

Rapport de Traitement d'image : Thème Prostate

Plan

Introduction

1- Standard DICOM

- 1.1 Historique de DICOM standard
- 1.2 Structure des documents DICOM
- 1.3 Avantages de DICOM en imagerie médicale
- 1.4 Les appareils utilisés par DICOM

2- Traitement d'image sous Python

- 2.1 Packages utilisés
- 2.2 Extraction de différentes données
- 2.3 Résolution et dimension de l'image
- 2.4 Visualisation d'image
 - 2.4.1 Visualisation d'une seule image
 - 2.4.2 Affichage d'une partie de l'image
 - 2.4.3 Visualisation de toutes les images du fichier DICOM
- 2.5 Histogramme
 - 2.5.1 Histogramme Hounsfield
 - 2.5.2 Histogramme pixel
- 2.6 Filtrage de l'image
 - 2.6.1 Convolution 2D
 - 2.6.2 Filtre Sobel et Laplacian
 - 2.6.3 Filtre Gaussien
- 2.7 Morphologie mathématique
 - 2.7.1 Erosion
 - 2.7.2 Dilatation
 - 2.7.3 Ouverture
 - 2.7.4 Fermeture
 - 2.7.5 Morphologie du gradient
 - 2.7.6 Top Hat
 - 2.7.7 Black Hat
- 2.8 Segmentation de l'image

Conclusion

Introduction

L'imagerie médicale est née plus de cent ans. Aujourd'hui, les techniques d'imagerie sont nombreuses, souvent complémentaires. Elles ont été développées à partir de grandes découvertes de la physique du XXe siècle : les rayons X et les ondes radio, la radioactivité naturelle et artificielle et enfin les propriétés magnétiques des noyaux et des atomes. Elles s'appuient sur les progrès de la médecine et les avancées en physique, chimie, mathématiques appliquées et informatique.

L'imagerie médicale ne cesse d'évoluer et de se perfectionner en utilisant des technologies novatrices de plus en plus précises et performantes. Il est désormais possible, non seulement d'observer un organe, mais aussi de le voir fonctionner, grâce à des images fixes ou animées. L'imagerie médicale est de plus en plus utilisée pour le diagnostic, en complément d'un examen clinique et d'autres investigations, comme des examens biologiques ou des tests neuropsychologiques.

1- Standard DICOM

Digital Imaging and Communications in Medicine, couramment abrégée **DICOM**, est un standard pour la gestion informatique des données issues de l'imagerie médicale.

L'objectif du standard DICOM est 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, entraînant d'importants problèmes de gestion et de maintenance (incompatibilités, coût, perte d'information) dans les établissements de santé.

Le suivi médical des patients, surtout en cas de pathologie lourde nécessitant souvent le transfert d'un établissement de santé à un autre en fonction des moyens et compétences disponibles, a directement bénéficié de l'instauration de cette norme. Les images au format DICOM accompagnant les dossiers médicaux sont lisibles sur tout matériel informatique compatible, et rendent obsolète le transport des clichés par les moyens de communication traditionnels, principalement les envois par courrier.

1.1 Historique de DICOM standard

Le standard DICOM est une norme mondiale de l'imagerie médicale. Elle est construite pour faire une normalisation des données (images) et une normalisation des échanges (réseau, média). Ce standard remonte dans les années 90. Ce standard a été créé par ACR (American College of Radiology) en association avec la NEMA (National Electrical Manufacturers Association). Elle est régulièrement remise à jour par différents comités internationaux, de société professionnel, puis d'expert internationaux pour beaucoup d'entreprise (comme USA, Japon, France).

Il y a eu dans l'histoire de DICOM trois versions : ACR/NEMA nommé V1.0 -1985 ; ACR/NEMA nommé V2.0 - 1988 (jamais utiliser) ensuite DICOM 3.0 -1993 (celle actuel).

Depuis 1993, de nombreuses modalités d'imagerie ont été mis en place:

- 1993 CT, MR, CR
- 1995 X-Ray Cardio/Vasculaire, X-Ray Fluoro
- 1996 US, NM, PET
- 1997 RT
- 1998 X-Ray Digital RAD, X-Ray Digital Mammo, X-ray Intra-Oral, Stored Print
- 1999 Pathology, Optalmo., Vaweform
- 2001 Structured Reporting.

Quel est le besoin de DICOM?

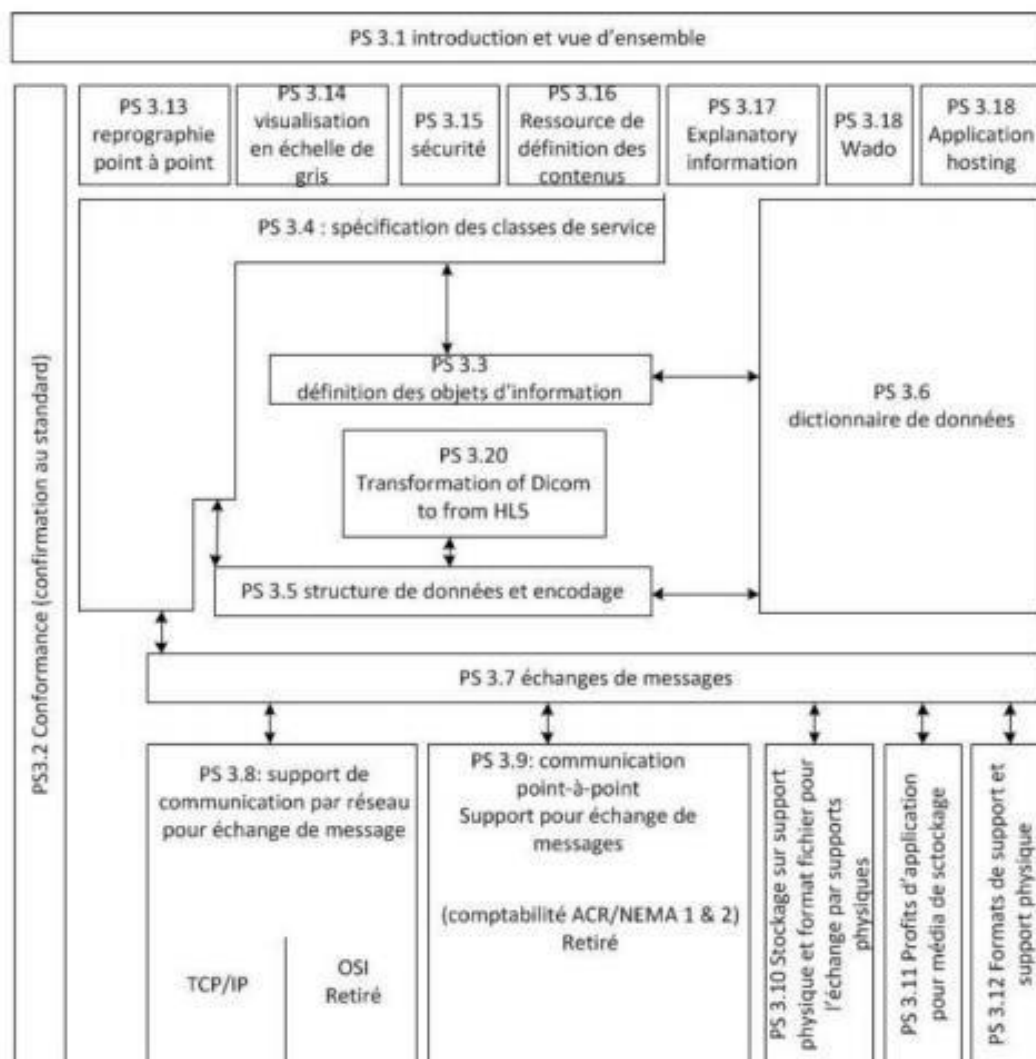
Dans les années 80, les images sont devenues plus en plus importantes. On a cherché une façon pour mettre dans une image des données caractéristiques de l'image et du dossier patient. On souhaite que l'imagerie médicale puisse garder dans le temps les données spécifiques sur le patient, les pathologies et plein d'autres informations (sur l'image, ...).

Les différents créateurs ont voulu reprendre le travail effectué pour l'image comme JPEG, JPEG-2000, JPEG-XR. Le standard DICOM permet de mettre dans les standards spécifiques des images et de supposer des métadonnées.

Le standard DICOM n'est pas qu'un standard pour l'image, il permet aussi de faire la gestion de transfert d'image selon les règles des PACS2 . On en conclut que la production quotidienne et massive d'images médicales ne peut être archivée dans un format commun de type JPEG, JPEG-2000 au risque de perdre des données associées à l'image tel que : le nom du patient, type d'examen.... Le format DICOM permet de rendre unique chaque image produite par les appareils médicaux (scanner, IRM, PET, SPECT, IRMf). Il y a dans les métadonnées des champs obligatoires ou des champs optionnels.

1.2 Structure des documents DICOM

DICOM est un standard très complexe, voici la normalisation (Figure ci-dessous). Chaque année, il y a des rajouts « Modular structure », des suppléments (sont des extensions spécifiques à certaines pathologies, ou mesure de l'imagerie). Actuellement, on peut compter pour le standard DICOM 3 environ 20 suppléments. Ce qui implique une remise à jour annuel de la publication DICOM.



1.3 Avantages de DICOM en imagerie médicale

DICOM a effectivement satisfait le besoin d'un format normalisé pour le transfert d'images et de données médicales qui a émergé dans les années 1980, lorsque l'imagerie médicale et l'informatique dans le travail clinique ont été introduites. Cela a à son tour procuré de nombreux avantages supplémentaires, y compris :

- **Élimination du besoin de stockage physique** : DICOM permettait aux systèmes d'information d'imagerie de stocker en toute sécurité les images et les données médicales de manière numérique.
- **Réduction des coûts et des besoins en espace** : Le stockage numérique est nettement moins coûteux que le stockage nécessaire pour les films sur papier. Les systèmes conformes à DICOM sont beaucoup plus rentables et offrent un avantage d'espace par rapport aux archives cinématographiques traditionnelles.
- **Amélioration du diagnostic et des soins aux patients** : L'accès à l'information et au diagnostic a également été facilité grâce à la mise en œuvre du DICOM. L'interopérabilité des dispositifs conformes à la norme DICOM permet aux médecins du monde entier d'accéder aux données médicales. Le télédiagnostic, l'enseignement à distance et l'examen accéléré par les pairs, la consultation et le diagnostic sont rendus possibles. Tout cela constitue un moyen d'une coopération efficace dans le processus de diagnostic et d'une meilleure prise en charge globale des patients.
- **Amélioration du flux de travail** : Le classement manuel, la récupération et le transport des dossiers font partie du passé dans les systèmes d'imagerie médicale utilisant DICOM. La récupération d'images plus rapide et la possibilité d'accéder aux images à distance permettent aux médecins de travailler à un rythme beaucoup plus rapide.
- **Accès plus facile aux données des patients** : les systèmes conformes à DICOM offrent une gestion plus organisée et plus pratique des informations médicales. Toutes les données des patients peuvent être obtenues par un seul point d'accès, car les images sont intégrées dans les bases de données des hôpitaux contenant les images DICOM et les données connexes.
- **Services d'imagerie supplémentaires** : DICOM fournit de nombreux services d'imagerie supplémentaires, notamment la gestion des listes de travail des procédures d'imagerie, l'impression d'images sur des films ou des supports numériques tels que des DVD, la procédure de rapport et l'état d'archivage, le chiffrement des jeux de données, l'organisation des mises en page d'images, l'encodage des ECG, la CAO des résultats et des données de mesure structurées, pour en énumérer quelques-uns. Les dispositifs d'imagerie conformes à DICOM avec moniteurs de diagnostic permettent une visualisation plus claire des images par rapport à la visualisation traditionnelle des images sur les boîtiers lumineux.

Les hôpitaux publics et privés, les centres de diagnostic, les laboratoires d'analyse et un nombre croissant de petites entreprises utilisent tous la technologie d'imagerie médicale conforme à DICOM. La NEMA déclare que tous les principaux fournisseurs de technologie d'imagerie médicale utilisent DICOM et que chaque profession médicale utilisant l'imagerie médicale utilisera bientôt DICOM.

1.4 Les appareils utilisés par DICOM

L'accès aux bases de données d'images et de données DICOM est disponible sur n'importe quel appareil doté d'un logiciel compatible DICOM. Cela comprend :

- **Dispositifs d'acquisition d'images** tels que tomodensitométrie (CT), imagerie par résonance magnétique (IRM), imagerie par ultrasons, radiographie assistée par ordinateur, fluoroscopie, angiographie, mammographie, tomosynthèse mammaire, TEP (tomographie par émission de positrons), SPECT (tomodensitométrie par émission de photons uniques), endoscopie, dispositifs de microscopie, d'imagerie de diapositives entières et d'OCT (tomographie par cohérence optique).
- **Archives d'images** : par exemple les VNA.
- **Dispositifs de traitement d'images** : visualiseurs d'images, postes de travail de diagnostic, systèmes de visualisation 3D, applications d'analyse clinique, scanners, graveurs de médias et importateurs.
- **Dispositifs inclus dans les systèmes informatiques médicaux** tels que PACS (Picture Archiving and Communication Systems), CAO (Computer-Assisted Detection/Diagnostic Systems), SIS (Radiology Information Systems) et EMR (Electronic Medical Record).

2- Traitement d'image sous Python

2.1 Packages utilisés

```
import pydicom as dicom
import os
import scipy
import numpy as np
import matplotlib as mpl
import matplotlib.pyplot as plt
from PIL import Image
import matplotlib as mpl
import skimage
from skimage import exposure
import cv2
```

2.2 Extraction de différentes données

```
dataset=dicom.read_file("C:\\Users\\hp\\Desktop\\Prostate dcm\\1-11.dcm")
print(dataset)
```

```
Dataset.file_meta -----
(0002, 0000) File Meta Information Group Length  UL: 194
(0002, 0001) File Meta Information Version       OB: b'\x00\x01'
(0002, 0002) Media Storage SOP Class UID        UI: MR Image Storage
(0002, 0003) Media Storage SOP Instance UID     UI: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.4792.2002.3069320049658703976978274225
97
(0002, 0010) Transfer Syntax UID                UI: Explicit VR Little Endian
(0002, 0012) Implementation Class UID          UI: 1.2.40.0.13.1.1
(0002, 0013) Implementation Version Name       SH: 'dcm4che-1.4.27'
-----
(0008, 0005) Specific Character Set             CS: 'ISO_IR 100'
(0008, 0008) Image Type                       CS: ['ORIGINAL', 'PRIMARY', 'M_SE', 'M', 'SE']
(0008, 0012) Instance Creation Date           DA: '20080923'
(0008, 0013) Instance Creation Time           TM: '124035'
(0008, 0014) Instance Creator UID             UI: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.4792.2002.2086656815838784395687745286
84
(0008, 0016) SOP Class UID                    UI: MR Image Storage
(0008, 0018) SOP Instance UID                 UI: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.4792.2002.3069320049658703976978274225
97
-----
(0008, 0020) Study Date                       DA: '20080923'
(0008, 0021) Series Date                     DA: '20080923'
(0008, 0022) Acquisition Date                 DA: '20080923'
(0008, 0023) Content Date                    DA: '20080923'
(0008, 0030) Study Time                      TM: '101209'
(0008, 0031) Series Time                     TM: '103559.07000'
(0008, 0032) Acquisition Time                 TM: '103559.07'
(0008, 0033) Content Time                    TM: '103559.07'
(0008, 0050) Accession Number                SH: '2290968438002057'
(0008, 0060) Modality                        CS: 'MR'
(0008, 0070) Manufacturer                    LO: 'Philips Medical Systems'
(0008, 0090) Referring Physician's Name      PN: ''
(0008, 0100) Code Value                      SH: ''
(0008, 0102) Coding Scheme Designator        SH: 'DCM'
(0008, 0104) Code Meaning                    LO: ''
(0008, 1010) Station Name                    SH: 'PHILIPS-5FB0024'
(0008, 1030) Study Description                LO: 'MRI PROSTATE WITH AND WITHOUT CONTRAST'
(0008, 1032) Procedure Code Sequence 1 item(s) ----
(0008, 0100) Code Value                      SH: 'MPRWW'
(0008, 0102) Coding Scheme Designator        SH: 'BROKER'
-----
(0008, 0104) Code Meaning                    LO: 'MRI PROSTATE WITH AND WITHOUT CONTRAST'
(0008, 010b) Context Group Extension Flag    CS: 'N'
-----
(0008, 103e) Series Description               LO: 'T2W_TSE_COR'
(0008, 1080) Admitting Diagnoses Description LO: ''
(0008, 1090) Manufacturer's Model Name       LO: 'Achieva'
(0010, 0010) Patient's Name                  PN: ''
(0010, 0020) Patient ID                      LO: 'ProstateDx-01-0001'
(0010, 0030) Patient's Birth Date            DA: ''
(0010, 0040) Patient's Sex                   CS: 'M'
(0010, 1030) Patient's Weight                DS: "100.0"
(0010, 21c0) Pregnancy Status                US: 4
(0012, 0062) Patient Identity Removed        CS: 'YES'
(0012, 0063) De-identification Method        LO: 'DCM:113100/113101/113103/113105/113107/113108/113109/113111'
(0013, 0010) Private Creator                 LO: 'CTP'
(0013, 1010) Private tag data                UN: Array of 18 elements
(0013, 1013) Private tag data                UN: b'47922002'
(0018, 0015) Body Part Examined              CS: 'PROSTATE'
(0018, 0020) Scanning Sequence               CS: 'SE'
```


(0018, 0022)	Scan Options	CS: 'OTHER'
(0018, 0023)	MR Acquisition Type	CS: '2D'
(0018, 0024)	Sequence Name	SH: ''
(0018, 0050)	Slice Thickness	DS: "3.0"
(0018, 0080)	Repetition Time	DS: "3000.0"
(0018, 0081)	Echo Time	DS: "120.0"
(0018, 0083)	Number of Averages	DS: "4.0"
(0018, 0084)	Imaging Frequency	DS: "63.894776"
(0018, 0085)	Imaged Nucleus	SH: '1H'
(0018, 0086)	Echo Number(s)	IS: "1"
(0018, 0087)	Magnetic Field Strength	DS: "1.5"
(0018, 0088)	Spacing Between Slices	DS: "3.0"
(0018, 0089)	Number of Phase Encoding Steps	IS: "189"
(0018, 0091)	Echo Train Length	IS: "18"
(0018, 0093)	Percent Sampling	DS: "83.3333358764648"
(0018, 0094)	Percent Phase Field of View	DS: "100.0"
(0018, 0095)	Pixel Bandwidth	DS: "149.0"
(0018, 1000)	Device Serial Number	LO: '35016'
(0018, 1020)	Software Versions	LO: ['2.6.3', '2.6.3.7']
(0018, 1030)	Protocol Name	LO: 'T2W TSE COR SENSE'
(0018, 1082)	High R-R Value	IS: "0"
(0018, 1083)	Intervals Acquired	IS: "0"
(0018, 1084)	Intervals Rejected	IS: "0"
(0018, 1088)	Heart Rate	IS: "0"
(0018, 1100)	Reconstruction Diameter	DS: "180.0"
(0018, 1250)	Receive Coil Name	SH: 'Dual coil'
(0018, 1251)	Transmit Coil Name	SH: 'B'
(0018, 1310)	Acquisition Matrix	US: [0, 240, 189, 0]
(0018, 1312)	In-plane Phase Encoding Direction	CS: 'ROW'
(0018, 1314)	Flip Angle	DS: "90.0"
(0018, 1316)	SAR	DS: "2.44456577301025"
(0018, 1318)	dB/dt	DS: "50.4437299255489"
(0018, 5100)	Patient Position	CS: 'HFS'
(0018, 9073)	Acquisition Duration	FD: 174.0
(0018, 9087)	Diffusion b-value	FD: 0.0
(0018, 9089)	Diffusion Gradient Orientation	FD: [0.0, 0.0, 0.0]
(0020, 000d)	Study Instance UID	UI: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.4792.2002.2691196336299159335630634002
37		
(0020, 000e)	Series Instance UID	UI: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.4792.2002.1151781202784274200029975066
(0020, 0011)	Series Number	IS: "401"
(0020, 0012)	Acquisition Number	IS: "4"
(0020, 0013)	Instance Number	IS: "11"
(0020, 0032)	Image Position (Patient)	DS: [-102.04013347625, -0.8545150756835, 41.5915451049804]
(0020, 0037)	Image Orientation (Patient)	DS: [1, 0, 0, 0, 0, -1]
(0020, 0052)	Frame of Reference UID	UI: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.4792.2002.3046839465221175860626164815
81		
(0020, 0100)	Temporal Position Identifier	IS: "1"
(0020, 0105)	Number of Temporal Positions	IS: "1"
(0020, 1040)	Position Reference Indicator	LO: ''
(0020, 1041)	Slice Location	DS: "30.0"
(0028, 0002)	Samples per Pixel	US: 1
(0028, 0004)	Photometric Interpretation	CS: 'MONOCHROME2'
(0028, 0010)	Rows	US: 256
(0028, 0011)	Columns	US: 256
(0028, 0030)	Pixel Spacing	DS: [0.703125, 0.703125]
(0028, 0100)	Bits Allocated	US: 16
(0028, 0101)	Bits Stored	US: 12
(0028, 0102)	High Bit	US: 11
(0028, 0301)	Burned In Annotation	CS: 'NO'
(0028, 0303)	Longitudinal Temporal Information M	SH: 'MODIFIED'
(0028, 1050)	Window Center	DS: "1007.0"
(0028, 1051)	Window Width	DS: "1751.0"
(0028, 1052)	Rescale Intercept	DS: "0.0"
(0028, 1053)	Rescale Slope	DS: "7.87301587301587"
(0028, 1054)	Rescale Type	LO: 'normalized'
(0028, 2110)	Lossy Image Compression	CS: '00'
(0032, 1060)	Requested Procedure Description	LO: 'MRI PROSTATE WITH AND WITHOUT CONTRAST'
(0040, 0241)	Performed Station AE Title	AE: 'MP1PHMR2'
(0040, 0244)	Performed Procedure Step Start Date	DA: '20080923'
(0040, 0245)	Performed Procedure Step Start Time	TM: '101209'
(0040, 0250)	Performed Procedure Step End Date	DA: '20080923'
(0040, 0251)	Performed Procedure Step End Time	TM: '101209'
(0040, 0254)	Performed Procedure Step Descriptio	LO: 'MRI PROSTATE WITH AND WITHOUT CONTRAST'
(0040, 0260)	Performed Protocol Code Sequence 1 item(s) ----	
(0008, 0100)	Code Value	SH: 'MPRWW'
(0008, 0102)	Coding Scheme Designator	SH: 'BROKER'
(0008, 0104)	Code Meaning	LO: 'MRI PROSTATE WITH AND WITHOUT CONTRAST'

```

(0008, 010b) Context Group Extension Flag      CS: 'N'
-----
(0040, 0321) Film Consumption Sequence 0 item(s) ----
(0040, 1400) Requested Procedure Comments      LT: 'MRI PROSTA'
(0040, 2016) Placer Order Number / Imaging Servi LO: ''
(0040, 2017) Filler Order Number / Imaging Servi LO: ''
(0040, a075) Verifying Observer Name          PN: 'Removed by CTP'
(0040, a088) Verifying Observer Identification Code Sequence 0 item(s) ----
(0040, a123) Person Name                     PN: 'Removed by CTP'
(0070, 0084) Content Creator's Name          PN: ''
(2001, 0010) Private Creator                  LO: 'Philips Imaging DD 001'
(2001, 1001) [Chemical Shift]                 FL: 0.0
(2001, 1002) [Chemical Shift Number MR]       IS: "0"
(2001, 1003) [Diffusion B-Factor]             FL: 0.0
(2001, 1006) [Image Enhanced]                 CS: 'N'
(2001, 1007) [Image Type ED ES]               CS: 'U'
(2001, 1008) [Phase Number]                   IS: "1"
(2001, 100a) [Slice Number MR]                 IS: "11"
(2001, 1011) [Diffusion Echo Time]            FL: 0.0

(2001, 1021) [SPIR]                           CS: 'N'
(2001, 1022) [Water Fat Shift]                 FL: 1.4598678350448608
(2001, 1023) [Flip Angle Philips]              DS: "90.0"
(2001, 1060) [Number of Stacks]                SL: 1
(2001, 107b) [Acquisition Number]             IS: "4"
(2001, 1081) [Number of Dynamic Scans]         IS: "1"
(2001, 10f1) [Prospective Motion Correction]    FL: [0.0, 0.0, 0.0, 0.0, 0.0, 0.0]
(2005, 0010) Private Creator                  LO: 'Philips MR Imaging DD 001'
(2005, 0011) Private Creator                  LO: 'Philips MR Imaging DD 002'
(2005, 0012) Private Creator                  LO: 'Philips MR Imaging DD 003'
(2005, 0013) Private Creator                  LO: 'Philips MR Imaging DD 004'
(2005, 0014) Private Creator                  LO: 'Philips MR Imaging DD 005'
(2005, 1020) [Number of Chemical Shift]        SL: 0
(2005, 10a1) [Syncre Scan Type]                CS: 'SENSE'
(2005, 10b0) [Diffusion Direction RL]          FL: 0.0
(2005, 10b1) [Diffusion Direction AP]          FL: 0.0
(2005, 10b2) [Diffusion Direction FH]          FL: 0.0
(2050, 0020) Presentation LUT Shape            CS: 'IDENTITY'
(7fe0, 0010) Pixel Data                       OW: Array of 131072 elements

```

Caractéristiques de l'image :

- Imagerie Par Résonance Magnétique IRM
- Type D'examen : MR : Magnetic Resonance
- Dispositif D'acquisition : Aimant Qui Permet De Créer Des Champs Magnétiques
- Partie Du Corps Examiné : Prostate
- Sexe du Patient : Masculin
- Le poids du patient : 100Kg
- Identifiant du patient : 'ProstateDx-01-0001'
- Séquence de numérisation : 'SE' : Echo de rotation
- Désignateur de schéma de codage : 'DCM'
- Fabricant : 'Philips Medical Systems'
- Type d'acquisition MR : '2D'
- Description de l'étude : 'MRI PROSTATE WITH AND WITHOUT CONTRAST'
- Contraste : T2, L'eau Apparaît Hyper Intense (Couleur Claire) Et La Graisse Un Peu Plus Sombre Que L'eau
- Formation Des Images : Image En Coupe
- Position de l'image : [-102.04013347625, -0.8545150756835, 41.5915451049804]
- Temps D'écho : 120s
- Temps De Répétition : "3000.0"
- Nombre D'écho : 1
- Nombre d'étapes de codage de phase : '189'

- Les Lignes : 256
- Les Colonnes : 256
- Espacement des pixels : [0.703125, 0.703125]
- Épaisseur de tranche : " 3.0 "
- Dimension en pixel : 256*256
- Interprétation photométrique : 'MONOCHROME2' où les données de pixels sont représentées comme un seul plan d'image monochrome, et la valeur d'échantillonnage minimale est destinée à être affichée sous forme d'informations noires.
- Echantillons par pixel : 1 car cette image est monochrome (ça peut être 3 si par exemple l'espace colorimétrique était RVB).

2.3 Extraction de différentes données

```
Entrée [4]: #Nombre de lignes et nombre de colonnes
print(dataset.Rows)
print(dataset.Columns)

256
256
```

La méthode lit le fichier DICOM et retourne numpy.array () des valeurs de pixels .Elle sert à transformer l'image en matrice de pixel. L'entrée de cette méthode est un chemin vers un fichier appelé "filename".

```
Entrée [5]: #size
def dicom_to_array(filename):
    d = dicom.read_file(filename)
    a = d.pixel_array
    return np.array(a)

a1 = dicom_to_array("C:\\Users\\hp\\Desktop\\Prostate dcm\\1-11.dcm")
print(a1.size)

65536
```

La commande print(a1.shape) : Affiche la largeur et la hauteur en pixel.

```
Entrée [6]: print(a1.shape)

(256, 256)

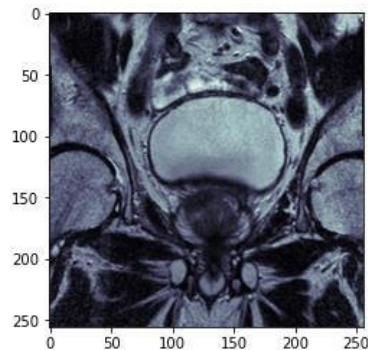
Entrée [7]: print(np.ndarray.min(a1))
print(np.ndarray.max(a1))

0
275
```

2.4 Visualisation d'image

2.4.1 Visualisation d'une seule image

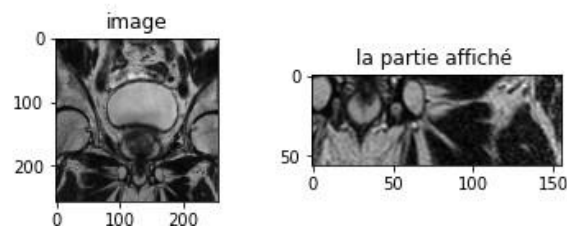
```
Entrée [3]: plt.imshow(dataset.pixel_array,plt.cm.bone)
plt.show()
```



2.4.2 Affichage d'une partie de l'image

```
Entrée [8]: #Slicing
part=a1[200:400,100:300]
plt.subplot(2,2,1),plt.imshow(a1,cmap = 'gray')
plt.title('image')
plt.subplot(2,2,2),plt.imshow(part,cmap = 'gray')
plt.title('la partie affiché ')

plt.show()
```

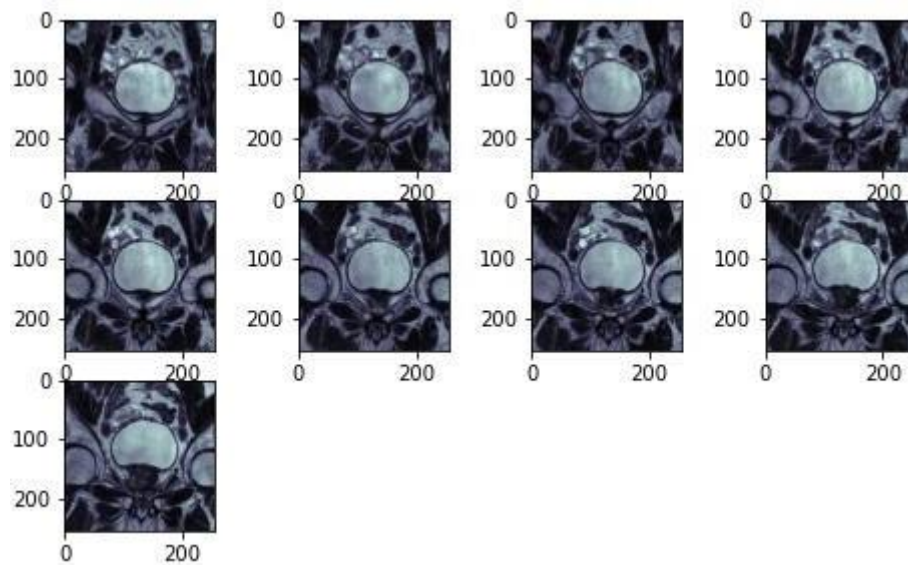


2.4.3 Visualisation de quelques images du fichier DICOM

```
#Affichage de quelques images
import matplotlib.pyplot as plt
import pydicom
folder = 'C:\\Users\\hp\\Desktop\\Prostate dcm\\' #folder where photos are stored
fig=plt.figure(figsize=(8, 8))
columns=4
rows=5
#plot 9 images
for i in range(1,10):

    # define subplot 1-0.dcm

    x= folder + '1-0' + str(i) + '.dcm'
    ds = pydicom.filereader.dcmread(x)
    fig.add_subplot(rows,columns,i)
    # load image pixels
    plt.imshow(ds.pixel_array, cmap=plt.cm.bone)
plt.show()
plt.show()
```

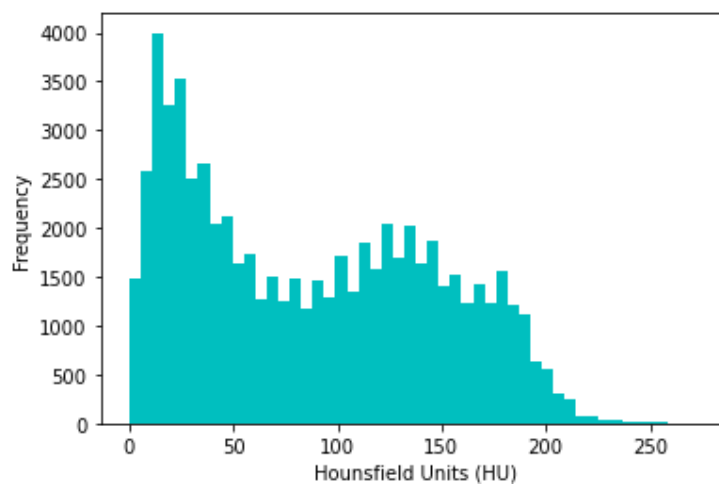


2.5 Histogramme

L'histogramme est une autre façon de comprendre l'image. En regardant l'histogramme d'une image, on obtient une intuition sur le contraste, la luminosité, la distribution d'intensité, etc. de cette image. L'égalisation de l'histogramme améliore le contraste et donc les détails de l'image deviennent plus clairs que l'image originale.

2.5.1 Histogramme Hounsfield

```
Entrée [10]: plt.hist(a1.flatten(), bins=50, color='c')
plt.xlabel("Hounsfield Units (HU)")
plt.ylabel("Frequency")
plt.show()
```



D'après l'histogramme et le tableau ci-dessous :

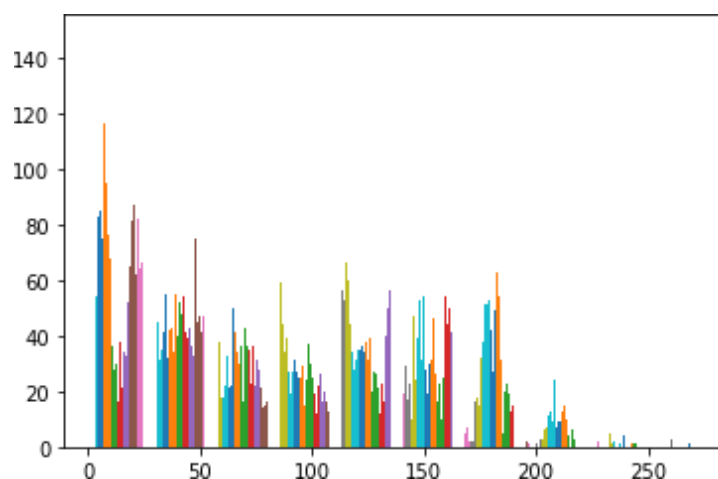
Substance	HU
Air	-1000
Poumon	-500
Gros	-100 à -50
L'eau	0
Du sang	+30 à +70
Muscle	+10 à +40
Foie	+40 à +60
OS	+700 (os spongieux) à +3000 (os cortical)

- Il y a de l'eau et beaucoup de sang et de muscle.
- Il y a un foie.
- Une absence d'os et de l'air.

2.5.2 Histogramme pixel

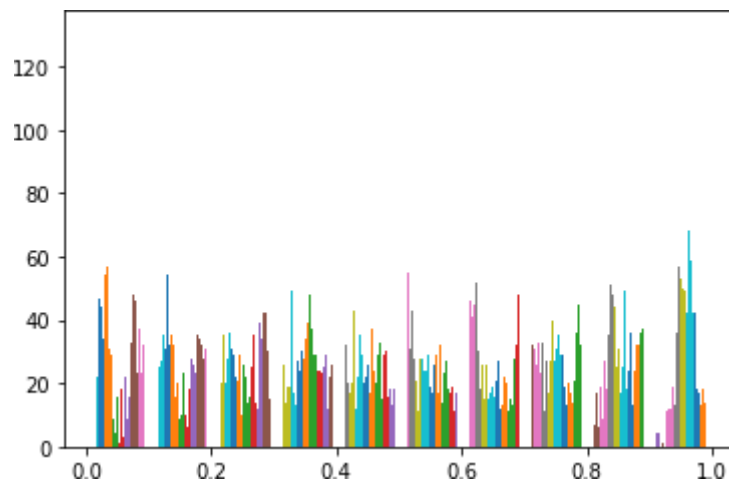
```
Entrée [8]: hist,bins = np.histogram(a1, bins=256)
plt.figure()
plt.hist(a1)
```

```
Out[8]: (array([[148., 21., 9., ..., 0., 0., 0.],
 [ 74., 41., 24., ..., 0., 0., 0.],
 [ 32., 52., 43., ..., 0., 0., 0.],
 ...,
 [ 56., 42., 18., ..., 3., 1., 1.],
 [ 56., 35., 24., ..., 5., 1., 0.],
 [109., 35., 16., ..., 1., 2., 0.]]),
 array([ 0., 27.5, 55., 82.5, 110., 137.5, 165., 192.5, 220.,
 247.5, 275. ]),
 <a list of 256 BarContainer objects>)
```



```
Entrée [9]: #Si on veut améliorer le contraste d'une image
al_eq = exposure.equalize_hist(al)
hist_eq, bins_eq = np.histogram(al_eq, bins=256)
plt.figure() # créer une nouvelle figure
plt.hist(al_eq)
```

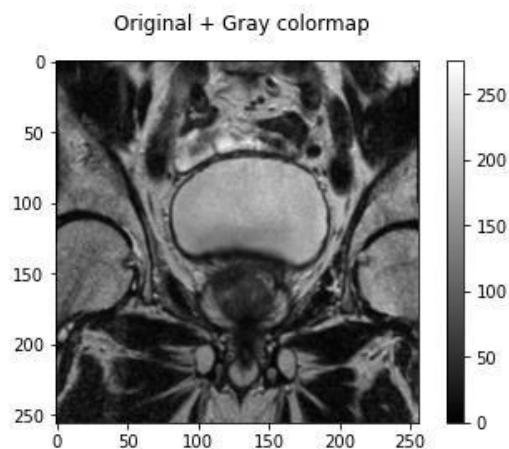
```
Out[9]: (array([[131., 15., 12., ..., 20., 2., 0.],
 [ 51., 21., 22., ..., 24., 6., 0.],
 [ 13., 17., 25., ..., 28., 11., 0.],
 ...,
 [ 29., 23., 16., ..., 33., 29., 13.],
 [ 33., 19., 16., ..., 34., 34., 13.],
 [ 94., 11., 15., ..., 32., 17., 6.]]),
 array([0.00497437, 0.10447693, 0.20397949, 0.30348206, 0.40298462,
 0.50248718, 0.60198975, 0.70149231, 0.80099487, 0.90049744,
 1.
 ]),
 <a list of 256 BarContainer objects>)
```



Nous allons tracer l'image originale et son égalisation d'histogramme avec la palette de couleurs grise.

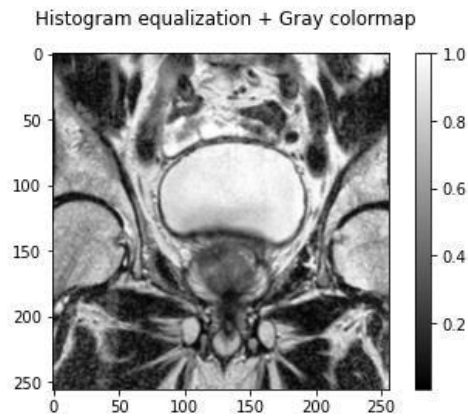
```
Entrée [11]: # grayscale
fig1 = plt.figure()
plt.imshow(al, cmap="gray", interpolation="bicubic")
plt.colorbar()
fig1.suptitle("Original + Gray colormap", fontsize=12)
```

```
Out[11]: Text(0.5, 0.98, 'Original + Gray colormap')
```




```
Entrée [12]: fig2 = plt.figure()
plt.imshow(al_eq, cmap="gray", interpolation="bicubic")
plt.colorbar()
fig2.suptitle("Histogram equalization + Gray colormap", fontsize=12)
```

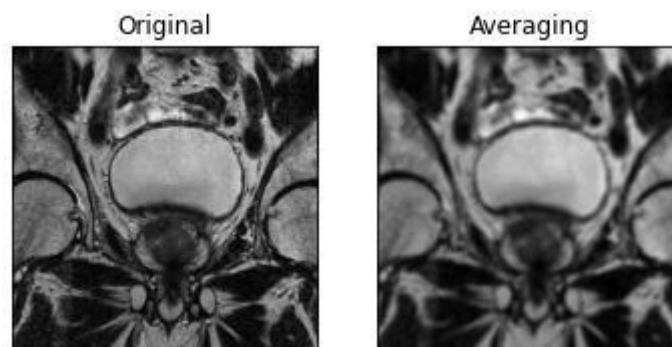
```
Out[12]: Text(0.5, 0.98, 'Histogram equalization + Gray colormap')
```



2.6 Filtrage de l'image

2.6.1 Convolution 2D

```
#Convolution 2D
kernel = np.ones((5,5),np.float32)/25
dst = cv2.filter2D(al,-1,kernel)
plt.subplot(121),plt.imshow(al,'gray'),plt.title('Original')
plt.xticks([], plt.yticks([]))
plt.subplot(122),plt.imshow(dst,'gray'),plt.title('Averaging')
plt.xticks([], plt.yticks([]))
plt.show()
```

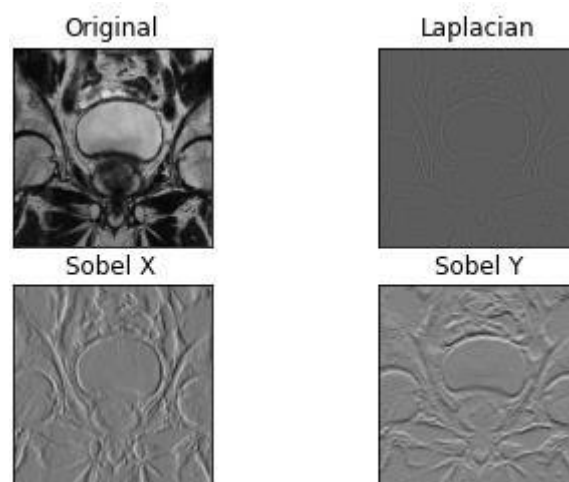


2.6.2 Filtre Sobel et Laplacian

```
Entrée [13]: #Filtre sobel et laplacian
laplacian = cv2.Laplacian(a1,cv2.CV_64F)
sobelx = cv2.Sobel(a1,cv2.CV_64F,1,0,ksize=5)
sobely = cv2.Sobel(a1,cv2.CV_64F,0,1,ksize=5)

plt.subplot(2,2,1),plt.imshow(a1,cmap = 'gray')
plt.title('Original'), plt.xticks([], plt.yticks([]))
plt.subplot(2,2,2),plt.imshow(laplacian,cmap = 'gray')
plt.title('Laplacian'), plt.xticks([], plt.yticks([]))
plt.subplot(2,2,3),plt.imshow(sobelx,cmap = 'gray')
plt.title('Sobel X'), plt.xticks([], plt.yticks([]))
plt.subplot(2,2,4),plt.imshow(sobely,cmap = 'gray')
plt.title('Sobel Y'), plt.xticks([], plt.yticks([]))
```

Out[13]: (Text(0.5, 1.0, 'Sobel Y'), ([], []), ([], []))



2.6.3 Filtre Gaussien

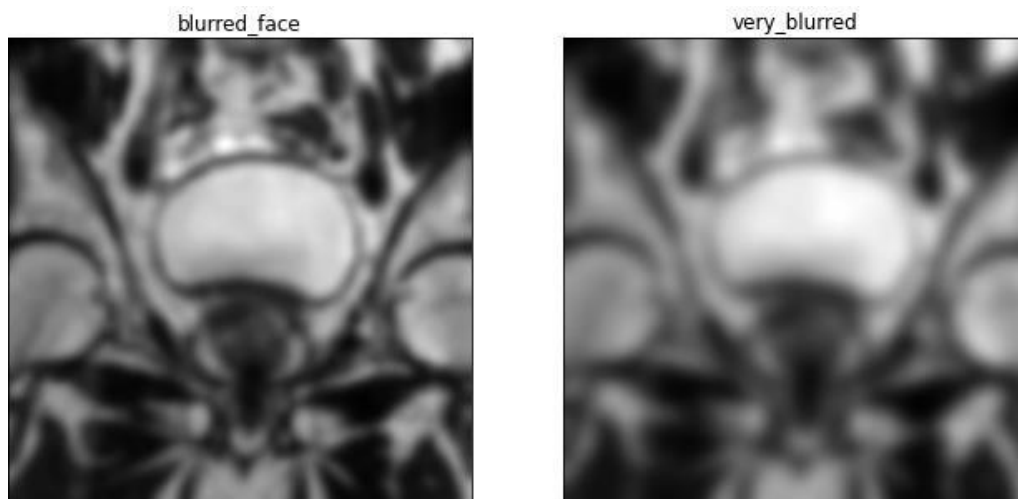
Dans cette partie, nous avons besoin d'utiliser les packages :

```
import cv2
import numpy as np
from matplotlib import pyplot as plt
from PIL import Image, ImageFilter
import pylab
import matplotlib.cm as cm
from skimage.color import rgb2gray
from scipy import ndimage
from skimage.io import imread
from skimage.color import rgb2gray
from tkinter import Tk, W, E
from tkinter.ttk import Frame, Button, Entry, Style
```

```
#Filtre Gaussien
blurred_face = ndimage.gaussian_filter(a1, sigma=3)
very_blurred = ndimage.gaussian_filter(a1, sigma=5)
plt.figure(figsize=(11, 6))

plt.subplot(121), plt.imshow(blurred_face, cmap='gray')
plt.title('blurred_face'), plt.xticks([]), plt.yticks([])
plt.subplot(122), plt.imshow(very_blurred, cmap='gray')
plt.title('very_blurred'), plt.xticks([]), plt.yticks([])

plt.show()
```



2.7 Morphologie mathématique

2.7.1 Erosion

L'érosion érode les limites de l'objet du premier plan. Alors qu'est-ce que ça fait? Le noyau glisse à travers l'image (comme dans la convolution 2D). Un pixel de l'image d'origine (1 ou 0) sera considéré comme 1 uniquement si tous les pixels sous le noyau sont 1, sinon il est érodé (mis à zéro).

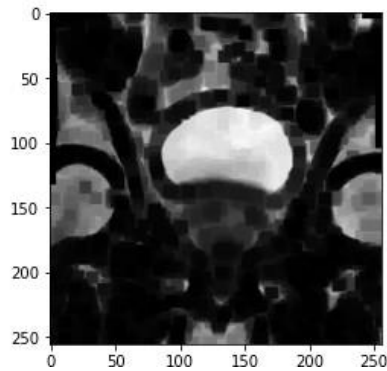
Donc, ce qui se passe, c'est que tous les pixels proches de la limite seront rejetés en fonction de la taille du noyau. Ainsi, l'épaisseur ou la taille de l'objet au premier plan diminue ou simplement la zone blanche diminue dans l'image. Il est utile pour supprimer les petits bruits blancs.

L'érosion donc consiste à chercher tous les pixels pour lesquels l'élément structurant centré sur ce pixel touche l'extérieur de la structure. Le résultat est une structure rognée.

```
Entrée [18]: #Erosion
import cv2
import numpy as np
a1 = dicom_to_array("C:\\Users\\hp\\Desktop\\Prostate dcm\\1-11.dcm")

kernel = np.ones((5,5),np.uint8)
erosion = cv2.erode(a1,kernel,iterations = 2)
plt.imshow(erosion,cmap='gray')
```

Out[18]: <matplotlib.image.AxesImage at 0x2137e7642e0>



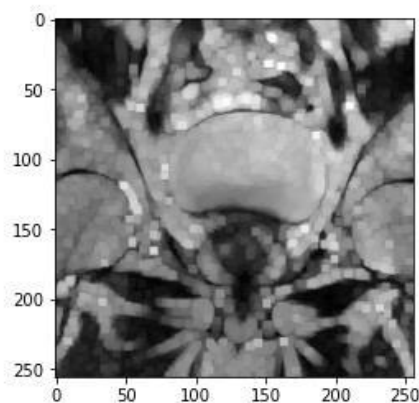
2.7.2 Dilatation

C'est juste l'opposé de l'érosion. Ici, un élément pixel est égal à «1» si au moins un pixel sous le noyau est égal à «1». Ainsi, il augmente la zone blanche de l'image ou la taille de l'objet au premier plan augmente. Normalement, dans des cas comme l'élimination du bruit, l'érosion est suivie d'une dilatation. Parce que l'érosion supprime les bruits blancs, mais elle rétrécit aussi notre objet. Alors on le dilate. Puisque le bruit est parti, notre zone d'objet augmente. Il est également utile pour joindre des parties cassées d'un objet.

La dilatation morphologique donc consiste à déplacer l'élément structurant sur chaque pixel de l'image, et à regarder si l'élément structurant touche la structure d'intérêt.

```
Entrée [19]: #Dilatation
dilation = cv2.dilate(a1,kernel,iterations = 1)
plt.imshow(dilation,cmap='gray')
```

Out[19]: <matplotlib.image.AxesImage at 0x2137e7b84c0>

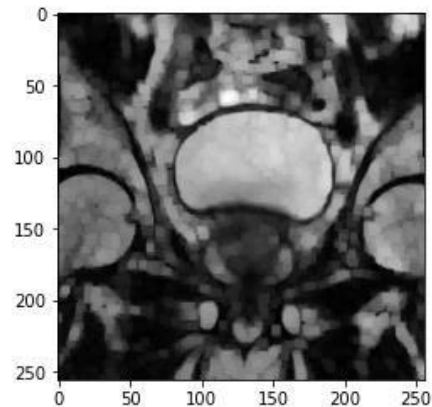


2.7.3 Ouverture

L'ouverture n'est qu'un autre nom d'**érosion suivi de dilatation**. Il est utile pour supprimer le bruit, comme nous l'avons expliqué ci-dessus. Ici, nous utilisons la fonction, **cv2.morphologyEx ()**.

```
Entrée [20]: #Opening
             opening = cv2.morphologyEx(a1, cv2.MORPH_OPEN, kernel)
             plt.imshow(opening, cmap='gray')
```

```
Out[20]: <matplotlib.image.AxesImage at 0x2137e806b20>
```

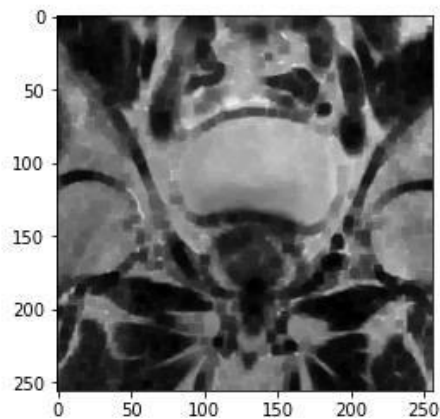


2.7.4 Fermeture

La fermeture est l'inverse de l'ouverture, la **dilatation suivie de l'érosion**. Il est utile pour fermer de petits trous à l'intérieur des objets de premier plan ou de petits points noirs sur l'objet.

```
Entrée [21]: #Closing
             closing = cv2.morphologyEx(a1, cv2.MORPH_CLOSE, kernel)
             plt.imshow(closing, cmap='gray')
```

```
Out[21]: <matplotlib.image.AxesImage at 0x2137e8c31f0>
```

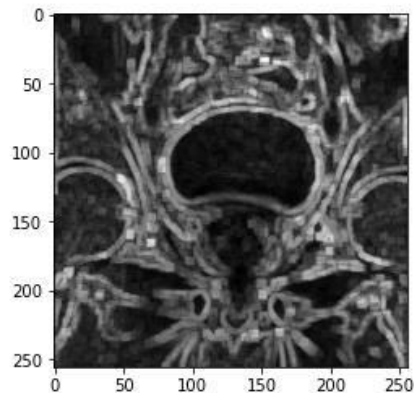


2.7.5 Gradient morphologique

C'est la différence entre la dilatation et l'érosion d'une image. Le résultat ressemblera au contour de l'objet.

```
Entrée [22]: #Morphological Gradient  
gradient = cv2.morphologyEx(a1, cv2.MORPH_GRADIENT, kernel)  
plt.imshow.gradient, cmap='gray')
```

```
Out[22]: <matplotlib.image.AxesImage at 0x2137e9128b0>
```

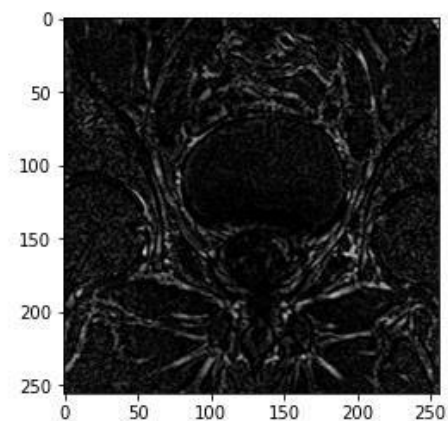


2.7.6 Top Hat

C'est la différence entre l'image d'entrée et l'ouverture de l'image.

```
Entrée [23]: #Top Hat  
tophat = cv2.morphologyEx(a1, cv2.MORPH_TOPHAT, kernel)  
plt.imshow(tophat, cmap='gray')
```

```
Out[23]: <matplotlib.image.AxesImage at 0x2137e965f40>
```

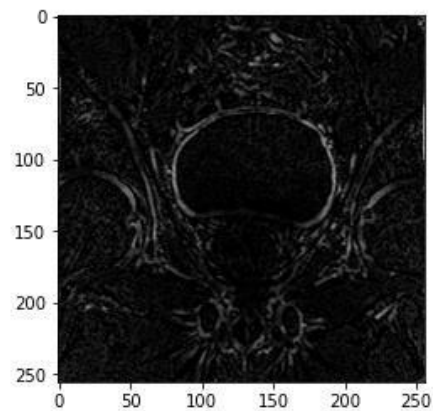


2.7.7 Black Hat

C'est la différence entre la fermeture de l'image d'entrée et de l'image d'entrée.

```
Entrée [24]: #Black Hat
blackhat = cv2.morphologyEx(a1, cv2.MORPH_BLACKHAT, kernel)
plt.imshow(blackhat, cmap='gray')
```

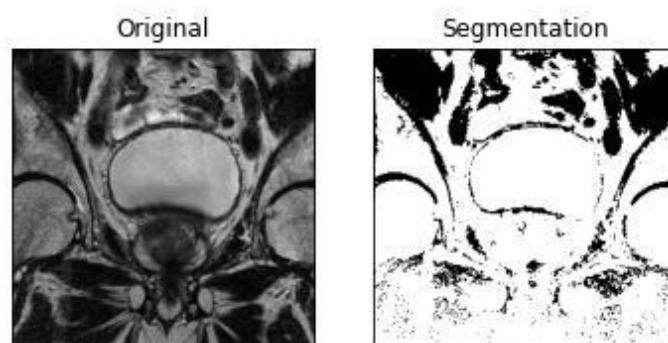
```
Out[24]: <matplotlib.image.AxesImage at 0x2137e9c1670>
```



2.8 Segmentation de l'image

```
#gray = rgb2gray(a1)
plt.imshow(gray, cmap='gray')
gray.shape
gray_r = gray.reshape(gray.shape[0] * gray.shape[1])
for i in range(gray_r.shape[0]):
    if gray_r[i] > gray_r.mean():
        gray_r[i] = 1
    else:
        gray_r[i] = 0
gray = gray_r.reshape(gray.shape[0], gray.shape[1])

plt.subplot(121), plt.imshow(a1, cmap='gray')
plt.title('Original'), plt.xticks([], plt.yticks([]))
plt.subplot(122), plt.imshow(gray, cmap='gray')
plt.title('Segmentation'), plt.xticks([], plt.yticks([]))
plt.show()
```



Conclusion

L'imagerie médicale joue un rôle crucial dans les soins de santé à tous les niveaux importants. En plus de fournir des outils clés pour l'analyse clinique et le diagnostic, il est tout aussi important pour le traitement lui-même. Sans elle, les médecins auraient à recourir à des méthodes de diagnostic invasives beaucoup plus souvent. Le suivi des progrès au cours du traitement serait beaucoup plus difficile, voire impossible, et le traitement des patients en soins de suivi ne comprendrait pas de bases de données utiles à titre de référence.

La technologie médicale s'améliore et se diversifie constamment pour s'adapter aux exigences complexes des systèmes d'imagerie médicale.