de valider la technique. Le choix effectué a été de développer une application complète de la méthode de correction, facile à utiliser, très personnalisable et installable en deux clics de souris, de manière à ce que les tests puissent se faire sans aucun souci à l'avenir, sans même l'intervention d'un informaticien.

En effet, la méthode de correction a été intégrée sous forme de plugin d'un logiciel auquel est habitué le personnel de l'hôpital. Beaucoup d'options sont disponibles pour personnaliser au maximum la correction et pour rendre possibles un grand nombre de tests. Une attention particulière a été apportée pour réduire au maximum l'intervention humaine et pour rendre les corrections le plus automatique possible. De plus, un guide d'utilisation (voir annexe, page 117) complet permet de savoir comment installer l'application, comment l'utiliser et quel est le principe de fonctionnement de la correction.

Seul l'avenir et la suite des recherches permettra de dire si la méthode peut être validée ou non.

Mais quoi qu'il en soit, le lecteur aura remarqué que le projet comptait un grand nombre de perspectives d'avenir, toutes plus intéressantes les unes que les autres.

Quant au visualisateur 4D, une partie des fonctions a été réalisé. D'autres sont encore à ajouter, notamment la possibilité de visualiser l'image 3D grâce au MIP. Le développement d'applications de visualisation avec VTK nécessite cependant un certain temps d'adaptation et beaucoup de connaissances spécifiques, ce qui est difficile d'acquérir en quelques semaines. Il est certain qu'il serait intéressant pour le personnel médical d'être en possession d'outils de visualisation particulièrement adaptés aux images provenant d'acquisitions synchronisées. Mais si cette méthode venait à être utilisée plus couramment, il

est très probable que les développeurs actuels de logiciels d'imagerie médicale s'adaptent aux nouveaux besoins liés à cette méthode et mettraient à jour leurs logiciels.

En guise de conclusion, insistons sur le fait que le milieu médical est un secteur vraiment très valorisant pour un informaticien. Tenter de trouver des solutions qui permettraient d'apporter une pierre à l'édifice dans la lutte contre le cancer est un sujet à la fois motivant et captivant.

Par ailleurs, le simple fait d'être plongé dans un milieu nouveau et inconnu est également une expérience enrichissante, car l'un des enjeux essentiels de l'informaticien a toujours été de pouvoir apprivoiser et de comprendre au mieux son environnement extérieur afin de lui fournir des services adaptés et de qualité.

Dans ce sens, on ne peut que conseiller aux futurs étudiants de 2^{ème} master en informatique à Namur de réaliser leur stage à Mont-Godinne, dans un cadre très accueillant, afin peut-être de poursuivre ce projet ambitieux.

Pour toute information complémentaire :
Stéphane CALANDE (scalande@gmail.com)

Bibliographie

- [1] Organisation mondiale de la Santé. Le nombre de cas de cancer augmente-t-il ou diminue-t-il dans le monde? <http://www.who.int/features/qa/15/fr/index.html>, 2008.
- [2] Fondation Belge contre le Cancer. Importance d'un dépistage précoce. <http://www.cancer.be/index.php/cancers-les-plus-frequents-en-belgique/importance-d-un-depistage-precoce/id-menu-21.html>, 2009.
- [3] Marie-Michèle Mantha. Cancer du poumon. http://www.passeportsante.net/fr/Maux/Problemes/Fiche.aspx?doc=cancer_poumon_pm, 2006.
- [4] Doctissimo. Cancer du poumon. http://www.doctissimo.fr/html/sante/principalespatho/sa_121_cancer_trait.htm, 2009.
- [5] Futura-Sciences. Métastase. http://www.futura-sciences.com/fr/definition/t/vie/d/metastase_2766/, 2009.
- [6] Wapedia. Imagerie médicale. http://wapedia.mobi/fr/Imagerie_m%C3%A9dicale, 2009.
- [7] Sébastien Jan. De la physique nucléaire à l'imagerie médicale. http://polywww.in2p3.fr/actualites/seminaires/presentations/imagerie_071105.pdf, 2005.
- [8] Lawrence G. Lenke. Segmental spinal stabilization using a low-profile crosslinking device. <http://www.spineuniverse.com/displayarticle.php/article2516.html>, 2007.
- [9] Toobusiness. Le pet scanner, un examen pour voir l'évolution du cancer. <http://www.toobusiness.com/portail/conseil/cancer/pet-scan.htm>, 2009.
- [10] Max Lonneux. Préciser l'étendue de la maladie. Lucarne, 2006.
- [11] Technologies Biomédicales. Tomographie par émission de positron. <http://www.technologies-biomedicales.com/index.php?mod=articles&ac=commentaires&id=25>, 2006.
- [12] PETSCAN.info. Comment le petscan détecte t-il le fluor? http://www.petscan.info/index.php?option=com_content&view=article&id=73:detection_fluor&catid=27:principes-fonctionnement&Itemid=44, 2009.
- [13] Têtes Chercheuses. Lumières médicales : la caméra tep, un instrument géomètre. <http://www.tetes-chercheuses.fr/magazines/numero-5/dossier/la-medecine-nucleaire-271/>, 2009.
- [14] H. Foehrenbach G. Bonardel JF. Gaillard O. de Dreuille, P. Masze-lin. Principe et technique de la tomographie par émission de posi-tons. [http://www.tp.physique.usherbrooke.ca/experiences_fichiers/Gamma-Tomographie/Fichiers%20de%20reference%20\(.pdf\)/Tomographie%20par%20emission%20de%20positrons.pdf](http://www.tp.physique.usherbrooke.ca/experiences_fichiers/Gamma-Tomographie/Fichiers%20de%20reference%20(.pdf)/Tomographie%20par%20emission%20de%20positrons.pdf), 2002.

- [15] Schoenes S Buck A Lonn AH Von Schulthess GK Burger C, Goerres G. PET attenuation coefficients from CT images : experimental evaluation of the transformation of CT into PET 511-keV attenuation coefficients. Eur J Nucl Med Mol Imaging, 2002.
- [16] Wapedia. Tomodensitométrie. http://wapedia.mobi/fr/Tomographie_axiale_calcul%C3%A9e, 2009.
- [17] Université de Montréal. La tomodensitométrie. <http://www.medvet.umontreal.ca/chuv/imagerie/tomodensitometrie/default.html>, 2009.
- [18] Marc Honoré. Correction d'images en provenance d'appareillage de type PET/CT. FUNDP, 2008.
- [19] Thierry Vander Borcht. TEP et TEP/CT : Pourquoi étudier le métabolisme glucidique du cancer recto-colique ? Université Catholique de Louvain.
- [20] Têtes chercheuses. Lumières médicales. <http://www.tetes-chercheuses.fr/magazines/numero-5/dossier/la-medecine-nucleaire-271/>, 2009.
- [21] Salima Bouazza. L'acquisition synchronisée aux mouvements respiratoires : études sur fantômes et application aux tumeurs abdominales supérieures. Université Catholique de Louvain, 2009.
- [22] Irène Buvat. Compensation du mouvement respiratoire en TEP. Inserm, Paris, 2007.
- [23] Google. Définitions de dosimétrie sur le web. http://www.google.com/search?hl=fr&lr=&defl=fr&q=define:Dosim%C3%A9trie&ei=6yR8St7bM8rE-Qa9ju1H&sa=X&oi=glossary_definition&ct=title, 2009.
- [24] Juliette Feuardent. Quantification des examens oncologiques au fluoro-déoxyglucose en tomographie par émission de positons. http://irfu.cea.fr/Sphn/jjc2003/expose/presentation_JFeuardent.pdf, 2003.
- [25] Irène Buvat. Les limites du suv. <http://www.guillemet.org/irene/coursem/ACOMEN110507.pdf>, 2007.
- [26] Wjso. Pet/ct fusion image. <http://www.wjso.com/content/5/1/80/figure/F2?highres=y>, 2009.
- [27] Centre national de la Sclérose en plaques a.s.b.l. En savoir plus ? respiration. <http://www.ms-centrum.be/fr/zorgaspecten/ademhaling.html>, 2009.
- [28] Axel Santé. Appareil respiratoire. <http://www.axel-sante.fr/la-bpco.php>, 2009.
- [29] Santé Volée. La respiration humaine. http://wassil.free.fr/respiration_humaine.htm, 2009.
- [30] IMedecin. Les mouvements ventilatoires. <http://www.imedecin.com/Article232.htm>, 2009.
- [31] German Cancer Research Center. Research projects of the division of medical and biological informatics. <http://www.dkfz-heidelberg.de/en/mbi/projects/lunge.html>, 2009.
- [32] University Emory. Pet scan : Equipment. <http://www.cancerquest.org/index.cfm?page=3662>, 2009.
- [33] Surgetics.org. Recalage. <http://www.surgetics.org/fr/Definitions/recalage.htm>, 2009.
- [34] Wikipedia. Recalage. <http://fr.wikipedia.org/wiki/Recalage>, 2009.

- [35] Futura-Sciences. Antimatière vous avez dit antimatière ? http://www.futura-sciences.com/fr/doc/t/physique/d/antimatiere-vous-avez-dit-antimatiere_501/c3/221/p2/, 2009.
- [36] Benjamin Monmege. Validation d'algorithmes de recalage non rigide appliqués aux images médicales. ENS Cachan, 2007.
- [37] Tetra Informatique. Définition de dicom. <http://www.tetra-informatique.com/blog-dicom/58-definition-de-dicom>, 2009.
- [38] Yale School Of Medicine. Ct axial. <http://medicine.yale.edu/>, 2009.
- [39] LeadTools. Overview : Data element structure. <http://www.leadtools.com/SDK/Medical/DICOM/ltdc5.htm>, 2009.
- [40] Serkan Seda. Introduction à la norme DICOM et l'extension DICOM-RT. Creatis INSA Lyon, 2004.
- [41] Inc. Kitware. Itk segmentation and registration toolkit. <http://www.itk.org>, 2009.
- [42] MTP Europe. Philips dévoile une technologie pet/ct exceptionnelle. <http://www.mtbeurope.info/francais/2006/fr603001.htm>, 2006.
- [43] Jobwrx. New imaging technologies healthcare applications of the future. http://www.jobwerx.com/news/phg_medical_biz-id=948497_887.html, 2009.
- [44] Philips. Gemini tf big bore pet/ct. <http://www.medical.philips.com/main/products/nuclearmedicine/products/geminitfbigbore/index.wpd>, 2009.
- [45] UCL Mont-Godinne. Nouvelle technologie avec le pet-ct scan. <http://www.uclmontgodinne.be/gnews.php?action=details&newsid=25>, 2007.
- [46] Babylon. Piézoélectricité. <http://www.babylon.com/definition/Pi%C3%A9zo%C3%A9lectricit%C3%A9/French>, 2009.
- [47] Elimpex-Medizintechnik. Rsd alderson heart : Thorax phantom. <http://www.elimpex.com/companies/rds/rs-thorax.htm>, 2009.
- [48] Telemis. Produits pour hôpitaux et cliniques. <http://www.telemis.com/content/default.asp?page=6252>, 2009.
- [49] Louvain-La-Neuve Science Park. Telemis, leader dans le domaine de la gestion d'images médicales. http://www.llnsciencepark.be/fr2/index.php?option=com_content&task=view&id=91&Itemid=109, 2009.
- [50] Inc. Kitware. Visualization toolkit. <http://www.vtk.org>, 2009.
- [51] Techno-Science.net. Licence bsd. <http://www.techno-science.net/?onglet=glossaire&definition=7737>, 2009.
- [52] Luis Ibanez. Visualizing the human body with itk and vtk. <http://vis.computer.org/vis2002/program/tutorials/VisHumanBodyITKandVTK.pdf>, 2009.
- [53] T. Vercauteren X. Pennec A. Perchant N. Ayache. Diffeomorphic Demons Using ITK's Finite Difference Solver Hierarchy. INRIA Sophia Antipolis, Mauna Kea Technologies, 2007.
- [54] J.-P. Thirion. Image matching as a diffusion process : an analogy with Maxwell's demons. INRIA Sophia Antipolis, 2004.
- [55] T. Vercauteren X. Pennec A. Perchant N. Ayache. Non-parametric Diffeomorphic Image Registration with the Demons Algorithm. INRIA Sophia Antipolis, Mauna Kea Technologies, 2007.
- [56] Inc. Kitware. Cmake. <http://www.cmake.org/>, 2009.

- [57] MinGW.org. Mingw minimalist gnu for windows. <http://www.mingw.org/>, 2009.
- [58] Eclipse.org. Visual editor project. <http://www.eclipse.org/vep/>, 2009.
- [59] Doug Tidwell. Validate localized data with regular expressions. <http://www.ibm.com/developerworks/library/j-validating/>, 2006.

Annexes

I. Guide d'utilisation