

ENSICAEN
6, bd maréchal Juin
F-14050 Caen cedex 4

Spécialité Informatique - 3^e année
Option Image et Multimédia

Rapport de projet

Quantification de la perfusion myocardique à partir de séquences IRM

Cédric BLANCHARD
François THIMON

Suivi entreprise : Dr. M. HAMON
Suivi Ensicaen : Stéphanie JEHAN-BESSON / Guillaume NEE

Table des matières

Remerciements.....	3
Introduction.....	4
1 Contextes et objectifs.....	5
2 Quantification de la perfusion.....	7
2.1 Découpage du myocarde.....	7
2.2 Analyse de l'évolution de la perfusion.....	10
2.3 Validation des résultats.....	11
3 Visualisation interactive.....	13
3.1 Modélisation.....	13
3.2 Outils CImg utilisés.....	14
3.3 Sélection des segments.....	14
3.4 Configuration de la visualisation de la courbe de perfusion.....	15
3.5 Modes d'affichage de la courbe.....	16
3.6 Autres commandes disponibles.....	16
4 Suivi des contours du myocarde.....	17
4.1 Principe de la solution existante.....	17
4.2 Régularisation du mouvement.....	17
4.3 Mise en place de l'estimation robuste.....	18
5 Bilan du projet.....	19
5.1 Gestion du temps et organisation.....	19
5.2 Etat d'avancement final.....	20
5.3 Evolutions envisageables.....	20
Conclusion.....	22
Sources bibliographiques.....	23

Remerciements

Nous tenons à remercier les personnes suivantes, sans qui la réalisation de ce projet n'aurait pas été possible:

- Stéphanie JEHAN-BESSON
- Guillaume NEE
- Michèle HAMON
- David TSCHUMPERLE

Introduction

En tant que muscle, le coeur humain a lui aussi besoin d'être constamment irrigué en sang afin de bien assurer sa fonction. Cependant, il existe des cas où la perfusion (c'est à dire la quantité de sang envoyée au coeur ou à un muscle en général pour l'alimenter) est anormale. Elle peut être soit insuffisante (on parle alors d'ischémie) soit trop importante (en cas de réaction inflammatoire par exemple). Il est donc capital de savoir quantifier précisément la perfusion pour traiter les pathologies.

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technique médicale relativement récente permettant d'acquérir des séquences vidéo afin d'y déceler des problèmes et d'y remédier suffisamment tôt pour que la situation ne s'aggrave pas. Parmi les principales applications de cette technique, on trouve la détection et la caractérisation des lésions ainsi que la surveillance des traitements prescrits aux patients.

Le travail qui nous a été confié au cours de ce projet consistait à compléter et à améliorer un prototype d'application destinée à assister le cardiologue dans l'analyse des séquences d'IRM afin de lui permettre d'effectuer des observations objectives et plus précises, en vue de fournir un pronostic plus juste et de prendre les mesures adéquates.

Ce rapport vise à présenter le travail que nous avons effectué dans le cadre de ce projet. Dans un premier temps, il explicite le contexte et les objectifs de ce projet, ensuite il décrit successivement les trois grandes parties du développement, concernant la quantification, la visualisation des résultats et l'amélioration du suivi des contours du myocarde.

1 Contextes et objectifs

L'application est développée dans le cadre d'un partenariat entre Guillaume NEE, qui rédige une thèse sur l'analyse spatio-temporelle de la perfusion myocardique en IRM et la société *GE Healthcare*. Cette entreprise est spécialisée dans la conception et la production de matériel médical à forte valeur ajoutée. Son activité principale est fortement basée sur des technologies novatrices dont elle est elle-même à l'origine. L'objectif est de mettre au point un processus informatique conduisant à la détection des zones du coeur qui sont anormalement irriguées, en vue de prévenir notamment les infarctus et les lésions qui pourraient survenir.

Lorsque l'application nous a été confiée, elle était capable de tracer les contours du myocarde et de les suivre tout au long de la vidéo.

Pour un même patient, plusieurs séquences sont acquises, à différents niveaux dans le coeur (vues en coupes). La figure 1 montre les coupes présentées dans les séquences IRM.

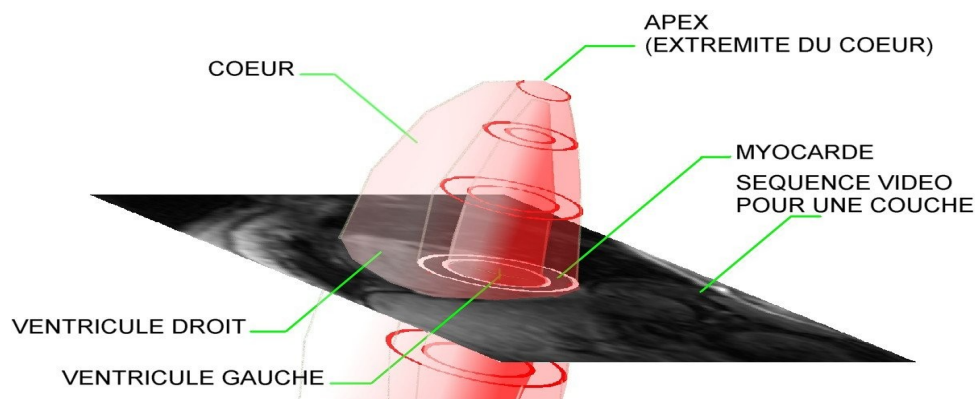


Fig. 1: vues en coupes du myocarde à plusieurs hauteurs

Le travail qui nous a été demandé consistait dans un premier temps à mettre en place un découpage axial et radial du coeur en segments, pour des vues en coupe (suivant ce que l'on appelle le « petit axe ») prises à différentes hauteurs, et ce suivant un mode opératoire employé par les cardiologues, expliqué par la figure 2.

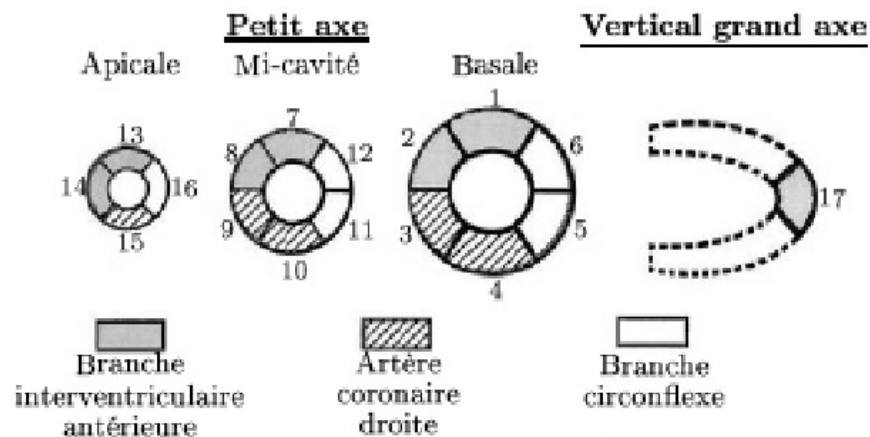


Fig. 2: exemple de découpage des différentes couches du coeur

En plus de cela, nous avons également à développer un module chargé de représenter et d'analyser l'évolution de la perfusion en fonction du temps, dans un segment choisi par l'utilisateur. La perfusion pour un coeur sain suit à peu près l'évolution montrée en figure 3 ci-dessous:

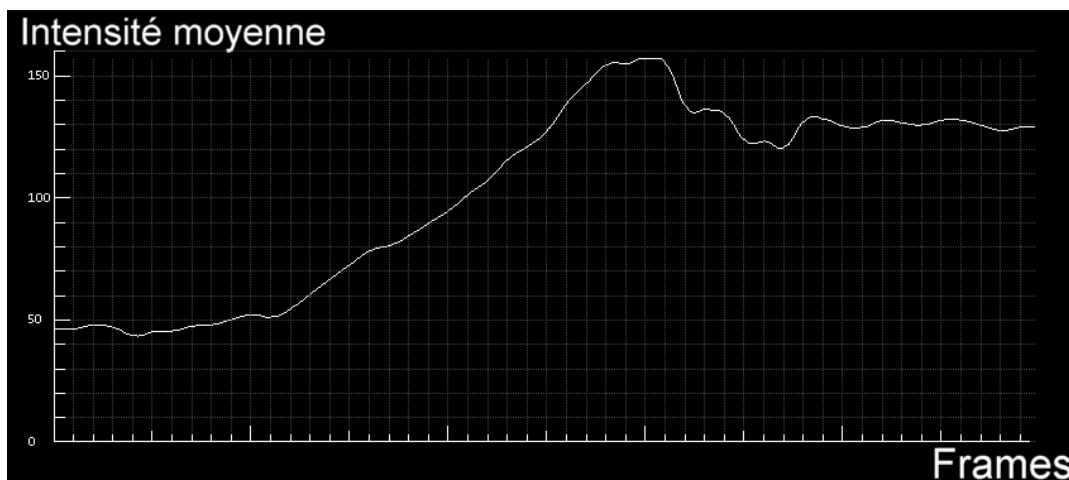


Fig. 3: allure générale d'une courbe usuelle pour un coeur sain

L'avenir du logiciel sur lequel nous avons travaillé dépend des résultats qu'obtiendra Guillaume NEE à l'issue de la thèse qu'il rédige pour *GE Healthcare*. Lorsque l'application atteindra un état stable et sera exploitable par un médecin non spécialiste en informatique, elle sera dans un premier temps mise en phase de validation au CHU de Caen. C'est à dire qu'elle sera d'abord utilisée exclusivement par les médecins du CHU afin de vérifier l'exactitude de ses résultats. Si le prototype reçoit l'aval des médecins à l'issue de cette phase, il sera alors poursuivi par *GE Healthcare* afin d'en faire une solution logicielle professionnelle plus sophistiquée et adaptée à des utilisateurs non avertis en informatique. Les médecins utilisent déjà le logiciel *Report Card* de *GE Healthcare* ; le travail effectué dans le cadre de ce partenariat vise à améliorer sa fonctionnalité de quantification de la perfusion et l'objectif est donc, à terme, de pouvoir la remplacer.

2 Quantification de la perfusion

2.1 Découpage du myocarde

Pour son étude, le myocarde peut être découpé en plusieurs quartiers d'angles égaux. Un découpage supplémentaire dans le sens radial est également possible. Le choix du nombre de sections et de leur position, qui dépend en général de la profondeur de la couche étudiée dans la séquences, est laissé à l'appréciation du médecin lors de l'appel du programme.

Afin d'effectuer un découpage régulier, la première étape de l'algorithme consiste en la détermination du barycentre du myocarde. Les courbes interne et externe qui délimitent l'anneau (respectivement endocarde et épicarde) sont parcourues point par point pour donner deux barycentres dont le point milieu sera retenu comme meilleur candidat pour le barycentre myocardique (montré en figure 3) afin de ne favoriser aucun des deux contours par rapport à l'autre. Les délimitations des sections seront ainsi des portions de rayon émanant de ce centre.

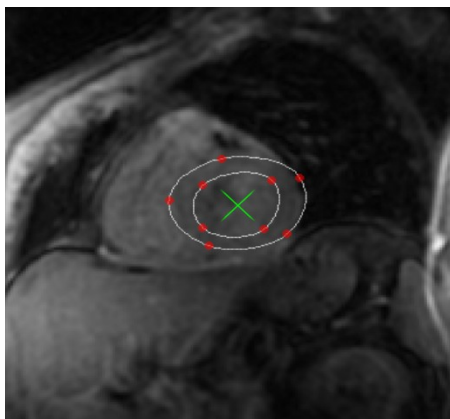


Fig. 4: détermination du barycentre

Les courbes de l'endocarde et de l'épicarde sont représentées par un nombre fini de points rapprochés et approximée entre deux points successifs par des segments de droites. Pour découper en n sections angulaires, on considère successivement les demi-droites passant par le barycentre du myocarde et formant un angle de $\frac{2k\pi}{n}$ radians avec l'horizontal ou avec un angle de décalage initial paramétrable. Par exemple, pour obtenir quatre sections avec un angle initial de 10° , les droites étudiées auront pour orientation des angles de 10° , 100° , 190° et 280° . On parcourt alors à nouveaux les courbes de contours à la recherche du segment qui sera sécant à chaque rayon i.e. chaque demi droite partant du barycentre. Le point de croisement est alors trouvé et déterminé précisément par résolution en coordonnées cartésiennes du système des équations des deux droites supports au rayon et au segment de courbe. Ce système est renforcé par des contraintes supplémentaires : la solution, c'est-à-dire le point de croisement trouvé, doit se situer entre les deux points successifs de la courbe. Si pour une raison particulière le point solution venait à ne pas être trouvé lors du parcours, le point de la courbe d'angle le plus approchant serait alors retenu. Enfin, un cas particulier est à noter pour les angles de $\frac{\pi}{2}$ et $\frac{3\pi}{2}$: ces rayons n'ayant pas d'équation cartésienne sans changer de repère, ces deux cas sont traités à part dans l'algorithme.

Pour résumer, à la fin de cette nouvelle étape, nous avons donc pour l'endocarde et l'épicarde une liste de points pour des angles déterminés. La nouvelle opération consiste donc simplement à relier deux à deux ces points afin de tracer les différentes sections (voir figure

5). Un point d'angle α sur l'endocarde sera associé au point de l'épicarde ayant le même angle. Ainsi les parties de rayons sont tracées uniquement à l'intérieur du myocarde et délimitent ses quartiers comme il était souhaité.

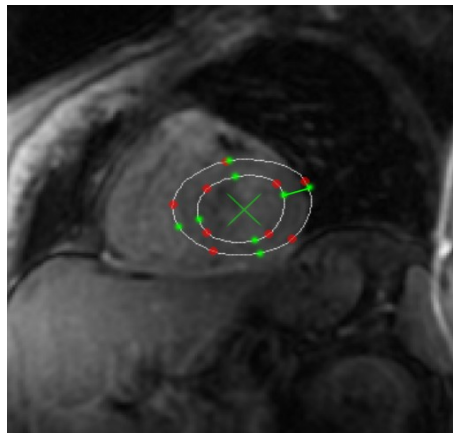


Fig. 5: explication du tracé des sections

En option, le médecin peut également effectuer un découpage radial. Pour ce découpage l'endocarde et l'épicarde sont parcourus simultanément avec un pas angulaire de 1° et le barycentre des deux points des courbes est retenu à chaque itération comme nouveau point de contrôle pour la courbe de séparation à l'intérieur de l'anneau. Le résultat est présenté en figure 6.

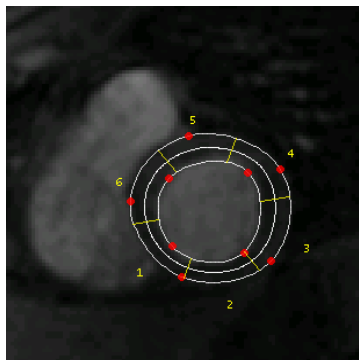


Fig. 6: exemple de résultat final avec séparation radiale

Une fois le découpage effectué, il s'agit de réaliser le calcul de l'intensité moyenne dans chaque zone au cours du temps. Compte tenu de la géométrie de l'objet ainsi que des données déjà relevées lors du tracé, l'intégration des intensités en coordonnées polaires nous a semblé ici le choix le plus adéquat.

Dans la recherche d'un maximum de fiabilité, plusieurs méthodes de calcul ont été implémentées:

La première repose sur la discrétisation classique de l'intégration polaire continue, décrite par la figure 7 ci-dessous :

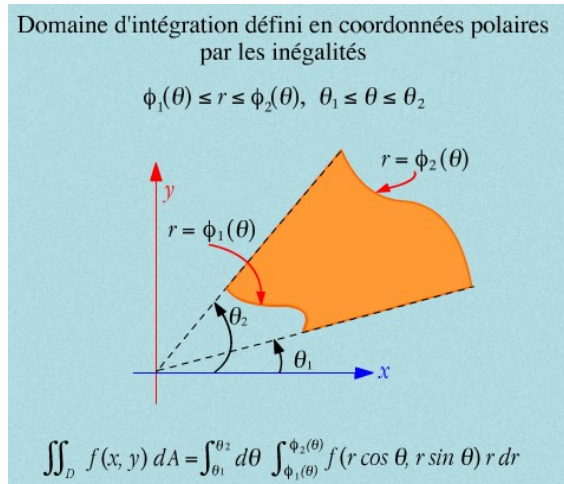


Fig. 7: intégration continue en coordonnées polaires

Il s'agit donc, en discrétisant, de sommer la valeur des pixels rencontrés lors du parcours radial puis angulaire, en pondérant leurs valeurs par l'aire de la surface associée. Une difficulté dans cette sommation aurait pu être la discrétisation du parcours radial. En effet, un pas dr fixé en coordonnées polaires ne correspond pas forcément à des coordonnées cartésiennes à valeurs entières ni à un pixel particulier. Il faut donc choisir une estimation de la valeur à ajouter en fonction des coordonnées flottantes trouvées et des pixels entiers à proximité. Heureusement, cette estimation est déjà implémentée dans la bibliothèque *CImg* par la fonction `linear_pix2D()`, qui repose sur une interpolation linéaire des valeurs.

Une seconde méthode d'intégration a été implémentée, à partir d'un constat de différence entre les résultats de l'intégration linéaire et de l'intégration polaire classique et suite à la réflexion suivante : la méthode de discrétisation par pondération par les aires associées reflète une variation de précision en fonction du rayon de calcul. En effet, en discret, plus la zone à intégrer sera éloignée du centre, moins la densité des points de calcul sera élevée et pour les mêmes raisons plus les aires associées à ces points seront grandes. Afin de garder la même précision surfacique sur l'ensemble du calcul, une nouvelle intégration polaire discrète a donc été conçue, qui repose sur des aires associées constantes grâce à un pas radial variable : plus nous nous éloignons du centre, plus le pas dr sera petit, afin que tous les trapèzes associés aux points fassent la même aire (déterminant ainsi la précision fixe du calcul). Les deux types de découpage sont présentées par la figure 8.

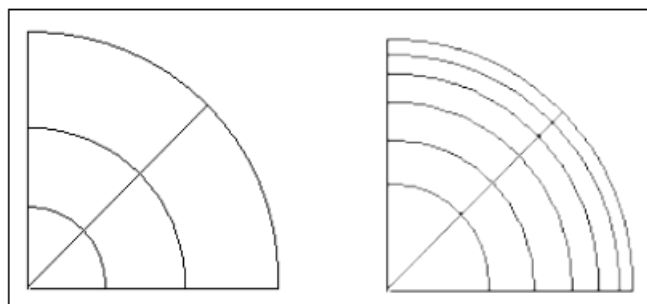


Fig. 8: principe des deux méthodes d'intégration

Les deux méthodes sont disponibles à l'appel du programme suivant l'option choisie. Leurs résultats sont proches et le choix de la méthode est donc à l'heure actuelle laissé libre à l'utilisateur.

2.2 Analyse de l'évolution de la perfusion

Pour établir efficacement son diagnostic, le cardiologue a besoin de disposer de paramètres déterminées par l'analyse de l'évolution de la perfusion au fil du temps. Le cahier des charges de notre application comprend le calcul de ces paramètres. Un très grand nombre d'informations peut être mis à disposition et nous avons donc sélectionné, suivant les conseils de M. NEE, quelques unes d'entre elles, décrites ci-dessous:

- **valeur maximale de la perfusion** : déterminée simplement par recherche exhaustive dans les valeurs calculées. Connaissant l'allure de la courbe de perfusion « idéale », nous avons initialement prévu d'optimiser un peu cette recherche en la limitant à la partie ascendante de la courbe, en se basant sur une étude de la variation du signal. Cependant, cette idée n'était pas exploitable dans la mesure où les courbes obtenues à partir des séquences IRM ne sont aucunement idéales mais présentent de faibles variations de courte durée.
- **pente maximale** : déterminée par la recherche du maximum de la dérivée discrète du signal x .

$$pente_{max} = \max(x_t - x_{t-1})$$

Ici aussi, nous nous sommes parés contre les variations imprévisibles de la courbe en effectuant une recherche exhaustive. Nous avons cependant convenu qu'il était beaucoup moins coûteux, que ce soit en temps de développement ou d'exécution, d'effectuer cette recherche exhaustive. Pour l'instant, la validation se fait à l'oeil nu car il est assez facile de repérer approximativement la pente maximale. Il faudrait cependant utiliser un outil tel que *Matlab* pour vérifier précisément les résultats.

L'inconvénient de la méthode décrite ici est qu'elle ne prévoit pas les sortes d'éclairs qui apparaissent dans certaines vidéos à cause d'une mauvaise acquisition. Ces éclairs ont une progression très rapide et on pourrait améliorer la précision en éliminant les pentes trop courtes.

- **point d'inflexion** : pour déterminer l'emplacement du point d'inflexion de la courbe, nous avons calculé la dérivée seconde discrète du signal x et détecté le point où elle s'annulait (c'est-à-dire le point où elle changeait de signe).

$$x_{t_{inf}+1} - 2 \cdot x_{t_{inf}} + x_{t_{inf}-1} - x_{t_{inf}} - 2 \cdot x_{t_{inf}-1} + x_{t_{inf}-2} \simeq 0$$

Cependant, la perfusion est estimée à partir d'une séquence vidéo dont la qualité laisse parfois à désirer. En principe, lorsque cette vidéo n'est pas suffisamment claire pour être exploitable de façon fiable, il revient au médecin de la faire acquérir à nouveau par le radiologue afin que le logiciel puisse effectuer ses calculs dans des conditions de précision optimales. Néanmoins, afin d'éprouver l'exactitude de nos résultats, nous avons la plupart du temps travaillé avec des vidéos de mauvaise qualité et qui présentaient des pics de luminosité interprétés comme de brusques afflux de sang à l'intérieur du myocarde. A cause de cela, les courbes tracées sont très irrégulières et elles ne peuvent donc pas présenter un unique point d'inflexion bien net. Plusieurs solutions s'offraient donc à nous : soit nous pouvions décider de signaler simultanément tous les points d'inflexions trouvés, si peu marqués soient-ils, soit nous pouvions élaborer un procédé permettant de distinguer le ou les plus évidents d'entre eux.

Pour déterminer la pertinence des points d'inflexion observés, nous nous sommes basés sur le comportement du signal au voisinage des passages par zéro. Nous avons constaté que les passages les plus lents (c'est-à-dire ceux où la pente de la dérivée seconde est la plus faible) correspondaient aux points d'inflexion les plus marqués (donc ceux où la

pente de la courbe est plus forte et sur une plus longue distance). Ce comportement est dû au fait qu'une variation lente d'une fonction se traduit mathématiquement par une faible variation de sa dérivée seconde.

Pour l'instant, cette méthode n'a pu être validée qu'à l'oeil nu mais il faudrait aussi se servir d'un outil comme *Matlab* pour tracer le signal et vérifier nos propres résultats.

2.3 Validation des résultats

Une première validation qualitative des résultats des calculs d'intensités a pu être effectuée en observant l'allure générale des courbes obtenues ainsi que les sauts d'intensités facilement remarqués sur certaines images de la séquence comportant des flashes.

De façon quantitative nous avons souhaité comparer nos résultats à une ou plusieurs courbes de références. Pour cela nous avons réalisé une intégration linéaire classique sur l'ensemble de l'anneau pour une séquence entière, d'abord avec l'outil *Pandore* et un masquage manuel des régions. Mais cette première référence ne s'avérait pas adaptée car le traitement des pixels des bords était différent : pris en compte dans le calcul de notre programme, ils étaient ignorés avec les masques que nous avons créés pour *Pandore*.

Une seconde solution simple a donc été de mettre en place au sein même du programme le calcul de l'intégration linéaire. Cela a été aisé en se basant sur la carte de région (intérieur-myocarde-extérieur) dont la détermination a déjà été implémentée par Guillaume NEE.

Lors de cette phase de validation, nous avons pu mesurer les différences entre la référence et les différentes méthodes de calcul (visibles sur la figure 9).

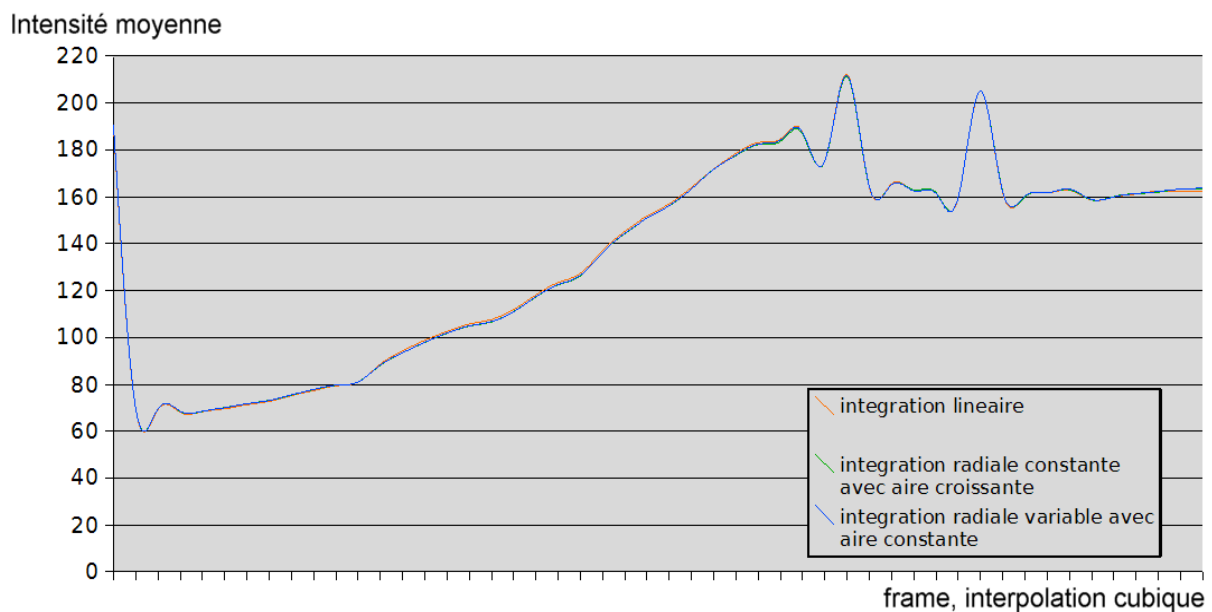


Fig. 9: courbe d'intensité au cours du temps sur l'ensemble de l'anneau suivant les deux méthodes de calcul polaires et la méthode linéaire

Cela a été en même temps l'occasion de déterminer de façon empirique la valeur des paramètres les plus adaptés pour minimiser ces écarts, comme le pas angulaire et radial ou l'aire du trapèze (cf partie 2.1).

Finalement, une différence maximale d'intensité de l'ordre de 1,25 a été relevée (voir figure 10), ce qui semble satisfaisant et dénote de la stabilité des résultats de notre algorithme de calcul.

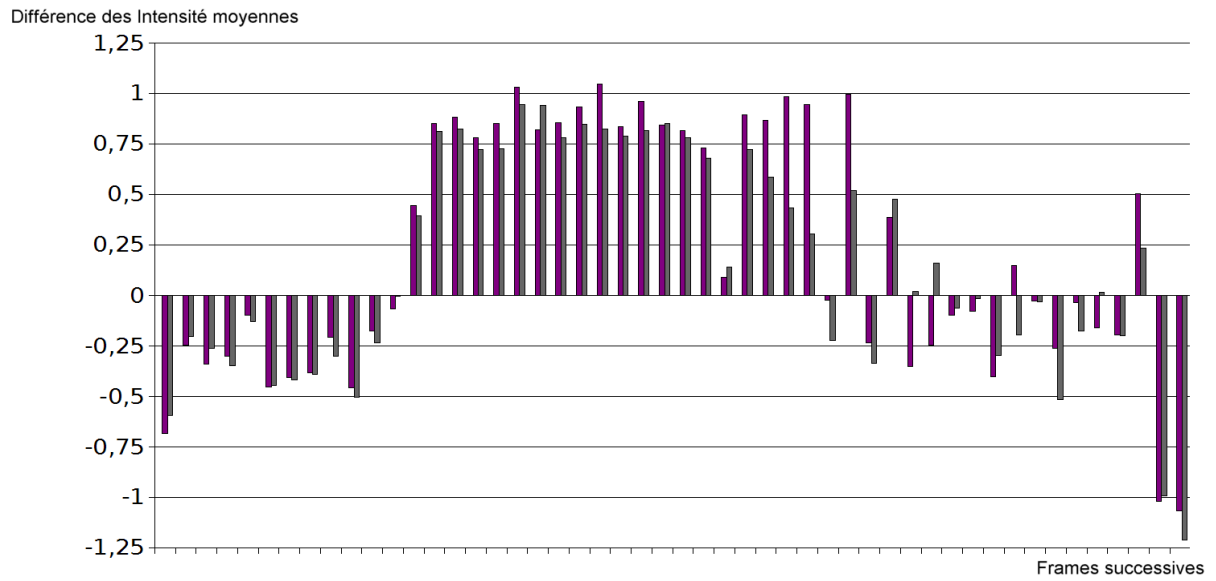


Fig. 10: différence entre les intégrations polaires et la référence linéaire sur l'ensemble de la séquence (en violet : intégration classique, en gris : aires constantes)

3 Visualisation interactive

3.1 Modélisation

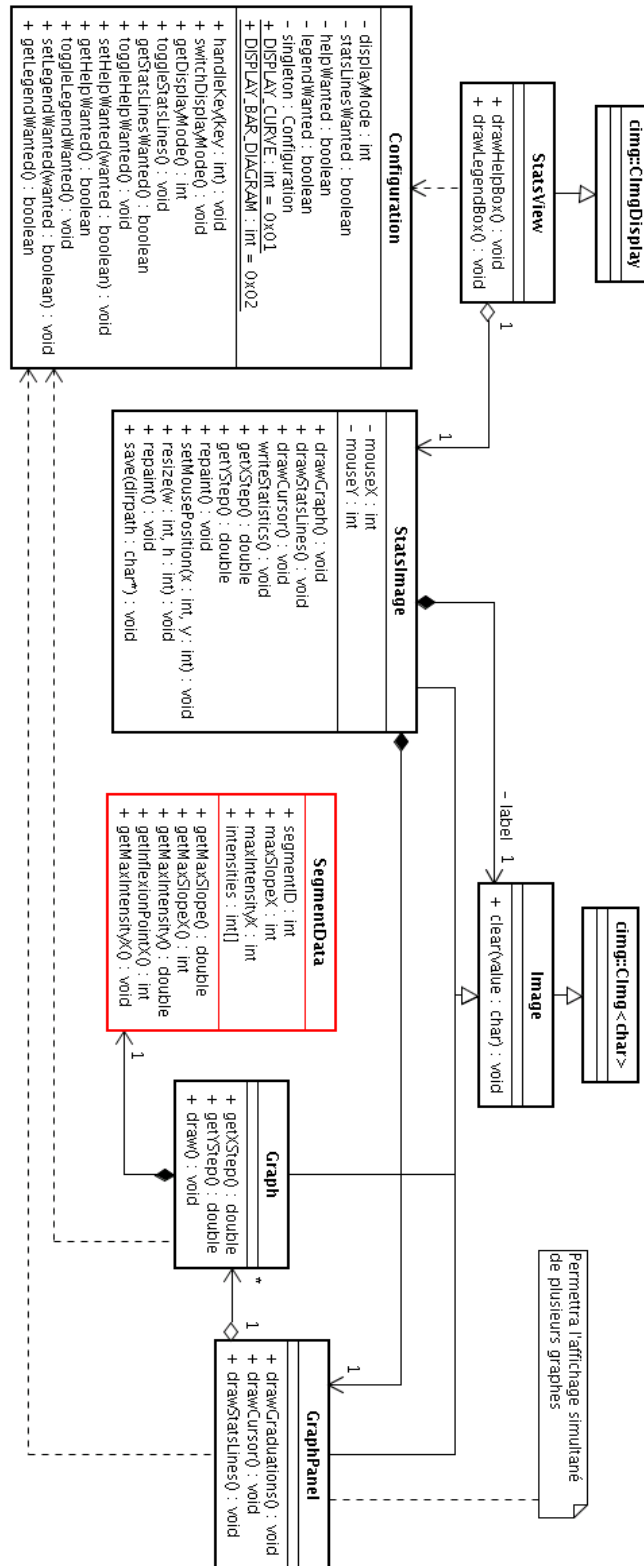


Fig. 11: diagramme statique du module de visualisation

Le diagramme statique UML simplifié du module de visualisation de courbes est présenté par la figure 11. Le coeur de ce module est signalé par une coloration rouge sur le diagramme. C'est la classe qui correspond aux segments du myocarde dont on représente graphiquement la perfusion. Cette classe est d'autant plus importante que c'est elle seule qui sert d'interface entre la partie visualisation et la partie qui calcule la perfusion en fonction de la coloration sur la vidéo. En effet, les données extraites pour un segment sont toutes stockées dans une instance de **SegmentData**, qui déduit elle-même les autres informations nécessaires par une analyse de la perfusion. Toutes les données à représenter graphiquement sont donc ensuite lisibles directement depuis cette instance.

Bien que l'objectif de notre projet n'ait pas été de développer un produit finalisé, nous avons tout-de-même prévu autant que possible les améliorations futures qui y seraient apportées. Nous avons donc prévu, en nous inspirant de l'application actuellement utilisée au service de cardiologie du CHU de Caen, qu'il serait plus tard souhaitable de pouvoir visualiser simultanément les courbes de plusieurs segments du coeur d'un même patient. La modélisation a donc été réalisée dans ce sens mais ce n'était pas le problème prioritaire et nous n'avons donc pas pu beaucoup pousser la réflexion à ce sujet.

3.2 Outils CImg utilisés

Pour l'affichage des frontières entre segments et pour la coloration du segment actif, les fonctions de dessin de ligne et de dessin de triangle pleins ont été utilisées. Pour remplir de vert le segment pointé par la souris, il a en effet suffi de dessiner des triangles entre deux points successifs des deux courbes de l'anneau (cf figure 12).

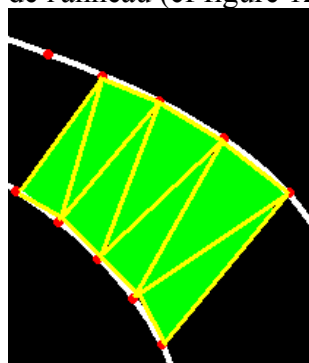


Fig. 12: principe du coloriage de la section active

Les fonctions de récupération des paramètres d'entrée, d'affichage de texte pour l'aide, et de gestions des touches clavier et des positions de la souris ont également été utilisées.

A noter enfin la fonction `linear_pix2D()` qui nous a permis de travailler aisément et de façon transparente avec des coordonnées non entières de pixels pour l'intégration.

3.3 Sélection des segments

Lors de l'appel du programme, l'utilisateur peut spécifié le nombre de segments angulaires désirés, l'angle de décalage initial ainsi que l'activation ou non du découpage radial.

Une fois la séquence chargée, le médecin peut encore choisir d'activer ou désactiver ce découpage radial par appui sur une touche clavier. Une fois ces choix effectués, la touche tabulation depuis n'importe quelle image de la séquence lance le défilement complet de la vidéo ainsi que le calcul des intensités moyennes au cours du temps pour la totalité des zones du myocarde.

Une fois cette opération effectuée, l'ensemble des courbes résultats sont disponible à l'affichage. Pour cela, il suffit de pointer la souris sur la zone dont on souhaite visualiser l'intensité. Celle-ci se colore alors intégralement en vert. De plus, le découpage angulaire est numéroté et un texte en bas de fenêtre indique le numéro de la section pointée ainsi que s'il s'agit de la section interne ou externe en cas de division radiale. L'appui sur une touche donne alors la courbe désirée dans une nouvelle fenêtre. La figure 13 montre la mise en surbrillance d'un segment.

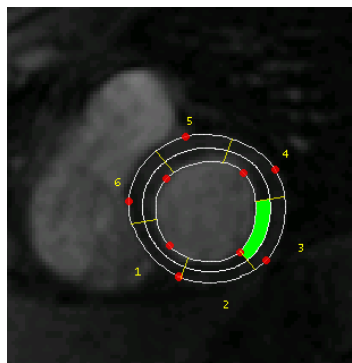


Fig. 13: exemple de sélection de segment

3.4 Configuration de la visualisation de la courbe de perfusion

Afin de rendre l'application plus ergonomique et surtout plus efficace, nous avons choisi de proposer à l'utilisateur quelques options d'affichage. Celles-ci sont conçues dans un but non seulement esthétique mais aussi et surtout utilitaire. En effet, elles sont censées permettre au cardiologue de visualiser avec plus d'exactitude et de rapidité toutes les informations représentées par le graphique. Pour cela, l'utilisateur peut activer ou désactiver la représentation graphique des paramètres calculés, passer d'un mode d'affichage à un autre et il a aussi la possibilité de cacher ou d'afficher la légende et l'aide sur les commandes disponibles.

Les options proposées pour l'instant ne sont pas très nombreuses et il est quasiment certain que d'autres seront ajoutées dans les versions futures de l'application. Afin de faciliter les améliorations à venir, les options de configuration ont toutes été centralisées dans une structure accessible de toutes les entités du module. Ainsi, chacune des entités qui le nécessite peut consulter les valeurs stockées ou les modifier afin que toutes les autres entités concernées puissent aussi disposer des nouvelles configurations. Cette organisation correspond au modèle de communication appelé « tableau noir ».

3.5 Modes d'affichage de la courbe

Les modes d'affichage proposés sont au nombre de trois. Ils permettent de visualiser l'intensité sous la forme d'une courbe interpolée de façon bilinéaire seule, sous la forme d'un simple diagramme en barres ou bien par la réunion de ces deux diagrammes simultanément. Bien que la courbe interpolée soit la solution la plus esthétique, elle est aussi la moins exacte dans le sens où l'interpolation correspond à un ajout d'information dont on ne peut pas vraiment prouver la véracité. Or la précision est un élément décisif dans le domaine médical. En effet, il se peut, par exemple, qu'un saut d'intensité intervienne durant l'acquisition de la séquence entre deux prises de vues et qu'il n'apparaisse donc pas dans la vidéo. L'interpolation entre les valeurs réellement observées mène l'utilisateur à croire qu'il ne s'est rien déroulé entre deux images, alors que le diagramme en barres indique, de par sa nature, que les valeurs connues sont celles correspondant aux images acquises et que les autres informations représentées ne sont que des suppositions faites par le logiciel. Lors de notre rencontre avec la cardiologue Mme HAMON, nous avons dans un premier temps envisagé la possibilité d'exploiter le plus possible les interpolations afin d'avoir des estimations plus précises, mais nous nous sommes par la suite ravisés afin que notre application n'en vienne pas à induire le médecin en erreur à cause d'une trop grande quantité d'informations non justifiées.

C'est ce qui confère tout son intérêt au diagramme en barres qui, bien qu'étant nettement moins attrayant visuellement, affiche précisément les informations qui ont été mesurées de façon objective sur les images de la séquence IRM. En outre, la bibliothèque *CImg* comportait une erreur dans la fonction de tracé de graphiques. Nous avons signalé cette erreur à l'auteur de *CImg* et il l'a corrigée mais il semble que la mise au point n'est pas encore complètement parfaite. Le diagramme en barres est donc un moyen de visualisation efficace et sûr, pour ce genre d'applications.

3.6 Autres commandes disponibles

Lorsque le cardiologue souhaite établir le diagnostic d'un patient, il est parfois utile pour lui de pouvoir extraire les images produites par l'application, afin de mieux analyser les courbes tracées et les informations qui y sont associées. Pour cela, il est possible d'exporter l'image de la courbe affichée. Etant donné que l'application est encore au stade de prototype, M. NEE nous a demandé de nous contenter de faire ces sauvegardes au format natif de *CImg*. Pour l'instant, il n'est pas possible de choisir le chemin de sauvegarde du fichier ni le nom de celui-ci mais cette possibilité sera ajoutée dans les futures versions du logiciel, afin de permettre au médecin d'enregistrer plusieurs courbes dans le dossier d'un patient et de les comparer ou de les imprimer ensuite.

Enfin, une commande a aussi été prévue pour fermer la fenêtre de visualisation lorsque le cardiologue souhaite voir uniquement la vidéo du coeur pour l'étudier « à l'oeil nu ».

4 Suivi des contours du myocarde

4.1 Principe de la solution existante

Lorsque le logiciel nous a été confié, il était déjà capable de suivre les contours du myocarde sur la vidéo et de les tracer. Pour cela il procédait à une analyse du mouvement des contours grâce à la technique de *block matching* : les déplacements des contours du myocarde étaient représentés grâce à un modèle affine à six paramètres, dont quatre exprimaient à la fois les rotations et les homothéties et deux exprimaient les translations. On divise chaque image de la vidéo en un quadrillage de blocs carrés (de 16 ou 32 pixels de large généralement) et on retrouve chacun de ces blocs dans l'image suivante en se basant sur la couleur de ses pixels. Le fait de connaître le déplacement des points de l'image permet de prédire leurs futures positions et donc de les suivre.

Chaque pixel transformé est lié à son pixel d'origine par la relation suivante :

$$\begin{array}{c} \text{pixel transformé} \\ \begin{bmatrix} x' \\ y' \end{bmatrix} \end{array} = \underbrace{\begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} \\ a_{21} & a_{22} \end{bmatrix}}_{\text{A=rotation et homothétie}} \times \begin{array}{c} \text{pixel original} \\ \begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix} \end{array} + \underbrace{\begin{bmatrix} t_x \\ t_y \end{bmatrix}}_{\text{T=translation}}$$

Les six paramètres utilisés pour les transformations doivent être calculés pour obtenir le modèle le mieux approprié du déplacement. Les valeurs correctes pour ces paramètres sont celles qui minimisent la somme des erreurs quadratiques entre les points originaux et les points transformés. L'expression de l'erreur à minimiser est la suivante:

$$\sum_i \left\| \begin{bmatrix} x'_i \\ y'_i \end{bmatrix} - A \times \begin{bmatrix} x_i \\ y_i \end{bmatrix} - T \right\|^2$$

Pour obtenir les valeurs recherchées, on dérive cette expression par rapport à chacun des paramètres et on détermine la valeur pour laquelle chacune des dérivées s'annule.

Cette méthode donne de bons résultats mais elle peut encore être améliorée en mettant en oeuvre une « estimation robuste ». C'est la tâche qui nous a été confiée durant la deuxième partie du projet.

4.2 Régularisation du mouvement

Cette opération consiste à calculer les paramètres des transformations en résolvant toujours une équation sur la dérivée mais en adjoignant aussi un « terme de régularisation » qui permet de réduire l'effet des vecteurs de mouvements aberrants. Ce terme est estimé grâce à une fonction (dite également « de régularisation ») qui se base sur l'erreur de prédiction des mouvements. La valeur prise est celle qui minimise la somme des erreurs pondérées, cette fois-ci, par le terme de régularisation. Pour la trouver, on répète le calcul avec la nouvelle valeur du terme jusqu'à convergence. On peut également limiter le nombre d'itérations si l'on préfère privilégier la rapidité d'exécution à la précision.

L'expression de la somme à minimiser est la suivante:

$$\sum_i b_{min} \times (r_i^k)^2$$

sachant que

$$b_{min}^k = \frac{\varphi'(r_i^k)}{2 \times r_i^k} \quad \text{et} \quad r_i^k = \left\| \begin{bmatrix} x'_i \\ y'_i \end{bmatrix} - A^{(k)} \times \begin{bmatrix} x_i \\ y_i \end{bmatrix} - T^{(k)} \right\| .$$

La fonction de régularisation, quant à elle, peut-être plus ou moins efficace et on peut la choisir suivant ses besoins spécifiques. Pour notre part, la fonction que nous avons utilisée est la suivante :

$$\varphi(u) = \frac{u^2}{1+u^2}$$

4.3 Mise en place de l'estimation robuste

Bien que cette technique d'estimation soit plus efficace mais plus difficile à appréhender que la méthode basique, elle demeurerait néanmoins assez facile à mettre en oeuvre en modifiant le code qui nous avait été fourni par M. NEE.

Pour amorcer le processus, on donne d'abord la valeur 1,0 au terme puis on calcule les valeurs initiales des paramètres. Ensuite, le travail à faire consistait à englober le code de calcul des paramètres dans une boucle au sein de laquelle on recalculait une nouvelle valeur pour le terme de régularisation jusqu'à ce qu'il atteigne la convergence.

Le code a été écrit mais faute de temps, nous n'avons pas encore pu tester le résultat.

5 Bilan du projet

5.1 Gestion du temps et organisation

La réalisation de ce projet peut se découper en trois grandes phases. Le diagramme de Gantt correspondant à l'utilisation que nous avons faite du temps qui nous a été allouée est présenté ci-dessous en figure 14.



Fig. 14: utilisation du temps durant le projet

Nous avons dans un premier temps pris connaissance du sujet et du contexte à travers divers documents scientifiques afin de bien cerner ce qui nous était demandé. A l'issue de cette rapide étude, et grâce également aux explications de nos encadrants, nous avons pu rapidement commencer le développement de l'application, tout en nous familiarisant avec la bibliothèque utilisée ainsi qu'avec les outils et la structure du programme déjà implémentés dans une première version.

Nous avons alors choisi de nous répartir distinctement le travail en deux tâches : d'un côté le développement des outils de découpage et des calculs d'intensités moyennes, de l'autre l'affichage des données sous forme de courbes ainsi que la détermination de quelques valeurs caractéristiques des courbes de perfusion. Lors de ce développement, nous avons bien entendu en premier lieu réfléchi en commun à la structure de données qui permettrait ensuite à nos deux parties de dialoguer aisément.

Durant cette période, nous avons rencontré une fois le docteur HAMON qui nous a expliqué ses attentes ainsi que présenté ses outils et méthodes actuels. Si à l'issue de ce projet nous ne disposons pas d'un programme à interface évoluée et pleinement ergonomique, ce témoignage nous a permis cependant de mieux comprendre l'intérêt de notre travail et de continuer le développement dans le sens recherché. Nous avons également correspondu de façon fréquente avec nos encadrants de projet afin de poursuivre au mieux le développement, dans les temps, tout en cherchant à chaque fois des choix d'implémentation efficaces et réfléchis.

Début janvier nous avons enfin réalisé un travail d'intégration, entre le code réalisé par chacun et également avec le code et la structure du programme de M. NEE, qui avait déjà en quelque mois évolué également.

Une première version de la solution était opérationnelle, nous avons finalement consacré la fin du temps alloué à la rédaction et à une validation des résultats obtenus, ce qui est toujours important, et primordial dans le domaine médical, ainsi qu'à la réalisation de la partie facultative du projet, visant à une amélioration du suivi des contours du myocarde.

5.2 Etat d'avancement final

Au terme de notre projet, les fonctionnalités que nous avons mises en place sont les suivantes:

- découpage paramétrable du myocarde en segments
- sélection d'un segment via l'interface graphique
- quantification de la perfusion pour chaque segment (deux méthodes validées)
- représentation de l'évolution temporelle de la perfusion
- affichage des résultats de l'analyse de la courbe

La figure 15 présente une capture d'écran de l'application :

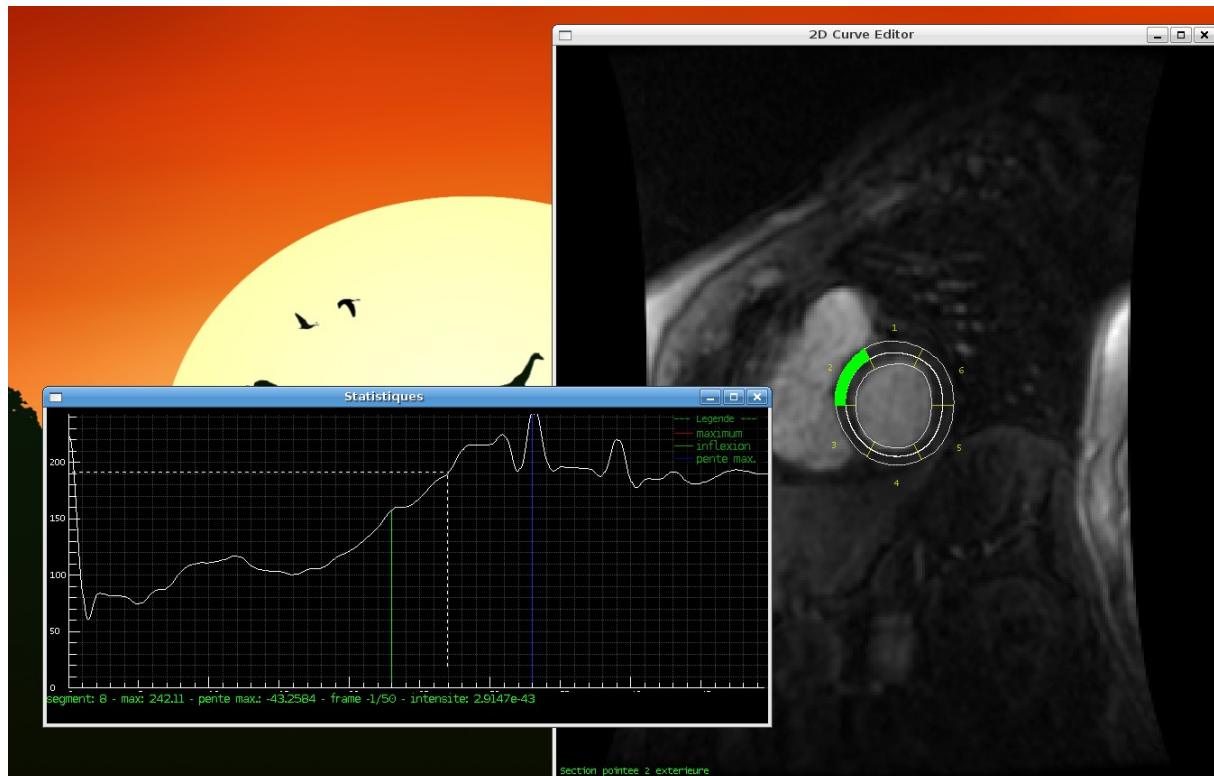


Fig. 15: capture d'écran de l'application finale

5.3 Evolutions envisageables

Les fonctionnalités prévues dans le cahier des charges ont toutes été développées mais de nombreuses autres pourraient aussi être mises en oeuvre.

D'une part, de nombreuses améliorations pourraient être apportées sans demander de connaissances particulières. Elles seraient principalement axées sur l'interface graphique et l'ergonomie. C'est par exemple le cas de l'affichage simultané des courbes de plusieurs segments, afin de pouvoir les comparer plus aisément. Il serait également souhaitable de pouvoir enregistrer les graphiques dans des formats d'images usuels (*JPEG*, etc) pour les conserver ou les imprimer.

D'autre part, certaines améliorations seraient basées sur des connaissances qui nécessitent un audit des spécialistes. Par exemple, il aurait été possible de présenter les segments en trois couleurs différentes suivant que leur perfusion serait normale, insuffisante ou excessive. Cela serait réalisable en calculant automatiquement, dès le démarrage du logiciel, l'intensité de la

perfusion pour tous les segments affichés et en attribuant à chacun d'eux une couleur dépendant du niveau et du type de l'éventuelle anomalie détectée.

Hormis cela, nous savons qu'un retard de perfusion se caractérise par un mauvais placement des points significatifs de la courbe les uns par rapport aux autres (d'où l'intérêt de localiser le point d'inflexion). Les emplacements de ces points sont déterminés par la classe `SegmentData` et pourraient donc être exploités pour notifier automatiquement les problèmes au médecin, ou au moins pour colorier différemment les parties de la courbe qui s'éloignent trop de l'allure usuelle pour un cœur sain.

Plusieurs autres fonctionnalités de ce type pourraient être mises en place à l'avenir mais cela nécessiterait d'être en contact régulier avec des cardiologues et de disposer d'une grande quantité de documentation spécialisée. Cependant, le travail de programmation est déjà en grande partie réalisé car toutes ces fonctionnalités reposent sur l'analyse de la courbe.

Enfin, un point important reste à traiter : la prise en compte des informations erronées dues à des problèmes d'acquisitions IRM. L'objectif est d'éliminer les flashes qui apparaissent sur la vidéo et qui sont interprétés comme une brusque augmentation de la perfusion alors qu'ils sont en réalité causés par des défauts d'acquisition. Ces défauts pourront être corrigés par une méthode basée sur les inégalités statistiques [7].

Au final, le logiciel devrait être capable de fournir au cardiologue des informations très fiables malgré les limitations techniques dues au matériel.

Conclusion

A l'issue de ce projet, nous avons réussi à fournir une application fonctionnelle, remplissant les impératifs fixés par le cahier des charges et produisant des résultats conformes aux attentes exprimées. Nous avons également pu adapter une interface graphique pour manipuler les entrées et les sorties du module de quantification de la perfusion. Tout cela nous a fourni à la fois une validation de notre travail, un outil de démonstration de nos résultats et une validation du suivi des contours mis en oeuvre par Guillaume NEE. Dans le même temps, nous avons eu par nos observations la confirmation qu'il était impératif de prétraiter les séquences d'entrée afin d'en extraire des informations plus proches de la réalité.

Notre programme devrait donc à terme être retenu pour assister le médecin lors de ses diagnostics. De plus, le fait d'avoir à présent une application autonome dont nous avons validé les premiers résultats nous donne également une base solide sur laquelle il sera dorénavant possible de bâtir de nouvelles fonctionnalités.

Enfin, ce projet a été extrêmement formateur sous plusieurs points de vue. Pour commencer, nous avons dû nous organiser de façon autonome pour nous répartir les tâches qui nous avaient été confiées et estimer le temps qu'il faudrait s'accorder pour réaliser chacune d'elles. D'une part, il nous a fallu être capables d'être une force de proposition tout en sachant nous conformer aux contraintes qui avaient été posées par nos prédécesseurs. D'autre part, il nous a fallu nous imprégner de la connaissance des médecins destinataires de l'application afin de bien interpréter leurs besoins et surtout d'adapter notre développement aux réalités de leur métier. Ce projet nous a donc apporté une expérience déterminante pour notre future carrière d'ingénieurs.

Sources bibliographiques

- [1] Thierry Delzescaux, *Recalage de séquences d'images pour l'étude de la perfusion myocardique en IRM*, thèse, 2001, 229 p.
- [2] Cuénod, Majda et Nasel, Vallée, *Imagerie de perfusion par résonance magnétique*, Guerbet, 15 p.
- [3] G. Née , S. Jehan-Besson, M. Revenu , M. Hamon, M. Hamon-Kérautret, *Détection automatique des structures cardiaques pour l'analyse de la perfusion myocardique en IRM*, Septembre, Journées de recherche en Imagerie Médicale, France, 2007, 4 p.
- [4] Manuel D. Cerqueira, *Standardized myocardial segmentation and nomenclature for tomographic imaging of the heart*, American Heart Association, 4 p.
- [5] G. Née, *Analyse spatio-temporelle de la perfusion myocardique en IRM*, présentation de thèse GREYC, 2006
- [6] Stéphanie Jehan-Besson, Sujets de projets et de TP sur la création de panoramas, 2007
- [7] G. Née, S. Jehan-Besson, L. Brun et al., *A myocardium tracking tool with validity assessment for MRI perfusion analysis*, article soumis à ICIP 2008, 4 p.