

Université de Montréal

Méthodes de génération et de validation de champs de déformation pour la recombinaison de distribution de dose à l'aide d'images 4DCT dans le cadre d'une planification de traitement de cancers pulmonaires

par
Alexandre Labine

Département de physique
Faculté des arts et des sciences

Mémoire présenté à la Faculté des études supérieures
en vue de l'obtention du grade de Maître ès sciences (M.Sc)

Décembre, 2014

© Alexandre Labine, 2014.

Université de Montréal
Faculté des études supérieures

Ce mémoire est intitulé

Méthodes de génération et de validation de champs de déformation pour la recombinaison de distribution de dose à l'aide d'images 4DCT dans le cadre d'une planification de traitement de cancers pulmonaires

Présenté par :
Alexandre Labine

a été évalué par un jury composé des personnes suivantes :

Sjoerd Roorda	président-rapporteur
Jean-François Carrier	directeur de recherche
Jacques De Guise	codirecteur de recherche
Stéphane Bedwani	membre du jury
Jean-François Arguin	membre du jury

Mémoire accepté le : 23 février 2015

Résumé

Des efforts de recherche considérables ont été déployés afin d'améliorer les résultats de traitement de cancers pulmonaires. L'étude de la déformation de l'anatomie du patient causée par la ventilation pulmonaire est au coeur du processus de planification de traitement radio-oncologique. À l'aide d'images de tomодensitométrie quadridimensionnelles (4DCT), une simulation dosimétrique peut être calculée sur les 10 ensembles d'images du 4DCT. Une méthode doit être employée afin de recombinaison la dose de radiation calculée sur les 10 anatomies représentant une phase du cycle respiratoire. L'utilisation de recalage déformable d'images (DIR), une méthode de traitement d'images numériques, génère neuf champs vectoriels de déformation permettant de rapporter neuf ensembles d'images sur un ensemble de référence correspondant habituellement à la phase d'expiration profonde du cycle respiratoire.

L'objectif de ce projet est d'établir une méthode de génération de champs de déformation à l'aide de la DIR conjointement à une méthode de validation de leur précision. Pour y parvenir, une méthode de segmentation automatique basée sur la déformation surfacique de surface à été créée. Cet algorithme permet d'obtenir un champ de déformation surfacique qui décrit le mouvement de l'enveloppe pulmonaire. Une interpolation volumétrique est ensuite appliquée dans le volume pulmonaire afin d'approximer la déformation interne des poumons. Finalement, une représentation en graphe de la vascularisation interne du poumon a été développée afin de permettre la validation du champ de déformation.

Chez 15 patients, une erreur de recouvrement volumique de $7.6 \pm 2.5[\%]$ / $6.8 \pm 2.1[\%]$ et une différence relative des volumes de $6.8 \pm 2.4 [\%]$ / $5.9 \pm 1.9 [\%]$ ont été calculées pour le poumon gauche et droit respectivement. Une distance symétrique moyenne $0.8 \pm 0.2 [\text{mm}]$ / $0.8 \pm 0.2 [\text{mm}]$, une distance symétrique moyenne quadratique de $1.2 \pm 0.2 [\text{mm}]$ / $1.3 \pm 0.3 [\text{mm}]$ et une distance symétrique maximale $7.7 \pm 2.4 [\text{mm}]$ / $10.2 \pm 5.2 [\text{mm}]$ ont aussi été calculées pour le poumon gauche et droit respectivement. Finalement, 320 ± 51 bifurcations ont été détectées dans le poumons droit d'un patient, soit 92 ± 10 et 228 ± 45 bifurcations dans la portion supérieure et inférieure respectivement.

Nous avons été en mesure d'obtenir des champs de déformation nécessaires pour la recombinaison de dose lors de la planification de traitement radio-oncologique à l'aide de la méthode de déformation hiérarchique des surfaces. Nous avons été en mesure de détecter les bifurcations de la vascularisation pour la validation de ces champs de déformation.

Mots clés : Déformation hiérarchique de surface, Radiothérapie quadridimensionnelle, Recalage déformable d'images, Squelettisation et représentation en graphe.

Abstract

Purpose : To allow a reliable deformable image registration (DIR) method for dose calculation in radiation therapy and to investigate an automatic vessel bifurcations detection algorithm for DIR assessment to improve lung cancer radiation treatment.

Methods : 15 4DCT datasets are acquired and deep exhale respiratory phases are exported to Varian treatment planning system (TPS) EclipseTM for contouring. Voxelized contours are smoothed by a Gaussian filter and then transformed into a surface mesh representation. Such mesh is adapted by rigid and elastic deformations based on hierarchical surface deformation to match each subsequent lung volumes. The segmentation efficiency is assessed by comparing the segmented lung contour and the TPS contour considering two volume metrics, defined as Volumetric Overlap Error (VOE) [%] and Relative Volume Difference (RVD) [%] and three surface metrics, defined as Average Symmetric Surface Distance (ASSD) [mm], Root Mean Square Symmetric Surface Distance (RMSSD) [mm] and Maximum Symmetric Surface Distance (MSSD) [mm]. Vesselness filter was applied within the segmented lung volumes to identify blood vessels and airways. Segmented blood vessels and airways were skeletonised using a hierarchical curve-skeleton algorithm based on a generalized potential field approach. A graph representation of the computed skeleton was generated to assign one of three labels to each node : the termination node, the continuation node or the branching node.

Results : The volume metrics obtained are a VOE of $7.6 \pm 2.5[\%]$ / $6.8 \pm 2.1[\%]$ and a RVD of $6.8 \pm 2.4 [\%]$ / $5.9 \pm 1.9 [\%]$ respectively for left and right lung. The surface metrics computed are an ASSD of $0.8 \pm 0.2 [\text{mm}]$ / $0.8 \pm 0.2 [\text{mm}]$, a RMSSD of $1.2 \pm 0.2 [\text{mm}]$ / $1.3 \pm 0.3 [\text{mm}]$ and a MSSD of $7.7 \pm 2.4 [\text{mm}]$ / $10.2 \pm 5.2 [\text{mm}]$ respectively for left and right lung. 320 ± 51 bifurcations were detected in the right lung of a patient for the 10 breathing phases. 92 ± 10 bifurcations were found in the upper half of the lung and 228 ± 45 bifurcations were found in the lower half of the lung. Discrepancies between ten vessel trees were mainly ascribed to the segmentation method.

Conclusions : This study shows that the morphological segmentation algorithm can provide an automatic method to capture an organ motion from 4DCT scans and translate it into a volume deformation grid needed by DIR method for dose distribution combination. We also established an automatic method for DIR assessment using the morphological information of the patient anatomy. This approach allows a description of the lung's internal structure movement, which is needed to validate the DIR deformation fields.

Keywords : Hierarchical surface deformation, Four dimensionnal radiation therapy, Deformable image registration, Skeletonization, Graph.

Table des matières

Résumé	i
Abstract	iii
Table des matières	v
Liste des tableaux	ix
Liste des figures	x
Liste des algorithmes	xii
Liste des sigles	xiii
Remerciements	xvi
1 Introduction	1
1.1 Le système respiratoire	2
1.2 Traitements du cancer pulmonaire et gestion du mouvement respiratoire . .	4
1.2.1 Limitations en radiothérapie causées par le mouvement respiratoire	5
1.2.2 Méthodes de gestions du mouvement respiratoire en radiothérapie .	7
1.2.2.1 Méthodes permettant d’estimer le mouvement lors du cycle respiratoire	8
1.2.2.1.1 Tomodensitométrie tridimensionnelle à faible vi- tesse	8
1.2.2.1.2 Imageries tomodensitométriques tridimensionnelles en inspiration profonde et expiration profonde	8

1.2.2.1.3	Tomodensitométrie quadridimensionnelle	9
1.2.2.2	Méthode de gestion du mouvement respiratoire lors de traitements de radiothérapie	10
1.2.2.2.1	Traitement durant une portion du cycle respiratoire	10
1.2.2.2.2	Traitement en respiration soutenue	10
1.2.2.2.3	Traitement en amplitude respiratoire restreinte	11
1.2.2.2.4	Traitement à l'aide de suivi en temps réel	11
1.3	Procédures de radiothérapie du cancer du poumon avec gestion du mouvement respiratoire au CHUM	12
1.4	Sujet du projet de maîtrise	13
1.5	Organisation du rapport	15
2	Segmentation des poumons	17
2.1	Introduction	17
2.2	Revue de littérature	18
2.2.1	Méthodes de segmentation par seuillage en intensité	18
2.2.2	Méthodes adaptées aux poumons anormaux	19
2.3	Méthodologie	20
2.3.1	Déformation hiérarchique de surface	21
2.3.2	Procédure	24
2.3.2.1	Aquisition	24
2.3.2.2	Exportation des images	25
2.3.2.3	Génération des contours	26
2.3.2.4	Segmentation HSD	26
2.3.3	Méthodes de comparaison	28
2.3.3.1	Erreur de recouvrement volumique	28
2.3.3.2	Différence relative des volumes	28
2.3.3.3	Distance symétrique moyenne	29
2.3.3.4	Distance symétrique moyenne quadratique	29
2.3.3.5	Distance symétrique maximale	30

2.4	Résultats et discussion	30
2.4.1	Méthodes de comparaison	30
2.4.1.1	Comparaison pour plusieurs patients	31
2.4.1.2	Comparaison pour plusieurs phases	32
2.5	Conclusion	36
3	Génération de champs de déformation	38
3.1	Introduction	38
3.2	Revue de littérature	38
3.2.1	Modèles de déformation	39
3.2.1.1	Transformations géométriques dérivées des modèles physiques	39
3.2.1.1.1	Modèles basés sur un corps élastique	40
3.2.1.1.2	Modèle d'écoulement viscofluide	41
3.2.1.1.3	Modèle de diffusion	41
3.2.1.2	Transformations géométriques dérivées de la théorie d'interpolation	42
3.2.1.2.1	Fonctions à bases radiales	42
3.2.1.2.2	Déformation à forme libre	44
3.2.1.3	Transformations géométriques basées sur les connaissances des propriétés de l'image	45
3.2.2	Critères d'appariement	46
3.2.2.1	Méthodes géométriques	47
3.2.2.2	Méthodes iconiques	47
3.2.3	Méthodes d'optimisation	48
3.2.4	Évaluation du recalage déformable	49
3.3	Méthodologie	49
3.3.1	Déformation surfacique	50
3.3.2	Déformation volumique	51
3.4	Résultats et discussion	53
3.5	Conclusion	55
4	Squelettisation des structures pulmonaires internes	56
4.1	Introduction	56
4.2	Revue de littérature	57
4.2.1	Segmentation de la vascularisation pulmonaire	57

4.2.2	Squelettisation	58
4.3	Méthodologie	60
4.3.1	Segmentation de la vascularisation pulmonaire	60
4.3.2	Traitement des structures segmentées	62
4.3.3	Squelettisation des structures pulmonaires internes	64
4.3.3.1	Champ de force répulsive	64
4.3.3.2	Localisation des points critiques	65
4.3.3.3	Points de faible divergence	67
4.3.4	Génération d'un graphe	67
4.3.5	Post-traitement du graphe généré	68
4.4	Résultats et discussion	68
4.5	Conclusion	72
5	Discussion générale	73
5.1	Segmentation des poumons	73
5.2	Génération de champs de déformation	76
5.3	Squelettisation des structures pulmonaires internes	76
6	Conclusion	79
	Bibliographie	82
7	Annexe	89
7.1	Segmentation Eclipse	89

Liste des tableaux

2.1	Comparaison des résultats de la segmentation HSD par rapport à la segmentation manuelle effectuée dans le TPS Eclipse.	31
-----	--	----

Table des figures

1.1	Rapports de survie relative au Canada (2006 - 2008)	1
1.2	Organisation des voies respiratoires	2
1.3	Anatomie des structures d'échange gazeux	3
1.4	Délimitation du volume tumoral selon l'ICRU	5
1.5	Artéfacts de mouvement du à la ventilation pulmonaire sur images de 3DCT	6
1.6	Acquisition par tomодensitométrie d'une sphère en mouvement	6
1.7	Délimitation du volume tumoral selon l'ICRU 62	7
1.8	Processus de regroupement d'images 3DCT à l'aide d'un signal respiratoire en amplitude	9
1.9	BodyFIX de Elekta	11
1.10	Organigramme du processus de radiothérapie 4D	14
2.1	Schéma de la déformation hiérarchique de surface	22
2.2	Processus de la segmentation automatique des phases respiratoires à l'aide de la méthode de déformation hiérarchique de surface.	24
2.3	Figure du processus de segmentation HSD	27
2.4	Comparaison d'une seule phase respiratoire pour plusieurs patients	31
2.5	Comparaison de trois processus de segmentation dépendant de la forme à priori pour un patient	33
2.6	Légende illustrant les différentes comparaisons	33
2.7	Méthodes de comparaison volumiques	34
2.8	Méthodes de comparaison de distance surfacique	35
3.1	Classification des méthodes de recalage déformable d'images médicales	39
3.2	Schéma d'un champ de déformation surfacique généré à l'aide du déplace- ment de chaque noeud d'un maillage	50
3.3	Figure utilisée lors de l'étape de détermination de la valeur du paramètre de puissance de la méthode d'interpolation de Shepard.	52

3.4	Détermination du paramètre de puissance selon la simulation d'un déformation sinusoïdale 2D	52
3.5	Déformation surfacique entre les phases respiratoires d'expiration profonde et d'inspiration profonde	53
3.6	Résultats en [mm] de la déformation entre les phases respiratoires d'expiration complète et d'inspiration complète à l'intérieur des poumons.	54
4.1	Exemple d'un diagramme de Voronoï	59
4.2	Schématisation de l'ellipsoïde décrivant les valeurs propres lors de l'analyse de la matrice hessienne d'un objet tubulaire.	61
4.3	Réduction du nombre d'objets dans le volume segmenté	63
4.4	Champ de forces répulsives	65
4.5	Localisation des points critique et tracé du squelette	65
4.6	Types de points critiques	66
4.7	Processus de squelettisation ayant l'objectif d'identifier les bifurcations de la vascularisation d'un poumon	69
4.8	Comparaison entre l'algorithme TREES et l'étape de post traitement	71
4.9	Bifurcations détectées pour 6 tranches de tomographie	71
7.1	Identification du contour représentant le corps (<i>BODY</i>) du patient.	90
7.2	Création d'une nouvelle structure dans sur l'ensemble d'images	90
7.3	Segmentation automatique d'un poumon.	91
7.4	Correction manuelle des structures segmentées.	92

Liste des algorithmes

2.1	Séparation des images 4DCT	25
2.2	Conversion des images en volume MATLAB format <i>.mat</i>	26
2.3	Reconstruction du contour DICOM RTSTRUCT en format <i>.mat</i>	26
2.4	Génération de maillage pour chaque phase respiratoire	27
4.1	Réduire le nombre d'objets dans le volume segmenté par la méthode rehaussement de vaisseaux.	63
4.2	Génération du squelette à l'aide de la méthode de champ de forces répulsives	64
4.3	Génération d'un graphe à partir d'un squelette sous forme de points	67

Liste des sigles

3DCT - Tomodensitométrie tridimensionnelle
4DCT - Tomodensitométrie quadridimensionnelle
AAPM - Association américaine de physique médicale
ASSD - Distance symétrique moyenne
CC - Corrélacion croisée
CCL - Coefficient de corrélation linéaire
CHUM - Centre hospitalier de l'Université de Montréal
CRCHUM - Centre de Recherche du Centre hospitalier de l'Université de Montréal
CT - Tomodensitométrie
CTV - Volume cible clinique
EBW - Extended Brilliance Workspace
EMPIRE10 - Evaluation of Methods for Pulmonary Image Registration 2010
FFD - Déformations à forme libre
GTV - Volume tumoral macroscopique
HSD - Déformation hiérarchique de surface
HU - Unité Hounsfield
ICP - Méthode itérative du point le plus près
IM - information mutuelle
IRCU - commission internationale sur les unités de radiation
ITK - Insight Segmentation and Registration Toolkit
ITV - Volume cible interne
LASL - Plus long axe de semi-longueur
LCSA - Plus grande section transversale
LIO - Laboratoire d'orthopédie et d'imagerie
MICCAI - Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention
MQ - Fonctions multiquadratiques
MSSD - Distance symétrique maximale
OAR - Organes à risque
PTV - Volume cible de planification
RBF - Fonctions à bases radiales
RMSSD - Distance symétrique moyenne quadratique
RVD - Différence relative des volumes
SCD Somme des carrés des différences

TPS' - Splines de surfaces (Déformation)
TPS - Système de planification de traitement
VI - Volume irradié
VT - Volume traité
VOE - Erreur de recouvrement volumique
WM - Fonctions moyennes pondérées

Remerciements

Au cours des deux dernières années, j'ai eu la chance de parfaire ma formation de physicien grâce à l'Université de Montréal ainsi qu'à l'Hôpital Notre-Dame du CHUM. Ce chemin m'a permis de rencontrer des individus passionnés et dévoués qui ont changé ma perception du milieu de la recherche. J'aimerais donc remercier ceux qui m'ont appuyé tout au long de cette belle expérience. J'aimerais tout d'abord remercier mon directeur de recherche, Jean-François Carrier, pour l'occasion de travailler sur un sujet absorbant ainsi que pour sa confiance tout au long de ce projet. J'aimerais ensuite remercier Stéphane Bedwani pour son écoute indéfectible et ses inestimables conseils qui m'ont permis de mener ce travail à terme. Aussi, j'aimerais remercier Ramnada Chav de m'avoir guidé à travers son fantastique projet. Sans son expertise et celle des chercheurs du Laboratoire d'orthopédie et d'imagerie du CRCHUM, ce travail aurait été beaucoup plus ardu. Je remercie Gabriel Chartrand du LIO pour avoir participé au projet. J'aimerais ainsi remercier mon co-directeur de recherche, Jacques De Guise, pour l'intérêt qu'il a su placer dans ce projet et pour le partenariat qui en est né entre le département de radio-oncologie de l'Hôpital Notre-Dame et la LIO. Je remercie mes collègues et amis du laboratoire de radio-oncologie Anthony Di Salvio, Dany Truchon, Antony Bertrand, Simon Péloquin, Yuji Kamio, Karim Zerouali, Alexandra E. Bourque ainsi que tous les physiciens qui se sont montrés disponibles en cas d'incertitude. Je voudrais faire un remerciement spécial à mes parents pour m'avoir encouragé tout au long de mes études. Finalement, je voudrais remercier ma conjointe qui m'a, et ce depuis de longues années, toujours soutenu et réconforté lors de périodes difficiles et qui a surtout su célébrer les bons moments avec moi.

Tout ce qui suit aurait été impossible sans toi. Merci.

Chapitre 1

Introduction

En 2014, Statistique Canada [1] rapporte 12 449 (13,3%) et 13 385 (13,8%) nouveaux cas de cancer du poumon ont été diagnostiqués dans la population féminine et masculine respectivement. Ce type de cancer est le deuxième plus important après le cancer du sein (26,1%) chez les femmes ainsi qu'après le cancer de la prostate (24,5%) chez les hommes. Toutefois, les décès répertoriés démontrent que 9 495 (26,3%) et 10 717 (27,2%) chez les femmes et les hommes respectivement sont attribuables au cancer du poumon. Nous voyons très bien à la figure 1.1 issue de la Publication Statistique canadienne sur le cancer [1] que le taux de survie relative du cancer du poumon est le plus faible.

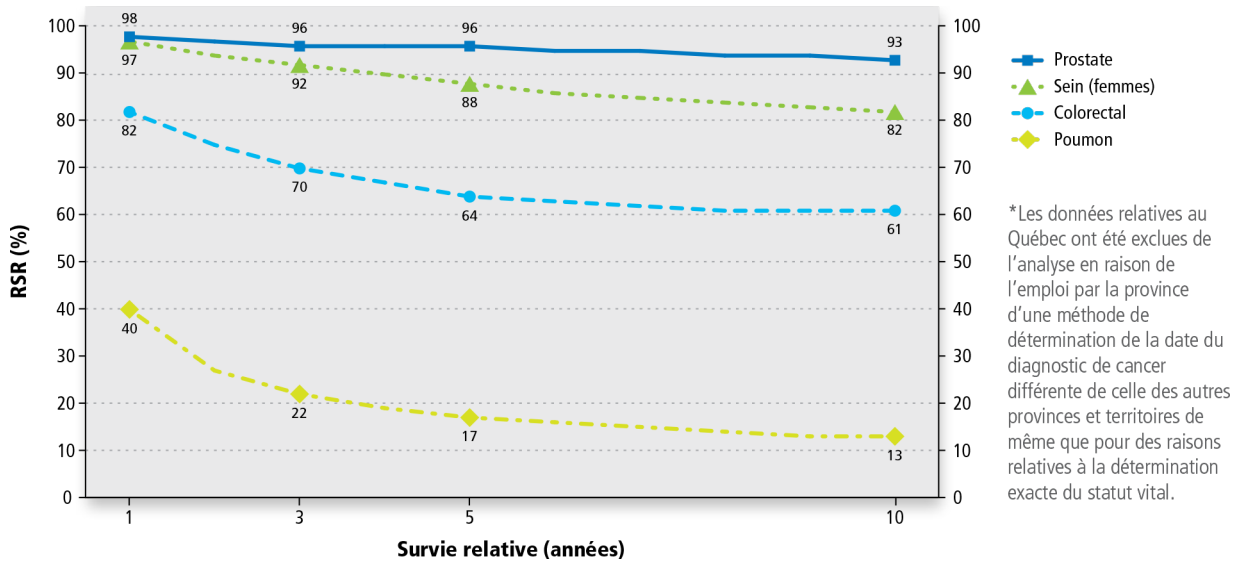


FIGURE 1.1 – Le rapport de survie relative à un, trois, cinq et dix ans pour les cancers les plus fréquents, chez la population âgée de 15 à 99 ans au moment du diagnostic, Canada (à l'exception du Québec*), 2006 à 2008 [1]

C'est dans cette conjoncture qu'un effort d'amélioration des traitements du cancer du poumon s'est amorcé. Dans un premier temps, le présent travail a pour objectif de guider le lecteur sur les procédures actuelles d'un tel type de traitements thérapeutique. Nous présentons ensuite diverses méthodes proposées par les associations médicales dans le but de traiter ce type de pathologie. Finalement nous présentons le sujet du travail qui sera approfondi au cours des chapitres subséquents.

1.1 Le système respiratoire

Le système respiratoire est constitué de trois principales composantes, soit les voies de transport gazeux, les zones d'échange gazeux ainsi que les muscles permettant la ventilation. Dans le cadre de ce travail, nous nous intéressons particulièrement à l'anatomie des poumons, illustrée aux figures 1.2 et 1.3 issues du livre de Tortora *et al.* [2].

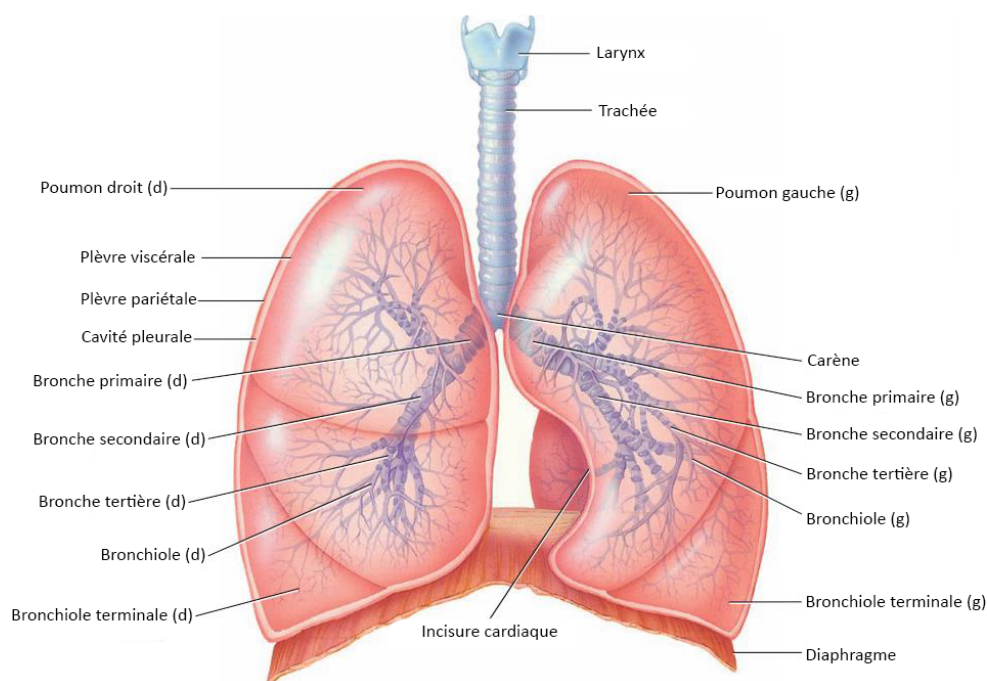


FIGURE 1.2 – Organisation des voies respiratoires. L'air pénètre par la trachée pour se rendre aux extrémités des bronchioles [2].

Un individu possède normalement deux poumons divisés en lobes, soit trois lobes pour le poumon droit et deux lobes pour le poumon gauche. Les lobes sont séparés par des scissures permettant un glissement sans friction lors de la déformation dû au processus de ventilation. À l'intérieur des poumons, nous trouvons un système de bronches qui se ramifient en bronchioles. Cette structure est responsable du transport gazeux vers les alvéoles.

Le diamètre des bronches est de l'ordre du centimètre tandis que celui des bronchioles est plutôt de l'ordre du millimètre. La cavité pleurale séparant la plèvre pariétale située contre la cage thoracique et la plèvre viscérale reliée aux poumons permet quant à elle un glissement sans friction lors du cycle respiratoire.

Aux extrémités des bronchioles se situent les sacs alvéolaires contenant les alvéoles responsables de l'échange gazeux entre l'air inspiré et le sang de l'individu. Un réseau vasculaire achemine le sang désoxygéné du coeur vers les alvéoles puis reconduit le sang oxygéné vers le coeur afin d'être distribué dans le corps. Ces vaisseaux sanguins suivent les voies de transport gazeux, ce qui génère des segments pulmonaires sous forme d'arborescence.

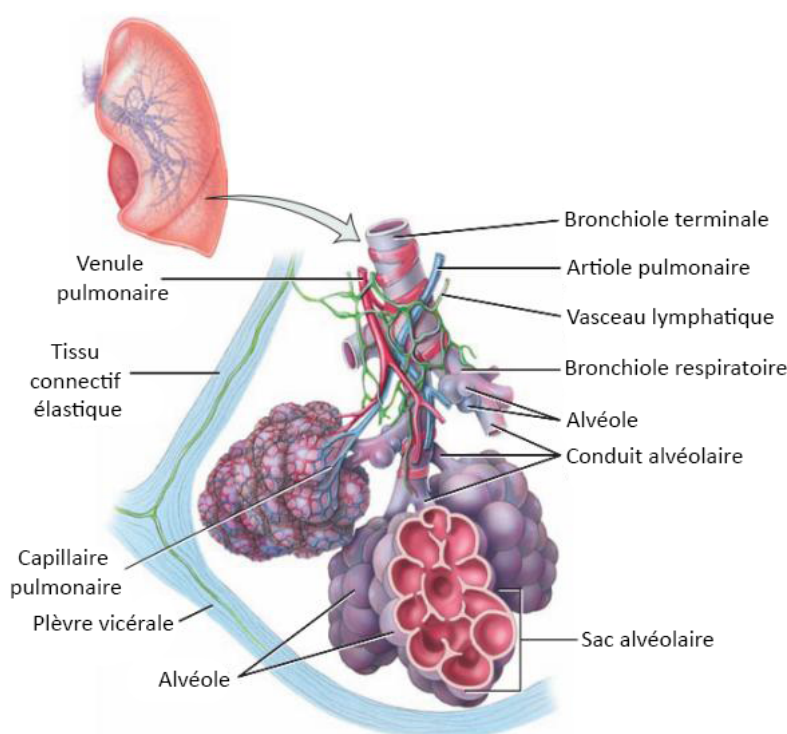


FIGURE 1.3 – Anatomie des structures d'échange gazeux. Des capillaires parcourent la surface des sacs alvéolaires permettant le transport du sang. Le CO_2 présent dans le sang diffuse vers l'air tandis que le O_2 diffuse vers le sang [2].

Finalement, plusieurs groupes musculaires sont responsables de l'inspiration et de l'expiration, soit entre autres le diaphragme, les muscles intercostaux, les pectoraux ainsi que les abdominaux. Le diaphragme est le muscle responsable de l'abaissement de la base des poumons lors de l'inspiration. Il contribue donc majoritairement au déplacement des tissus pulmonaires.

1.2 Traitements du cancer pulmonaire et gestion du mouvement respiratoire

Trois catégories de traitements oncologiques sont prescrites aux personnes atteintes d'un cancer du poumon, soit la chirurgie, la radiothérapie ou la chimiothérapie. Dans certaines situations, la radiothérapie ainsi que la chimiothérapie peuvent être utilisées conjointement à la chirurgie dans le but de réduire la taille de la masse tumorale avant l'opération. Il est aussi possible de requérir aux différents traitements séparément. Par exemple, un traitement par radiothérapie pourrait être la seule option thérapeutique lorsqu'une tumeur ne peut être résectée due à sa taille ou sa position dans le poumon ou que le patient ne peut recevoir de chimiothérapie.

Auparavant, le processus de traitement d'un cancer pulmonaire était composé d'un examen d'imagerie tomographique 3D (3DCT) permettant la localisation de la masse tumorale suivie d'une étape de planification de traitement déterminant la dose de radiation à administrer au volume tumoral ainsi qu'aux organes à risque (OAR). Le volume tumoral était déterminé selon les recommandations du rapport 50 de la commission internationale sur les unités de radiation (ICRU) [3]. La zone de traitement était composée du volume tumoral macroscopique (*gross tumor volume*, GTV), du volume cible anatomoclinique (*clinical target volume*, CTV) et du volume cible de planification (*planning target volume*, PTV). Le GTV est constitué des lésions tumorales mesurables ou visibles à l'aide d'une modalité d'imagerie. Le CTV correspond à une marge incluant les tissus tumoraux indiscernables à l'examen d'imagerie. Le PTV est une seconde marge utilisée afin d'intégrer les incertitudes liées au patient, à son positionnement lors du traitement ainsi qu'à la modalité de traitement sélectionnée. Le volume traité (*treated volume*, TV) est considéré, car l'administration de l'irradiation par les techniques disponibles ne peut être toujours concentrée dans le PTV. Or, selon des critères cliniques, le volume TV correspond à un niveau de dose de radiation minimale permettant de prodiguer un soin radiothérapeutique. Finalement, le volume irradié (*irradiated volume*, IV) correspond au volume de tissus recevant une dose de radiation dite significative par rapport à la tolérance des tissus sains. La figure 1.4 illustre la disposition de ces zones dans un volume d'irradiation.

Dans ce processus de planification, certains facteurs sont négligés comme le déplacement de la tumeur causé par la ventilation pulmonaire. C'est dans l'objectif d'établir des moyens de gestion du déplacement causé par la respiration lors de traitements radio-oncologiques que le rapport TG-76 [4] de l'association américaine de physique médicale (*American Association of Physicists in Medicine*, AAPM) a été publié. Ce rapport s'at-

tarde aux limitations causées par le mouvement respiratoire ainsi qu'aux méthodes permettant de tenir compte de ce mouvement lors de l'examen d'imagerie, de la planification de traitement et l'administration du traitement.

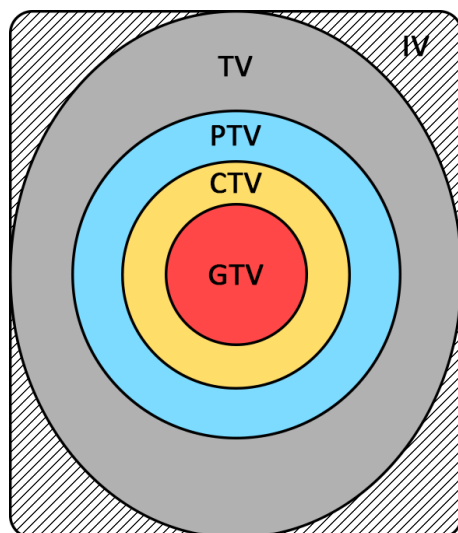


FIGURE 1.4 – Délimitation du volume tumoral selon l'ICRU. Nous trouvons le GTV (en rouge) entouré d'une marge associée aux cellules indétectables sur les images CT formant le CTV (en jaune) qui est à son tour entouré d'une marge prenant en compte le positionnement du patient donnant le PTV (en bleu). Ce volume se trouve dans le volume de traitement TV (en gris) spécifié par le radiothérapeute qui correspond au niveau de dose thérapeutique minimale. Idéalement, TV devrait être similaire au PTV. Toutefois, le TV dépend de la modalité de traitement utilisé ainsi de que de la méthode utilisée lors de la planification de traitement. Ces volumes se situent nécessairement à l'intérieur du volume d'irradiation IV (hachuré).

1.2.1 Limitations en radiothérapie causées par le mouvement respiratoire

Trois types de limitations sont identifiés lors d'un traitement de radiothérapie d'une anatomie éprouvant une déformation due à la respiratoire par le rapport TG-76 [4]. Ces limitations sont rencontrées lors de l'acquisition d'image, lors de la planification de traitement et lors du traitement. Un examen 3DCT conventionnel présente des artéfacts de déplacement comme l'illustre la figure 1.5. La présence de ces artéfacts est attribuable au déplacement des tissus à l'intérieur d'une tranche tomodynamométrique en acquisition. Ces images ne peuvent être utilisées lors de l'étape de planification de traitement étant donné l'incertitude sur la nature et la position des tissus.

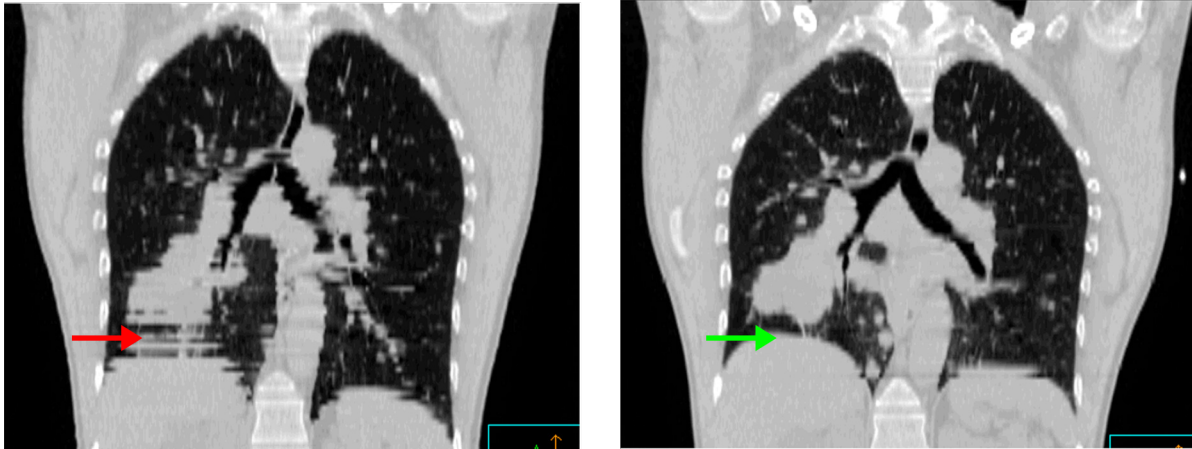


FIGURE 1.5 – Artéfacts de mouvement dus à la ventilation pulmonaire sur images de 3DCT [4]. La figure gauche représente l’acquisition en respiration libre tandis que la figure droite correspond à une acquisition lors d’une expiration maintenue.

Lors de la planification de traitement, les marges CTV et PTV doivent être établies sur les images CT. Or, le volume tumoral peut être mal identifié sur les images dû aux artéfacts de mouvement, comme le démontre la figure 1.6 issue du travail de Rietzel *et al.* [5]. Lors d’une telle situation, le volume tumoral ne recevra pas la dose prescrite ce qui met la santé du patient en péril.

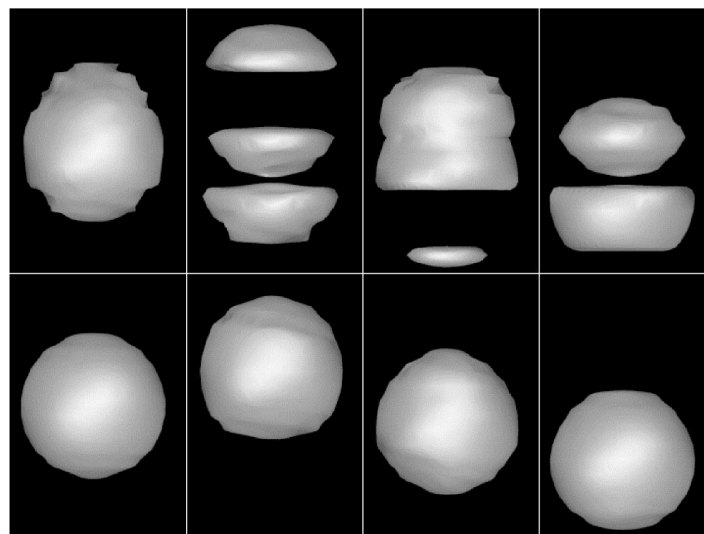


FIGURE 1.6 – Acquisition par tomographie d’une sphère en mouvement issue du travail de Rietzel *et al.* [5]. Les images du haut ont été acquises à l’aide d’un tomographe 3D conventionnel. Des artéfacts de mouvement créant une division virtuelle de l’objet imagé peuvent clairement être identifiés. Les images du bas ont été acquises à l’aide d’un tomographe 4D qui a pour objectif de corriger ces artéfacts de mouvement.

Finalement, le déplacement du volume tumoral lors du traitement de radiothérapie cause une distribution de dose floue lors de l'utilisation d'un traitement conventionnel. Toutefois, lorsqu'une technique moderne de traitement est utilisée, comme la radiothérapie par modulation d'intensité, une portion importante de la dose prescrite peut ne pas se retrouver dans le volume tumoral, mais plutôt dans les tissus sains.

1.2.2 Méthodes de gestions du mouvement respiratoire en radiothérapie

La publication du rapport IRCU 62 [6], une mise à jour du rapport ICRU 50 [3], présente une nouvelle marge interne lors de la délimitation de volume tumorale qui a pour objectif de tenir compte du mouvement respiratoire. Le volume cible interne (*Internal Target Volume*, ITV) est déterminé par le déplacement de la tumeur lors du cycle respiratoire. La figure 1.7 représente les contours associés à une zone tumorale qui se déplace entre les deux petites sphères rouges le long de la ligne pointillée.

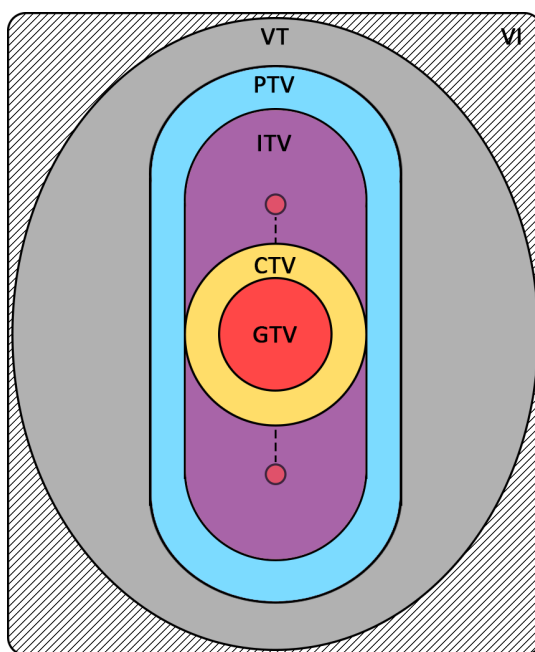


FIGURE 1.7 – Délimitation du volume tumoral selon l'ICRU 62. Ajout de l'ITV prenant en compte le déplacement de la tumeur dû à la respiration. Le schéma ci-haut représente une tumeur se déplaçant verticalement le long de la ligne pointillée entre les deux petites sphères rouges.

Dans le cadre de leur regroupement, l'AAPM a divisé en cinq catégories les méthodes de gestion du mouvement dû à la ventilation pulmonaire, soit les méthodes estimant le

déplacement et quatre méthodes permettant de gérer le mouvement du patient durant le traitement de radiothérapie.

1.2.2.1 Méthodes permettant d'estimer le mouvement lors du cycle respiratoire

Lors de la publication du rapport TG-76 [4], certaines institutions ne possédaient pas d'équipement permettant la gestion du mouvement lors du traitement d'un patient. Or, le rapport présente des méthodes d'imagerie permettant d'obtenir des informations sur la déformation de l'anatomie au cours du cycle respiratoire.

Tout d'abord, rappelons que les images CT sont une représentation virtuelle du coefficient d'atténuation linéaire μ des tissus composant le patient. Ce coefficient d'atténuation linéaire est habituellement transformé en densité électronique ρ_e à l'aide d'une courbe de calibration lors de calcul dosimétrique. Nous obtenons la valeur d'intensité d'un voxel d'une image en unité Hounsfield (UH) qui est décrite par la relation 1.1 où μ_{eau} est le coefficient d'atténuation linéaire de l'eau.

$$\text{UH} = \frac{\mu - \mu_{\text{eau}}}{\mu_{\text{eau}}} \times 1000 \quad (1.1)$$

Trois techniques d'imagerie tomодensitométrique sont proposées par le rapport du TG-76 [4], soit le CT lent, le CT en inspiration complète maintenue additionnée d'un CT en expiration complète maintenue et la tomодensitométrie quadridimensionnelle.

1.2.2.1.1 Tomодensitométrie tridimensionnelle à faible vitesse

La méthode de CT lent consiste à réduire la vitesse de la table d'examen ou de combiner et moyennner plusieurs ensembles d'images CT d'un même patient dans le but d'obtenir l'étendue des déplacements de la tumeur sur une même image. Une intégration de la trajectoire des tissus est alors comprise dans l'ensemble de données. L'avantage de cette méthode est d'obtenir une anatomie virtuelle qui représente celle vue lors du traitement. Toutefois, le principe de moyennage crée une baisse de résolution qui complique la délimitation des différentes zones et des organes à risques.

1.2.2.1.2 Imageries tomодensitométriques tridimensionnelles en inspiration profonde et expiration profonde

La seconde technique d'imagerie consiste à obtenir deux ensembles d'images CT représentant chacun l'inspiration et l'expiration maintenue. En utilisant conjointement les deux ensemble d'images, il est possible de déterminer la portée du déplacement de la tumeur.

Contrairement au CT lent, cette technique permet d'acquérir des images de meilleure résolution ce qui facilite le travail de délimitation des organes et de la zone tumorale.

1.2.2.1.3 Tomodensitométrie quadridimensionnelle

La dernière technique d'imagerie correspond à la méthode de tomodensitométrie quadridimensionnelle (4DCT). L'emploi du terme 4D signifie que l'anatomie du patient (3D) est imagée pendant une période permettant de voir l'évolution des tissus au cours du temps (1D). Durant l'examen d'imagerie, un outil permettant de mesurer la trace respiratoire du patient est utilisé. Deux méthodes peuvent être employées afin d'établir une relation entre la trace respiratoire du patient et les images 3D acquises, soit selon la phase du signal respiratoire ou bien par l'amplitude du signal respiratoire. Abdelnour *et al.* [7] ont démontré que l'utilisation de l'amplitude du signal respiratoire est préférable à la phase de ce signal lors de l'association des images, car elle permet une plus grande tolérance face aux instabilités perçues lors du cycle respiratoire du patient.

Les images 3D sont donc classées à l'aide de la trace respiratoire selon l'amplitude du signal respiratoire lors de leur acquisition. La figure 1.8 schématise le processus utilisé afin de construire l'anatomie du patient selon l'amplitude du signal respiratoire.

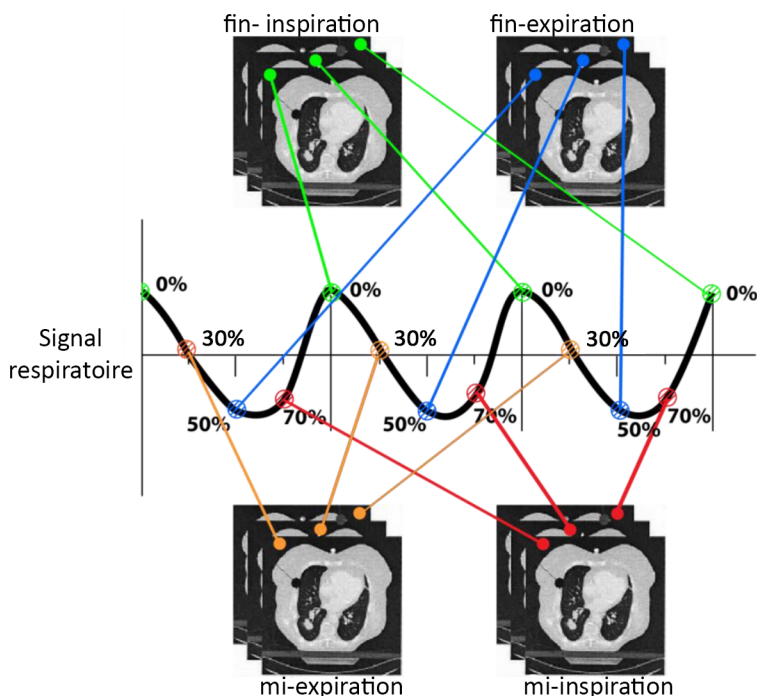


FIGURE 1.8 – Processus de regroupement d'images 3DCT à l'aide d'un signal respiratoire en amplitude. Ce schéma représente le principe de reconstruction de volume 4D. Généralement, 10 ensembles d'images représentant chacun une amplitude respiratoire sont créés à partir des images acquises lors du l'examen d'imagerie.

1.2.2.2 Méthode de gestion du mouvement respiratoire lors de traitements de radiothérapie

Quatre méthodes sont suggérées par le rapport du TG-76 [4], soit les méthodes traitant durant une portion du cycle respiratoire, les méthodes traitant lors de respiration soutenue, les méthodes forçant l'amplitude respiratoire du patient et les méthodes suivant la tumeur lors de la respiration.

1.2.2.2.1 Traitement durant une portion du cycle respiratoire

Lorsque le traitement de radiothérapie s'effectue durant une portion du cycle respiratoire (*gating*), un outil de mesure est utilisé afin de connaître l'amplitude du déplacement causé par la ventilation pulmonaire. Ce signal peut être acquis de façon externe ou interne.

Il existe plusieurs outils externes permettant la mesure de l'amplitude de déplacement selon la trace respiratoire du patient comme le RPM (*Real-time Position Management*) de Varian (Varian Medical Systems, États-Unis), le ExacTrac Gating de BrainLab (Heimstetten, Allemagne), la ceinture Azai de Siemens Medical Systems (Concord, États-Unis) et la ceinture Bellows de Philips Medical Systems (Cleveland, États-Unis) pour ne nommer que ceux-ci. Le traitement ne s'effectue que dans un fenètre d'amplitude respiratoire, autrement les mâchoires de blindage de l'accélérateur linéaire se referment et aucune radiation n'est administrée.

Des marqueurs fiduciaux internes peuvent aussi être utilisés afin de déterminer le déplacement de la tumeur. Cette technique employant des grains d'or d'environ 2 mm est habituellement utilisée lors de méthode de suivi de tumeur en temps réel. Toutefois, cette méthode peut être utilisée en *gating* à l'aide d'images radiographiques afin de s'assurer que les grains se trouvent dans la région désirée lors du démarrage du faisceau de radiation.

Notons qu'il existe un mouvement résiduel dans la fenètre de traitement. De plus, cette technique de traitement allonge le temps nécessaire pour la procédure étant donné que le patient demeure sur la table de traitement lorsqu'aucune radiation n'est émise.

1.2.2.2.2 Traitement en respiration soutenue

La seconde méthode exige que la respiration du patient soit retenue lors du traitement afin d'éliminer toute trace de mouvement. Cette technique peut être effectuée librement par le patient en inspiration profonde, à l'aide d'outil permettant la mesure de l'amplitude respiratoire ainsi qu'à l'aide d'outil forçant la respiration du patient (*Active-Breathing Control*). Bien que cette méthode immobilise la tumeur lors du traitement, plusieurs patients possédant de faibles capacités respiratoires ne peuvent retenir leur souffle. Ceci peut

alors causer des problèmes de reproductibilité lors du traitement.

1.2.2.2.3 Traitement en amplitude respiratoire restreinte

Afin de réduire l'amplitude de déplacement des tissus dû à la respiration du patient, l'application de contraintes respiratoires peut être considérée. Cette troisième méthode s'effectue en plaçant le patient sous des coussins et une pellicule permettant de faire un vide afin de contraindre l'amplitude respiratoire, communément appelée cadre de corps pour traitements stéréotaxiques (*stereotactic body frame*). Le patient est alors immobilisé. Une pression est ensuite appliquée sur l'abdomen du patient afin que le déplacement de la tumeur soit contrôlé et une respiration libre, mais limitée est exécutable. La figure 1.9 montre la configuration d'un tel outil.



FIGURE 1.9 – BodyFIX de Elekta. Applique une pression sur l'abdomen du patient afin de contrôler l'amplitude du déplacement du diaphragme lors de la ventilation respiratoire.

1.2.2.2.4 Traitement à l'aide de suivi en temps réel

Finalement, la quatrième méthode de gestion du mouvement respiratoire repose sur le suivi en temps réel de la tumeur durant le traitement. Sous des conditions idéales, le suivi en temps réel élimine l'utilisation de marge associée au déplacement de la tumeur (ITV). Cette méthode peut être exécutée en imageant constamment le volume tumoral par (fluoroscopie, radiographie, résonance magnétique, ultrason, etc.), en déterminant la position de marqueurs fiduciaux internes à l'aide de méthode radiographie ou non-radiographie ou bien en utilisant un outil corrélant la trace respiratoire avec la déformation interne du patient. Quatre fonctions doivent être prises en considération afin de réaliser le processus de suivi en temps réel, soit l'identification de la position du volume tumoral en temps réel, l'anticipation du déplacement de la tumeur afin de considérer le délai de positionnement de l'appareil de traitement, le repositionnement de l'appareil et l'adaptation de la dosimétrie

à la nouvelle anatomie. Cette méthode peut être appliquée en utilisant un accélérateur muni d'un collimateur multilames, avec un accélérateur fixé sur un bras robotisé comme le CyberKnife de Accuray Inc. (Sunnyval, États-Unis) ou en déplaçant le patient à l'aide de la table de traitement. Ce type de traitement s'avère être idéal en ce qui concerne sa durée étant donné que le faisceau de radiation demeure toujours allumé.

1.3 Procédures de radiothérapie du cancer du poumon avec gestion du mouvement respiratoire au CHUM

Subséquent au diagnostic d'un cancer du poumon nécessitant une méthode de gestion du mouvement dû à la respiration, un patient suivi au Centre hospitalier de l'Université de Montréal est orienté vers un protocole de traitement quadridimensionnel. Ce protocole est divisé en cinq étapes correspondant à l'imagerie 4D, l'analyse du déplacement de la tumeur, la délimitation des volumes tumoraux et des organes à risque, la planification du traitement et finalement le traitement de radiothérapie.

L'imagerie 4D, réalisée à l'aide d'un 4DCT, produit 10 ensembles d'images représentant chacune une phase du cycle respiratoire selon l'amplitude de la trace respiratoire. Ensuite, les phases d'inspiration profonde et d'expiration profonde sont identifiées et analysées par un physicien médical.

Une analyse permet de déterminer, à l'aide d'un recalage rigide d'image entre les deux ensembles d'images sélectionnés, la déformation affine que subit le volume tumoral. Le physicien médical mesure alors la translation et la rotation qu'a effectuée la tumeur au cours du cycle respiratoire. Ces informations aiguillent le patient vers différentes modalités de traitement. Par exemple, une tumeur de grand volume est traitée par les modalités TomoTherapy de Accuray Inc. (Sunnyval, États-Unis) et RapidArc de Varian (Varian Medical Systems, États-Unis) tandis qu'une petite tumeur est plutôt traitée à l'aide du CyberKnife. L'amplitude de déplacement doit aussi être prise en compte lors de l'orientation du patient vers une modalité de traitement.

Selon la modalité de traitement choisie, les contours sont dessinés de manières différentes. Une tumeur traitée par TomoTherapy ou par RapidArc nécessite l'utilisation d'un ITV alors que ce n'est pas le cas pour les traitements à l'aide du CyberKnife. Les contours sont manuellement délimités par un opérateur sur un seul ensemble d'images.

La planification de traitement, effectuée dans le logiciel de planification de traitement Eclipse de Varian (Varian Medical Systems, États-Unis), doit aussi être adaptée à la modalité de traitement sélectionnée. La planification de traitement pour une tumeur de

grand volume requiert l'utilisation des images moyennées plutôt qu'une seule phase respiratoire. Ceci s'explique par l'utilisation d'un ITV. Dans le cas d'une petite tumeur traitée au CyberKnife, les images correspondant à l'expiration profonde sont utilisées lors de la planification.

Finalement, les mesures de gestions de mouvements décrites à la section 1.2.2.2 peuvent être utilisées lors du traitement.

1.4 Sujet du projet de maîtrise

Lors de l'analyse des images 4DCT effectuée par le physicien, un recalage rigide d'images est réalisé afin de connaître la translation et la rotation de la tumeur lors du cycle respiratoire du patient. Ensuite, selon la modalité de traitement sélectionnée, seules des images 3D sont utilisées lors de la planification de traitement. Plusieurs groupes ont proposé d'utiliser l'ensemble des données 4DCT complet lors de la planification de traitement. Keall *et al.* [8] ont proposé un modèle de planification de radiothérapie 4D utilisant chacune des 10 phases respiratoires disponibles dans les données 4DCT. Ce processus est illustré à la figure 1.10.

Dans un premier temps, une acquisition 4D de l'anatomie du patient à l'aide d'une modalité d'imagerie disponible. Au cours de ce travail, cette modalité correspond à un tomodensitomètre relié à un outil enregistrant la trace respiratoire du patient au cours de l'examen d'imagerie. En utilisant l'amplitude de la trace respiratoire, l'ensemble d'images acquis est divisé en dix sous ensembles d'images représentant 10 différentes phases du cycle respiratoire (0% - 90%). La phase respiratoire coïncidant à la phase d'expiration profonde est identifiée comme étant la phase respiratoire de référence, correspondant à la phase 10% dans le cas montré à la figure 1.10. Par la suite, l'anatomie du patient est délimitée sur les 10 ensembles d'images à l'aide d'une technique de segmentation choisie. Comme nous le pouvons le voir à la figure 1.10 sous la colonne *Segmentation*, une couleur est associée aux différents organes d'intérêts (poumon gauche (rouge), poumon droit (bleu), oesophage (cyan), trachée (rose), gros vaisseaux (jaune et vert), canal médullaire (ocre) et le GTV (violet)). Une étape de planification de traitement radio-oncologique par simulation numérique est ensuite faite en utilisant la localisation des différents tissus. Cette étape, montrée à la figure 1.10 sous la colonne *Dose simulation*, peut être effectuée à l'aide d'un logiciel de planification de traitement ou par calcul Monte Carlo. Préalablement obtenus à l'aide de diverses méthodes de recalage non rigide, neuf champs de déformations sont utilisés afin de recombinaison les cartes de doses simulées sur les dix anatomies associées aux phases

respiratoires du patient. Comme nous pouvons le voir à la figure 1.10 sous la colonne *Deformation fields application*, aucune déformation n'est appliquée sur la phase de référence. Finalement, une seule carte de dose résulte de ce processus. Cette carte est alors mise à la disposition du personnel clinique afin de déterminer si le traitement planifié respecte les protocoles établis concernant l'administration de radiation à des fins thérapeutiques.

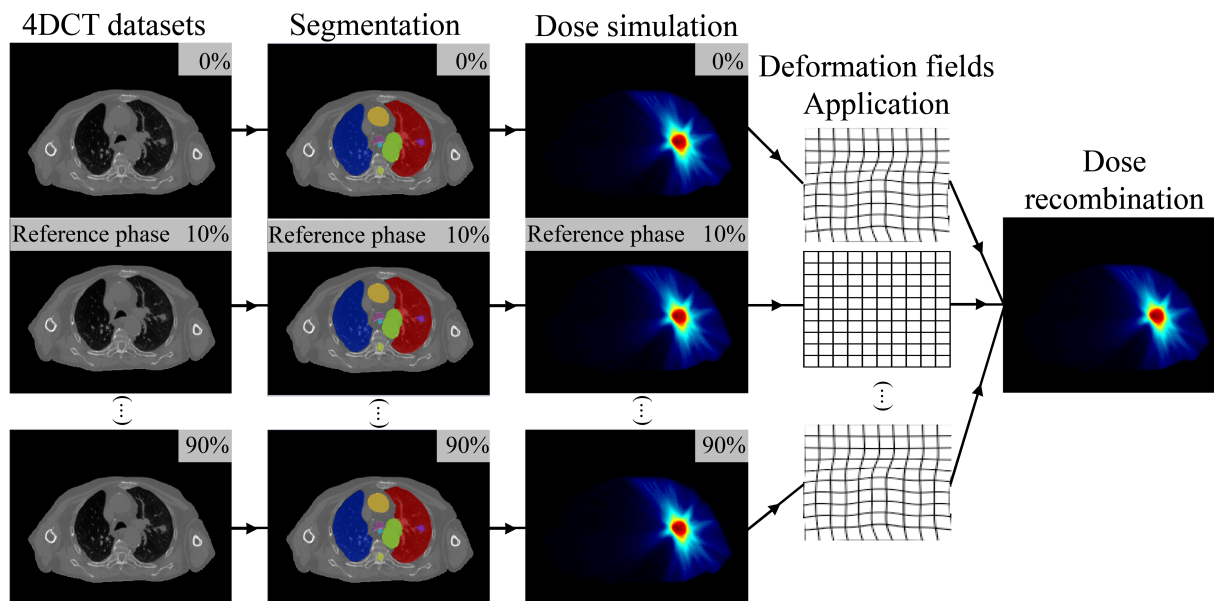


FIGURE 1.10 – Organigramme du processus de radiothérapie 4D proposé par Keall *et al.* Tout d'abord, les images 4DCT sont acquises. Une segmentation des différents organes à risque ainsi que le volume tumoral est délimité. Une planification de traitement est effectuée sur chaque ensemble d'image représentant une phase respiratoire. À l'aide d'une méthode de recalage non-rigide entre une phase de référence (10%) et les autres phases respiratoires, des champs vectoriels de déformation sont obtenus. Ces champs de déformation sont utilisés afin de recombinaison les dosimétries sur une phase de référence.

Le but de notre projet, basé sur le processus présenté par Keall *et al.*, est de développer une méthode capable de générer des champs vectoriels de déformation à partir des images 4DCT. Nous croyons que l'utilisation permet d'améliorer la qualité du traitement radio-oncologique d'un patient atteint d'un cancer pulmonaire. La méthode que nous avons développée se divise en trois parties, soit la segmentation automatique des organes d'intérêt, le calcul de champs de déformation volumique nécessaire pour la recombinaison de dose et l'identification de repères spatiaux à l'intérieur du poumon permettant une validation du champ de déformation. L'étape de segmentation automatique permet de délimiter une région d'intérêt dans les ensembles d'images de façon rapide et reproductible. La technique de déformation de maillage de surface utilisée lors de cette étape nous permet

de générer un champ de déformation surfacique qui est ensuite interpolée à l'intérieur des organes. Ceci crée alors un champ de déformation volumique qui peut être utilisé lors de la recombinaison des 10 cartes de dosimétrie simulées numériquement. Finalement, nous avons développé un outil basé sur la segmentation et la squelettisation de la vascularisation du poumon permettant de situer des repères spatiaux à l'intérieur du volume pulmonaire qui ont pour objectif d'établir des critères de validation des champs de déformation.

1.5 Organisation du rapport

Le présent travail se divise en six chapitres. Dans un premier temps, nous tentons de situer le lecteur en ce qui concerne la problématique actuelle de gestion du mouvement respiratoire lors du processus de planification de traitement de radiothérapie externe. La statistique décrivant les résultats de traitement fait part de l'urgence d'améliorer l'efficacité des traitements oncologique du poumon. Nous présentons l'anatomie visée au cours de notre projet, soit le système respiratoire. Une série de techniques d'imagerie et de traitement ayant pour objectif de prendre en compte les déplacements causés par la ventilation pulmonaire disponible dans la littérature est ensuite énoncée. Par la suite, nous introduisons le processus de traitement 4D du cancer du poumon offert par l'hôpital Notre-Dame du Centre hospitalier de l'Université de Montréal. Finalement, le sujet de notre travail est présenté.

Le deuxième chapitre se penche sur le sujet de la segmentation automatique des poumons sur des images 4DCT. La délimitation d'organes est une étape importante dans lors de la planification de traitement en radio-oncologie. L'utilisation des données 4DCT provoque une augmentation considérable de la tâche de délimitation des organes par l'ajout de 9 nouveaux ensembles de données à traiter. Ceci explique la nécessité de développer une méthode de segmentation automatique. Cette section présente les diverses méthodes présentées dans la littérature. La méthodologie sélectionnée est ensuite expliquée et des résultats basés sur les outils de comparaisons sont discutés.

Le chapitre trois explore les complexes sujets de la génération de champs de déformation et du recalage non rigide. Cette étape, indispensable lorsque nous désirons recombinaison plusieurs images ensemble, nécessite une revue de littérature approfondie, car la technique choisie peut grandement influencer le résultat obtenu. Basée sur notre travail lors de l'étape de segmentation automatique, nous démontrons notre méthode de génération de champ de déformation volumique issue d'un champ de déformation surfacique que nous interpolons tridimensionnellement. Ensuite, une discussion sur la méthode sélectionnée ainsi que sur

les résultats est présentée.

Au cours du quatrième chapitre, nous présentons une méthode identifiant des repères spatiaux pouvant être utilisés lors de la validation des champs de déformation préalablement générés. Cette méthode consiste à localiser les bifurcations de la vascularisation pulmonaire à l'aide de techniques de segmentation et de squelettisation automatisées. Une représentation en graphe permet d'obtenir l'arborescence de cette vascularisation ce qui facilite la comparaison entre chaque ensemble de données. Une revue de littérature sur les méthodes de segmentation et de squelettisation actuelles y est exposée. Nous discutons des résultats obtenus lors de l'application de cette méthode chez un patient.

Finalement, une discussion générale des méthodes et des résultats ainsi qu'une conclusion sont disponibles aux chapitres cinq et six.

Chapitre 2

Segmentation des poumons

2.1 Introduction

Dans le cadre d'une planification de traitement de radiothérapie en quatre dimensions ciblant un cancer pulmonaire, la segmentation des poumons est une étape indispensable. Ce traitement d'image permet l'identification de deux informations principales, soit le volume total de l'organe à chaque instant du cycle respiratoire ainsi que sa déformation causée par la ventilation pulmonaire. L'information sur le volume pulmonaire est nécessaire en dosimétrie, car elle permet de déterminer une relation entre la dose administrée aux tissus et le volume de l'organe.

Au cours de ce projet, une rencontre déterminante s'est produite entre le groupe de radio-oncologie de l'hôpital Notre-Dame et le laboratoire d'imagerie et d'orthopédie (LIO) du centre de recherche du centre hospitalier de l'Université de Montréal (CRCHUM). Le LIO avait développé un outil de segmentation automatique permettant d'isoler des structures osseuses qui montrait des caractéristiques intéressantes en ce qui concerne la segmentation des poumons chez un patient. Des modifications aux logiciels développés par le LIO ont été apportées et une étude de la performance a débuté.

Ce chapitre présente une revue de la littérature préalablement effectuée. Nous exposons ensuite la méthode que nous avons développée en collaboration avec le LIO. Nous terminons enfin par une analyse de métriques de comparaison entre les résultats obtenus à l'aide de notre algorithme et de la segmentation manuelle couramment utilisée en clinique.

2.2 Revue de littérature

Une revue exhaustive sur la segmentation des différentes structures pulmonaires a été publiée en 2013 par van Rikxoort *et al.*[9]. Cette revue avait pour but de présenter à la communauté scientifique l'état de l'art en ce qui concerne la segmentation des poumons, de sa vascularisation, de ses voies respiratoires, de ses scissures, de ses lobes et de ses segments. Cette section s'attardera uniquement aux méthodes associées à la segmentation des poumons gauche et droit.

Deux situations nécessitant des méthodes de segmentation différentes ont été identifiées, soit une segmentation par seuillage en intensité dans le cas où les poumons sont considérés normaux et une segmentation adaptée aux maladies qui peuvent modifier la densité du tissu pulmonaire et ainsi altérer l'intensité des images CT.

2.2.1 Méthodes de segmentation par seuillage en intensité

Cette méthode étant la plus commune, il existe une grande variété d'algorithmes qui ont pour objectif d'effectuer la segmentation des poumons. Les méthodes les plus anciennes, qui analysaient des images tomographique à tranches épaisses, effectuaient une segmentation indépendante sur chaque image 2D de l'ensemble 3D [10, 11, 12]. Cette façon de faire n'est toutefois pas souhaitable lorsque les données sont plutôt isotropiques. L'utilisation d'une méthode 3D est alors suggérée.

Les méthodes de segmentation tridimensionnelles par seuillage en intensité débutent par l'identification d'une région d'intérêt dans laquelle se trouvent les poumons. Dans un cadre de segmentation automatique, cette région d'intérêt est isolée en déterminant un seuil optimal de niveau de gris et en analysant la connexion entre les différentes structures ou bien par une croissance de région initiée par un point de départ situé dans la trachée. La trachée peut être elle-même automatiquement détectée en analysant les structures présentes dans la région supérieure des images CT. Elle est identifiée par sa géométrie bidimensionnelle circulaire ainsi que par sa géométrie tridimensionnelle tubulaire. La trachée et les bronches détectées sont ensuite éliminées du résultat et les poumons sont soumis à des opérations morphologiques qui ont pour objectif d'incorporer la vascularisation, ayant une intensité supérieure à celle du poumon, et de lisser la surface de l'organe.

Hu *et al.*[13] ont été les premiers, en 2001, à publier une méthode basée sur un seuillage optimal suivant la description énoncée précédemment. Cette méthode fut ensuite utilisée par plusieurs autres groupes (van Rikxoort *et al.*[12], Sluimer *et al.*[14], Ukil *et al.*[15], Sun *et al.*[16] ainsi que Brown *et al.*[17]).

2.2.2 Méthodes adaptées aux poumons anormaux

Lorsque différentes pathologies sont présentes dans les poumons, la densité des tissus tend à augmenter. Cette modification se répercute inévitablement par l'augmentation des interactions entre les photons émis par la source de rayons X et les tissus lors de l'examen tomodensitométrique. Or, l'intensité attribuée au voxel augmente, ce qui a pour effet de causer des erreurs lors d'une segmentation uniquement basée sur un seuillage en niveau de gris.

Une méthode probabiliste de segmentation utilisant un atlas basé sur 15 ensembles d'images CT a été développée par Sluimer *et al.* [14]. La forme obtenue par le recalage élastique des formes issues de l'atlas est raffinée en utilisant les voxels en bordure du poumon segmenté.

Pu *et al.* [18] ont développé une méthode qui a pour objectif de segmenter des poumons comprenant des nodules juxta-pleuraux. Cette méthode consiste à appliquer un filtrage sur les images, à effectuer un seuillage en intensité de -500 HU et à utiliser un algorithme de ligne de partage des eaux sur chaque tranche des images CT afin d'identifier les régions qui ne correspondent pas aux poumons. Un algorithme de contour adaptatif est utilisé afin d'inclure le nodule dans le volume pulmonaire tout en tentant de minimiser l'incorporation des structures non désirées.

Une méthode déterminant la limite externe des poumons en considérant la courbure des côtes a été développée par Prasad *et al.* [19]. Cette méthode présente toutefois des problèmes potentiels en ce qui concerne la précision de la segmentation dans les régions internes près du médiastin.

Dans le cas d'un patient atteint d'une pneumonie interstitielle, Korfiatis *et al.* [20] ont proposé d'effectuer une segmentation en classant les différents voxels selon leur texture. Dans un premier temps, un algorithme des k -moyennes basé sur les intensités est appliqué sur les images CT. L'étiquette de poumon est attribuée aux voxels de l'ensemble ayant la densité la plus faible. Afin de comprendre les régions de densité anormale, une approche itérative est utilisée afin de classer les voxels en bordure selon une machine à support de vecteurs basée sur les niveaux de gris et une statistique de coefficients en ondelettes.

Les travaux de van Rikxoort *et al.* [12] ont montré une méthode hybride combinant une segmentation par seuillage en niveau de gris avec une analyse statistique du résultat en comparaison avec un atlas d'anatomies préalablement segmentées. Le groupe utilise l'algorithme de segmentation de Hu *et al.* [13] étant donné sa performance généralement satisfaisante lors de situations où l'anatomie est normale. Les erreurs de segmentation sont automatiquement détectées en analysant l'écart statistique par rapport à des mesures de

volume et de forme. Lorsque la segmentation dévie d'un résultat attendu, un algorithme de recalage non rigide utilise un atlas et un recalage est appliqué afin de compléter la segmentation.

Une méthode de segmentation prenant en charge les patients atteints d'une pneumopathie interstitielle a été développée par Wang *et al.* [21]. Dans un premier temps, les voies respiratoires sont retirées des images et une segmentation préliminaire basée sur l'intensité des images est effectuée. Étant donné la pathologie présente dans le poumon, les régions affectées ne sont pas segmentées par l'algorithme. Pour résoudre ce problème, une analyse de texture est effectuée sur les images en utilisant une matrice de co-occurrence. L'analyse de la texture permet d'identifier les régions anormales. Le nouveau résultat est combiné à la segmentation effectuée préalablement et des opérations morphologiques de fermeture et de lissage sont appliquées.

Sofka *et al.* [22] ont développé une procédure de segmentation basée sur la déformation d'un modèle qui utilise l'identification de plusieurs structures repères présentes dans les images tomодensitométriques comme les côtes et la carène trachéale. La position de la carène est utilisée dans un processus de segmentation hiérarchique comme repère qui initialise la localisation des poumons gauche et droit et qui positionne le modèle de segmentation. Ensuite, une série de repères supplémentaires situés en périphérie des poumons, comme les côtés et la colonne vertébrale, sont utilisés afin de déterminer l'interface des poumons. Finalement, un algorithme déforme le modèle afin qu'il corresponde aux critères imposés par les repères.

Sun *et al.* [23] ont développé une méthode de segmentation qui a pour objectif de segmenter les poumons atteints de grosses tumeurs généralement ignorées par une méthode de segmentation basée sur le seuillage en intensité. La méthode consiste à utiliser un modèle décrivant un poumon moyen basé sur un atlas de 41 anatomies. Le modèle est automatiquement positionné en utilisant la position des côtes du patient. Une segmentation raffinée est ensuite effectuée en utilisant une approche de segmentation nommée *graph cut*.

2.3 Méthodologie

Au cours des dernières années, plusieurs méthodes ont été développées dans le but d'effectuer une segmentation automatique des poumons. Toutefois, en ce qui concerne le département de radiothérapie de l'hôpital Notre-Dame, aucune méthode complètement automatique n'est utilisée. Une équipe de spécialistes constituée de technologues, de physiciens médicaux et de radio-oncologues est responsable de la création et de l'approbation

des contours anatomiques personnalisés pour chaque traitement. Étant donné l'importance de la précision lors de la segmentation dans le cadre d'une planification de traitement de radiothérapie, les contours obtenus à l'aide d'outils de segmentation sont corrigés à la main. Rappelons que le processus de segmentation clinique actuel est effectué sur les images d'une seule phase respiratoire qui est utilisé lors de la simulation de dose.

Dans le cadre de la première étape de notre travail, nous désirons segmenter les poumons de chacune des 10 phases respiratoires d'un scan 4DCT. Il est inconcevable d'exiger à l'équipe de multiplier par dix le nombre d'étapes déjà chronophage. Nous proposons donc d'utiliser les contours dessinés et approuvés par le département de radio-oncologie comme étant le modèle que nous utilisons pour la segmentation automatique des 10 anatomies. Notre méthode s'inspire en partie du processus de segmentation développé par Sofka *et al.* [22]. Le processus peut être divisé en deux étapes, soit la génération d'un contour de référence créé par le groupe de radio-oncologie à l'aide du logiciel de planification de traitement Eclipse de Varian Medical Systems et la déformation du contour de référence à l'aide d'une nouvelle méthode nommée la déformation hiérarchique de surface (HSD) développée par le laboratoire d'imagerie et d'orthopédie (LIO) du Centre de Recherche du Centre hospitalier de l'Université de Montréal.

2.3.1 Déformation hiérarchique de surface

Inspiré du travail de recalage non rigide entre deux surfaces de Feldmar *et al.* [24], Chav *et al.* [25] ont développé une méthode, la déformation hiérarchique de surface, permettant la segmentation des structures contenues dans un ensemble de données tomodynamométriques à l'aide de maillages surfaciques généraux préalablement produits. Après avoir positionné le maillage dans le volume numérique représentant l'anatomie du patient, l'algorithme de segmentation déplace chaque noeud du maillage selon les propriétés de son voisinage sur les images en considérant le meilleur déplacement local des noeuds voisins.

Dans notre situation, nous utilisons les contours dessinés dans Eclipse (Section 7.1) et qui ont été approuvés par le radio-oncologue plutôt que d'utiliser une forme générale que nous devons placer manuellement pour chaque patient. Cette procédure de délimitation étant déjà nécessaire en clinique, aucun travail supplémentaire est ajouté à la tâche de l'équipe médicale. Nous procédons ensuite à une déformation rigide qui consiste aux opérations de translation, de rotation et de mise à l'échelle, ou homothétie, par rapport au centre de masse du maillage. Le processus de déformation élastique se décrit par cinq étapes, illustré à la figure 2.1 inspirée du travail de Chav *et al.* [25] .

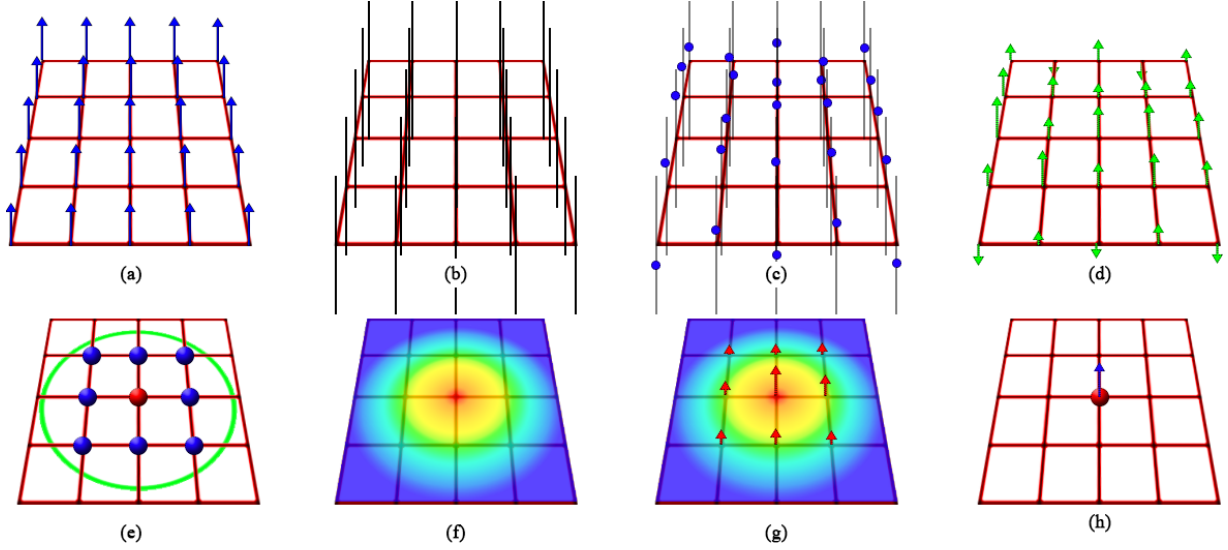


FIGURE 2.1 – Schéma de la déformation hiérarchique de surface [25]. La normale par rapport à la surface est calculée (a). Un profil est ensuite orienté selon les normales obtenues (b). Une position locale optimale est déterminée (points bleus) selon les informations des images CT (c). Une transformation est déterminée pour chaque voxel (d). La contribution du voisinage (sphères bleues contenus dans une région de rayon fixe) autour du noeud (sphère rouge) (e). Une pondération est déterminée pour chaque voisin selon leur distance par rapport au noeud analysé (f). Un poids est attribué à chaque voisin (g). Une transformation incluant la contribution du voisinage est calculée (h).

1. On détermine la meilleure position locale de caractéristique g_i pour chaque noeud v_i , créant un couple (v_i, g_i) pour l'ensemble des noeuds ($i \in 1, \dots, N_v$) où N_v est le nombre de noeuds contenus dans le maillage. Le couple est déterminé par le profil d'intensité de chaque noeud en direction normale \vec{n}_i à la surface du maillage (figure 2.1b). Pour ce faire, les fonctions M_x , M_y et M_z décrites en (2.1) sont utilisées.

$$M : \mathbb{R}^3 \mapsto \mathbb{R}^2$$

$$M(u, v) = (n_{v_x} \cdot u^\top + v_x, n_{v_y} \cdot u^\top + v_y, n_{v_z} \cdot u^\top + v_z) \quad (2.1)$$

où $u = [-L^{\text{iter}}, -L^{\text{iter}} + 1, \dots, 0, \dots, L^{\text{iter}} + 1, L^{\text{iter}}]$ avec L^{iter} correspondant à la longueur du profil d'intensité à la position actuelle et $v = [v_1, v_2, \dots, v_{N_v}]$. Une valeur négative de u correspond à l'intérieur du maillage tandis qu'une valeur positive correspond à l'extérieur du maillage.

Le profil d'intensité P est obtenu en combinant les fonctions M_x , M_y et M_z en

utilisant une interpolation cubique de l'ensemble de données D .

$$P(u, v) = D(M_x, M_y, M_z) \quad (2.2)$$

Afin de déterminer la position locale optimale g_i illustrée par les points bleus à la figure 2.1c pour chaque noeud v_i , une fonction de coût est définie comme étant le gradient d'intensité le long du profil d'intensité P_i associé à une fonction gaussienne. Cette association de fonction a pour objectif de pondérer la valeur d'un très fort gradient avec la position actuelle de la surface que décrit le maillage, situé au centre de la gaussienne.

$$g_i = M_i (\operatorname{argmax} (G_\sigma \cdot F_i)) \quad (2.3)$$

$$F_i = \begin{cases} \left| \frac{\partial P_i}{\partial x} \right| & \text{si } \frac{\partial P_i}{\partial x} \\ 0 & \text{autrement} \end{cases} \quad (2.4)$$

2. On détermine le vecteur de déplacement entre chaque noeud et leur position locale optimale (figure 2.1d).

$$\vec{T} = g_i - v_i \quad (2.5)$$

3. On sélectionne un ensemble de noeuds dans le voisinage du noeud analysé v_i (figure 2.1e).

$$\mathcal{N}_i = \{v_j | d(v_i, v_j) < R^{\text{iter}}\} \quad (2.6)$$

où R^{iter} est le rayon de la région à l'itération actuelle et $d(v_i, v_j)$ correspond à la distance euclidienne entre le noeud analysé v_i et un voisin v_j .

4. On calcule le coefficient de pondération w_j (figure 2.1f) afin de déterminer le vecteur de déplacement optimal \vec{T}'_i (Figure 2.1g) pour l'itération en cours,

$$\vec{T}'_i = \frac{\sum_{j \in \mathcal{N}_i} w_j \vec{T}_j}{\sum_{j \in \mathcal{N}_i} w_j} \quad (2.7)$$

$$w_j = \begin{cases} \frac{R^{\text{iter}} - d(v_i, v_j)}{R^{\text{iter}}} & \text{si } d(v_i, v_j) < R^{\text{iter}} \\ 0 & \text{autrement} \end{cases} \quad (2.8)$$

Ceci implique alors que la contribution de chaque vecteurs \vec{T}_j sur le calcul de \vec{T}'_i

sera inversement proportionnelle à la distance euclidienne entre v_i et v_j .

5. Finalement, le noeud est déplacé vers sa nouvelle position v'_i (Figure 2.1h)

$$v'_i = v_i + \vec{T}'_i \quad (2.9)$$

Deux paramètres varient lors du processus itératif de déformation hiérarchique de surface, soit la longueur du profil d'intensité L^{iter} et R^{iter} . Après chaque itération, L^{iter} est réduit afin de diminuer progressivement l'influence des différentes interfaces que nous ne désirons pas prendre en compte, soit ceux qui s'éloignent de notre organe cible. R^{iter} est diminué après chaque itération afin de rendre le processus de déformation graduellement plus élastique. Au départ, la déformation du maillage prend en compte un grand nombre de noeuds voisins, ce qui rend le maillage plus rigide. Par la suite, une diminution du nombre de voisins considérés rend graduellement la déformation plus locale.

2.3.2 Procédure

Dans cette section, nous discutons du processus adopté permettant la segmentation de 10 paires de poumons représentant chacune une phase du cycle respiratoire contenue dans le scan 4DCT. 11 étapes sont nécessaires afin d'obtenir 10 maillages en utilisant la méthode HSD et le contour Dicom RTSTRUCT issu d'Eclipse (figure 2.2).

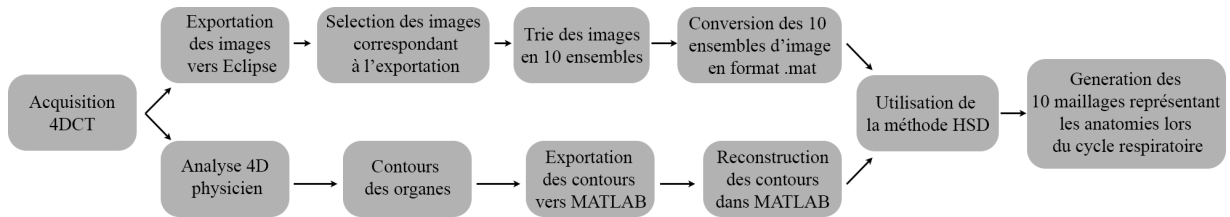


FIGURE 2.2 – Processus de la segmentation automatique des phases respiratoires à l'aide de la méthode de déformation hiérarchique de surface.

2.3.2.1 Aquisition

Plusieurs appareils sont disponibles afin d'obtenir des images 4DCT, comme le Brilliance BigBore de Philips Medical Systems (Cleveland, États-Unis). Les images acquises sont disponibles sur les consoles Extended Brilliance Workspace (EBW). Une fois l'acquisition d'images 4DCT effectuée, deux cheminements parallèles prennent place dans le processus de segmentation. D'une part, nous devons exporter les images 4DCT vers une plateforme

qui permet de les traiter numériquement. D'autre part, le contour des organes doit être dessiné à l'aide du TPS avant que nous soyons en mesure de l'utiliser avec la méthode HSD.

2.3.2.2 Exportation des images

Dans le cadre de notre travail, nous sélectionnons et exportons chaque phase respiratoire de la console EBW vers Eclipse. Lors de l'exportation, toutes les images représentant chaque phase respiratoire se retrouvent dans le même dossier. Étant donné le format du nom des fichiers images DICOM (CT.X...X.dcm), seules les images correspondant à la date et l'heure de l'exportation de la console EBW sont sélectionnées. Les images sont triées selon les informations DICOM qu'elles contiennent, soit le numéro d'identification du patient (PatientID), la date de l'examen tomodensitométrique quadridimensionnelle (StudyDate), le nom de l'examen (SeriesNumber) ainsi que la description de la série qui correspond à la phase respiratoire actuelle. La séparation des images est réalisée à l'aide du pseudo algorithme 2.1.

Une fois que les images sont triées, il est avantageux de convertir les 10 ensembles d'images en 10 fichiers de format *.mat* nommés selon leur phase respiratoire correspondante. La conversion des images DICOM en fichier MATLAB diminue le temps d'importation des données lors de traitement d'image tout en diminuant le nombre de fichiers conservés. La conversion est effectuée en utilisant la pseudo routine 2.1.

Algorithme 2.1 Séparation des images 4DCT

```
1 : Entrée : dossier (Le dossier contenant les images représentant les 10 phases
respiratoires)
2 : n = le nombre d'images contenues dans le dossier sélectionné
3 : pour i = 1 : n
4 :     info = dicominfo(image(i).dcm);
5 :     nouveau_chemin = [dossier '\ ' info.PatientID '\ ' info.StudyDate '\ ' ...
... info.StudyDescription '\ ' info.SeriesDescription];
6 :     créer le nouveau dossier à l'adresse nouveau_chemin lorsqu'elle n'existe pas
7 :     copier l'image vers nouveau_chemin
8 : fin
```

Algorithme 2.2 Conversion des images en volume MATLAB format *.mat*

1 : **Entrée** : *dossier* (Le dossier contenant les 10 dossiers des phases respiratoires)
2 : créer un dossier matlab à l'adresse *dossier-MATLAB*
3 : pour chaque chaque répertoire dans *dossier*
4 : créer une *structure* contenant le *volume* total et l'*information DICOM*
5 : sauvegarder la *structure* sous le nom de sa phase respiratoire
6 : fin

2.3.2.3 Génération des contours

Le processus de création des contours s'amorce avec l'analyse 4D du physicien médical. Cette analyse a pour but de déterminer l'amplitude de déplacement de la tumeur ainsi que d'identifier les images associées aux phases d'inspiration et d'expiration profondes. Ces informations sont communiquées aux technologues ainsi qu'aux radio-oncologues.

Algorithme 2.3 Reconstruction du contour DICOM RTSTRUCT en format *.mat*

1 : **Entrée** : *dossier* (Le dossier contenant la structure dicom (RTSTRUCT))
2 : *info_struct* = dicominfo(RS.X...X.dcm)
3 : Recherche des contours disponibles dans *info_struct*
4 : *info_image* = dicominfo(CT.X...X.dcm)
5 : Reconstruction d'un contour choisi en format *.mat* sous forme de volume selon les propriétés *info_image*
6 : Transformation du volume représentant le contour en maillage
7 : Sortie Maillage représentant le contour DICOM RTSTRUCT

L'équipe médicale procède à l'identification des structures en procédant, en partie, selon la méthode expliquée à la section 7.1. Une fois complétés, les contours sont disponibles sur Eclipse et peuvent être exportés dans MATLAB. Les contours sont enregistrés à l'aide de structures RTSTRUCT DICOM habituellement nommées RS.X...X.dcm. Les contours sont reconstruits selon le pseudo algorithme 2.1.

2.3.2.4 Segmentation HSD

Par conséquent, nous obtenons 10 fichiers MATLAB *.mat* représentant les 10 phases respiratoires de l'examen d'imagerie 4DCT ainsi qu'une structure contenant les contours dessinés sur une phase respiratoire de référence et approuvés par l'équipe médicale. Pour chaque phase respiratoire, le volume RTSTRUCT et le fichier *.mat* sont donnés en entrée à la fonction de déformation HSD en tant que modèle et volume respectivement. De plus, plusieurs paramètres de segmentation comme le nombre d'itérations, la grandeur de la

zone de recherche et la taille des régions doivent être établis et donnés en entrées à la fonction HSD.

Algorithme 2.4 Génération de maillage pour chaque phase respiratoire

```
1 : Entrées : Volume, Modèle, Résolution, Paramètre de segmentation
2 :  $n$  = Nombre de phases respiratoires (10)
3 : pour  $i = 1 : n$ 
4 :     HSD(Volume( $i$ ), Modèle, Résolution, Paramètres de segmentation)
5 :     Placer le modèle dans le volume en cas d'ajustement de positionnement
6 :     Déformation rigide du modèle selon les propriétés de l'image
7 :     Déformation élastique du modèle selon les propriétés de l'image
8 : fin
9 : Sortie : On obtient 10 maillages représentant chacune des 10 anatomies du patient
    au cours de son cycle respiratoire
```

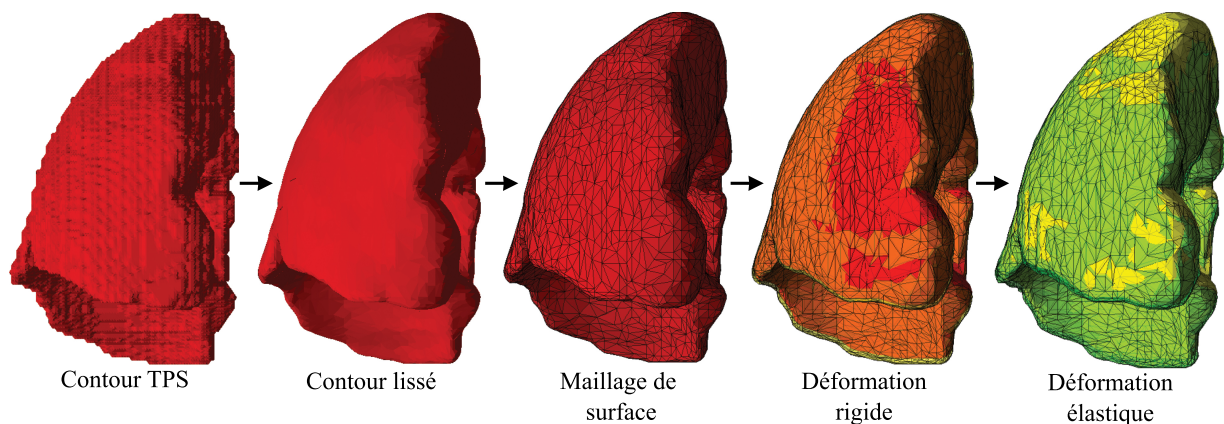


FIGURE 2.3 – Figure du processus de segmentation HSD. Le volume correspondant au contour dessiné à l'aide du logiciel de planification de traitement est préparé pour le processus de segmentation en le lissant à l'aide d'un filtre gaussien et en le transformant en maillage.

Les maillages obtenus à l'aide de l'algorithme 2.1 génèrent des informations importantes en ce qui concerne la morphologie et la déformation des poumons au cours du cycle respiratoire. Le processus de segmentation HSD est illustré à la figure 2.3. Une série de mesures d'erreurs analysant les propriétés géométriques des maillages obtenus a été utilisée afin d'apporter des informations quantitatives par rapport aux résultats de l'algorithme HSD.

2.3.3 Méthodes de comparaison

Afin d’avoir à notre disposition des informations qui nous permettent de quantifier le résultat de notre méthode de segmentation, nous avons sélectionné cinq métriques de segmentation utilisées dans la littérature. Dans le cadre de la compétition Grand Challenge SLIVER07 de la *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention Society* (MICCAI), des métriques de segmentation ont été adoptées afin de quantifier la performance de la segmentation du foie. Ces métriques sont présentées par Heimann *et al.* [26]. En tout, cinq métriques sont considérées, soit deux métriques volumiques et trois métriques de distance entre les surfaces. Dans cette section, nous présentons ces métriques selon la définition effectuée par Heimann *et al.* [26] ainsi que ce que leur résultat peut signifier.

2.3.3.1 Erreur de recouvrement volumique

$$m_1 \equiv \text{VOE} = \left(1 - \frac{\text{Vol}_{\text{seg}} \cap \text{Vol}_{\text{ref}}}{\text{Vol}_{\text{seg}} \cup \text{Vol}_{\text{ref}}} \right) \cdot 100\% \quad (2.10)$$

L’erreur de recouvrement volumique (*Volumetric Overlap Error*, VOE) entre deux ensembles de voxels est exprimée par l’équation (2.10). On donne aussi le nom de coefficient de Tanimoto ou de Jaccard à ce ratio entre l’intersection et l’union du volume segmenté Vol_{seg} à l’aide de la méthode analysée et le volume de référence Vol_{ref} . Une erreur de recouvrement volumique de 0% signifie que l’intersection et l’union sont identiques, donc qu’il se recouvre parfaitement, tandis qu’un résultat de 100% signifie qu’il n’existe aucune intersection.

2.3.3.2 Différence relative des volumes

$$m_2 \equiv \text{RVD} = \left(\frac{\text{Vol}_{\text{seg}} - \text{Vol}_{\text{ref}}}{\text{Vol}_{\text{ref}}} \right) \cdot 100\% \quad (2.11)$$

La différence relative des volumes (*Relative Volume Difference*, RVD) entre les volumes segmentés par la méthode sélectionnée et le volume référence est donnée par la relation (2.11). Un résultat de 0% signifie que le volume de l’objet segmenté est le même que celui de l’objet de référence. L’information pouvant être tirée de ce résultat peut nous donner une indication de la sur/sous-segmentation du volume par rapport aux données de références. Toutefois, ce résultat n’assure en aucun temps que les volumes sont identiques ou qu’ils ne se recouvrent. C’est pourquoi ce résultat n’est pas proprement considéré comme étant

une métrique et qu'il est habituellement utilisé conjointement avec des mesures d'erreurs supplémentaires.

2.3.3.3 Distance symétrique moyenne

La distance symétrique moyenne (*Average Symmetric Surface Distance*, ASSD), exprimée par la relation (2.12), correspond à la moyenne des distances minimales entre chaque voxel appartenant à la surface du volume segmenté $S(A)$ et chaque voxel appartenant à la surface du volume de référence $S(B)$. Dans le cadre de ce travail, un voxel est défini comme étant un voxel de surface si au moins 18 de ses plus proches voisins ne sont pas des voxels appartenant à son volume. Étant donné que la surface $S(A)$ ne contient pas nécessairement le même nombre de voxels que la surface $S(B)$, le calcul des distances symétriques considère les distances minimales $S(A) \rightarrow S(B)$ et $S(B) \rightarrow S(A)$. Le résultat s'exprime en unité de distance, soit en millimètre [mm] dans le cadre de ce travail. La distance minimale entre un voxel arbitraire v et un voxel s_A appartenant à la surface $S(A)$ est exprimée par la relation (2.13).

$$m_3 \equiv \text{ASSD} = \frac{1}{|S(A)| + |S(B)|} \left(\sum_{s_A \in S(A)} d(s_A, S(B)) + \sum_{s_B \in S(B)} d(s_B, S(A)) \right) \quad (2.12)$$

où

$$d(v, S(A)) = \min_{s_A \in S(A)} \|v - s_A\| \quad (2.13)$$

$$\|v - s_A\| = \sqrt{(v_x - s_{A,x})^2 + (v_y - s_{A,y})^2 + (v_z - s_{A,z})^2} \quad (2.14)$$

Une distance symétrique moyenne de 0 mm signifie que les deux surfaces se recouvrent parfaitement et que la segmentation est parfaite.

2.3.3.4 Distance symétrique moyenne quadratique

$$m_4 \equiv \text{RMSSD} = \sqrt{\frac{1}{|S(A)| + |S(B)|} \left(\sum_{s_A \in S(A)} d^2(s_A, S(B)) + \sum_{s_B \in S(B)} d^2(s_B, S(A)) \right)} \quad (2.15)$$

La distance symétrique moyenne quadratique (*Root Mean Square Symmetric Surface*

Distance, RMSSD), donnée par la relation (2.15), est semblable à l'ASSD et diffère en considérant la distance euclidienne au carré. Un résultat de 0 mm possède la même signification que celle de l'ASSD, soit une segmentation parfaite. Toutefois, la considération du carré de la distance euclidienne a pour conséquence d'augmenter la contribution des erreurs de segmentation par rapport au volume de référence.

2.3.3.5 Distance symétrique maximale

$$m_5 \equiv \text{MSSD} = \max \left\{ \max_{s_A \in S(A)} d(s_A, S(B)), \max_{s_B \in S(B)} d(s_B, S(A)), \right\} \quad (2.16)$$

Présentée par l'équation (2.16), la distance symétrique maximale (*Maximum Symmetric Surface Distance*, MSSD), aussi connue étant la distance de Hausdorff, correspond à la plus grande distance minimale entre les surfaces $S(A)$ et $S(B)$. Cette mesure nous donne une indication de l'erreur maximale que peut effectuer notre algorithme de segmentation par rapport au volume de référence.

2.4 Résultats et discussion

Au cours de cette section, nous analysons les résultats de la segmentation à l'aide de la méthode de comparaison décrite à la section 2.3.3. Dans un premier temps, nous expliquons comment nous avons sélectionné les différents paramètres de segmentation ainsi que leur valeur. Par la suite, nous utilisons ces paramètres pour effectuer la comparaison entre les résultats de notre algorithme avec la segmentation manuelle effectuée par l'équipe médicale.

2.4.1 Méthodes de comparaison

Deux analyses distinctes ont été effectuées à l'aide des méthodes de comparaison décrites à la section 2.3.3. La première analyse aborde le résultat de la segmentation HSD par rapport à la segmentation manuelle pour 15 patients, tandis que la deuxième observe le résultat de la méthode HSD par rapport au modèle utilisé lors de la segmentation des poumons d'un seul patient.

2.4.1.1 Comparaison pour plusieurs patients

Dans un premier temps, nous nous intéressons aux différences entre la segmentation manuelle effectuée sur une phase respiratoire de référence et le résultat de la segmentation HSD pour 15 patients. Pour chaque patient, l’algorithme de segmentation utilise le résultat de la segmentation manuelle comme forme *a priori*. Le schéma de cette comparaison est illustré à la figure 2.4.

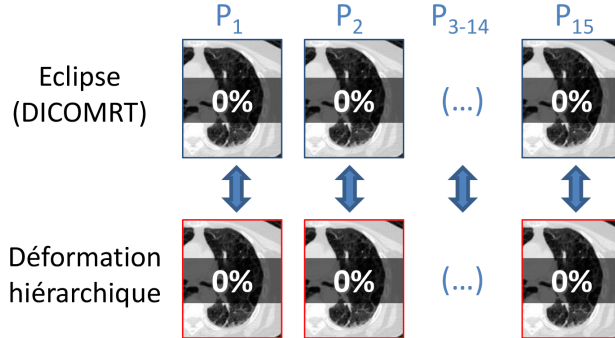


FIGURE 2.4 – Comparaison d’une seule phase respiratoire pour plusieurs patients. Le modèle utilisé dans l’algorithme de segmentation HSD est basé sur le résultat obtenu lors de la segmentation manuelle.

Les résultats de la comparaison entre la segmentation manuelle et la segmentation par l’algorithme HSD sont présentés au tableau 2.1.

TABLE 2.1 – Comparaison des résultats de la segmentation HSD par rapport à la segmentation manuelle effectuée dans le TPS Eclipse.

	VOE	RVD	ASSD	RMSSD	MSSD
Poumon	[%]	[%]	[mm]	[mm]	[mm]
Gauche	$7,6 \pm 2,5$	$6,8 \pm 2,4$	$0,8 \pm 0,2$	$1,2 \pm 0,2$	$7,7 \pm 2,4$
Droit	$6,8 \pm 2,1$	$5,9 \pm 1,9$	$0,8 \pm 0,2$	$1,3 \pm 0,3$	$10,2 \pm 5,2$

Nous notons donc qu’il existe un certain écart entre le résultat de la segmentation HSD et la segmentation effectuée à l’aide du TPS. Nous constatons que l’erreur de recouvrement volumique VOE est habituellement inférieure à 10%. Nous pouvons alors affirmer que la méthode HSD génère un volume décrivant une forme semblable à celle préalablement créée par le TPS. Nous remarquons aussi que la différence relative des volumes RVD est habituellement positive. Ceci signifie que le volume généré par la méthode HSD ajoute un volume qui est absent de la forme générée par la méthode TPS. Après révision des ensembles critiques, nous avons noté que des fuites à l’intérieur des bronches primaires

peuvent être créées. Les voxels que constituent les bronches sur les images, d'intensité similaire à celle de l'interface entre les poumons et les côtes, peuvent plutôt être considérés comme des voxels de surface du poumon. Il en suit alors un agrandissement du volume pulmonaire ce qui produit une RVD positive.

Lorsque nous nous intéressons aux métriques surfaciques, nous pouvons noter que la distance symétrique moyenne ainsi que la distance symétrique moyenne quadratique sont habituellement sous 1,5 mm. Rappelons que la résolution de nos images est de 1,1719 x 1,1719 x 1,7067 mm³. Nous en déduisons donc qu'en moyenne, la surface de la forme générée par la méthode HSD épouse bien la forme créée de la méthode TPS. La distance symétrique maximale peut nous informer sur les problèmes créés par notre méthode. Comme nous l'avons soulevé plutôt, nous repérons ces distances maximales dans les régions à proximité des bronches.

2.4.1.2 Comparaison pour plusieurs phases

Nous poursuivons notre analyse en effectuant trois types de segmentation sur un même patient. Tout d'abord, un opérateur a effectué une segmentation manuelle pour chaque phase respiratoire à l'aide des outils disponibles dans le TPS Eclipse. Rappelons que cette étape est inhabituelle et qu'une seule phase est normalement contourée par l'équipe médicale. Ensuite, nous avons procédé à deux sous-méthodes de segmentation automatique HSD basées sur la phase respiratoire de référence. La première sous-méthode, nommée segmentation HSD itérative, déforme le modèle segmenté à partir d'une phase respiratoire de référence t_0 vers une phase respiratoire t_1 . La forme obtenue lors de la segmentation de la phase respiratoire t_1 est ensuite utilisée comme forme *a priori* lors de la segmentation de la phase respiratoire t_2 et ainsi de suite. La deuxième sous-méthode, appelée segmentation HSD parallèle, consiste à utiliser la phase de référence t_0 comme forme *a priori* pour chaque phase respiratoire $t_{1...9}$. L'utilisation de ces sous-méthodes est due au fait que la segmentation manuelle habituelle est effectuée sur une seule phase respiratoire. Le schéma illustrant ces différentes méthodes de segmentation est donné à la figure 2.5.

Quatre comparaisons ont été effectuées selon les différents résultats obtenus à l'aide de la méthode décrite à la figure 2.5. Dans un premier temps, nous comparons chaque résultat, soit la segmentation HSD à partir de la segmentation manuelle pour chaque phase respiratoire, la segmentation HSD itérative et la segmentation HSD parallèle, avec la segmentation manuelle de chaque phase respiratoire (1, 2 et 3). Cette méthode nous permet de comparer les résultats obtenus à l'aide de notre algorithme avec les contours générés à l'aide du TPS utilisé en clinique. Ensuite, nous comparons le résultat des méthodes

itérative et parallèle (4). Cette dernière comparaison identifie la présence de divergence entre les méthodes parallèle et itérative. Pour mieux apprécier ces figures, la légende est schématisée à la figure 2.6.

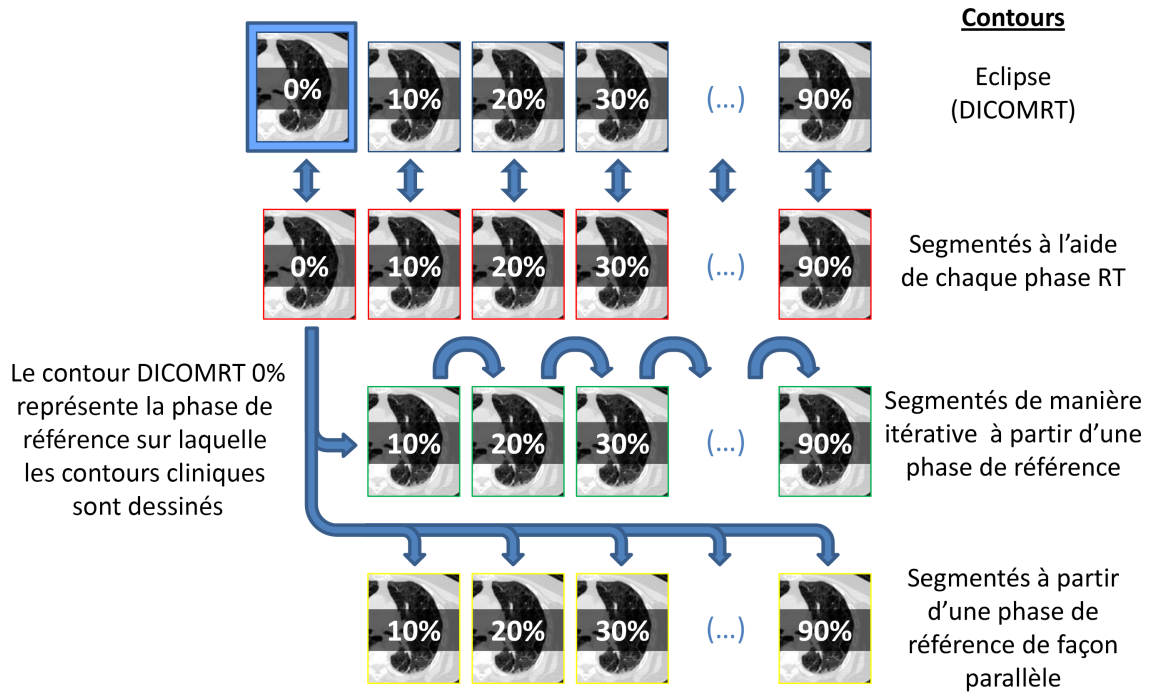


FIGURE 2.5 – Comparaison de trois processus de segmentation dépendant de la forme à priori pour un patient. La phase de référence, soit la seule phase habituellement segmentée par un opérateur, correspond à la phase 0%.

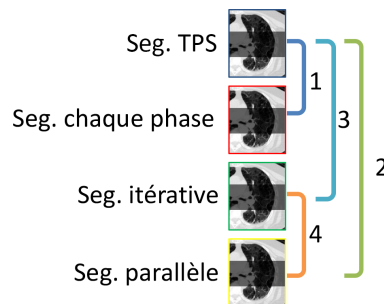


FIGURE 2.6 – Légende illustrant les différentes comparaisons. L'analyse 1 compare les objets segmenté par HSD avec l'objet segmenté par le TPS. Les analyses 2 et 3 comparent plutôt les objets segmenté par HSD de façon itérative et parallèle issue d'une seule forme à priori avec les objets correspondant segmenté par le TPS. Finalement, on désire connaître la différence des méthodes itérative et parallèle à l'aide de la comparaison 4.

Les résultats des métriques de comparaison volumiques et surfaciques en lien avec la légende illustrée ci-haut sont respectivement donnés aux figures 2.7 et 2.8.

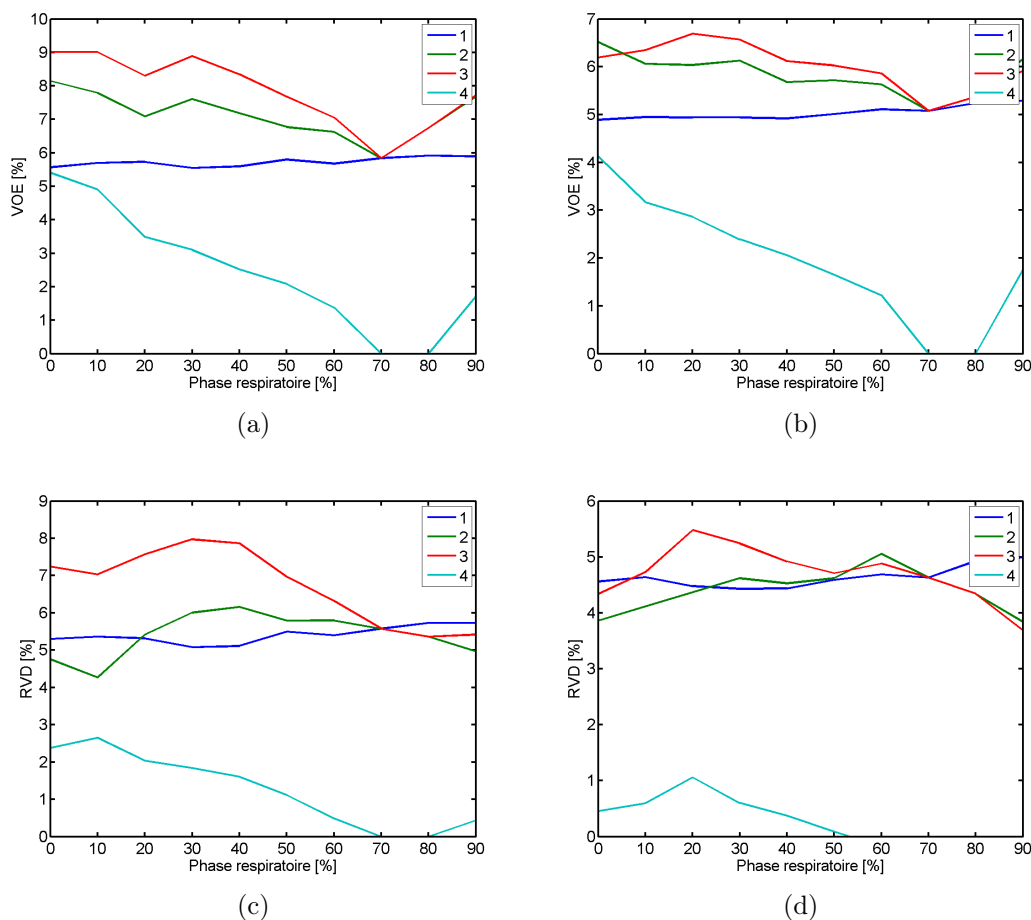
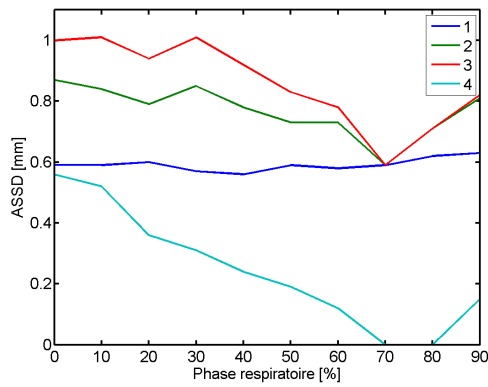
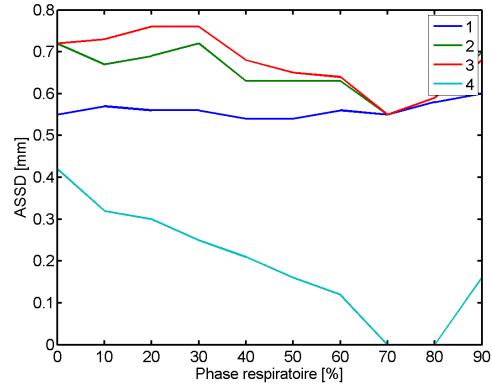


FIGURE 2.7 – Méthodes de comparaison volumiques chez 1 patient. Erreur de recouvrement volumique pour le poumon gauche (a) et le poumon droit (b) ainsi que la différence relative des volumes pour le poumon gauche (c) et le poumon droit (d). (Legende : 1 HSD vs TPS, 2 HSD itérative vs TPS, 3 HSD parallèle vs TPS et 4 HSD itérative vs HSD parallèle)

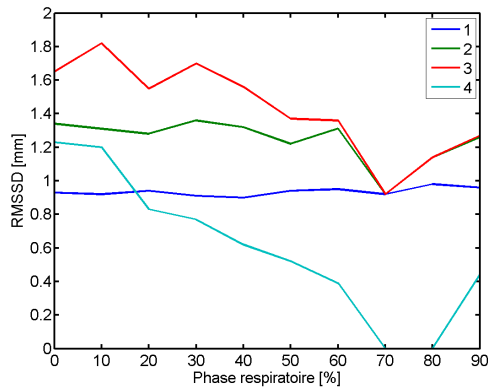
Nous notons que la segmentation HSD utilisant chaque phase respiratoire (1) donne un résultat stable pour les deux tests volumiques. Nous remarquons que les méthodes de segmentation HSD itérative (2) et parallèle (3) semblent diverger du volume segmenté de façon manuelle lorsqu'on s'éloigne de la phase respiratoire de référence (70%). Nous expliquons ce résultat par l'utilisation d'une forme *a priori* qui s'éloigne de la forme à segmenter. Nous remarquons aussi que l'utilisation de la méthode parallèle génère un écart inférieur à la méthode itérative. Nous expliquons ce résultat par la propagation d'une erreur lors de l'identification de l'objet segmenté. Lors de la recherche d'une interface à l'aide de l'étude du gradient d'intensité dans une zone de longueur prédéterminée, une structure autre que celle du poumon peut être identifiée.



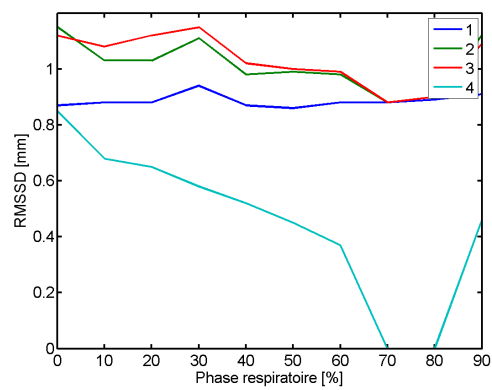
(a)



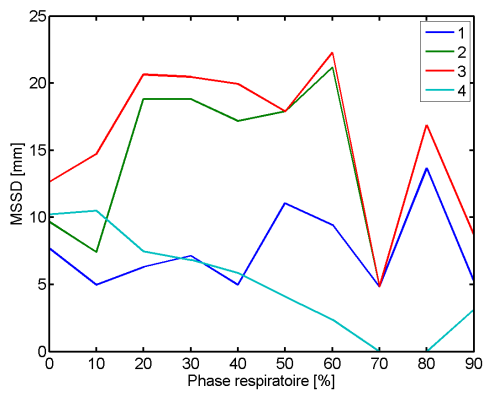
(b)



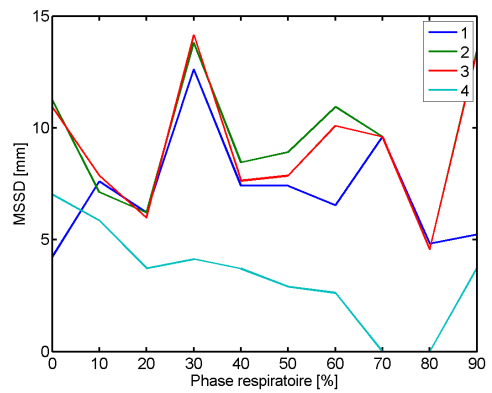
(c)



(d)



(e)



(f)

FIGURE 2.8 – Méthodes de comparaison de distance surfacique chez 1 patient. La distance symétrique moyenne pour le poumon gauche (a) et le poumon droit (b), la distance symétrique moyenne quadratique pour le poumon gauche (c) et le poumon droit (d) ainsi que la distance symétrique maximale pour le poumon gauche (e) et le poumon droit (f). (Legende : 1 HSD vs TPS, 2 HSD itérative vs TPS, 3 HSD parallèle vs TPS et 4 HSD itérative vs HSD parallèle)

Dans le cas des métriques de distance symétrique moyenne et de distance symétrique RMS, nous notons que la comparaison (1) donne un résultat stable, contrairement à la distance symétrique maximale. Comme nous l'avons soulevé lors de l'analyse des métriques volumiques, les méthodes HSD itérative (2) et parallèle (3) semblent diverger lorsqu'on s'éloigne de la phase de référence (70%) par rapport à la segmentation manuelle dans le cas des deux premiers tests de distance. Ces métriques de distance nous montre que la surface obtenue à l'aide de la méthode HSD est habituellement bien située par rapport à la surface obtenue à l'aide de la méthode manuelle. La création d'un voxel non désiré lors de la segmentation peut générer un mauvais résultat en ce qui concerne la métrique de distance symétrique maximale. Il est donc intéressant de vérifier la position de ce voxel. Toutefois, ce type de résultat n'est pas inquiétant en ce qui concerne l'étude volumique de l'objet segmenté ou une éventuelle étude dosimétrique.

Selon les paramètres de segmentation utilisés, nous remarquons donc que la forme *a priori* peut avoir un impact sur le résultat de la segmentation. Encore une fois, il existe un écart entre le résultat obtenu par la méthode utilisant chaque phase RT, la méthode itérative et la méthode parallèle. En initialisant la segmentation à l'aide de la structure en expiration profonde, la méthode parallèle débute habituellement à l'intérieur du poumon à segmenté ce qui force une recherche vers l'extérieur du poumon contrairement à la méthode itérative. Plutôt que d'utiliser la même zone de recherche pour la méthode parallèle et la méthode itérative, cette zone devrait être corellé en fonction de la phase respiratoire traitée.

Selon ces résultats, nous jugeons qu'une méthode de segmentation HSD parallèle est optimale puisque chaque ensemble de données associé à une phase respiratoire différente peut être traité de façon indépendante. Il est donc possible de procéder à une segmentation automatique 10 fois plus rapide qu'une segmentation HSD itérative.

2.5 Conclusion

La segmentation automatique d'organes issus de données de modalité d'imagerie est en plein essor dans le domaine de la radiologie. Ce milieu de recherche a pour objectif de diminuer le temps d'utilisation d'un opérateur ainsi que de fournir des résultats précis et fiables.

Au cours de ce projet, nous avons été en mesure de développer une méthode combinant la précision d'un professionnel en milieu clinique à la rapidité que peut nous procurer une méthode automatique. Cette méthode permet à l'équipe médicale responsable de la planification d'un traitement de radiothérapie d'obtenir des contours qui décrivent la structure

anatomique d'un patient tout au long de son cycle respiratoire. Des outils des quantifications des résultats de segmentation ont aussi été intégrés afin de guider l'utilisateur lors de son travail. À l'aide de ces outils et des ensembles d'images de 15 patients, nous avons calculé des métriques volumes VOE de $7,6 \pm 2,5$ [%] et $6,8 \pm 2,1$ ainsi que RVD $6,8 \pm 2,4$ et $5,9 \pm 1,9$ [%] pour les poumons gauche et droit respectivement. De plus, nous avons obtenu des métriques surfaciques ASSD de $0,8 \pm 0,2$ et $0,8 \pm 0,2$ [mm], RMSSD de $1,2 \pm 0,2$ et $1,3 \pm 0,3$ [mm] et finalement $7,7 \pm 2,4$ et $10,2 \pm 5,2$ [mm] pour les poumons gauche et droit respectivement. Nous avons comparé les résultats des segmentation HSD itérative et parallèle avec la segmentation manuelle. Cette comparaison nous a permis de déterminer que, selon les paramètres de segmentation utilisés, le résultat de la segmentation peut être différent selon la forme *a priori* utilisée. Nous avons conclu que la méthode parallèle est idéale en ce qui concerne les résultats obtenus. Ajoutons que cette méthode permet d'accélérer le temps de traitement des images étant donné sa nature parallèle.

Ces résultats permettent d'affirmer que l'algorithme de segmentation est en mesure d'effectuer automatiquement la tâche d'identification des volumes pulmonaires. Le traitement d'un plus grand nombre de données justifiera l'utilisation des paramètres de segmentation sélectionnés.

L'algorithme de segmentation HSD nous donne des informations sur le volume pulmonaire à chaque instant du cycle respiratoire. De plus, l'analyse du déplacement des noeuds du maillage lors des étapes de déformations rigides et élastiques de la méthode de segmentation HSD peut nous renseigner sur la déformation de la surface de l'organe. Ce sujet sera abordé dans le chapitre suivant.

Chapitre 3

Génération de champs de déformation

3.1 Introduction

Au cours de cette section, nous passons en revue la majorité des méthodes de recalage déformable d'images numériques récemment développées et utilisées en recherche dans le domaine médicale dans l'objectif de générer des champs de déformation. Nous abordons aussi les différents critères d'évaluation en ce qui concerne ce type de traitement d'image. Ensuite, nous présentons une première approximation d'un champ de déformation calculé à partir des résultats obtenus lors de l'étape de segmentation des poumons. Finalement, nous effectuons l'évaluation de la méthode que nous avons développée et ciblons les méthodes prometteuses.

3.2 Revue de littérature

Le recalage d'image est décrit comme étant un outil appliquant une transformation spatiale sur une image en mouvement, appelée l'image source, afin qu'elle soit identique à une image fixe qui correspond à l'image cible ou image de référence.

Une multitude de méthodes ont été développées au cours des dernières années en ce qui concerne le recalage déformable d'image médicale. Tout comme le domaine de la segmentation, une revue exhaustive a été publiée en 2013 par Sotiras *et al.* [27]. Cet article passe en revue l'état de l'art en ce qui concerne ce domaine du traitement numérique d'image, et ce, de manière très approfondie. Cette revue de littérature est scindée en trois sous-sections, soit les modèles de déformation, les critères d'appariement et les méthodes d'optimisation. Ces trois points constituent les assises du processus de recalage d'images. De plus, nous abordons le sujet d'évaluation de la performance d'un algorithme de recalage

lié au domaine du traitement d'images médicales.

3.2.1 Modèles de déformation

Soritas *et al.* [27] présentent l'ensemble des familles de modèles de déformation en un regroupement de quatre familles, soit les transformations géométriques dérivées de modèles physiques, les transformations géométriques dérivées de la théorie de l'interpolation, les transformations géométriques basées sur les connaissances des propriétés de l'image et les contraintes propres à une tâche particulière comme la préservation de la topologie, la préservation d'un volume ou des contraintes de rigidité. Le classement de ces familles est illustré à la figure 3.1.

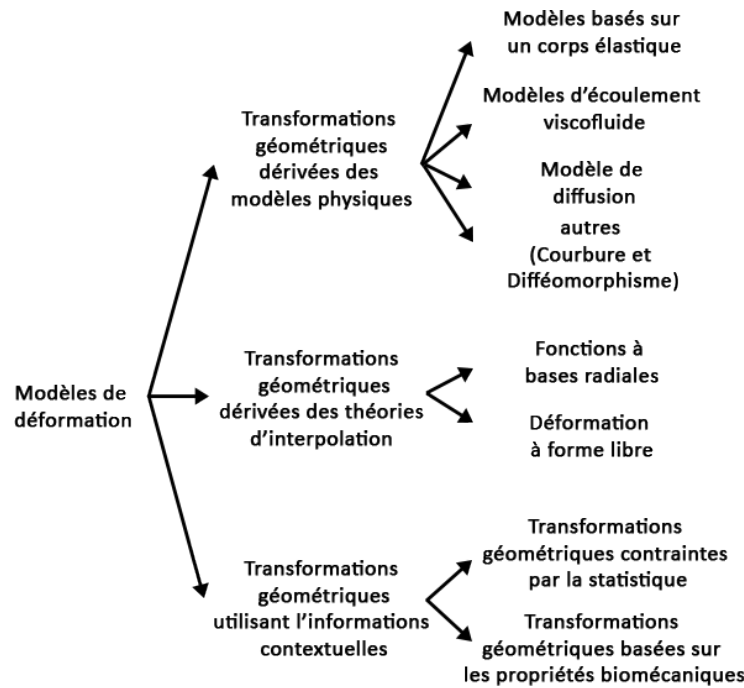


FIGURE 3.1 – Classification des méthodes de recalage déformable d'images médicales adaptée de [27].

Au cours de cette section, nous passerons en revue certaines méthodes de déformation qui ont été visitées lors du projet ou qui sont d'un grand intérêt dans la communauté.

3.2.1.1 Transformations géométriques dérivées des modèles physiques

Les modèles physiques utilisés lors de transformation géométrique peuvent être divisés en cinq catégories, soit les modèles de corps élastique, les modèles d'écoulement de fluide visqueux, les modèles de diffusion, les modèles de recalage de courbure et les modèles de

flux de difféomorphismes. Au cours de cette section, nous exposons les outils mathématiques associés aux trois premiers types de transformation géométrique.

3.2.1.1.1 Modèles basés sur un corps élastique

1. *Modèle linéaire*

Le modèle de corps élastique linéaire est décrit par l'équation à dérivée partielle de Navier-Cauchy (3.1).

$$\mu \nabla^2 \mathbf{u} + (\mu + \lambda) \nabla (\nabla \cdot \mathbf{u}) + \mathbf{F} = 0 \quad (3.1)$$

L'équation (3.1) comprend le premier coefficient de Lamés λ qui ne possède pas à proprement dit d'interprétation physique et exprime la raideur du matériau, le deuxième coefficient de Lamés μ qui correspond au module de cisaillement du matériau et le champ de force \mathbf{F} qui impose les contraintes d'appariement entre les images.

Sotiras *et al.* [27] ont identifié sept travaux basés sur les modèles élastiques linéaires [28, 29, 30, 31, 32, 33, 34]. Broit *et al.* [28] ont développé une méthode utilisant une membrane élastique soumise à deux forces concurrentes, soit une première force imposant une déformation et une deuxième force qui tente de maintenir les propriétés de l'image. Une étape de multirésolution a été ajoutée à la méthode de Broit *et al.* par Bajcsy et Kovačič [29].

Christensen et Johnson [32] ont proposé une méthode qui tient compte du problème reliant les transformations avant et arrière. Les transformations sont estimées simultanément. Une contrainte est appliquée à la fonction objective, ce qui pénalise les incohérences entre les deux transformations.

Une seconde méthode traitant le problème des divergences entre les transformations avant et arrière a été proposée par Leow *et al.* [33]. Dans cette étude, la transformation arrière est modélisée comme étant l'inverse de la transformation avant, ce qui élimine les contraintes sur les erreurs d'incohérences.

He et Christensen [34] se sont penchés sur le problème associé aux grandes déformations. Ce travail considère une grande déformation comme étant la somme d'une séquence de petite déformation élastique, chacune modélisée à l'aide d'un modèle de corps élastique linéaire. Le problème est symétrisé en considérant les images initiale et finale comme étant des sources et que l'image au centre est la cible.

2. *Modèle non linéaire*

Les modèles élastiques linéaires ne conviennent habituellement pas lorsque de grandes

déformations sont considérées. Dans le cadre de ce travail, ce modèle est inapproprié pour traiter la déformation pulmonaire. Néanmoins, sept méthodes basées sur des modèles élastiques non linéaires ont été répertoriées [35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42]. Nous vous référons à l'article de Soritas *et al.* [27] pour plus de références sur ce type de modèle.

3.2.1.1.2 Modèle d'écoulement viscofluide Le modèle de déformation utilisé dans cette section correspond à un écoulement viscofluide régi par l'équation de Navier-Stokes (3.2) considérant un écoulement laminaire, c'est-à-dire un faible nombre de Reynold.

$$\mu_f \nabla^2 \mathbf{v} + (\mu_f + \lambda_f) \nabla (\nabla \cdot \mathbf{v}) + \mathbf{F} = 0 \quad (3.2)$$

Le premier terme de l'équation (3.2) impose une contrainte au voisinage d'un point, c'est-à-dire qu'il doit se déformer similairement grâce au champ de vitesse spatialement lisse. Le deuxième terme permet aux structures de varier leur masse tout en considérant les coefficients de viscosité μ_f et λ_f . Cette méthode peut être utilisée lors de déformations non linéaires de grande amplitude.

3.2.1.1.3 Modèle de diffusion

$$\Delta \mathbf{u} + \mathbf{F} = 0 \quad (3.3)$$

Selon Soritas *et al.* [27] l'équation (3.3) exprime la déformation selon le modèle de diffusion. Toutefois, les travaux répertoriés par ce groupe ne la considère pas explicitement. Soritas *et al.* [27] explique aussi que les différents groupes exploitent le fait que le noyau gaussien utilisé lors de la régularisation correspond à la fonction de Green correspondant à l'équation de diffusion (3.3).

La plupart des travaux répertoriés par Soritas *et al.* [27] sont basés sur le travail inspiré de la théorie des Démons de Maxwell de Thirion [43]. Le concept des démons a été introduit par James Clerk Maxwell en 1871 dans le but d'illustrer un paradoxe concernant la seconde loi de la thermodynamique. Un mélange de gaz constitué de particules a et b est contenu dans un récipient hermétique doté d'une membrane semi-perméable séparant le côté A du côté B. L'expérience de pensée suppose que la membrane est constituée de « démons » en mesure de différencier le type des particules et de leur permettre de diffuser dans une seule direction. Par conséquent, une particule de type a se retrouve du côté A et ainsi de

suite. L'expérience démontrait une diminution de l'entropie, ce qui est en contradiction avec la seconde loi de la thermodynamique. Ce paradoxe est toutefois résolu étant donné que l'étape d'identification du type des particules est possible si l'entropie est augmentée. Donc, l'entropie totale du système a augmenté [43].

En ce qui concerne le traitement d'images médicales, quatre aspects doivent être considérés, soit le positionnement des démons, la définition de l'espace à déformer, la méthode de calcul permettant d'obtenir la force attribuée aux démons et la méthode d'interpolation. Selon Soritas *et al.* [27], la méthode la plus commune visant les images médicales est décrite de la manière suivante ; tous les éléments de l'image sont des démons, la force de chaque démon est obtenue en effectuant un flux optique, un modèle de déformation non paramétrique régularisé à l'aide d'un filtre gaussien après chaque itération est considéré et une interpolation trilineaire est effectuée. La transformation avant et arrière sont calculées pour chaque point en calculant la différence entre leur position initiale et finale. Des méthodes supplémentaires considérant un recalage basé sur les contours ou basé sur des images préalablement segmentées ont été abordées par Thirion [43].

3.2.1.2 Transformations géométriques dérivées de la théorie d'interpolation

Contrairement aux transformations géométriques basées sur des modèles physiques, les modèles énoncés dans cette section sont dérivés des théories d'interpolation et d'approximation. La théorie d'interpolation consiste à utiliser un déplacement connu dans l'espace et d'interpoler cette information dans le reste du volume. La théorie d'approximation considère plutôt qu'il existe une erreur dans l'estimation du déplacement. Par conséquent, nous obtenons un résultat qui lisse l'ensemble de la carte de déplacement plutôt que de conserver les valeurs exactes des déplacements connus. Nous présentons les deux familles d'interpolation les plus communes, soit les fonctions à bases radiales et les déformations à formes libres.

3.2.1.2.1 Fonctions à bases radiales Les fonctions à bases radiales (RBF) correspondent au groupe le plus important en ce qui concerne les stratégies d'interpolation. La valeur \mathbf{u} en un point interpolé x est donnée selon une fonction radiale ϕ basée sur sa distance avec un point de valeur connue p pondéré par un facteur ω .

$$\mathbf{u}(x) = \sum_{i=1}^N \omega_i \phi(\|x - p_i\|) \quad (3.4)$$

Il existe différentes formes de fonctions radiales. Zagorchev et Goshtasby [44] ont évalué

quatre types de RBF, préalablement décrites par Goshtasby [45] , soit les fonctions *Thin-Plate Splines* (TPS'), les fonctions multiquadratiques (MQ) et les fonctions moyennes pondérées (WM) .

Les fonctions d'interpolation *Thin-Plate Splines*, ou splines de surfaces, sont probablement les fonctions de transformation les plus courantes en ce qui concerne le recalage déformable d'images. Cette méthode consiste à faire passer une surface en chaque point où la déformation est connue. Les TPS' sont décrites par la relation (3.5).

$$f(x, y, z) = A_1 + A_2x + A_3y + A_4z + \sum_{i=1}^N F_i r_i^2 \ln r_i^2 \quad (3.5)$$

Dans la relation (3.5), $r_i^2 = (x - x_i)^2 + (y - y_i)^2 + (z - z_i)^2 + d^2$ où d^2 correspond à un paramètre de la surface. Donc, lorsque $d \rightarrow 0$, la surface s'approche des points connus tandis que lorsque d augmente, la surface devient de plus en plus rigide et ne passe plus exactement par les points de références. L'équation (3.5) contient N+4 inconnus, soit A_1, A_2, A_3, A_4 , et F_i pour $i = 1, \dots, N$. L'équation (3.5) peut être résolu en substituant l'approximation (3.6) dans l'équation (3.5) en assumant que $f(x_i, y_i, z_i) = f_i$.

$$\{(x_i, y_i, z_i, f_i) : i = 1, \dots, N\} \quad (3.6)$$

Ensuite, nous utilisons les contraintes (3.7), (3.8), (3.9) et (3.10) qui empêchent une translation et une rotation de la surface.

$$\sum_{i=1}^N F_i = 0 \quad (3.7)$$

$$\sum_{i=1}^N x_i F_i = 0 \quad (3.8)$$

$$\sum_{i=1}^N y_i F_i = 0 \quad (3.9)$$

$$\sum_{i=1}^N z_i F_i = 0 \quad (3.10)$$

Selon Zagorchev et Goshtasby [44], lorsqu'un faible nombre de points de contrôle largement espacés est utilisé et que les différences géométriques des images à recaler sont

petites, la méthode TPS, entre autres, est préférée.

Les fonctions d'interpolation multiquadratique (MQ) sont décrites par l'équation (3.11).

$$f(x, y, z) = \sum_{i=1}^N F_i R_i(x, y, z) \quad (3.11)$$

Goshtasby [45] démontre trois types de MQ, soit la multiquadratique (3.12), la gaussienne (3.13) et la multiquadratique inverse (3.14).

$$R_i(x, y, z) = [(x - x_i)^2 + (y - y_i)^2 + (z - z_i)^2 + d^2]^{\frac{1}{2}} \quad (3.12)$$

$$R_i(x, y, z) = \exp\left(-\frac{(x - x_i)^2 + (y - y_i)^2 + (z - z_i)^2}{\sigma^2}\right) \quad (3.13)$$

$$R_i(x, y, z) = [(x - x_i)^2 + (y - y_i)^2 + (z - z_i)^2 + d^2]^{-\frac{1}{2}} \quad (3.14)$$

L'équation (3.11) est résolu en affirmant que $f(x_i, y_i, z_i) = f_i$ et en résolvant le système d'équations linéaires associées. Selon Zagorchev et Goshtasby [44], les fonctions multiquadratiques répondent aux problèmes similaires aux fonctions TPS'.

Les fonctions moyennes pondérées (*Weighted Means*, WM) sont des fonctions d'approximation, c'est-à-dire que contrairement aux fonctions d'interpolation TPS' et MQ, les points de contrôles des images sont reliés en utilisant un moyennage pondéré dans l'environnement entourant ces points de contrôle. Les fonctions WM sont décrites par les relations (3.15) et (3.16).

$$f(x, y, z) = \sum_{i=1}^N f_i W_i(x, y, z) \quad (3.15)$$

$$W_i(x, y, z) = \frac{R_i(x, y, z)}{\sum_{i=1}^N R_i(x, y, z)} \quad (3.16)$$

Dans l'équation (3.16), $R_i(x, y, z)$ peut être décrit par les relations (3.13) et (3.14). Zagorchev et Goshtasby [44] affirment que la méthode WM est idéale dans une situation où un grand nombre de points de contrôle est utilisé et que du bruit est ajouté à ces points de contrôle.

3.2.1.2.2 Déformation à forme libre Les déformations à forme libre, ou *free-form deformations* (FFD), correspondent aux transformations les plus communes en ce qui

concerne le recalage d'images médicales. Une grille rectangulaire uniforme de dimension $K_x \times K_y \times K_z$ où $K_x \ll N_x$, $K_y \ll N_y$ et $K_z \ll N_z$ est superposée à une image de dimension $N_x \times N_y \times N_z$ et est déformée selon certains points de contrôles. La déformation est exprimée comme étant la somme du produit des tenseurs de splines à une variable et suit la relation (3.17).

$$\mathbf{u}(x) = \sum_{l=0}^3 \sum_{m=0}^3 \sum_{n=0}^3 B_l(\mu_x) B_m(\mu_y) B_n(\mu_z) \mathbf{d}_{i+l, j+m, k+n} \quad (3.17)$$

où $i = \lfloor x/N_x \rfloor - 1$, $j = \lfloor y/N_y \rfloor - 1$ et $k = \lfloor z/N_z \rfloor - 1$ sont les indices de positions des points de contrôle et $\mu_x = x/N_x - \lfloor x/N_x \rfloor$, $\mu_y = y/N_y - \lfloor y/N_y \rfloor$ et $\mu_z = z/N_z - \lfloor z/N_z \rfloor$ sont les positions relatives de x , y et z . Le symbole B_l de l'équation (3.17) signifie la $l^{\text{ème}}$ fonction de base d'une B-Spline cubique tandis que \mathbf{d} correspond à un déplacement des points de contrôle positionnés en i , j et k . Les fonctions de bases des B-Splines cubiques sont données par les relations (3.18), (3.19), (3.20) et (3.21).

$$B_0(a) = (-a^3 + 3a^2 + 3a + 1) / 6 \quad (3.18)$$

$$B_1(a) = (3a^3 - 6a^2 + 4) / 6 \quad (3.19)$$

$$B_2(a) = (-3a^3 + 3a^2 + 3a + 1) / 6 \quad (3.20)$$

$$B_3(a) = a^3 / 6 \quad (3.21)$$

3.2.1.3 Transformations géométriques basées sur les connaissances des propriétés de l'image

Le traitement numérique d'images médicales consiste à appliquer des méthodes d'analyses informatiques aux images du corps humain, et ce, de façon relativement répétitive. Or, nous pouvons utiliser les deux types de connaissances liés aux propriétés de la déformation du corps lors de recalage d'image. La première méthode consiste à utiliser la statistique liée à un type de déformation et 's former un algorithme selon les résultats obtenus grâce à une banque de patients. La divergence d'un résultat par rapport à cette statistique est alors pénalisée par l'algorithme de segmentation. La seconde considère plutôt les propriétés biomécaniques des différents organes afin de contraindre l'analyse numérique de la déformation. Dans cette section, nous nous intéresserons particulièrement à la seconde méthode.

Les transformations géométriques basées sur les modèles biomécaniques utilisent habituellement la méthode des éléments finis afin de résoudre les problèmes de déformation.

Brock *et al.* [46]. ont développé un outil permettant le recalage déformable d'images multiorganes basé sur la méthode des éléments finis, MORFEUS. Le processus MORFEUS se décrit en six étapes, soit la création des contours des organes dans un système de planification de traitement, la transformation des contours en maillage de surface, la transformation des maillages de surface en maillage volumique, la génération de maillage pour plusieurs organes ainsi que l'identification de leurs propriétés mécaniques et leur interface, l'identification des conditions frontières entre les organes, l'assignation des conditions frontières et finalement l'analyse des éléments finis. La première itération du logiciel développé par le groupe utilisait trois logiciels commerciaux, soit Pinnacle (TPS) pour le contour des organes, HyperMesh d'Altair permettant de créer les maillages ainsi que les conditions frontière nécessaires pour générer la méthode d'éléments finis et finalement Abaqus, un logiciel d'analyse d'éléments finis.

Les propriétés mécaniques des matériaux constituant les organes, soit leur module de Young E dénotant le ratio entre la contrainte de traction et la déformation, leur coefficient de Poisson ν correspondant au ratio de l'allongement longitudinale et de la contraction transversale, ainsi que la modélisation des interfaces entre ces organes influencent la précision de la méthode de recalage doivent être préalablement déterminées. Dans un premier temps, Brock *et al.* [46] ont utilisé un modèle élastique linéaire d'éléments finis basé sur les propriétés mécaniques obtenues dans la littérature [47, 48, 49, 50] manuellement optimisées par trois opérateurs. La valeur optimale du coefficient de poisson ν est déterminée en minimisant l'erreur de recalage inférieure et supérieure. Le module de Young est implicitement déterminé par la méthode de déformation par projection de surface. Al-Mayah *et al.* [51] ont proposé un modèle hyperélastique qui considère un glissement sans friction à l'interface des poumons. Shitzadi *et al.* [52], quant à eux, se sont penchés sur la caractérisation de l'incompressibilité des tissus pulmonaires *in vivo*. Ils illustrent aussi qu'une variation dans la valeur du coefficient de poisson peut être présente au cours du cycle respiratoire et que cette dernière devrait être introduite dans l'analyse de la déformation.

3.2.2 Critères d'appariement

Les critères d'appariement, aussi appelés critères de similarité, utilisent les informations contenues dans les images afin de procéder au recalage d'image. Nous dénombrons trois groupes distincts, soit les critères géométriques, les critères iconiques et les critères hybrides. Dans le cadre de ce travail, nous nous intéressons aux deux premier types de critère d'appariement. Pour plus d'informations concernant l'ensemble des critères, nous vous référons au travail de Sotiras *et al.* [27].

3.2.2.1 Méthodes géométriques

Soritas *et al.* [27] énumèrent trois types de critères d'appariement géométrique, soit les méthodes qui sont influencées par la correspondance entre les images, les méthodes qui sont déterminées par la transformation spatiale et les méthodes qui utilisent conjointement ces caractéristiques. Les méthodes basées sur la correspondance entre les images tentent d'assigner chaque point repère de l'image source au point correspondant dans l'image cible en interpolant le reste des points tandis que les méthodes basées sur la transformation tentent plutôt d'identifier la transformation spatiale entre les images sources et cibles sans toutefois assurer la correspondance entre les points repères.

Dans le cadre de ce travail, nous nous intéressons à la méthode qui utilise les méthodes de correspondances ainsi que les méthodes de transformation. La méthode la plus connue correspond à la méthode itérative du point le plus près (*iterative closest point*, ICP). Cette méthode détermine une correspondance entre les points repères dans un voisinage prédéterminer. Une première transformation spatiale est alors calculée et appliquée. Une seconde itération détermine une nouvelle correspondance suivie d'une deuxième transformation spatiale. Le processus itératif se termine lorsqu'une convergence est atteinte.

La méthode ICP est particulièrement importante lors de notre étape de segmentation. C'est basé sur cette méthode que notre algorithme est en mesure de déformer une forme *a priori* segmentée sur l'anatomie du patient à un temps t_0 vers une anatomie au temps t_n , $n \in [1, 10]$.

3.2.2.2 Méthodes iconiques

Les méthodes iconiques tentent d'établir une relation entre les images sources et références selon la valeur d'intensité attribuée à chaque voxel. Cette méthode peut être utilisée lors de deux cas distincts, soit lors de recalage d'images provenant de la même modalité d'imagerie (monomodale) ou d'images acquises avec plusieurs modalités d'imageries (multimodale).

Boudam [53] présente quatre méthodes basées sur les intensités, soit les critères mathématiques appliqués lors de situation de recalage monomodale comme la somme des carrés des différences (SCD), la corrélation croisée (CC) et le coefficient de corrélation linéaire (CCL) ainsi que les critères statistiques utilisés en cas d'étude multimodale comme l'information mutuelle (IM).

Les sommes des carrés des différences est décrite par la relation (3.22) où $R(x)$ correspond à l'intensité de l'image en x de l'image cible et $S(T(x))$ correspond à l'intensité de l'image à la position $x' = T(x)$ de l'image source avec T étant la transformation spatiale

obtenue lors du recalage.

$$SCD = \frac{1}{N} \sum_x (R(x) - S(T(x)))^2 \quad (3.22)$$

La corrélation croisée (3.23) ainsi que le coefficient de corrélation linéaire (3.24) peuvent être utilisés lorsqu'une relation affine peut être établie entre les images.

$$CC = \frac{\sum_x (R(x) \cdot S(T(x)))}{\sum_x (R(x)) \cdot \sum_x (S(T(x)))} \quad (3.23)$$

Le coefficient de corrélation linéaire utilise une normalisation des images en effectuant la soustraction de la valeur moyenne des intensités (\bar{R} dans le cas de l'image cible et \bar{S} dans celui de l'image source) ce qui a pour objectif d'appliquer une normalisation.

$$CCL = \frac{\sum_x ((R(x) - \bar{R}) \cdot (S(T(x)) - \bar{S}))}{\sum_x (R(x) - \bar{R})^2 \cdot \sum_x ((S(T(x)) - \bar{S}))^2} \quad (3.24)$$

L'information mutuelle, utilisée lors d'un processus de recalage impliquant plusieurs modalités d'imagerie, est décrite par la relation (3.25). Dans cette méthode, on suppose qu'une relation stochastique existe entre la valeur des voxels de l'image source et l'image cible et que cette relation est maximale lorsque les images sont optimalement recalées. Dans cette relation, $p(s)$ correspond à la probabilité d'apparence d'intensité s dans l'image source, $p(r)$ la probabilité d'apparence d'intensité r dans l'image cible et $p(r, s)$ la probabilité que les intensités r et s soient présentes dans l'image cible à la position correspondante dans l'image source.

$$IM(R, S) = \sum_{r,s} p(r, s) \left(\frac{p(r, s)}{p(r)p(s)} \right) \quad (3.25)$$

3.2.3 Méthodes d'optimisation

La dernière étape du processus de recalage correspond à l'optimisation de la transformation spatiale permettant la déformation de l'image source vers l'image de référence en fonction du résultat des critères d'appariement. Le choix de la méthode d'optimisation résulte en une orientation du résultat du recalage. Soritas *et al.* [27] regroupent ces méthodes en deux familles distinctes, soit les méthodes d'optimisation continues et les méthodes d'optimisation discrètes. À ces deux familles s'ajoutent les méthodes d'optimisation heuristiques qui ne garantissent toutefois pas un résultat mathématiquement optimal.

3.2.4 Évaluation du recalage déformable

Au cours du concours *Evaluation of Methods for Pulmonary Image Registration 2010* (EMPIRE10) associé à la série de conférences *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention* (MICCAI), une procédure d'évaluation des résultats de recalage déformable a été élaborée¹. Cette procédure est constituée de quatre méthodes d'analyse.

Considéré comme l'étape fondamentale du processus de recalage, l'alignement de la bordure des poumons est testé par rapport à un ensemble d'images segmentées à l'aide de l'outil de van Rikxoort *et al.* [12] et corrigé manuellement lorsque ceci est jugé nécessaire. Lors de ce test, le processus de validation EMPIRE10 omet l'analyse de la surface faisant l'interface avec le médiastin.

Le second test consiste à déterminer l'alignement des fissures pulmonaires majeures. Comme nous l'avons énoncé plutôt, les fissures correspondent aux interfaces entre les différents lobes pulmonaires. Les résultats sont comparés à la méthode de van Rikxoort *et al.* [54] qui ont été vérifiés et manuellement ajustés lorsque ceci était requis.

La troisième étape consiste à déterminer la correspondance avec des points repères dans le volume pulmonaire. Les points de référence, identifiés par plus de trois opérateurs indépendants, sont déterminés par une méthode développée par Murphy *et al.* [55]. À l'aide du champ de déformation produit par le recalage déformation, 100 points de références sont déplacés et leur position est comparée avec les points identifiés par les opérateurs.

Enfin, une analyse des singularités du champ de déformation est effectuée. Cette analyse consiste à calculer en chaque voxel le déterminant de la matrice jacobienne j du champ de déformation obtenue lors du recalage d'images. Une valeur de j égale ou inférieure à 0 correspond à une singularité.

3.3 Méthodologie

Il existe donc une grande variété de méthode de recalage déformable d'images numériques. Toutefois, malgré les efforts déployés dans ce domaine du traitement d'images, ces techniques ne sont toujours pas implantées en clinique.

Au cours de la deuxième étape de notre travail, nous désirons déterminer la déformation due à la ventilation pulmonaire durant le cycle respiratoire. Pour ce faire, nous utilisons les 10 phases respiratoires obtenue lors de l'examen 4DCT et nous calculons neuf champs de déformation. Ces champs de déformation permettront d'établir la transformation spatiale permettant le recalage vers une phase respiratoire de référence. Le processus de génération

1. <http://empire10.isi.uu.nl/evaluation.php>, 2014

des neuf champs de déformation est séparé en deux parties. Dans un premier temps, nous mettons à profit les informations obtenues lors de la première étape de notre travail, soit la segmentation des poumons. Cette étape nous donne une information sur la déformation surfacique des poumons. Ensuite, nous effectuons une interpolation de la déformation surfacique dans le volume pulmonaire afin d'obtenir une déformation volumique.

3.3.1 Déformation surfacique

Revenons à la méthode de segmentation HSD expliquée à la section 2.3.1. L'étape de détermination de la position locale optimale illustrée à la figure 2.1c est obtenue à l'aide du critère d'appariement géométrique ICP. De manière itérative, chaque noeud subit alors une translation parallèlement à la surface du maillage initial vers une position locale optimale intermédiaire jusqu'à ce qu'une convergence soit obtenue. Dans ce travail, nous posons alors que la transformation surfacique est déterminée en chaque noeud du maillage et est donnée par la relation 2.9.

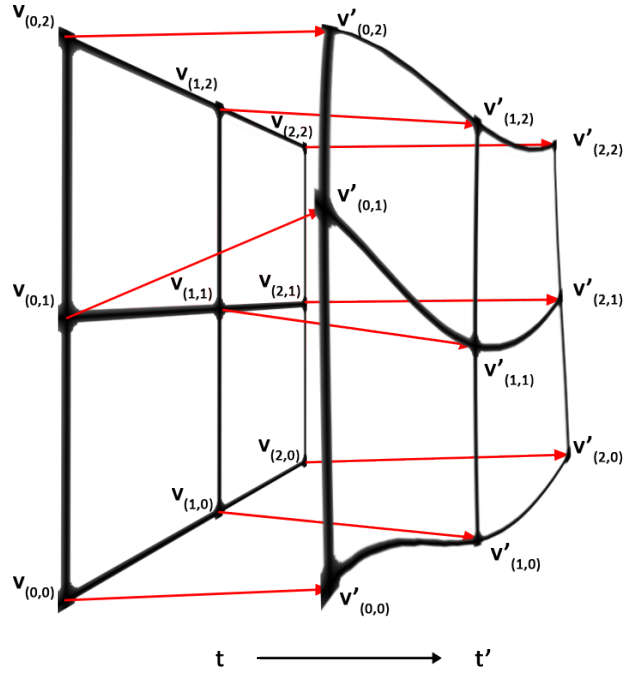


FIGURE 3.2 – Schéma d'un champ de déformation surfacique (flèches rouges) généré à l'aide du déplacement de chaque noeud d'un maillage. Le maillage composé des noeuds v_i au temps t (gauche) est déformé en maillage composé de noeuds v' au temps t' (droite).

Lors du traitement de données, la position spatiale de chaque noeud est enregistrée dans un vecteur de dimension $N_v \times 3$ par chaque ensemble d'images 4DCT. L'attribution d'une position dans le vecteur correspond à l'identification d'un noeud. De cette façon, le noeud

v_i enregistré dans le vecteur représentant le maillage au temps t_0 est associé au noeud v'_i dans le vecteur représentant le maillage au temps t' . Il est alors aisé de déterminer la transformation spatiale effectuée lors de l'étape de segmentation en calculant la différence des positions comme le démontre la figure 3.2.

3.3.2 Déformation volumique

Une fois que la déformation surfacique est calculée, nous devons interpoler la déformation surfacique dans le volume pulmonaire. À l'aide de MATLAB, nous transformons tout d'abord le maillage de surface en volume voxelisé. Ensuite, nous propageons la déformation surfacique dans le volume pulmonaire. Nous avons opté pour la méthode de transformation géométrique dérivée de la théorie d'interpolation utilisant les fonctions à moyenne pondérée comme première approximation. La pondération inverse à la distance, définie par Shepard [56], similaire à la relation (3.15), est donnée par la relation (3.26).

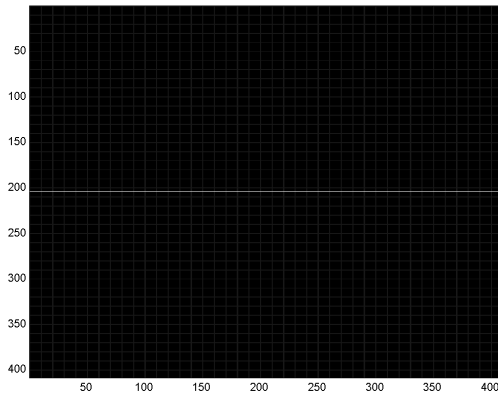
$$f(x, y, z) = \sum_{i=1}^N \frac{f_i W_i(x, y, z)}{W_i(x, y, z)} \quad (3.26)$$

$$W_i(x, y, z) = \frac{1}{((x - x_i)^2 + (y - y_i)^2 + (z - z_i)^2)^{p/2}}$$

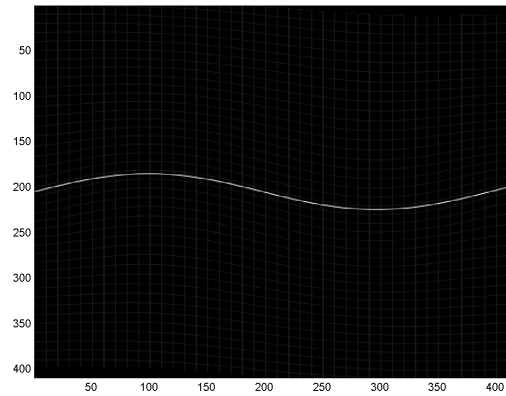
où p , un entier positif, correspond au paramètre de puissance de la fonction d'interpolation. Ce paramètre permet d'établir l'influence de la proximité des points repères sur les points nécessitant une interpolation. L'accroissement de la valeur de p génère donc un impact plus important sur les points rapprochés.

Afin de déterminer une valeur optimale de p , nous avons procédé à une simulation de déformation bidimensionnelle. Nous avons appliqué une déformation sinusoïdale au centre d'une image de 409 pixels \times 409 pixels comme l'illustre la figure 3.3.

L'objectif de cette étape consiste à déterminer un paramètre qui reproduit la déformation attendue au centre de l'image. Pour ce faire, nous avons analysé la position de la courbe sinusoïdale centrale en cinq coordonnées, soit en $x = 1, 100, 200, 300$ et 400 . Dans un premier temps, nous avons fait varier le paramètre de puissance en considérant une amplitude de déformation maximale de 20 pixels et avons calculé l'erreur absolue comparativement à la valeur attendue. Nous avons fait de même en faisant varier l'amplitude de déformation en considérant un paramètre de puissance $p = 6$, soit la valeur sélectionnée. Cette analyse est illustrée à la figure 3.4.

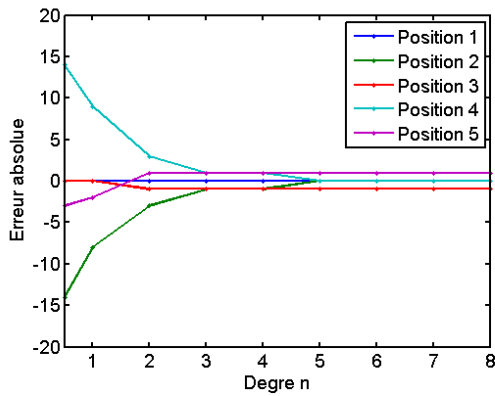


(a) Grille initiale

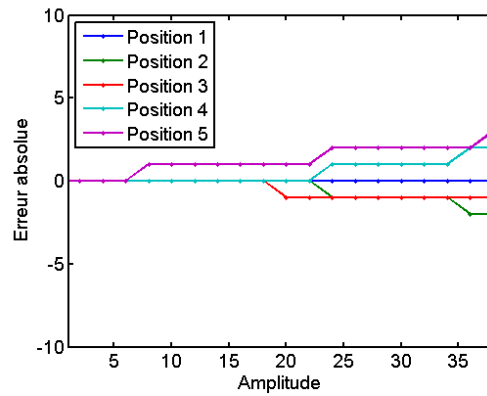


(b) Grille déformée

FIGURE 3.3 – Figure utilisée lors de l'étape de détermination de la valeur du paramètre de puissance de la méthode d'interpolation de Shepard.



(a)



(b)

FIGURE 3.4 – Détermination du paramètre de puissance selon la simulation d'un déformation sinusoïdale 2D. (a) Erreur absolue par rapport à la valeur attendue en fonction du paramètre de puissance de la méthode de Shepard pour une amplitude maximale d'une déformation sinusoïdale de ± 20 pixels. (b) Erreur absolue par rapport à la valeur attendue en fonction de l'amplitude de déformation de la méthode de Shepard pour $p = 6$.

Nous notons une certaine convergence lorsque la méthode d'approximation de Shepard utilise un paramètre de puissance $p \geq 5$ lorsqu'une amplitude de déformation est utilisée. Ceci explique le choix de $p = 6$ pour notre travail. Toutefois, nous notons aussi une divergence lorsque l'amplitude augmente en utilisant $p = 6$.

3.4 Résultats et discussion

Nous sommes en mesure d'approximer la déformation surfacique des poumons en utilisant la méthode de segmentation HSD basée sur le critère d'appariement géométrique ICP. La figure 3.5 illustre la déformation surfacique entre deux phases respiratoires.

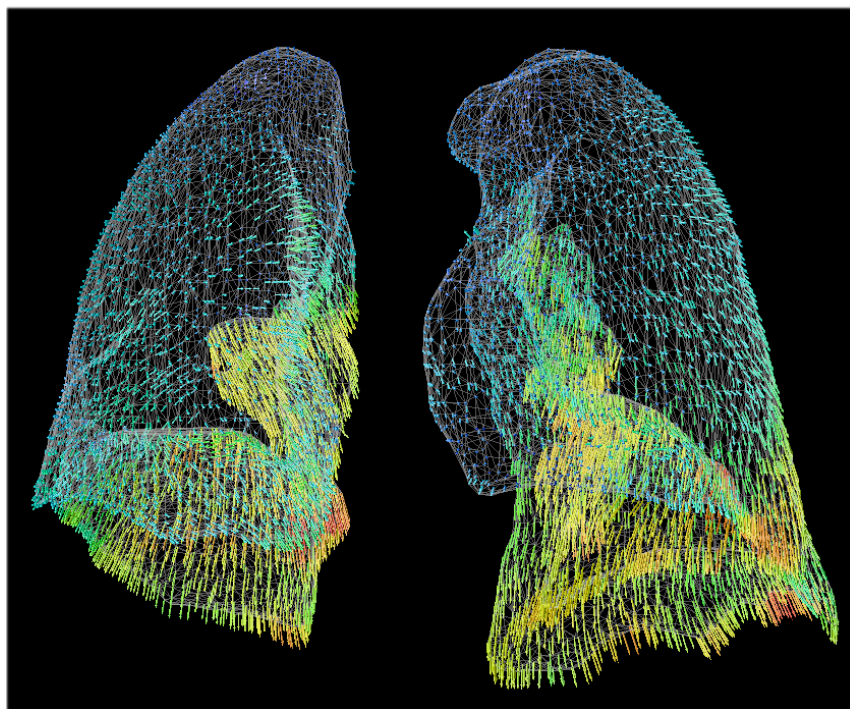


FIGURE 3.5 – Déformation surfacique entre les phases respiratoires d'expiration profonde et d'inspiration profonde. Le maillage gris représente la phase d'expiration complète, les flèches représentent la direction de chaque noeud du maillage vers leur position locale optimale à la phase d'inspiration complète et la couleur des flèches est associée à l'amplitude de déplacement des noeuds.

Comme nous pouvons le constater à la figure 3.5, l'amplitude maximale de déplacement se situe à la base des poumons, soit à proximité du diaphragme. La déformation subie aux apex des poumons est significativement inférieure. Nous notons aussi qu'une déformation notable est présente près du médiastin.

Lors de l'analyse de chaque phase respiratoire chez ce patient, nous avons noté que les contractions cardiaques semblent influencer la déformation du poumon gauche au médiastin. Il est toutefois difficile de bien tenir compte de cette déformation puisque la vitesse d'acquisition des images 4DCT est basée sur l'amplitude respiratoire plutôt que la fréquence cardiaque. Puisqu'aucun signal associé au rythme cardiaque n'est mesuré et que la vitesse d'acquisition d'images est trop lente pour suivre la déformation du coeur, un flou

peut être créé dans les images 4DCT. Ceci peut engendrer de faux résultats de déformation près du médiastin.

Une fois la déformation surfacique acquise, nous l'avons propagé dans le volume pulmonaire à l'aide de la méthode de Shepard en utilisant le paramètre de puissance calculé précédemment, soit $p = 6$. Les résultats de déformation selon les axes x , y et z sont illustrés à la figure 3.6.

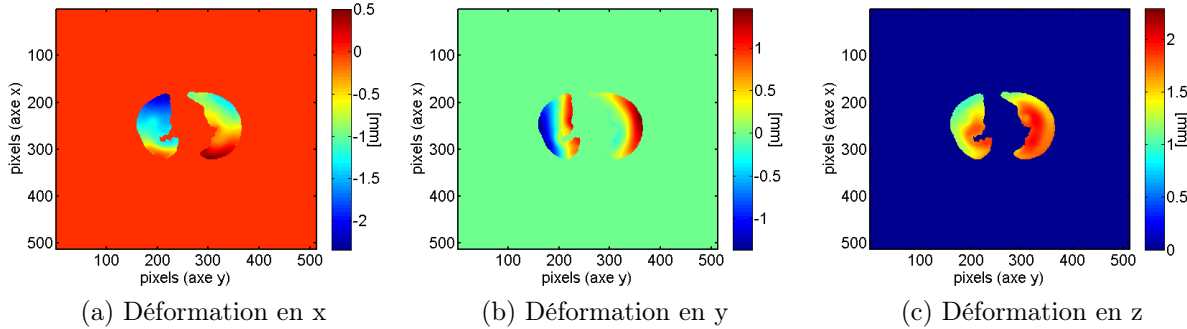


FIGURE 3.6 – Résultats en [mm] de la déformation entre les phases respiratoires d'expiration complète et d'inspiration complète à l'intérieur des poumons.

Nous avons remarqué que la déformation mesurée est relativement faible. La visualisation des formes segmentées nous a permis de voir que ces résultats concordent avec l'anatomie de ce patient.

Dans l'ensemble du volume, nous notons des amplitudes de déformation maximale de en x , en y et en z . La méthode d'interpolation de Shepard utilisée produit une déformation continue dans le volume pulmonaire. Toutefois, le calcul de la contribution de l'ensemble des points références rend le temps d'opération relativement long, soit 45 minutes pour obtenir le champ de déformation d'une phase, et ce, pour l'intérieur des poumons seulement. Le calcul de la déformation à l'intérieur du corps du patient devient alors beaucoup trop demandant en ressource computationnelle. Il est donc clair que cette méthode n'est pas optimale dans le cadre d'une utilisation clinique. Cependant, elle nous permet d'obtenir une première approximation de la déformation des poumons, ce qui peut guider un processus décisionnel en ce qui concerne le déplacement d'un volume tumoral.

Les fonctions à bases radiales correspondent à la seconde méthode d'interpolation que nous aimerions tester dans le futur. Nous croyons aussi que notre méthode de segmentation d'image nous permettrait d'obtenir de bon résultat en utilisant une méthode de déformation basée sur les propriétés biomécaniques des organes du patient. L'utilisation de la méthode des éléments finis nous permettrait de générer une déformation plus réelle

dans le tissu pulmonaire ainsi que dans l'ensemble du corps du patient.

3.5 Conclusion

L'objectif de cette section consiste tout d'abord à présenter au lecteur une revue de littérature au sujet de l'état de l'art en ce qui concerne le recalage déformable d'images numériques. Plusieurs groupes ont travaillé et travaillent toujours sur l'amélioration de ces techniques de traitement d'images. Nous avons pu voir qu'il existe différentes façons d'aborder un problème de recalage d'image et que ceci influence le résultat obtenu. Dans le cadre de notre travail, nous avons présenté une manière relativement simple d'obtenir un champ de déformation à partir de l'outil de segmentation qu'est la méthode HSD. Malgré le fait que la méthode d'interpolation de Shepard ne semble pas appropriée du point de vue computationnel, nous avons été en mesure d'obtenir un champ de déformation à l'intérieur du volume pulmonaire. Dans le futur, nous proposons d'utiliser des outils de recalage comme *Insight Segmentation and Registration Toolkit* (ITK) ou MORFEUS afin d'établir une méthode de génération de champ de déformation plus complète en vue d'être utilisée en clinique. Maintenant que nous avons donné un exemple de champ de déformation, nous désirons développer un outil qui nous permettra d'évaluer sa précision. C'est ce que nous tenterons de faire à la section suivante.

Chapitre 4

Squelettisation des structures pulmonaires internes

4.1 Introduction

Comme nous l'avons soulevé au chapitre portant sur le recalage d'image, une étape importante de l'évaluation d'un champ de déformation consiste à identifier spatialement des repères physiques permettant de comparer les images une fois déformées. Une méthode utilisée par Brock *et al.* [46] se base sur l'identification manuelle de la position des bifurcations de la vascularisation pulmonaire. Lors de leur analyse, 6 à 14 bifurcations ont été localisées par un professionnel de l'imagerie. Cette étape demande un effort considérable de la part du personnel médical. Nous proposons une méthode permettant de localiser automatiquement un nombre élevé de bifurcations. Pour ce faire, nous devons tout d'abord segmenter la vascularisation pulmonaire à l'aide d'une méthode de traitement d'image. Ensuite, nous procédons à une étape de squelettisation de la structure vasculaire. Finalement, le squelette obtenu est transformé en graphe ce qui permettrait d'obtenir éventuellement une représentation en arbre personnalisée de la vascularisation du patient.

Nous passons donc en revue les différentes méthodes de segmentation et de squelettisation présentes dans la littérature. Nous présentons ensuite un algorithme générant une structure en graphe. Une discussion des résultats obtenus ainsi qu'une critique des algorithmes utilisés sont présentées.

4.2 Revue de littérature

Au cours de cette section, nous reviserons les différentes méthodes permettant d’obtenir la vascularisation pulmonaire sous forme d’un squelette numérique. Ceci est réalisable en utilisant deux techniques de traitement numérique d’images, soit la segmentation et la squelettisation de la vascularisation pulmonaire.

4.2.1 Segmentation de la vascularisation pulmonaire

Une revue effectuée par Rudyanto *et al.* [57] des différentes méthodes ayant comme objectif de segmenter la vascularisation pulmonaire a été effectuée dans le cadre du concours de segmentation sur des images CT VESSEL12 (VESsel SEGmentation in the Lung) organisé lors du symposium international sur l’imagerie biomédicale (*International Symposium on Biomedical Imaging*, ISBI) en 2012. Selon Rudyanto *et al.* [57], aucune méthode n’est en mesure de parfaitement segmenter la vascularisation pulmonaire à ce jour. Toutefois, plusieurs méthodes ont été développées afin de parvenir à segmenter ces structures d’intérêts. Cette étude compare 23 méthodes basées sur quatre techniques différentes, soit les méthodes basées sur le seuillage en intensité, les méthodes basées sur le rehaussement des vaisseaux, les méthodes de croissance de région et les méthodes basées sur l’apprentissage machine. Dans le cadre de notre revue de littérature, nous nous intéressons aux méthodes basées sur les deux premières techniques.

Dans un premier temps, l’application d’un simple seuillage en intensité permet d’obtenir un résultat préliminaire. Cette méthode est cependant grandement affectée lors de la présence de pathologies comme la pneumonite et la fibrose, qui tendent à modifier la densité des tissus pulmonaires et ainsi à affecter le contraste des images comme le souligne Rikxoort *et al.* [9].

La seconde méthode consiste à appliquer un filtre à rehaussement de vaisseaux (*vesselness filter*). Les filtres à rehaussement de vaisseaux sont une méthode exploitant la structure tubulaire des objets à segmenter. Cette méthode rend possible l’identification de ce type de structure lorsqu’elle étudie les valeurs propres de la matrice hessienne du volume pulmonaire. Frangi *et al.* [58] sont les premiers à avoir décrit cette méthode dans un contexte de segmentation d’images médicales. En utilisant les courbures caractéristiques de la vascularisation de l’organe, soit une faible courbure parallèlement aux vaisseaux et une forte courbure perpendiculairement aux vaisseaux, un filtre peut être créé et appliqué sur les images dans le but d’augmenter la valeur des voxels correspondant aux vaisseaux et de diminuer la valeur des autres structures. De cette façon, un seuillage en intensité

peut ensuite être utilisé afin de segmenter la vascularisation. De plus, cette méthode est en mesure de détecter le diamètre des structures tubulaires en introduisant une convolution gaussienne d'écart-type variable. On dit alors que le processus de rehaussement des vaisseaux est effectué à l'aide d'un filtre multiéchelle. De cette manière, les structures associées à une plage de diamètre seront rehaussées d'un facteur qui leur est propre.

Dans certaines situations, la méthode de Frangi *et al.* est incapable de segmenter entièrement la vascularisation pulmonaire ce qui peut créer des discontinuités dans les résultats. Certaines méthodes analysées dans la revue [57] ont pour objectif de pallier à ces problèmes en utilisant les techniques complémentaires comme la croissance de région ainsi que la squelettisation.

4.2.2 Squelettisation

Les squelettes courbes sont une représentation unidimensionnelle d'une structure tridimensionnelle. Dans le cadre de notre travail, cette représentation nous permet d'établir l'arborescence de la vascularisation pulmonaire ainsi que d'établir des repères spatiaux. Il existe plusieurs méthodes qui permettent d'obtenir le squelette d'une structure 3D. Cornea *et al.* [59] ont classé ces méthodes en quatre groupes, soit les méthodes d'amincissement, les méthodes de champs de distances, les méthodes géométriques et les méthodes de champs généraux.

Les méthodes d'amincissement (*thinning and boundary propagation*) consistent à éliminer les points simples, c'est-à-dire les points n'affectant pas la topologie d'une structure. Cette méthode élimine itérativement les points en surface à l'aide d'un opérateur morphologique d'érosion jusqu'à ce qu'un squelette en résulte.

L'application d'un champ de distance dans le but d'obtenir le squelette d'une structure est une méthode relativement rapide. Elle est habituellement réalisée en déterminant la distance euclidienne entre un point intérieur et le point le plus proche en surface de l'objet. Le processus commun pour cette méthode est de déterminer les maxima du champ de distance, d'éliminer les résultats non désirés afin d'obtenir un ensemble maniable et de connecter les résultats finaux pour générer le squelette de la structure. Selon Cornea *et al.* [59], cette méthode n'est pas robuste lorsque vient le temps de déterminer le squelette d'un objet de forme arbitraire, mais peut très bien fonctionner en ce qui concerne les structures tubulaires.

Lorsque nous traitons des structures exprimées sous forme de points dispersés ou de maillages polygonaux, les méthodes géométriques peuvent être considérées. Une technique applicable dans une telle situation est l'utilisation du diagramme de Voronoï. Cette tech-

nique consiste à subdiviser l'espace en sous-région selon la position de points générateurs. Ensuite, un squelette peut être extrait en considérant les interfaces des régions à l'intérieurs de l'objet. La figure 4.1 schématise cette méthode. Des méthodes supplémentaires sont décrites par Cornea *et al.* [59].

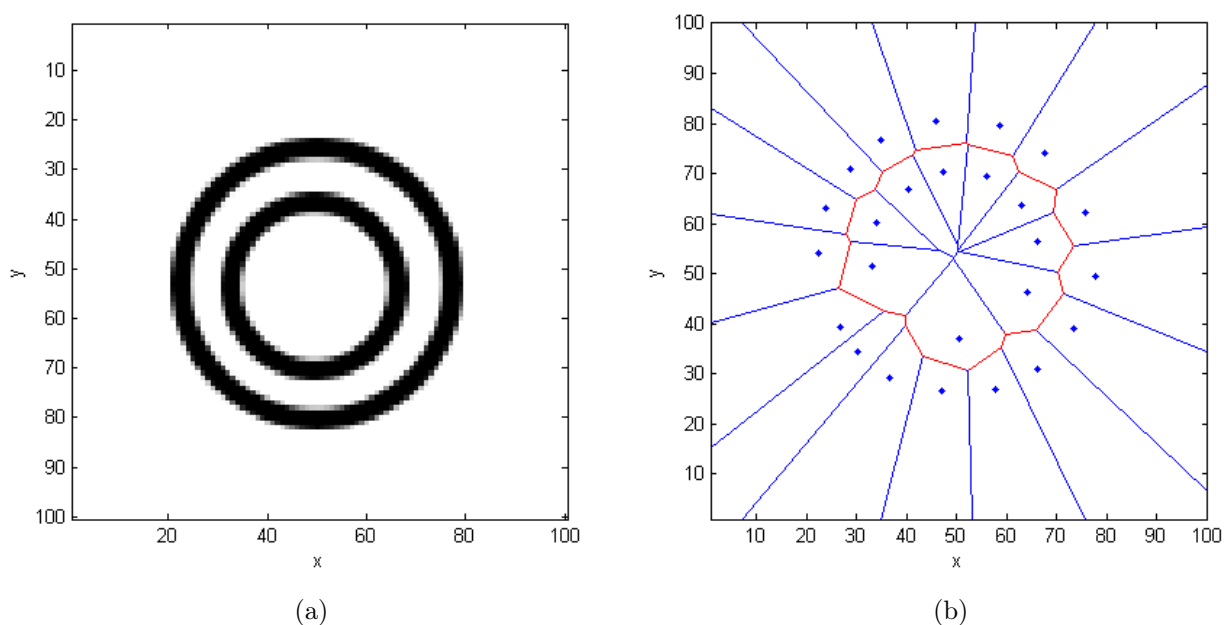


FIGURE 4.1 – Exemple d'un diagramme de Voronoï effectué en échantillonnant 25 points sur la surface d'un objet circulaire. Le squelette de la structure correspond aux interfaces des sous-régions contenues entre les deux surfaces du disque (en rouge). L'accroissement du nombre de points permet de générer un squelette plus précis. (a) Image test. Surface (en noir) d'un disque. (b) Diagramme de Voronoï de 25 points sélectionnés manuellement sur les deux surfaces.

La dernière famille d'algorithme de squelettisation correspond aux méthodes de champs utilisant d'autres transformation que la distance. On trouve dans cette famille les champs de potentiels qui détermine l'impact d'une charge disposée sur la surface de l'objet à l'intérieur de ce dernier [60]. Lors de l'application du champ de potentiel, des points critiques sont identifiés. La nature de ces points critiques est déterminée en analysant le laplacien du champ de potentiel. Selon leur nature, des points germes initient le squelette. Finalement, un algorithme de suivi de force connecte les différents points germes afin de compléter le squelette. Une variante de cette technique, nommée le champ de force répulsif visible tient en compte la visibilité d'une surface lors du calcul du champ de force.

4.3 Méthodologie

La méthode développée au cours de ce travail a pour objectif d'identifier la position spatiale d'un groupe de bifurcations de la vascularisation pulmonaire. Le processus permettant l'obtention de la position spatiale de ces bifurcations est divisé en cinq points, soit la segmentation de la vascularisation, le traitement de la structure segmentée, la squelettisation de la structure traitée, la transformation du squelette selon la théorie des graphes et le post-traitement du graphe obtenu.

4.3.1 Segmentation de la vascularisation pulmonaire

Dans le cadre de notre travail, nous utilisons simplement le filtre de Frangi. Le rehaussement s'effectue à l'intérieur du poumon, c'est-à-dire après avoir appliqué un masque à l'image. La méthode de rehaussement de la vascularisation décrite par Frangi *et al.* [58] considère L l'expansion de Taylor au point \mathbf{x}_0 afin de décrire le comportement local de l'image.

$$L(\mathbf{x}_0 + \delta\mathbf{x}_0, s) \approx L(\mathbf{x}_0, s) + \delta\mathbf{x}_0^T \nabla_{0,s} + \delta\mathbf{x}_0^T \mathcal{H}_{0,s} \delta\mathbf{x}_0 \quad (4.1)$$

On retrouve dans l'équation (4.1) la matrice de vecteur gradient $\nabla_{0,s}$ et la matrice hessienne $\mathcal{H}_{0,s}$ calculée au point \mathbf{x}_0 selon une échelle s . Le facteur d'échelle permet de rehausser le signal des vaisseaux de la taille de s alors que celui des vaisseaux de dimensions inférieures à s est atténué. Afin de calculer la dérivée de L , une convolution à l'aide de la dérivée d'une gaussienne de dimensions D est appliquée.

$$\frac{\partial}{\partial x} L(\mathbf{x}, s) = s^\gamma L(\mathbf{x}) * \frac{\partial}{\partial x} G(\mathbf{x}, s) \quad (4.2)$$

$$G(\mathbf{x}, s) = \frac{1}{(2\pi s^2)^{D/2}} e^{-\frac{\|\mathbf{x}\|^2}{2s^2}} \quad (4.3)$$

Dans l'équation (4.2), le paramètre γ permet une normalisation lorsqu'une échelle est utilisée, autrement $\gamma = 1$. Pour sa part, la dérivée seconde est donnée par la relation (4.4).

$$\delta\mathbf{x}_0^T \mathcal{H}_{0,s} \delta\mathbf{x}_0 = \frac{\partial}{\partial \delta\mathbf{x}_0} \frac{\partial}{\partial \delta\mathbf{x}_0} L(\mathbf{x}_0, s) \quad (4.4)$$

Il est alors possible de déterminer les valeurs propres $\lambda_{s,k}$ à l'aide des vecteurs propres $\hat{\mathbf{u}}_{s,k}$ de la matrice hessienne $\mathcal{H}_{0,s}$ en utilisant les équations (4.5) et (4.6).

$$\mathcal{H}_{0,s} \hat{\mathbf{u}}_{s,k} = \lambda_{s,k} \hat{\mathbf{u}}_{s,k} \quad (4.5)$$

$$\hat{\mathbf{u}}_{s,k}^T \mathcal{H}_{0,s} \hat{\mathbf{u}}_{s,k} = \lambda_{s,k} \quad (4.6)$$

Ces valeurs propres expriment la courbure de la structure selon les directions orthonormales d'un ellipsoïde placée en \mathbf{x}_0 . Notons que pour chaque échelle, les valeurs propres de la matrice hessienne demeurent les mêmes. Lorsque nous généralisons pour chaque échelle, nous avons donc la courbure λ_1 parallèle à la structure tubulaire et λ_2 et λ_3 qui représente la courbure perpendiculaire à l'axe de la structure tubulaire comme le démontre la figure 4.2.

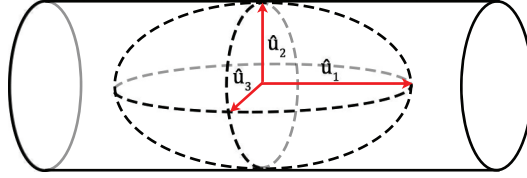


FIGURE 4.2 – Schématisation de l'ellipsoïde décrivant les valeurs propres lors de l'analyse de la matrice hessienne d'un objet tubulaire.

Nous nous attendons donc à des valeurs propres suivant les relations (4.7), (4.8) et (4.9).

$$|\lambda_1| \approx 0 \quad (4.7)$$

$$|\lambda_2| \gg |\lambda_1| \quad (4.8)$$

$$\lambda_3 \approx \lambda_2 \quad (4.9)$$

Dans le but de ne tenir compte que des structures tubulaires, deux ratios déterminant la géométrie de l'objet sont analysés. Le premier ratio \mathcal{R}_B , exprimé par l'équation (4.10), détermine si la structure est un *blob* en comparant le volume V de l'objet avec la plus grande section transversale (*Largest Cross Section Area, LCSA*).

$$\mathcal{R}_B = \frac{\frac{3}{4\pi} V}{\left(\frac{1}{\pi} LCSA\right)^{3/2}} = \frac{|\lambda_1|}{\sqrt{|\lambda_2 \lambda_3|}} \quad (4.10)$$

Un deuxième ratio, donné par la relation (4.11), fait la distinction entre les structures formant un plan ou une ligne. Cette comparaison s'effectue lors du ratio de la *LCSA* et de plus long axe de semi-longueur (*Largest Axis Semi-Length, LASL*).

$$\mathcal{R}_A = \frac{\frac{1}{\pi}LSCA}{(LASL)^2} = \frac{|\lambda_2|}{|\lambda_3|} \quad (4.11)$$

Une information supplémentaire peut être utilisée lors de la segmentation de la vascularisation pulmonaire. En effet, nous savons que l'intensité des vaisseaux sanguins est plus élevée que celle du reste des tissus pulmonaires sur les images CT. Afin de réduire un possible comportement imprévisible du fond de l'image, la norme de la matrice hessienne est calculée par la relation (4.12).

$$S = \|\mathcal{H}\|_F = \sqrt{\sum_{j \leq D} \lambda_j^2} \quad (4.12)$$

La fonction de rehaussement de vaisseaux $\mathcal{V}_0(s)$ est donc donnée par l'équation (4.13).

$$\mathcal{V}_0(s) = \begin{cases} 0 & \text{lorsque } \lambda_2 > 0 \text{ ou } \lambda_3 > 0 \\ \left(1 - e^{-\frac{\mathcal{R}_A^2}{2\alpha^2}}\right) \left(e^{-\frac{\mathcal{R}_B^2}{2\beta^2}}\right) \left(1 - e^{-\frac{s^2}{2c^2}}\right) & \text{ailleurs} \end{cases} \quad (4.13)$$

où α , β et c sont des seuils permettant de contrôler la sensibilité du filtre de rehaussement. Frangi *et al.* [58] propose une valeur de 0.5 pour α et β . La valeur de c est grandement influencée par la plage dynamique des images utilisées. La dernière étape consiste à introduire l'information apportée par l'utilisation des échelles lors des étapes de dérivations. La réponse maximale obtenue par la fonction de rehaussement à une échelle donnée est donc conservée comme le démontre l'équation (4.14).

$$\mathcal{V}_0(\gamma) = \max_{s_{min} \leq s \leq s_{max}} \mathcal{V}_0(s, \gamma) \quad (4.14)$$

Donc, l'étape de segmentation s'effectue à la suite du rehaussement de la vascularisation en appliquant un seuillage d'intensité. Comme nous l'avons remarqué plutôt, il est possible que la structure segmentée ne soit pas entièrement interconnectée. Nous traitons ce problème à l'aide des outils morphologiques de MATLAB.

4.3.2 Traitement des structures segmentées

La boîte à outil de traitement d'images de MATLAB (*Images Processing Toolbox*) est constituée de plusieurs fonctions. Dans cette section, nous nous intéressons particulièrement à la catégorie «Région» et «Propriétés» d'image dans la famille de fonction «d'Ana-

lyse d'Images». La fonction `bwconncomp` permet d'obtenir les structures connectées entre elles dans une image binaire.

La fonction `bwconncomp` renvoie une structure (CC) contenant quatre champs, soit la connectivité des objets (*Connectivity*), la taille de l'image (*ImageSize*), le nombre d'objets (*NumObjects*) ainsi qu'une sous structure incluant la position de chaque voxel appartenant aux objets détectés (*PixelIdxList*). L'algorithme 4.1 que nous avons développé choisi le nombre d'objets finaux désirés et élimine itérativement les objets composés du plus petit nombre de voxels.

Algorithme 4.1 Réduire le nombre d'objets dans le volume segmenté par la méthode rehaussement de vaisseaux.

- 1 : **Entrées** : Volume binarisé (BW), nombre d'objets désirés (n_0)
 - 2 : $CC = \text{bwconncomp}(BW)$, Calcul des propriétés de l'image
 - 3 : Pendant que $CC.NumObjects > n_0$
 - 4 : Identification du nombre de voxels pour chaque objet dans la structure $CC.PixelIdxList$
 - 5 : Déterminer les indices associés aux plus petits objets
 - 6 : Attribuer une valeur nulle aux voxels associés aux objets trouvés
 - 7 : Recalcul des propriétés de l'image $CC = \text{bwconncomp}(BW)$
 - 8 : fin
 - 9 : **Sortie** : Structures CC contenant les indices des voxels associés au n_0 structures détectées
-

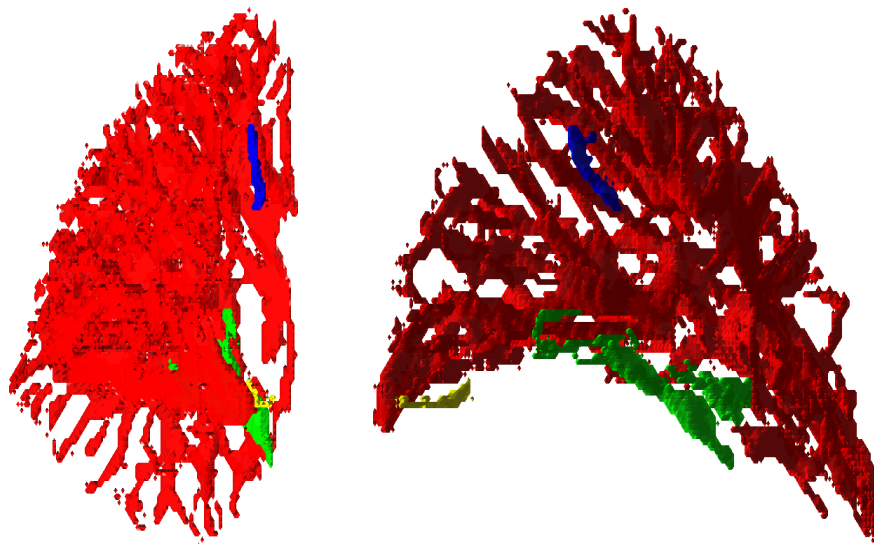


FIGURE 4.3 – Réduction du nombre d'objets dans le volume segmenté à l'aide de la méthode de Frangi (projection coronale et sagittale) pour $n_0 = 4$. L'ensemble rouge est constitué de 34 023 voxels, le vert de 1429 voxels, le bleu de 159 voxels et le jaune de 129 voxels.

Il est ensuite possible d'attribuer une valeur à chaque objet détecté à l'aide de la fonction `labelmatrix` qui prend une entrée la structure résultante `CC`. La figure 4.3 illustre la réduction du nombre d'objets segmentés par la méthode de segmentation par rehaussement de vaisseaux.

Dans le cadre de notre travail, le nombre d'objets est réduit à un afin de réduire la complexité du squelette.

4.3.3 Squelettisation des structures pulmonaires internes

L'algorithme de squelettisation que nous avons sélectionné est celui développé par Cornea *et al.* [60], est implémenté en C++ et disponible sur internet¹. L'algorithme 4.2 a pour objectif d'établir un squelette courbe d'un objet à l'aide de la méthode des champs de potentiel en créant une hiérarchisation de la structure. Cette méthode est divisée en quatre étapes, soit l'identification de la surface de la structure à segmenter, le calcul d'un champ de force répulsive en chaque voxel généré par des charges placées à la surface de l'objet, la détermination de la position de point critique dans le champ vectoriel et le calcul de la divergence du champ vectoriel afin d'ajouter un premier niveau dans la hiérarchie.

Algorithme 4.2 Génération du squelette à l'aide de la méthode de champ de forces répulsives

- 1 : **Entrées** : Nom du fichier contenant le volume (*in.vol*), taille du volume (L, M, N), distance des charges par rapport à l'objet (*dist*), force du champ de potentiel (*Str*), pourcentage de points à grande divergence (*pHD*), nom du fichier de sortie (*out*)
 - 2 : génération du squelette $CC = \text{bwconncomp}(BW)$
./pfSkel *in.vol L M N dist Str pHD out*
 - 3 : **Sortie** : Fichier *out.skel* contenant les coordonnées de chaque point du squelette.
-

4.3.3.1 Champ de force répulsive

Le champ de force répulsive est calculé pour chaque voxel contenu dans l'objet préalablement segmenté. Nous obtenons ce champ vectoriel en calculant la force \vec{F}_{PC} qu'a un voxel de surface (C) sur un voxel interne (P) par rapport à leur distance euclidienne R pour un ordre de force (m), comme le démontre l'équation (4.15).

$$\vec{F}_{PC} = \frac{\overrightarrow{CP}}{R^m} \quad (4.15)$$

1. <http://coewww.rutgers.edu/www2/vizlab/NicuCornea/Skeletanization/skeletanization.html>, 2014

Ensuite, la force \vec{F}_{PC_i} de chaque voxel de surface exercée sur un voxel interne est sommée afin d'obtenir le potentiel \vec{F}_P sur le voxel interne. Nous répétons l'équation (4.16) pour chaque voxel interne.

$$\vec{F}_P = \sum_i \vec{F}_{PC_i} \quad (4.16)$$

Un exemple de ce type de champs de potentiel, illustré à la figure 4.4, est disponible sur le site internet du groupe de recherche de Cornea *et al.*²

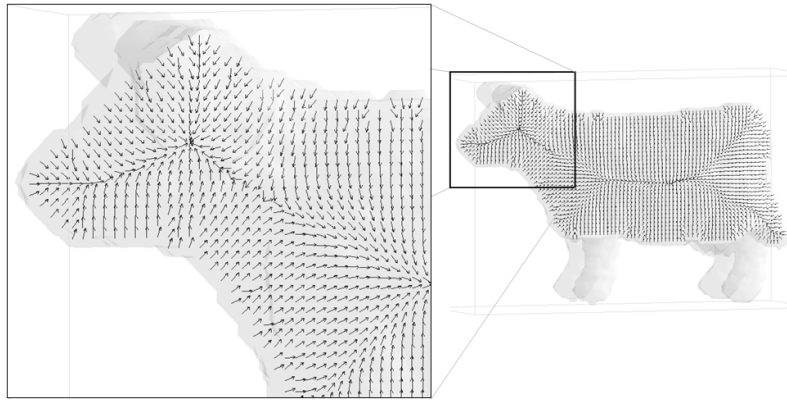


FIGURE 4.4 – Champ de forces répulsives présenté par Cornea *et al.* [60]

4.3.3.2 Localisation des points critiques

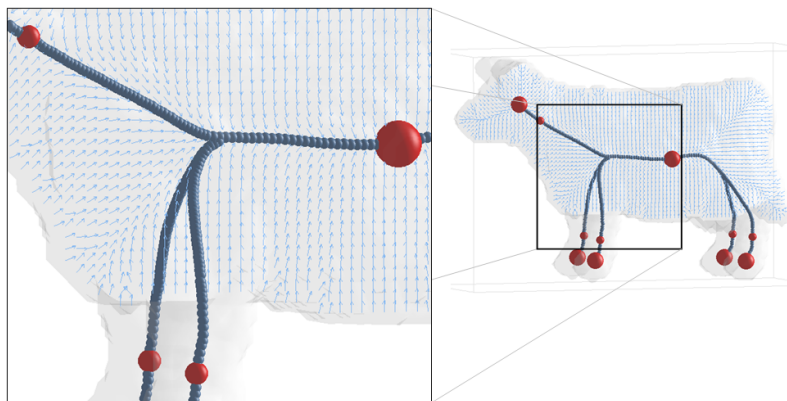


FIGURE 4.5 – Localisation des points critique (sphères rouges) et tracé du squelette (sphères bleues) pour la structure présentée à la figure 4.4.

Le champ de forces répulsives est ensuite analysé aux endroits où l'amplitude des vecteurs est pratiquement nulle, comme le démontre la figure 4.5. Ces points se nomment

2. <http://coewww.rutgers.edu/www2/vizlab/NicuCornea/Skeletanization/skeletanization.html>, 2014

points critiques. La position de ces points critiques est très importante en ce qui concerne la génération du squelette et l'établissement d'un modèle hiérarchique.

Chaque point critique compris dans le champ vectoriel peut être décrit selon trois natures différentes, soit des points attractifs, des points répulsifs ou des points de selle. L'explication de la nature de ces points critiques a été effectuée par Globus *et al.* [61].

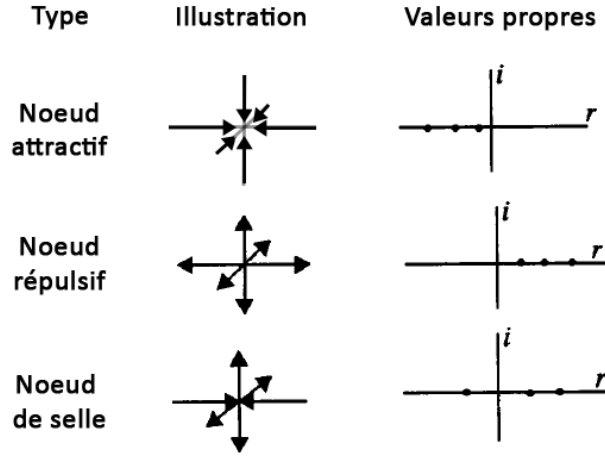


FIGURE 4.6 – Différents types de points critiques rencontrés lors de l'évaluation de la matrice jacobienne du champ de forces répulsives.

On obtient cette classification en calculant la dérivée du champ à l'aide d'une matrice jacobienne donnée à l'équation (4.17) où x_0 , y_0 et z_0 sont les coordonnées des points critiques et u , v et w la projection du vecteur.

$$\left[\begin{array}{c} \partial(u, v, w) \\ \partial(x, y, z) \end{array} \right]_{x_0, y_0, z_0} = \left[\begin{array}{ccc} \frac{\partial u}{\partial x} & \frac{\partial u}{\partial y} & \frac{\partial u}{\partial z} \\ \frac{\partial v}{\partial x} & \frac{\partial v}{\partial y} & \frac{\partial v}{\partial z} \\ \frac{\partial w}{\partial x} & \frac{\partial w}{\partial y} & \frac{\partial w}{\partial z} \end{array} \right]_{x_0, y_0, z_0} \quad (4.17)$$

La nature du point critique, décrite à la figure 4.6, est donc déterminée en analysant les valeurs propres de la matrice jacobienne. Lorsque les valeurs propres sont toutes réelles et positives, il s'agit d'un noeud répulsif, lorsque les valeurs propres sont toutes réelles et négatives, nous avons un noeud attractif et lorsque le signe d'une valeur propre est différent des autres, nous avons un noeud de selle.

Dans le cadre de notre travail, aucun noeud répulsif n'est créé et aucune valeur propre imaginaire n'est détectée. On utilise plutôt les noeuds de selle comme germe qui initie le squelette. Ensuite, un algorithme de suivi de force est appliqué afin de déterminer le chemin idéal entre les noeuds de selle et les noeuds attractifs.

4.3.3.3 Points de faible divergence

Nous pouvons aussi calculer la divergence du champ vectoriel afin de trouver des points supplémentaires que nous pouvons relier par la méthode de suivi de force. Cette étape est utile lorsque l'objet à squelettiser est relativement complexe comme une figurine, c'est-à-dire un objet comme l'illustre la figure 4.4. Dans notre situation, la forme tubulaire de la vascularisation donne des résultats relativement semblables lorsqu'on calcule un faible pourcentage de divergence. Notre processus omet donc l'utilisation des points de faibles divergences en sélectionnant un pourcentage de 0%.

Nous obtenons donc un squelette qui exprime de manière hiérarchique la structure traitée. Ensuite, nous utilisons dernière une méthode qui nous permet d'identifier les bifurcations contenues dans le squelette.

4.3.4 Génération d'un graphe

La prochaine étape de notre processus consiste à générer le graphe représentant le squelette créé précédemment. Le graphe nous permet d'établir une relation mathématique entre chaque noeud du squelette. Ainsi, l'algorithme nous permet de savoir si deux noeuds ou plus sont connectés selon un critère de distance. Cette étape nous permet alors d'identifier trois types de noeuds dans notre graphe, soit les noeuds de corps, terminaux et de bifurcations.

La boîte à outils TREES, développé par Cuntz *et al.* [62], qui est implémentée sous MATLAB permet de transformer une structure de nuage de points en graphe, d'obtenir une matrice d'adjacence et de déterminer la nature des noeuds du graphe. Ces étapes sont données à l'algorithme 4.3.

Algorithme 4.3 Génération d'un graphe à partir d'un squelette sous forme de points

- 1 : **Entrées** : Squelette préalablement calculé
 - 2 : `start_trees` %Démarrer la boîte à outils MATLAB
 - 3 : Obtenir les coordonnées de chaque noeud du graphe avec la fonction `MST_tree`
 - 4 : Obtenir la matrice d'adjacence
 - 5 : Déterminer la nature des noeuds du graphe à l'aide de la fonction `typeN_tree` en analysant la matrice d'adjacence
 - 6 : **Sortie** : Graphe sous forme de matrice contenant les coordonnées des bifurcations, des noeuds terminaux et de noeuds de corps, matrice d'adjacence.
-

La description des fonctions TREES est disponible dans leur manuel ³.

3. <http://www.treestoolbox.org/manual/index.html>, 2014

4.3.5 Post-traitement du graphe généré

La dernière étape permettant l'identification de la position des bifurcations consiste à analyser le résultat obtenu par les fonctions de la boîte à outils TREES. Cette étape a pour but de relier les noeuds terminaux situés sur un même segment ainsi que de diminuer le nombre de noeuds de bifurcation lorsque plusieurs sont situés dans le même voisinage.

Pour ce faire, nous créons une matrice qui contient les distances entre chaque noeud du graphe. Nous sélectionnons un seuil de distance permettant d'établir s'il existe une connexion entre les noeuds. Cette distance est environ une fois et demie la distance moyenne entre chaque noeud déjà calculée. Ensuite, nous comparons la matrice de distance calculée avec la matrice d'adjacence générée par TREES. Finalement, nous appliquons une modification de l'étiquette de chaque noeud qui le nécessite selon cette analyse.

4.4 Résultats et discussion

Les structures internes des poumons ont été segmentées à l'aide de la méthode de rehaussement de vaisseaux comme l'illustre la figure 4.7a. Lors de ce processus de segmentation, nous avons remarqué que notre algorithme générait un grand nombre d'objets déconnectés.

Toutefois, même lorsque nous ne gardons qu'une seule structure, nous obtenons un nombre considérable de repères spatiaux utilisables. L'utilisation d'une méthode reconnectant automatiquement les segments de vaisseaux permettrait d'obtenir une structure plus stable qui faciliterait l'identification d'un arbre vasculaire complet. Il faut aussi noter que l'identification de la vascularisation n'a pas été comparée avec le travail d'un radiologiste. Cette étape devra préférablement être effectuée lors de la validation de la méthodologie.

La figure 4.7b représente le squelette obtenu par la méthode de champ de forces répulsives proposé par Cornea *et al.* Par sa capacité à hiérarchiser la structure, cet algorithme permet d'obtenir la position spatiale des segments du squelette. Cette information peut toutefois devenir relativement inutilisable lorsque les structures vasculaires segmentées pour différentes phases respiratoires. C'est ce que nous pouvons voir lorsque nous utilisons un simple filtre de rehaussement de vaisseaux.

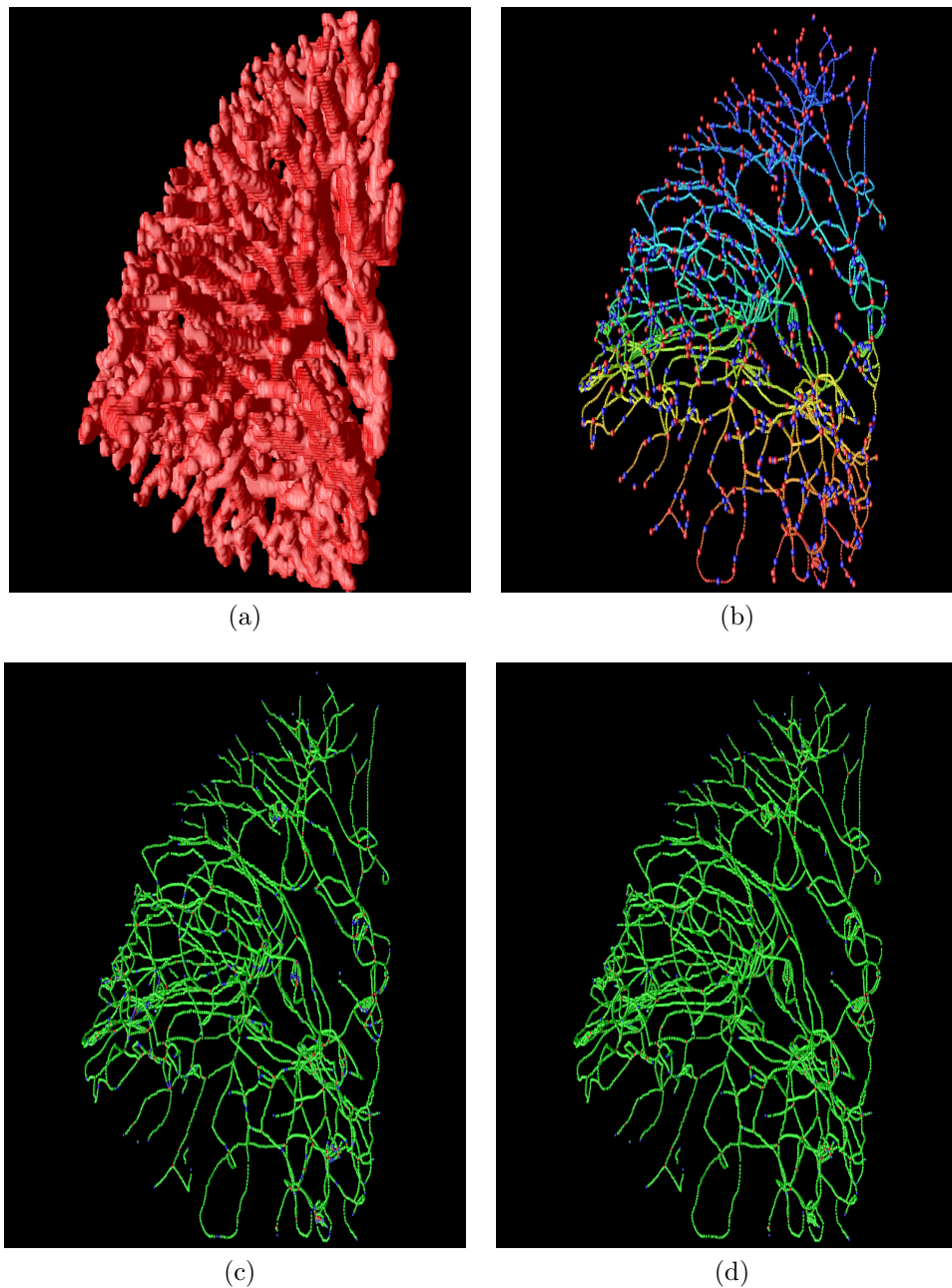


FIGURE 4.7 – Processus de squelettisation ayant l’objectif d’identifier les bifurcations de la vascularisation d’un poumon. (a) Structure unique représentant la vascularisation segmentée à l’aide de la méthode de rehaussement des vaisseaux. (b) Squelette obtenu à l’aide de la méthode de champ de forces répulsives. Les segments des poumons sont identifiés par un intégrant (1-1568). Les points critiques sont identifiés par les sphères de plus grand diamètres (bleus : noeuds de selles, rouge noeuds attractifs) .(c) Squelette obtenu à l’aide de l’algorithme TREES. Les points verts représentent les noeuds de corps du squelette, les points bleu sont les noeuds terminaux et les points rouges correspondent aux bifurcations. (d) Squelette obtenu en post-traitement du squelette TREES. La couleurs associés à l’image ont la même signification que pour la figure 4.7c.

Au départ, la méthode de squelettisation par champ de forces répulsives a été sélectionnée, car nous croyions que la création de points critiques pourrait être utile lors de la localisation des bifurcations vasculaires. Nous avons donc développé une méthode générant le champ de forces répulsives ainsi qu'une méthode identifiant la position des points critiques du squelette sous MATLAB.

Après avoir investi du temps dans la réalisation de cette étape du projet, nous avons trouvé l'algorithme C++ développé par Cornea *et al.* [60] sur la page web de leur groupe de recherche⁴. Nous avons rapidement constaté que les points critiques détectés ne correspondaient pas nécessairement à des bifurcations. Nous sommes alors passé à une méthode utilisant des squelettes préalablement générés.

Une fois exprimé sous forme de graphe, le sens physique des noeuds composant le squelette devient plus compréhensible. Nous ne considérons plus les points critiques mais plutôt des noeuds qui représentent la morphologie de l'objet segmenté. Nous voyons toutefois à la figure 4.7c que certains segments semblent être déconnectés et que plusieurs noeuds de bifurcations peuvent se retrouver dans un même voisinage. Ceci est dû à la nature du résultat obtenu par l'algorithme de Cornea *et al.* ainsi qu'à l'algorithme TREES. La distance entre les noeuds du squelette est déterminée dans le code C++ de l'algorithme de Cornea *et al.* Il est possible de modifier ces paramètres, mais ceci ne peut être fait en les donnant en entrée à la fonction. L'algorithme doit donc être adapté manuellement. Il est ensuite possible d'ajuster les paramètres de la fonction MST_tree afin d'optimiser la génération de la matrice d'adjacence qui permet l'identification de la connectivité entre les noeuds du squelette. Cependant, nous avons remarqué qu'il peut demeurer certaines déconnexions dans le squelette.

Afin de reconnecter les différents segments semblant être séparés, nous avons procédé à une analyse en post traitement comme le démontre la figure 4.7d. Nous pouvons voir plus clairement la différence entre les deux derniers graphes à la figure 4.8. Cette étape permet alors d'assurer une stabilité dans la génération des bifurcations en réduisant la complexité du graphe. Un exemple d'affichage de bifurcations sur une anatomie est donné à la figure 4.9.

À la suite du post-traitement, 320 ± 51 bifurcations ont été détectées dans le poumon droit d'un patient pour les dix phases du cycle respiratoire. Le poumon a été divisé en deux régions selon la direction axiale afin de déterminer si la position affecte le nombre de bifurcations détectées. Nous avons trouvé 92 ± 10 bifurcations dans la région supérieure et 228 ± 45 bifurcations dans la région inférieure. Notons que l'application du champ de

4. <http://coewww.rutgers.edu/www2/vizlab/NicuCornea/Skeletanization/skeletanization.html>, 2014

déformation n'a pas été effectuée lors de l'identification de la position de ces bifurcations.

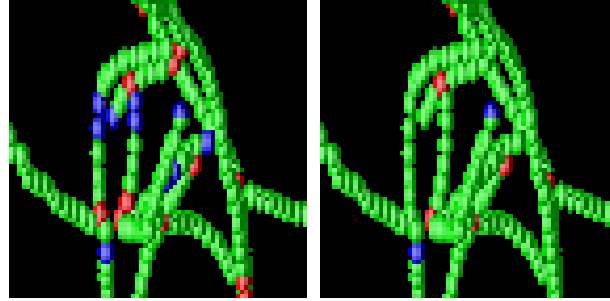


FIGURE 4.8 – Comparaison du résultat d'identification des noeuds de corps (verts) des noeuds de terminaisons (bleus) et des bifurcations (rouge) du squelette de la vascularisation pulmonaire entre l'algorithme TREES et l'étape de post traitement pour une région située dans le poumon droit. (issues des figures 4.7c et 4.7d)

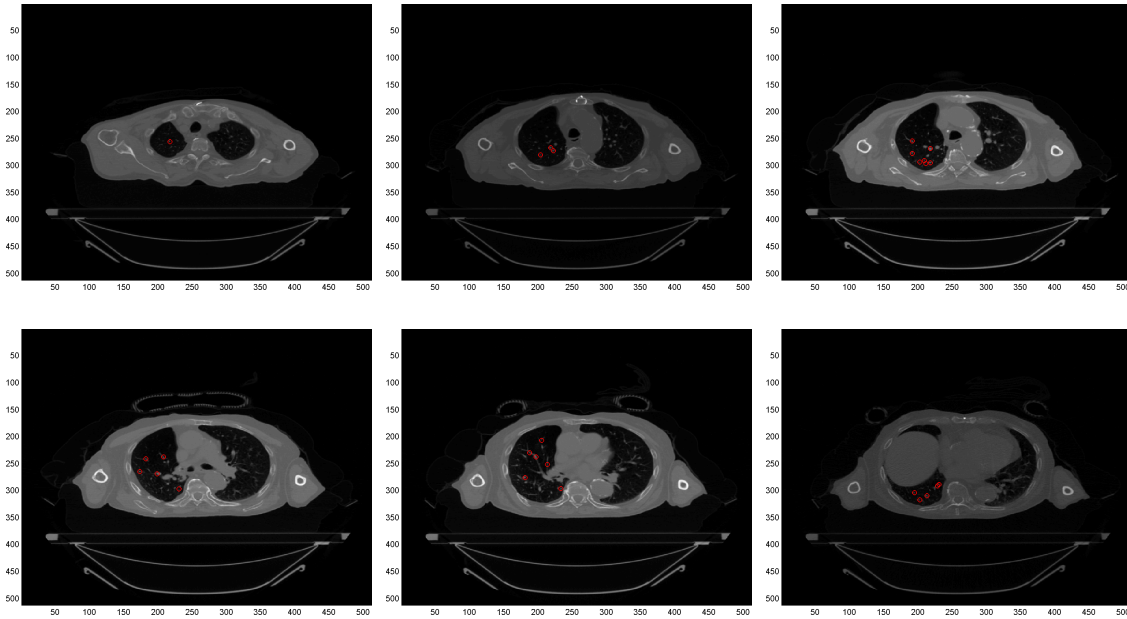


FIGURE 4.9 – Bifurcations détectées pour 6 tranches de tomodensitométrie ($z = 62, 78, 84, 98, 110$ et 127)

Afin d'assurer la reproductivité des graphes entre chaque phase respiratoire, le noeud représentant la racine de l'arbre qui décrit la structure doit se situer au même endroit. Or, l'initialisation de cet arbre par l'algorithme TREES s'effectue automatiquement au point du squelette situé le plus bas dans la direction axiale. Pour remédier à ce problème, un travail supplémentaire utilisant la propriété de détection d'échelles de l'algorithme de rehaussement de vaisseaux est en cours de développement. Ceci nous permettra d'associer les graphes de différentes phases respiratoires entre elles.

4.5 Conclusion

L'identification de repères spatiaux est une étape indispensable en ce qui concerne la validation d'un champ de déformation. Nous avons démontré qu'il est possible d'identifier automatiquement des repères physiques dans le cadre du recalage d'images médicales dans la région thoracique. La méthode développée permet d'identifier environ 30 fois plus de repères physiques à l'intérieur de 15 minutes pour une phase respiratoire. Ce calcul est aussi facilement parallélisable au sens informatique étant donné qu'aucune information n'est nécessaire lors de l'identification de ces structures. Nous croyons donc que l'identification automatique des bifurcations dans le cadre d'une validation de champs de déformation utilisés lors d'un recalage d'image médicale est avantageuse.

Nous relevons néanmoins que plusieurs améliorations peuvent encore être apportées à ce processus. Tout d'abord, malgré le fait qu'aucune méthode parfaite n'existe, nous aimerions étudier certaines méthodes complémentaires au filtre de rehaussement de vaisseaux afin d'augmenter la taille de la structure segmentée et ainsi assurer la reproductibilité d'une structure de base. Nous travaillons conjointement avec le LIO qui développe un algorithme basé sur les travaux de Bauer *et al.* [63] dans le cadre d'imagerie du foie qui utilise une méthode de reconnexion des structures isolées à l'aide du squelette de cette structure. Ceci nous permettrait d'ailleurs d'éliminer la squelettisation effectuée par la méthode de champ de forces répulsives qui correspond à l'étape de plus longue durée de notre processus. Finalement, nous travaillons sur différents moyens d'inclure l'information sur le diamètre des segments de la structure dans l'organisation du graphe la décrivant.

L'identification de la vascularisation crée certainement un intérêt en ce qui concerne la recherche de repères spatiaux permettant la validation de champ de déformation. Toutefois, l'information générée par cette méthode peut être grandement utile lors de la planification d'un traitement de radiothérapie. En effectuant un examen d'imagerie fonctionnelle du poumon, comme le permet le processus d'inhalation de xénon à l'aide d'une tomodesitométrie à double énergie, il serait possible de préserver la vascularisation des régions les plus actives des fortes doses de radiation. Il serait aussi éventuellement envisageable de fractionner le poumon en différents segments et ainsi accorder une plus grande importance à un segment sain lors de la planification du traitement. À première vue, cette personnalisation de traitement autoriserait une diminution des réactions physiologiques inflammatoires dans l'ensemble du poumon.

Chapitre 5

Discussion générale

Ce rapport présente une méthode ayant pour objectif d'améliorer les traitements de radio-oncologie administrés aux patients souffrant de cancer pulmonaire. Comme nous l'avons présenté dans la section 1.2.1, plusieurs artéfacts trompeurs peuvent être acquis lors de l'examen d'imagerie du patient. Ces artéfacts sont causés par le déplacement des organes engendré par la ventilation respiratoire. À l'aide de la tomodensitométrie quadridimensionnelle (4DCT), la présence de ces artéfacts peut être considérablement réduite. De plus, ce type d'imagerie nous permet d'avoir une représentation numérique de l'anatomie du patient tout au long de son cycle respiratoire. Cette représentation correspond 10 ensembles d'images tridimensionnelles désignant chacune une portion du cycle respiratoire, présenté à la section 1.2.2.1.3.

Mettant à profit ces informations sur la déformation des tissus lors du cycle respiratoire du patient, notre méthode se divise en trois parties, soit la segmentation des organes d'intérêts, la détermination de la déformation de l'anatomie du patient causée par la ventilation respiratoire et l'identification de repères spatiaux à l'aide d'outils de segmentation et de squelettisation servant à la validation des champs de déformations calculés.

5.1 Segmentation des poumons

Les organes d'intérêts, correspondant aux poumons, sont délimités sur chaque ensemble d'images à l'aide d'une technique de segmentation nommée déformation hiérarchique de surface (HSD) expliquée à la section 2.3.1. Les résultats sont comparés à l'aide de cinq métriques présentées à la section 2.3.3, soit l'erreur de recouvrement volumique (VOE), la différence relative des volumes (RVD), la distance symétrique moyenne (ASSD), la distance symétrique moyenne quadratique (RMSSD) et la distance symétrique maximale (MSSD).

Ces métriques ont pour intention d'établir des critères de comparaison entre les résultats générés à l'aide de notre méthode et ceux habituellement obtenus à l'aide de méthodes couramment utilisées en cliniques. Deux sortes de comparaison ont été effectuées.

La première comparaison consiste à mettre en face, chez 15 patients, les résultats de l'algorithme de segmentation HSD que nous avons développé avec les résultats de segmentation obtenus à l'aide du logiciel de planification de traitement pour une seule phase respiratoire. Les résultats de cette comparaison sont présentés à la table 2.4. Comme nous l'avons soulevé au cours de la section 2.4.1.1, nous constatons une VOE habituellement inférieure à 10%. Nous jugeons donc que les volumes sont relativement situés dans la même région des ensembles d'images. Nous remarquons une RVD positive qui est habituellement inférieure à 10 %. À l'aide de ce résultat, nous pouvons affirmer que le volume généré par la méthode HSD est plus grand que celui généré par la segmentation TPS. Nous expliquons cette différence par l'ajout de voxel associés aux bronches dans la surface pulmonaire. Les bronches ayant une intensité semblable à celle de la paroi pulmonaire peuvent être incorporées dans le volume segmenté par la méthode HSD si les paramètres de segmentation ne sont pas optimaux. Lorsque nous nous intéressons aux résultats des métriques de surfaces, nous constatons que les valeurs ASSD et RMSSD nous donnent en moyenne de très bons résultats. Un voxel de surface associé au volume généré par la méthode HSD se trouve à moins de 1.6 mm d'un voxel de surface associé au volume TPS.

La seconde comparaison, présentée à la section 2.4.1.2, s'intéresse aux résultats de segmentation de plusieurs phases respiratoires. À l'aide des données d'un patient, nous avons calculé les métriques de comparaison lors de quatre situations, soit la segmentation du TPS vis-à-vis la segmentation HSD utilisant le résultats de la segmentation TPS pour chaque phase respiratoire, la segmentation TPS vis-à-vis la segmentation HSD parallèle utilisant un seul résultat de la segmentation TPS pour chaque étape de segmentation, la segmentation TPS vis-à-vis la segmentation HSD itérative utilisant un seul résultat de la segmentation TPS qui est ensuite utilisé comme forme de départ pour les phases subséquentes et finalement la segmentation HSD parallèle vis-à-vis la segmentation HSD itérative. Ces méthodes de segmentation sont illustrées à la figure 2.5 et la méthode de comparaison est donnée à la figure 2.6. Nous relevons cinq résultats au cours de cette évaluation. Premièrement, le résultat des métriques VOE, RVD, ASSD et RMSSD de la comparaison (1) semble être stable pour chaque phase des deux poumons. Nous estimons donc que la méthode HSD utilisant chaque phase respiratoire délimite de façon prévisible le volume pulmonaire au cours du cycle respiratoire. Nous remarquons aussi que l'utilisation d'une seule forme *a priori* pour les méthodes HSD itérative et parallèle peut engendrer

un certain écart avec la segmentation TPS. Ces écarts sont inférieurs à 9% pour la VOE, à 8% pour le RVD, à 1 mm pour la ASSD, à 1.8 mm pour la RMSSD et à 24 mm pour la MSSD. Il est aisé de voir que l'écart entre la forme segmentée par le TPS et celle segmentée par les méthodes HSD itérative et parallèle s'accroît lorsque nous nous éloignons de la forme de départ, soit la phase 70% aux figure 2.7 et 2.8. Ces écarts peuvent être attribués à l'utilisation de paramètres de segmentation HSD constants. La zone de recherche de gradient ainsi que l'élasticité de la transformation ont été fixées lors du processus de segmentation, indépendamment de la méthode sélectionnée. Nous croyons donc que ces paramètres sont responsables de l'écart entre les comparaisons (2-3) et (1). Conséquemment, nous expliquons le meilleur résultat moyen de la méthode HSD parallèle par rapport à la méthode HSD itérative par ce fait. La forme générée par la méthode HSD itérative renouvelle le processus de segmentation à chaque itération, ayant une nouvelle zone de recherche ainsi que de nouvelles étapes de déformations élastiques, contrairement à la méthode HSD parallèle. Il serait pertinent d'évaluer l'ajustement des paramètres de segmentation en fonction de la position temporelle de la phase respiratoire analysée par rapport à la phase respiratoire de référence. De cette manière, la zone de recherche ainsi que le nombre d'itérations de déformations élastiques pourraient être automatiquement adaptées afin de maximiser l'efficacité du processus de segmentation. Finalement, nous voyons que la comparaison (4) nous donne des valeurs nulles lorsque les résultats de la segmentation de la phase 70% sont mis en face. Ceci est attendu, car les mêmes paramètres de segmentation sont utilisés. Encore une fois, nous attribuons les différences perçues lors de la comparaison (4) à l'utilisation de paramètres constants qui s'additionnent pour la méthode itérative et qui ne sont présents qu'une seule fois pour la méthode parallèle.

Cette dernière comparaison tente de déterminer quelle technique de segmentation entre la méthode HSD parallèle et la méthode HSD itérative est optimale. Dans cette situation, nous pouvons affirmer que la méthode HSD parallèle peut très bien être utilisée afin de segmenter les poumons sur chaque ensemble d'images représentant une phase du cycle respiratoire du patient.

Contrairement à la segmentation manuelle effectuée par un opérateur, la méthode HSD est automatique, rapide et reproductible. Ceci signifie que le même résultat est obtenu, peu importe l'utilisateur lorsque la même forme *a priori* est utilisée. Ces facteurs permettent d'établir des critères de fiabilités incommensurables en clinique. Afin de parfaire cette technique de segmentation, nous suggérons deux évaluations supplémentaires. Tout d'abord, un plus grand nombre de patients devront être traités par cette méthode, particulièrement pour la seconde étape de comparaison. Deuxièmement, une étude approfondie de l'impact

des paramètres de segmentation doit être faite afin d'établir des valeurs optimales.

5.2 Génération de champs de déformation

Nous avons présenté une pléiade de méthode de recalage déformable permettant de déterminer la déformation élastique présente entre deux ensembles d'images. Étant donné la nature de notre méthode de segmentation qui déforme de façon élastique la surface des poumons exprimée de maillage, nous avons choisi d'interpoler la déformation surfacique obtenue, démontrée à la section 3.3.1, dans le volume pulmonaire. Comme nous expliquons à la section 3.3.2, nous avons utilisé la méthode de Shepard qui consiste à pondérer la valeur de résultat existant dans le reste de l'espace selon l'inverse de la distance ayant un paramètre de puissance. Nous avons convenu que de meilleurs résultats de pondération sont obtenus lors ce paramètre de puissance égale à 6, comme nous l'avons démontré à la figure 3.4.

Nous avons été en mesure de calculer le résultat de l'interpolation volumique de la déformation surfacique généré par l'algorithme de segmentation HSD. Toutefois, nous soulevons certaines critiques liées à l'utilisation de cette méthode de génération de champ de déformations. Tout d'abord, le temps de calcul de cette méthode s'avère considérable. Le temps de génération d'un champ de déformation à l'intérieur du volume pulmonaire peut durer plus de 45 minutes. Nous croyons donc que d'autres méthodes d'interpolations devraient être employées, notamment les fonctions à bases radiales. Le résultat de notre segmentation pourrait aussi être utilisé par d'autre type de modèle de génération de champs de déformation, notamment les modèles de déformation basés sur les propriétés biomécaniques des tissus constituant le patient. Les dix surfaces générées peuvent être utilisées comme conditions temporelles à la déformation de l'objet à l'aide de la théorie des éléments finis. Il est alors primordial d'identifier les propriétés mécaniques des tissus *in vivo*.

5.3 Squelettisation des structures pulmonaires internes

Dans la dernière section de notre rapport de recherche, nous avons démontré une technique d'identification des bifurcations de la vascularisation pouvant servir de repères spatiaux lors de l'évaluation des champs de déformation produits précédemment. Cette méthode se décline en deux étapes, soit la segmentation automatique des structures internes du poumon et la squelettisation de ces structures.

Nous avons utilisé la méthode de rehaussement de vaisseaux de Frangi *et al.*, expliquée à la section 4.3.3. À l'aide de cette méthode, nous avons été en mesure d'identifier la vascularisation pulmonaire. Cette méthode permet aussi d'identifier le diamètre des objets détectés, ce qui sera éventuellement considéré lors de l'analyse du squelette généré. Le problème dominant de cette méthode correspond à la génération de structure fractionnée. L'algorithme que nous avons employé est dans l'impossibilité de relier des structures qui sont involontairement scindées. Pour remédier à ce problème, nous avons choisi de réduire le nombre de structures dans notre ensemble de données. Par conséquent, seules les structures les plus volumineuses sont conservées et transformées. Nous suggérons fortement de modifier la méthode de segmentation afin de segmenter une anatomie la plus semblable possible entre les différentes phases respiratoires.

Par la suite, nous avons employé la méthode de squelettisation développée par Cornea *et al.*, décrite à la section 4.3.3, afin de simplifier la géométrie des objets segmentés. Cette méthode génère un squelette reliant des noeuds de selles à des noeuds attractifs. Le squelette créé n'est toutefois pas encore utilisable en ce qui concerne l'identification des repères spatiaux. Bien qu'intéressante pour certaine géométrie ainsi qu'en présence de bruit, cette méthode de squelettisation ne semble pas être optimale dans notre situation. Afin de réduire le temps de calcul, nous suggérons d'opter pour une méthode de squelettisation qui n'utilise pas la génération de champ de forces répulsives. Par exemple, la méthode de Bauer *et al.* identifie la ligne centrale de la vascularisation en utilisant l'analyse multi-échelle des filtres de rehaussement de vaisseaux. Ils utilisent ensuite ces informations pour relier les structures malencontreusement divisées lors de l'étape de segmentation. Une telle méthode pourrait être appliquée dans le cas de l'étude de l'anatomie des poumons.

Nous avons finalement procédé à la transformation du squelette en représentation en graphe, comme nous le présentons à la section 4.3.4. Cette étape permet de classer les noeuds composant le squelette selon leur nature. Trois catégories peuvent être attribuées aux différents noeuds, soit les noeuds de corps, les noeuds terminaux et les bifurcations. Le graphe est ensuite analysé en post-traitement afin de tenter de reconnecter des sections du squelette ou bien d'éliminer des bifurcations redondantes, comme nous pouvons le voir à la figure 4.8.

À l'aide de notre méthode, nous avons été en mesure d'identifier la position de 320 ± 51 bifurcations dans le poumon droit d'un patient. 92 ± 10 bifurcations ont été localisées dans la région supérieure du poumon tandis que 228 ± 45 bifurcations ont été identifiées dans la région inférieure du poumon.

Plusieurs facteurs introduisent des incertitudes dans l'identification de la position de

bifurcations ainsi que pour la comparaison de graphe. Dans un premier temps, la méthode de segmentation des structures internes de Frangi *et al.* donne des résultats différents pour chaque phase respiratoire. Par conséquent, il est possible qu'une bifurcation identifiée dans un ensemble représentant une phase respiratoire ne soit pas présente dans un second ensemble. Une segmentation intégrale des structures internes doit être réalisée afin d'obtenir le plus d'informations possible lors de la comparaison des graphes. De plus, lors de la génération du squelette à l'aide de la méthode de Cornea *et al.*, il est possible de déterminer la distance entre chaque noeud du squelette. De cette façon, une distance trop grande entre les noeuds peut engendrer la création de faux noeuds terminaisons dans le graphe résultant et ainsi dénaturer la géométrie de l'arborescence de la vascularisation. Il est aussi possible que l'algorithme TREES, utilisé lors de la transformation du squelette en graphe, identifie plusieurs bifurcations près de la même région. Malgré notre tentative de réduction du nombre de bifurcations, il est plausible que certaines bifurcations n'ont pas été retirées du graphe pour certaines phases respiratoires. Finalement, le calcul du nombre de bifurcations a été effectué en considérant le centre du poumon défini par la moitié de la différence entre la position axiale minimale et maximale. De cette manière, il est possible que des bifurcations se retrouvent se transportent d'une région à l'autre au cours du cycle respiratoire. Il est donc judicieux de rapporter les différents ensembles d'images à l'aide des champs de déformations avant de calculer le nombre de bifurcations entre les régions du poumon.

La dernière étape concernant cette partie du présent travail correspond à identifier manuellement chaque bifurcation contenue dans les dix ensembles d'images pour plusieurs patients. Ceci permettra alors de comparer notre algorithme avec une segmentation humainement validée.

Chapitre 6

Conclusion

De nos jours, la radiologie est non seulement avantageuse lors du diagnostique chez un patient, elle permet aussi de créer une représentation virtuelle de l'individu. Les informations contenues dans ces données informatiques peuvent être utilisées afin d'améliorer les traitements administrés aux patients, notamment en radio-oncologie. Le traitement numérique d'images médicales permet, entre autres, d'identifier la position spatiale d'une structure d'intérêt associée à un organe spécifique. Ces structures peuvent ensuite être numériquement analysées.

Au cours de ce travail, nous avons créé une méthode de génération et de validation de champ de déformation ayant pour objectif de recombinaison des simulations dosimétriques effectuées lors de planification de traitement radio-oncologique du cancer du poumon. Pour y parvenir, nous avons dû utiliser trois types de méthode de traitement numérique d'images, soit la segmentation d'images, le recalage déformable d'images ainsi que la squelettisation de structures numériques.

Nous avons développé une méthode de segmentation basée sur la déformation hiérarchique de surface (HSD). Cette méthode nous permet d'obtenir automatiquement le volume pulmonaire d'un patient sur dix ensembles d'images générées lors d'un examen 4DCT. La précision de notre algorithme a été évaluée à l'aide de deux comparaisons utilisant les métriques d'erreur de recouvrement volumique (VOE), de différence relative des volumes (RVD), de distance symétrique moyenne (ASSD), de distance symétrique moyenne quadratique (RMSSD) et de distance symétrique maximale (MSSD).

Dans un premier temps, nous avons comparé les résultats de l'algorithme de segmentation HSD à celle obtenue à l'aide du logiciel de planification de traitement (TPS) pour une seule phase respiratoire pour 15 patients. Une VOE de $7.6 \pm 2.5[\%]$ / $6.8 \pm 2.1[\%]$ et une RVD de $6.8 \pm 2.4 [\%]$ / $5.9 \pm 1.9 [\%]$ ont été calculées pour le poumon gauche et

droit respectivement. Une ASSD de 0.8 ± 0.2 [mm] / 0.8 ± 0.2 [mm], une RMSSD de 1.2 ± 0.2 [mm] / 1.3 ± 0.3 [mm] et une MSSD 7.7 ± 2.4 [mm] / 10.2 ± 5.2 [mm] ont aussi été calculées pour le poumon gauche et droit respectivement. Ces résultats démontrent que l'algorithme de segmentation HSD identifie un volume situé au même endroit, de taille semblable et que sa surface se situe à proximité de celle du volume identifié par la méthode TPS.

Par la suite, nous avons comparé les résultats de segmentation des méthodes TPS, HSD utilisant le résultat de la méthode TPS, HSD itérative et HSD parallèle pour plusieurs phases respiratoires d'un patient. Nous avons noté que le résultat de la méthode HSD est stable par rapport à la méthode TPS. Nous avons aussi noté que les méthodes HSD itérative et parallèle génèrent des écarts avec la méthode TPS. Ces écarts sont inférieurs à 9% pour la VOE, à 8% pour le RVD, à 1 mm pour la ASSD, à 1.8 mm pour la RMSSD et à 24 mm pour la MSSD. Ces écarts sont attribuables à l'utilisation de paramètres de segmentation identiques pour chaque méthode HSD.

Nous avons déterminé que les résultats obtenus à l'aide de notre algorithme de segmentation s'approchent des résultats obtenus par un opérateur utilisant un logiciel de planification de traitement. Nous croyons que la méthode HSD parallèle est optimale concernant une éventuelle tâche clinique grâce à sa précision comparable à celle du TPS, à son automatisme ainsi qu'à sa rapidité .

Nous avons ensuite utilisé les résultats obtenus lors de l'étape de segmentation afin de déterminer un champ de déformation surfacique. Ce champ de déformation est par la suite interpolé dans l'ensemble du volume du poumon à l'aide d'une méthode d'interpolation géométrique de pondération inverse à la distance. Nous jugeons que cette méthode d'interpolation n'est pas optimale étant donné le temps nécessaire associé au calcul numérique. Nous proposons plutôt l'utilisation des fonctions à bases radiales comme méthode d'interpolation plutôt que la méthode utilisée. Nous suggérons aussi l'utilisation des méthodes de transformations géométriques basées sur la connaissance des propriétés de l'image afin de rendre le processus de déformation plus réaliste. L'utilisation des propriétés biomécaniques lors de l'évaluation de la déformation doit toutefois être effectuée à l'aide de paramètres adaptés aux patients, ce qui complique le processus de calcul.

Finalement, nous avons élaboré un processus de génération de points de repère permettant l'évaluation des champs de déformation obtenus. Afin d'obtenir des repères spatiaux, nous utilisons la vascularisation pulmonaire du patient. À l'aide d'un algorithme de segmentation basée sur la méthode de rehaussement de vaisseaux, d'un algorithme de squelettisation basée sur les champs de force répulsive ainsi qu'un algorithme de génération de

graphes, nous avons été en mesure d'identifier automatiquement environ 300 bifurcations en moins de 15 minutes. Ce nombre de repères spatiaux dépasse largement celui identifié manuellement dans la littérature, soit environ de quatre à vingt.

Le présent travail constitue une étape préliminaire dans l'élaboration d'un protocole de traitement radio-oncologique des cas de cancers pulmonaires. Un outil sera mis à la disposition du personnel traitant lorsque l'ensemble des fonctions sera jugé optimal par le secteur clinique.

La gestion du mouvement respiratoire en radio-oncologie demeure un domaine de recherche en effervescence. Plusieurs groupes de recherche travaillent d'arrache-pied afin d'offrir de meilleurs traitements aux patients atteints du cancer du poumon. Nous souhaitons que ce travail ait permis de fournir des pistes de solution aux différents groupes concernés.

Bibliographie

- [1] Comité consultatif de la Société canadienne du cancer. Statistiques canadiennes sur le cancer 2014. 2014.
- [2] Gerard J Tortora and Bryan H Derrickson. *Principles of anatomy and physiology*. John Wiley & Sons, 2013.
- [3] International Commission on Radiation Units and Measurements. Icru report 50 : Prescribing, recording and reporting photon beam therapy. 1993.
- [4] Paul J Keall, Gig S Mageras, James M Balter, Richard S Emery, Kenneth M Forster, Steve B Jiang, Jeffrey M Kapatoes, Daniel A Low, Martin J Murphy, Brad R Murray, et al. The management of respiratory motion in radiation oncology report of aapm task group 76a). *Medical Physics*, 33(10) :3874–3900, 2006.
- [5] Eike Rietzel, Tinsu Pan, and George TY Chen. Four-dimensional computed tomography : image formation and clinical protocol. *Medical Physics*, 32(4) :874–889, 2005.
- [6] International Commission on Radiation Units and Measurements. Icru report 62 : Prescribing, recording and reporting photon beam therapy. 1999.
- [7] AF Abdelnour, SA Nehmeh, T Pan, JL Humm, P Vernon, H Schöder, KE Rosenzweig, GS Mageras, E Yorke, SM Larson, et al. Phase and amplitude binning for 4D-CT imaging. *Physics in Medicine and Biology*, 52(12) :3515, 2007.
- [8] PJ Keall, JV Siebers, S Joshi, and R Mohan. Monte carlo as a four-dimensional radiotherapy treatment-planning tool to account for respiratory motion. *Physics in Medicine and Biology*, 49(16) :3639, 2004.
- [9] Eva M. van Rikxoort and Bram van Ginneken. Automated segmentation of pulmonary structures in thoracic computed tomography scans : a review. *Physics in Medicine and Biology*, 58(17) :R187, 2013.

- [10] Gerrit J. Kemerink, Rob J.S. Lamers, Bas J. Pellis, Han H. Kruize, and J.M.A. Van Engelshoven. On segmentation of lung parenchyma in quantitative computed tomography of the lung. *Medical Physics*, 25(12) :2432–2439, 1998.
- [11] Joseph K. Leader, Bin Zheng, Robert M. Rogers, Frank C. Sciurba, Andrew Perez, Brian E. Chapman, Sanjay Patel, Carl R. Fuhrman, and David Gur. Automated lung segmentation in x-ray computed tomography : development and evaluation of a heuristic threshold-based scheme. *Academic Radiology*, 10(11) :1224–1236, 2003.
- [12] Eva M. van Rikxoort, Bartjan de Hoop, Max A. Viergever, Mathias Prokop, and Bram van Ginneken. Automatic lung segmentation from thoracic computed tomography scans using a hybrid approach with error detection. *Medical Physics*, 36(7) :2934–2947, 2009.
- [13] Shiyong Hu, Eric A Hoffman, and Joseph M Reinhardt. Automatic lung segmentation for accurate quantitation of volumetric x-ray CT images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(6) :490–498, 2001.
- [14] Ingrid Sluimer, Mathias Prokop, and Bram van Ginneken. Toward automated segmentation of the pathological lung in CT. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 24(8) :1025–1038, 2005.
- [15] Soumik Ukil and Joseph M. Reinhardt. Smoothing lung segmentation surfaces in three-dimensional x-ray CT images using anatomic guidance. *Academic Radiology*, 12(12) :1502–1511, 2005.
- [16] Xuejun Sun, Haibo Zhang, and Huichuan Duan. 3D computerized segmentation of lung volume with computed tomography. *Academic Radiology*, 13(6) :670–677, 2006.
- [17] Matthew S. Brown, Jonathan G. Goldin, Michael F McNitt-Gray, Lloyd E. Greaser, Amita Sapra, Kuo-Tung Li, James W. Sayre, Katherine Martin, and Denise R. Aberle. Knowledge-based segmentation of thoracic computed tomography images for assessment of split lung function. *Medical Physics*, 27(3) :592–598, 2000.
- [18] Jiantao Pu, Justus Roos, Chin A Yi, Sandy Napel, Geoffrey D. Rubin, and David S. Paik. Adaptive border marching algorithm : automatic lung segmentation on chest CT images. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 32(6) :452–462, 2008.
- [19] Mithun N. Prasad, Matthew S. Brown, Shama Ahmad, Fereidoun Abtin, Jared Allen, Irene da Costa, Hyun J. Kim, Michael F. McNitt-Gray, and Jonathan G. Goldin. Automatic segmentation of lung parenchyma in the presence of diseases based on curvature of ribs. *Academic Radiology*, 15(9) :1173–1180, 2008.

- [20] Panayiotis Korfiatis, Christina Kalogeropoulou, Anna Karahaliou, Alexandra Kazantzi, Spyros Skiadopoulos, and Lena Costaridou. Texture classification-based segmentation of lung affected by interstitial pneumonia in high-resolution CT. *Medical Physics*, 35(12) :5290–5302, 2008.
- [21] Jiahui Wang, Feng Li, and Qiang Li. Automated segmentation of lungs with severe interstitial lung disease in CT. *Medical Physics*, 36(10) :4592–4599, 2009.
- [22] Michal Sofka, Jens Wetzl, Neil Birkbeck, Jingdan Zhang, Timo Kohlberger, Jens Kaftan, Jérôme Declerck, and S Kevin Zhou. Multi-stage learning for robust lung segmentation in challenging CT volumes. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2011*, pages 667–674. Springer, 2011.
- [23] Shanhui Sun, Christian Bauer, and Reinhard Beichel. Automated 3D segmentation of lungs with lung cancer in CT data using a novel robust active shape model approach. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 31(2) :449–460, 2012.
- [24] Jacques Feldmar and Nicholas Ayache. Rigid, affine and locally affine registration of free-form surfaces. *International Journal of Computer Vision*, 18(2) :99–119, 1996.
- [25] R Chav, T Cresson, G Chartrand, C Kauffmann, G Soulez, and JA de Guise. Kidney segmentation from a single prior shape in MRI. In *2014 IEEE 11th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, pages 818–821. IEEE, 2014.
- [26] Tobias Heimann, Bram Van Ginneken, Martin A Styner, Yulia Arzhaeva, Volker Aurich, Christian Bauer, Andreas Beck, Christoph Becker, Reinhard Beichel, György Bekes, et al. Comparison and evaluation of methods for liver segmentation from CT datasets. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 28(8) :1251–1265, 2009.
- [27] Aristeidis Sotiras, Christos Davatzikos, and Nikos Paragios. Deformable medical image registration : A survey. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 32(7) :1153–1190, 2013.
- [28] Chaim Broit. Optimal registration of deformed images. 1981.
- [29] Ruzena Bajcsy and Stane Kovačič. Multiresolution elastic matching. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 46(1) :1–21, 1989.
- [30] James C. Gee and Ruzena K. Bajcsy. Elastic matching : Continuum mechanical and probabilistic analysis. *Brain Warping*, 2, 1998.
- [31] Christos Davatzikos. Spatial transformation and registration of brain images using elastically deformable models. *Computer Vision and Image Understanding*, 66(2) :207–222, 1997.

- [32] Gary E. Christensen and Hans J. Johnson. Consistent image registration. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(7) :568–582, 2001.
- [33] Alex Leow, Sung-Cheng Huang, Alex Geng, James Becker, Simon Davis, Arthur Toga, and Paul Thompson. Inverse consistent mapping in 3D deformable image registration : its construction and statistical properties. In *Information Processing in Medical Imaging*, pages 493–503. Springer, 2005.
- [34] Jianchun He and Gary E. Christensen. Large deformation inverse consistent elastic image registration. In *Information Processing in Medical Imaging*, pages 438–449. Springer, 2003.
- [35] Richard D. Rabbitt, Jeffrey A. Weiss, Gary E. Christensen, and Michael I. Miller. Mapping of hyperelastic deformable templates using the finite element method. In *SPIE’s 1995 International Symposium on Optical Science, Engineering, and Instrumentation*, pages 252–265. International Society for Optics and Photonics, 1995.
- [36] Xavier Pennec, Radu Stefanescu, Vincent Arsigny, Pierre Fillard, and Nicholas Ayache. Riemannian elasticity : A statistical regularization framework for non-linear registration. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2005*, pages 943–950. Springer, 2005.
- [37] Igor Yanovsky, Carole Le Guyader, Alex Leow, Arthur W. Toga, Paul M. Thompson, Luminita Vese, et al. Unbiased volumetric registration via nonlinear elastic regularization. In *2nd MICCAI Workshop on Mathematical Foundations of Computational Anatomy*, 2008.
- [38] Alex D. Leow, Igor Yanovsky, Ming-Chang Chiang, Agatha D. Lee, Andrea D. Klunder, Allen Lu, James T. Becker, Simon W. Davis, Arthur W. Toga, and Paul M. Thompson. Statistical properties of jacobian maps and the realization of unbiased large-deformation nonlinear image registration. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 26(6) :822–832, 2007.
- [39] Marc Droske and Martin Rumpf. A variational approach to nonrigid morphological image registration. *SIAM Journal on Applied Mathematics*, 64(2) :668–687, 2004.
- [40] Carole Le Guyader and Luminita A. Vese. A combined segmentation and registration framework with a nonlinear elasticity smoother. In *Scale Space and Variational Methods in Computer Vision*, pages 600–611. Springer, 2009.
- [41] Philippe G. Ciarlet and Giuseppe Geymonat. Sur les lois de comportement en élasticité non linéaire compressible. *CR Acad. Sci. Paris Sér. II*, 295 :423–426, 1982.

- [42] Martin Burger, Jan Modersitzki, and Lars Ruthotto. A hyperelastic regularization energy for image registration. *SIAM Journal on Scientific Computing*, 35(1) :B132–B148, 2013.
- [43] J.-P. Thirion. Image matching as a diffusion process : an analogy with maxwell’s demons. *Medical Image Analysis*, 2(3) :243–260, 1998.
- [44] Lyubomir Zagorchev and Ardeshir Goshtasby. A comparative study of transformation functions for nonrigid image registration. *IEEE Transactions on Image Processing*, 15(3) :529–538, 2006.
- [45] A Ardeshir Goshtasby. *2-D and 3-D image registration : for medical, remote sensing, and industrial applications*. John Wiley & Sons, 2005.
- [46] K.K. Brock, M.B. Sharpe, L.A. Dawson, S.M. Kim, and D.A. Jaffray. Accuracy of finite element model-based multi-organ deformable image registration. *Medical Physics*, 32(6) :1647–1659, 2005.
- [47] R. De Wilde, J. Clement, J.M. Hellemans, Marc Decramer, Maurice Demedts, R. Boving, and K.P. Van de Woestijne. Model of elasticity of the human lung. *Journal of Applied Physiology*, 51(2) :254–261, 1981.
- [48] Yuan-Cheng Fung. *Biomechanics*. Springer, 1990.
- [49] S.A. Kruse, J.A. Smith, A.J. Lawrence, M.A. Dresner, A.J.F.G. Manduca, J.F. Greenleaf, and R.L. Ehman. Tissue characterization using magnetic resonance elastography : preliminary results. *Physics in Medicine and Biology*, 45(6) :1579, 2000.
- [50] STEPHEN J. Lai-Fook, THEODORE A. Wilson, ROBERT E. Hyatt, and JOSEPH R. Rodarte. Elastic constants of inflated lobes of dog lungs. *Journal of Applied Physiology*, 40(4) :508–513, 1976.
- [51] Adil Al-Mayah, Joanne Moseley, Mike Velec, and Kristy Brock. Toward efficient biomechanical-based deformable image registration of lungs for image-guided radiotherapy. *Physics in Medicine and Biology*, 56(15) :4701, 2011.
- [52] Zahra Shirzadi, Ali Sadeghi-Naini, and Abbas Samani. Toward in vivo lung’s tissue incompressibility characterization for tumor motion modeling in radiation therapy. *Medical Physics*, 40(5) :051902, 2013.
- [53] Moustafa-Karim Benhacene Boudam. Prise en compte de la respiration dans le calcul de la dose aux poumons. Master’s thesis, Université de Montréal, 2009.
- [54] Eva M. van Rikxoort, Bram van Ginneken, Mark Klik, and Mathias Prokop. Supervised enhancement filters : application to fissure detection in chest CT scans. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 27(1) :1–10, 2008.

- [55] Keelin Murphy, Bram van Ginneken, Josien PW Pluim, Stefan Klein, and Marius Staring. Semi-automatic reference standard construction for quantitative evaluation of lung CT registration. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2008*, pages 1006–1013. Springer, 2008.
- [56] Donald Shepard. A two-dimensional interpolation function for irregularly-spaced data. In *Proceedings of the 1968 23rd ACM national conference*, pages 517–524. ACM, 1968.
- [57] Rina D Rudyanto, Sjoerd Kerkstra, Eva M van Rikxoort, Catalin Fetita, Pierre-Yves Brillet, Christophe Lefevre, Wenzhe Xue, Xiangjun Zhu, Jianming Liang, and İlkay Öksüz. Comparing algorithms for automated vessel segmentation in computed tomography scans of the lung : the VESSEL12 study. *Medical Image Analysis*, 18(7) :1217–1232, 2014.
- [58] Alejandro F. Frangi, Wiro J. Niessen, Koen L. Vincken, and Max A. Viergever. Multiscale vessel enhancement filtering. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 98*, pages 130–137. Springer, 1998.
- [59] Nicu D. Cornea, Deborah Silver, and Patrick Min. Curve-skeleton properties, applications, and algorithms. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 13(3) :530–548, 2007.
- [60] Nicu D. Cornea, Deborah Silver, Xiaosong Yuan, and Raman Balasubramanian. Computing hierarchical curve-skeletons of 3D objects. *The Visual Computer*, 21(11) :945–955, 2005.
- [61] A. I. Globus, Creon Levit, and Tom Lasinski. A tool for visualizing the topology of three-dimensional vector fields. In *Proceedings of the 2nd Conference on Visualization’91*, pages 33–40. IEEE Computer Society Press, 1991.
- [62] Hermann Cuntz, Friedrich Forstner, Alexander Borst, and Michael Häusser. One rule to grow them all : a general theory of neuronal branching and its practical application. *PLoS Computational Biology*, 6(8) :e1000877, 2010.
- [63] Christian Bauer, Thomas Pock, Erich Sorantin, Horst Bischof, and Reinhard Beichel. Segmentation of interwoven 3d tubular tree structures utilizing shape priors and graph cuts. *Medical Image Analysis*, 14(2) :172–184, 2010.
- [64] Samuel G Armato III and William F Sensakovic. Automated lung segmentation for thoracic CT : Impact on computer-aided diagnosis. *Academic Radiology*, 11(9) :1011–1021, 2004.

- [65] Morten Bro-Nielsen and Claus Gramkow. Fast fluid registration of medical images. In *Visualization in Biomedical Computing*, pages 265–276. Springer, 1996.
- [66] Nathan D. Cahill, J. Alison Noble, and David J. Hawkes. Fourier methods for non-parametric image registration. In *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2007. CVPR'07*, pages 1–8. IEEE, 2007.
- [67] Ming-Chang Chiang, Alex D. Leow, Andrea D. Klunder, Rebecca A. Dutton, Marina Barysheva, Stephen E. Rose, Katie L. McMahon, Greig I. De Zubicaray, Arthur W. Toga, and Paul M. Thompson. Fluid registration of diffusion tensor images using information theory. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 27(4) :442–456, 2008.
- [68] Gary E. Christensen, Sarang C. Joshi, and Michael I. Miller. Volumetric transformation of brain anatomy. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(6) :864–877, 1997.
- [69] Richard D. Christensen, Gary E. and Rabbitt and Michael I. Miller. Deformable templates using large deformation kinematics. *IEEE Transactions on Image Processing*, 5(10) :1435–1447, 1996.
- [70] W.R. Crum, C. Tanner, and D.J. Hawkes. Anisotropic multi-scale fluid registration : evaluation in magnetic resonance breast imaging. *Physics in Medicine and Biology*, 50(21) :5153, 2005.
- [71] Emiliano D’Agostino, Frederik Maes, Dirk Vandermeulen, and Paul Suetens. A viscous fluid model for multimodal non-rigid image registration using mutual information. *Medical Image Analysis*, 7(4) :565–575, 2003.
- [72] Bernd Fischer and Jan Modersitzki. Fast diffusion registration. *Contemporary Mathematics*, 313 :117–128, 2002.
- [73] Jianchun He and Gary E. Christensen. Large deformation inverse consistent elastic image registration. In *Information Processing in Medical Imaging*, pages 438–449. Springer, 2003.
- [74] Yongmei Wang and Lawrence H. Staib. Physical model-based non-rigid registration incorporating statistical shape information. *Medical Image Analysis*, 4(1) :7–20, 2000.

Chapitre 7

Annexe

7.1 Segmentation Eclipse

La méthode de segmentation utilisée par le logiciel de planification de traitement Eclipse est basée sur les valeurs de niveaux de gris dans une région d'intérêt sélectionnée par l'utilisateur. Dans cette section, nous présentons les étapes nécessaires afin d'obtenir les contours désirés à l'aide d'illustrations.

La figure 7.1 illustre la méthode utilisée pour identifier le contour du corps du patient. Dans un premier temps, l'option *Search Body* (#1) est sélectionnée sous l'onglet *Contouring*. Ensuite, les informations sur les propriétés de l'ensemble d'images sont affichées et un nom d'identification est demandé en entrée sous le champ **ID** (#2). Ce nom correspond au préfixe CT, lié à la modalité d'imagerie, et au suffixe 0,10,...,90 qui correspond à la phase respiratoire associée à l'ensemble d'images. Finalement, l'utilisateur peut modifier les paramètres de segmentation du corps du patient en ajustant le seuillage en intensité à l'aide d'un curseur (#3). Un seuil plus élevé aura pour effet de générer un contour plus profond sous la peau du patient. Le seuil utilisé dans notre cas était de -350 HU.

La deuxième étape consiste à créer une nouvelle structure en vue d'effectuer une segmentation automatique (figure 7.2) . Pour des fins pratiques, nous nous concentrons sur la création du contour d'un volume pulmonaire.

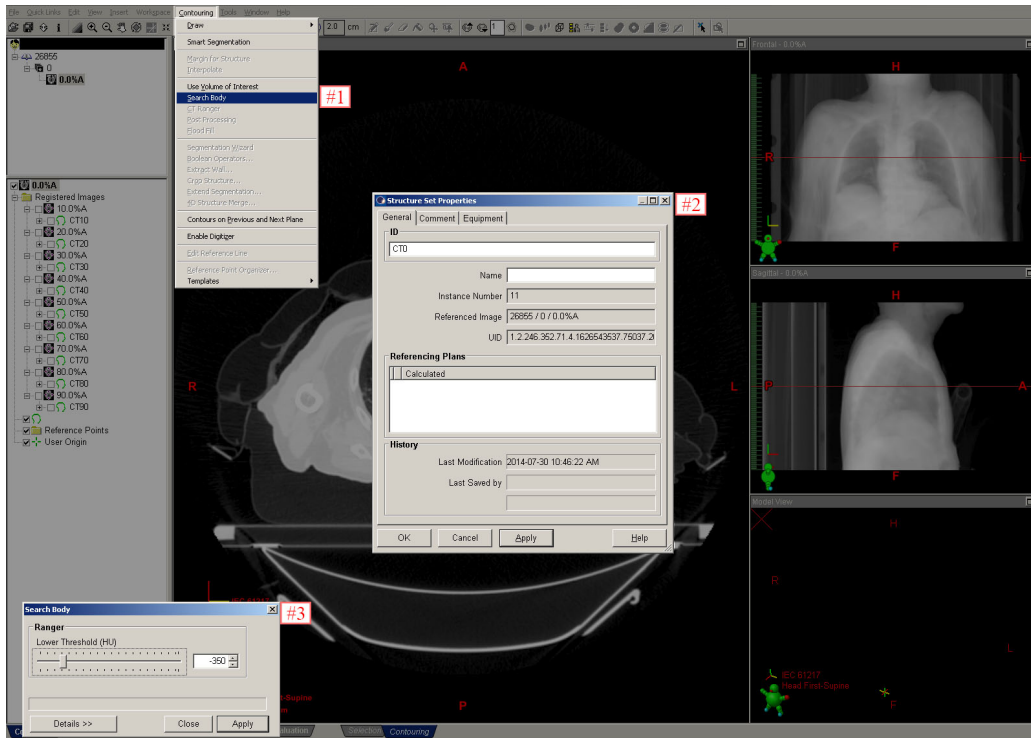


FIGURE 7.1 – Identification du contour représentant le corps (*BODY*) du patient.

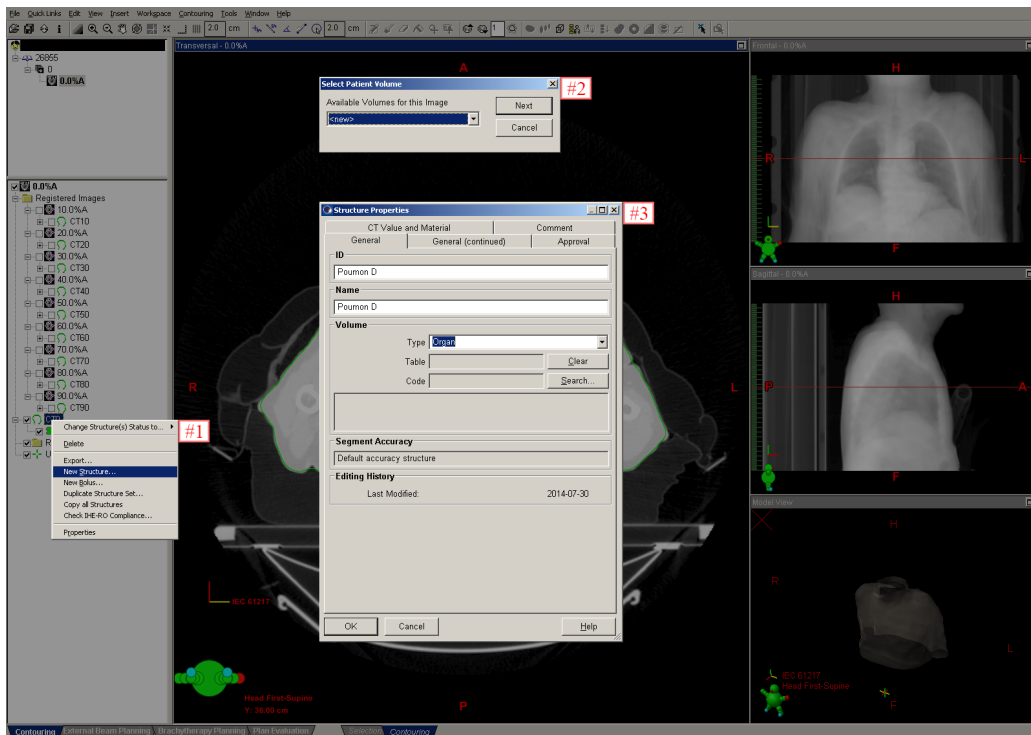


FIGURE 7.2 – Création d'une nouvelle structure dans sur l'ensemble d'images

Tout d'abord, une nouvelle structure est créée sous l'onglet *New Structure* disponible lorsque nous effectuons un clic droit sur l'ensemble de structure (#1). Ensuite, nous sélectionnons un type de volume qui peut être un nouveau volume (<new>) ou bien un volume créé auparavant (#2). Lorsqu'un nouveau type de volume est créé, l'utilisateur doit remplir les champs d'identification, de nom et du type d'organe (#3).

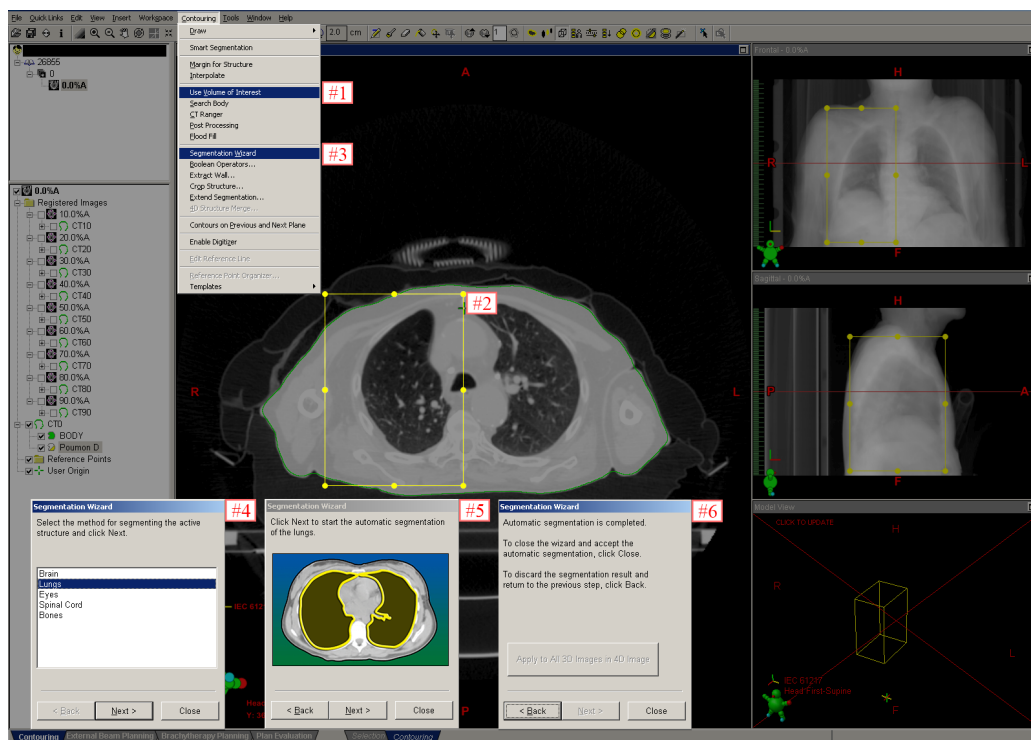


FIGURE 7.3 – Segmentation automatique d'un poumon.

La figure 7.3 démontre la marche à suivre afin de procéder à la segmentation du volume pulmonaire à l'aide de l'outil automatique basé sur le seuillage en intensité. Dans un premier temps, une région d'intérêt doit être délimitée par l'utilisateur. L'option *Use Volume of Interest* (#1) sous l'onglet *Contouring* permettra à l'utilisateur de choisir la région désirée à l'aide d'un prisme rectangulaire manuellement ajustable (#2). Une fois que l'ajustement de la région d'intérêt est complété, l'utilisateur peut procéder à la segmentation automatisée à l'aide de l'option *Segmentation Wizard* sous l'onglet *Contouring* (#3). Cette option possède cinq méthodes qui permettent de segmenter différents organes (#4). Une fois la méthode de segmentation choisie, l'utilisateur doit l'appliquer (#5) et l'approuver lorsque le contour est créé (#6).

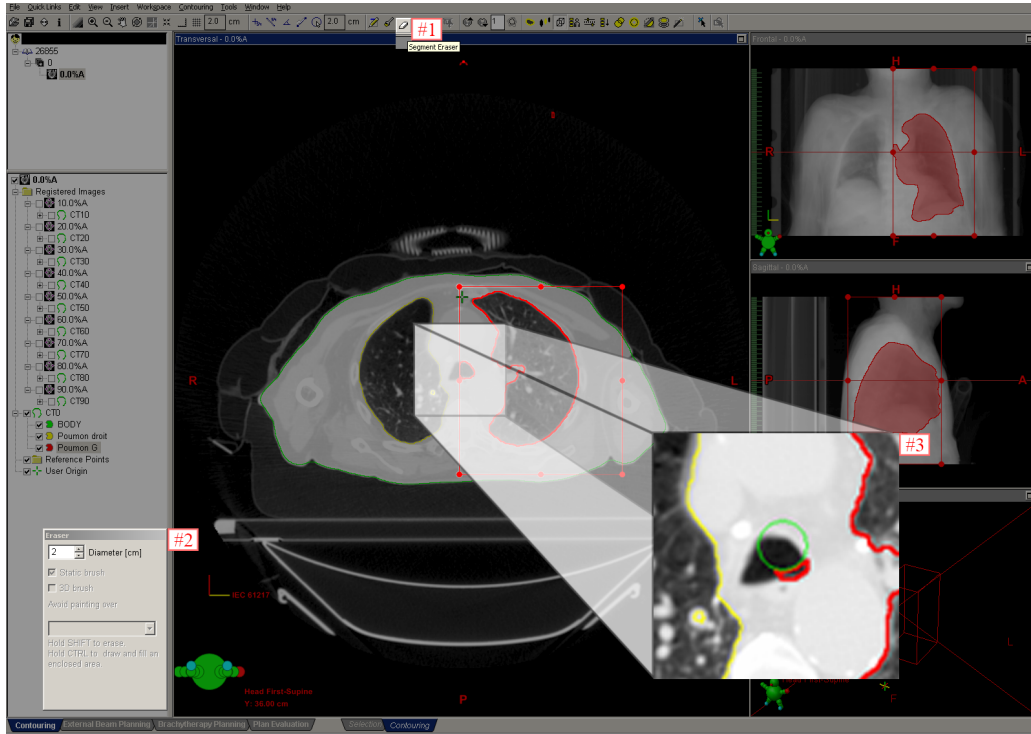


FIGURE 7.4 – Correction manuelle des structures segmentées.

Finalement, les structures segmentées à l'aide de l'outil *Segmentation Wizard* sont corrigées à la main comme l'illustre la figure 7.4. La correction s'effectue à l'aide d'un outil d'effacement (#1) à la forme de disque de diamètre ajustable (#2). Le processus de correction s'effectue sur chaque image de l'ensemble CT (#3). Comme nous pouvons le voir, certaines structures indésirables peuvent être segmentées. C'est le cas pour les bronches primaires ainsi que la trachée.

Une fois que l'ensemble des contours est complété, il doit être approuvé par le personnel médical avant d'être utilisé pour des fins de planification de traitement. Dans notre méthode de segmentation, les contours utilisés seront ceux dessinés et approuvés par le personnel médical. Ces contours sont disponibles dans le système de planification de traitement (TPS) et sont exportés vers MATLAB où ils sont traités numériquement.