



HAL
open science

Introduction d'un modèle de respiration dans une méthode de recalage à partir de points d'intérêt d'images TEP et TDM du poumon

Sylvie Chambon, Antonio Moreno, Anand Santhanam, Roberto Brocardo, Jannick Rolland, Elsa Angelini, Isabelle Bloch

► To cite this version:

Sylvie Chambon, Antonio Moreno, Anand Santhanam, Roberto Brocardo, Jannick Rolland, et al.. Introduction d'un modèle de respiration dans une méthode de recalage à partir de points d'intérêt d'images TEP et TDM du poumon. RFIA 2008, Jan 2008, Amiens, France. pp.779-788. <hal-00309012>

HAL Id: hal-00309012

<https://hal.science/hal-00309012v1>

Submitted on 5 Aug 2008

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

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



HAL Authorization

Introduction d'un modèle de respiration dans une méthode de recalage à partir de points d'intérêt d'images TEP et TDM du poumon

Using a breathing model for landmark-based CT-PET lung registration

S. Chambon¹ A. Moreno¹ A. P. Santhanam^{2,3} R. Brocardo¹ J. P. Rolland² E. Angelini¹ I. Bloch¹

¹ ENST, GET - Télécom Paris, CNRS UMR 5141 LTCI - Paris, France

² ODA Lab, University of Central Florida, USA

³ Department of Radiation Oncology, MD Anderson Cancer Center Orlando, USA

{Sylvie.Chambon,Antonio.Moreno,Elsa.Angelini,Isabelle.Bloch}@enst.fr , {anand,jannick}@odalab.ucf.edu

Résumé

Nous nous plaçons dans le cadre du recalage 3D entre images tomodensitométriques (TDM), acquises à deux instants du cycle respiratoire, et images de tomographie par émission de positons (TEP), en imagerie thoracique. Pour garantir des déformations physiologiquement réalistes, nous proposons une nouvelle approche qui permet d'introduire un modèle de respiration dans une méthode de recalage non linéaire. Le recalage mis en œuvre s'appuie sur une détection automatique de points d'intérêt en exploitant la courbure de la surface du poumon. La rigidité des tumeurs éventuelles est préservée pendant le recalage, tout en garantissant la continuité de la déformation. Les résultats obtenus sur un cas normal et quatre cas pathologiques montrent que cette nouvelle technique de recalage prend mieux en compte les déformations physiologiques du poumon.

Mots Clef

Imagerie médicale, poumon, recalage, TDM, TEP, points d'intérêt, modèle de respiration.

Abstract

This paper deals with the problem of 3D registration of Computed Tomography (CT) images (at two different instants of the breathing cycle) and Positron Emission Tomography (PET) images of thoracic regions. In order to guarantee physiologically plausible deformations, we present a novel method to incorporate a breathing model in a non-linear registration procedure. Our registration method is based on an automatic selection of landmark points based on the curvature of the lung surface. The rigidity of the potential tumors is preserved during the registration, while guaranteeing a continuous deformation. Initial results on one normal case and four pathological cases demonstrate the interest of this method to significantly improve the accuracy of multi-modal volume registration.

Keywords

Medical imaging, lungs, registration, CT, PET, landmarks, breathing model.

1 Introduction

Le recalage multi-modal est utilisé dans de nombreuses méthodes qui visent des applications diagnostiques et thérapeutiques. En particulier, le recalage d'images tomodensitométriques (TDM) et d'images de tomographie par émission de positons (TEP), en imagerie thoracique, permet d'associer des informations complémentaires sur la nature et la localisation des tumeurs du poumon [27]. Un recalage linéaire ne permet pas de prendre en compte les déformations dues aux mouvements respiratoires. Il existe des machines combinées TEP/TDM qui permettent de limiter les différences d'orientation du patient entre les différentes acquisitions et de supposer que les images sont recalées linéairement. Malheureusement, ces techniques ne permettent pas de résoudre les problèmes liés à la respiration. C'est la raison pour laquelle il est nécessaire de mettre en œuvre un recalage non linéaire [25].

Nous pouvons distinguer deux types de méthodes de recalage non linéaire : les méthodes iconiques qui s'appuient sur l'utilisation d'une mesure de similarité entre les images à recaler et les méthodes géométriques qui nécessitent une mise en correspondance de points d'intérêt [9, 15, 29].

Dans la plupart de ces méthodes, les connaissances physiologiques sur le corps humain sont ignorées. Utiliser une mise en correspondance de points d'intérêt anatomiques permet déjà une première approche pour tenter d'intégrer des caractéristiques physiologiques dans le processus de recalage. Une grande partie des méthodes à base de points d'intérêt utilisent l'information de courbure. Cependant, peu d'articles exposent la manière de détecter ces points d'intérêt [3, 19]. Une deuxième approche consiste à introduire un modèle de respiration au cours de l'estimation du recalage. Alors qu'il existe de nombreux travaux prenant en compte un modèle de respiration pour la visualisation, pour corriger des artefacts dans les images acquises ou pour

estimer les déformations d'un poumon lors d'une radiothérapie, peu de méthodes prennent en compte ce type de modèle pour réaliser un recalage multi-modal.

Nous proposons une approche pour introduire un modèle 3D surfacique du poumon au cours du cycle respiratoire dans une méthode de recalage afin de garantir des déformations physiologiquement réalistes. Nous nous appuyons sur l'utilisation de deux volumes TDM et d'un volume TEP, illustrés sur la figure 1 (sur une coupe). Les deux volumes TDM correspondent à deux instants du cycle respiratoire, alors que l'image 3D TEP est moyennée au cours de la respiration. De plus, nous introduisons une méthode de détection automatique de points d'intérêt s'appuyant sur la courbure.

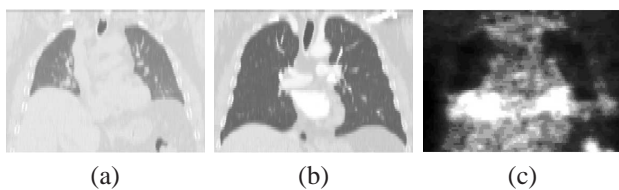


FIG. 1 – Vue coronale des images TDM à deux instants du cycle respiratoire (a) et (b) et l'image TEP correspondante (c) pour un même patient.

Après avoir résumé, dans la deuxième section, les travaux existants sur les modèles de respiration et les méthodes de recalage associées, nous décrirons le modèle de respiration que nous utilisons. Ensuite, dans une troisième section nous détaillerons la méthodologie mise en œuvre pour intégrer ce modèle dans une méthode de recalage non linéaire avec contrainte de rigidité sur les tumeurs. Dans cette partie, nous décrirons particulièrement la manière avec laquelle nous avons détecté automatiquement les points d'intérêt sur la surface du poumon, en utilisant la courbure. La quatrième section nous permettra de détailler comment nous avons utilisé notre méthodologie pour intégrer le modèle de respiration choisi dans notre méthode de recalage. Enfin, en dernière section, nous exposerons les résultats qui mettent en évidence le gain de précision apporté par la méthode proposée.

2 Modèles de respiration et recalage

2.1 Prise en compte de la respiration

Les techniques de radiothérapie avec asservissement respiratoire sont de plus en plus développées afin d'améliorer l'irradiation des tumeurs abdominales ou pulmonaires. La prise en compte des mouvements dus à la respiration peut être réalisée à deux niveaux : au cours de la reconstruction des volumes 3D ou au cours du traitement. Dans le cas de la reconstruction des volumes, les méthodes proposées sont dépendantes du matériel [5, 17]. Dans le cas des méthodes qui effectuent une prise en compte au cours du traitement, nous avons distingué trois catégories de méthodes :

– *Les méthodes actives* – Le patient est acteur de son trai-

tement. À l'aide d'un appareil mesurant le volume et le débit de sa respiration (un spiromètre), il visualise en temps réel son cycle respiratoire et bloque sa respiration à des instants donnés où l'irradiation de la tumeur sera la plus efficace.

– *Les méthodes passives* – Une méthode d'asservissement au mouvement, *gating*, est mise en œuvre, c'est-à-dire que le système est capable de détecter les mouvements et de couper automatiquement la respiration du patient. Nous pouvons différencier les méthodes par suivi de marqueurs [14, 23] (ce sont des méthodes invasives, la plupart du temps) et des méthodes empiriques qui s'appuient sur des acquisitions préliminaires [10, 18].

– *Les méthodes à base de modèle* – Il s'agit des méthodes les plus difficiles à mettre en œuvre mais elles permettent un meilleur suivi de la surface du poumon. Elles s'appuient, le plus souvent, sur un modèle de respiration [21].

Nous nous intéressons particulièrement aux dernières méthodes décrites car elles permettent une plus grande précision pour suivre la surface du poumon au cours du cycle respiratoire et, à l'opposé des méthodes passives, elles ne nécessitent pas une mise en œuvre délicate au niveau du traitement radiothérapeutique.

2.2 Méthodes à base de modèle

De nombreux modèles de respiration ont déjà été développés. Nous pouvons distinguer deux catégories de modèles : géométriques ou physiques.

Modèles géométriques – La méthode géométrique la plus populaire s'appuie sur les NURBS, *Non-Uniform Rational B-Spline*. Une surface NURBS, exprimée par un rapport entre B-Splines, est une représentation paramétrique bidirectionnelle d'un objet. Le modèle NCAT, *NURBS-based cardiac-torso*, a été proposé pour modéliser les variations cardiaques sur des images SPECT/TEMP (*Single photon computed tomography*, tomographie à émission monophotonique) [24]. Une approche multi-résolution est proposée dans [18] pour des images de résonance magnétique (IRM) 4D. Dans [6], le modèle NCAT est utilisé pour générer, à partir d'une image TDM originale, des images TDM et effectuer un recalage élastique.

Modèles physiques – Les modèles physiques permettent de décrire l'influence du flux d'air à l'intérieur du poumon. Dans de nombreux cas, l'estimation de ce modèle nécessite l'utilisation d'un coordinateur actif de la respiration ou ABC, *Active Breathing Coordinator* [21]. Ce système permet d'acquérir des images du poumon à différents instants du cycle respiratoire avec le volume d'air réel présent dans les poumons. D'autres méthodes s'appuient sur une relation entre la pression et le volume (PV) [30]. Dans [13, 26], les auteurs supposent que la relation entre la pression et le volume peut être modélisée par une fonction sigmoïdale et proposent une méthode pour estimer les paramètres de cette fonction. Dans [16], le modèle distingue les zones déformables et non déformables dans le poumon.

Nous avons choisi d'utiliser un modèle physique car les modèles de ce type sont facilement adaptables pour simuler les mouvements du poumon spécifiques à un patient.

2.3 Modèle physique 3D de la surface du poumon

Le modèle de respiration que nous utilisons a été initialement présenté dans [20] et sa construction, à partir d'un ensemble de volumes TDM acquis pour un patient de référence, comporte les deux étapes suivantes :

1. estimation des paramètres de la relation PV, qui joue le rôle d'ABC ;
2. estimation des déformations à partir des images TDM 4D.

Ce modèle va nous permettre de générer des maillages dont les nœuds correspondent aux points de la surface du poumon, à différents instants du cycle respiratoire. Dans l'étape 1, à partir d'une relation PV calculée sur un patient de référence (cas normal), le volume et la forme du poumon 3D sont simulés à différents instants du cycle respiratoire. Pour l'étape 2, les vecteurs de déplacement des nœuds estimés à partir des images TDM 4D du patient de référence sont utilisés comme initialisation. La direction et l'amplitude des déplacements des points sur la surface du poumon sont estimées en respectant la contrainte d'évolution linéaire du volume, c'est-à-dire le fait que l'étirement des tissus pulmonaires est linéairement dépendant de l'augmentation du volume du poumon. La totalité des forces appliquées à chaque nœud (qui est relative au flux d'air dans le poumon, c'est-à-dire à la croissance des régions alvéolaires) est estimée à partir de la relation PV (étape 1) et de l'orientation du poumon (pour prendre en compte l'effet de la gravité). Une déformation physique s'appuyant sur l'estimation d'une fonction de Green est ensuite exploitée pour déformer les maillages 3D. Ces fonctions comportent un facteur physiologique (qui représente l'élasticité des tissus et la croissance des régions alvéolaires) et un facteur structurel (la distance entre les différents nœuds du maillage). Pour estimer ces différents facteurs, une approche itérative est utilisée : à chaque étape, la force associée à chaque nœud est localement mise à jour en prenant en compte les nœuds voisins (la croissance alvéolaire est localement normalisée). L'algorithme s'arrête lorsque les forces sont équilibrées. Cette approche a été évaluée à partir d'un ensemble d'images TDM obtenues pour un patient au cours du cycle respiratoire [20] et est toujours en cours de validation. De plus, une extension de ce travail est de réaliser un modèle de respiration dans différents cas pathologiques. Cependant, le but de ce travail ne consiste pas à améliorer le modèle de respiration mais à proposer une méthodologie permettant d'intégrer ce modèle de respiration dans une méthode de recalage non linéaire afin d'obtenir des déformations du poumon physiologiquement plausibles. De plus, le niveau de développement actuel de ce modèle est suffisant pour répondre à l'objectif que nous

fixons : intégrer des contraintes physiologiques réalistes dans une méthode de recalage.

3 Intégration du modèle de respiration dans une méthode de recalage

Nous proposons d'introduire le modèle de respiration décrit ci-dessus dans une méthode de recalage entre images multi-modales du thorax. Le principe de la méthode est décrit dans le schéma de la figure 2.

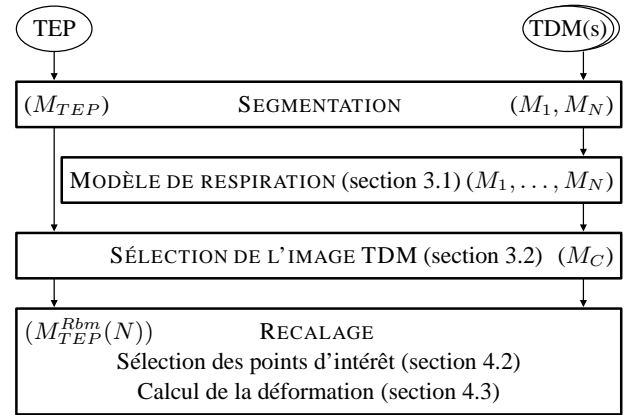


FIG. 2 – Principe du recalage entre images TDM et TEP en utilisant un modèle de respiration.

Les données de départ comportent un volume acquis en TEP et deux volumes acquis en TDM sur le même patient, à deux instants différents du cycle respiratoire (la plupart du temps, en fin d'expiration et en fin d'inspiration). Pour certains patients, nous avons aussi un volume TEP de transmission. Une première étape de segmentation est réalisée pour obtenir les surfaces des poumons dans les trois images. Premièrement, les images TDM sont segmentées selon une méthode qui utilise la morphologie mathématique et des tests de cohérence qui garantissent des résultats réalistes par rapport aux connaissances anatomiques. Pour segmenter les images TEP, nous initialisons la procédure avec les poumons segmentés sur l'image TEP de transmission (si elle est disponible) ou avec les poumons segmentés sur l'image TDM (si les examens ont été acquis avec une machine TDM/TEP combinée). Deuxièmement, les images TEP (de transmission ou non) sont segmentées en utilisant la même méthode de segmentation que pour les images TDM. La segmentation des poumons sur les images TEP reste une tâche difficile, en particulier quand il n'y a pas d'images pour l'initialisation, mais l'introduction de connaissances anatomiques avec les tests de cohérence améliore notablement la robustesse de notre méthode [11]. Ensuite, les surfaces obtenues sont maillées. Dans les cas pathologiques, les tumeurs sont également segmentées. Les étapes suivantes sont décrites dans cette section et dans la section 4.

3.1 Modèle de respiration adapté au patient

Nous avons choisi d'utiliser le modèle présenté au paragraphe 2.3 car il s'agit d'un des rares modèles de respiration qui nous permette d'introduire des contraintes physiologiques. Les contraintes que nous utilisons sont simples (nous exploitons les directions données par le modèle de référence) et elles sont plausibles physiologiquement. Pour l'instant, le modèle s'appuie sur des données de référence pour un patient sain mais cette première approximation du mouvement du poumon au cours du cycle respiratoire peut être utilisée dans un cas pathologique.

Pour chaque patient, à partir des TDM connues à deux instants du cycle respiratoire, des instants intermédiaires sont estimés. Pour cela le déplacement de chaque point de la surface des poumons est estimé de la manière suivante :

1. les directions sont données par le modèle de respiration générique, calculé sur des données 4D de référence ;
2. les amplitudes de déplacement sont en revanche spécifiques au patient et sont déterminées à partir des deux instants connus.

Ainsi, connaissant les directions des déplacements (point 1), les amplitudes des déplacements sont déterminées grâce aux deux volumes TDM (point 2). Ensuite, ces déplacements sont utilisés pour initialiser les paramètres de la fonction de Green. Enfin, une fois ces paramètres estimés, les instants intermédiaires sont générés. Nous les appelons maillages TDM simulés.

3.2 Sélection de l'image TDM la plus proche

L'image TEP est une image acquise sur une durée longue pendant laquelle le patient respire normalement. La forme des poumons est donc une forme moyenne, qui ne correspond pas exactement à un instant du cycle respiratoire. Cependant, nous montrons que le recalage est amélioré en recalant d'abord l'image TEP sur le maillage TDM le plus proche, puis en appliquant le modèle de respiration pour recalculer l'image TEP avec n'importe quel instant, par exemple l'instant d'inspiration maximale. Pour cela nous calculons le maillage TDM le plus proche de celui issu de l'image TEP. Soient M_1, M_2, \dots, M_N les maillages TDM simulés, avec M_1 correspondant à l'expiration maximale et M_N à l'inspiration maximale. Le modèle de respiration nous fournit une série de transformations $\phi_{i,j}$ entre deux instants : $M_j = \phi_{i,j}(M_i)$. Soit M_{TEP} le maillage issu de l'image TEP segmentée. Le maillage TDM le plus proche est estimé en minimisant un critère C :

$$M_C = \arg \min_i C(M_i, M_{TEP}). \quad (1)$$

Ici, le critère choisi est simplement une distance quadratique moyenne :

$$C(M, A) = \sqrt{\frac{1}{2}[d_{RMS}(M, A)^2 + d_{RMS}(A, M)^2]}$$

avec $d_{RMS}(M, A) = \sqrt{\frac{1}{|M|} \sum_{p \in M} D(p, A)^2}$ et $D(p, A) = [\min_{q \in A} d(p, q)]$ où d est la distance euclidienne.

3.3 Déformation de l'image TEP

Pour recalculer le maillage TEP sur le maillage TDM de fin d'inspiration M_N , deux méthodes sont envisageables, illustrées sur la figure 3.

Dans une première méthode, le maillage TEP est d'abord recalé sur le maillage TDM le plus proche :

$$M_{TEP}^r(C) = f^r(M_{TEP}, M_C), \quad (2)$$

où $M_{TEP}^r(C)$ désigne le maillage TEP recalé sur M_C . La transformation fournie par le modèle de respiration peut alors être appliquée à ce maillage recalé jusqu'à l'instant souhaité, d'inspiration maximale par exemple :

$$M_{TEP}^{Rbm}(N) = \Phi_{C,N}(M_{TEP}^r(C)) \quad (3)$$

$$\Phi_{C,N} = \phi_{N-1,N} \circ \dots \circ \phi_{C+1,C+2} \circ \phi_{C,C+1}. \quad (4)$$

Une deuxième méthode, directe, consiste à recalculer directement M_{TEP} sur M_N pour fournir un maillage TEP déformé $M_{TEP}^{Rd}(N)$ défini par :

$$M_{TEP}^{Rd}(N) = f^{Rd}(M_{TEP}, M_N). \quad (5)$$

Ce type de calcul peut être réalisé pour n'importe quel autre instant du cycle, en remplaçant M_N par M_i . Cette approche n'utilise aucune autre information anatomique que les surfaces des poumons, et ne garantit pas que le résultat soit réaliste du point de vue physiologique. La première méthode semble donc préférable, ce qui sera confirmé par nos premiers résultats.

Les transformations f^r et f^{Rd} peuvent être obtenues par n'importe quelle méthode de recalage adaptée au problème.

4 Recalage dans les cas pathologiques

La méthode proposée pour exploiter le modèle de respiration peut être appliquée à beaucoup de méthodes de recalage. Nous en décrivons une ici, adaptée aux cas pathologiques et aux images multi-modales (TEP et TDM ici).

4.1 Principe de la méthode de recalage

La méthode proposée antérieurement dans [12] permet de prendre en compte les pathologies dans le recalage en leur imposant des contraintes de rigidité et en garantissant des déformations continues et régulières. L'hypothèse de rigidité des tumeurs est pertinente puisque les tumeurs sont souvent des masses compactes de tissus pathologiques, qui ne suivent donc pas le mouvement d'expansion alvéolaire, et a été validée en première approximation par des médecins. Le principe de la méthode est le suivant : des points de

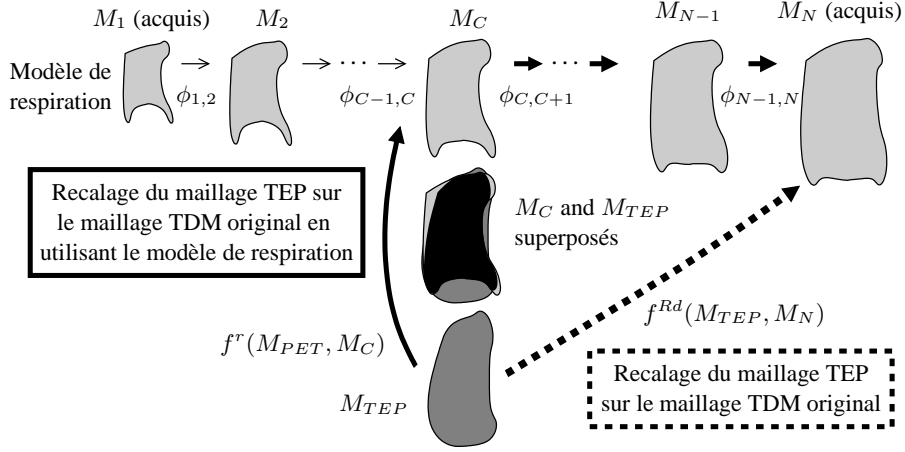


FIG. 3 – Deux schémas de recalage du maillage TEP (M_{TEP}) sur le maillage TDM de fin d’inspiration (M_N). Le maillage M_C est le plus proche de M_{TEP} .

repère sont définis sur la surface des structures segmentées (la sélection de ces points est discutée dans le paragraphe suivant), afin de guider la déformation entre les volumes TEP et TDM. La déformation en chaque point est ensuite définie par interpolation, en fonction de la structure à laquelle le point appartient, et par pondération en fonction de la distance aux points d’intérêt, ce qui garantit la continuité de la transformation. Plus précisément, le vecteur de déplacement $\mathbf{f}(\mathbf{t})$ associé à chaque point \mathbf{t} est de la forme :

$$\mathbf{f}(\mathbf{t}) = \mathbf{L}(\mathbf{t}) + \sum_{j=1}^{N_{\mathcal{L}}} \mathbf{b}_j \sigma(\mathbf{t}, \mathbf{t}_j). \quad (6)$$

Le terme $N_{\mathcal{L}}$ est le nombre de points d’intérêt \mathbf{t}_j . Le premier terme de l’équation (6) est un terme linéaire qui correspond à la somme pondérée des transformations linéaires associées à chaque structure rigide. Les poids sont inversement proportionnels à la distance entre le point \mathbf{t} et chacune des tumeurs. Le deuxième terme de l’équation (6) est non linéaire et s’appuie sur une modélisation par surfaces de type plaque mince [4]. Il repose sur une interpolation fondée sur les correspondances des points d’intérêt. La contribution de la méthode proposée porte sur l’estimation des poids \mathbf{b}_j appliqués à chaque correspondance. La forme de ces poids permet d’exprimer une contrainte de rigidité sur les tumeurs à deux niveaux :

- plus \mathbf{t} est proche d’une structure rigide, plus le poids sera faible donc plus le terme non-linéaire perdra de son influence ;
- plus le point d’intérêt \mathbf{t}_j est proche d’une structure rigide, plus le poids sera faible pour ce point d’intérêt qui contribuera peu dans le terme non-linéaire.

4.2 Sélection des points d’intérêt

Pour estimer l’ensemble des paramètres de la transformation présentée au paragraphe précédent, il est nécessaire de détecter et mettre en correspondance des points d’intérêt sur les deux volumes à recalcr. Ainsi, la qualité du

recalage dépend de cette sélection et de la mise en correspondance associée. Nous détectons des voxels d’intérêt, mais des primitives plus complexes peuvent aussi être utilisées [1]. La sélection peut être manuelle (c’est le cas dans de nombreuses méthodes) [28], semi-automatique [7], ou automatique [19]. La sélection manuelle est fastidieuse et longue. Dans [7], les auteurs mettent en évidence l’intérêt d’utiliser une méthode semi-automatique qui permet d’intégrer les connaissances d’experts dans un processus automatique. La sélection automatique permet de réduire considérablement les temps de traitement et d’obtenir une bonne précision. La plupart des méthodes automatiques utilisent la courbure. Des méthodes plus sophistiquées combinent une méthode par auto-corrélation et la courbure [3].

Nous supposons que les points anatomiques caractéristiques, c’est-à-dire qui fournissent une information significative pour estimer la déformation du poumon, correspondent à des points de fortes courbures sur la surface du poumon. Ainsi, nous avons choisi d’effectuer une sélection automatique s’appuyant sur la courbure gaussienne et la courbure moyenne. De plus, afin de prendre en compte la forme de toute la surface du poumon, nous proposons d’obtenir une répartition « pseudo-uniforme ». Notre algorithme s’appuie sur les étapes suivantes :

1. calcul de la courbure pour chaque voxel de la surface du poumon ;
2. classement des voxels dans l’ordre décroissant des valeurs absolues des courbures ;
3. sélection des voxels en utilisant la courbure et un critère de distance (cet aspect est détaillé dans le paragraphe suivant) ;
4. si l’on souhaite une sélection « pseudo-uniforme », ajout de voxels dans les zones où la courbure est nulle.

Les courbures moyennes et gaussiennes ont été estimées sur les volumes, c’est-à-dire, les images tridimensionnelles binaires résultant de la segmentation des poumons, en nous

appuyant sur les formules analytiques de la courbure [1]. Les dérivées ont été calculées en utilisant les différences finies.

Dans l'étape 3, nous considérons $\mathcal{V} = \{\mathbf{v}_i\}_{i=0..N_S}$, l'ensemble des voxels par ordre décroissant des valeurs absolues de la courbure, avec N_S le nombre de voxels sur la surface, et $\mathcal{V}_L = \{\mathbf{v}_{L_i}\}_{i=0..N_L}$, l'ensemble des points d'intérêt, avec N_L le nombre de points d'intérêt. Pour chaque voxel $\mathbf{v}_i \in \mathcal{V}$ (pour $i = 0$ à N_S) avec une courbure non nulle, nous ajoutons \mathbf{v}_i dans \mathcal{V}_L , si $\forall \mathbf{v}_j \in \mathcal{V}_L$, $d_g(\mathbf{v}_i, \mathbf{v}_j) > T$ où d_g est la distance géodésique sur la surface du poumon et T est un seuil à choisir. Avec ce type de sélection, certaines zones (les zones plates, à courbure nulle) ne contiendront aucun point d'intérêt, c'est pourquoi nous avons ajouté l'étape 4 : pour chaque voxel sur la surface du poumon $\mathbf{v}_i \in \mathcal{V}$ avec une courbure nulle, s'il n'y a aucun voxel tel que $\mathbf{v}_j \in \mathcal{V}_L$ avec $d_g(\mathbf{v}_i, \mathbf{v}_j) < T$, alors nous ajoutons \mathbf{v}_i à \mathcal{V}_L .

La distance géodésique sur la surface est calculée par une méthode de propagation de type chanfrein, conditionnelle à la surface. La méthode utilisée est proche de l'algorithme de Dijkstra qui permet de trouver le chemin le plus court entre deux points [8, p. 129]. Nous ne prenons en compte que les voxels de la surface du poumon et la connexité utilisée pour la propagation comprend les voxels dans un voisinage $3 \times 3 \times 3$ du voxel courant.

Quatre variantes ont été testées :

1. MOY – Courbure moyenne sans répartition uniforme ;
2. GAU – Courbure gaussienne sans répartition uniforme ;
3. NONUNI – Courbures moyenne et gaussienne sans répartition uniforme ;
4. UNI – Courbures moyenne et gaussienne avec répartition « pseudo-uniforme ».

Lorsque les deux types de courbures sont utilisées (méthodes NONUNI et UNI), l'ensemble \mathcal{V} correspond à une fusion des voxels par ordre décroissant de courbure moyenne et gaussienne, en prenant alternativement un voxel de chaque ensemble de courbures. Ces stratégies sont comparées dans la figure 4. Les résultats donnés par MOY et GAU sont très différents et l'intérêt de les combiner est illustré par les résultats obtenus avec NONUNI. La méthode UNI permet d'ajouter des points dans les zones localement plates, ainsi que l'illustre la figure 4.

4.3 Recalage avec contraintes de rigidité et modèle de respiration

La combinaison de tous les éléments présentés précédemment conduit à proposer le schéma de recalage suivant dans les cas pathologiques :

1. calcul du maillage TDM (M_C) le plus proche de celui du TEP ;
2. sélection des points d'intérêt sur le maillage TDM (M_C) selon la procédure décrite au paragraphe 4.2 ;

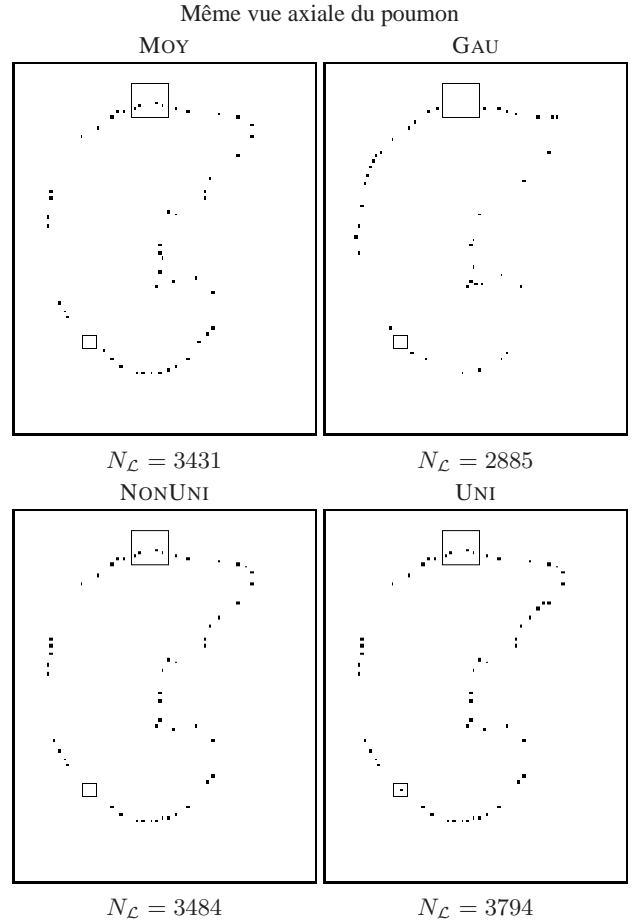


FIG. 4 – Sélection des points d'intérêt – Dans chaque image, deux régions sont identifiées par des rectangles. Dans le plus grand rectangle, il n'y a pas de points détectés par la méthode GAU alors qu'il y en a avec la méthode MOY. Avec la méthode de fusion, MOY-GAU, ces points ont été conservés. Dans le plus petit rectangle, aucun point n'est sélectionné, quelle que soit la courbure utilisée. La méthode MOY-GAU-UNI permet bien d'obtenir un point dans cette région.

3. estimation des points correspondant aux points d'intérêt sur le maillage TEP (M_{TEP}) par la méthode géométrique *Iterative Closest Point* (ICP) [2] ;
4. suivi des points d'intérêt depuis M_C jusqu'à M_N en utilisant le modèle de respiration décrit au paragraphe 3.1 ;
5. recalage des images TEP et TDM originales en utilisant les correspondances estimées et la méthode résumée dans le paragraphe 4.1.

Dans l'étape (2), les quatre variantes de sélection présentées plus haut peuvent être utilisées. Nous avons testé ces quatre variantes et nous avons mis en évidence la meilleure variante (c'est-à-dire celle qui permet d'obtenir le recalage le plus réaliste) qui consiste à utiliser les deux types de courbure et une répartition « pseudo-uniforme » (méthode

UNI). Le modèle de respiration utilisé dans l'étape (4) garantit que la correspondance entre les points est correcte et conforme à l'anatomie (les points qui ont été mis en correspondance sont bien la représentation du même point anatomique car on a bien suivi les déformations des poumons pendant le cycle respiratoire).

5 Expérimentations

5.1 Volumes testés

Nous avons appliqué notre méthode sur un cas normal et quatre cas pathologiques possédant une tumeur. Pour chaque cas, nous avons un volume TEP (de taille $144 \times 144 \times 203$ avec une résolution de $4 \times 4 \times 4 \text{ mm}^3$ à $168 \times 168 \times 329$ avec une résolution de $4 \times 4 \times 3 \text{ mm}^3$) et deux volumes TDM (de taille $256 \times 256 \times 55$ avec une résolution de $1.42 \times 1.42 \times 5 \text{ mm}^3$ à $512 \times 512 \times 138$ avec une résolution de $0.98 \times 0.98 \times 5 \text{ mm}^3$) obtenus à respiration bloquée, en inspirations maximale et intermédiaire, avec différents systèmes d'acquisition. Le modèle de respiration a été initialisé grâce aux maillages extraits de la segmentation du poumon. Dix maillages intermédiaires qui correspondent à différents instants du cycle respiratoire, à intervalles réguliers, ont été générés et comparés au volume TEP original. Chaque maillage possède plus de 40000 nœuds. Dans toutes les figures de cette section, les exemples sont fournis en 2D. Dans la figure 5, nous illustrons le type de résultats obtenus lorsqu'on compare le volume TEP et deux volumes TDM : le volume simulé le plus proche et le volume en fin d'inspiration.



$$C(M_C, M_{TEP}) = 12.1 \text{ mm} \quad C(M_N, M_{TEP}) = 24.2 \text{ mm}$$

FIG. 5 – Superposition des contours obtenus pour la même coupe TEP (en noir) et deux coupes TDM (en gris) à deux instants du cycle respiratoire : (a) le plus proche (M_C) et (b) la fin d'inspiration (M_N). Le critère C correspond à la distance quadratique moyenne, cf. équation 1.

5.2 Critères d'évaluation

Les critères évalués s'appuient sur la comparaison entre les volumes et les surfaces des poumons segmentés dans le volume TDM original et le volume TEP recalé. Nous notons O le volume (ou la surface) du TDM original et R le volume (ou la surface) du TEP recalé. Le terme $|x|$ est le cardinal de x .

Pour comparer les volumes, nous avons choisi d'évaluer les critères suivants :

- *Le pourcentage de faux positifs, noté FP et de faux négatifs, noté FN* – Ce sont les voxels appartenant au poumon (respectivement n'appartenant pas au poumon) dans le volume recalé, alors qu'ils n'appartiennent pas (respectivement appartiennent) au poumon dans le volume original : $FP(O, R) = \frac{|R| - |O \cap R|}{|R|}$ et $FN(O, R) = \frac{|O| - |O \cap R|}{|R|}$. Ces critères permettent d'évaluer la précision du recalage et les valeurs obtenues pour ces pourcentages doivent être les plus basses possibles.
 - *Le rapport intersection/union, noté RIU* – Il permet de mesurer le rapport entre les volumes qui se correspondent (qui ont été recalés correctement) et les volumes différents (faux négatifs et faux positifs). Il est donné par : $RIU(O, R) = \frac{|O \cap R|}{|O \cup R|}$. Plus ce rapport est élevé et plus la qualité du recalage est élevée.
 - *L'index de similarité, noté SIM* – Il est donné par : $SIM(O, R) = \frac{2|O \cap R|}{|O| + |R|}$. Une méthode de recalage performante doit permettre d'obtenir un index de similarité élevé.
 - *La sensibilité, notée SEN* – Elle correspond à la variation de volume entre le volume original et le volume correctement recalé : $SEN(O, R) = \frac{|O \cap R|}{|O|}$. Lorsque la méthode est performante, la valeur de ce critère tend vers 1.
 - *La spécificité, notée SPE* – Elle correspond à la variation de volume entre le volume recalé et le volume correctement recalé : $SPE(O, R) = \frac{|O \cap R|}{|R|}$. Lorsque la méthode est performante, la valeur de ce critère tend vers 1.
- Pour comparer les surfaces, nous utilisons les distances suivantes :
- *La distance moyenne, notée MOY* – Cette distance est donnée par : $MOY(O, R) = \frac{1}{2}[d_{\text{moy}}(O, R) + d_{\text{moy}}(R, O)]$ avec $d_{\text{moy}}(O, R) = \frac{1}{|O|} \sum_{o \in O} D(o, R)$ avec $D(o, R) = [\min_{r \in R} d(o, r)]$ et d la distance euclidienne.
 - *L'erreur moyenne quadratique, notée RMS* – Nous notons : $d_{\text{RMS}}(O, R) = \sqrt{\frac{1}{|O|} \sum_{o \in O} D(o, R)^2}$ et cette erreur est donnée par : $RMS(O, R) = \sqrt{\frac{1}{2}[d_{\text{RMS}}(O, R)^2 + d_{\text{RMS}}(R, O)^2]}$.

5.3 Résultats et discussion

Les temps d'exécution sont de l'ordre de quelques heures pour tout le processus (quelques secondes pour la segmentation, quelques minutes pour la sélection des points d'intérêt et une ou deux heures pour le recalage). Même s'il n'y a pas de contrainte de temps, ces temps d'exécution pourraient être améliorés.

Dans les résultats (figures 6 et 7), nous remarquons que les correspondances de points d'intérêt sont meilleures lorsque le modèle de respiration est utilisé, cf. images (e, h), que sans modèle de respiration, cf. images (b). En effet, avec le modèle de respiration, les correspondances sont bien des appariements entre les mêmes points anatomiques et la contrainte d'unicité est respectée. Grâce aux résultats quantitatifs exposés dans le tableau 1, nous voyons que l'image TEP est mieux recalée avec la méthode proposée, MR-UNI. La qualité des résultats peut aussi être visuelle-

Méthode	FP	FN	RIU	SIM	SEN	SPE	MOY (mm)	RMS (mm)
<i>Cas normal</i>								
NONMR-NONUNI	1.45	0.01	0.4	0.57	0.99	0.4	15.7	20.7
NONMR-UNI	1.45	0.01	0.4	0.57	0.99	0.4	15.7	20.6
MR-NONUNI	0.82	0.02	0.54	0.7	0.98	0.54	11.4	16.4
MR-UNI	0.82	0.02	0.54	0.7	0.98	0.55	11.2	16.2
<i>Cas pathologique</i>								
NONMR-NONUNI	1.64	0.03	0.37	0.54	0.97	0.37	17.7	26.5
NONMR-UNI	1.65	0.03	0.36	0.53	0.97	0.37	17.9	26.9
MR-NONUNI	1.83	0.05	0.33	0.5	0.95	0.34	15.2	23.7
MR-UNI	1.4	0.05	0.4	0.57	0.95	0.41	13.7	21.4

TAB. 1 – Résultats quantitatifs obtenus pour un cas normal et un cas pathologique – Nous comparons les résultats obtenus sans modèle de respiration, avec une répartition non uniforme, notée NONMR-NONUNI et une répartition uniforme, notée NONMR-UNI et avec modèle de respiration, avec une répartition non uniforme, notée MR-NONUNI et une répartition uniforme, notée MR-UNI. Les résultats en gras correspondent aux meilleurs résultats obtenus par critère et par cas. Nous observons que pour la plupart des critères, les meilleurs résultats sont obtenus avec la méthode s'appuyant sur un modèle de respiration et avec une répartition « pseudo-uniforme » des points d'intérêt. Cette méthode n'obtient pas les meilleurs résultats pour les critères FN et SEN. Toutefois, la différence obtenue par comparaison avec les meilleurs résultats est de l'ordre de 10^{-2} et on peut conclure que les critères FN et SEN ne sont pas très représentatifs pour comparer ces quatre méthodes.

ment validée dans les images (f, i). En particulier, la partie inférieure du poumon est visuellement mieux recalée, cf. images 6 (j–l). Ici, le contour du TEP recalé avec le modèle de respiration est le plus proche du contour TDM original. Pour le cas pathologique illustré sur la figure 7, nous observons que la tumeur est bien recalée. De plus, avec la méthode directe, au contraire de la méthode avec modèle de respiration, on obtient des déformations non réalistes dans la région entre les deux poumons, cf. images 7 (j–l) où la zone entre les deux poumons a été anormalement étirée. Enfin, nous illustrons aussi les différents résultats obtenus avec les deux meilleures méthodes de sélection de points d'intérêt (NONUNI et UNI), cf. images 6 et 7, (e) et (h). La méthode UNI permet bien d'obtenir une répartition uniforme des points d'intérêt et ainsi de mieux prendre en compte, dans ce cas, la partie inférieure du poumon.

6 Conclusion

La contribution principale de ce travail repose sur la proposition d'une méthodologie pour introduire un modèle de respiration dans une méthode de recalage TEP/TDM garantissant des déformations physiologiquement plausibles de la surface du poumon. Une deuxième contribution porte sur la proposition d'une méthode de détection automatique

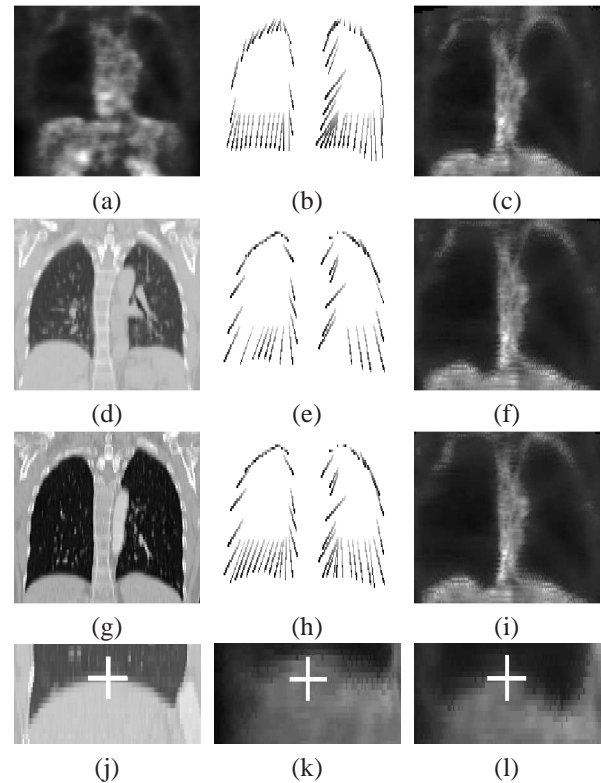


FIG. 6 – Résultat du recalage de l'image TEP (a) et des images TDM originales (d, g), dans un cas normal, obtenu en (c) sans modèle de respiration, en (f) avec modèle de respiration et une détection de points d'intérêt non uniforme et en (i) avec modèle de respiration et une détection de points d'intérêt « pseudo-uniforme ». De même, les correspondances entre les points d'intérêt sur les images TEP et TDM en respiration maximale sont illustrées en (b) pour la méthode sans modèle de respiration, en (e) avec le modèle de respiration et une détection de points d'intérêt non uniforme et en (h) avec le modèle de respiration et une détection de points d'intérêt « pseudo-uniforme ». Sur la quatrième ligne, il s'agit d'un détail des images. La croix permet de visualiser le même point sur l'image TDM originale (j), l'image TEP recalée sans modèle (k) et avec modèle de respiration (l). L'utilisation du modèle permet d'obtenir une meilleure correspondance entre les surfaces des poumons.

de points d'intérêt qui permet de combiner les courbures gaussienne et moyenne tout en fournissant une répartition « pseudo-uniforme ». Les premiers résultats obtenus avec cinq cas sont prometteurs et illustrent à quel point l'utilisation d'un modèle de respiration peut améliorer la qualité du recalage.

Au niveau de la validation de l'approche, ce travail est actuellement enrichi en réalisant, d'une part, une évaluation quantitative plus importante avec de nouveaux cas, et, d'autre part, une évaluation en collaboration avec des médecins. Par la suite, nous souhaitons comparer les résultats obtenus avec des modèles de respiration différents de

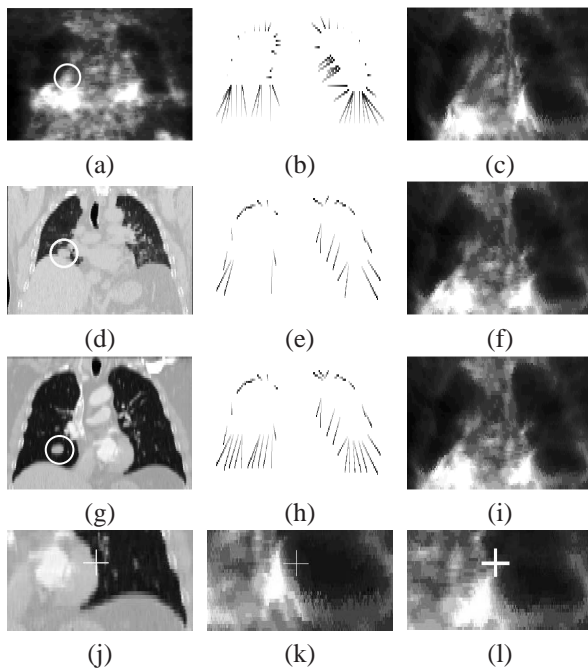


FIG. 7 – Résultat du recalage dans un cas pathologique (la tumeur est mise en évidence par le cercle blanc). Nous exposons les mêmes images et résultats que dans la figure 6. Sur les images (e) et (h), visuellement, les points d'intérêt sont mieux répartis dans la méthode utilisant une répartition « pseudo-uniforme ». Le détail exposé sur la quatrième ligne nous permet de mettre en évidence les difficultés de la méthode sans modèle de respiration dans la zone entre les deux poumons.

celui utilisé dans cet article, en particulier un modèle défini à partir d'un recalage s'appuyant sur les intensités des deux images TDM acquises à deux instants du cycle respiratoire [22]. Enfin, nous souhaitons aussi affiner la génération des instants intermédiaires afin d'obtenir une image TDM simulée le plus proche possible de l'image TEP originale.

Remerciements

Ce travail a été financé en partie par le projet ANR MARIO (Modélisation de l'Anatomie normale et pathologique pour le Recalage non linéaire entre Images TDM et TEP en Oncologie - ANR-05-BLANC-0081) et le Florida Photonics Center of Excellence à Orlando, États-Unis.

Les auteurs remercient chaleureusement le HIA du Val-de-Grâce à Paris, France et le MD Anderson Cancer Center à Orlando, États-Unis, pour les images fournies.

Références

[1] W. BEIL, K. ROHR et H. S. STIEHL. « Investigation of Approaches for the Localization of Anatomical Landmarks in 3D Medical Images ». Dans *Computer Assisted Radiology and Surgery, CARS*, pages 265–270, 1997.

[2] P. J. BESL et N. D. MCKAY. « A Method for Registration of 3-D Shapes ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(2) :239–256, 1992.

[3] M. BETKE, H. HONG, D. THOMASA, C. PRINCEA et J. P. KOB. « Landmark detection in the chest and registration of lung surfaces with an application to nodule registration ». *Medical Image Analysis*, 7(3) :265–281, 2003.

[4] F. L. BOOKSTEIN. « Principal warps : thin-plate splines and the decomposition of deformations ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 11(6) :567–585, 1989.

[5] C. R. CRAWFORD, K. F. KING, C. J. RITCHIE et J. D. GODWIN. « Respiratory Compensation in Projection Imaging Using a Magnification and Displacement Model ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(3) :327–332, 1996.

[6] T. GUERRERO, G. ZHANG, W. SEGARS, T. C. HUANG, S. BILTON, G. IBBOTT, L. DONG, K. FORSTER et K. P. LIN. « Elastic image mapping for 4-D dose estimation in thoracic radiotherapy ». *Radiation Protection Dosimetry*, 115(1–4) :497–502, 2005.

[7] T. HARTKENS, D. L. G. HILL, A. D. CASTELLANO-SMITH, D. J. HAWKES, C. R. MAURER JR., A. J. MARTIN, W. A. HALL, H. LIU et C. L. TRUWIT. « Using Points and Surfaces to Improve Voxel-Based Non-Rigid Registration ». Dans *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, volume 2489 de *LNCS*, pages 565–572, 2002.

[8] R. KLETTE et A. ROSENFELD. *Digital Geometry : Geometric Methods for Digital Picture Analysis*. Morgan Kaufmann, 2004.

[9] J. B. A. MAINTZ et M. A. VIERGEVER. « A Survey of Medical Image Registration ». *Medical Image Analysis*, 2(1) :1–36, 1998.

[10] J. R. MCCLELLAND, J. M. BLACKALL, S. TARTE, A. C. CHANDLER, S. HUGHES, S. AHMAD, D. B. LANDAU et D. J. HAWKES. « A Continuous 4D Motion Model from Multiple Respiratory Cycles for Use in Lung Radiotherapy ». *Medical Physics*, 33(9) :3348–3358, 2006.

[11] A. MORENO. « Recalage non-linéaire d'images TEP et CT du thorax pour la caractérisation des tumeurs : application à la radiothérapie ». PhD thesis, École Nationale Supérieure des Télécommunications, Paris, France, 2007.

[12] A. MORENO, G. DELSO, O. CAMARA et I. BLOCH. « Non-linear Registration Between 3D Images Including Rigid Objects : Application to CT and PET Lung Images With Tumors ». Dans *Workshop on Image Registration in Deformable Environments (DEFORM)*, pages 31–40, Edimbourg, Royaume-Uni, 2006.

- [13] U. NARUSAWA. « General characteristics of the sigmoidal model equation representing quasi-static pulmonary P-V curves ». *Journal of Applied Physiology*, 92(1) :201–210, 2001.
- [14] S. A. NEHMEH, Y. E. ERDI, T. PAN, A. PEVSNER, K. E. ROSENZWEIG, E. YORKE, G. S. MAGERAS, H. SCHODER, P. VERNON, O. SQUIRE, H. MOSTAFAVI, S. M. LARSON et J. L. HUMM. « Four-dimensional (4D) PET/CT imaging of the thorax ». *Physics in Medicine and Biology*, 31(12) :3179–3186, 2004.
- [15] J. P. W. PLUIM et J. M. FITZPATRICK. « Image Registration ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 22(11) :1341–1343, 2003.
- [16] E. PROMAYON, P. BACONNIER et C. PUECH. « Physically-Based Model for Simulating the Human Trunk Respiration Movements ». Dans *Joint Conference Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine and Medical Robotics and Computer-Assisted Surgery (CVRMed-MRCAS)*, volume 1205 de LNCS, pages 379–388, 1997.
- [17] S. RIT, D. SARRUT, V. BOLDEA et C. GINESTET. « Extraction du signal respiratoire à partir de projections cone-beam pour l'imagerie TDM 4D ». *Traitement du signal*, 23(3–4) :307–319, 2006.
- [18] T. ROHLFING, C. R. MAURER et J. ZHONG. « Modeling liver motion and deformation during the respiratory cycle using intensity-based free-form registration of gated MR images ». Dans *SPIE, Medical Imaging 2004 : Visualization, Display, and Image-Guided*, volume 4319, pages 337–348, 2001.
- [19] K. ROHR, H. S. STIEHL, R. SPRENGEL, T. M. BUZUG, J. WEESE et M. H. KUHN. « Landmark-Based Elastic Registration Using Approximating Thin-Plate Splines ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(6) :526–534, 2001.
- [20] A. P. SANTHANAM, C. IMIELINSKA, P. DAVENPORT, P. KUPELIAN et J. P. ROLLAND. « Modeling Simulation and Visualization of Real-Time 3D Lung Dynamics ». *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, 2007. À paraître.
- [21] D. SARRUT, V. BOLDEA, M. AYADI, J.-N. BADEL, C. GINESTET, S. CLIPPE et C. CARRIE. « Non-rigid registration method to assess reproducibility of breath-holding with ABC in lung cancer ». *International Journal of Radiation Oncology–Biology–Physics*, 61(2) :594–607, 2005.
- [22] D. SARRUT, V. BOLDEA, S. MIGUET et C. GINESTET. « Simulation of four-dimensional CT images from deformable registration between inhale and exhale breath-hold CT scans ». *Medical Physics*, 33(3) :605–617, 2006.
- [23] A. SCHWEIKARD, G. GLOSSER, M. BODDULURI, M. J. MURPHY et J. R. ADLER. « Robotic motion compensation for respiratory movement during radiosurgery ». *Computer Aided Surgery*, 5(4) :263–277, 2000.
- [24] W. P. SEGARS *et al.*. « Study of the Efficacy of Respiratory Gating in Myocardial SPECT Using the New 4-D NCAT Phantom ». *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 49(3) :675–679, 2002.
- [25] R. SHEKHAR, V. WALIMBE, S. RAJA, V. ZAGRODSKY, M. KANVINDE, G. WU et B. BYBEL. « Automated 3-Dimensional Elastic Registration of Whole-Body PET and CT from Separate or Combined Scanners ». *The Journal of Nuclear Medicine*, 46(9) :1488–1496, 2005.
- [26] J. G. VENEGAS, R. S. HARRIS et B. A. SIMON. « A comprehensive equation for the pulmonary pressure-volume curve ». *Journal of Applied Physiology*, 84(1) :389–395, 1998.
- [27] W. V. VOGEL, J. A. VAN DALEN, D. A. SCHINAGL, J. H. KAANDERS, H. HUISMAN, F. H. CORSTENS et W. J. OYEN. « Correction of an image size difference between positron emission tomography (PET) and computed tomography (CT) improves image fusion of dedicated PET and CT ». *Physics in Medicine and Biology*, 27(6) :515–519, 2006.
- [28] J. B. WEST, C. R. MAURER et J. R. DOOLEY. « Hybrid Point-and-Intensity-Based Deformable Registration for Abdominal CT Images ». Dans *SPIE Medical Imaging 2005 : Image Processing*, volume 5747, pages 204–211, 2005.
- [29] B. ZITOVÀ et J. FLUSSER. « Image Registration Methods : A Survey ». *Image and Vision Computing*, 21 :977–1000, 2003.
- [30] V. B. ZORDAN, B. CELLY, B. CHIU et P. C. DILORENZO. « Breathe Easy : Model and Control of Human Respiration for Computer Animation ». *Graphical Models*, 68(2) :113–132, 2006.