

**UNIVERSITE D'ANGERS
LABORATOIRE D'INGENIERIE DES SYSTEMES AUTOMATISES (LISA)
UPRES-EA 2168**



Année 2001

DEA Signaux et Images en Biologie et Médecine (SIBM)

Mémoire
de

Laurent Hermand

ANALYSE D'IMAGES IRM CARDIAQUES MARQUEES

Responsable de stage :
Mme Christine CAVARO-MENARD (LISA, Angers)

Remerciements

Je tiens à remercier particulièrement :

- M. le Professeur Jean-Louis Ferrier, directeur du LISA, UPRES-EA 2168, pour m'avoir accueilli au sein du laboratoire.
- M. le Professeur Jean-Jacques Le Jeune, chef du service de Médecine Nucléaire et de Biophysique, pour m'avoir accueilli dans son équipe.
- Mme le Docteur Christine Cavarro-Ménard, maître de conférences et responsable du stage, pour son suivi enthousiaste du stage, ses nombreux conseils et sa disponibilité.
- M. Christophe Portefaix, doctorant, et M. Aymeric Histace, stagiaire DEA, pour leur aide précieuse.
- M. Eric Da Costa, ingénieur analyste, pour sa bonne humeur.

Ainsi que l'ensemble du personnel du laboratoire de Médecine Nucléaire et de Biophysique, médecins, infirmières, techniciens, laborantins et secrétaires pour leur accueil chaleureux.

Synthèse du stage

L'IRM cardiaque marquée (taggée) permet d'examiner le mouvement et la déformation intra-myocardique et donc d'évaluer la contraction régionale du myocarde. Cette méthode d'acquisition est basée sur la superposition de plans de présaturation, créant sur l'image des bandes sombres appelées tags qui suivent le mouvement du muscle cardiaque. Il devient donc possible de reconstruire le mouvement intra-myocardique grâce à leur localisation.

Ce stage a pour but la localisation et le suivi de la grille de tags et des contours myocardiques du ventricule gauche sur les images d'une séquence temporelle d'IRM cardiaque marquée. Ce suivi permettra le calcul du déplacement 2D en chaque point du myocarde.

La méthode que nous avons développée pour le suivi de la grille utilise un modèle de contour actif et donne des résultats plus satisfaisants que ceux présentés dans la littérature (méthode plus robuste au bruit et aux discontinuités dues à la cavité cardiaque). La localisation et le suivi des contours utilisent deux méthodes distinctes pour chacun des deux contours (endocarde et épicarde). Les algorithmes ont été testés sur les séquences temporelles correspondant aux coupes les plus basales d'une acquisition IRM cardiaque marquée d'un patient sain. Les résultats obtenus ont été qualitativement qualifiés de corrects par un cardiologue.

SOMMAIRE

1 L'IRM cardiaque de marquage tissulaire	7
1.1 L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) cardiaque	7
1.1.1 Le principe de l'IRM	7
1.1.2 Application à l'imagerie cardiaque	8
1.2 Estimation quantitative du mouvement myocardique par marquage tissulaire	11
1.2.1 Contexte	11
1.2.2 Le marquage tissulaire, ou tagging	12
1.2.3 Au CHU d'Angers	14
1.3 Projet global et sujet de stage	16
 2 Etat de l'art sur l'analyse des séquences IRM cardiaques marquées	 17
2.1 Rappels	17
2.1.1 Interpolation par B-splines monodimensionnelles	17
2.1.2 Les contours actifs ou snakes	18
2.2 Localisation et suivi des tags et des contours	19
2.2.1 Localisation et suivi des tags	19
2.2.2 Localisation et suivi des contours myocardiques	24
2.3 Reconstruction 2D+Temps, 3D ou 4D	24
2.3.1 Reconstruction 2D+temps	25
2.3.2 Reconstruction 3D ou 4D	25
2.4 Calcul et analyse des paramètres spatio-temporels de déformation	27
 3 Localisation et suivi de la grille de tags : travail réalisé	 28
3.1 Présentation générale	28
3.2 Suivi par grille de B-snakes	28
3.2.1 Expression de l'énergie	28
3.2.2 Pondérations des termes d'énergie	33
3.2.3 Minimisation d'énergie	34
3.3 Localisation des lignes de tags sur la première image de la séquence	35
3.4 Résultats	36

4 Localisation et suivi des contours myocardiques : travail réalisé.....	38
4.1 Présentation générale	38
4.2 Localisation approximative des contours myocardiques	38
4.3 Le contour épicaudique : suivi par contour actif	39
4.4 Le contour endocardique : utilisation de la croissance de région	41
4.5 Résultats.....	42
5 Discussion et perspectives.....	44
5.1 Discussion.....	44
5.2 Perspectives du laboratoire	45
6 Conclusion.....	46
Bibliographie.....	47

1 L'IRM cardiaque de marquage tissulaire

1.1 L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) cardiaque

1.1.1 Le principe de l'IRM

1.1.1.1 Définition

C'est une technique de diagnostic qui fournit des images en coupe de grande précision anatomique. L'IRM est basée sur le phénomène physique de Résonance Magnétique Nucléaire (RMN).

Son apparition en milieu hospitalier est récente : les premiers appareils n'ont été installés qu'au début des années 1980. Il est très utilisé en neurologie pour observer l'anatomie du cerveau, mais également pour l'étude de la moelle épinière, du rachis, de l'appareil ostéo-articulaire, et bien sûr du cœur.

1.1.1.2 Principe

L'IRM utilise les propriétés de la matière et ne tient compte que de certains protons, le plus souvent ceux d'hydrogène, présents dans le corps humain. Un aimant creux fournit un champ magnétique très intense de l'ordre de 1 à 2 Tesla (fig.1.1). Ce champ magnétique fait apparaître au sein des différents tissus de l'organisme une aimantation des protons d'hydrogène, comme si chaque proton se comportait comme une petite boussole.

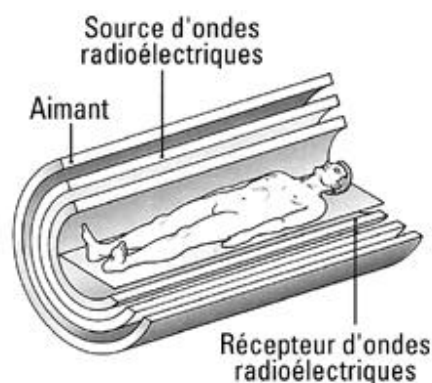


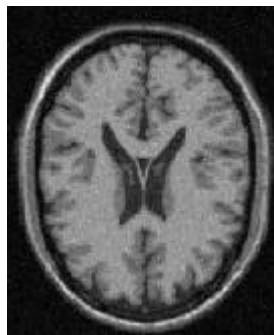
Fig. 1.1 : Schéma d'un système d'acquisition IRM

Le phénomène de résonance magnétique permet de mesurer cette aimantation. Pour cela, on perturbe les protons d'hydrogène en émettant vers le patient une onde électromagnétique radiofréquence pendant quelques millisecondes. Sous l'effet de cette impulsion, les protons d'hydrogène font basculer leur aimantation par rapport à la direction du champ magnétique. A la fin de l'impulsion, l'aimantation revient à sa position d'équilibre : c'est le retour de l'aimantation à cet état d'équilibre qui est mesuré lors d'une séquence IRM. Les variations de densité protonique ou des temps de relaxation T1 et T2 des différents tissus de l'organisme permettent ainsi leur distinction sur les acquisitions.

1.1.1.3 Avantages

Les principaux avantages de l'IRM sont sa résolution en contraste et son habileté à explorer à la fois les parties molles et rigides. Pour donner une idée de son importance, disons simplement qu'elle permet d'obtenir des images de n'importe quel organe (fig.1.2), dans n'importe quelle coupe, et ce dans un délai relativement court.

Cet examen n'est pas douloureux, ne requiert pas obligatoirement d'injection préalable d'un produit dans le corps du patient, puisque les contrastes naturels sont généralement suffisants, et contrairement aux rayons X, aucune radiation n'est utilisée. Seule l'interdiction d'une présence d'un corps magnétique est nécessaire et permet d'exclure tout risque pour le patient. En fait, personne n'a pu démontrer à ce jour le moindre effet nocif sur l'organisme dans des conditions normales d'examen.



a) IRM cérébral



b) IRM cardiaque

Fig. 1.2 : Acquisitions IRM

1.1.2 Application à l'imagerie cardiaque

1.1.2.1 Le cœur

D'un point de vue physiologique, le cycle cardiaque se décompose en deux phases :

- la diastole : le ventricule gauche (VG) et le ventricule droit (VD) se remplissent en sang
→ la cavité cardiaque s'élargit

- la systole : le VG (resp. le VD) éjecte le sang dans l'aorte (resp. l'artère pulmonaire)
→ la cavité cardiaque se rétrécit

Nous ne nous intéresserons qu'à la fonction ventriculaire gauche de l'organe, qui représente 80% de la fonction cardiaque totale (mouvement interne du myocarde lors de sa contraction systolique).

Sur l'image IRM de la fig.1.3 , on observe bien la cavité cardiaque, le myocarde, et les contours endocardique et épicardique du VG.

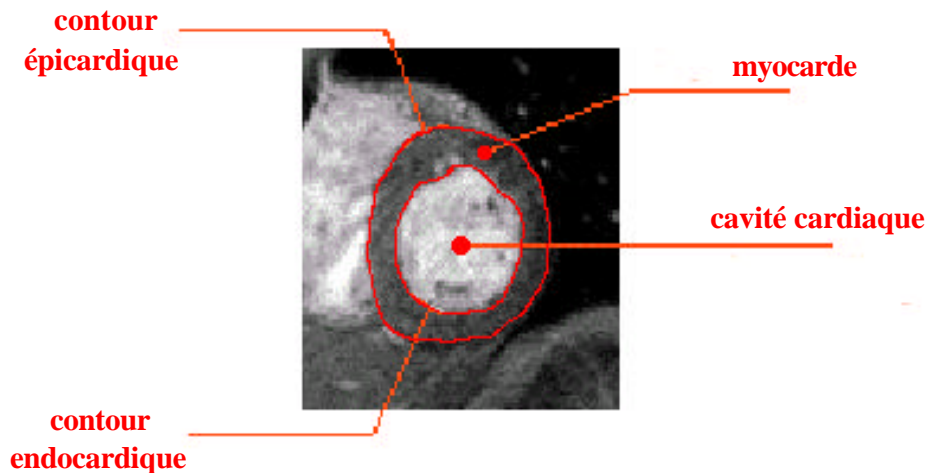


Fig. 1.3 : IRM petit-axe du VG

De façon très schématique et globale, le mouvement du VG d'un cœur sain durant la systole peut être décomposé en quatre mouvements principaux listés par ordre d'importance relative :

- Contraction radiale
- Contraction longitudinale
- Torsion autour du grand-axe
- Déformation du grand axe

Auxquels il faut ajouter la rotation et la translation rigides globales.

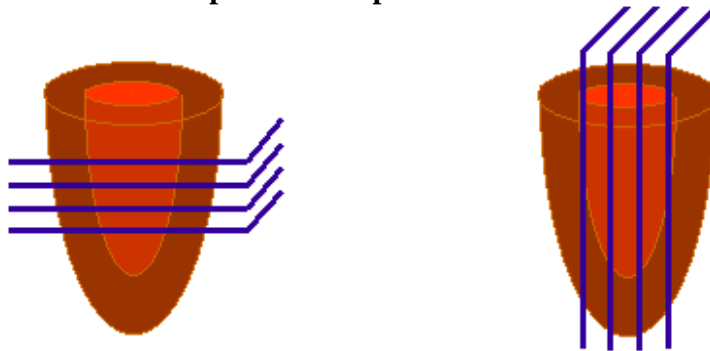
Ces mouvements ne sont pas uniformes sur l'ensemble du VG. Ainsi, la rotation autour du grand-axe change de sens de la base à l'apex. La contraction radiale n'a pas la même amplitude sur la circonférence : elle est plus importante au niveau de l'endocarde. La caractérisation de la fonction mécanique régionale demande donc une estimation locale de la déformation intra-myocardique.

1.1.2.2 Acquisitions IRM cardiaques

L'IRM est par principe une modalité d'imagerie non invasive fournissant des informations anatomiques. Cependant, les évolutions récentes des systèmes d'acquisition essentiellement au niveau de leur rapidité ont permis la mise en œuvre de l'IRM pour l'étude fonctionnelle du cœur. Celle-ci a notamment pour objectif la mesure de paramètres anatomiques (masse, volumes...) et fonctionnels (fraction d'éjection, pourcentage d'épaississement...) du VG (voire du VD) à l'échelon global et régional, étape importante dans le suivi de pathologies cardiaques, notamment en présence d'infarctus du myocarde.

Les acquisitions 3D en IRM cardiaque utilisent deux séquences d'images aux plans de coupes différents. Si on considère que le VG a une forme ellipsoïdale, un plan de coupe perpendiculaire au grand axe donnera une image petit-axe. Les images grand-axe seront obtenues avec des plans de coupes perpendiculaires aux plans de coupes petit-axe comme indiqué sur la fig.1.4.

Fig. 1.4 : Les deux plans de coupes utilisés



a) Plans de coupes petit-axe

b) Plans de coupes grand-axe

En outre, lors d'une acquisition d'image dynamique, le système est synchronisé à l'électrocardiogramme (ECG) pour identifier les instants auxquels les contractions sont déclenchées. Les images peuvent donc être acquises sous forme de séries représentant différents instants (ou phases) du cycle cardiaque à un même niveau de coupe. Si de plus plusieurs niveaux de coupe sont balayés durant la séquence IRM, on dispose d'une acquisition multi-coupes multi-phases permettant l'étude de l'ensemble du VG de l'apex à la base à différentes phases du cycle cardiaque.

1.2 Estimation quantitative du mouvement myocardique par marquage tissulaire

1.2.1 Contexte

Plusieurs méthodes (impliquant différentes modalités d'imagerie) ont été développées afin de mesurer localement le mouvement myocardique. Ces méthodes exigent l'implantation chirurgicale de marqueurs dans la paroi myocardique dans le but de suivre précisément leur déplacement. Ces approches beaucoup trop invasives pour fonctionner en routine se limitent à des applications expérimentales chez l'animal. Il est donc difficile de juger de l'importance de l'effet de l'implantation des capteurs et de la validité des résultats qui en découlent.

La ventriculographie de contraste et la tomодensitométrie, basées sur les rayons X, ainsi que l'échocardiographie et les séquences IRM classiques sont toutes des modalités qui permettent d'évaluer la cinétique pariétale. Cependant, aucune ne donne d'information réelle de mouvement intra-myocardique.

L'IRM de contraste de phase exploite le déphasage des spins en mouvement pour calculer la vitesse en un point de l'espace 3D. On obtient donc un vecteur vitesse en chaque pixel, chaque niveau de coupe nécessitant quatre acquisitions (une référence et 3 dimensions du mouvement). Les principaux inconvénients de ce procédé sont sa durée d'acquisition et sa sensibilité au bruit et aux erreurs de phase.

Le paragraphe suivant expose le principe du marquage tissulaire (ou tagging), proposé parallèlement par les équipes de E.Zerhouni (Johns Hopkins University, Baltimore) en 1988 et de L.Axel (University of Pennsylvania, Philadelphie) en 1989. Ce type d'acquisition présente l'avantage d'éviter les problèmes rencontrés par les techniques précédentes. Une comparaison entre l'IRM de marquage tissulaire et l'IRM de contraste de phase est exposée dans [McVeigh96].

1.2.2 Le marquage tissulaire, ou tagging

L'IRM cardiaque marquée (ou taggée) permet d'examiner le mouvement et la déformation intra-myocardique et donc d'évaluer la contraction régionale du myocarde. Cette technique d'acquisition est basée sur la superposition de plans de présaturation avant l'acquisition d'une séquence temporelle d'images du myocarde (fig.1.5a). Etant donné que l'effet de saturation est une propriété des protons d'hydrogène, ces plans, appelés surfaces de tags, sont incrustés dans le tissu et vont se déformer avec le myocarde au cours du cycle cardiaque.

Sur une image, chaque ligne de tag est en fait l'intersection du plan de coupe avec une surface de tags. Elles apparaissent sous la forme de bandes sombres (fig.1.5b). Le suivi temporel des tags sur une série de coupes obtenues à différentes phases du cycle cardiaque (fig.1.5b) fournit donc les paramètres du mouvement intra-myocardique, apportant de nouvelles informations à propos de la physiologie cardiaque normale et surtout permettant un diagnostic plus précis en cas de cardiopathies, comme le montre [Reichek99] (détection des altérations naissantes de la fonction myocardique, détection d'éventuelles zones contractiles dans la région infarctée). Cette méthode d'acquisition a donc suscité un nombre important de travaux en traitement des images IRM marquées. Le tagging a aussi donné lieu à d'autres applications, telles que l'estimation du mouvement régional du VD par Haber et al. [Haber00] ou du parenchyme pulmonaire par Chen et al. [Chen01].

Il est à noter que le processus de marquage (ou tagging) créant les plans de saturation se fait juste avant l'acquisition de la première image de la série, en fin de diastole, afin de suivre au mieux la contraction durant la systole. De plus, le positionnement de ces plans permet d'obtenir sur les images un motif désiré (lignes horizontales, lignes verticales, grille...). Le contraste et la persistance du tag sont limités par le temps de relaxation T1.

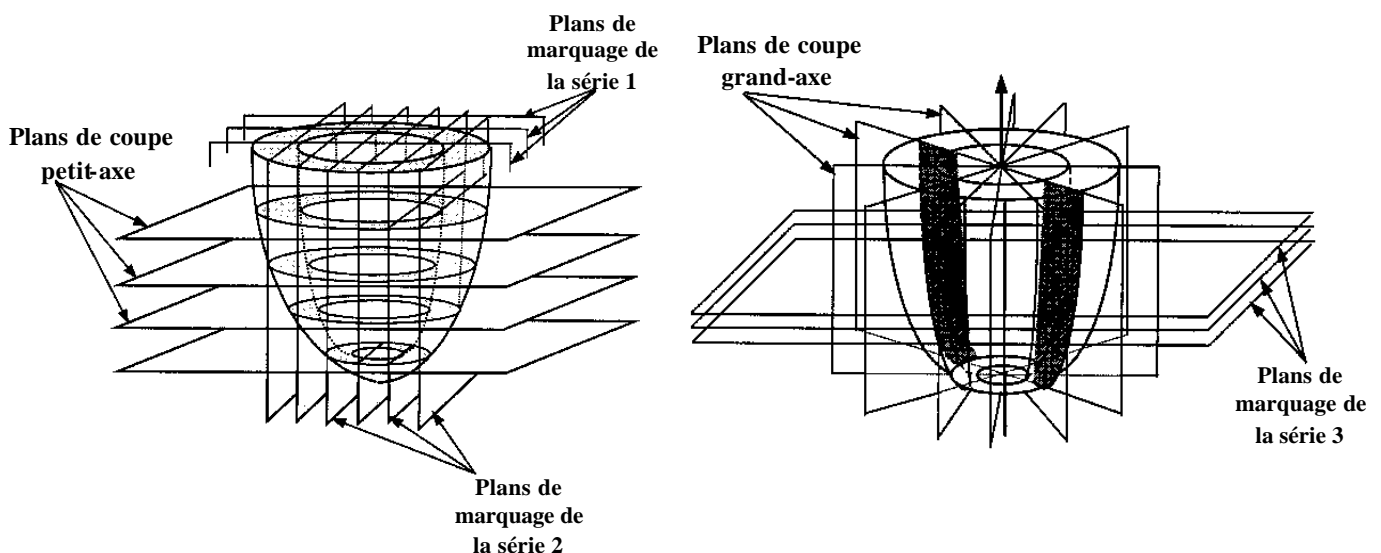


Fig. 1.5a : Positions des plans de coupe et des plans de marquage pour les 3 séries d'acquisitions de la fig.1.5b

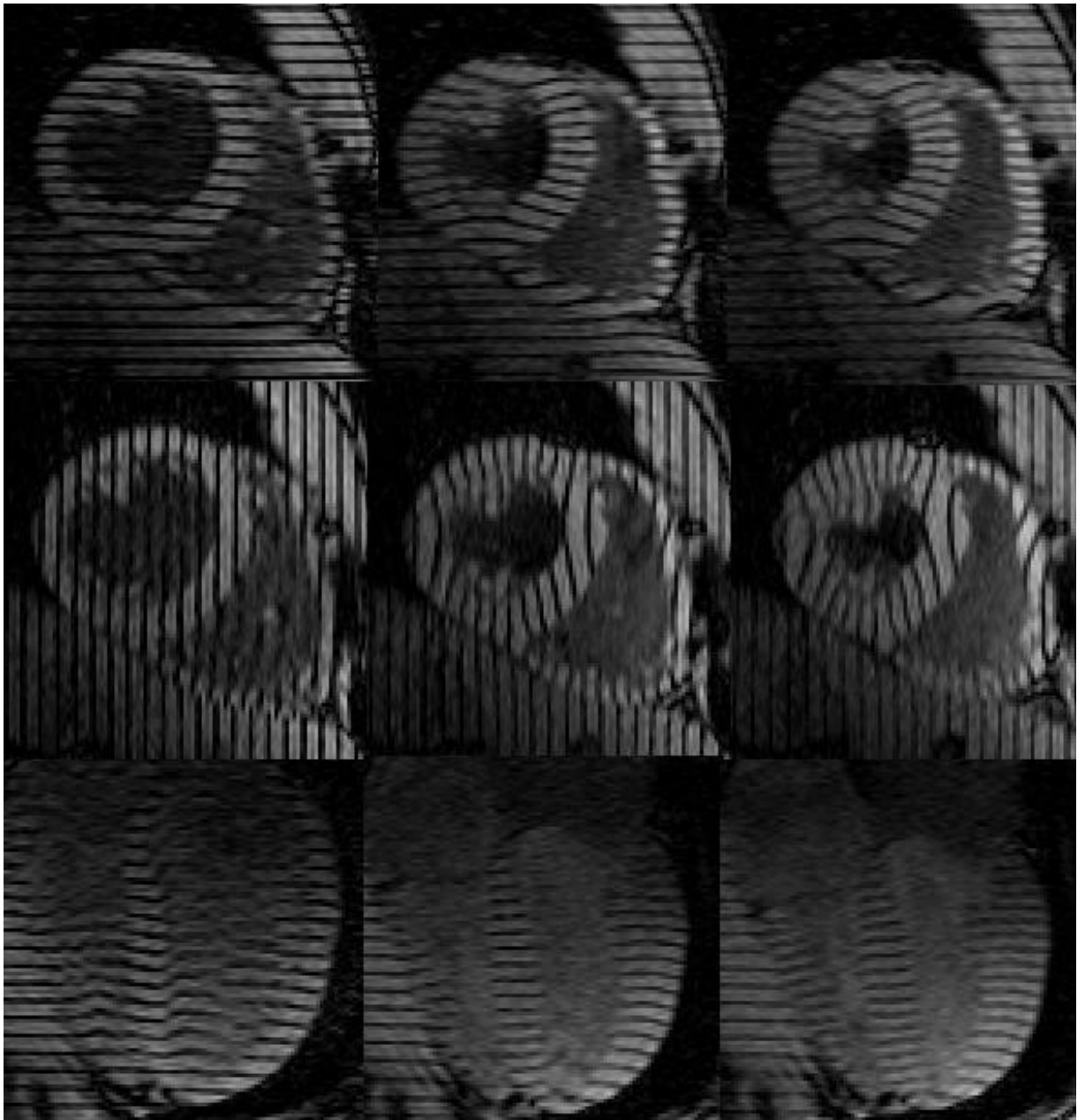


Fig. 1.5b: Deux séries petit-axe et une série grand-axe marquées (images obtenues au Laboratoire d'Imagerie Médicale de l'Université Johns Hopkins, Baltimore)

1.2.3 Au CHU d'Angers

1.2.3.1 Aspect des tags

Plusieurs techniques de création des plans de marquage ont été proposées et sont exposées dans [Reichek99].

Le système d'acquisition du CHU d'Angers emploie la méthode SPAMM (SPAtial Modulation of Magnetization). Actuellement, le système ne gère que l'acquisition des coupes petit-axe sur lesquelles sont incrustés deux ensembles orthogonaux de plans de saturation, eux-mêmes orthogonaux aux plans de coupe. Les plans de tags sont orientés de telle sorte qu'ils permettent une bonne définition du mouvement du myocarde au niveau du septum interventriculaire (paroi inférieure entre le ventricule gauche et le ventricule droit). Les lignes de tags sont approximativement orientées à 45° et à 135° . On obtient sur chaque image un quadrillage correspondant à une grille de tags comme le montre la fig.1.6.

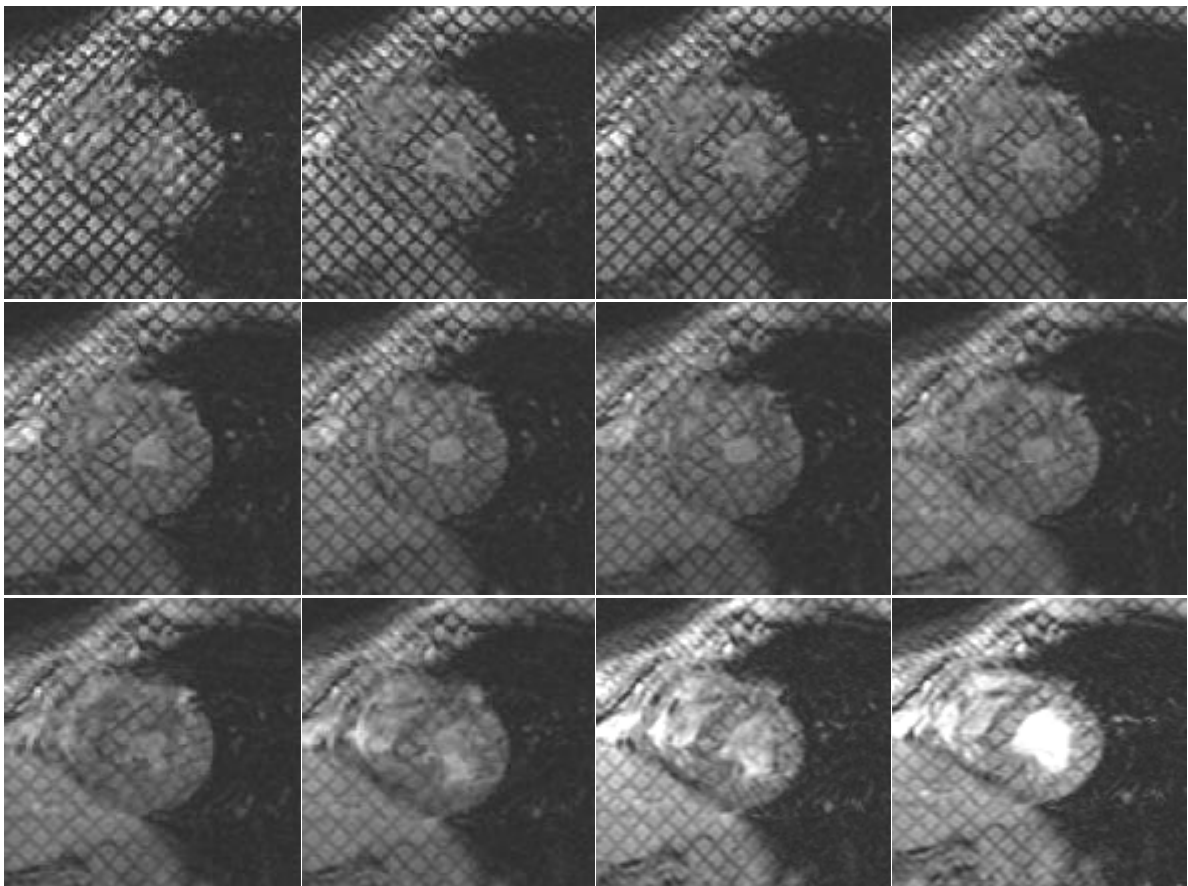


Fig. 1.6 : 12 premières images d'une séquence temporelle d'IRM marquée sur une coupe médiane, obtenue au CHU d'Angers

Toutes les coupes n'ont pas la même qualité, et on ne peut observer correctement les bandes sombres que sur quelques instants successifs à cause de leur effacement rapide (soit les 7 ou 8 premières images de la séquence sur la fig.1.6).

1.2.3.2 Format et lecture des images

Les images sont acquises au format DICOM (Digital Imaging and Communication in Medicine) version 3.0 appelé standard DICOM. Cette norme, présente dans tous les hôpitaux, associe à chaque image médicale un en-tête contenant toutes les informations nécessaires telles que l'identification du patient, le numéro de la série de coupes, les caractéristiques de l'acquisition, etc...

Avant d'effectuer le traitement des IRM cardiaques marquées grâce au logiciel PV-Wave[®], il est nécessaire de séparer les données image de l'en-tête. Le traitement du fichier DICOM crée un fichier du type .RAW contenant uniquement les données brutes de l'image. Celle-ci a pour dimension **256*256** pixels, avec des niveaux de gris codés sur **16** bits.

1.3 Projet global et sujet de stage

Le projet global concernant le traitement des images IRM cardiaques marquées se divise en plusieurs études :

- l'analyse de la première image de chaque séquence temporelle (pour un niveau de coupe donné) :
 - Σ localisation des tags,
 - Σ détection des contours endocardique et épicaudique,
- le suivi temporel des tags et des contours sur chaque séquence (pour un niveau de coupe),
- la reconstruction géométrique 3D ou 4D,
- le calcul des paramètres cliniques.

Ce stage englobe les deux premières étapes du projet, sachant que ce travail ne concerne pour l'instant que des coupes petit-axe (fig.1.7). Le traitement des coupes grand-axe sera évidemment nécessaire pour les étapes suivantes. Il est important de noter que disposer de coupes uniquement petit-axe non seulement empêche le calcul du déplacement en 3D, mais contraint également à négliger le déplacement éventuel des points d'un plan de coupe à un autre, lors de l'acquisition d'une série temporelle.

Notre travail a donc consisté à détecter et à suivre de façon entièrement automatique à la fois les tags et les contours myocardiques sur les coupes petit-axe d'une série temporelle. L'objectif final est ainsi d'automatiser le calcul de paramètres de déformations locales 2D du myocarde.

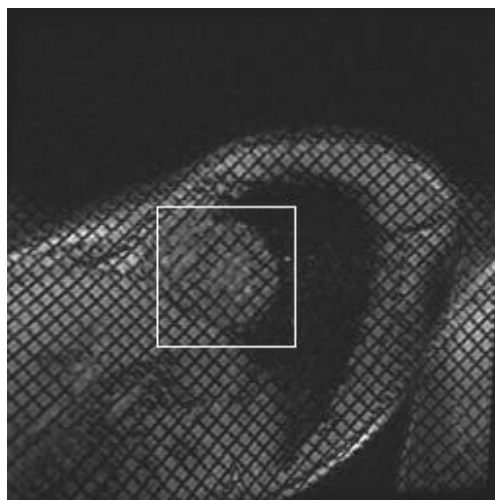


Fig. 1.7 : 1^{ère} image d'une série d'acquisitions IRM cardiaques marquées petit-axe, dimension 256*256 pixels, codée sur 16 bits (région du VG encadrée)

2 Etat de l'art sur l'analyse des séquences IRM cardiaques marquées

2.1 Rappels

Les paragraphes suivants exposent les travaux de plusieurs groupes de recherche qui ont donné lieu à des thèses ou publications concernant l'analyse des images IRM marquées. Afin de faciliter la compréhension de ces travaux, les notions de base telles que l'interpolation par B-splines et la notion de contour actif sont tout d'abord développées.

2.1.1 Interpolation par B-splines monodimensionnelles

L'interpolation par B-splines est une combinaison linéaire de fonctions polynomiales de base (B-splines) à support local, assemblées de façon à assurer une continuité d'un certain ordre selon le degré des polynômes de base. Avec des B-splines cubiques (définies avec des polynômes de degré 3), la continuité d'ordre 2, c'est à dire la continuité de la dérivée seconde, peut être assurée. En monodimensionnel, la courbe d'interpolation est appelée spline (ou courbe spline). Elle est construite à partir de points de contrôle qui pondèrent les fonctions de base.

Une spline peut donc s'exprimer comme suit :

$$s(x) = \sum_{k=k_0}^{k_1} c(k) B^n(x-k)$$

où B^n est une B-spline définie par un polynôme de degré n et centré autour du point de contrôle d'abscisse k et d'ordonnée $c(k)$.

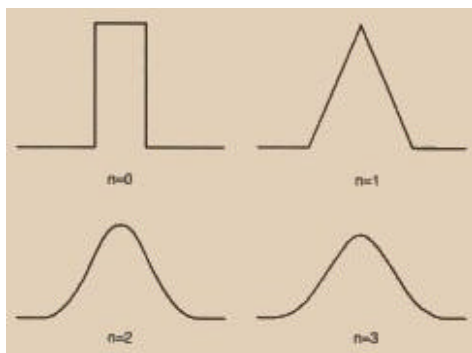


Fig. 2.1 : B-splines de degré 0 à 3

La B-spline cubique, la plus couramment utilisée et présentant une continuité d'ordre 2 a pour expression :

$$B^3(x) = \begin{cases} \frac{2}{3} - |x|^2 + \frac{1}{2}|x|^3 & , 0 \leq |x| < 1 \\ \frac{1}{6}(2 - |x|)^3 & , 1 \leq |x| < 2 \\ 0 & , 2 \leq |x| \end{cases}$$

C'est donc une fonction polynôme par morceaux de degré 3 sur son support.

L'interpolation par spline cubique est largement employée en traitement d'images car elle possède plusieurs avantages par rapport à d'autres techniques d'interpolation :

- le mouvement d'un point d'interpolation occasionne une déformation uniquement locale de la courbe sur 4 intervalles (un intervalle = un arc de spline entre deux points d'interpolation),
- la complexité algorithmique est réduite,
- la courbe spline possède une très bonne «élasticité ».

De même, en bidimensionnel, des splines 2D peuvent être définies pour interpoler ou approximer des nappes contenues dans un espace (équation du type $z = f(x,y)$).

2.1.2 Les contours actifs ou snakes

On appelle contour actif une courbe déformable qui tente de se rapprocher le plus possible des contours d'une image afin de les localiser et/ou de les suivre dans leur mouvement au cours du temps. Ces contours actifs, également appelés snakes, s'utilisent dans de nombreuses applications telles que la localisation des vaisseaux dans les angiogrammes, le suivi d'objets sur des séquences vidéo et le suivi des mouvements du cœur.

Pour une courbe déformable donnée, la méthode classique initialement définie par Kass et al. [Kass88] consiste à associer une énergie à chaque position de la courbe sur l'image. Cette énergie est définie de telle sorte que la position idéale de la courbe, c'est-à-dire sur le contour à localiser, corresponde à un minimum d'énergie.

L'énergie d'un contour actif est exprimée comme une somme de 3 termes :

$$E = E_{interne} + E_{image} + E_{utilisateur}$$

- L'énergie interne $E_{interne}$ assure au contour plusieurs caractéristiques (continuité, raideur, élasticité...) permettant d'atténuer les effets du bruit.
- L'énergie image E_{image} fait intervenir les caractéristiques de l'image que l'on cherche à mettre en valeur. L'inverse du gradient sera par exemple utilisé pour détecter les zones de fort contraste, comme le montre la figure 2.2.
- L'énergie utilisateur $E_{utilisateur}$ permet à l'opérateur d'imposer des contraintes sur la déformation du contour actif, par l'intermédiaire d'une interface graphique par exemple. Ce terme ne sera pas employé si la segmentation (ou le suivi) doit être purement automatique.

La recherche du contour revient donc à une minimisation d'énergie du contour actif. La complexité algorithmique des procédés de minimisation conduit à réaliser plusieurs itérations à partir d'une initialisation déjà proche du résultat. Le modèle peut être continu, c'est-à-dire que le contour actif a une représentation analytique, ou discret, où le contour évolue cette fois sur le support discret de l'image.

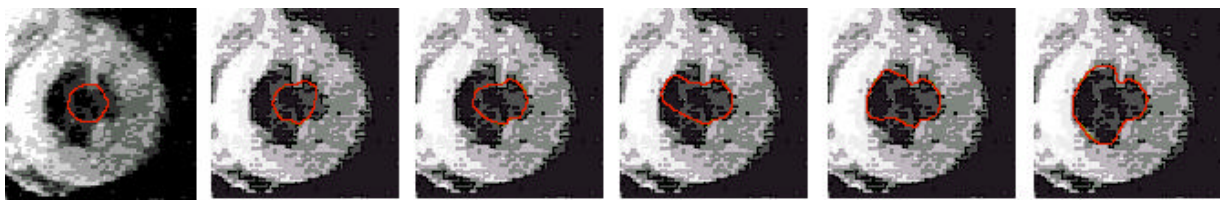


Fig. 2.2 : Détection du contour endocardique par un snake (en rouge)

2.2 Localisation et suivi des tags et des contours

2.2.1 Localisation et suivi des tags

Un nombre important de travaux utilisant les contours actifs ont été réalisés pour le suivi de la grille de tags sur les images petit-axe. Néanmoins, toutes les études présentées ci-après nécessitent la connaissance des contours du myocarde (définis manuellement).

2.2.1.1 Le logiciel FINDTAGS [Guttman97]

Un logiciel de segmentation et de suivi semi-automatique, FINDTAGS [Guttman97], a été développé par Guttman et al. à la Johns Hopkins University à Baltimore. Ce logiciel est gratuit et fonctionne sur station Silicon Graphics avec des images aux tags unidirectionnels (fig.2.3). Mais l'extraction correcte des données demande plusieurs heures de travail pour d'une part tracer manuellement les contours endocardique et épicaudique du VG, et d'autre part corriger les erreurs dans le suivi des plans de tags. Cette très forte interaction ne permet pas une utilisation en routine clinique de ce type de logiciel.

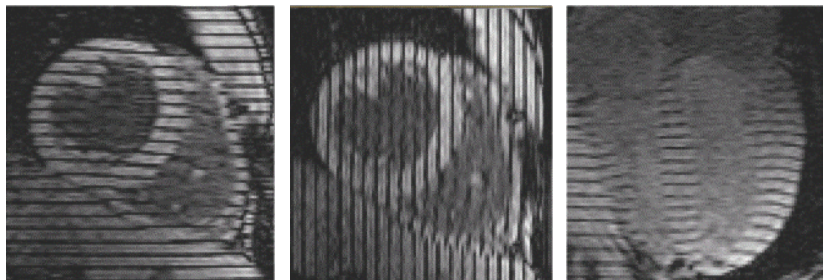


Fig. 2.3 : 1^{ères} images de séries acquises à Johns Hopkins University à Baltimore

2.2.1.2 Travaux de Amini et al. [Amini98a]

Les travaux de Amini et al. [Amini98a] s'appliquent à une série temporelle 2D de coupes petit-axe avec un motif de marquage en forme de grille. Sur chaque image de la série, elle consiste à déformer une grille de splines pour la faire correspondre à la grille de tags, en modifiant la position des points d'interpolation (fig.2.4). Chaque point d'interpolation de cette grille de B-snakes correspond à un point d'intersection de tags. B-snake signifie contour actif (snake) modélisé grâce aux B-splines.

Sur chaque image, la position de la grille de B-snakes doit être initialisée. Sur la première image de la série, les paramètres du protocole de tagging (espace entre les tags, orientation de la grille...) sont utilisés, alors que la grille solution sur une image sert logiquement d'initialisation pour la suivante.

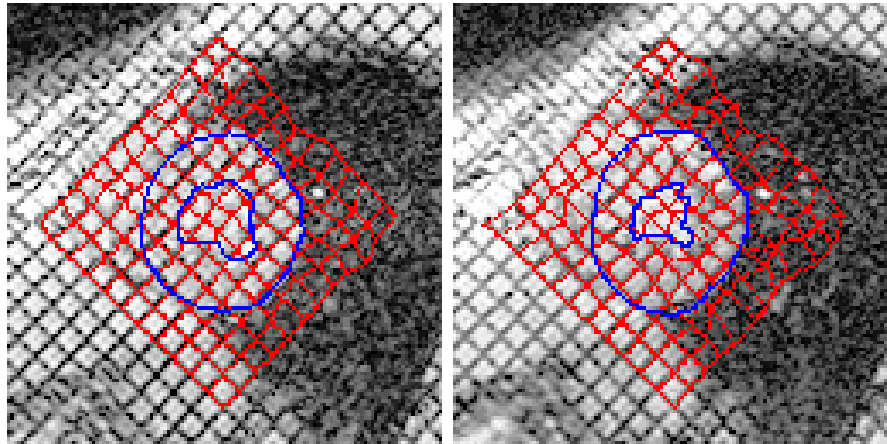


Fig. 2.4 : Suivi des tags par une grille de B-snakes (1^{ère} et 3^{ème} image de la séquence)

--- Grille de B-snakes
 --- Contours myocardiens

Afin de déformer la grille de B-snakes vers les tags, on associe à chaque position possible de la grille une énergie, choisie de telle façon que son minimum corresponde à la position recherchée. L'expression de l'énergie prend ici en compte l'intensité des pixels le long des snakes (puisque les tags sont des bandes sombres) et la ressemblance des voisinages des points d'intersections sur l'image courante avec les voisinages des points d'intersections de la grille solution de l'image précédente. La minimisation d'énergie se fait par une méthode itérative de descente de gradient, en cherchant pour chaque intersection un minimum d'énergie dans la direction du gradient. On obtient alors le déplacement 2D au niveau des points d'intersections et un déplacement 1D au niveau des autres points des snakes. Pour déterminer un champ dense de vecteurs de déplacements 2D, Amini et al. réalisent une interpolation à partir des valeurs trouvées.

Avantage : La faible complexité algorithmique due à l'utilisation des splines et à une étude faite uniquement sur des points d'interpolation constitue le principal avantage de cette méthode.

Problème : Des problèmes de suivi apparaissent pour les tags proches des contours myocardiens, notamment à cause d'une énergie image trop peu fiable.

2.2.1.3 Travaux de Young et al. [Young95]

La méthode développée par Young et al. [Young95] constitue une application directe de celle de [Kass88] à l'ensemble de la grille, dont chacune des lignes constitue un snake discret. L'énergie associée se définit pour chaque snake comme la somme d'une énergie interne mesurant élasticité et raideur, d'une énergie image basée sur l'intensité, et d'une énergie utilisateur permettant l'intervention manuelle. La pondération locale de ces énergies est différente suivant l'appartenance ou non au myocarde.

La minimisation d'énergie se fait par la méthode de [Kass88] modifiée pour permettre son utilisation sur une grille. En effet, elle consiste à itérer jusqu'à stabilisation un vecteur contenant l'ensemble des déplacements des points de la grille de snakes.

Avantage : Cette technique a l'avantage d'intégrer des propriétés de régularité dans la grille déformable, ce qui la rend plus robuste face au bruit.

Problème : Contrairement à la méthode de Amini et al., tous les points de la grille de snakes se déplacent en même temps, ce qui augmente la complexité de l'algorithme de minimisation. De plus, comme précédemment, l'énergie image utilisée est peu fiable aux abords des contours myocardiques.

2.2.1.4 Travaux de Kraitchman et al. [Kraitchman95]

Kraitchman et al. [Kraitchman95] décrivent une méthode de suivi des intersections de tags uniquement, en proposant des énergies interne et image spécifiques. L'énergie image se base sur l'intensité de l'image convoluée avec un masque détecteur d'intersections de lignes sombres. L'énergie interne tient compte de la cohésion du mouvement entre points connexes, alors qu'une énergie utilisateur est toujours présente. La minimisation suit la méthode de [Kass88].

Cet article décrit le principe de fonctionnement du logiciel SPAMMVU, logiciel semi-automatique de segmentation et de suivi de séquences IRM marquées, développé à Pennsylvania University (Philadelphie) sur station Silicon Graphics. Ce logiciel n'est pas disponible.

Avantage : La prise en compte uniquement des points d'intersections rend la méthode peu coûteuse en temps de calcul, mais diminue également la précision du calcul du champ de déplacement dans le myocarde.

Problème : Les interactions manuelles, présente sous la forme d'une énergie utilisateur, restent encore nécessaires au cours du suivi.

2.2.1.5 Travaux de Kumar et al. [Kumar94]

Contrairement aux techniques précédentes, celle de Kumar et al. [Kumar94] utilise des snakes discrets indépendants de largeur 2 pixels pour suivre le mouvement de chaque ligne de tags, sans notion de grille. L'énergie image est toujours basée sur l'intensité, mais l'énergie interne fait ici intervenir un terme de régularité de distance entre snaxels voisins (snaxel = pixel d'un snake).

La minimisation déplace itérativement les paires de snaxels dans un voisinage orthogonal au tag correspondant. Les imprécisions intervenant aux intersections de tags (à cause de l'inefficacité de l'énergie image à ces endroits) sont ensuite corrigées par un post-traitement adapté au suivi indépendant des lignes de tags. L'article propose également une interpolation à partir des déplacements des points d'intersections afin d'obtenir une carte de déplacements 2D.

Avantage : Chaque snake intègre des propriétés de régularité.

Problème : L'indépendance du suivi de chaque ligne de tag rend cette méthode assez peu robuste. De plus, elle rencontre les mêmes problèmes de suivi que la méthode de Amini et al. au niveau des contours myocardiques.

2.2.1.6 Travaux de Urayama et al. [Urayama00]

Les travaux de Urayama et al. [Urayama00] analysent les déformations du myocarde sur un cycle cardiaque entier grâce à un protocole de marquage en grille dense. L'espacement des tags y est de 4mm, alors qu'un marquage classique a un espacement de 7-8mm. Ce marquage est renouvelé quatre fois au cours du cycle pour obtenir quatre séries d'images sur des intervalles consécutifs du cycle, ce qui oblige à concaténer les résultats du suivi.

Celui-ci minimise une énergie définie en chaque nœud d'un maillage afin de détecter les intersections de tags. L'énergie image est basée sur l'intensité de l'image filtrée mettant en évidence les intersections de tags. L'énergie interne est la somme de deux termes assurant la régularité de l'espacement entre les nœuds (E_{space}) et leur alignement (E_{line}). Un algorithme d'ajustement vient ensuite modifier la position du nœud (au maximum de 0.5 pixels) en ajustant une gaussienne aux profils des tags voisins et en approximant localement les tags par un polynôme d'ordre 5. Enfin, un lissage est effectué pour éviter les erreurs dues au bruit ou au faible contraste des tags.

Avantage : Concernant le suivi, la bonne définition des énergies internes est un atout appréciable.
Problème : Comme pour Kraitichman et al., cette méthode ne prend en compte que les points d'intersections. De plus, le procédé d'acquisition présente un inconvénient important : le marquage utilisé, plus dense que le marquage classique, n'est à l'heure actuelle pas réalisable en routine clinique.

2.2.1.7 Travaux de Radeva et al. [Radeva97]

Radeva et al. [Radeva97], quant à eux, prennent en compte l'ensemble des niveaux de coupes superposées d'une acquisition petit-axe. De façon analogue à Amini et al., ils font correspondre aux grilles de tags superposées une grille 3D déformable de splines, appelée B-solid et exprimée comme un produit tensoriel 3D de B-splines (fig.2.5). La recherche de la matrice 3D des points d'interpolation se fait également itérativement et par minimisation d'énergie, mais de manière beaucoup plus complexe car l'ensemble du B-solid se déforme en même temps pour converger vers la solution. Il est également proposé d'intégrer dans le B-solid les surfaces endocardique et épicaudique (définies de façon manuelle) dans le B-solid.

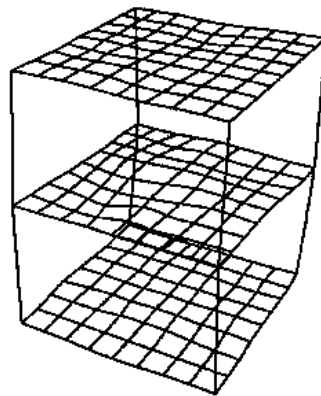


Fig. 2.5 : B-solid déformable

Avantage : Le suivi s'effectue pour l'ensemble du B-solid, donc sur tous les tags de tous les niveaux de coupes à une phase donnée.

Problème : La complexité de la minimisation d'énergie d'un B-solid rend la méthode coûteuse en temps de calcul. Cependant, l'article ne propose pas d'inclure d'acquisitions grand-axe et la déformation suivant l'axe z n'est donc pas étudiée.

2.2.1.8 Travaux de Young et al. [Young99]

Un modèle à éléments finis permettant le suivi 3D des tags a été défini par Young et al. [Young99]. Cette méthode inclut les coupes petit-axe et les coupes grand-axe d'une acquisition 3D marquée en modélisant toutes les surfaces de tags par éléments finis. Les nœuds du maillage 3D se déplacent pour que les intersections entre les modèles de surfaces de tags et les plans de coupe correspondent aux tags visibles sur les images à une phase donnée. Ce suivi est effectué par minimisation d'énergie comportant un terme de lissage. Pour définir l'énergie image sur les coupes petit-axe marquées en grille, cette méthode applique un filtrage lissant (gaussien) dans une direction pour éliminer certains tags, puis un filtrage dérivée seconde (laplacien) dans la direction orthogonale comme sur la fig.2.6 . Ceci est répété dans la direction orthogonale.

La détection du centre des tags d'une coupe petit-axe est donc rapide. Cette méthode a été testée sur nos images, des problèmes se posent alors en fin de systole, quand les tags se déforment beaucoup. L'application d'un filtre très lissant élimine en effet des informations utiles et empêche une bonne précision.

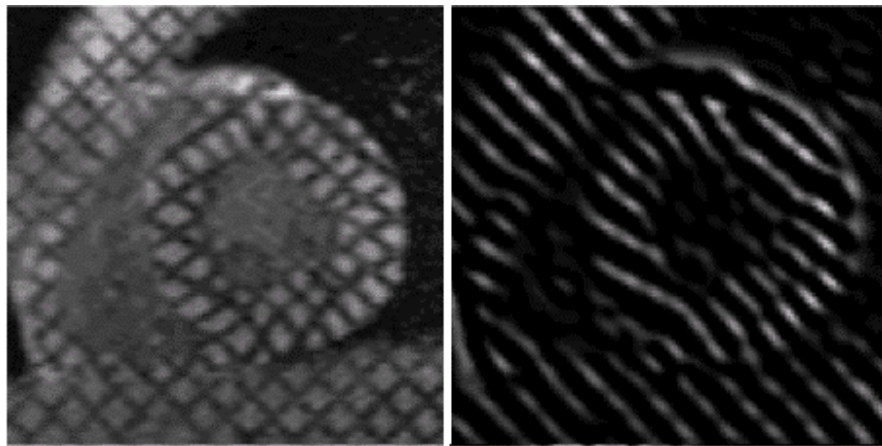


Fig. 2.6 : Image originale et image filtrée

2.2.1.9 Conclusion

Les inconvénients communs à toutes ces méthodes utilisant la minimisation d'énergie sont leur sensibilité au bruit et leur mauvaise adaptation quand les tags sont proches d'un contour ou se déforment beaucoup.

2.2.2 Localisation et suivi des contours myocardiques

Les seules études concernant la détection automatique des contours endocardique et épicaudique ont été réalisées sur des acquisitions avec des marquages unidirectionnels ou radiaux. Le marquage unidirectionnel, c'est-à-dire avec des tags dans une seule direction (cf fig.2.6b), est utilisé à la Johns Hopkins University à Baltimore. Les acquisitions 3D comportent alors deux séries petit-axe (une avec des tags horizontaux, l'autre avec des tags verticaux) et une série grand-axe (avec des tags horizontaux) permettant d'estimer séparément le déplacement dans les trois directions de l'espace.

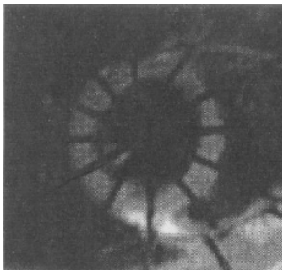


Fig. 2.7: Marquage radial

Le marquage radial (fig.2.7) a été exploité par Guttman et al. [Guttman94]. La disposition des tags facilite leur détection qui combine les propriétés de rotation autour du centre de la cavité et un modèle de profil de tag.

Ces équipes proposent une méthode automatique de détection des contours myocardiques. Une fermeture morphologique élimine les tags grâce à un élément structurant agissant orthogonalement aux tags, pour obtenir une image proche d'une acquisition classique non marquée. La localisation précise des contours fait ensuite intervenir une recherche des contours par programmation dynamique.

Cette méthode a été testée sur les images marquées en grille obtenues au CHU d'Angers en modifiant l'élément structurant, mais l'élimination des tags n'a donné aucun résultat satisfaisant. Des problèmes apparaissent au niveau des points d'intersections de la grille de tags. Le marquage en grille n'est en effet pas adapté à une fermeture morphologique **locale**.

2.3 Reconstruction 2D+Temps, 3D ou 4D

La reconstruction 2D+Temps consiste à obtenir une expression du déplacement de tout point du myocarde, dans le plan image et en fonction du temps. La reconstruction 3D donne une expression du déplacement des points à un instant donné, alors qu'une reconstruction 4D (3D+Temps) offre également une description de l'évolution temporelle. Cette modélisation permet de calculer les paramètres spatio-temporels de déformation intramyocardique.

2.3.1 Reconstruction 2D+temps

Pour des séquences marquées en grille, Clarysse et al. [Clarysse00] ont implémenté un algorithme de reconstruction 2D+Temps à partir des données de segmentation fournies par FINDTAGS. Ils proposent une modélisation des déplacements inverses (de l'état déformé à l'état initial) utilisant la projection des déplacements des points d'un tag dans la direction orthogonale à ce tag. Ensuite, le champ de déplacement direct (de l'état initial à l'état déformé) est ensuite estimé de la même façon. Cette méthode utilise les résultats du suivi non seulement sur les points d'intersection, mais sur l'ensemble des lignes de tag.

2.3.2 Reconstruction 3D ou 4D

2.3.2.1 Recalage 3D

Avant de pouvoir obtenir une expression du mouvement continue dans l'espace, il est nécessaire de connaître les trois coordonnées (x,y,z) dans l'espace de tous les points de toutes les coupes petit-axe et grand-axe. Dans la littérature, ce recalage est effectué très simplement grâce aux informations contenues dans l'en-tête DICOM de chaque image [Moulton96]. On peut à priori y trouver les coordonnées 3D de quatre vecteurs : deux vecteurs unitaires donnent l'orientation du plan de coupe, un autre vecteur unitaire donne la normale au plan de coupe, et le dernier est un vecteur de translation par rapport à une origine définie par l'appareil IRM.

Pour chaque pixel d'une image, le passage des coordonnées image (x_{2D}, y_{2D}) aux coordonnées 3D (x,y,z) est alors donné par une relation du type :

$$\begin{pmatrix} x \\ y \\ z \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} c_x & r_x & n_x & t_x \\ c_y & r_y & n_y & t_y \\ c_z & r_z & n_z & t_z \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_{2D} \\ y_{2D} \\ 0 \\ 1 \end{pmatrix}$$

(t_x, t_y, t_z) : vecteur de translation

(n_x, n_y, n_z) : vecteur unitaire normal au plan de coupe

(c_x, c_y, c_z) : vecteur unitaire orienté suivant les colonnes de l'image

(r_x, r_y, r_z) : vecteur unitaire orienté suivant les lignes de l'image

3.3.2.2 Modélisation

De nombreuses méthodes sont décrites dans la littérature concernant la représentation 3D ou 4D du mouvement myocardique à partir des résultats de segmentation et de suivi. Cette modélisation est la plupart du temps continue.

Pour ce faire, de nombreuses méthodes établissent les expressions du déplacement en x , y et z en coordonnées cartésiennes :

- Moulton et al. [Moulton96] modélisent les surfaces de tags par des surfaces paramétriques de splines, puis expriment les déplacements 3D par une combinaison linéaire de fonctions de base polynômiales.
- Les travaux de Huang et al. [Huang99], dans la même optique que ceux de Radeva et al. [Radeva97] présentés précédemment, consistent à ajuster un B-solid déformable aux données de segmentation. Les déplacements 3D sont donc les déplacements du B-solid.
- La représentation par B-splines est également exploitée par Ozturk et al. [Ozturk99], qui expriment le déplacement des points du myocarde sous la forme d'un produit tensoriel continu 4D de B-splines.

D'autres méthodes de représentation se basent sur des repères plus adaptés à la forme ellipsoïdale du VG pour le calcul des paramètres :

- C'est le cas de la méthode mise en œuvre par O'Dell et al. [O'Dell95] qui décrit le déplacement inverse sous la forme d'une série, grâce à une estimation aux moindres carrés, en coordonnées ellipsoïdiques. Cet article présente le principe du logiciel gratuit de reconstruction TEA (Tag Strain(E) Analysis) développé sur station Silicon Graphics et station SUN à la Johns Hopkins University (Baltimore). Ce logiciel utilise en entrée les résultats de segmentation du logiciel FINDTAGS ou SPAMMVU.
- La publication de Declerck et al. [Declerck98] développe une reconstruction des déplacements inverses en 3D, puis directs en 4D combinant B-splines et polynômes. Les expressions sont écrites dans un système de coordonnées planisphériques, proches des coordonnées ellipsoïdiques.

Les performances des trois dernières méthodes sont quantitativement comparées par Declerck et al. [Declerck00]. Chacune d'entre elles ayant des avantages et des inconvénients, cette étude conclut que le choix d'une méthode dépendra des objectifs ou préférences de l'utilisateur.

2.4 Calcul et analyse des paramètres spatio-temporels de déformation

Les paramètres spatio-temporels de déformation (ou PSTD) sont les valeurs quantitatives qui doivent permettre de caractériser les évolutions contractiles régionales du myocarde. Ils sont donc calculés à partir des déplacements reconstruits et donnés dans le système de référence anatomique du VG avec des composantes radiale, longitudinale et circonférentielle (repère R,L,C). Les valeurs de ces paramètres ou de l'écart par rapport à une référence peuvent être présentés de plusieurs manières, par exemple sous forme de tableaux de courbes ou en œil-de-bœuf (fig.2.8). Stuber et al. [Stuber98] présentent un certain nombre de PSTD 2D obtenus par analyse de séquences petit-axe. L'estimation de plusieurs PSTD 3D est détaillée par Han [Han99] qui les analyse pour caractériser au mieux la capacité contractile des territoires myocardiques et détecter les régions anormalement contractiles. Grâce à 31 acquisitions sur volontaires sains, Moore et al. [Moore00] construisent une base de données de PSTD de cœurs humains sains. L'objectif final consiste à évaluer la fonction cardiaque normale et à repérer par comparaison des régions de dysfonctionnement (ischémiques ou infarctiques), objectifs ultimes du marquage tissulaire.

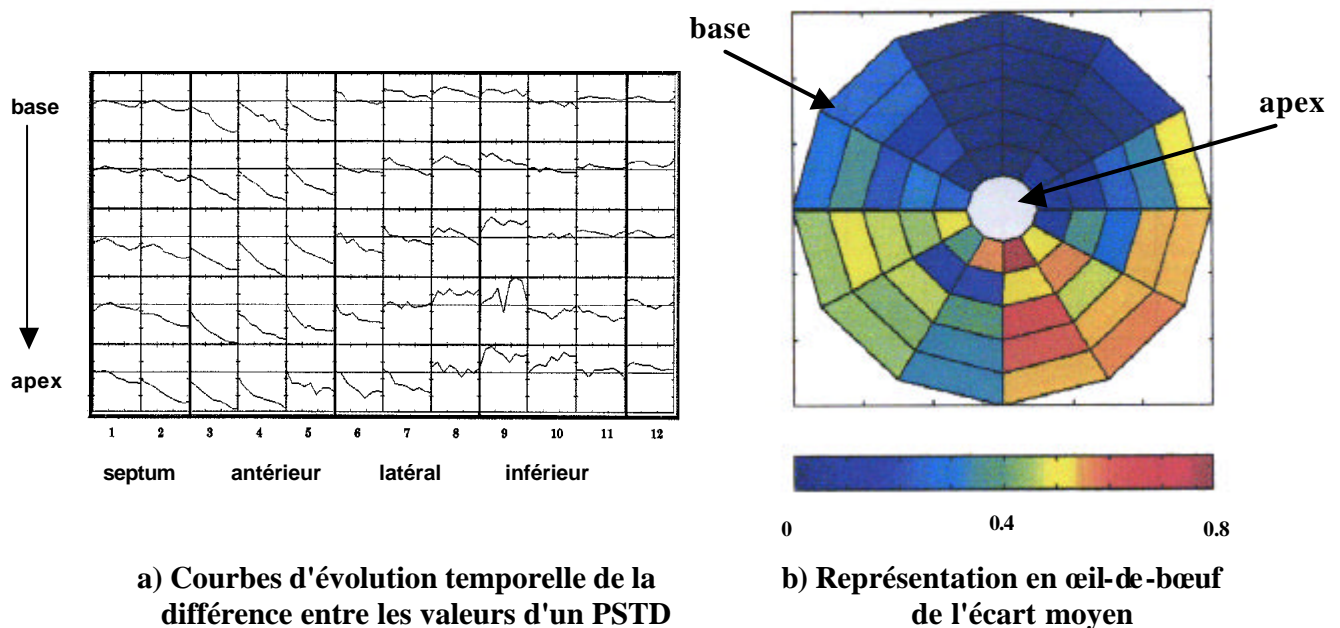


Fig. 2.8: Visualisation quantitative de l'écart entre un cas pathologique et une référence de cas sains (obtenue dans [Han99])

3 Localisation et suivi de la grille de tags : travail réalisé

3.1 Présentation générale

Les méthodes concernant la localisation et le suivi de la grille de tags exposées dans la partie précédente utilisent les contours actifs. Parmi ces méthodes, celle de [Amini98a] présente l'avantage de ne déplacer que les points d'intersections et de permettre l'intégration de propriétés de régularité par la définition d'une énergie interne, avec une modélisation continue et paramétrique. Mais les interventions manuelles restent indispensables pour obtenir des résultats corrects sur toutes les acquisitions. En fait, l'inconvénient majeur de toutes les méthodes utilisant la minimisation d'énergie est leur sensibilité au bruit. Or nos images sont relativement bruitées. Pour surmonter ce problème, Zhang et al. réalisent un filtrage dans l'espace de Fourier pour localiser les lignes de tags [Zhang96].

La méthode de suivi de la grille de tags que nous avons développée est donc basée sur la définition d'une grille de B-snakes (dont les points d'interpolation seront les points d'intersection) utilisant les informations extraites de la transformée de Fourier de chaque image.

Les paramètres nécessaires en entrée du programme sont :

- l'espace initial en pixels entre deux lignes de tag parallèles (valeur donnée dans l'entête DICOM)
- la position des contours myocardiques sur chaque image (méthode développée au chapitre suivant)

3.2 Suivi par grille de B-snakes

La méthode que nous avons développée utilise une grille de B-snakes construite par interpolation par splines cubiques entre les points d'interpolation, qui sont également ses points d'intersection. Par la suite, nous les numérotions (i,j) : i est le numéro de la ligne, j est le numéro de la colonne dans la grille. Un modèle de contour actif (snake) permet alors de suivre dans le temps la grille de tags par minimisation d'énergie en modifiant la position de ces points d'interpolation.

3.2.1 Expression de l'énergie

L'énergie E associée à la position de la grille est exprimée comme la somme d'une énergie interne $E_{interne}$ et d'une énergie image E_{image} , présentées dans les paragraphes suivants.

$$E = E_{interne} + E_{image}$$

3.2.1.1 Energie interne

L'énergie interne impose la régularité de l'ensemble de la grille. Pour notre application, nous avons choisi une somme pondérée de deux termes définis par Urayama et al. [Urayama00].

$$E_{interne} = E_{espacement} + E_{alignement}$$

- L'énergie $E_{espacement}$ assure un espacement régulier entre chaque point d'intersection (i,j) de la grille.

$$E_{espacement} = \sum_{(i,j)} w_{espacement} (i,j) \left[\left(\frac{1-r_1^2(i,j)}{1+r_1^2(i,j)} \right)^2 + \left(\frac{1-r_2^2(i,j)}{1+r_2^2(i,j)} \right)^2 \right]$$

avec $r_k(i,j)$: rapport entre les distances séparant le point d'intersection (i,j) avec ses deux intersections connexes dans la direction k (k=1 pour 45° et k=2 pour 135°)

On note que cette expression passe par un minimum (valeur 0) quand $r_1(i,j)=r_2(i,j)=1$ quelque soit (i,j), c'est-à-dire quand les points d'intersection sont régulièrement espacés.

- L'énergie $E_{alignement}$ assure l'alignement des points d'intersection connexes sur chaque ligne de la grille.

$$E_{alignement} = \sum_{(i,j)} w_{alignement} (i,j) \left[\cos^2 \left(\frac{\theta_1(i,j)}{2} \right) + \cos^2 \left(\frac{\theta_2(i,j)}{2} \right) \right]$$

avec $\theta_k(i,j)$: angle formé par le point d'intersection (i,j) et ses deux points d'intersection connexes dans la direction k (k=1 pour 45° et k=2 pour 135°)

On note que cette expression passe par un minimum (valeur 0) quand $\theta_1(i,j)=\theta_2(i,j)=180^\circ$ quelque soit (i,j), c'est-à-dire quand les points d'intersection situés sur une même ligne sont alignés.

3.2.1.2 Energie image

L'énergie image contrôle une attraction cohérente de la grille de splines vers la grille de tags. Nous l'avons définie comme étant la somme pondérée de deux termes.

$$E_{image} = E_{intensité} + E_{centre}$$

- L'énergie $E_{intensité}$ contrôle l'attraction de la grille de splines vers la grille de tags. Son évaluation nécessite donc la caractérisation des lignes de tag. C'est pourquoi nous avons testé plusieurs méthodes :

- La méthode la plus simple se basant sur l'intensité de l'image : le suivi était alors incorrect au niveau des contours myocardiques.

- La méthode de Young et al [Young99] (paragraphe 2.2.1.8, p.22) : les filtres lissants empêchent alors une bonne précision quand les tags sont déformés (pour nos séquences, dès la troisième image).
- La ligne de partage des eaux, technique présentée par Beucher [Beucher90] : les résultats sur la première image étaient alors assez satisfaisants, mais lorsque les tags s'effacent et que le bruit augmente, la détection n'est plus correcte (pour nos séquences, dès la deuxième image).
- La méthode de Kraitchman et al. [Kraitchman95] : l'image originale est convoluée avec un masque «détecteur d'intersections de tags » pour donner une image Q où les fortes intensités se situent au niveau des intersections de tags. Sachant que les lignes de tags ont une largeur d'environ 3 pixels, nous utilisons le masque suivant :

Afin de remédier à ce problème, la littérature nous a conduit à exploiter le filtrage dans l'espace de Fourier. En effet, la visualisation dans l'espace de Fourier (par FFT) d'une image IRM marquée en grille, comme sur la figure 3.1, montre plusieurs pics correspondant à la fréquence des tags, ainsi que d'autres pics parasites. Un filtrage dans cet espace (conservation uniquement des pics caractéristiques de la grille) et le retour dans l'espace image par FFT inverse permet d'obtenir des informations propres à la grille.

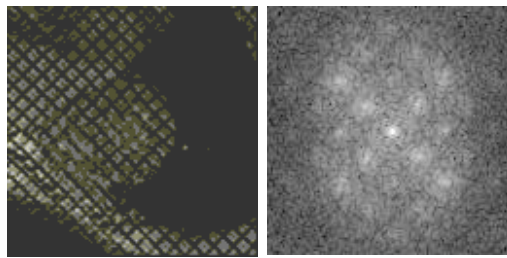


Fig. 3.1 : Calcul de la FFT de l'image initiale fenêtrée par Hanning.

Les travaux de Groot Koerkamp et al. [Groot99] et de Zhang et al. [Zhang96] exploitent la FFT pour localiser au mieux les tags.

Groot Koerkamp et al. [Groot99] augmentent tout d'abord le contraste des images en modifiant leur histogramme pour lui donner une forme analogue à l'histogramme de la première image de la série. Ils calculent ensuite la FFT de cette image. En ne gardant que 4 régions circulaires autour de 4 pics puis en calculant la FFT inverse, ils obtiennent approximativement après seuillage les points situés aux intersections et surtout les centres des carrés non marqués. Une croissance de région à partir de ces derniers sur l'image réhaussée donne naissance à un ensemble de régions : la position des lignes de tag détectées correspond au centre géométrique de la zone dont les contours sont les périmètres des régions.

L'utilisation de la FFT est différente chez Zhang et al. [Zhang96] où la grille de tags n'est pas inclinée et où les images sont très bruitées. L'image subit une égalisation locale d'histogramme avant le calcul de sa FFT, évitant ainsi les problèmes de pics parasites et de brouillage entre les pics, visibles dans l'espace de Fourier (fig.3.1 et 3.2). Afin de faciliter la segmentation, l'application de deux masques sur la FFT et le calcul des FFT inverses sépare les tags selon leurs

directions en deux images (fig.3.3). Chaque masque comporte deux ellipses situées autour de deux pics correspondant aux tags d'une direction donnée. La taille des ellipses est déterminée automatiquement en ajustant deux gaussiennes aux profils horizontaux et verticaux. Ceci est effectué sur chaque image de la séquence qui est ainsi séparée en deux séries d'images aux tags unidirectionnels et traitées séparément.

Les résultats de ces méthodes montrent les principaux avantages du filtrage dans l'espace de Fourier précédé d'un prétraitement : la robustesse face au bruit, aux discontinuités dues à la cavité cardiaque et à la diminution de visibilité des tags. Ce filtrage offre également la possibilité de séparer à priori les tags des deux directions en deux images.

Son inconvénient principal reste l'éventuelle perte de précision sur la position des tags lorsque ceux-ci sont très déformés.

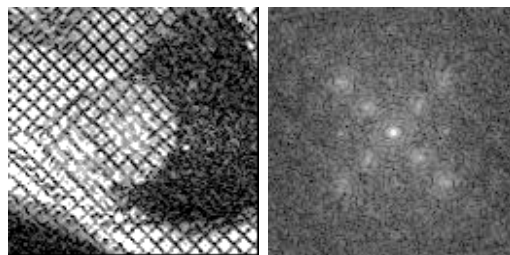


Fig. 3.2 : Calcul de la FFT de l'image initiale après égalisation d'histogramme et fenêtrage de Hanning.

Afin d'intégrer ce filtrage dans l'expression de l'énergie image, nous avons défini les étapes suivantes :

- a) Une simple égalisation d'histogramme constitue un bon prétraitement avant le calcul de la FFT (fig.4.2).
- b) Le passage dans l'espace de Fourier fait apparaître les pics correspondant aux tags.
- c) Le filtrage de la transformée de Fourier a été réalisé par deux masques établis automatiquement :

Ces masques sont constitués d'ellipses contenant les pics dus aux tags, ainsi que du pic central. Les ellipses doivent avoir une taille suffisante pour contenir toutes les informations apportées par les tags, mais pas trop élevée pour n'extraire idéalement que les tags. De plus, la déformation des tags au cours de la séquence rend les pics de plus en plus larges dans le domaine fréquentiel.

Comme dans [Zhang96], les axes des ellipses sont déterminés en ajustant des gaussiennes aux profils orientés à 45° et à 135° dans le spectre de Fourier. Le grand-axe et le petit-axe prennent chacun comme valeur quatre fois l'écart-type de la gaussienne correspondante, sans toutefois être inférieur à 12 pixels. Ces ellipses (1 à l'intérieur des ellipses, 0 ailleurs) sont lissées par un filtre passe-bas 3×3 pour éviter le phénomène de Gibbs.

- d) La FFT inverse permet de revenir dans l'espace image.
- e) Afin de mettre en évidence les tags (lignes sombres à 45° et à 135°), les images obtenues sont convoluées avec un masque de type dérivée seconde, dirigé orthogonalement aux lignes de tag extraites. Les valeurs les plus faibles sur les images obtenues correspondent alors aux tags, ce qui permet la minimisation d'énergie.

La figure 3.3 résume ces traitements qui aboutissent aux deux images notées I_1 (tags 45°) et I_2 (tags 135°).

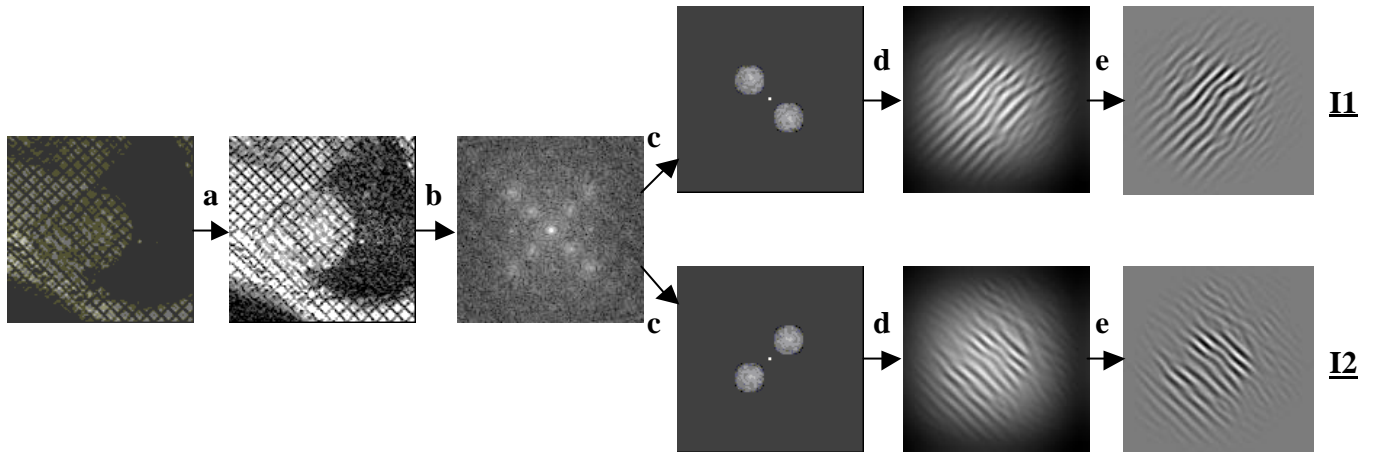


Fig. 3.3 : Obtention des images I_1 et I_2 : égalisation d'histogramme (a), FFT (b), multiplication par masques (c), FFT inverses (d) et filtrages directionnels de type dérivée seconde (e).

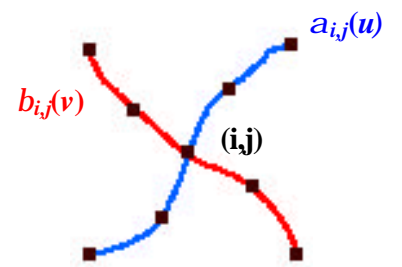
L'énergie $E_{intensité}$ va donc se baser bien évidemment sur les intensités des images I_1 , I_2 et également sur l'image Q (méthode de Kraitchman et al. [Kraitchman95], cf p.29) :

$$E_{intensité} = \sum_{(i,j)} \left(-w_{int1}(i,j) \cdot Q(i,j) + w_{int2}(i,j) \cdot \left(\int I_1(a_{ij}(u)) du + \int I_2(b_{ij}(v)) dv \right) \right)$$

avec

$a_{ij}(u)$ arc de spline centré sur (i,j) et de direction 45° :

$b_{ij}(v)$ arc de spline centré sur (i,j) et de direction 135° :



⋮ : points d'interpolation

Cette expression tient compte :

- de l'inverse de l'intensité de Q à la position des points d'intersections. Q possède en effet des intensités fortes au niveau des intersections de tags. Minimiser le terme d'énergie $-w_{int1} \cdot Q(i,j)$ va ainsi attirer les intersections de la grille de B-snakes vers les intersections de la grille de tags. Cette énergie permet d'utiliser directement les informations contenues dans l'image en évitant les pertes éventuelles de précision dues au passage dans l'espace de Fourier.

- de l'intensité de I_1 (resp. I_2) le long des lignes interpolées de la grille orientées à 45° (resp. 135°). On utilise donc les informations obtenues sur l'ensemble des lignes de tags grâce au terme pondéré par w_{int2} .
- L'énergie E_{centre} contrôle la cohérence de l'attraction des B-snakes vers les tags. Cette énergie que nous avons définie va intégrer une connaissance « à priori » de la déformation du myocarde durant la systole : le mouvement de contraction (chaque point du myocarde est attiré vers le centre de la cavité).

$$E_{centre} = \sum_{(i,j)} w_{centre}(i,j) \cdot distance(\text{centre de la cavité}, (i,j))$$

L'expression de cette énergie tient donc compte de la distance des points d'intersection au centre de la cavité, défini comme le barycentre du contour endocardique.

3.2.2 Pondérations des termes d'énergie

Toutes ces énergies $E_{intensité}$, E_{centre} , $E_{espacement}$ et $E_{alignement}$ possèdent dans leur expression des coefficients w_{int1} , w_{int2} , w_{centre} , $w_{espacement}$ et $w_{alignement}$, fonctions de (i,j) . Ces coefficients sont donc localement adaptatifs.

Comme nous pouvons déterminer si un point appartient au myocarde en utilisant les contours myocardiens, différencier les coefficients des points d'intersection appartenant au myocarde des coefficients des autres points devient possible. Dans la région intra-myocardique, les tags sont normalement visibles et se déforment, ce qui nous conduit à privilégier l'énergie image. En revanche, à l'extérieur du myocarde, la prépondérance de l'énergie interne permettra de conserver une forme correcte de la grille de B-snakes, même quand les tags ne sont pas visibles, notamment dans la région très sombre à droite du VG (correspondant au poumon).

Concernant les coefficients $w_{centre}(i,j)$, ce sont les connaissances de la contraction interne du myocarde pour un cœur sain qui nous permettent d'adapter leurs valeurs pour les points (i,j) du myocarde. Chaque point du myocarde est attiré vers le centre de la cavité d'autant plus fortement qu'il se trouve proche de l'endocarde. Les points d'intersections proche de l'endocarde auront alors un poids plus fort.

Les pondérations n'ont pour l'instant été adaptées que localement et de façon empirique dans notre application. La mise en place d'un protocole de définition automatique des coefficients (fonction de la pathologie par exemple) en constituerait une amélioration.

3.2.3 Minimisation d'énergie

L'énergie totale définie précédemment est exprimée comme la somme des valeurs d'une "fonction d'énergie" (égale à la somme pondérée des termes d'énergies) en tous les points d'interpolation (i,j) de la grille. La recherche de la position optimale des points d'interpolation à l'instant t+1 à partir des points solutions à l'instant t consistera à minimiser cette fonction en chaque point d'interpolation (i,j).

Pour chacun des points d'interpolation, la fonction d'énergie s'exprime par :

$$E(i, j) = w_{\text{espacement}}(i, j).E_{\text{espacement}}(i, j) + w_{\text{alignement}}(i, j).E_{\text{alignement}}(i, j) \\ + w_{\text{int1}}(i, j).E_{\text{int1}}(i, j) + w_{\text{int2}}(i, j).E_{\text{int2}}(i, j) + w_{\text{centre}}(i, j).E_{\text{centre}}(i, j)$$

$$\text{avec } E_{\text{espacement}}(i, j) = \left(\frac{1 - r_1^2(i, j)}{1 + r_1^2(i, j)} \right)^2 + \left(\frac{1 - r_2^2(i, j)}{1 + r_2^2(i, j)} \right)^2 \\ E_{\text{alignement}}(i, j) = \cos^2 \left(\frac{\mathbf{q}_1(i, j)}{2} \right) + \cos^2 \left(\frac{\mathbf{q}_2(i, j)}{2} \right) \\ E_{\text{int1}}(i, j) = -Q(i, j) \\ E_{\text{int2}}(i, j) = \int I_1(\mathbf{a}_{i,j}(u)) du + \int I_2(\mathbf{b}_{i,j}(v)) dv \\ E_{\text{centre}}(i, j) = \text{distance}(\text{centre de la cavité}, (i, j))$$

On note $P_t(i,j)$ la position d'un point d'interpolation (i,j) solution à l'instant t, donc correspondant idéalement à la position d'une intersection de tags à l'instant t. L'objectif est de déterminer $P_{t+1}(i,j)$ en se déplaçant à partir de $P_t(i,j)$:

- La recherche de $P_{t+1}(i,j)$ commence par le calcul des valeurs des énergies E_{int1} , E_{int2} , E_{centre} , $E_{\text{espacement}}$ et $E_{\text{alignement}}$ en chaque point d'un voisinage $N \times N$ constituant une fenêtre de recherche autour de $P_t(i,j)$ sur l'image à l'instant t+1, N étant paramétrable. Pour notre étude, N a été fixé de façon empirique à 5. La valeur N=3 est trop faible : la fenêtre de recherche ne contient alors pas toujours les pixels qui attireraient $P_t(i,j)$ vers $P_{t+1}(i,j)$, surtout si les tags se déforment beaucoup. La valeur N=7 donne sensiblement les mêmes résultats que la valeur N=5, mais augmente le temps de calcul.
- Pour chaque énergie, une normalisation locale suivie d'une inversion est effectuée. L'étalement local des valeurs entre 0 et 100 permet aux énergies de base (E_{int1} , E_{int2} , E_{centre} , E_{esp} et E_{align}) de prendre des valeurs comparables. L'inversion des valeurs permet d'augmenter la robustesse au bruit de la méthode en passant de la recherche par minimisation à la recherche d'un optimum (étape d).
- La somme pondérée des cinq énergies est calculée pour chaque point du voisinage.
- Le point d'interpolation, initialement à la position $P_t(i,j)$, prend alors la position du barycentre $B(i,j)$, ce qui augmente la robustesse de la méthode par rapport à un déplacement habituel vers le maximum.

La figure 3.4 résume ces différentes étapes. Les déplacements successifs de tous les points d'interpolation de la grille vers le barycentre associé constituent une itération de minimisation d'énergie de la grille. Pour déterminer $P_{t+1}(i,j)$ en tous les points d'interpolation, il faut effectuer plusieurs itérations jusqu'à la quasi-stabilisation de la grille, qui correspondra idéalement à la grille de tags.

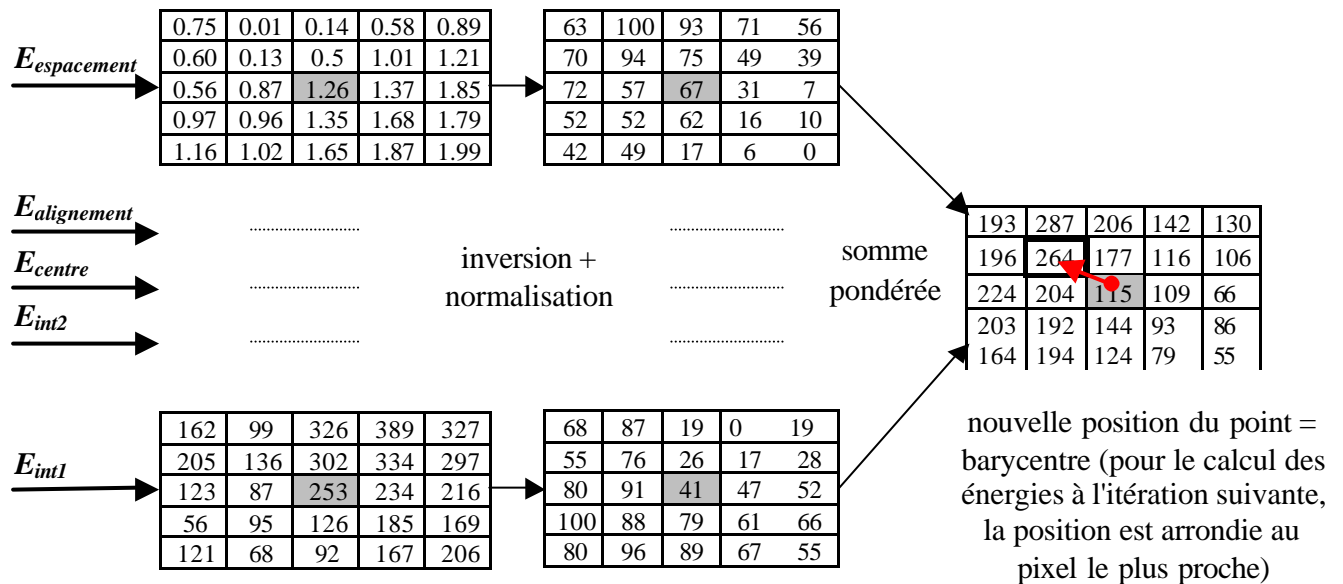


Fig. 3.4: Exemple de calcul de la nouvelle position d'un point d'interpolation lors d'une itération de minimisation d'énergie

3.3 Localisation des lignes de tags sur la première image de la séquence

La première image de la séquence ne peut pas se servir de la solution de l'image précédente pour initialiser la grille de B-snakes avant de la déformer par minimisation d'énergie. Il nous a donc fallu développer une méthode qui nous donne une initialisation correcte. Cette méthode est basée sur l'utilisation d'une grille régulière qui sera déformée par minimisation d'énergie de façon à définir précisément les lignes de tags. Cette méthode ne peut s'appliquer qu'à la première image de la séquence temporelle. Les lignes de tags sont alors bien visibles et peu déformées.

Après seuillage de l'image mettant en évidence les tags, la transformée de Hough nous donne l'orientation exacte des tags. De plus, nous connaissons également l'espace en pixels entre deux tags consécutifs, noté L , ainsi que la position du myocarde dans l'image (paramètres d'entrée du programme). Toutes ces informations sont suffisantes pour construire une grille régulière,

orientée suivant les tags et contenant le myocarde (fig.3.5.b). Afin de la faire correspondre à peu près aux tags, mais sans la déformer, la grille est translatée de un à $L/2$ pixels dans l'une des deux directions des tags. Pour chacune des positions, la somme des intensités des pixels de l'image situés sur cette grille est calculée, et la position correspondant au minimum est conservée. Le même traitement est effectué dans la direction orthogonale.

Cette translation rigide vers les intensités faibles permet d'approximer la position de la grille de tags par une grille régulière (fig.3.5.c). On peut donc la considérer comme une initialisation avant les itérations de la minimisation d'énergie (fig.3.5.d) définie précédemment, c'est-à-dire comme une solution d'une image précédente fictive qui aurait été acquise au même moment que la création des plans de tags.

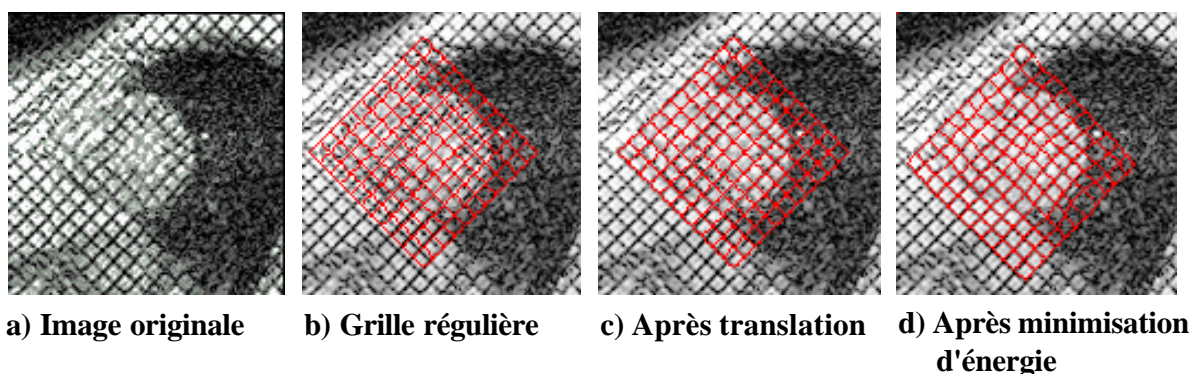


Fig. 3.5: Détection de la grille de tags sur la 1^{ère} image de la séquence

Les pondérations des énergies ne peuvent pas ici être fonctions de l'appartenance au myocarde puisque la position des tags n'est pas encore définie de façon précise par rapport au myocarde. En fait, sachant que sur la première image, les tags sont bien visibles et non déformés, l'énergie image sera prépondérante. Pour les images suivantes, on adaptera les pondérations grâce au résultat de cette segmentation.

3.4 Résultats

Le paramétrage du suivi de la grille de tags a été défini de manière empirique. Tout d'abord, la pondération des énergies de la grille de B-snakes a été fixée à ces valeurs :

	Intérieur du myocarde	Extérieur du myocarde
$W_{\text{espacement}}$	0	1
$W_{\text{alignement}}$	1	2
W_{int1}	2	0
W_{int2}	2	1
W_{centre}	compris entre 0 et 1 (1 près de l'endocarde)	0

On note la cohérence de ces valeurs empiriques : les points à l'intérieur du myocarde privilégient l'énergie image, alors que les points à l'extérieur du myocarde privilégie l'énergie interne. Concernant la minimisation, nous avons fixé à 6 le nombre d'itérations nécessaires, les résultats obtenus étant sensiblement les mêmes avec un nombre d'itérations plus élevé.

Implémenté sous le logiciel Pv-Wave version 7.0 (logiciel proche de Matlab), le suivi de la grille de tags sur les 8 premières images de la séquence (fig.3.6) est d'environ 3 minutes sur un Pentium 933MHz à 512Mo RAM.

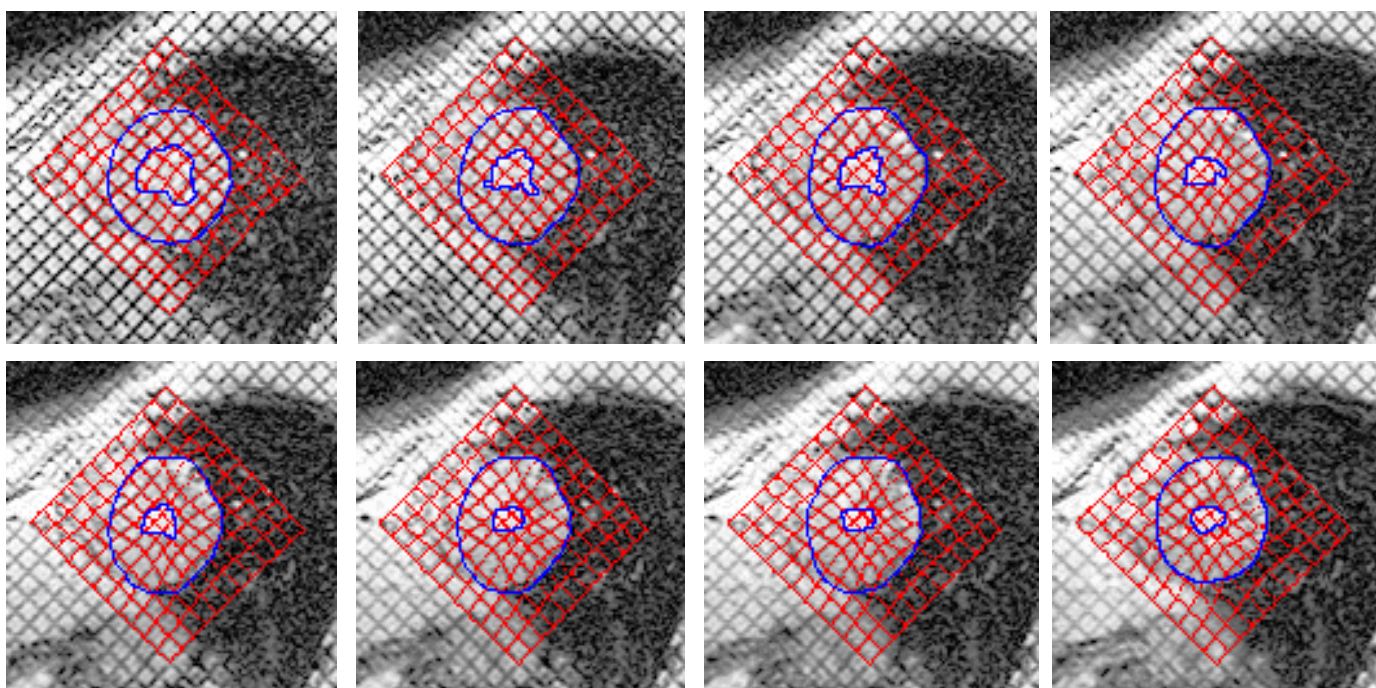


Fig. 3.6 : Résultat du suivi de la grille de tags par la grille de B-snakes sur les 8 premières images d'une séquence temporelle

--- grille de B-snakes
 --- contours myocardiques (tracé approximatif)

On observe sur la figure 3.6 que le suivi de la grille de tags est correct à l'intérieur du myocarde sur les 7 premières images de la séquence. Il existe en outre un emplacement dans le myocarde, en haut à droite sur les images de la figure 3.6, où la très mauvaise visibilité des tags empêche toute détection. La détection des tags sur les dernières images de la séquence est due à une mauvaise qualité de l'acquisition : les tags sur ces images ont quasiment disparu. A l'extérieur du myocarde, l'énergie interne assure une bonne régularité de la grille.

Les résultats obtenus sur les premières images de la séquence montrent que les tags sont **relativement bien détectés**, et que la proximité des contours endocardique et épicaudique ne pose pas de problèmes particuliers au suivi.

4 Localisation et suivi des contours myocardiques : travail réalisé

4.1 Présentation générale

Aucune méthode de localisation et de suivi des contours myocardiques adaptée aux séquences acquises au CHU d'Angers n'a été développée dans la littérature. L'algorithme exposé dans cette partie ne s'appuie donc pas sur des publications concernant l'analyse des images IRM marquées. Les propriétés observées sur une séquence temporelle IRM marquée telles que l'effacement rapide des tags dans la cavité cardiaque (dû à l'écoulement sanguin) et la mauvaises visibilité de l'épicarde au niveau du septum interventriculaire nous conduisent à localiser et suivre l'endocarde différemment de l'épicarde. Les deux méthodes développées ont pourtant un point commun : elles utilisent une "localisation approximative" en coordonnées polaires. Les paramètres d'entrée de l'algorithme sont :

- la position du centre de la cavité sur la première image de la séquence,
- un angle d'ouverture vers le poumon, définissant une partie bien visible du contour épicaordique (à droite, du côté du poumon) et ayant pour sommet le centre de la cavité.

4.2 Localisation approximative des contours myocardiques

Les traitements successifs appliqués sur une image sont les suivants (fig.4.1) :

- a) L'image originale est lissée en appliquant successivement deux filtrages gaussiens importants (masques 7x7 ou 9x9) dirigés suivant les orientations des tags. L'objectif de ce traitement consiste à éliminer presque totalement les tags.
- b) L'image lissée est représentée en coordonnées polaires (r, θ), avec pour origine ($r=0$) le centre de la cavité. L'image obtenue subit ensuite un lissage dans la direction verticale.
- c) Les contours verticaux sont détectés par la méthode 'Shift+XOR', réalisant un OU exclusif (XOR) entre l'image originale et l'image décalée d'un pixel vers la gauche. L'opération logique XOR est effectuée sur la valeur binaire de l'intensité de chaque pixel.
- d) Un seuillage de l'image résultat permet d'obtenir une détection complète au niveau de l'endocarde, alors que l'épicarde n'est obtenu que dans sa partie définie par l'angle d'ouverture vers le poumon. La partie non détectée est interpolée par une droite (partie bleue sur la figure 4.1d).
- e) Il suffit de revenir en coordonnées cartésiennes pour connaître la position (x, y) des points des contours alors détectés. Afin de faciliter leur représentation, les contours peuvent être échantillonnés et modélisés par une spline.

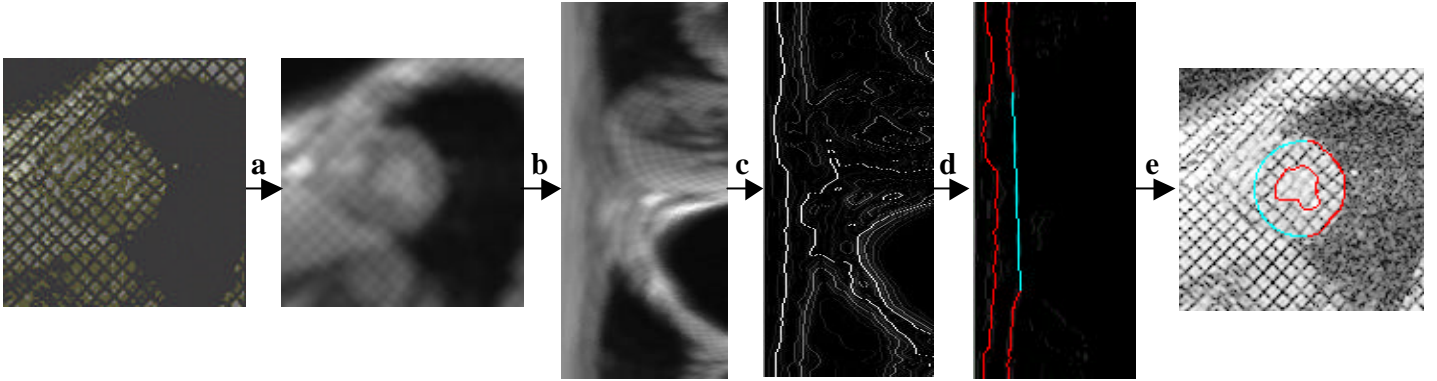


Fig. 4.1 : Détection approximative des contours myocardiques
 --- partie effectivement détectée
 --- partie interpolée

Aucune contrainte n'est actuellement fixée pour l'interpolation du contour épïcardique. Néanmoins, il sera nécessaire dans les développements futurs de ne pas autoriser une interpolation qui croiserait le contour endocardique. La définition d'une contrainte sera alors nécessaire.

4.3 Le contour épïcardique : suivi par contour actif

Le suivi du contour épïcardique sur les images de la séquences utilise un contour actif modélisé par une spline. Comme pour la grille de B-snakes, le contour est initialisé sur chaque image avec la solution de l'image précédente, et seuls les points d'interpolation se déplacent pour minimiser l'énergie. Sebbahi et al. [Sebbahi97] emploie ce modèle pour segmenter la cavité cardiaque sur différentes modalités d'acquisition. Dans notre application et pour la première image, c'est la détection approximative présentée dans le paragraphe précédent qui sert d'initialisation. Chaque point d'interpolation $P(i)$ étant défini par un numéro i , l'énergie s'exprime par :

$$E = E_{interne} + E_{image}$$

- L'énergie interne $E_{interne}$ assure que le snake ne se déforme pas trop par rapport à sa position initiale avant minimisation :

$$E_{interne} = \sum_i w_{interne}(i).distance(P(i), P_{initiale}(i))$$

En effet, le contour épïcardique bouge peu lors d'une contraction.

- L'énergie image E_{image} assure une attraction cohérente de la spline vers le contour épïcardique. Cette énergie est basée sur l'intensité de l'image obtenue après les traitements suivants (fig.4.2) :
 a) Une égalisation d'histogramme permet de rehausser les contrastes.

- b) Une fermeture morphologique en niveaux de gris, par un masque de taille égale à l'espace entre les lignes de tags (ici 5x5), permet d'éliminer les tags et de rendre le contour épicaudique continu, tout en le dégradant le moins possible du côté du poumon.
- c) Un lissage réduit les artéfacts en blocs, apparus après la fermeture morphologique.
- d) Un filtrage gradient suivi d'une inversion des valeurs (méthode largement employée pour définir l'énergie image des contours actifs) donne des valeurs d'intensités faibles au niveau des discontinuités de niveaux de gris.

$$E_{image} = \sum_i w_{image}(i) \cdot \int -\nabla I_F(a_i(u)) du$$

avec I_F intensité de l'image après égalisation d'histogramme, fermeture, lissage
 $a_i(u)$ arc de spline centré sur $P(i)$
 ∇ opérateur gradient

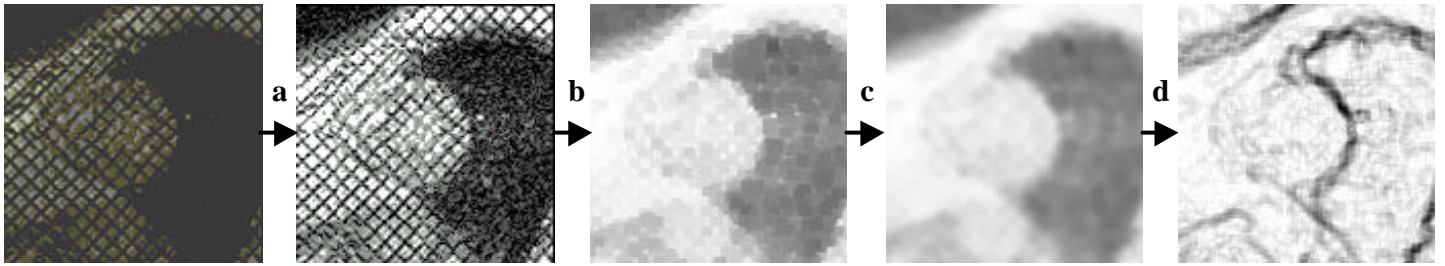


Fig. 4.2 : Obtention de l'image I_F et de l'inverse de son gradient

Les pondérations $w_{interne}(i)$ et $w_{image}(i)$ s'adaptent localement :

- Pour les points d'interpolation à l'intérieur de l'angle d'ouverture vers le poumon, on privilégie w_{image} car le contour est bien visible à cet endroit de l'image.
- Pour les autres points, on privilégie $w_{interne}$. A cause de la mauvaise visibilité, les gradients élevés ne correspondent pas forcément à l'épicarde.

La minimisation d'énergie utilisée pour la détection de l'épicarde se base sur la méthode développée pour le suivi de la grille de tags, sauf que la fenêtre de recherche pour chaque point d'interpolation est cette fois un segment 1D dirigé vers le centre de la cavité (fig.4.3), afin d'éviter que les points ne se déplacent inutilement de façon circonférentielle.

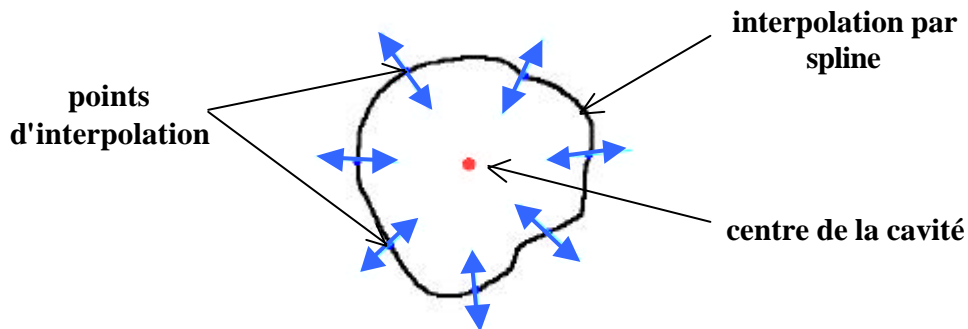


Fig. 4.3 : Suivi par contour actif modélisé par une spline : les points d'interpolation se déplacent dans la direction du rayon

4.4 Le contour endocardique : utilisation de la croissance de région

La détection du contour endocardique tient compte d'une propriété importante des images de la séquence : à l'intérieur de la cavité cardiaque, les tags s'effacent rapidement à cause de l'écoulement du sang, ce qui est visible sur la figure 4.4. Sur la première image acquise juste après la phase de marquage, ils sont encore visibles, mais disparaissent dès la seconde image de la séquence. La cavité cardiaque est alors de plus en plus visible parce que le sang a une intensité forte sur les images. Nous allons donc exploiter cette particularité pour détecter le contour endocardique.

Sur la première image, la détection approximative donne un résultat assez satisfaisant (fig.4.1). Etant donné que les tags sont encore présents dans la cavité et que même manuellement le tracé du contour endocardique n'est pas évident, nous considérerons ce résultat comme la détection finale sur la première image.

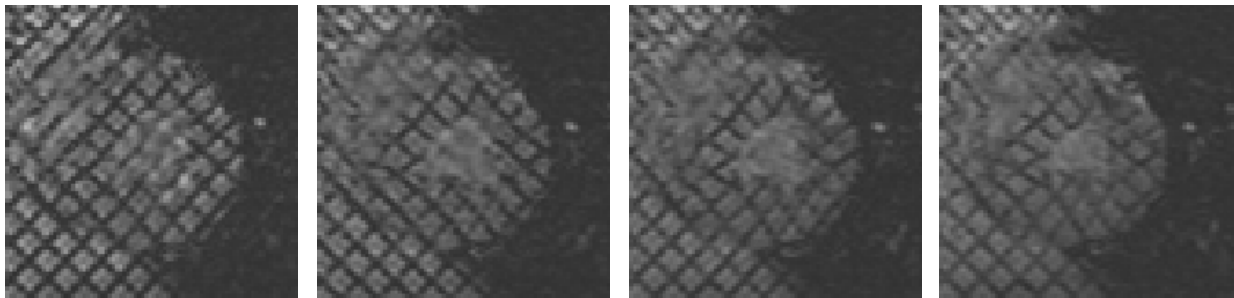


Fig. 4.4 : Dès la 2^{ème} image acquise, les tags ont disparu dans la cavité cardiaque

Pour les instants suivants, les tags ayant disparu, détecter la cavité (donc le contour endocardique) revient à détecter une région homogène de forte intensité. Un algorithme utilisant la croissance de région semble donc tout à fait approprié. Pour chaque image, les étapes de détection sont les suivantes (fig.4.5) :

- a) La position approximative du centre de la cavité est calculée en prenant le barycentre du contour endocardique détecté à l'instant précédent.
- b) On réalise une détection approximative du contour en coordonnées polaires (paragraphe 4.2) à partir de ce centre.
- c) La région interne au contour détecté est érodée afin de servir de région initiale (germe) à la croissance de région.
- d) Un algorithme de croissance de région est appliqué à partir du germe défini précédemment. L'appartenance d'un pixel connexe est déterminée en calculant la différence entre l'intensité du pixel et la moyenne de la région. Le critère d'appartenance est vérifié si cette différence est inférieure à un seuil d'appartenance. Tous les pixels connexes à la région sont inspectés avant d'inclure ceux qui vérifient le critère. A chaque itération (analyse des points connexes à la région précédente), la moyenne de la région est recalculée. Le seuil d'appartenance est calculé comme un pourcentage de la moyenne des intensités des pixels appartenant à la région, et peut donc prendre successivement plusieurs valeurs au cours de la croissance.
- e) Le contour endocardique détecté correspond alors au contour interne de la région obtenue.

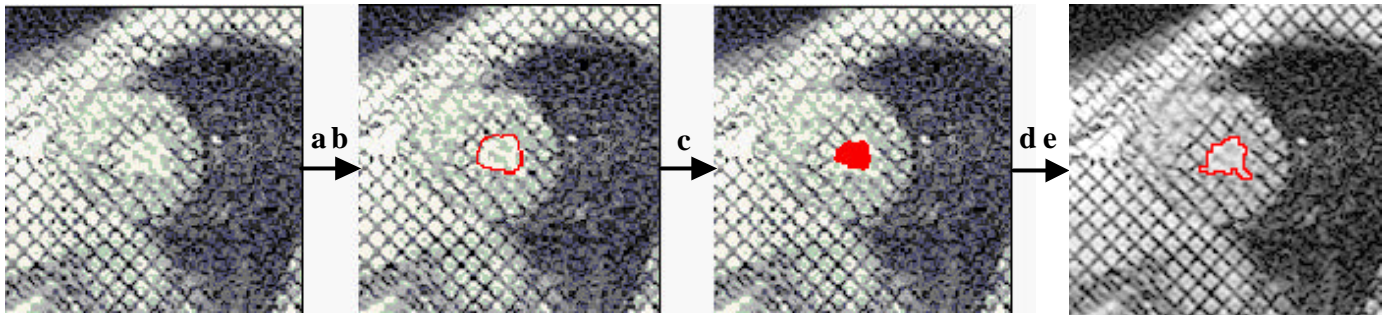


Fig. 4.5 : Etapes de la détection du contour endocardique (2^{ème} image d'une séquence)

4.5 Résultats

Le paramétrage du suivi des contours a été effectué de manière empirique.

Concernant le contour endocardique, le seuil d'appartenance pour la croissance de région constitue la seule valeur numérique à fournir. Il a été fixé empiriquement à 25% de la moyenne des intensités des pixels de la région. Un seuil à 20 ou 30% ne change pas le résultat. La détection du contour endocardique sur 8 images de la séquence prend 12s de temps de calcul sur un Pentium 933MHz à 512Mo RAM.

Concernant le contour épicaudique, nous avons défini de façon empirique les paramètres du contour actif, soit :

- L'angle d'ouverture vers le poumon : 150°.
- Les pondérations des énergies interne et externe pour les points situés :
 - dans l'angle d'ouverture vers le poumon (à gauche) : $w_{image} = 2$ et $w_{interne} = 1$,
 - ailleurs : $w_{image} = 1$ et $w_{interne} = 3$.
- La taille de la fenêtre de recherche : c'est un segment de 11 pixels (centré sur le point d'interpolation et dirigé vers le centre de la cavité).
- Le nombre d'itérations : 8 itérations sont suffisantes.

Implémentés sous Pw-Wave, la détection et le suivi du contour épicaudique sur 8 images de la séquence prend 34s de temps de calcul sur un Pentium 933MHz à 512Mo RAM.

La figure 4.6 affiche les contours détectés en rouge sur une série de 8 images dont l'histogramme a été égalisé afin d'améliorer la visibilité.

La visualisation des contours détectés sur les images permet d'apprécier qualitativement les résultats obtenus. Une évaluation plus complète réalisée par des cardiologues sur plusieurs acquisitions de patients sains et pathologiques sera bien sûr nécessaire pour une utilisation en routine de ce logiciel.

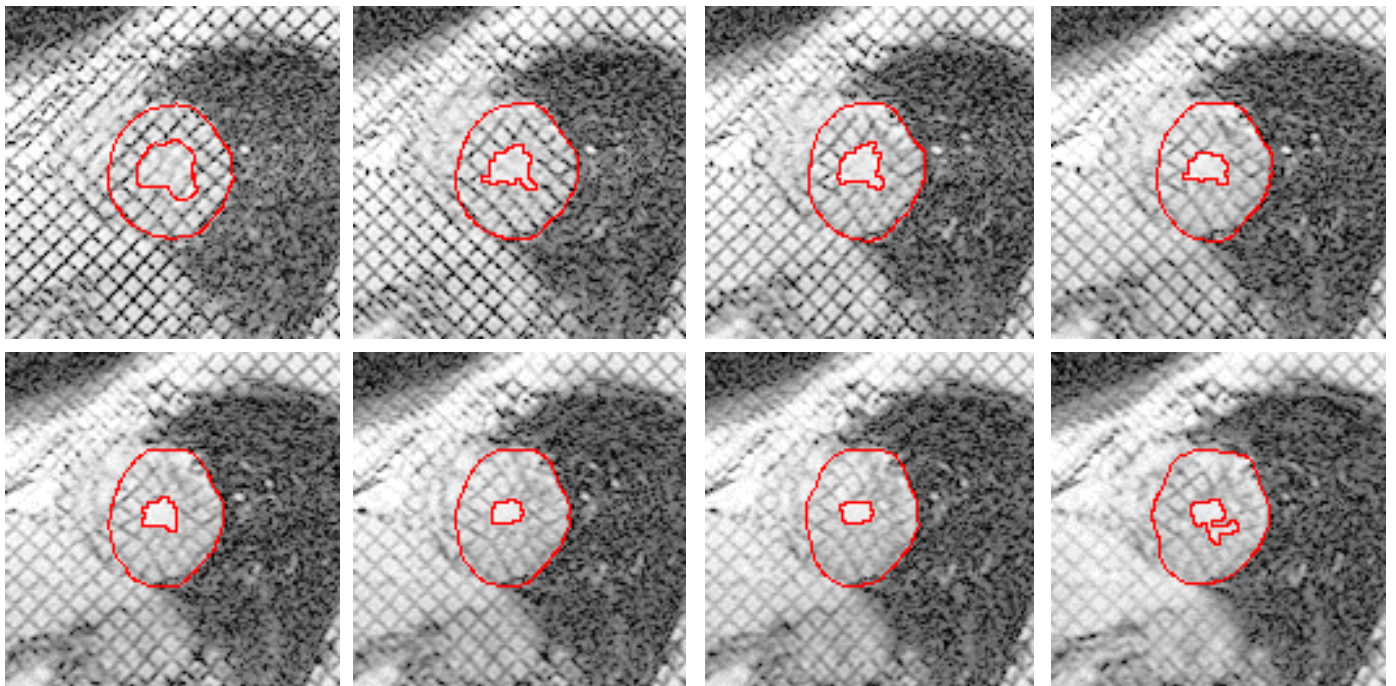


Fig. 4.6: Résultats de la localisation des contours myocardiques sur les 8 premières images d'une séquence temporelle

La segmentation sur la première image semble bonne même si elle fait apparaître des contours lissés (endocarde) ou interpolés (épicarde), mais l'évaluation visuelle est difficile sur cette image.

Aux instants suivants, la détection du contour endocardique délimite une région homogène et de forte intensité correspondant à la cavité, ce qui est satisfaisant. La méthode, utilisant la croissance de région, montre pourtant ses limites lorsqu'on l'applique aux images plus bruitées, où les tags s'effacent et donc où les intensités de la cavité et des pixels non marqués du myocarde sont très similaires. Sur la figure 4.6, à partir de la 8ème image, la croissance de région n'est plus adaptée.

Le contour épicardique a une déformation beaucoup plus limitée que le contour endocardique. Son suivi au cours de la séquence s'en trouve facilité, et il est tout à fait correct dans sa partie visible du côté du poumon. Au niveau du septum (du côté gauche sur les images), les résultats obtenus sont cohérents, mais restent à être évalués par un spécialiste.

5 Discussion et perspectives

5.1 Discussion

Les premiers résultats obtenus sont très encourageants. Ils restent néanmoins à les évaluer sur un nombre plus important d'acquisitions (de patients sains et pathologiques) par un cardiologue.

Les algorithmes de localisation et de suivi des contours myocardiques que nous avons développés sont quasiment automatiques et adaptés à une acquisition classique d'IRM marquée (marquage suivant une grille et non pas unidirectionnel). En fait, le seul paramètre d'entrée est le centre approximatif de la cavité cardiaque sur la première image de la séquence temporelle. Pour l'instant, la position de ce centre est définie manuellement et l'utilisateur doit donc interagir en début d'exécution du programme.

La mise à profit du logiciel de segmentation automatique d'IRM non marquée développé par Balzer [Balzer99] et implémenté au CHU d'Angers pourrait permettre d'éviter cette intervention. En effet, une partie du logiciel détermine automatiquement le centre de la cavité sur des images IRM cardiaques non marquées, avant la détection des contours. Basée sur la croissance de région, cette méthode détecte principalement les cavités cardiaques. La sommation sur plusieurs niveaux de coupes permet ensuite d'éliminer la cavité du ventricule droit qui n'apparaît pas sur les coupes proches de l'apex. Les tests du logiciel sur nos images marquées fortement lissés (filtrages gaussiens à 45° puis à 135°) ont donné des résultats corrects, mais l'inconvénient du logiciel reste sa spécificité aux images acquises au CHU d'Angers.

Une amélioration consiste à utiliser la caractéristique des cavités cardiaques sur les images IRM cardiaques marquées d'une même phase (2^{me} ou 3^{me} phase) : l'absence de tags.

- Un seuillage préalable permet de détecter les régions très sombres où les tags sont invisibles (poumon, fond de l'image). Ces régions ne seront par la suite pas pris en compte.
- Le filtrage consiste ensuite à calculer pour chaque pixel l'écart-type de son voisinage et à construire une carte d'écart-types : quand l'écart-type est faible, le pixel est situé dans une région homogène (donc sans tag) correspondant idéalement à une cavité cardiaque.
- Comme dans [Balzer99], la sommation sur plusieurs niveaux de coupes permettra d'éliminer la cavité du ventricule droit ainsi que d'autres petites régions.
- Le seuillage gardera finalement les valeurs les plus faibles situées au niveau de la cavité du ventricule gauche.

Les premiers tests de cette méthode sont très encourageants, mais nous ne disposons pas de séquences IRM cardiaques marquées possédant des coupes assez proches de l'apex.

La détection de l'endocarde sur chaque image de la séquence constitue un point sensible de l'algorithme. En effet, la croissance de région semble peu adaptée pour les images de fin de systole où la cavité cardiaque se rétrécit beaucoup. Une amélioration consisterait à prendre en compte la forme et la position de la cavité cardiaque obtenue après la localisation approximative sur la première image. Ceci permettrait d'éviter certains problèmes dus à la croissance de région.

5.2 Perspectives du laboratoire

Dans ce travail, la localisation et le suivi des tags et des contours ne s'appliquent qu'à des acquisitions petit-axe. Le calcul de paramètres locaux de déformation 3D passe pourtant nécessairement par l'analyse automatique des coupes grand-axe. Et si le suivi des tags horizontaux sur ces images semble largement faisable, la détection des contours myocardiques paraît beaucoup plus complexe. Après la reconstruction 3D ou 4D, la collaboration avec les cardiologues sera capitale pour la définition des paramètres de déformation et surtout leurs modes de représentation, ainsi que pour une validation clinique des résultats.

6 Conclusion

La méthode que nous avons développée pour le suivi de la grille utilise un modèle de contour actif et donne des résultats plus satisfaisants que ceux présentés dans la littérature (méthode plus robuste au bruit et aux discontinuités dues à la cavité cardiaque). La détection des contours endocardique et épicaudique est entièrement automatique et satisfaisante alors que la littérature fait toujours état de détection manuelle des contours lors de l'analyse des IRM cardiaques marquées.

Lors d'une validation clinique, les spécialistes devront évaluer ses résultats sur des acquisitions réalisées sur des cœurs pathologiques.

Bibliographie

- [Amini98a] A.Amini, Y.Chen, R.Curwen, V.Mani et J.Sun, "Coupled B-snake grids and constrained thin-plate splines for analysis of 2-D tissue deformations from tagged MRI", *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol.17, n°3, pp.344-356, 1998.
- [Amini98b] A.Amini, J.Huang, A.Klein, P.Radeva et M.Elayyadi, "Flexible shape for segmentation and tracking of cardiovascular data", *Proc. IEEE International Conference on Image Processing*, pp.5-9, 1998.
- [Balzer99] P.Balzer, "Détection des contours endocardiques et épicaudiques du ventricule gauche en IRM cardiaque sans initialisation manuelle. Evaluation de la méthode et application à l'étude régionale de la fonction ventriculaire gauche", *Thèse* - Université d'Angers, 1999.
- [Beucher90] S.Beucher, "Segmentation d'images et morphologie mathématique", *Thèse* - Ecole Nationale Supérieure des Mines de Paris, 1990.
- [Chen01] Q.Chen, V.Mai, A.Bankier, V.Napadow, R.Gilbert, R.Edelman, "Ultrafast MR grid-tagging sequence for assessment of local mechanical properties of the lungs", *Magnetic Resonance in Medicine*, vol.45, n°1, pp.24-28, 2001.
- [Clarysse00] P.Clarysse, C.Basset, L.Khouas, P.Croisille, D.Friboulet, C.Odet et I.Magnin, "Two-dimensional spatial and temporal displacement and deformation field fitting from cardiac magnetic resonance tagging", *Medical Image Analysis*, vol.4, pp.253-268, 2000.
- [Cocquerez95] J-P.Cocquerez et S.Philipp, "Analyse d'images : filtrage et segmentation", *Edition Masson*, 1995.
- [Croisille98] P.Croisille, M.Guttman, E.Atlar, E.McVeigh et E.Zerhouni, "Precision of myocardial contour estimation from tagged MR images with a "black-blood" technique", *Academic Radiology*, vol.5, n°2, pp.93-100, 1998.
- [Declerck98] J.Declerck, N.Ayache et E.McVeigh, "Use of a 4D planispheric transformation for the tracking and the analysis of the LV motion with tagged MR images", *Rapport de recherche INRIA n°3535*, 1998.
- [Declerck00] J.Declerck, T.Denney, C.Ozturk, W.O'Dell et E.McVeigh, "Left ventricular motion reconstruction from planar tagged MR images : a comparaison", *Physics in Medicine and Biology*, vol.45, pp.1611-1632, 2000.

- [Denney95] T.Denney et J.Prince, "Reconstruction of 3D left ventricular motion from planar tagged cardiac MR images : an estimation theoretic approach", *IEEE transactions on medical imaging*, vol.14, pp.625-635, 1995.
- [Guttman94] M.Guttman, J.Prince et E.McVeigh, "Tag and contour detection in tagged MR images of the left ventricle", *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol.13, n°1, pp.74-88, 1994.
- [Guttman97] M.Guttman, E.Zerhouni et E.McVeigh, "Analysis of cardiac function from MR images", *IEEE Computer Graphics and Applications*, vol.17, n°1, pp.30-38, 1997.
- [Groot99] M.Groot Koerkamp, G.Snoep, A.Muijtjens, G.Kemerink, "Improving contrast and tracking of tags in cardiac magnetic resonance images", *Magnetic Resonance in Medicine*, vol.41, pp.973-982, 1999.
- [Haber00] I.Haber, D.Metaxas et L.Axel, "Three-dimensional motion reconstruction and analysis of the right ventricle using tagged MRI", *Medical Image Analysis*, vol.4, n°4, pp.335-355, 2000.
- [Han99] M.Han, "Analyse exploratoire de la déformation spatio-temporelle du myocarde à partir de l'imagerie par résonance magnétique de marquage tissulaire", *Thèse – Laboratoire CREATIS (Lyon) UMR CNRS 5515*, 1999.
- [Huang99] J.Huang, D.Abendschein, V.Davila-Roman et A.Amini, "Spatio-temporal tracking of myocardial deformations with a 4D Bspline model from tagged MRI", *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol.18, n°10, pp.957-972, 1999.
- [Kass88] M.Kass, A.Witkin et D.Terzopoulos, "Snakes: Active contour models", *International Journal of Computer Vision*, vol.1, pp.321-331, 1988.
- [Kerwin99] W.Kerwin et J.Prince, "Tracking MR tag surfaces using a spatio-temporal filter and interpolator", *International Journal of Imaging Systems and Technology*, vol.10, n°2, pp.128-142, 1999.
- [Kraitchman95] D.Kraitchman, A.Young, C.Chang et L.Axel, "Semi-automatic tracking of myocardial motion in MR tagged images", *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol.14, n°3, pp.422-433, 1995.
- [Kumar94] S.Kumar et D.Goldgof, "Automatic tracking of SPAMM grid and the estimation of deformation parameters from cardiac MR images", *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol.13, n°1, pp.122-132, 1994.
- [Lee97] D.Lee, J.T.Kent et K.V.Mardia, "Tracking of tagged MR images by Bayesian analysis of a network of quads", *XVth International Conference on Information Processing in Medical Imaging*, 1997.

- [McVeigh96] E.McVeigh, "MRI of myocardial function: motion tracking techniques", *Magnetic Resonance Imaging*, vol.14, n°2, pp.137-150, 1996.
- [Moore00] C.Moore, C.Lugo-Olivieri, E.Mcveigh et E.Zerhouni, "Three-dimensional systolic strain patterns in the normal human left ventricle : Characterization with tagged MR imaging", *Radiology*, vol.214, n°2, pp.453-466, 2000.
- [Moulton96] M.Moulton, L.Creswell, S.Downing, R.Actis, B.Szabo, M.Vannier et M.Pasque, "Spline surface interpolation for calculating 3D ventricular strains from MRI tissue tagging", *American Journal of Physiology*, vol.270, pp.281-297, 1996.
- [O'Dell95] W.O'Dell, C.Moore, W.Hunter, E.Zerhouni et E.McVeigh, "Displacement field fitting for calculating 3D myocardial deformations from tagged MR images", *Radiology*, vol.195, pp.829-835, 1995.
- [Ozturk99] C.Ozturk et E.McVeigh, "Four dimensional B-spline based motion analysis of tagged cardiac MR images", *SPIE Medical Imaging Conference*, San Diego, 1999.
- [Prince00] J.Prince, S.Gupta et N.Osman, "Bandpass optical flow for tagged MRI", *Medical Physics*, vol.27, n°1, pp.108-118, 2000.
- [Radeva97] P.Radeva, A.Amini et J.Huang, "Deformable B-solids and implicit snakes for 3D localization and tracking of SPAMM MRI data", *Computer Vision and Image Understanding*, vol.66, pp.163-178, 1997.
- [Reichek99] N.Reichek, "MRI Myocardial Tagging", *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, vol.10, pp.609-616, 1999.
- [Sebbahi97] A.Sebbahi, A.Herment, A.de Cesare et E.Mousseaux, "Multimodality cardiovascular image segmentation using a deformable contour model", *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol.21, n°2, pp.79-89, 1997.
- [Stuber98] M.Stuber, E.Nagel, S.Fischer, M.Spiegel, M.Scheidegger et P.Boesiger, "Quantification of the local heartwall motion by magnetic resonance myocardial tagging", *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol.22, n°3, pp.217-228, 1998.
- [Urayama00] S.Urayama, T.Matsuda, N.Sugimoto, S.Mizuta, N.Yamada et C.Uyama, "Detailed motion analysis of the left ventricular myocardium using an MR tagging method with a dense grid", *Magnetic Resonance in Medicine*, vol.44, pp.73-82, 2000.
- [Young95] A.Young, D.Kraitchman, L.Dougherty et L.Axel, "Tracking and finite element analysis of stripe deformation in magnetic resonance tagging", *IEEE transactions on medical imaging*, vol.14, n°3, pp.413-421, 1995.

- [Young99] A.Young, "Model tags : direct three-dimensional tracking of heart wall motion from tagged MR images", *Medical Image Analysis*, vol.3, n°4, pp.361-372, 1999.
- [Zhang96] S.Zhang, M.Douglas, L.Yaroslavsky, R.Summers, V.Dilsizian, L.Fananapazir et S.Bacharach, "A Fourier based algorithm for tracking SPAMM tags in gated magnetic resonance cardiac images", *Medical Physics*, vol.23, n°8, pp.1359-1369, 1996.