



HAL
open science

Segmentation et suivi de structures par modèle déformable élastique non-linéaire. Application à l'analyse automatisée de séquences d'IRM cardiaques.

Joël Schaerer

► **To cite this version:**

Joël Schaerer. Segmentation et suivi de structures par modèle déformable élastique non-linéaire. Application à l'analyse automatisée de séquences d'IRM cardiaques.. Traitement du signal et de l'image [eess.SP]. INSA de Lyon, 2008. Français. NNT : . tel-00473199

HAL Id: tel-00473199

<https://theses.hal.science/tel-00473199v1>

Submitted on 14 Apr 2010

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

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

THÈSE

présentée devant

L'Institut National des Sciences Appliquées de Lyon

pour obtenir

LE GRADE DE DOCTEUR

ÉCOLE DOCTORALE : ÉLECTRONIQUE, ÉLECTROTECHNIQUE,
AUTOMATIQUE

FORMATION DOCTORALE : IMAGES ET SYSTÈMES

par

Joël Schaerer

Ingénieur de l'INSA de Lyon

Segmentation et suivi de structures par modèle déformable élastique non-linéaire. Application à l'analyse automatisée de séquences d'IRM cardiaques.

Soutenue le 16 Décembre 2008

Jury :

Hervé Delingette	Directeur de Recherche	Rapporteur
Annick Montanvert	Professeur	Rapporteur
Laurent Najman	Professeur	Examineur, Président
Léon Axel	Professeur, Radiologue	Examineur
Jérôme Pousin	Professeur	Examineur
Patrick Clarysse	Chargé de Recherche	Co-directeur de thèse
Isabelle Magnin	Directeur de Recherche	Co-directeur de thèse

Table des matières

Bibliographie Personnelle	5
Remerciements	9
Résumé	11
1 Contexte médical et scientifique	13
1.1 Circulation sanguine et anatomie du cœur sain	13
1.1.1 L'activité électrique du cœur	15
1.1.2 Vascularisation du cœur	15
1.2 Pathologies cardio-vasculaires	17
1.3 L'IRM du cœur	18
1.3.1 Problématiques pour l'IRM ciné	19
1.3.2 L'IRM Parallèle	21
1.4 Traitement automatisé des images	21
1.4.1 Méthodes basées sur un apprentissage	22
1.4.2 Méthodes spatio-temporelles	24
1.5 Modèles bio-inspirés	25
2 Gabarit déformable élastique statique	27
2.1 Principe du gabarit déformable élastique	27
2.2 La théorie continue de l'élasticité	29
2.2.1 Conventions	29
2.2.2 Notations et préliminaires géométriques	29
2.2.3 Équations d'équilibre et tenseur de contraintes	31
2.2.4 Réponse des matériaux élastiques	33
2.3 Modèle élastique non linéaire statique	35
2.3.1 L'algorithme de Rouchdy	35
2.3.2 Justification des hypothèses	37
2.3.3 Résolution par la méthode des éléments finis	37
2.3.4 Calcul du terme de force	39
2.3.5 Terme de bord dans la matrice de raideur	40
2.3.6 Gestion des déformations rigides	40
2.3.7 Résultats sur formes de synthèse	41
2.4 Contrainte de champ nul	42

2.5	Multirésolution sur maillages	46
2.6	Création du champ de force	48
2.6.1	Prétraitement de l'image	48
2.6.2	Extraction des contours	49
2.6.3	Utilisation d'un modèle d'apparence du contour	50
2.6.4	Calcul d'un champ de vecteurs	52
2.6.5	Application des forces	56
2.6.6	Multirésolution image	57
2.7	Application à l'analyse automatisée d'IRM haute résolution chez le petit animal	59
2.8	Pistes pour l'évaluation de la segmentation	60
2.8.1	Quelle référence pour l'évaluation ?	63
2.8.2	Constitution d'une base de données d'images pour l'évaluation	63
2.8.3	Critères d'évaluation	65
2.9	Conclusions	66
3	Recalage modèle-données	69
3.1	Introduction	69
3.2	Recalage automatique	70
3.2.1	La méthode de Pham	70
3.3	Amélioration de la méthode de Pham	71
3.3.1	Résultats	73
3.3.2	Conclusions sur l'initialisation automatique	74
3.4	Initialisation semi-automatique	74
3.5	Positionnement du modèle dans des IRM de marquage tissulaire	77
3.6	Conclusions	79
4	Modèle élastique dynamique	83
4.1	Abstract	84
4.2	Introduction	84
4.3	Previous work	85
4.4	Model and theoretical background	86
4.4.1	Static model	86
4.4.2	Dynamical model	87
4.4.3	Integration methods	88
4.4.4	Force vs. displacement filtering	91
4.4.5	Algorithm implementation	91
4.4.6	Effects of damping and filtering	92
4.5	Results	94
4.5.1	Synthetic 2D sequence	94
4.5.2	Results on real Cardiac MR images	96
4.6	Conclusion	99
4.7	Appendices	100
4.7.1	Formal description of the dynamic problem. Existence and unicity of a solution	100
4.7.2	Convergence of the pseudo-instationnary resolution scheme	101
4.7.3	Convergence of the periodical singular perturbative model	102

Conclusion et perspectives 105

Bibliographie 116

Annexes 117

Annexe : Singular Perturbation Technique 117

Bibliographie Personnelle

Articles de journaux

- [1] Y. ROUCHDY, J. POUSIN, J. SCHAEERER et P. CLARYSSE, « A nonlinear elastic deformable template for soft structure segmentation : application to the heart segmentation in MRI », *Inverse Problems*, vol. 23, p. 1017–1035, 2007.
- [2] J. SCHAEERER, P. CLARYSSE, Y. ROUCHDY et J. POUSIN, « A dynamic elastic model for heart segmentation and motion estimation », *Medical Image Analysis (en révision)*.

Conférences avec actes

- [3] J. SCHAEERER, Y. ROUCHDY, P. CLARYSSE, B. HIBA, P. CROISILLE et I. E. MAGNIN, « Simultaneous segmentation of the left and right heart ventricles in 3D cine MR images of small animals », in *Computers in Cardiology*, 2005.
- [4] J. SCHAEERER, P. CLARYSSE et J. POUSIN, « A new dynamic elastic model for cardiac image analysis », in *Proceedings of the 29th Annual International Conference of the IEEE EMBS*, p. 4488–4491, 2007.
- [5] J. SCHAEERER, J. POUSIN et P. CLARYSSE, « A new singular perturbation approach for image segmentation tracking », in *Proceedings of the 5th IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, p. 1445–1448, 2008.
- [6] J. SCHAEERER, Z. QIAN, P. CLARYSSE, D. METAXAS, L. AXEL et I. E. MAGNIN, « Fast and automated creation of patient-specific 3D heart models from tagged MRI », in *Proceedings of the MICCAI SA2PM Workshop*, 2006.
- [7] J. SCHAEERER, A. GELAS, R. PROST, P. CLARYSSE et I. E. MAGNIN, « Volumetric mesh construction from scattered prior data : Application to cardiac MR image analysis », in *European Signal Processing Conference*, p. 438–442, 2007.
- [8] C. FRINDEL, J. SCHAEERER, P. GUETH, P. CLARYSSE, Y. ZHU et M. ROBINI, « A global approach to cardiac tractography », in *Biomedical Imaging : From Nano to Macro, 2008. ISBI 2008. 5th IEEE International Symposium on*, p. 883–886, 2008.
- [9] A. GELAS, J. SCHAEERER, O. BERNARD, D. FRIBOULET, P. CLARYSSE, I. MAGNIN et R. PROST, « Radial basis functions collocation methods for

- model-based level-set segmentation », in *IEEE International Conference on Image Processing (ICIP)*, vol. 2, p. 237–240, 2007.
- [10] Y. ROUCHDY, J. POUSIN, J. SCHAEERER et P. CLARYSSE, « A hyperelastic deformable template for cardiac segmentation in MRI », in *Functional Imaging and Modeling of the Heart*, vol. LNCS 4466, p. 443–452, 2007.
- [11] J. POUSIN, Y. ROUCHDY, M. PICQ, J. SCHAEERER et P. CLARYSSE, « Constrained 3D elastic model for the segmentation in cardiac MRI », in *Computers In Cardiology*, p. 785–788, 2005.
- [12] X. WANG, J. SCHAEERER, Z. QIAN, D. METAXAS, T. CHEN et L. AXEL, « Reconstruction of detailed left ventricle motion using deformable model from tagged MR image. », in *Functional Imaging and Modeling of the Heart*, p. 60–68, 2007.

Remerciements

Je remercie en tout premier lieu mes encadrants, Patrick Clarysse et Isabelle Magnin, qui ont permis la réalisation de cette thèse. Je tiens à remercier tout particulièrement Patrick qui m'a encadré au jour le jour. Merci également de m'avoir permis d'assister à plusieurs conférences qui ont laissé des souvenirs mémorables, et de m'avoir donné la possibilité d'effectuer un séjour à l'étranger pendant la thèse.

Un grand merci à Leon Axel de m'avoir accueilli dans son laboratoire New-Yorkais, de m'avoir accordé de son temps et de m'avoir fait rencontrer des gens intéressants. Mon séjour à New-York a été très enrichissant, et il n'aurait pas pu se faire sans lui. Merci également d'avoir fait tout le voyage pour venir assister à ma soutenance !

J'aimerais également remercier tous mes collègues à Creatis, qui au fil des années sont devenus des amis et ont rendu ces années agréables et enrichissantes : Leo, Vilo, Solène, Bud, Arnaud, Sandrine, Pierre, Carole et tous les autres.

Merci également à Christine Fenoglio de m'avoir permis de venir travailler dans son appartement à la montagne vers la fin de la thèse, séjour qui m'a permis de beaucoup avancer dans la rédaction du manuscrit et qui est notamment à l'origine de la méthode de détection de contours par classification de profils.

Enfin, un grand merci à toute ma famille et à Marina de m'avoir encouragé et soutenu pendant ces années !

Résumé

Les pathologies cardio-vasculaires constituent une des premières causes de mortalité dans les pays occidentaux et en France. En particulier, les pathologies ischémiques en représentent une part significative qui sont elles-mêmes la conséquence de pathologies vasculaires comme l'athérosclérose.

Les progrès de l'imagerie cardiaque permettent aujourd'hui de voir en détail les effets des pathologies ischémiques sur le mouvement du cœur, notamment. L'imagerie cardiaque est ainsi un outil précieux pour l'aide au diagnostic de ce type de pathologies, et pour mieux comprendre leurs causes et leur évolution. A ce jour, l'exploitation de ces données en clinique reste cependant très incomplète. En effet, le volume très important de données rend quasiment impossible le traitement manuel complet des images acquises sur chaque patient. D'autre part, le traitement manuel des images manque d'objectivité et de reproductibilité, compromettant la validité des résultats obtenus, tant dans un contexte de recherche que pour un diagnostic en clinique. Nous proposons de recourir à des méthodes d'analyse assistées par l'ordinateur pour améliorer l'exploitation de ces images, à savoir l'extraction de l'anatomie et du mouvement du cœur en 3D. Ces méthodes permettront d'apporter une aide au diagnostic précieuse en fournissant des paramètres globaux et locaux de la fonction contractile. Elles permettront en outre de faire avancer les connaissances en permettant une analyse accélérée et objective de groupes importants de patients.

L'analyse automatisée d'images cardiaques pose cependant de nombreux problèmes méthodologiques. Les travaux menés à ce sujet ont montré que l'utilisation de modèles réalistes comme *a priori* dans les algorithmes est un pré-requis indispensable à leur efficacité.

Dans le cadre de cette thèse, nous nous sommes focalisés sur l'évolution de la méthode du Gabarit Déformable Élastique (GDE) pour l'extraction automatique de l'anatomie cardiaque (cavités ventriculaires et enveloppe péricardique), développée au laboratoire Creatis-LRMN. Le GDE consiste à représenter le myocarde par un modèle de forme *a priori* que l'on déforme élastiquement pour l'adapter à la forme spécifique du cœur du patient.

Au cours de cette thèse, un nouvel algorithme non-linéaire, permettant une meilleure prise en compte de la variabilité de la forme du cœur, a été développé en collaboration avec l'Institut Camille Jordan de Mathématiques Appliquées à Lyon. La collaboration avec des mathématiciens permet d'asseoir nos travaux sur des bases théoriques solides : une preuve de convergence de l'algorithme a été

proposée [13]. Nous proposons en outre une méthode de multirésolution sur le maillage qui permet une accélération significative de l'algorithme, ainsi qu'une méthode de perturbation singulière permettant de s'assurer que le modèle est parfaitement adapté aux données [14].

Parallèlement, un travail a été réalisé pour l'amélioration de l'attache aux données [15] et en particulier du champ de force qui guide la déformation du gabarit, de manière à améliorer la robustesse de la méthode, notamment avec les données issues des imageurs modernes.

Nous proposons également plusieurs contributions pour le positionnement initial du modèle dans les images. En particulier, l'utilisation d'un recalage par fonctions splines de plaque mince a été proposé [16], en collaboration avec le Professeur L. Axel à New York.

Enfin, nous proposons d'étendre le GDE pour une modélisation dynamique et non plus statique du cœur, en s'appuyant sur une représentation harmonique du mouvement sur l'ensemble du cycle cardiaque et en proposant un algorithme original de résolution [17, 18]. Cette dernière proposition constitue sans doute la principale contribution de notre travail. Elle s'appuie là-aussi sur des résultats théoriques.

Les méthodes proposées sont évaluées sur des données de synthèse et des données réelles acquises chez l'homme et le petit animal.

Contexte médical et scientifique

1.1 Circulation sanguine et anatomie du cœur sain

Nous donnons ici une brève description anatomique et fonctionnelle du cœur. L'objectif n'est pas d'être exhaustif, mais de donner les éléments nécessaires à la bonne compréhension du contexte de cette thèse. Le lecteur désirant approfondir pourra consulter l'un des nombreux ouvrages spécialisés [19, 20].

Situé entre les deux poumons dans le médiastin antérieur, le cœur est une pompe propulsant le sang dans l'organisme. Il est composé de quatre cavités (Figure 1.1) : deux cavités ventriculaires, le ventricule gauche (VG) et le ventricule droit (VD) et les oreillettes gauche (OG) et droite (OD). Les cavités sont entourées par un muscle, le myocarde, lui-même entouré par une membrane appelée péricarde. Les parois interne et externe du myocarde sont respectivement nommées endocarde et épicarde. La partie du myocarde qui sépare les deux ventricules est nommée septum. Les ventricules et les oreillettes sont reliés par l'intermédiaire des valves : la valve mitrale à gauche et la valve tricuspide à droite. Les valves sont attachées par des haubans tendineux aux muscles papillaires ou piliers qui sont de petits muscles situés à l'intérieur de la cavité, eux-mêmes reliés au myocarde par un réseau de trabécules charnues [21].

La pointe du cœur est appelée apex, la partie située au niveau du plan des valves est appelée base. L'axe apex-base du ventricule gauche est appelé le grand axe et le plan qui lui est perpendiculaire est le plan petit axe. Les parois du ventricule gauche sont souvent divisées en segments myocardiques antérieur, latéral, inférieur et septal (interventriculaire) (Figure 1.2). D'autres 'découpages' virtuels du cœur ont été proposés notamment celui en 17 segments recommandés par l'AHA¹ et qui correspond aux territoires alimentés par les artères coronaires [23].

Les parties droite et gauche du cœur fonctionnent normalement en série :

- La partie droite reçoit des veines caves supérieure et inférieure, qui s'abouchent dans l'OD, un sang non hématosé et l'envoie depuis le VD dans les poumons par l'artère pulmonaire.
- La partie gauche du cœur reçoit par les quatre veines pulmonaires, qui s'abouchent dans l'OG, le sang oxygéné provenant des poumons, et le propulse dans la circulation générale par l'aorte.

1. *American Heart Association*

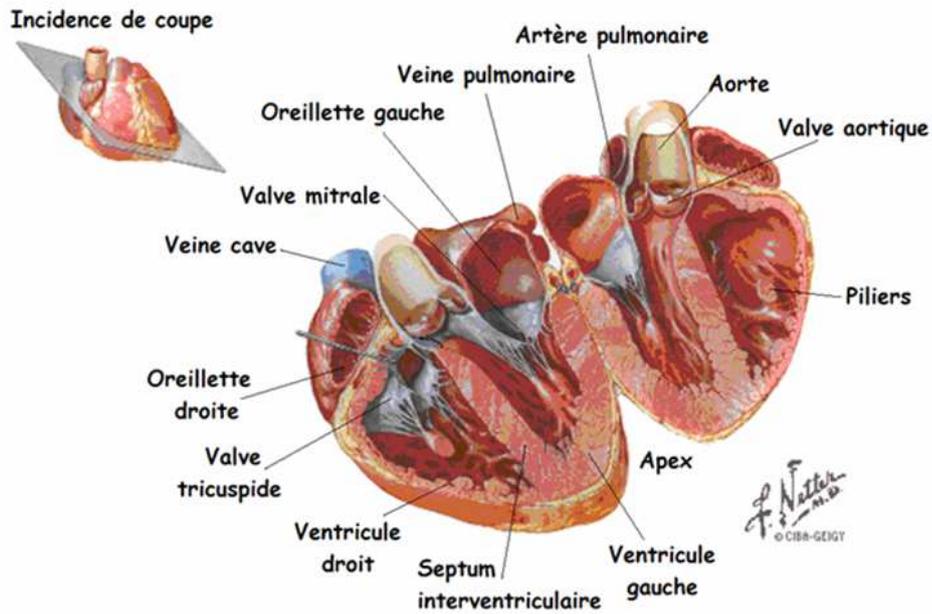


FIGURE 1.1 – Anatomie du cœur selon Netter [22] : Vue ouverte du cœur selon un plan de coupe

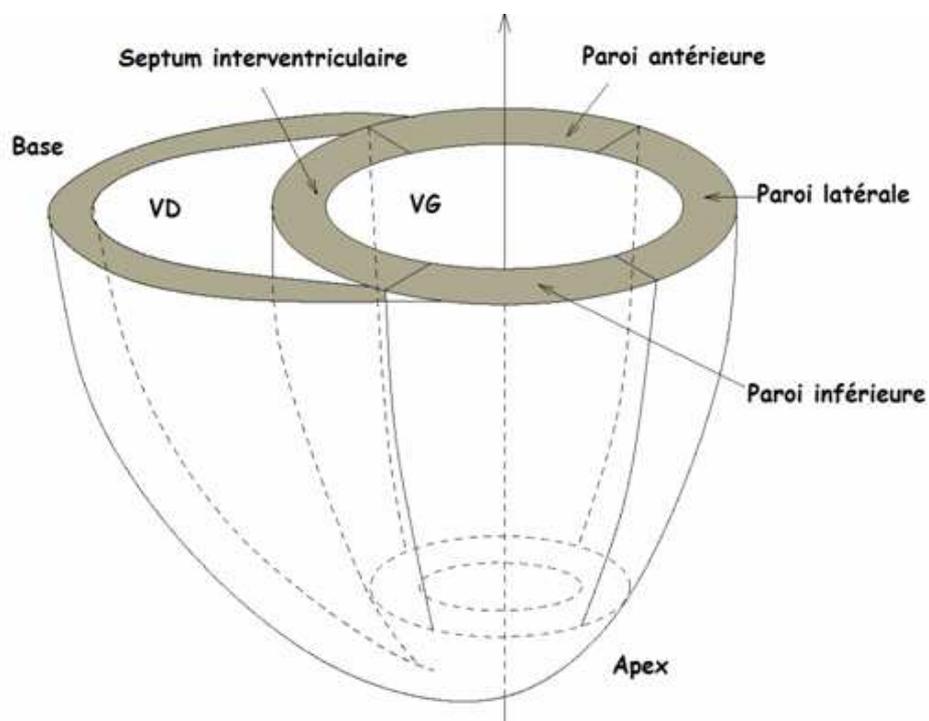


FIGURE 1.2 – Représentation schématique des ventricules du cœur et des repères couramment utilisés, issue de la thèse de R. Haddad [24].

Au repos, le cycle cardiaque dure environ 800 ms (75 battements par minute) et se décompose en deux phases : la diastole (environ 60% du cycle cardiaque) et la systole (40% du cycle cardiaque). Pendant la diastole, les ventricules se remplissent du sang provenant des oreillettes. Pendant la systole, les deux ventricules se contractent et se vident dans leurs artères respectives à raison de 6 litres par minute en moyenne au repos, et jusqu'à 30 litres au cours d'un effort intense ([25], p. 33). La télédiastole est l'instant qui précède le début de la contraction des ventricules, la télésystole indique la fin de la contraction et le début du relâchement du muscle. Les déformations subies par le VG sont déterminées par les conditions de pré et de post-charges ainsi que par l'organisation des fibres myocardiques. De manière schématique et globale, on observe au cours de la systole cardiaque :

1. Une contraction radiale de l'endocarde accompagnée d'un épaissement pariétal.
2. Une torsion du myocarde autour de l'axe apex-base.
3. Une contraction longitudinale le long de l'axe apex-base, le plan basal ayant tendance à s'abaisser.

Dans le VD, l'orientation longitudinale des fibres entraîne un mouvement prédominant dans cette direction.

1.1.1 L'activité électrique du cœur

Le cycle cardiaque décrit précédemment est commandé par des impulsions électriques issues du nœud sinusal, ensemble de cellules auto-excitables et synchronisées, situé dans la paroi supérieure de l'oreillette droite. Le fonctionnement du cœur à l'échelle cellulaire met en jeu des processus chimiques basés essentiellement sur l'action des ions calcium, résultant en la propagation d'une onde électrique de dépolarisation à la surface du cœur, qui va finalement engendrer la contraction effective des cellules myocardiques.

Les différentes phases d'un cycle cardiaque sont repérées par rapport à un signal électrique global issu du cœur : l'électrocardiogramme (ECG) (Figure 1.3). L'enregistrement de l'ECG est une des premiers examens réalisés après l'observation des signes cliniques chez le patient. Son analyse permet notamment de mettre en évidence des troubles du rythme cardiaque ou arythmies. Le signal ECG fait apparaître plusieurs déflexions appelées ondes. L'onde P correspond à la dépolarisation des oreillettes. Le complexe QRS constitué des trois ondes Q, R et S correspond à la dépolarisation des ventricules. Suit une onde T qui reflète la repolarisation des cellules cardiaques ventriculaires.

1.1.2 Vascularisation du cœur

La vascularisation du cœur est assurée par deux artères dites coronaires, ainsi nommées parce qu'elles entourent le cœur, comme une couronne, à partir de la jonction aorto-ventriculaire (Figure 1.4). L'artère coronaire gauche, la plus importante des deux coronaires, est issue du bord gauche de l'aorte et se divise en deux branches après un tronc d'origine très court : la branche inter-ventriculaire antérieure (IVA) et la branche circonflexe (CX). La branche IVA descend le long

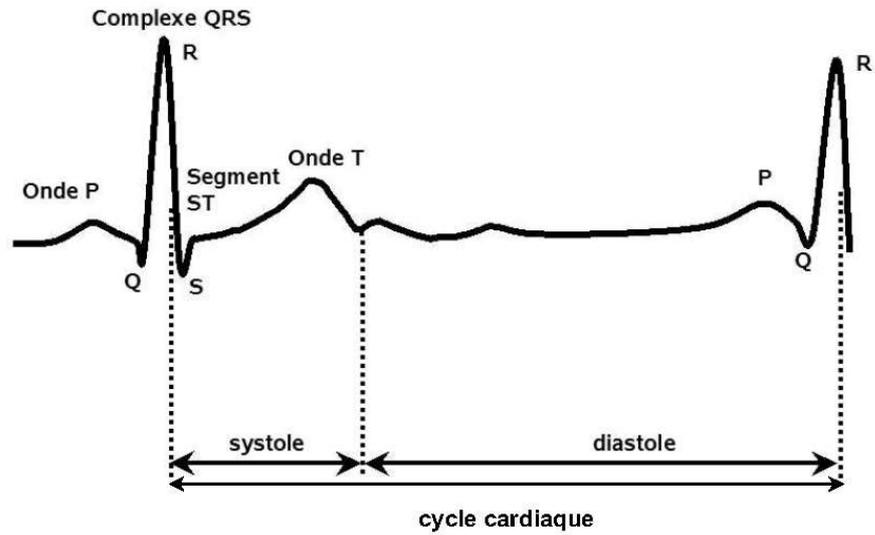


FIGURE 1.3 – Représentation schématique d'un électrocardiogramme

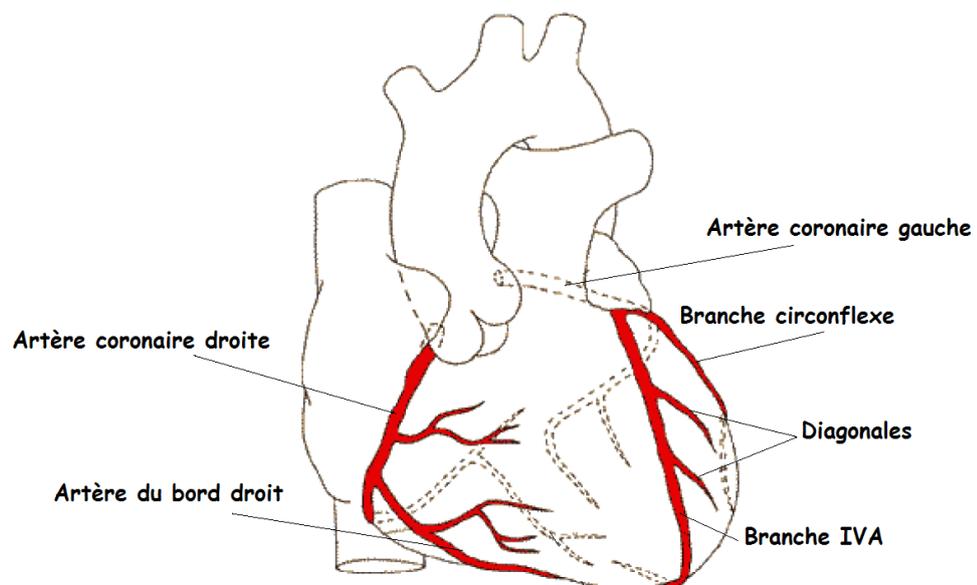


FIGURE 1.4 – La vascularisation du cœur

de la paroi antérieure, entre les deux ventricules jusqu'aux environs de l'apex. La branche circonflexe chemine entre l'oreillette et le ventricule gauches, pour finir sur la face postéro-latérale du ventricule gauche. L'artère coronaire droite est issue du bord droit de l'aorte ascendante, passe par le sillon auriculo-ventriculaire et se termine sur la face postérieure du cœur.

1.2 Pathologies cardio-vasculaires

On peut classer la plupart des pathologies du cœur en six grandes catégories :

- les pathologies ischémiques, liées à un défaut de la perfusion du myocarde,
- les cardiomyopathies, maladies des cellules du myocarde telles que la cardiomyopathie dilatée, l'hypertrophie myocardique ou la dysplasie arythmogène du ventricule droit,
- les maladies des valves,
- les affections du système de régulation du cœur, en particulier les différentes arythmies,
- les myocardites, généralement d'origine infectieuse,
- et les cardiopathies congénitales.

Notons que ces pathologies sont souvent liées. Ainsi, par exemple, la nécrose d'une partie du myocarde suite à un infarctus peut très bien modifier la propagation des ondes de dépolarisation et causer des troubles du rythme cardiaque.

Parmi ces pathologies, celles qui sont liées à la maladie coronaire revêtent une importance particulière, de part leur grande fréquence (7,2 millions de morts dans le monde en 2002 d'après le rapport de l'OMS [26]), même si l'on note depuis peu une diminution dans certains pays développés [27].

La plupart des infarctus sont causés par la rupture soudaine d'une plaque athéromateuse et l'occlusion de l'artère coronaire qui en résulte. En l'absence de perfusion suffisante, les myocytes se nécrosent rapidement, entraînant une diminution voire l'arrêt soudain de la fonction cardiaque.

Malgré les progrès récents, le dépistage précoce des plaques d'athérome à risque reste problématique. En effet, même des plaques présentant un degré de sténose peu élevé peuvent présenter un risque. Les méthodes les plus efficaces pour détecter ces plaques telles que l'échographie endo-vasculaire restent invasives et donc peu utilisées en pratique. D'autre part, malgré l'apparition de nouvelles molécules prometteuses [28], on ne sait pas vraiment traiter l'athérosclérose. Les pathologies ischémiques demeurent donc un problème de santé publique important.

Après un infarctus du myocarde, l'évaluation de la fonction cardiaque est essentielle aux bons choix thérapeutiques. Cette évaluation et la détermination des régions touchées sont un prérequis indispensable à tout traitement. Par ailleurs, l'évaluation de la viabilité des régions touchées permet de décider de l'opportunité d'une revascularisation.

Pour répondre à ces questions, de nombreuses méthodes d'imagerie médicale existent. Nous donnons ici un bref aperçu des différentes méthodes d'imagerie utilisées dans le cadre des pathologies cardiaques. Pour plus de détails, nous invitons le lecteur à consulter les ouvrages spécialisés [29].

La coronarographie permet de localiser et de quantifier les sténoses par l'injection d'un produit de contraste directement dans le cœur et l'acquisition simultanée de projections aux rayons X. Cette technique permet également de suivre la position d'un stent au cours de sa pose. Il est même possible de reconstruire le stent en 3 dimensions à partir d'un ensemble de projections angiographiques [30].

La Tomographie d'Emission Mono-Photonique (TEMP) et la Tomographie par Emission de Positrons (TEP) permettent de donner une image précise du métabolisme cardiaque en suivant le parcours d'une molécule essentielle au métabolisme telle que le glucose préalablement marquée avec un isotope radioactif. Si ces modalités permettent de donner une information fonctionnelle très importante, leur résolution est cependant limitée par le mécanisme de formation des images.

L'IRM ciné, l'échocardiographie et la tomodensitométrie à rayons X (CT) donnent une imagerie anatomique et permettent donc d'observer la forme et la fonction contractile du cœur. En particulier, l'IRM de marquage tissulaire ou *tagging* [31] permet d'observer la déformation à l'intérieur même du myocarde par un marquage physique du tissu. Enfin, l'IRM avec injection de gadolinium permet d'imager à la fois la perfusion du myocarde ainsi que la présence de lésions de la microcirculation, visibles sous la forme d'un rehaussement tardif du signal.

De part les différentes informations qu'il permet d'apporter et de sa non-invasivité, l'IRM occupe une place particulière dans l'imagerie des pathologies ischémiques du cœur.

1.3 L'IRM du cœur

De part la variété des séquences disponibles, l'IRM permet d'obtenir de nombreuses informations sur les tissus biologiques, telles que leur anatomie, leur métabolisme ou leur déformation. De nombreuses séquences d'IRM sont utilisées pour l'imagerie des pathologies cardio-vasculaires :

- L'IRM ciné. Ce sont des séquences rapides qui permettent d'observer le mouvement et la déformation du cœur au cours du cycle cardiaque. Il permet notamment d'évaluer la fonction cardiaque, soit de manière globale en estimant la fraction d'éjection (le rapport du volume de sang éjecté dans l'aorte au cours d'un cycle sur le volume de sang contenu en télédiastole dans le ventricule gauche), soit de manière locale en observant le déplacement et l'épaississement des différents secteurs du myocarde.
- L'angiographie par résonance magnétique. En saturant préalablement le tissu dans une région d'intérêt, on peut supprimer tout signal des spins présents dans cette région au moment de l'application de l'impulsion de saturation. Le signal provient alors exclusivement du sang entré après. De cette manière, on obtient des images 3D très nettes des différents vaisseaux sanguins, simulant les images obtenues en angiographie classique.
- L'IRM de marquage tissulaire ou *tagging*. En saturant sélectivement certaines régions, on peut imposer un motif au tissu imagé. Ce motif se déformant avec le tissu, il est très intéressant pour observer la déformation à l'intérieur d'organes homogènes. Ce genre de séquences est notamment utilisé pour imager la déformation du myocarde au cours du cycle cardiaque suite à un accident ischémique.

- Perfusion. Il est possible de mesurer la perfusion d'un organe en observant le passage d'un agent de contraste (le gadolinium) à travers celui-ci. Cette modalité est particulièrement intéressante pour l'étude des pathologies ischémiques.
- Rehaussement tardif. Une dizaine de minutes après le passage de l'agent de contraste, celui-ci a normalement complètement disparu de l'organe étudié. Cependant, dans les cas du myocarde infarcté, des lésions de la microcirculation peuvent retenir l'agent de contraste. On obtient alors une image très précise des zones touchées. L'image obtenue est notamment fortement corrélée à la viabilité du muscle [32], ce qui en fait une information de premier choix pour la prise en charge d'un infarctus.

On constate depuis peu l'émergence de séquences pondérées en diffusion pour l'imagerie de la structure fibreuse du cœur. L'idée est d'imager la diffusion de l'eau dans diverses directions en provoquant un déphasage rapide des spins diffusant dans cette direction. De part le mouvement brownien, l'eau diffuse normalement dans toutes les directions. Cependant, l'anisotropie du tissu (le myocarde, notamment, est particulièrement anisotrope de part sa structure fibreuse) favorise la diffusion selon une direction. En répétant l'expérience pour un certain nombre de directions, on peut trouver les directions privilégiées de diffusion, et observer la structure fibreuse du cœur. On calcule généralement un tenseur de diffusion, donnant la diffusivité dans toutes les directions, par la méthode des moindres carrés à partir des différentes images pondérées en diffusion. Les séquences de diffusion actuelles sont toutefois trop lentes pour être utilisées *in vivo*.

1.3.1 Problématiques pour l'IRM ciné

Cette thèse se focalise plus particulièrement sur l'analyse automatisée des séquences d'IRM ciné. Nous détaillons donc les principales problématiques pour l'acquisition ciné en IRM, ainsi que les différentes séquences utilisées.

La principale difficulté en acquisition ciné cardiaque provient du mouvement rapide du cœur. A cause de ce mouvement, les séquences utilisées doivent être particulièrement rapides pour pouvoir capturer de manière séparée les différentes phases du cycle cardiaque. Comme le mouvement cardiaque est périodique, il est possible de répartir les acquisitions d'un instant sur plusieurs cycles cardiaques. Pour effectuer les acquisitions au même instant du cycle, on synchronise l'IRM à l'électrocardiogramme, en utilisant un des nombreux algorithmes disponibles pour détecter automatiquement le complexe QRS [33]. Cette technique est fréquemment appelée *Gating* cardiaque.

Le cycle respiratoire étant beaucoup plus irrégulier, il n'est pas possible de lui appliquer la même méthode. Pour éviter les artefacts liés au mouvement respiratoire, il est donc intéressant d'effectuer les acquisitions en apnée. Cependant, de nombreux patients souffrant d'insuffisance cardiaque étant dyspnéiques, il n'est souvent pas possible de maintenir l'apnée longtemps. Les séquences utilisées doivent donc être suffisamment rapides pour pouvoir acquérir tout le cycle cardiaque en une apnée.

Pour réduire le temps d'acquisition, il existe un certain nombre de stratégies :

- Diminuer le champ de vue (FOV, en anglais *Field Of View*) permet de ré-

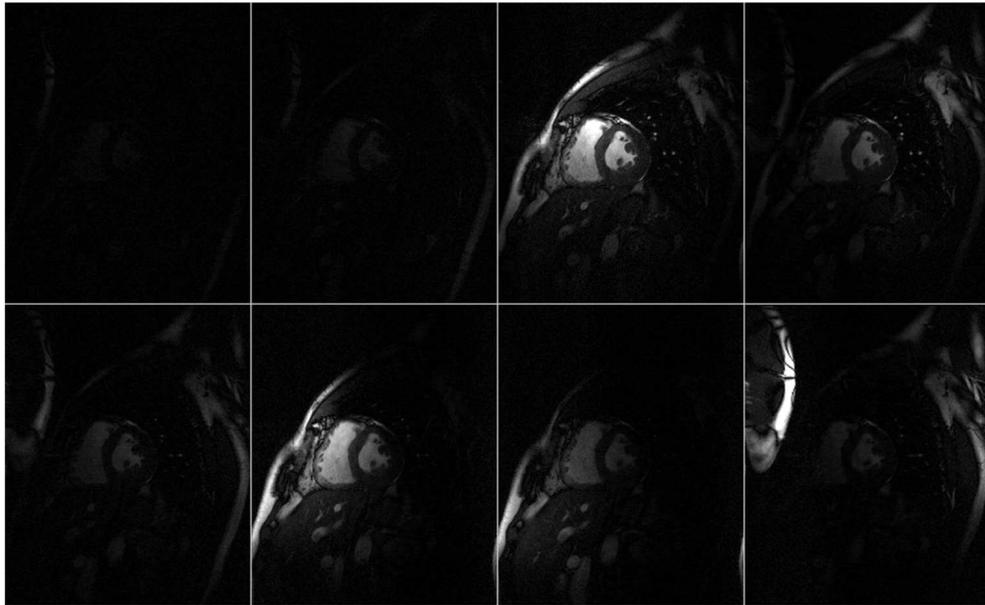


FIGURE 1.5 – Images issues de chaque antenne d’une matrice de 8 antennes [34].

duire le nombre de valeurs à échantillonner dans l’espace des k (espace des coefficients de Fourier acquis en IRM) par image acquise, et donc de diminuer le temps d’acquisition. Cependant, le rapport signal à bruit (RSB) décroît avec la racine carrée de la réduction du temps : il est donc impossible de trop réduire le champ de vue. D’autre part, diminuer le FOV sans augmenter le nombre d’échantillons dans l’espace des k peut causer un repliement de l’image. En pratique, on utilise un champ de vue de l’ordre de 25 cm pour l’imagerie cardiaque.

- Acquérir des coupes plutôt qu’un volume 3D. En appliquant un gradient au moment de l’impulsion RF, il est possible de n’exciter qu’une seule coupe : l’épaisseur dont le champ correspond aux fréquences présentes dans l’impulsion RF. En pratique, on acquiert de trois à dix coupes d’une épaisseur variant entre 5mm et 1cm.
- Augmenter la puissance de l’aimant principal. Le signal RMN augmente avec le carré du champ magnétique principal. Cependant, le bruit croît linéairement, l’amélioration du RSB n’est donc que linéaire. De plus, le prix de fabrication d’un IRM dépend fortement de la puissance du champ. Enfin, la fréquence de Larmor augmente avec le champ ; ainsi, à 7 Teslas, elle est de 300MHz environ, et l’on entre progressivement dans le domaine des micro-ondes, qui sont en grande partie absorbées par les tissus biologiques : le signal diminue alors rapidement avec la profondeur des organes étudiés. De plus, la radiation absorbée chauffe les tissus, ce qui peut être dangereux pour le patient. Tous ces facteurs limitent la puissance maximale de l’aimant principal.

1.3.2 L'IRM Parallèle

Le temps d'acquisition est directement proportionnel au nombre d'échantillons acquis dans l'espace des k . Il est donc intéressant de réduire ce nombre au maximum. Cependant, si l'on descend en dessous du seuil de Nyquist, un repliement de l'image se produit.

Depuis quelques années, des méthodes sont apparues pour réduire encore plus le nombre d'échantillons nécessaires, tout en évitant le phénomène de repliement. L'idée fondamentale est d'utiliser plusieurs antennes. On obtient alors plusieurs signaux différents, qu'il est possible de combiner pour reconstruire l'image de manière exacte même avec des données incomplètes. La figure 1.5 illustre ce principe pour la formation d'une image cardiaque.

Dans ce contexte, la reconstruction ne peut plus se faire par une simple transformée de Fourier : c'est en fait un problème inverse, et de nombreuses méthodes ont été proposées pour le résoudre [35, 36, 34]. Il est possible de reconstruire une image à partir de chaque antenne et de les combiner pour former l'image finale [36]. Une alternative est de combiner directement les données acquises dans l'espace des k [35, 34]. Quelle que soit la méthode employée, la reconstruction se fait en résolvant un système linéaire de grandes dimensions, généralement par la méthode du gradient conjugué pour éviter d'avoir à inverser la matrice.

L'accélération dépend du nombre d'antennes employées, mais également de l'indépendance des signaux qu'elles acquièrent, et donc de la géométrie du système d'acquisition. La conception d'antennes massivement parallèles pour diverses applications est un domaine de recherche très actif.

Ces méthodes sont très populaires en imagerie cardiaque. De nombreuses antennes parallèles sont disponibles sur le marché, jusqu'à 32 voies pour certaines. En recherche, une matrice de 128 antennes a même récemment été proposée [37]. Pour les antennes utilisées en pratique, le facteur d'accélération est de l'ordre de 2 à 10.

1.4 Traitement automatisé des images

L'information produite par les imageurs est appréciée qualitativement par le médecin. Dans bien des situations, l'exploitation quantitative et précise des informations requiert le développement de méthodes d'analyse des images. Dans ce sens, les nouvelles générations d'imageurs intègrent de plus en plus de fonctionnalités d'aide à l'analyse mais qui restent généralement assez sommaires. Notre volonté est d'apporter de nouveaux outils plus performants qui, à partir des images, génèrent avec le moins possible d'interventions de l'utilisateur, un modèle spécifique du cœur du patient qui intègre divers paramètres fonctionnels : descripteurs globaux de la fonction cardiaque (volumes, masses, fraction d'éjection) mais aussi locaux (mouvements, déformations ...). Un des problèmes les plus difficiles dans la réalisation de tels outils demeure la segmentation des images, c'est-à-dire l'identification et la localisation automatiques des différentes structures anatomiques présentes dans les images. Le nombre de structures présentes dans les images, la variabilité de leur forme et de leur apparence ainsi que le bruit et les différents artéfacts présents en IRM concourent à rendre la segmentation

particulièrement difficile.

Dans sa thèse, Pham [38] dresse un aperçu des méthodes existantes pour la segmentation d'IRM cardiaques, en insistant tout particulièrement sur les méthodes basées sur les modèles déformables. Selon la représentation de forme utilisée, il les classe en trois catégories : modèles discrets, paramétriques ou déformables. En outre, il présente quelques méthodes basées sur des modèles bioinspirés, et en particulier les travaux de Vincent [39], sur lesquels ses travaux ainsi que ceux présentés dans cette thèse sont basés. Enfin, il présente un certain nombre de méthodes reposant sur un apprentissage.

Notre objectif dans cette partie est de rendre compte des développements observés depuis que Pham a dressé cet état des lieux, c'est-à-dire depuis 2002. On observe trois développements principaux. Tout d'abord, un essor remarquable des méthodes basées sur un apprentissage. On note également une volonté marquée d'exploiter la nature dynamique des images étudiées, et d'analyser conjointement toutes les images d'une séquence 4D. Enfin, on observe le développement de nombreux modèles inspirés de la réalité physiologique, que ce soit pour la simulation ou pour l'analyse d'images. Nous présentons quelques travaux marquants dans chacune de ces voies.

1.4.1 Méthodes basées sur un apprentissage

Les images cardiaques forment un ensemble complexe : à l'anatomie et la variabilité inter-patient intrinsèquement complexes du cœur, s'ajoutent la dynamique et le fonctionnement complexe de la chaîne d'acquisition et de formation de l'image. Il est donc particulièrement difficile de modéliser correctement toutes ces variables de manière à avoir une représentation mathématique de la formation de l'image d'un organe dynamique tel que le cœur. Dès lors, il est naturel de chercher à créer de tels modèles automatiquement à partir d'un certain nombre d'exemples : on parle alors de méthodes basées sur un apprentissage. Celui-ci peut être de nature très diverse : il peut aussi bien porter sur la forme de l'objet étudié que sur son apparence ou sa dynamique.

Dans le domaine de la segmentation d'images cardiaques, de nombreuses méthodes basées sur un apprentissage sont apparues ces dernières années. Mitchell et al. [40] ont proposé un modèle d'apparence active 3D (en anglais *Active Appearance Model*, ou AAM), directement inspiré des travaux de Cootes et al. [41], appliqué à la segmentation du cœur en IRM et en échocardiographie. Le principe est d'analyser les modes de variation de la forme, représentée sous la forme d'un vecteur de coordonnées de points de contrôle, au moyen d'une analyse en composantes principales (ACP). On procède de la même façon, mais séparément, pour l'apparence, en effectuant une ACP sur des images 3D préalablement recalées. On se limite alors à quelques modes pour la forme et pour l'apparence. Le modèle final est obtenu en effectuant une troisième ACP sur la concaténation des représentations de forme et d'apparence obtenues précédemment. Cette approche, dépendant entièrement de l'apprentissage et n'incorporant aucun *a priori* notamment sur la dynamique, nécessite un grand nombre d'exemples pour fonctionner. Pour évaluer sa méthode, les auteurs initialisent le modèle avec cinquante-six volumes segmentés manuellement.

Kaus et al. [42] proposent une approche similaire, mais en séparant le modèle de forme et le modèle d'apparence. Le modèle de forme est une combinaison originale entre un modèle déformable géométrique et un modèle de forme active. Les auteurs affirment que cette solution permet de traiter des cas non présents dans la base d'apprentissage. Le modèle d'apparence est basé sur le profil d'intensité le long de la normale en chaque point du modèle. Les profils sont répartis en trois classes par l'algorithme de Lloyd [43], et chaque point du modèle est affecté à une classe. La force externe appliquée au modèle déformable est alors choisie de manière à pointer vers le point de la normale ressemblant le plus à l'apparence attendue pour le contour.

Lötjönen et al. [44] décrivent la création d'un modèle construit à partir de données provenant de vingt-cinq patients. Contrairement à la plupart des auteurs, ils utilisent des données orientées en grand axe en plus des données en petit axe plus courantes. Au lieu de se focaliser sur une approche, ils comparent quatre modèles de forme entraînés sur les mêmes données : deux modèles de formes actives, l'un basé sur l'ACP et l'autre sur l'analyse en composantes indépendantes ; un modèle basé sur le calcul de distributions de probabilités de présence pour chacun des points du maillage, et un atlas anatomique. Un atlas anatomique donne la probabilité qu'une structure anatomique se situe à une position x (par opposition à un unique point de repère dans les modèles de distribution de points). Dans tous les cas, le modèle d'apparence utilisé est la moyenne des volumes recalés de manière affine et normalisés. La qualité de la segmentation obtenue avec les quatre modèles est comparée : l'atlas anatomique donne des résultats nettement supérieurs aux autres. Il ressort notamment que les modèles de forme active, qu'ils soient basés sur l'ACP ou l'ACI, sont trop contraints, même avec une base de données d'apprentissage relativement importante. Lorenzo-Valdés et al. [45] proposent aussi une solution basée sur un atlas anatomique, mais utilisent une méthode basée sur les champs de Markov plutôt qu'un modèle déformable pour effectuer la segmentation. Les résultats sont comparables à ceux de Lötjönen et al. [44].

Zhou et al. [46] proposent un cadre probabiliste complet pour le suivi de contour en échocardiographie. Leur méthode permet de fusionner toute l'information disponible, qui provient de quatre sources : un modèle de forme active, avec apprentissage par analyse en composantes principales, un contour initial, les estimations de mouvements provenant de l'analyse d'images à proprement parler, et un modèle de la dynamique. Pour chacune de ces sources d'information, les auteurs évaluent l'incertitude dans la position de chaque point du contour. La connaissance de cette incertitude permet de fusionner les données de manière optimale, en suivant le contour quand il est bien visible, et en s'appuyant sur le modèle en cas d'occlusion ou de bruit excessif. L'estimation du mouvement des contours est basée sur un algorithme de suivi bayésien proposé par Comaniciu [47]. Le modèle dynamique utilisé est un simple modèle d'ordre zéro, qui semble suffisant d'après les auteurs pour l'application considérée.

Qian et al. [48] ont proposé une méthode de segmentation des IRM marquées basée sur un modèle de forme active couplé à un modèle d'apparence statistique. Comme dans l'article original de Cootes [49], le modèle déformable est soumis à l'action de forces dirigées vers le contour de l'image correspondant le mieux

au point du modèle. Pour déterminer cette correspondance, les auteurs proposent d'utiliser un apprentissage basé sur la méthode Adaboost [50]. Ils proposent de parcourir les points de la normale au modèle (2D), et d'évaluer la probabilité que chacun d'eux appartienne au contour recherché en examinant l'apparence du bloc centré autour de chaque point. Pour déterminer si un bloc de l'image correspond ou non au contour recherché, on le soumet à un banc de 1800 filtres, et les résultats sont transmis à l'algorithme Adaboost préalablement entraîné sur 220 contours.

En IRM, les examens cliniques sont souvent limités à quelques coupes, orientées selon plusieurs directions. Il n'est donc pas possible de construire une image 3D à partir de ces données. Pour résoudre ce problème, van Hassen et al. [51] proposent un modèle de forme active modifié pour tolérer des données partielles. L'idée principale est de propager l'information de déplacement mesurée sur une coupe aux points avoisinants, suivant un noyau gaussien en distance géodésique. La détection des contours est réalisée par un algorithme de C-moyennes floues à trois classes.

Récemment, Zheng et al. [52] ont proposé une méthode de segmentation d'images de tomodensitométrie X cardiaque basée sur l'utilisation de classifieurs, d'une part, et d'un modèle de forme active d'autre part. Des classifieurs PBT (Probabilistic Boosting-Tree [53]) sont utilisés pour localiser grossièrement le cœur, puis pour détecter les contours dans le cadre des modèles de forme active. L'utilisation de *caractéristiques orientables*, pour éviter les rotations de l'image coûteuses en temps de calcul, et d'une méthode originale, le *Marginal Space Learning*, limitant le nombre d'hypothèses à tester, leur permet de segmenter un volume en quatre secondes sur un PC standard.

1.4.2 Méthodes spatio-temporelles

La fonction du cœur étant assurée par sa contraction, une vision précise de la dynamique cardiaque est d'un grand intérêt pour les médecins. Pour cette raison, les différentes modalités d'imagerie cardiaque proposent une résolution temporelle toujours accrue : de l'ordre de 30 images par cycle pour l'IRM (acquises sur plusieurs cycles cardiaques et synchronisées sur l'électrocardiogramme), et plus de 60 en échocardiographie. De plus en plus d'auteurs proposent donc d'utiliser cette information dynamique pour la segmentation. En effet, un certain nombre d'informations *a priori* sont connues : le mouvement du cœur est quasiment périodique et régulier.

On peut classer les différentes méthodes de segmentation dynamique selon la manière dont elles prennent en compte la dimension temporelle : certaines méthodes la considèrent comme une dimension spatiale supplémentaire, indifférenciée des trois dimensions usuelles. On peut alors parler de méthodes 4D. D'autres méthodes la traitent séparément.

Cousty et al. [54] proposent une méthode de segmentation 3D basée sur le concept morphologique de la ligne de partage des eaux topologique. Ils étendent la méthode en quatre dimensions en définissant simplement un voisinage 4D pour chaque voxel. La prise en compte de la dimension temporelle améliore significativement les résultats, et notamment la régularité temporelle des contours.

Les modèles déformables forment un contexte naturel pour exprimer des

contraintes temporelles. Nastar et Ayache [55] ont proposé un modèle masse-ressort dynamique pour la segmentation de l'endocarde en IRM. La régularité temporelle est améliorée en projetant les trajectoires des points du modèle sur une base de fonctions harmoniques.

Les maillages simplexes sont une représentation discrète de forme introduite par Delingette [56]. Un maillage simplexe est le dual topologique d'une triangulation. Ces maillages ont la particularité importante d'avoir une connectivité constante : dans le cas d'un maillage de topologie sphérique, chaque nœud est connecté à exactement trois voisins. Cette représentation de forme permet de calculer simplement la courbure discrète en chaque point du maillage, ce qui permet d'implanter des modèles déformables avec une contrainte de courbure. En s'appuyant sur ces travaux, Gérard et al. [57] ont proposé une méthode de segmentation de données échocardiographiques. La méthode de segmentation n'est pas dynamique en elle-même, mais utilise un modèle de mouvement cardiaque issu de données acquises en IRM de marquage tissulaire pour l'initialisation du modèle. Montagnat et Delingette [58] ont proposé une extension du modèle simplexe pour la segmentation de séquences d'images 4D en considérant un maillage 4D comme une collection de maillages 3D avec une arête liant chaque point à ses voisins temporels. La dimension temporelle est traitée de manière géométrique, mais séparément des dimensions spatiales.

Récemment, Lynch et al. [59] ont proposé un modèle de mouvement paramétrique très simple, qu'ils exploitent dans le cadre des ensembles de niveaux. Ayant remarqué que la distance au contour d'un point physique suit un profil gaussien au cours du cycle cardiaque, ils contraignent la fonction implicite à suivre un profil de ce type en chaque point. Pour éviter de trop contraindre le modèle, les paramètres du profil gaussien sont recalculés à chaque itération.

Dans le contexte un peu différent de la segmentation et du suivi du cœur en échocardiographie, Jacob et al. [60], reprenant des idées de Blake et al. [61, 62], proposent une méthode basée sur un apprentissage de la forme et de la dynamique. La forme est représentée par une B-spline et l'apprentissage effectué de manière classique. La dynamique est exprimée dans le formalisme du filtrage de Kalman.

1.5 Modèles bio-inspirés

On peut identifier deux sources principales de variation de la forme du cœur dans les images médicales : les variations individuelles, d'une part, et les variations dues à la déformation du cœur au cours du cycle cardiaque, d'autre part. Cette dernière source de variation est d'origine mécanique : il peut donc être intéressant d'utiliser un modèle biomécanique pour la détecter ou la prédire. Plusieurs modèles biomécaniques du cœur ont été proposés [63, 64, 24, 65]. Ces modèles sont de plus en plus complets, et permettent de simuler différents aspects de l'activité cardiaque. Si certaines tentatives visant à estimer directement les paramètres d'un de ces modèles à partir d'images médicales ont été recensées [66, 67], cela reste particulièrement difficile du fait du nombre très élevé de paramètres à estimer et des informations manquantes (aucune modalité d'imagerie actuelle ne permet de donner à la fois toutes les informations anatomiques et fonctionnelles telles que forme, champ électrique et déformation).

Certains auteurs proposent donc d'utiliser des modèles simplifiés, inspirés de la réalité physiologique. Ces modèles ont plusieurs avantages : d'une part, leurs paramètres sont faciles à interpréter car ils découlent directement de la physique sous-jacente. D'autre part, ils permettent dans une certaine mesure d'estimer certains paramètres cachés comme la déformation ou les contraintes à l'intérieur du myocarde. Sermesant et al. [68] proposent un modèle basé sur l'élasticité linéaire anisotrope pour la segmentation d'images IRM et SPECT. Veress et al. [69] utilisent un modèle hyperélastique et une méthode de recalage déformable d'images pour estimer la déformation du myocarde au cours du cycle cardiaque à partir d'images Ciné-IRM.

Vincent [39] a proposé un modèle déformable volumique basé sur l'élasticité linéaire, le Gabarit Déformable Élastique. Reprenant ses travaux, Pham [70, 38] a construit un modèle 3D et bi-cavités du cœur pour la segmentation et la mise en correspondance d'images cardiaques multimodales. Enfin, Rouchdy [13] a proposé une formulation non-linéaire du GDE de Vincent qui tolère de grandes déformations et dispose de bonnes propriétés théoriques.

Au cours de cette thèse, nous nous sommes appuyés sur ces travaux, dans le but de nous approcher au mieux d'une application dans un contexte clinique. Pour cela, nous avons proposé plusieurs contributions, dans les domaines de la segmentation statique et de l'initialisation du modèle, qui font chacun l'objet d'un chapitre de ce manuscrit. Nous avons notamment proposé plusieurs améliorations au terme de force ainsi qu'une méthode de multirésolution sur le maillage de manière à rendre le processus de segmentation à la fois plus robuste et plus rapide. Dans le domaine de l'initialisation, nous avons proposé plusieurs améliorations à la méthode automatique de Pham [38], ainsi qu'une méthode semi-automatique, plus robuste. Enfin, nous avons étendu les travaux précédents au spatio-temporel pour proposer un Gabarit Déformable Élastique Dynamique, que décrit le dernier chapitre. Ce dernier chapitre a fait l'objet d'une soumission à la revue *Medical Image Analysis* et est donc rédigé en anglais.

Gabarit déformable élastique statique

2.1 Principe du gabarit déformable élastique

L'objectif de la segmentation de séquences IRM cardiaques est de retrouver l'évolution de la forme du cœur au cours du cycle cardiaque à partir des images, de manière à pouvoir calculer des paramètres fonctionnels locaux (vitesses, déformations) et globaux (volume des cavités, diamètres). La figure 2.1 présente les principales structures visibles sur une IRM cardiaque.

Le premier problème qui se pose au traiteur d'images est l'abondance des structures présentes dans l'image : structures cardiaques bien entendu, mais aussi foie, côtes, artères pulmonaires, coronaires, etc. La plupart de ces structures ne sont pas nécessaires pour l'application médicale considérée, mais doivent néanmoins être distinguées des structures d'intérêt par l'algorithme. Ce problème met en évidence le besoin d'un *a priori* pour un traitement d'images satisfaisant : pour retrouver les structures d'intérêt parmi toutes les autres, l'algorithme doit disposer d'un modèle décrivant l'apparence et la forme de la structure recherchée.

Le second problème, intrinsèque au vivant, est la grande variabilité de la forme des structures étudiées. Selon le patient, la taille, la forme et la configuration des différents organes peuvent varier énormément. De plus, les paramètres d'image-

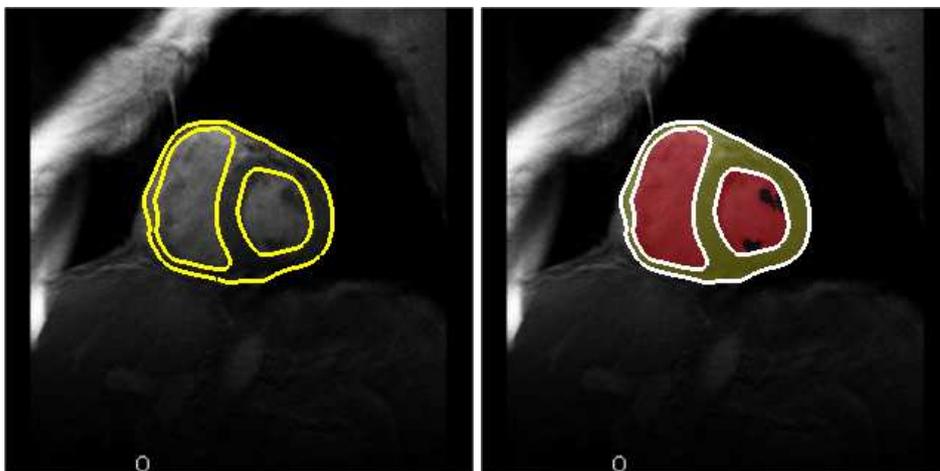


FIGURE 2.1 – Coupe petit-axe du cœur en IRM et régions annotées.

rie, tels que l'orientation des coupes, le nombre de coupes ou le type de contraste utilisé, dépendent du choix du radiologue. D'une séquence à l'autre, l'apparence des structures d'intérêt peut donc varier considérablement. L'*a priori* utilisé doit donc être suffisamment souple pour pouvoir accommoder toutes les variations anatomiques des organes étudiés, et en même temps suffisamment fort pour permettre de distinguer la structure d'intérêt des autres.

Dès lors on voit que la connaissance *a priori* utilisée par les algorithmes de segmentation et d'estimation de mouvement pour les images médicales est déterminante pour la qualité des résultats qu'ils vont produire. Les connaissances dont on dispose sont de plusieurs types :

- Informations statistiques sur les variations les plus fréquentes de la forme des différentes structures. On utilise généralement une base de données d'un certain nombre de patients pour construire cet *a priori*. Cette information est à utiliser avec précaution, puisque certaines pathologies peuvent conduire à des variations anatomiques uniques. Or, une des finalités des algorithmes d'analyse automatisée d'images médicales est justement de détecter ces pathologies. Un *a priori* trop fort risquerait donc de mettre à mal cette fonction de détection.
- Informations sur la configuration des structures les unes par rapport aux autres.
- Informations sur le mouvement : quelle que soit la pathologie étudiée, on sait que le mouvement respecte les lois physiques de la dynamique. En particulier, comme les forces en présence sont bornées, l'accélération l'est aussi et le mouvement a donc une certaine régularité. En IRM ou en tomographie cardiaques, on peut en plus supposer que le mouvement est périodique : même s'il ne l'est pas vraiment en réalité, en pratique, on n'acquiert qu'un seul cycle cardiaque. On peut donc périodiser le mouvement sans problèmes.

Différentes méthodes existent pour exprimer ces connaissances de manière algorithmique. De manière très générale, les connaissances *a priori* peuvent s'exprimer sous la forme d'une fonctionnelle d'énergie. On modélise alors le problème de la manière suivante :

$$\mathbf{u} = \arg \min_{\mathbf{u}} (J_{\text{a priori}} + \lambda J_{\text{image}})$$

où \mathbf{u} est un vecteur (de dimension finie ou infinie) contenant les paramètres du modèle à estimer, $J_{\text{a priori}}$ un terme d'énergie qui traduit la vraisemblance d'un jeu de paramètres, et J_{image} le terme d'attache aux données qui traduit la ressemblance entre le modèle et les données observées dans les images.

Selon l'*a priori* utilisé, ce problème de minimisation sera plus ou moins facile à résoudre. Dans le cas le plus général, ce problème est NP-complet et donc impossible à résoudre en temps utile dès que le nombre de paramètres dépasse quelques unités. Les considérations algorithmiques sont donc importantes dans le choix de l'*a priori* utilisé.

Nous proposons une approche basée sur le *Gabarit Déformable Élastique* (GDE), initialement proposé par Vincent [39] et étendu par Pham [38] et Rouchdy [71]. Le GDE est composé d'une forme *a priori* et d'un modèle physique de déformation, basé sur la théorie de l'élasticité. La forme *a priori*, généralement

obtenue à partir d'un volontaire sain, décrit la forme attendue de la structure à segmenter. L'énergie de déformation nécessaire pour obtenir une forme par rapport à la forme de référence donne une mesure de sa plausibilité.

Cette approche présente un certain nombre d'avantages : elle n'est pas basée sur une méthode statistique, et ne dépend donc pas de l'existence et de la richesse d'une base de données de cas préalablement segmentés à la main. Les déformations élastiques reflètent bien, à quelques exceptions près, les formes prises par le cœur. Pour les cas où une déformation élastique normale pénalise trop fortement une forme réelle (par exemple en cas d'hypertrophie cardiaque), il est possible d'autoriser ces déformations en ajoutant des modes de vibration artificiels à la matrice de raideur, comme décrit dans la thèse de Vincent [39]. Enfin, le modèle élastique, directement inspiré de la mécanique du cœur, permet d'ajouter facilement des informations *a priori* supplémentaires, au fur et à mesure que les progrès des techniques d'imagerie les rendent disponibles.

Ce chapitre présente un certain nombre de contributions au modèle élastique statique. Il est organisé comme suit : tout d'abord, une présentation de la théorie classique de l'élasticité introduit le formalisme utilisé pour le GDE. Ensuite, le modèle élastique non-linéaire, qui permet de résoudre un certain nombre de problèmes liés au modèle de Pham, est présenté. Nous présentons ensuite un certain nombre d'améliorations pour l'application du GDE à la segmentation d'IRM cardiaques. Enfin, nous présentons quelques résultats sur images de synthèse et réelles, en deux et trois dimensions.

2.2 La théorie continue de l'élasticité

Dans cette section, nous rappelons les principes de la modélisation classique de l'élasticité, ainsi que les principaux résultats. Tous ces résultats sont démontrés dans [72].

2.2.1 Conventions

On appelle *tenseur* une matrice 3×3 . On ne précise pas les espaces fonctionnels utilisés, on suppose juste que les fonctions sont suffisamment régulières.

2.2.2 Notations et préliminaires géométriques

La théorie de l'élasticité étudie la déformation d'un solide élastique (cette notion sera précisée ultérieurement) sous l'effet de forces de volume et superficielles. En particulier, on recherche la position d'équilibre sous l'effet des forces, et la relation entre la position des points du solide au repos et dans la configuration déformée. On nomme cette relation *déformation*.

On est amené à modéliser le problème de la manière suivante : la forme du solide au repos est représentée par un ouvert borné connexe (un domaine) Ω et sa frontière $\partial\Omega$. De même, la forme du solide dans sa configuration déformée et notée Ω^φ , de frontière $\partial\Omega^\varphi$. $\bar{\Omega}$ et $\bar{\Omega}^\varphi$ dénotent l'adhérence du domaine (l'intersection de tous les ensembles fermés contenant le domaine) dans les configurations de référence et déformée. La figure 2.2 illustre toutes ces notations.

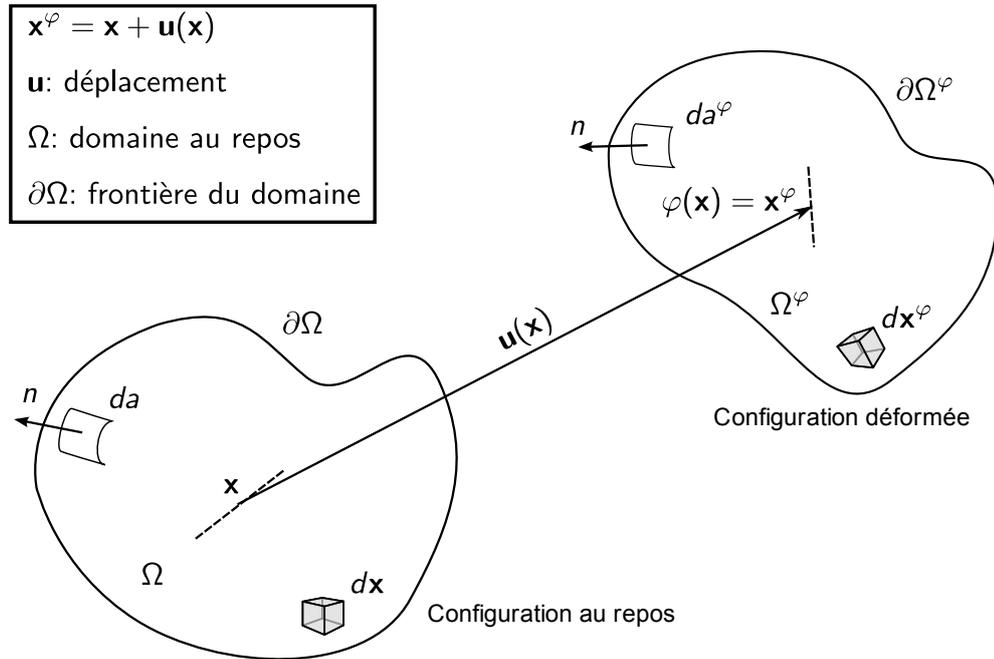


FIGURE 2.2 – Configuration de référence et configuration déformée

On note $\varphi : \bar{\Omega} \rightarrow \bar{\Omega}^\varphi$, l'application suffisamment régulière et injective qui à chaque point $x \in \Omega$ associe la position du point dans la configuration déformée. Toutes les déformations physiquement possibles préservent l'orientation (les transformations de type miroir ne sont pas physiquement possibles), c'est-à-dire :

$$\det \nabla \varphi(x) > 0, \forall x \in \bar{\Omega}$$

Enfin, on définit le déplacement u par la relation $u = \varphi - id$, où id est la fonction identité. Pour certains problèmes, des contraintes peuvent être imposées aux déplacements. Par exemple, une interface du solide étudié peut être fixée. Dans le cas du GDE, nous n'avons pas ce genre de contraintes : le problème est alors dit de *traction pure*.

Grâce à ces définitions, on peut exprimer les grandeurs qui interviennent dans le calcul des forces et des contraintes en élasticité : les variations de longueur, d'aire et de volume de petits éléments du domaine Ω . La variation de volume d'un petit élément au cours de la déformation est donnée par la relation suivante :

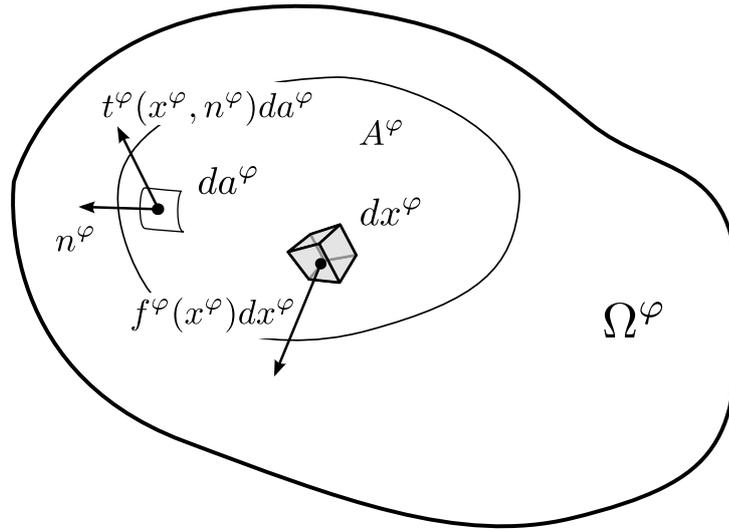
$$dx^\varphi = (\det \nabla \varphi(x)) dx$$

La variation d'aire d'un petit élément de surface à l'intérieur du domaine est donnée par la relation :

$$\det(\nabla \varphi(x)) |\nabla \varphi(x)^{-1T} n| da = da^\varphi$$

où n est la normale au petit élément de surface da . Pour exprimer la variation de longueur, nous définissons tout d'abord le *tenseur des déformations de Cauchy-Green à droite* :

$$C = \nabla \varphi^T \nabla \varphi$$

FIGURE 2.3 – Forces de volume et de surface appliquées à un sous-domaine A^φ

On peut maintenant exprimer la variation de longueur d'un petit segment dx :

$$dl = dl^\varphi \sqrt{\frac{dx^T dx}{dx^T C dx}}$$

Notons que ces relations sont non-linéaires par rapport au gradient de la déformation. L'étude des déformations est donc fondamentalement non-linéaire, avant même d'avoir fait d'hypothèse sur la réponse des matériaux. Le tenseur C caractérise complètement la partie non rigide de la déformation : il sera égal pour deux déformations qui ne diffèrent que par un ensemble de rotations et de translations, déformations dites rigides. A partir de ce tenseur, on définit généralement le *tenseur des déformations de Green-St Venant*, qui mesure la quantité de déformation non rigide :

$$E = C - I = \frac{1}{2}(\nabla u + \nabla u^T + \nabla u^T \nabla u)$$

Pour simplifier le traitement mathématique du problème, on néglige souvent le terme non-linéaire $\nabla u^T \nabla u$ de ce tenseur. C'est l'hypothèse des petits déplacements.

2.2.3 Équations d'équilibre et tenseur de contraintes

L'objectif de la théorie de l'élasticité est de prédire le déplacement d'un solide soumis à des forces. Pour beaucoup d'applications, en particulier en calcul de structures, on peut considérer que ces forces sont constantes dans le temps, c'est-à-dire qu'elle ne dépendent pas du déplacement. Cette hypothèse n'est pas raisonnable dans le cas du GDE. Les forces dépendent donc de manière non-linéaire du déplacement : on parle alors de *forces suivieuses*.

On cherche maintenant à écrire les équations d'équilibre en chaque point du matériau soumis à des forces. Pour cela, on cherche à caractériser ce qui se passe à la frontière de n'importe quel sous-domaine A^φ inclus dans $\overline{\Omega^\varphi}$ (voir figure 2.3). Ce sous-domaine étant à l'équilibre dans la configuration déformée, les forces en surface doivent compenser les forces en volume :

$$\int_{A^\varphi} f^\varphi(x^\varphi) dx^\varphi + \int_{\partial A^\varphi} t^\varphi(x^\varphi, n^\varphi) da^\varphi = 0, \quad (2.1)$$

$$\int_{A^\varphi} x^\varphi \times f^\varphi(x^\varphi) dx^\varphi + \int_{\partial A^\varphi} x^\varphi \times t^\varphi(x^\varphi, n^\varphi) da^\varphi = 0 \quad (2.2)$$

où \times désigne le produit vectoriel, f les forces en volume, n la normale en un point de la surface ∂A^φ , et t les forces exercées par le matériau sur la surface ∂A^φ en réaction à déformation, appelées *contraintes*. Ces deux équations forment l'axiome de l'équilibre statique. Notons que ces équations sont vraies quel que soit le repère choisi pour les exprimer.

L'axiome précédent entraîne un résultat essentiel, appelé *théorème de Cauchy* : quel que soit le matériau, l'application $t^\varphi(x, n)$ qui associe à un point la réaction du matériau selon la normale n , est linéaire par rapport à n . Cela permet de l'écrire sous la forme d'un tenseur symétrique :

$$T^\varphi(x^\varphi)n = t^\varphi(x^\varphi, n)$$

T^φ est appelé *tenseur des contraintes de Cauchy*. En appliquant le théorème de la divergence à l'équation 2.1, on obtient les équations d'équilibre sous forme différentielle :

$$\begin{aligned} -\operatorname{div}^\varphi T^\varphi &= f^\varphi \quad \text{dans } \Omega^\varphi, \\ T^\varphi n^\varphi &= g^\varphi \quad \text{sur } \partial\Omega^\varphi \end{aligned}$$

où g sont les forces appliquées à la surface du domaine. On peut aussi écrire cette relation sous forme intégrale, appelée formulation variationnelle :

$$\int_{\Omega^\varphi} T^\varphi : \nabla^\varphi \theta^\varphi dx^\varphi = \int_{\Omega^\varphi} f^\varphi \cdot \theta^\varphi dx^\varphi + \int_{\partial\Omega^\varphi} g^\varphi \cdot \theta^\varphi da^\varphi$$

où l'opérateur “:” représente la somme des produits terme à terme de deux matrices, pour tout champ de vecteurs suffisamment régulier θ . C'est cette forme que nous utiliserons pour résoudre le problème à l'aide de la méthode des éléments finis.

Les équations précédentes sont exprimées dans la configuration déformée Ω^φ , qui n'est pas connue. Pour pouvoir résoudre le problème, on déplace donc ces équations dans la configuration d'origine : on obtient alors une équation aux dérivées partielles définie sur le domaine Ω qui est parfaitement connu. On introduit tout d'abord le *premier tenseur de contraintes de Piola-Kirchoff* :

$$T(x) = (\det \nabla \varphi(x)) T^\varphi(x^\varphi) \nabla \varphi(x)^{-1}$$

L'équation aux dérivées partielles dans la configuration de référence s'écrit alors :

$$\begin{aligned} -\operatorname{div} T &= f \quad \text{dans } \Omega, \\ Tn &= g \quad \text{sur } \partial\Omega \end{aligned}$$

La formulation variationnelle devient :

$$\int_{\Omega} T : \nabla \theta dx = \int_{\Omega} f \cdot \theta dx + \int_{\partial\Omega} g \cdot \theta da \quad (2.3)$$

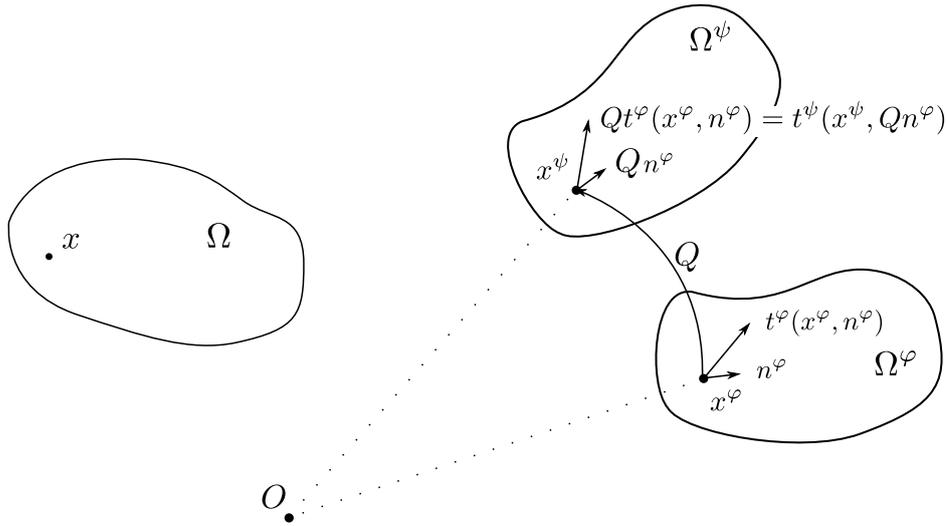


FIGURE 2.4 – L'axiome de l'indifférence matérielle

Il n'est pas possible de résoudre les équations précédentes directement : en effet, l'inconnue, le tenseur T , est formé de 6 composantes indépendantes, or nous ne disposons que de trois équations (une par composante). Cela vient du fait qu'il manque une relation entre T et la déformation φ . Cette relation, appelée *réponse du matériau*, caractérise la physique du matériau élastique considéré.

2.2.4 Réponse des matériaux élastiques

On pose $T^G(x, \varphi) = T^\varphi(x^\varphi)$ l'application qui associe à un point du matériau dans la configuration de référence, et à la déformation, le tenseur de contraintes de Cauchy. Cette formulation est très générale et on ne peut donc rien en déduire. Nous sommes donc amenés à faire un certain nombre d'hypothèses sur le matériau : élasticité, indifférence matérielle, isotropie, et homogénéité.

Un matériau est dit *élastique* si sa réponse ne dépend que du gradient de la déformation :

$$\exists T^E, T^E(x, \nabla\varphi) = T^G(x, \varphi)$$

La réponse d'un matériau élastique n'est pas modifiée par des transformations rigides appliquées à sa configuration déformée. Les translations ont un gradient nul, cette contrainte est donc déjà traduite par l'hypothèse d'élasticité. Cependant, les rotations ont un gradient non nul. La traduction mathématique du fait que des rotations appliquées à la configuration déformée n'influent pas sur la réponse du matériau s'appelle *axiome d'indifférence matérielle* (voir figure 2.4). Soit Q une matrice de rotation, alors :

$$\forall Q, T^E(x, Q\nabla\varphi) = QT^E(x, \nabla\varphi)Q^T$$

Enfin, certains matériaux élastiques sont *isotropes*. Cela signifie que la réponse du matériau est la même dans toutes les directions, ou encore que la réponse du matériau n'est pas modifiée par une rotation de la configuration de référence :

$$\forall Q, T^E((x, \nabla\varphi)Q) = T^E(x, \nabla\varphi)$$

Malgré des formulations similaires, les deux hypothèses précédentes sont très différentes : la première est un axiome très général, la deuxième est une propriété physique qui n'est vérifiée que pour un petit nombre de matériaux.

Les hypothèses d'élasticité, d'indifférence matérielle et d'isotropie entraînent la propriété suivante :

$$\exists T^I, \forall \varphi, T^I(x, \nabla \varphi^T \nabla \varphi - I) = T^I(x, E) = T^E(x, \nabla \varphi)$$

c'est-à-dire que la réponse du matériau ne dépend que de la composante non rigide de la déformation. La fonction T^I caractérise donc tout matériau élastique isotrope. Quand un matériau est soumis à une déformation rigide, $E = 0$. La valeur de $T^I(x, 0)$ représente donc les contraintes qui s'exercent au point x quand le matériau est au repos. Nous supposons ces contraintes nulles. Il est intéressant d'étudier le comportement de la réponse du matériau pour les déformations faiblement non rigides, c'est-à-dire pour E au voisinage de 0. Si le matériau est élastique, isotrope et sans contraintes au repos, le développement limité à l'ordre 1 de T^I ne dépend que de deux constantes :

$$T^I(x, E) = \lambda(x)(\text{tr} E)I + 2\mu(x)E + o(E) \quad (2.4)$$

Dans la pratique, on néglige souvent le terme $o(E)$. On parle alors d'hypothèse des **petites déformations**.

Un matériau est dit *homogène*, si sa réponse ne dépend pas de la position dans la configuration de référence. On a alors :

$$\forall x, T^E(x, \nabla \varphi) = T^E(0, \nabla \varphi) = T^E(\nabla \varphi)$$

de même :

$$\forall x, T^I(x, E) = T^I(0, E) = T^I(E)$$

Pour tout ce qui suit, nous considérons un matériau homogène. La relation 2.4 devient :

$$T^I(E) = \lambda(\text{tr} E)I + 2\mu E + o(E)$$

Les deux constantes λ et μ , appelées *constantes de Lamé*, sont directement liées à la physique du matériau. Cependant, leur interprétation n'est pas aisée. On définit donc le *module d'Young* et le *coefficient de Poisson* :

$$Y = \frac{\mu(3\lambda + 2\mu)}{\lambda + \mu}$$

$$\nu = \frac{\lambda}{2(\lambda + \mu)}$$

Y définit la raideur du matériau, c'est la généralisation à la mécanique de matériaux continus de la constante de raideur des ressorts. ν définit la compressibilité du matériau, et varie entre 0 (matériau complètement compressible) et 0.5 (matériau incompressible) pour les matériaux courants (certains polymères ont un coefficient de Poisson négatif). Les matériaux élastiques isotropes homogènes sont donc définis par ces deux constantes et par le terme $o(E)$ qui définit leur comportement pour de grandes déformations. Si l'on fixe ce terme à 0, on obtient les matériaux de *Saint Venant-Kirchoff*. C'est ceux que nous utiliserons pour notre modèle élastique non-linéaire.

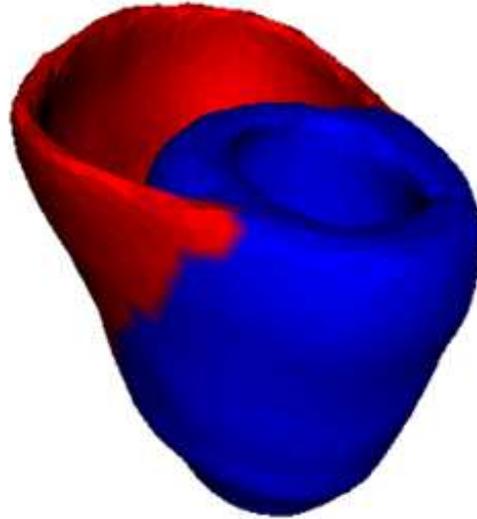


FIGURE 2.5 – Exemple de gabarit 3D pour la segmentation des deux ventricules

2.3 Modèle élastique non linéaire statique

Nous présentons maintenant le Gabarit Déformable Élastique non-linéaire statique. Comme exposé précédemment, le GDE se compose d'une forme *a priori* et d'un modèle de déformation. La figure 2.5 montre un exemple de gabarit 3D utilisé pour la segmentation des deux ventricules du cœur. Pour segmenter une image avec le GDE, on considère la forme *a priori* comme la configuration de référence. On la soumet à un champ de force surfacique g calculé à partir de l'image (le calcul de ce champ sera exposé ultérieurement dans la section 2.6). On résout alors le problème suivant, directement issu de la formulation variationnelle du problème élastique statique (2.3) :

$$\int_{\Omega} T^I(E) : \nabla \theta dx = \int_{\partial\Omega^e} g \cdot \theta da \quad (2.5)$$

La forme de la configuration déformée à l'équilibre statique est la segmentation recherchée. Pour une présentation complète du GDE linéaire, nous renvoyons le lecteur aux thèses de Vincent [39] et Pham [38].

2.3.1 L'algorithme de Rouchdy

La formulation initiale du GDE utilise deux hypothèses de linéarité : l'hypothèse des petits déplacements, qui permet de linéariser le tenseur de déformations E , et l'hypothèse de matériau linéaire ou matériau de St Venant-Kirchoff, qui consiste à négliger les termes d'ordre supérieur dans le développement limité du tenseur des contraintes. Ces hypothèses permettent une implantation simplifiée. Cependant, comme cela sera montré ultérieurement dans ce chapitre (section 2.3.7), ces hypothèses sont trop restrictives pour une application à la segmentation d'images cardiaques. En effet, la forme du cœur présente une grande variabilité inter-patients.

Pour résoudre ce problème, Pham [38] propose de relâcher périodiquement les contraintes, c'est-à-dire de considérer la configuration déformée comme configuration d'origine. On obtient alors une suite de configurations :

$$\int_{\Omega_n} T^I(E) : \nabla \theta dx = \int_{\partial\Omega_{n+1}} g \cdot \theta da$$

où Ω_{n+1} est la configuration déformée qui correspond à l'équilibre obtenue à partir de la configuration Ω_n . La configuration Ω_0 est définie comme la forme initiale du modèle.

Cette solution permet d'obtenir de grands déplacements. Cependant, elle ne permet pas de contrôler le déplacement total, puisque les contraintes sont totalement relâchées à chaque itération. Elle ne peut donc plus être vue comme une minimisation de la somme d'une énergie modèle et d'une énergie données. En pratique, on est amené à arrêter ce processus au bout d'un nombre arbitraire d'itérations.

Afin de palier cet inconvénient, un modèle non-linéaire, basé sur le matériau de St Venant-Kirchoff, qui est le modèle le plus simple de matériau hyperélastique, a donc été proposé. Ce modèle permet d'obtenir une déformation réaliste et régulière même en présence de grands déplacements. Rouchdy [71] a proposé un algorithme incrémental basé sur le matériau hyperélastique de St Venant-Kirchoff. Son algorithme ne nécessite pas la linéarisation du tenseur de déformations E . Il consiste à résoudre l'équation différentielle suivante par différences finies :

$$L(u(\lambda)) = \lambda f(u(\lambda)) \quad (2.6)$$

où λ est une variable réelle qui varie entre 0 et 1, et $L \in \{\Omega \rightarrow \mathbb{R}^3\} \times \{\partial\Omega \rightarrow \mathbb{R}^3\}$ un opérateur élastique défini de la manière suivante :

$$L(u) = \begin{pmatrix} \operatorname{div}(T^I(E(u))) \\ T^I(E(u))\nu \end{pmatrix}$$

qui au déplacement défini sur $\bar{\Omega}$ associe une fonction sur Ω et une fonction sur $\partial\Omega$. ν est la normale au domaine en un point de $\partial\Omega$. f est définie sur le même domaine que L et s'écrit de la manière suivante :

$$f(u) = \begin{pmatrix} 0 \\ g \end{pmatrix}$$

Un simple schéma d'Euler explicite sur l'équation 2.6 donne l'algorithme suivant :

$$\begin{cases} u_0 = 0 \\ L'_1(u_n)(u_{n+1} - u_n) = 0 & \text{sur } \Omega \\ (L'_2(u_n) - \lambda_n g'(u_n))(u_{n+1} - u_n) = (\lambda_{n+1} - \lambda_n)g(u_n) & \text{sur } \partial\Omega \end{cases} \quad (2.7)$$

Rouchdy a montré que, si un certain nombre d'hypothèses sont respectées (voir [71] pour l'énoncé complet), cet algorithme converge et $u(1)$ satisfait les conditions d'optimalité du problème élastique. D'autre part, il a montré que le problème variationnel d'équilibre statique en traction pure d'un matériau hyperélastique avec forces suiveuses admet une solution. Il est donc démontré que cet algorithme permet d'obtenir une solution au problème hyperélastique.

En pratique, on résout l'équation différentielle en λ en appliquant une méthode d'Euler classique. Rouchdy a montré que l'erreur commise est bornée de la manière suivante :

$$\|u_n - u(\lambda_n)\| \leq c(\lambda_{n+1} - \lambda_n)$$

où u_n est la nième valeur du déplacement calculée avec la méthode d'Euler, et $u(\lambda_n)$ la solution exacte pour le λ correspondant.

2.3.2 Justification des hypothèses

Dans la partie précédente, nous avons été amenés à faire un certain nombre d'hypothèses. Deux d'entre elles sont particulièrement fortes : on suppose que le matériau du GDE est homogène et isotrope. Ces hypothèses ne sont pas vérifiées par le cœur. Cependant, les méthodes d'imagerie actuelles ne permettent pour l'instant pas d'avoir accès *in vivo* ni à l'information d'anisotropie, ni à la variation des paramètres élastiques dans le myocarde. Comme cette information n'est pas disponible, il n'est pas possible de l'intégrer dans l'*a priori*.

2.3.3 Résolution par la méthode des éléments finis

Il est impossible de résoudre directement les problèmes continus de chaque itération de l'algorithme 2.7. En effet, les solutions appartiennent à un espace fonctionnel de dimension infinie (espace de Hilbert). On a donc recours à une méthode d'approximation pour se ramener à un espace vectoriel de dimension finie. De nombreuses méthodes ont été développées au cours du XXe siècle ; la plus connue est celle des éléments finis. Le principe est d'écrire l'équation aux dérivées partielles (EDP) sous forme variationnelle. De manière très générale, on se ramène alors à un problème de la forme :

$$\begin{cases} \text{Trouver } u \in W \text{ tel que} \\ a(u, v) = f(v), \forall v \in V \end{cases}$$

où V et W sont des espaces de Hilbert, a une forme bilinéaire, et f une application linéaire. Notons que les différents opérateurs de dérivation sont tous linéaires : ce cadre est donc bien adapté à la résolution des EDP. On passe alors dans un espace de dimension finie approchant l'espace des solutions. Rappelons qu'en dimension finie, une forme bilinéaire peut s'écrire sous la forme matricielle $u^T Av$. D'autre part, comme le problème est linéaire, il suffit de vérifier la condition $u^T Av = Fv$ pour les vecteurs de la base. On obtient alors une équation pour chaque vecteur de la base, et l'ensemble forme un système linéaire :

$$Au = F$$

qu'il suffit alors de résoudre pour trouver une approximation de la solution du problème initial. La méthode repose sur un fondement mathématique solide et sous certaines conditions, il est possible de borner l'erreur commise en fonction du choix de l'espace de dimension finie. De nombreux choix sont possibles pour cet espace. La méthode des éléments finis repose sur le choix d'un espace généré par

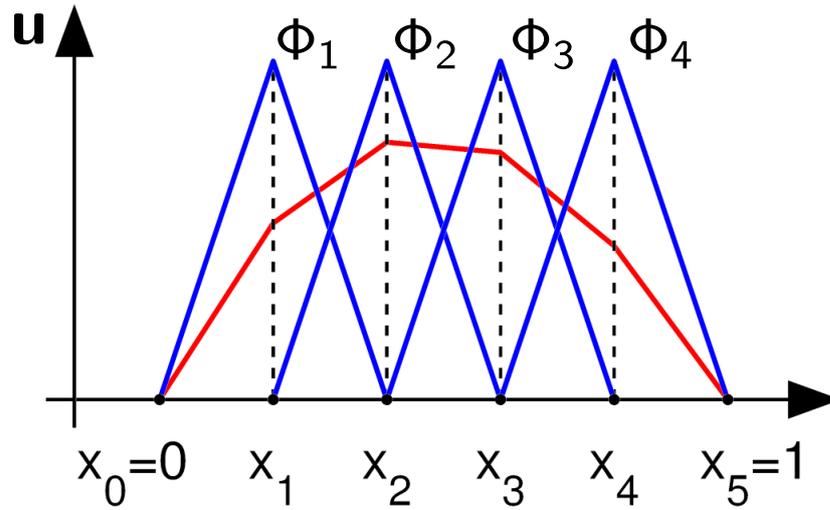


FIGURE 2.6 – Exemple de base de fonctions en une dimension (en bleu). En rouge, une combinaison linéaire des fonctions de base

des fonctions de bases polynomiales à support polyédral fini. Nous nous limiterons au cas de fonctions de base affines : la figure 2.6 en donne une illustration en une dimension. Notons que le choix de fonctions à support fini permet d’obtenir un système extrêmement creux, ce qui est intéressant du point de vue du temps de calcul.

En dimension supérieure, le principe reste le même, mais la division de l’espace en éléments réguliers n’est pas triviale : on parle de maillage de l’espace. En trois dimensions, on maille généralement l’espace en éléments tétraédriques. De nombreuses méthodes de génération de maillages existent. Nous en avons notamment proposé une, basée sur une discrétisation de l’espace en grille régulière [73]. Pour toutes les expériences présentées de ce chapitre, le logiciel de maillage utilisé est GHS3D [74].

On peut réécrire chaque itération de l’algorithme 2.7 sous forme variationnelle :

$$\int_{\Omega} k(u_n, u_{n+1}) : \nabla v \, dx - \lambda_n \langle g'(u_n) \cdot u_{n+1}, v \rangle = \int_{\Omega} k(u_n, u_n) : \nabla v \, dx - \lambda_n \langle g'(u_n) \cdot u_n, v \rangle + (\lambda_{n+1} - \lambda_n) \int_{\partial\Omega} g(u) v \, d\sigma \quad \forall v_h \in V_h. \quad (2.8)$$

où

$$k(u, w) = \frac{1}{2} (I + \nabla u) \Sigma (\nabla w + \nabla w^T + \nabla u^t \nabla w + \nabla w^t \nabla u) + \nabla w \Sigma (E(u))$$

et

$$\Sigma(E) = \lambda \operatorname{tr}(E) I + 2\mu E.$$

On remarque que $k(u, w)$ est linéaire par rapport à w . $\Phi_u(w, v) = k(u, w) : \nabla v$ est donc une forme bilinéaire. D’autre part, le terme de bord qui s’exprime avec un produit scalaire l’est également. La somme des deux est donc une forme bilinéaire et la méthode des éléments finis s’applique. Supposons que l’on dispose

d'une famille de M fonctions ψ_i qui forment une base de l'espace d'approximation des éléments finis. On peut alors écrire le déplacement comme une combinaison linéaire de ces fonctions :

$$u = \sum_{i=1}^{i=M} U_i \psi_i$$

L'algorithme 2.7 s'écrit alors :

$$\mathbf{A}^n \mathbf{U}_{n+1} = \mathbf{A}^n \mathbf{U}_n + (\lambda_{n+1} - \lambda_n) \mathbf{F}(\mathbf{U}_n) \quad (2.9)$$

où \mathbf{A} est la matrice de raideur pour chaque itération :

$$\mathbf{A}^n = \mathbf{K}^n - \lambda_n \mathbf{D}^n$$

et

$$\begin{aligned} K_{ij}^n &= \int_{\Omega} k(u_n, \psi_i) : \nabla \psi_j d\omega \\ D_{ij}^n &= \langle g'(u_n) \psi_i, \psi_j \rangle \end{aligned} \quad (2.10)$$

Selon le choix des ψ_i , on peut calculer ces termes directement ou en utilisant une méthode de quadrature numérique comme la méthode des points de Gauss. Dans notre implémentation, nous utilisons une intégration numérique à quatre points de Gauss. De la même manière, on écrit le terme de force :

$$F_j(U_n) = \int_{\partial\Omega} g(u_n) \psi_j d\sigma \quad (2.11)$$

2.3.4 Calcul du terme de force

Le calcul du terme de force décrit par l'équation 2.11 nécessite d'intégrer le champ de force sur toute la surface du modèle. En pratique, le champ de force est calculé à partir de l'image et interpolé pour obtenir un champ continu. Il est donc relativement coûteux en temps de calcul de l'échantillonner. Pour résoudre ce problème, Pham et Rouchdy utilisaient simplement la valeur du champ de force aux nœuds du maillage, soit

$$F_j(U_n) \approx g(u_n)$$

Cette approche, bien que très rapide, pose un certain nombre de problèmes. En particulier, elle néglige complètement le fait que tous les éléments du maillage n'ont pas la même surface. Nous proposons d'utiliser une meilleure approximation basée sur l'hypothèse que les forces sont à peu près constantes sur chaque élément de surface :

$$F_j(U_n) = \int_{\partial\Omega} g(u_n) \psi_j d\sigma \approx \frac{g(u_n) \sum_l S_l}{3}$$

où les S_l sont les aires des triangles adjacents au nœud. En effet, on peut associer à chaque point la surface correspondant au polygone reliant le milieu des arêtes adjacentes à ce point (figure 2.7). L'ensemble de ces surfaces forme un maillage dual au maillage des éléments finis et pave entièrement la surface du modèle. On montre facilement que la surface associée à chaque point est égale au tiers de la surface des triangles adjacents, ce qui justifie l'approximation précédente.

En pratique, cette approximation est pratiquement aussi rapide que la précédente, et beaucoup plus stable.

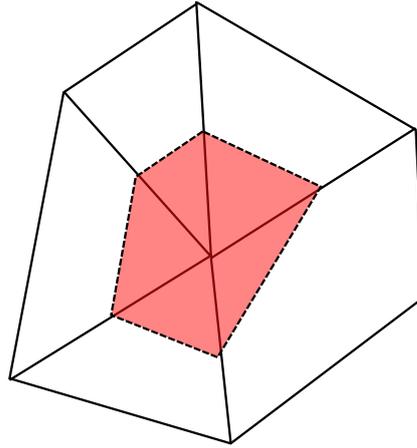


FIGURE 2.7 – Surface associée à un nœud du maillage

2.3.5 Terme de bord dans la matrice de raideur

L'algorithme 2.9 fait intervenir la dérivée en λ du champ de force. Celle-ci est non-linéaire car elle dépend du déplacement. Plutôt que de tenter de discrétiser le champ de force et de calculer ce terme par différences finies, nous proposons de supposer que le champ de force décroît de manière régulière. Cette hypothèse est vérifiée pour l'application de segmentation du GDE puisque l'on va privilégier des champs de forces qui tendent vers 0 vers les contours de l'image. On peut alors faire l'approximation suivante :

$$D_{ij}^n = \langle g'(u_n)\psi_i, \psi_j \rangle \approx \begin{cases} -1 & \text{si } i = j \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

Bien que grossière, cette approximation fonctionne bien en pratique et facilite grandement l'implantation de la méthode.

2.3.6 Gestion des déformations rigides

Tous les développements précédents ont été faits dans l'hypothèse que les forces appliquées au modèle sont équilibrées, c'est-à-dire que la résultante et le moment total des forces appliquées sont nuls. Cependant, cette hypothèse n'est jamais complètement vérifiée quand le champ de force est calculé à partir d'une image réelle. Cela pose un problème important en pratique, car la matrice de raideur a des valeurs propres nulles pour les forces non équilibrées. Il est donc impossible de résoudre le système linéaire si l'équilibre n'est pas respecté. On modifie donc la matrice de raideur de manière à supprimer les valeurs propres nulles :

$$\mathbf{A}_{reg}^n = \mathbf{A}^n + \alpha \mathbf{I}$$

où α est une constante petite par rapport aux valeurs propres de la matrice de raideur. Physiquement, cette méthode revient à ajouter un petit ressort qui attache chaque point du maillage à sa position d'origine, pénalisant ainsi les déplacements rigides. Si cette méthode fonctionne bien en pratique, elle n'est pas sans inconvénients. En particulier, fixer le paramètre α peut être délicat : si on le choisit trop

petit, des oscillations liées aux mouvements rigides peuvent apparaître. Si on le choisit trop grand, il pénalise les déplacements et dégrade la solution.

Pour faciliter le choix de ce paramètre, il serait judicieux de faire dépendre la force du ressort attachant chaque point du maillage à sa position d'origine en fonction du volume des éléments adjacents. On modifierait alors les éléments de la matrice \mathbf{K} de la manière suivante :

$$K_{ij}^n = \int_{\Omega} k(u_n, \psi_i) : \nabla \psi_j d\omega + \alpha \langle \psi_i, \psi_j \rangle$$

Nous n'avons cependant pas évalué cette possibilité.

2.3.7 Résultats sur formes de synthèse

Pour illustrer le fonctionnement du modèle non-linéaire et son intérêt par rapport au GDE linéaire, nous présentons ici quelques résultats sur des formes de synthèse. Des résultats sur des IRM seront présentés à la fin de ce chapitre. Nous présentons les résultats de deux expériences consistant à déformer un maillage initiale de sphère vers un ellipsoïde et un cube. La figure 2.10 montre le maillage initial, composé de 6039 points. Le tableau 2.8 résume les paramètres utilisés pour les simulations. En outre, pour toutes les expériences, le module d'Young et le coefficient de Poisson étaient de 20 et 0.4, respectivement. (Les unités sont arbitraires puisque les forces ne correspondent à rien de réel). Pour évaluer la régularité des déformations calculées, nous utilisons un critère de qualité sur le maillage déformé. De nombreux critères de qualité existent [75] ; nous avons choisi l'un des plus courants, qui est le rapport du rayon de la sphère inscrite au tétraèdre sur la longueur h_{max} de sa plus grande arête. En pratique, ce critère se calcule avec la formule suivante :

$$Q = \sqrt{24} \frac{3V}{Ah_{max}}$$

où V et A sont le volume et l'aire totale des faces du tétraèdre, respectivement. Ce critère varie entre 0 (mauvaise qualité) et 1 pour un maillage parfaitement régulier formé uniquement de tétraèdres équilatéraux. Le tableau 2.9 donne les principaux résultats quantitatifs. Les maillages résultants sont présentés aux figures 2.11 et 2.12.

Ces résultats illustrent bien l'intérêt du modèle non-linéaire. D'une part, la qualité du maillage se dégrade moins au cours du processus. En particulier, on n'observe pas d'éléments très dégradés, ce qui est fréquent avec le modèle linéaire. Visuellement, on constate qu'avec le modèle linéaire, les éléments se dégradent près des zones à forte courbure, ce qui est moins le cas avec le modèle non-linéaire.

Au niveau du temps de calcul, chaque itération non-linéaire est beaucoup plus coûteuse qu'une itération du modèle linéaire. Cependant, le modèle non-linéaire nécessite moins d'itérations pour converger vers la bonne forme. De plus, le maillage se dégradant en linéaire, à partir d'un certain nombre d'itérations le système linéaire devient mal conditionné et le temps de calcul augmente très rapidement. Nous n'avons pas observé ce problème avec le modèle non-linéaire. Au

	Ell. linéaire	Ell. non-linéaire	Cube linéaire	Cube non-linéaire
Norme des forces	10	50	20	100
Δt	0.025	0.04	0.025	0.04
Itérations internes	40	5	40	5
Itérations externes	5	5	5	5

FIGURE 2.8 – Paramètres utilisés pour les expériences sur images de synthèse

	Ellipse linéaire	Ellipse non-linéaire	Cube linéaire	Cube non-linéaire
Temps de calcul	55s	1m27s	54s	1m25s
Qualité moyenne	0.620	0.637	0.584	0.608
Qualité minimale	0.211	0.177	0.098	0.167
Qualité maximale	0.970	0.960	0.965	0.965
Ecart-type qualité	± 0.116	± 0.122	± 0.133	± 0.122

FIGURE 2.9 – Résultats quantitatifs sur images de synthèse

final, l'utilisation du modèle non-linéaire permet d'obtenir de meilleures déformations pour un coût modéré en temps de calcul.

2.4 Contrainte de champ nul

Pour certaines applications du GDE, le champ de force est de bonne qualité, et l'on souhaite imposer que les contours du modèle à convergence passe par les zéros du champ de force, c'est-à-dire :

$$\mathbf{F}(\mathbf{U}) = \mathbf{0} \quad (2.12)$$

La formulation standard du GDE n'impose pas cette condition, puisqu'elle cherche un compromis entre la minimisation de $J_{a priori}$ et J_{image} .

Nous proposons dans cette partie une méthode qui permet de trouver un minimum global de ce deuxième terme, soit $J_{image} = \mathbf{F}(\mathbf{U}) = \mathbf{0}$, tout en gardant une déformation raisonnable au sens de l'*a priori*. Pour cela, Pham [38] a proposé un algorithme basé sur l'accumulation progressive des forces :

$$\frac{\mathbf{U}^{\lambda+1} - \mathbf{U}^{\lambda}}{\Delta\lambda} + \mathbf{K}\mathbf{U}^{\lambda+1} = \sum_{p=1}^{\lambda-1} \mathbf{F}(\mathbf{U}^p)$$

Il est prouvé que cet algorithme converge au voisinage de la solution, et que si l'algorithme converge, la contrainte 2.12 est respectée. Cependant, il n'a pas été possible de montrer que l'algorithme converge quelle que soit l'initialisation. Nous proposons une méthode alternative, qui satisfait également la contrainte et pour laquelle la convergence est démontrée. Intuitivement, l'idée est de faire progressivement tendre le poids de l'énergie élastique vers zéro.

Soit $\alpha : \mathbb{R}^+ \rightarrow \mathbb{R}^+$ une fonction régulière, intégrable sur \mathbb{R}^+ , décroissante, et bornée inférieurement sur tout sous-ensemble de \mathbb{R}^+ et admettant :

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} \alpha(t) = 0$$

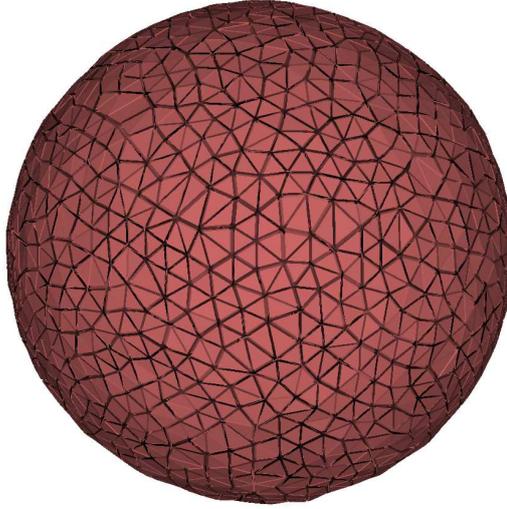


FIGURE 2.10 – Maillage volumique de sphère utilisé comme modèle initial pour les expériences sur images de synthèse

Supposons en plus que le champ de force est Lipschitzien et dérive d'un potentiel. Alors :

Théorème 1. *Pour tout $0 < t < T$, le problème suivant :*

$$\begin{cases} \frac{d}{dt}u(t) - \operatorname{div} \alpha(t)\sigma(u(t)) & = 0 \text{ dans } \Omega_0; \\ \alpha(t)\sigma(u(t)) \cdot n & = \mathbf{f}(I + u(t)) \text{ sur } \partial\Omega_0; \\ u(0) = 0 & \text{dans } \Omega_0. \end{cases} \quad (2.13)$$

admet une unique solution u

De plus :

Théorème 2. *La solution $u(t)$ au problème précédent converge vers \bar{u} solution de*

$$\mathbf{f}(I + \bar{u}) = 0 \text{ sur } \partial\Omega_0. \quad (2.14)$$

La démonstration de ces deux théorèmes, due à Jérôme Pousin, est reproduite en annexe 4.7.3.

Nous avons donc introduit un algorithme qui permet d'obtenir une solution élastique tout en respectant la contrainte de champ nul. En pratique, on peut choisir la fonction exponentielle qui vérifie toutes les hypothèses énoncées précédemment. En éléments finis, l'algorithme s'écrit :

$$(\Delta\lambda e^{-\beta t} \mathbf{K} + \mathbf{I})\mathbf{U}^\lambda = \Delta\lambda \mathbf{F}(\mathbf{U}^{\lambda-1}) + \mathbf{U}^{\lambda-1}$$

où $\Delta\lambda$ est le pas de temps d'intégration en λ . β doit être choisi de manière à ce que la fonction exponentielle varie lentement par rapport à $\mathbf{F}(\mathbf{U})$. Le choix de la fonction exponentielle n'est pas complètement anodin : en effet, cette fonction assure une variation relative constante :

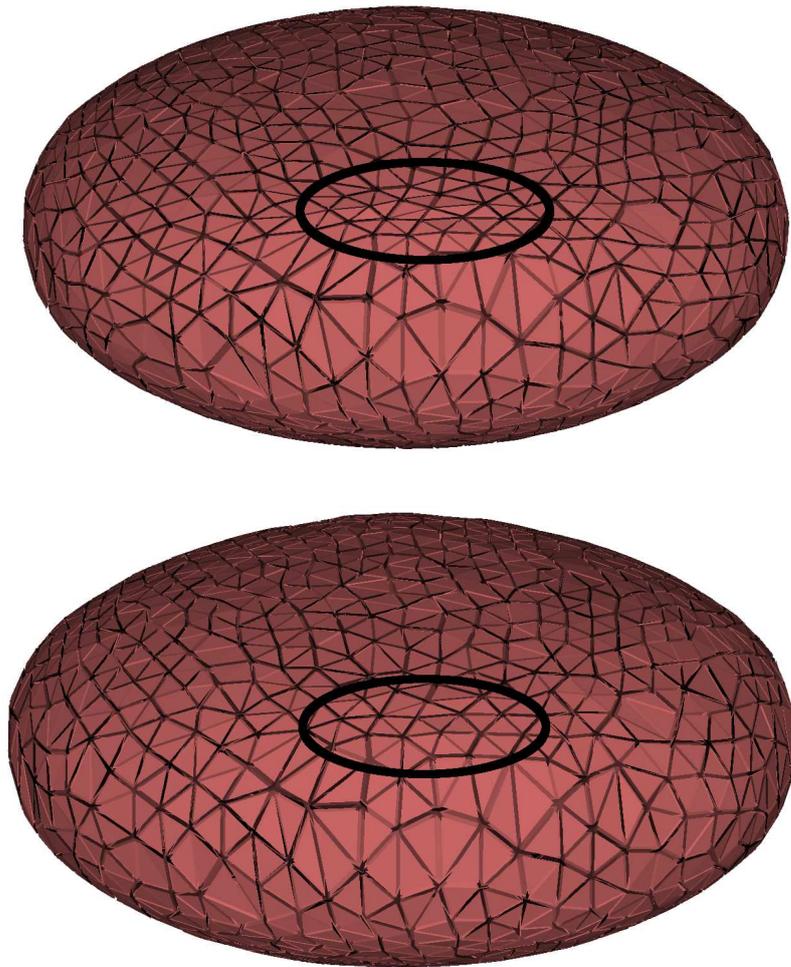


FIGURE 2.11 – Sphère vers ellipse : en haut, algorithme linéaire. En bas, algorithme non-linéaire proposé. La zone entourée en noir illustre le problème de dégradation des éléments avec l'algorithme linéaire

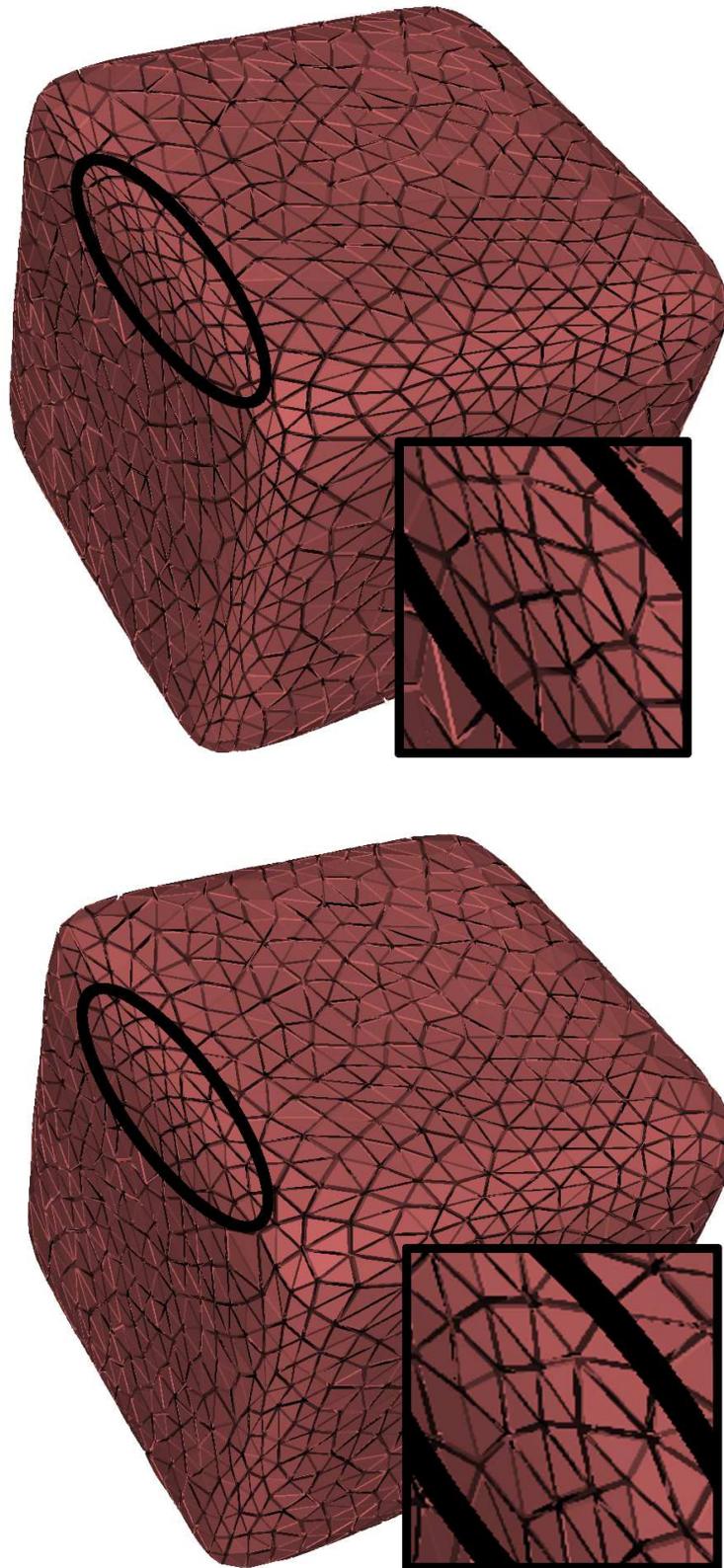


FIGURE 2.12 – Sphère vers cube : en haut, algorithme linéaire. En bas, algorithme non-linéaire proposé. La zone entourée en noir illustre le problème de dégradation des éléments avec l'algorithme linéaire

$$\begin{aligned}(e^{-x})' &= -e^{-x} \\ \frac{(e^{-x})'}{e^{-x}} &= -1\end{aligned}$$

La figure 2.13 illustre deux résultats obtenus avec cette méthode, avec deux champs de forces différents. Ces résultats montrent que selon l'application, le respect de la contrainte élastique peut être un avantage ou un inconvénient : si le champ de force est de bonne qualité, elle permet d'assurer que les contours du modèle correspondent bien aux contours de l'image. Par contre, si le champ de force est de mauvaise qualité, elle autorise des déformations très importantes par rapport à la forme de départ, entraînant potentiellement des erreurs importantes.

2.5 Multirésolution sur maillages

La taille du maillage contribue de manière importante au temps de calcul requis par l'algorithme : d'une part, la taille de la matrice de raideur est de $3N \times 3N$, où N est le nombre de points du maillage. Le temps nécessaire à la résolution du système linéaire augmente donc avec la taille du maillage (de manière différente selon le type de méthode utilisé). D'autre part, la fonction de force doit être échantillonnée en chaque point du maillage à chaque itération, ce qui est également coûteux en temps de calcul. Cependant, utiliser un maillage trop peu résolu conduit à une solution peu précise. Pour bénéficier du temps de calcul limité d'un maillage grossier tout en gardant la qualité de la solution obtenue avec un maillage fin, nous proposons de recourir à une méthode de multirésolution sur le maillage.

L'algorithme convergeant beaucoup plus rapidement quand il est initialisé près de la solution, l'idée de la multirésolution est la suivante : résoudre le problème avec un maillage grossier, puis utiliser le déplacement estimé pour initialiser l'algorithme avec un maillage plus fin. On peut répéter cette opération de manière à avoir une cascade de niveaux de résolution. En pratique, nos expériences ont montré que 3 niveaux de résolution suffisent. La figure 2.14 montre une pyramide de maillages à trois niveaux. De nombreuses méthodes permettent d'obtenir des maillages à plusieurs niveaux de résolution à partir d'un maillage à haute résolution. Citons par exemple les ondelettes sur maillages [76]. Pour nos expériences, nous avons simplement utilisé le même mailleur avec des tailles d'éléments souhaitées différentes.

Pour initialiser le maillage fin à partir du déplacement du maillage grossier, il faut être en mesure d'interpoler les déplacements aux points du maillage fin. Plusieurs solutions sont envisageables. Une solution évidente pourrait être d'utiliser l'interpolation des éléments finis. Cependant, il arrive que des points du maillage fin soient légèrement à l'extérieur du maillage grossier. La fonction de déplacement continue obtenue avec les éléments finis n'est alors pas définie en ces points. Pour éviter ce problème, nous avons choisi d'utiliser une méthode d'interpolation basée sur les fonctions de splines de plaques minces [77] qui permet d'interpoler une fonction définie sur un ensemble arbitraire de points et qui n'est pas limitée au support du maillage.

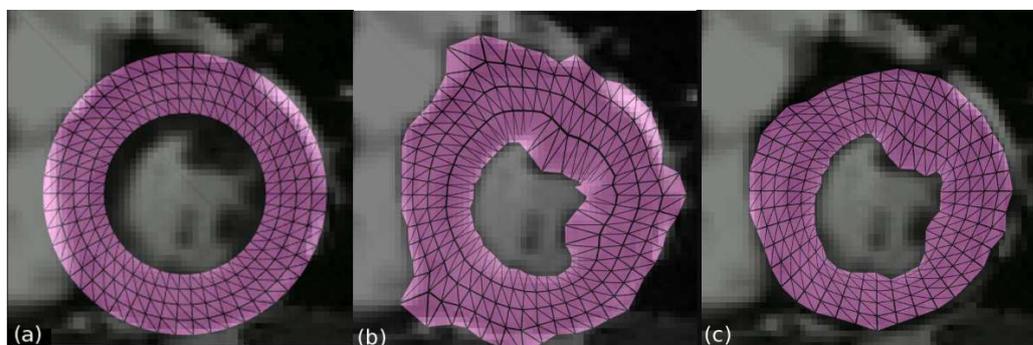


FIGURE 2.13 – Contrainte de champ nul. (a) Initialisation, (b) résultat avec un champ de force irrégulier, (c) résultat avec un champ de force régulier

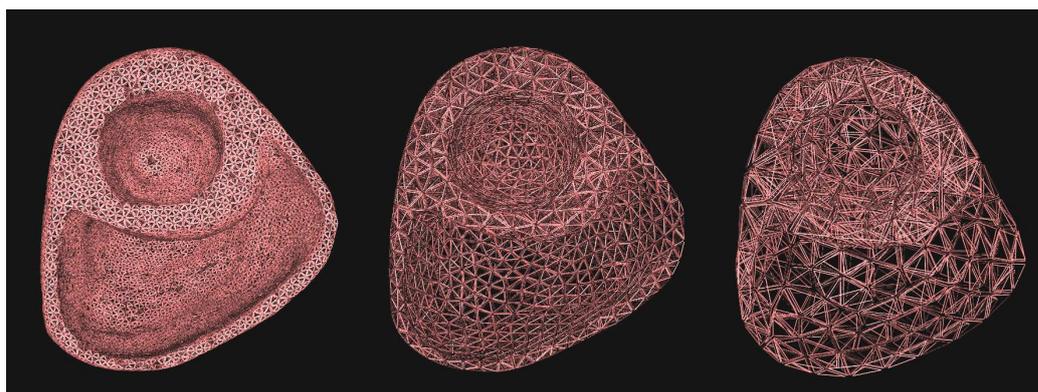


FIGURE 2.14 – Pyramide de maillages multirésolution : à gauche, résolution maximale (maillage fin) ; à droite, résolution minimale (maillage grossier)

On part d'un ensemble de maillages recalés dans la configuration d'origine. On déforme le maillage grossier, puis on interpole les déplacements dans la configuration. On estime alors le déplacement des points du maillage plus fin en échantillonnant la fonction interpolée, et on l'applique au maillage. Cette opération peut bien évidemment se répéter autant de fois que l'on dispose de niveaux de résolution.

Même si le calcul des coefficients de splines n'est pas instantané, l'utilisation de cette stratégie permet approximativement de diviser par deux le temps de calcul nécessaire à la convergence de l'algorithme, comme le montre la figure 2.29 située à la fin du chapitre. La qualité des maillages est similaire à ce qu'on obtient en utilisant directement le maillage le plus résolu.

2.6 Création du champ de force

Le champ de force externe qui s'applique sur le modèle déformable est très important pour la segmentation, puisque c'est lui qui va guider le modèle vers les contours de l'objet à segmenter. Il y a eu un grand nombre de recherches à ce sujet. Cohen [78] donne un bon résumé des différentes approches avant l'invention du Gradient Vector Flow (GVF) [79]. On peut décomposer en quatre étapes la plupart des méthodes de calcul de champs de forces : une série de traitements sur l'image, l'extraction des contours, le calcul d'un champ de vecteurs à partir des contours et un post-traitement sur le champ obtenu.

Vincent, Pham et Rouchdy ont tous utilisé des approches contour basées soit sur la norme du gradient, soit sur une extraction simple des contours par l'opérateur de Canny-Deriche [80, 81]. Cependant, la présence de nombreuses structures dans les images à segmenter rend ces méthodes peu robustes en pratique. Nos nombreuses expériences sur des données diverses (IRM cardiaques petit-animal, IRM de cœurs de cochons, images humaines) nous ont conduits à proposer quelques améliorations pour que la segmentation par gabarit déformable élastique soit la plus robuste possible sur des images réelles variées.

Nous proposons ainsi une méthode originale pour la détection grossière de l'endocarde dans les images petit-axe, ainsi que l'utilisation de champs de forces différenciés pour les différentes interfaces du myocarde. Finalement, après avoir proposé quelques améliorations pour l'application du champ au modèle, nous étudions l'intérêt d'une stratégie multirésolution image pour la segmentation par GDE.

2.6.1 Prétraitement de l'image

Avant d'extraire les contours de l'image, il est nécessaire de la prétraiter pour enlever le bruit et les petites structures qu'on ne cherche pas à segmenter : dans le cas du cœur, les trabéculations et les petites artères (coronaires et pulmonaires). La morphologie mathématique est bien adaptée pour cette tâche : Montillo et al.[82] utilisent une ouverture morphologique avec un élément structurant cylindrique pour prétraiter l'image avant de calculer un champ de force pour un modèle élastique. La taille de l'élément choisi doit être inférieure à la taille de la plus petite structure d'intérêt.

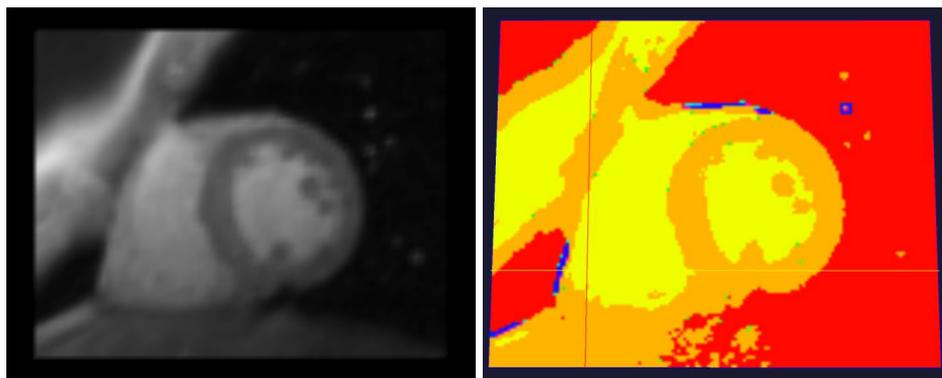


FIGURE 2.15 – Exemple de présegmentation obtenue avec un algorithme de Mean Shift, en utilisant l'intensité et la variance de l'intensité dans un 2-voisinage autour du pixel comme espace d'état

D'autres méthodes de prétraitement peuvent être utilisées : citons notamment la diffusion anisotrope [83] et le filtrage médian. Nous avons implanté ces différentes méthodes pour les comparer. En pratique, toutes ces méthodes permettent d'éliminer les petites structures et le bruit et donnent des résultats de segmentation très proches, l'*a priori* du modèle déformable élastique étant conçu pour compenser les petites erreurs et les informations manquantes dans le champ de force. Le filtre médian étant très rapide à calculer, c'est celui que nous utilisons en pratique.

2.6.2 Extraction des contours

Au cours de cette étape, on cherche à extraire les contours d'intérêt de l'image, vers lesquels le modèle sera attiré. Il n'est pas nécessaire de retrouver tous les points du contour, par contre, un point de contour mal placé risque de fixer le modèle au mauvais endroit. Il est donc intéressant de sous-segmenter légèrement pour limiter au maximum le risque d'extraire des mauvais points.

De nombreuses méthodes d'extraction de contours existent. La plus simple est l'opérateur de gradient de Sobel, qui calcule une approximation discrète de la norme du gradient image. Cette opération est très rapide, mais elle ne tient pas du tout compte de la connectivité des contours. Elle est donc très sensible au bruit.

Pour remédier à ce problème, Deriche et al. [80, 81] ont proposé de filtrer les contours avec la méthode suivante : après avoir calculé le gradient, on le seuille une première fois, pour obtenir des germes (seuil haut). On seuille ensuite une deuxième fois (seuil bas) et on n'ajoute que les points qui sont connectés à un germe. Enfin, on élimine les composantes connexes qui comptent peu de pixels. Cette méthode est très efficace pour éliminer les contours dus au bruit et aux petites structures, mais peut aussi éliminer de vrais contours. D'autre part, elle demande de fixer trois paramètres : les deux seuils et la longueur minimale d'un contour. La figure 2.16 illustre les deux méthodes.

Plus généralement, on peut utiliser n'importe quelle méthode de segmentation orientée niveau de gris (par exemple, la méthode *Mean Shift* [84]) pour servir de base au champ de force. Nous avons appliqué cette méthode à une IRM cardiaque, en utilisant un espace de caractéristiques (en anglais *feature space*) à deux

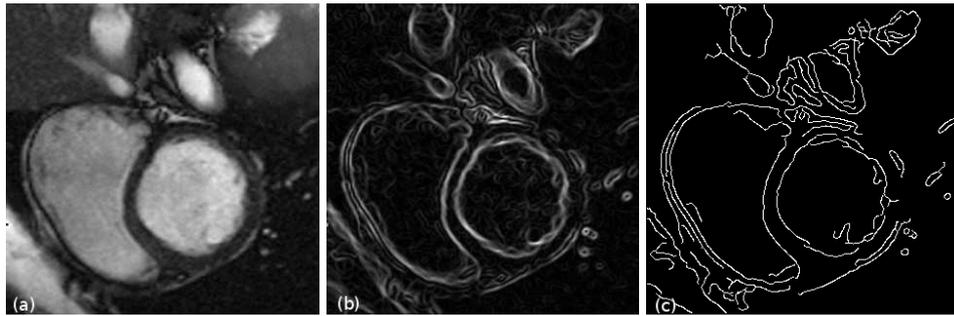


FIGURE 2.16 – Opérateurs de Sobel (b) et de Canny-Deriche (c) pour l'extraction des contours d'une IRM cardiaque petit-axe (a)

composantes : l'intensité du pixel et la variance dans un 2-voisinage autour de celui-ci (figure 2.15). La grande majorité des pixels sont classés dans trois modes.

2.6.3 Utilisation d'un modèle d'apparence du contour

Même si l'opérateur de Canny et Deriche permet d'éliminer de nombreux contours parasites, il est incapable de distinguer les structures d'intérêt (endocarde, péricarde, ventricule droit) des autres structures présentes dans les images. Certains auteurs ont donc proposé d'utiliser un modèle d'apparence de manière à pouvoir faire cette distinction.

On peut classer les différentes méthodes par la nature des informations image qu'elles exploitent. Plus on exploite l'information image, plus on est capable de trier entre les différents contours et de s'affranchir du problème de l'initialisation. En contrepartie, le calcul et l'application de l'attache aux données deviennent de plus en plus complexes et coûteux en temps de calcul. Il est bien entendu possible de combiner plusieurs de ces informations.

1. **Bords** : On ne prend en compte que la norme du gradient de l'image, avec éventuellement une méthode pour éliminer les bords non significatifs [80]. C'est la méthode la plus simple, elle ne fait aucune hypothèse sur l'image et est donc applicable à tous les problèmes ou presque. En revanche, il est impossible de distinguer entre différentes structures.
2. **Orientation des bords** : on prend en compte l'orientation du gradient en plus de son amplitude. Alternativement, on peut regarder l'orientation des pixels appartenant au bord sur un voisinage [85]. L'objectif est de permettre de distinguer des contours orientés différemment [86]. On ne peut donc pas distinguer deux contours parallèles. Des implantations efficaces existent [85].
3. **Intensité** : On prend en compte l'intensité absolue de part et d'autre du contour. Cette méthode apporte beaucoup plus d'information sur les contours que les deux précédentes, mais elle est très dépendante vis-à-vis du type d'imagerie. En IRM notamment, la valeur des pixels dépend de nombreux paramètres et n'est pas forcément reproductible. Montagnat [87] donne un exemple d'utilisation d'une plage d'intensités admissibles.
4. **Profils d'intensité** : on s'intéresse non plus à l'intensité en un point, mais à sa variation autour de ce point dans l'axe du gradient image. Kaus et al. [42]

donnent des exemples de ces profils dans le cas de l'IRM cardiaque. Brejl et Sonka [88] utilisent un algorithme de c-moyennes floues (en anglais *fuzzy c-means*) pour classer les profils obtenus sur un jeu de données d'entraînement. Kaus et al. [42] utilisent l'algorithme de Lloyd [43] pour classer les profils sur les données d'entraînement. Ils utilisent ensuite une combinaison de la valeur, de l'orientation du gradient et de l'intensité pour la segmentation.

5. **Apparence d'un bloc autour du pixel de contour.** Pour ces deux dernières méthodes, la quantité d'information est telle qu'il faut un apprentissage automatique pour classer les bords et trouver des paramètres significatifs. Qian et al. [48] proposent une méthode pour utiliser l'apparence d'un bloc autour du pixel de contour avec l'algorithme d'apprentissage Adaboost.

Dans le cadre de la segmentation d'IRM cardiaques, nous proposons une méthode de détection de points de contour basée sur un apprentissage de l'apparence des profils d'intensité au voisinage des contours. Plus précisément, nous avons segmenté l'endocarde à la main sur une coupe petit axe, et extrait les profils d'intensité selon la normale au voisinage des points du contour (figure 2.17). Nous avons ensuite utilisé l'algorithme *k-means++* [89], dérivé de l'algorithme classique de Lloyd [43], pour classer les profils acquis en les considérant simplement comme des points de \mathbb{R}^n . L'algorithme *k-means++* est plus robuste que l'algorithme original et permet de s'approcher du minimum global du problème des k-moyennes en le lançant plusieurs fois et en retenant la meilleure solution.

Les barycentres des classes obtenues forment notre modèle d'apparence : ils représentent les profils idéaux, auxquels ont va faire correspondre les profils acquis dans les images à segmenter. Le fait d'utiliser plusieurs classes plutôt que la moyenne de tous les profils obtenus permet d'être plus robuste et plus discriminant en présence de plusieurs apparences possibles pour un même contour. C'est le cas pour la segmentation d'IRM cardiaques, où les piliers modifient l'apparence de l'endocarde. La figure 2.18 montre les profils observés sur une image de référence, classés par l'algorithme *k-means++* à deux classes, et les barycentres des deux classes, qui formeront notre modèle d'apparence de contour. La figure 2.17 montre le résultat de la classification sur une image petit axe.

Pour détecter les contours dans une coupe avec le modèle d'apparence précédemment décrit, on suppose que l'on dispose d'un point placé au centre du ventricule gauche (ce point peut être placé par l'utilisateur ou détecté automatiquement, mais nous n'avons pas étudié cette possibilité). On acquiert alors des profils de manière radiale par rapport à ce point. On recalcule alors chacun des barycentres obtenus précédemment sur ce profil par recherche exhaustive avec un critère des moindres carrés. On retient celui qui donne la plus petite erreur. Le décalage observé permet de déduire la position du point de contour.

Cette méthode donne de bons résultats, cependant certains points peuvent être erronés. Pour les éliminer, nous proposons d'utiliser un modèle de forme très simple de l'endocarde en petit axe : un cercle. De nombreuses méthodes existent pour trouver le cercle qui correspond le mieux à un ensemble de points [90]. Nous proposons d'utiliser la somme des valeurs absolues des distances au cercle plutôt que les moindres carrés, de manière à être plus robuste à la présence de points

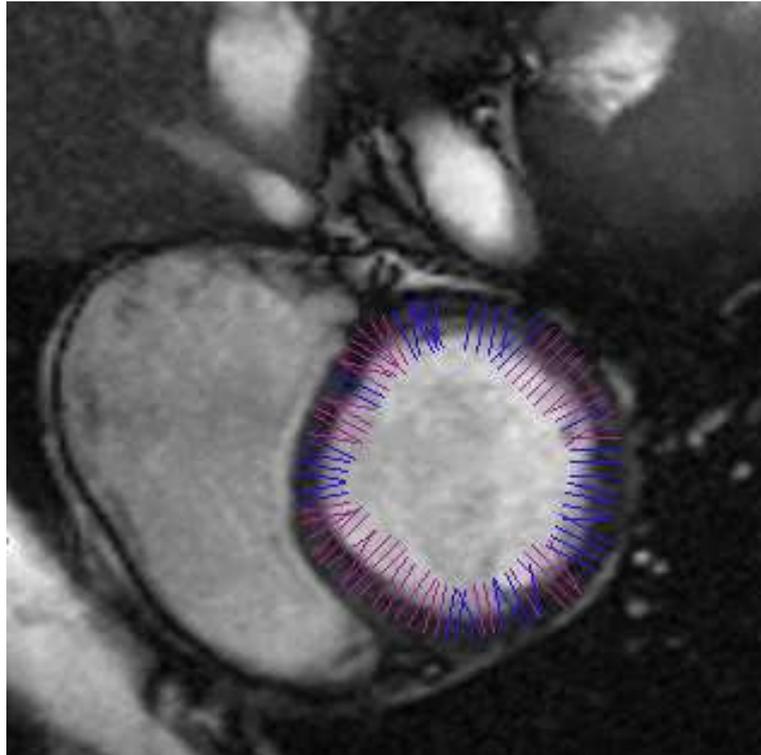


FIGURE 2.17 – Profils acquis le long de la normale au contour. Catégorisation en deux classes : en bleu, première classe, en violet, deuxième classe.

erronés :

$$(\mathbf{C}, r) = \arg \min_{(\mathbf{C}, r) \in \mathbb{R}^2 \times \mathbb{R}} \sum_{i=1}^N \left| \|\mathbf{C} - \mathbf{x}_i\| - r \right|$$

où \mathbf{C} est le centre du cercle et r son rayon. La minimisation est effectuée par l'algorithme du simplexe [91].

Nous avons appliqué cette méthode aux dix-huit patients d'une base de données d'images cardiaques disponible en ligne [92]. Plus spécifiquement, nous avons traité une coupe médiane en fin de diastole pour chacun de ces patients. Qualitativement, la méthode donne de bons résultats pour l'ensemble des images étudiées. La figure 2.19 donne les résultats pour les six premiers patients.

2.6.4 Calcul d'un champ de vecteurs

Pour utiliser les contours extraits dans le cadre du GDE, il faut les représenter sous la forme de forces appliquées sur la surface du modèle. Cela revient à établir une correspondance point à point entre la surface du modèle et les contours de l'image. On applique alors au modèle une force tendant à le rapprocher du point de contour dans l'image.

Plusieurs méthodes sont envisageables pour établir cette correspondance. Une méthode consiste à chercher le point de contour le long de la normale au modèle [86, 42]. Cela permet de calculer la correspondance point à point avec un temps de calcul raisonnable, au prix d'une sensibilité accrue à une mauvaise orientation du modèle. Dans ce cas, il est possible d'utiliser un modèle d'apparence

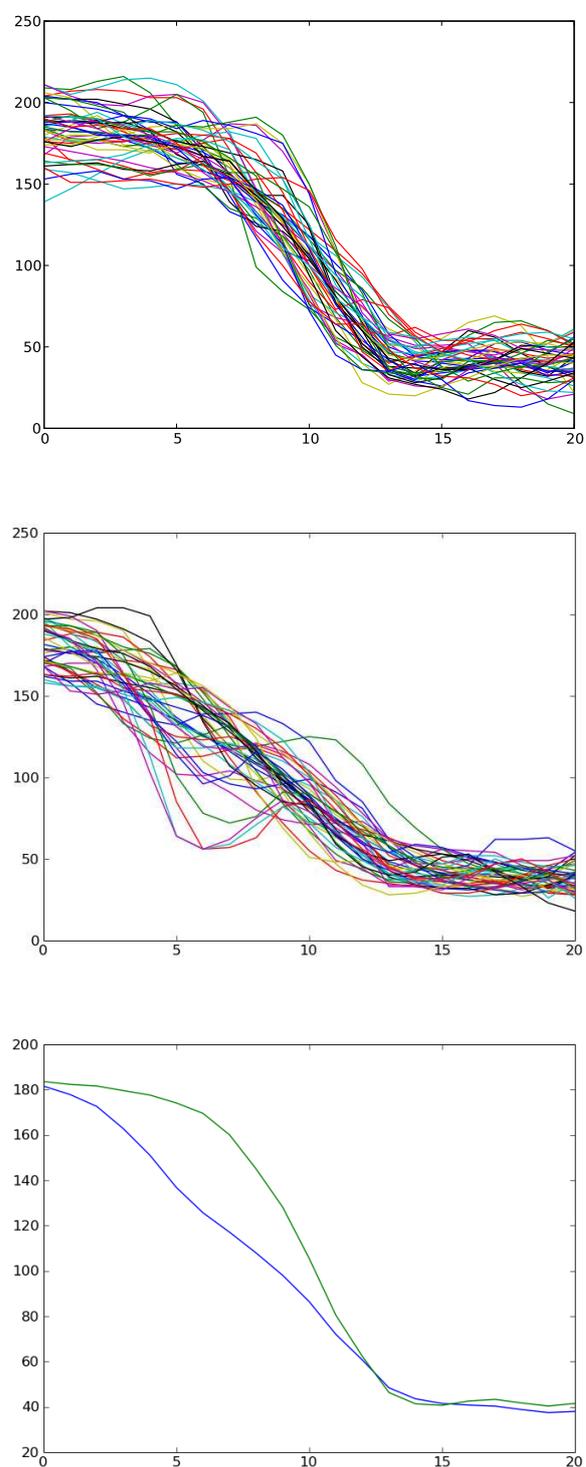


FIGURE 2.18 – Profils acquis sur l’image de référence, séparés en deux classes. En haut, la première classe, au milieu, la deuxième. La figure du bas montre les barycentres des deux classes de profils

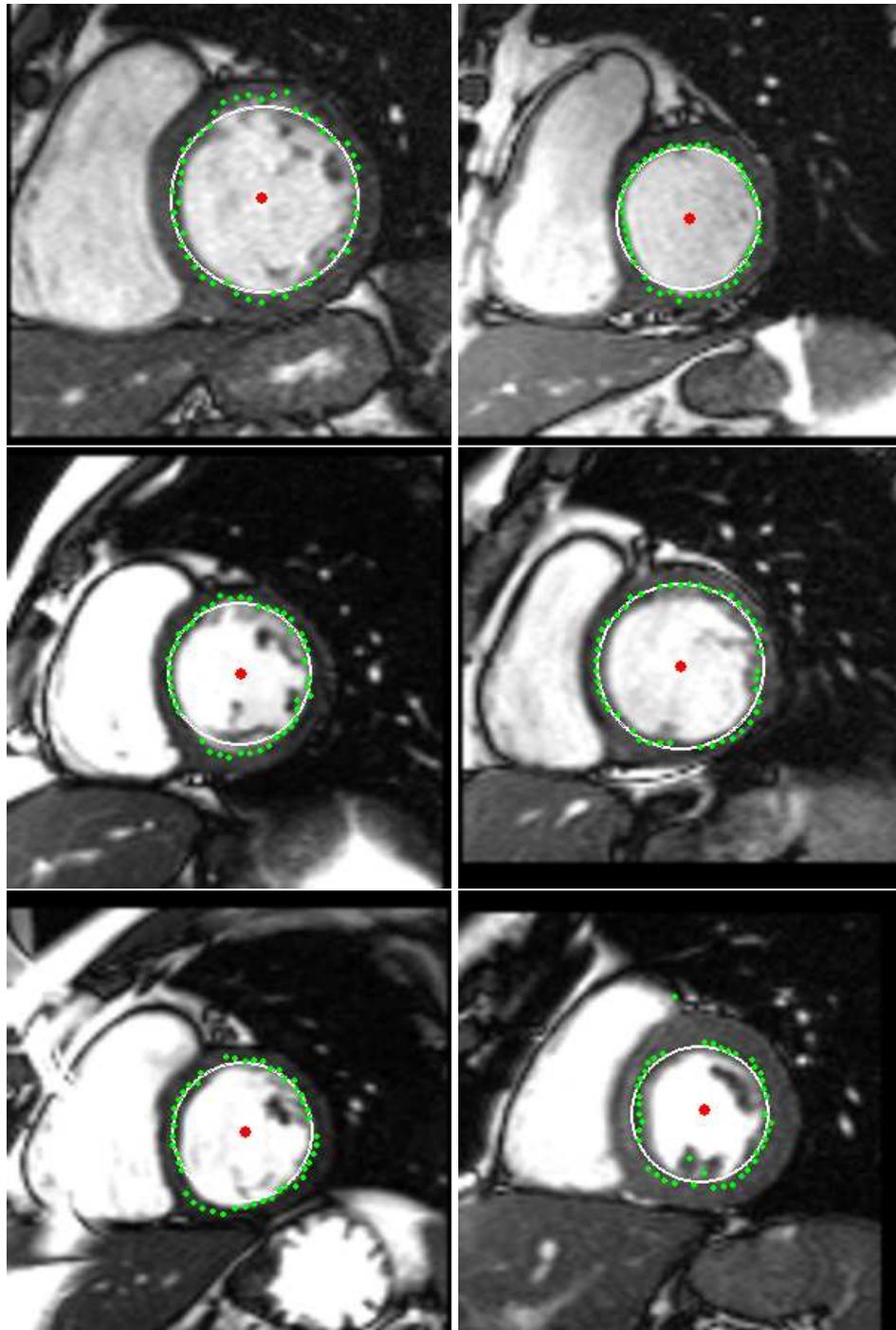


FIGURE 2.19 – Résultats de la méthode automatique de détection de l'endocarde sur 6 patients

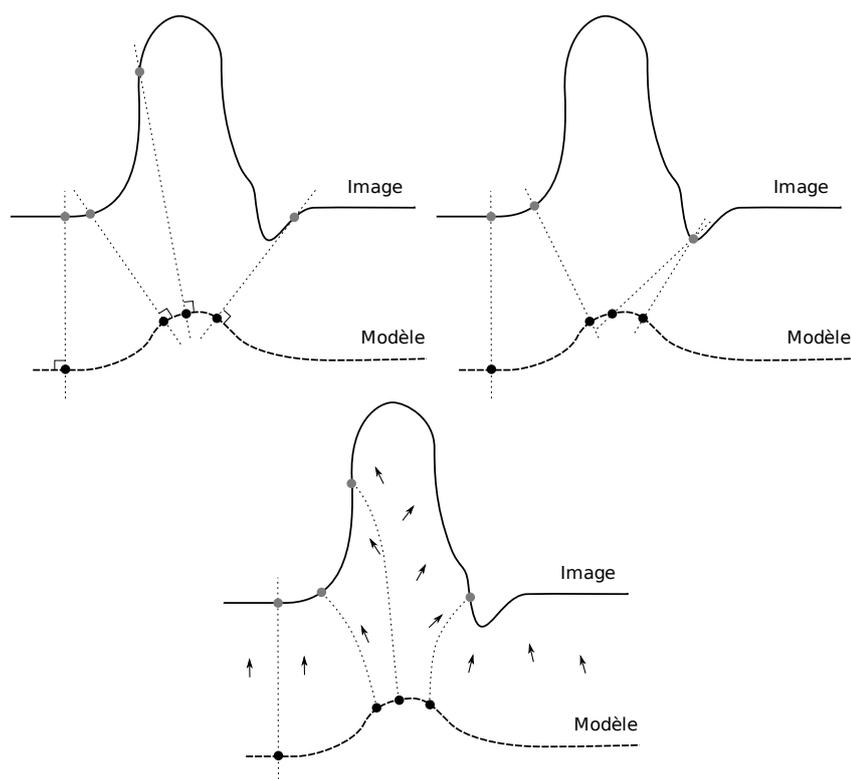


FIGURE 2.20 – Correspondances modèle / image avec différentes forces : recherche selon la normale, point le plus proche (gradient d’une carte de distance), et GVF.

différent pour chaque point du maillage et de pondérer la force en fonction de la confiance qu’on a en la détection du bord [42, 48].

Une autre méthode, très simple, consiste à faire correspondre chaque point du modèle au point de contour le plus proche. Le calcul de cette correspondance pour chaque point du maillage est une opération coûteuse, mais il est possible d’utiliser une carte de distance pour éviter d’avoir à la calculer explicitement. Le calcul d’une carte de distance aux contours est une opération peu coûteuse en temps de calcul [93, 94], et n’est effectué qu’une seule fois. Le gradient de la carte de distance donne un champ de force pointant vers le point de contour le plus proche. Cette méthode est très rapide, mais elle est également très sensible à la présence de “points parasites” dans la carte de contours.

Nous avons choisi d’utiliser un champ de force basé sur un gradient lissé (obtenu par convolution avec le gradient d’une gaussienne) de l’image de contours. On obtient un champ similaire au gradient de la carte de distance, mais moins sensible aux points isolés. La correspondance obtenue de cette manière n’est cependant pas parfaite, en particulier en présence de concavités, comme l’a montré Xu [79]. Pour résoudre ce problème, il a proposé d’appliquer un processus de diffusion au champ de force : le GVF. Le champ de force résultant “rentre” dans les concavités, permettant au modèle déformable de les épouser.

Si le GVF permet de résoudre en partie le problème des concavités, il n’est en aucun cas la panacée : d’une part, le calcul de la solution de diffusion est un processus itératif qui prend du temps. D’autre part, la composante du champ

qui rentre dans les concavités est très faible : la convergence est donc lente. Deux approches ont été proposées récemment pour améliorer encore la qualité du champ produit : le GVD [95] et le VFC [96]. Le GVD reprend les idées du GVF, mais applique un processus de diffusion anisotrope [83] sur les vecteurs exprimés en coordonnées polaires plutôt que cartésiennes. Cette approche permet d'accélérer la convergence mais ne résout pas le problème de temps calcul. Le VFC ou *Vector Field Convolution* est simplement la convolution de la carte de contours avec un noyau vectoriel gaussien orienté vers l'origine. Li et Acton ont montré que cette approche très simple donne de meilleurs résultats que le GVF au prix d'une simple convolution [96]. Les expériences présentées dans ce chapitre utilisent toutes un champ de force basé sur le GVF. La figure 2.20 illustre les différentes méthodes de calcul des forces et les correspondances modèle/image qu'elles engendrent.

Les champs de forces obtenus par GVF et méthodes similaires diminuent très rapidement quand on s'éloigne des contours. Cela donne une portée limitée aux contours, et empêche la convergence quand le modèle est initialisé loin des contours. Pour palier cet inconvénient, une solution est de normaliser le champ, en fixant la norme des vecteurs à une constante. Pour améliorer la stabilité numérique et accélérer la convergence, on peut de plus réduire la norme à proximité des contours, par exemple en utilisant une fonction de Geman-McClure :

$$\|f\| = \frac{d^2}{\sigma^2 + d^2}$$

où $\|f\|$ est la norme des forces, d la distance au contour le plus proche, et σ un paramètre définissant la vitesse à laquelle la norme décroît quand on se rapproche des contours.

2.6.5 Application des forces

2.6.5.1 Désactivation sélective des forces

Les différents modèles d'apparence de contours présentés à la section 2.6.3 permettent de distinguer les contours d'intérêt des autres. Cependant, dans la formulation champ de force, rien n'empêche une interface du modèle de converger vers un contour d'intérêt qui ne lui correspond pas. Par exemple, le contour épicaudique du modèle peut converger sur l'endocarde du patient, comme illustré à la figure 2.26. Il est donc intéressant d'utiliser un modèle d'apparence de contour pour l'application des forces et non uniquement pour l'extraction des contours.

La correspondance modèle/image n'étant pas explicite quand on utilise un champ de force, l'utilisation du modèle de contour n'est pas immédiate. Pour résoudre ce problème, Lötjönen [85] propose d'utiliser plusieurs champs de force selon le sens du gradient. Ainsi, chaque point du modèle est soumis au champ de force qui correspond à la direction de la normale au modèle. Cette solution permet en grande partie de résoudre le problème énoncé précédemment ; cependant, l'utilisation mémoire augmente rapidement avec le nombre de directions considérées.

Nous avons opté pour une solution plus simple en comparant simplement le sens du gradient lissé par rapport au sens de la normale au modèle. Quand le sens ne correspond pas au sens attendu, la force est désactivée sur l'élément correspondant. Pour les images RM, nous avons montré que cette méthode permet d'amé-

liorer significativement les résultats [15] (voir figure 2.26). Cependant, l'interface dont les forces sont désactivées ne converge pas vers son contour. D'autre part, ce modèle ne permet pas de distinguer entre le péricarde et l'intérieur des cavités, le sens du gradient étant le même. Dans la plupart des cas, il suffit de diminuer les forces sur le péricarde pour éviter une mauvaise convergence.

2.6.5.2 Interpolation du champ de force

L'algorithme du Gabarit Déformable Élastique se place dans l'espace continu. La fonction de force doit donc être définie partout. Cependant, comme le champ de force est calculé à partir d'une image, il n'est initialement connu qu'en un ensemble de points discrets, les centres des voxels. Il est donc nécessaire de recourir à une méthode d'interpolation pour que la fonction de force soit définie partout. Le plus simple est de recourir à une interpolation de type plus proche voisin. Cette méthode est très simple à implanter, mais elle a l'inconvénient d'engendrer une fonction discontinue. En particulier, la fonction risque de ne pas passer par zéro, ce qui est pourtant nécessaire pour l'algorithme contraint. Il est donc nécessaire d'utiliser une interpolation de plus haut niveau. En pratique, nous avons constaté qu'une interpolation linéaire permet une bonne convergence des algorithmes.

2.6.5.3 Projection sur la normale

On peut décomposer les forces en deux composantes : une composante normale (au modèle) et une composante tangentielle. La composante normale produit la déformation. La composante tangentielle tend à provoquer une rotation, sans modifier la forme globale du modèle. Pour cette raison, elle n'est pas utile à la segmentation. Comme nous l'avons vu précédemment, les mouvements rigides diminuent la stabilité numérique de l'algorithme. Pour toutes ces raisons, nous proposons de n'appliquer que la composante normale de la force au modèle. Nos expériences ont montré que cela améliore la stabilité numérique de l'algorithme et accélère la convergence.

2.6.6 Multirésolution image

A la section 2.5, nous avons vu que la multirésolution maillage permet d'accélérer significativement la convergence. Il est également possible d'utiliser cette stratégie sur les images, de manière à améliorer la robustesse de l'algorithme. En effet, les structures d'intérêt en segmentation sont toutes de taille importante sur les images, et donc visibles à basse résolution. On peut dès lors voir la stratégie multirésolution comme un *a priori* supplémentaire sur la taille des structures à segmenter.

Nous avons implanté cette stratégie en appliquant des filtres Gaussiens d'écart-type double à chaque étage de multirésolution et égal à un pixel pour le niveau le moins élevé. La figure 2.21 illustre le résultat de l'extraction de contours aux différents niveaux de résolution. Le bon comportement du filtre de Sobel en multirésolution et son absence de paramètres nous ont conduits à le préférer à celui de Canny-Deriche.

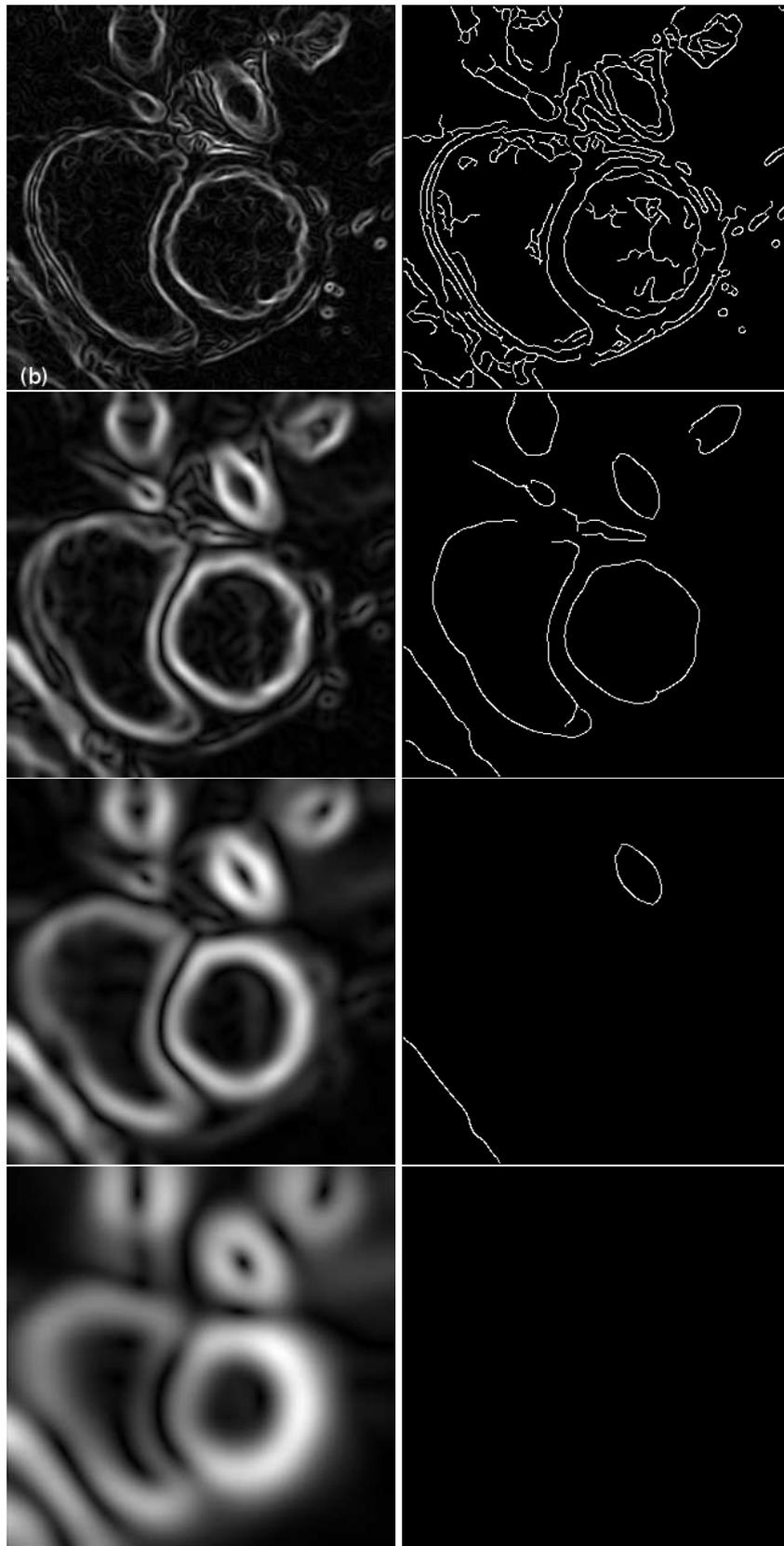


FIGURE 2.21 – Pyramide de cartes de contour multirésolution. A gauche, opérateur de Sobel. A droite, opérateur de Canny-Deriche.

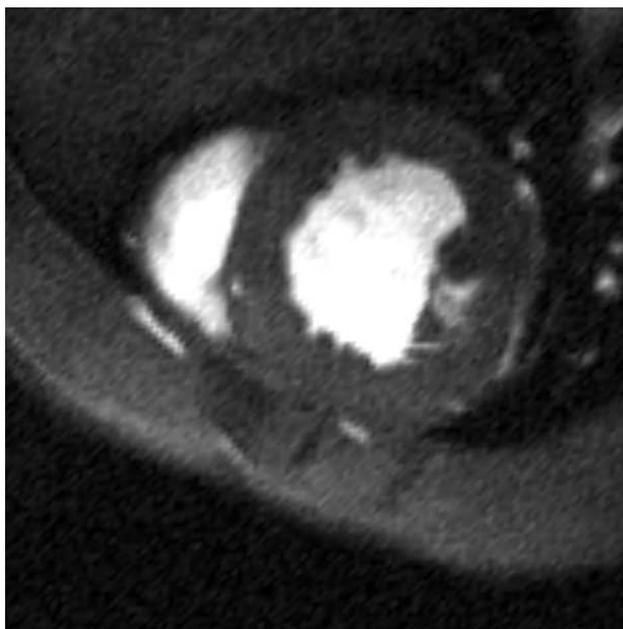


FIGURE 2.22 – IRM haute résolution 7T : coupe petit-axe d'un cœur de souris

2.7 Application à l'analyse automatisée d'IRM haute résolution chez le petit animal

Pour évaluer le GDE non-linéaire et les méthodes proposées pour le calcul du champ de force, nous l'avons appliqué à des IRM haute-résolution du petit animal. Les images de petit animal sont très utilisées en recherche clinique pour étudier diverses pathologies et évaluer des traitements potentiels. Cependant, la quantité de données rend fastidieuse l'analyse manuelle de ces images. La segmentation automatique du cœur dans ces données permettrait d'extraire automatiquement des paramètres fonctionnels directement utilisables pour la recherche médicale.

Nous avons appliqué le GDE à quatre séquences 3D+t acquises chez la souris avec une IRM 7T, avec une antenne corps entier pour l'excitation RF et une antenne de surface de 15mm pour l'acquisition du signal. Une séquence FLASH synchronisée sur l'ECG a permis d'acquérir 7 coupes en petit-axe de 256×256 pixels sur 16 instants avec une épaisseur de coupe de 1mm et un champ de vision de 25×25 millimètres. Ces images ont été acquises par B. Hiba au CERMEP [97]

La fréquence cardiaque étant d'environ quatre cent cinquante battements par minute chez la souris, l'acquisition d'une séquence d'images du cycle pose des problèmes particuliers. Notamment, le niveau de bruit est très élevé (voir figure 2.22). D'autre part, la force du champ crée des artéfacts de flux.

Pour adapter le GDE à ces conditions particulières, nous avons utilisé une ouverture morphologique avec une sphère de 4 pixels de rayon comme élément structurant. La figure 2.23 montre l'effet de ce prétraitement. Nous avons ensuite généré le champ de force en utilisant un GVF appliqué à une carte de bord extraite par l'opérateur de Canny-Deriche.

Pour que les interfaces convergent vers les bons contours, nous avons désactivé sélectivement les forces en fonction du sens du gradient comme décrit à la

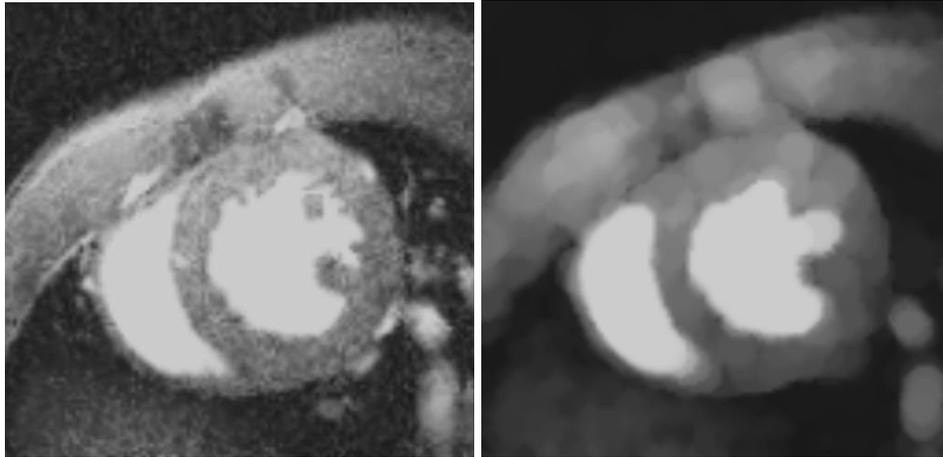


FIGURE 2.23 – Effet de l'ouverture morphologique

section 2.6.5.1. Nous avons de plus utilisé la multirésolution image, de manière à placer le modèle grossièrement avant de retrouver les détails.

La figure 2.24 illustre le processus : recalage affine, segmentation élastique, et résultat en 3D. La figure 2.25 donne une vue en trois coupes du résultat sur une des quatre souris traitées. Les résultats sont globalement satisfaisants compte tenu du faible contraste et du niveau de bruit présent dans ces images.

La figure 2.26 illustre bien l'intérêt de la désactivation sélective des forces : sans cette méthode, le modèle ne converge pas vers les bons contours. Ces expériences ont également permis de montrer l'intérêt du modèle non linéaire : la figure 2.27 montre les maillages obtenus avec les modèles linéaire et non-linéaire. La qualité du maillage obtenu avec le modèle non-linéaire est largement meilleure.

2.8 Pistes pour l'évaluation de la segmentation

Comme nous l'avons dit au début de ce chapitre, l'objectif de la segmentation cardiaque est l'extraction automatisée de paramètres fonctionnels cardiaques locaux et globaux. Cependant, avant de pouvoir être utilisée en recherche médicale ou pour la pratique clinique, toute méthode automatisée doit être évaluée, de manière à vérifier l'exactitude des résultats qu'elle donne et sa robustesse devant la variété des images à analyser.

La conduite d'une évaluation crédible n'est pas une tâche aisée. Tout d'abord, la vérité des contours des organes n'est pas accessible. En effet, les images disponibles n'étant pas parfaites, même les tracés effectués par des radiologues experts diffèrent les uns des autres. D'autre part, l'évaluation doit reposer sur un jeu de données suffisamment riche, c'est-à-dire représentatif des variations anatomiques, des différentes pathologies et des types de séquences d'imagerie que l'on rencontre lors d'une utilisation réelle. Enfin, de nombreux critères d'évaluation ont été proposés ; il faut donc sélectionner les plus pertinents.

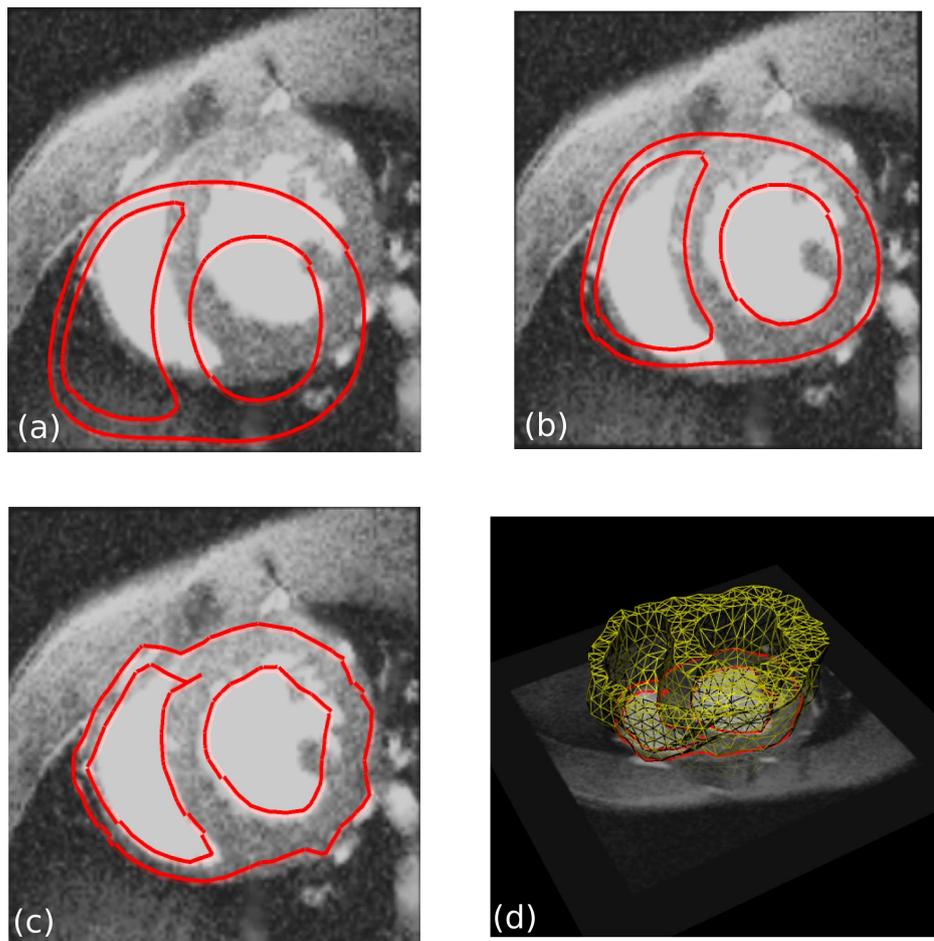


FIGURE 2.24 – Processus de segmentation : (a) positionnement initial arbitraire du modèle, (b) recalage affine automatique, (c) résultat de la segmentation, et (d) géométrie 3D du cœur extraite de la pile d'images à l'issue de la segmentation par le GDE 3D non-linéaire.

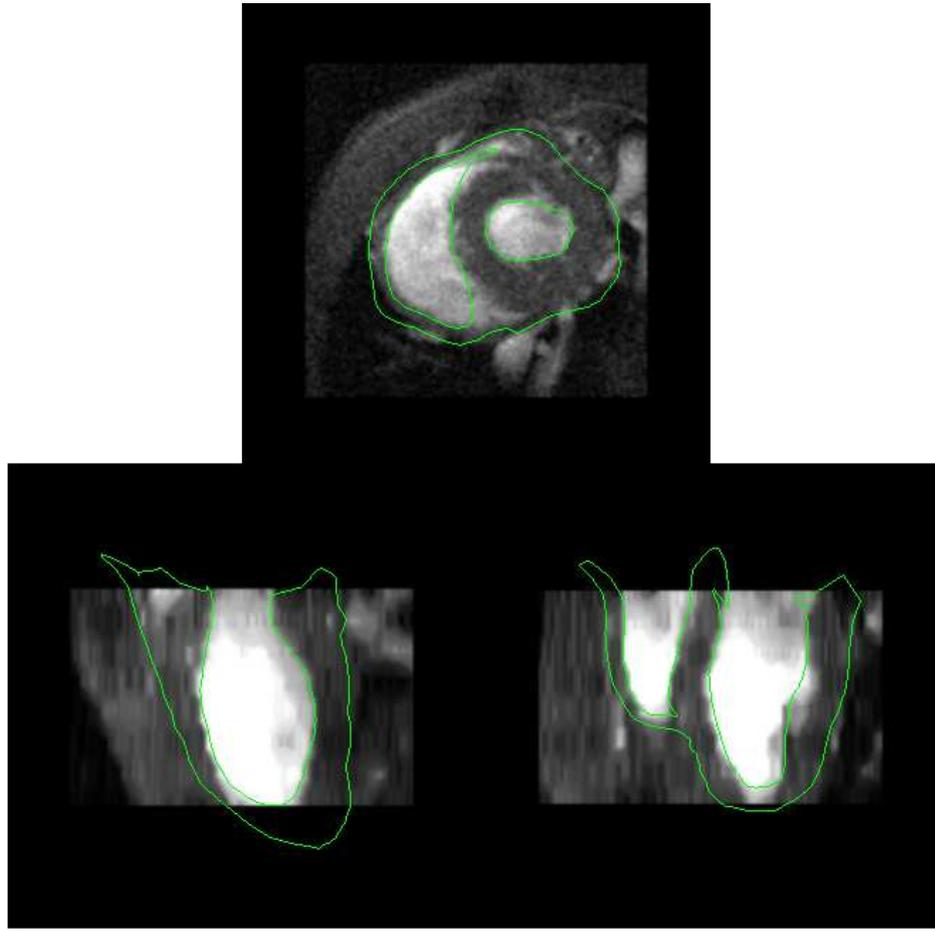


FIGURE 2.25 – Vue 3 coupes de la segmentation obtenue sur un des quatre jeux de données acquises chez la souris

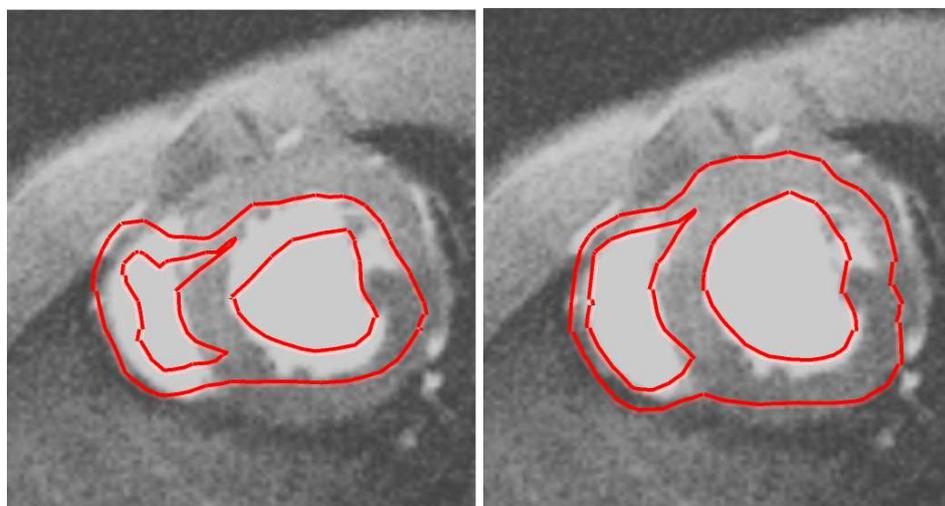


FIGURE 2.26 – Effet de la désactivation sélective des forces : à gauche, application normale. A droite, désactivation sélective

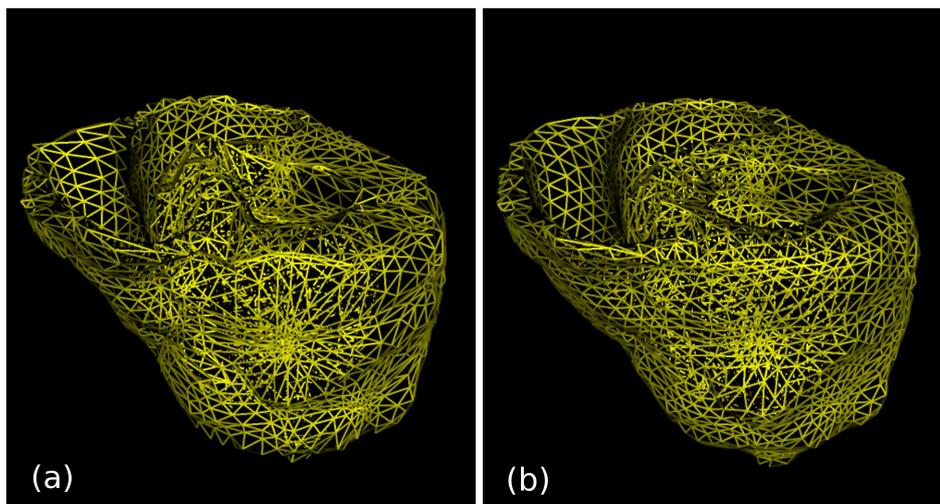


FIGURE 2.27 – Maillage déformé : à gauche, modèle linéaire. A droite, modèle non-linéaire

2.8.1 Quelle référence pour l'évaluation ?

Pour évaluer un algorithme, il faut disposer d'une référence à laquelle comparer ses résultats. Dans le cas de l'imagerie médicale, l'anatomie exacte du patient au moment de l'examen n'est pas accessible. Un certain nombre de stratégies existent cependant pour créer une référence acceptable en l'absence de connaissances exactes. La méthode la plus simple consiste à recourir à l'expertise d'un ou plusieurs radiologues. Il faut alors définir une méthodologie pour comparer et réconcilier les contours des différents experts. On peut par exemple utiliser la moyenne de leurs segmentations comme "gold standard", à condition de savoir calculer une telle moyenne.

Une autre solution consiste à simuler le processus d'acquisition des images sur des données virtuelles que l'on connaît parfaitement. On dispose alors d'une vraie référence pour évaluer l'algorithme. Cette solution suppose cependant l'existence d'outils de simulation et de modèles anatomiques réalistes. Dans le cadre de l'IRM cardiaque, un important travail de modélisation a été effectué par Haddad [24]. Des logiciels de simulation d'IRM existent, en particulier le logiciel SIMRI [98], basé sur les équations de Bloch. Cependant, en l'absence d'un modèle intégrant la plupart des phénomènes physiologiques et notamment la circulation sanguine, il est impossible de générer des images vraiment similaires à celles qu'on obtient en réalité. La figure 2.28 illustre les images qu'il est possible d'obtenir par simulation.

2.8.2 Constitution d'une base de données d'images pour l'évaluation

Une évaluation de qualité doit être conduite sur un jeu de données suffisamment important et varié pour simuler une utilisation réelle. Dans le but de constituer une telle base de données et d'évaluer les performances du GDE face à d'autres algorithmes, nous participons à l'action du GDR Stic-Santé IMPEIC, dont le but est de rassembler des données expertisées et de les proposer dans un

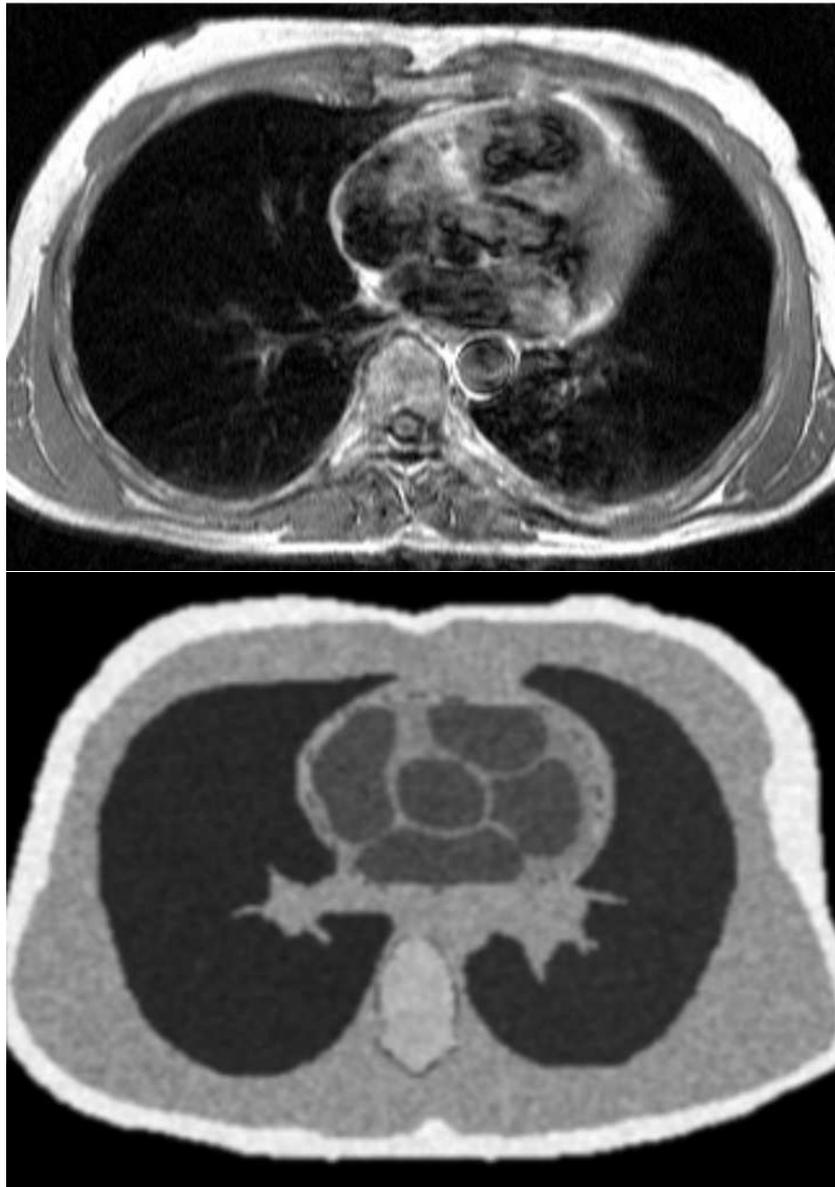


FIGURE 2.28 – Images de simulation en IRM cardiaque : Acquisition ayant servi à réaliser le modèle, et acquisition correspondante simulée par SIMRI [24].

format unique pour l'évaluation des différents algorithmes de segmentation en IRM et en échographie cardiaques. En attendant, il est possible d'utiliser certaines bases de données publiquement accessibles telle que celle proposée par Najman et al. [92]¹.

2.8.3 Critères d'évaluation

Une part importante du travail d'évaluation est la sélection de critères pertinents. Nous avons effectué une revue de la littérature dans ce domaine et présentons ici les principales approches. Une première approche est de comparer les paramètres fonctionnels extraits par différentes méthodes. Si cette approche a le mérite de comparer directement les résultats qui intéressent les médecins, elle pose le problème de la référence. Par exemple, la fraction d'éjection est généralement calculée en multipliant la surface des contours manuels par l'épaisseur des coupes. Rien ne prouve que la valeur obtenue de cette manière est proche de la réalité. Dès lors, la comparer aux valeurs produites par un algorithme n'a pas vraiment de sens.

Une autre approche, très populaire, est de comparer directement les contours extraits. Plusieurs scénarios sont possibles selon si l'on effectue la comparaison en deux ou trois dimensions. La plupart des modalités d'imagerie ne fournissent pas directement des volumes. Les segmentations des experts sont faites en 2D, l'évaluation de la segmentation peut donc se faire en 2D, même si le procédé de segmentation fonctionne en 3D. Comme pour la segmentation elle-même, on retrouve la distinction entre les méthodes basées sur le contour et les méthodes basées région. Chalana et al. [99] proposent une méthode pour calculer une distance entre les courbes en deux dimensions. Cependant, cette méthode ne fonctionne que si les contours sont suffisamment réguliers. Une autre méthode pour comparer des courbes est présentée dans [100]. Elle consiste à mesurer l'aire de la surface qui n'est pas commune aux deux contours, normalisée par le périmètre des courbes. Odet et al. [101] propose plusieurs mesures de l'écart entre le résultat d'un algorithme et une segmentation de référence, pour évaluer la sous et la sur-segmentation ainsi que l'erreur commise en termes de distance au contours.

Même dans le cas où les contours tracés par plusieurs experts sont disponibles pour évaluer la segmentation, l'absence de contour de référence peut poser problème. Pour palier ce problème, Warfield et al. [102] ont proposé d'estimer conjointement la crédibilité de chaque contour et le contour de référence, en utilisant l'algorithme EM (*Expectation Maximization*).

Les méthodes de comparaison de surfaces en 3D sont très utilisées en recherche sur les maillages : simplification, compression, watermarking, etc. Les approches les plus utilisées [103, 104] sont basées sur le calcul de la distance minimale d'un point d'une surface à l'autre surface. Le problème principal lors de l'implantation de ces méthodes est de calculer le point le plus proche sur une surface S_2 d'un point sur la surface S_1 . Cignoni et al. [103] envisagent deux méthodes : une à base de lancer de rayons, peu efficace. La deuxième méthode utilise une structure de données spécifique pour stocker les points du maillages : une grille régulière. De cette façon on cherche les points les plus proches dans

1. The 4D Heart Database : <http://www.laurentnajman.org/heart/>

les cellules entourant le point. On limite ainsi énormément le nombre de calculs de distance effectués, surtout quand les maillages sont proches. Dans [104], les auteurs proposent principalement une implantation plus efficace de la même méthode, basée sur les mêmes principes mais avec quelques astuces qui accélèrent beaucoup les calculs. Les deux implantations sont disponibles sous forme de logiciels libres sur internet.^{2 3} En ce qui concerne l'évaluation de la segmentation, on peut reprocher à ces méthodes le fait qu'elles ne cherchent pas à faire correspondre les points des surfaces, mais seulement à trouver le point le plus proche. Elle ne pénalisent donc pas suffisamment les irrégularités du contour.

Une fois les contours comparés d'une manière ou d'une autre, on peut utiliser différentes méthodes statistiques pour évaluer la méthode de segmentation, en fonction de la variabilité inter-experts et de la distance entre le résultat de la segmentation et la moyenne des experts. Chalana et al. [99] proposent deux tests statistiques pour déterminer si une méthode est valide. Ces tests ont été utilisés à plusieurs reprises pour l'évaluation de la segmentation du cœur. Cependant, les conclusions de l'article sur les deux tests sont faussées par une erreur, comme l'ont montré Alberola-Lopez et al. [105]. Nguyen et al. [106] est un exemple d'étude comparative de méthodes de segmentation pour l'imagerie cardiaque, basée sur les méthodes de Chalana et al. [99]. Ils comparent les performances de 6 algorithmes de contours actifs pour la segmentation de l'endocarde en IRM.

2.9 Conclusions

Nous avons présenté le principe du Gabarit Déformable Élastique non-linéaire, ainsi que plusieurs améliorations à l'algorithme initial de Rouchdy et al. [13], concernant tant le modèle en lui-même que la méthode d'adaptation du modèle à l'image. Ces améliorations permettent une robustesse accrue ainsi qu'une diminution significative du temps de calcul nécessaire. Nous avons ensuite présenté un début d'évaluation qualitative sur des IRM du petit animal, ainsi que sur des données humaines. Une validation plus poussée est cependant nécessaire, et est actuellement menée en collaboration avec l'action du GDR Stic-Santé IMPEIC. Les résultats préliminaires montrent l'importance cruciale d'une bonne initialisation du modèle. Celle-ci fait l'objet du chapitre suivant.

2. MESH : <http://mesh.berlios.de/>

3. Metro : <http://vcg.isti.cnr.it/activities/surfacegrevis/simplification/metro.html>

	Ellipse linéaire	Ellipse non-linéaire	Cube linéaire	Cube non-linéaire
Sans multirésolution				
Temps de calcul	55s	1m27s	54s	1m25s
Qualité moyenne	0.620	0.637	0.584	0.608
Qualité minimale	0.211	0.177	0.098	0.167
Qualité maximale	0.970	0.960	0.965	0.965
Ecart-type qualité	0.116	0.122	0.133	0.122
Avec trois niveaux de résolution				
Temps de calcul	26s	46s	26s	46s
Qualité moyenne	0.612	0.646	0.581	0.610
Qualité minimale	0.201	0.180	0.131	0.169
Qualité maximale	0.965	0.966	0.962	0.969
Ecart-type qualité	0.117	0.117	0.131	0.120

FIGURE 2.29 – Comparaison des temps de calcul obtenus sur forme de synthèse avec et sans multirésolution maillage

Recalage modèle-données

3.1 Introduction

Le Gabarit Déformable Élastique, comme tout modèle déformable, requiert une initialisation du modèle de forme suffisamment proche de la cible. Or, d'un patient à l'autre, la position et la forme du cœur dans l'image varient significativement. Ces variations proviennent de la variation anatomique inter-individuelle, bien sûr, mais également des variations des conditions dans lesquelles sont réalisées les images : positionnement approximatif des axes du cœur, résolution, position du patient, etc.

L'énergie de déformation élastique présentée au chapitre précédent présente de nombreux minima locaux. D'une part, elle gère mal les déformations rigides telles que translations et rotations, puisque ces transformations induisent une énergie de déformation nulle. D'autre part, la mise à l'échelle du modèle, qui est pourtant nécessaire pour adapter le modèle d'un patient à l'autre, est pénalisée trop fortement. Enfin, l'espace des déformations autorisées est de dimension infinie, rendant difficile une minimisation autre qu'un schéma de descente de gradient (au sens large) tels que ceux présentés au chapitre précédent. Ces schémas ne permettent pas d'éviter les minima locaux.

Il est donc intéressant de recourir à une stratégie en deux temps : dans un premier temps, on place approximativement le modèle, à l'aide d'un ensemble de transformations de dimension finie et d'une méthode de minimisation robuste. On utilise alors la solution de ce recalage initial comme point de départ pour la résolution du problème élastique. Si l'initialisation est suffisamment bonne, l'algorithme de Rouchdy convergera alors vers une bonne solution.

Pham [38, 70] a proposé une méthode de recalage affine modèle-données. Cet algorithme utilise à la fois une énergie de contour basée sur une carte de bords et une énergie "région" basée sur la comparaison entre une information de niveau de gris contenue dans le modèle et l'information trouvée dans l'image. La minimisation de l'énergie est réalisée à l'aide de la méthode de Powell [107] ou du simplexe [91] (aussi connue sous le nom de méthode de Nelder-Mead).

Dans une première partie, nous proposons d'apporter plusieurs modifications à la méthode de Pham de manière à améliorer sa robustesse. Nous proposons notamment une méthode de minimisation plus robuste et quelques changements à la

fonctionnelle d'énergie de manière à la rendre à la fois mieux adaptée au problème et plus facile à minimiser. Dans une seconde partie, nous présentons une méthode d'initialisation semi-automatique basée sur l'utilisation de repères anatomiques. Cette seconde méthode est appliquée au problème du recalage automatique du modèle sur des IRM de marquage tissulaire à l'aide de segmentations 2D.

3.2 Recalage automatique

3.2.1 La méthode de Pham

Dans la suite de cette partie, nous présentons un certain nombre d'améliorations à la méthode de Pham [38, 70]. Auparavant, il est nécessaire de présenter plus en détail la méthode originale. De manière schématique, cette méthode consiste à trouver la transformation affine qui minimise une fonctionnelle composée d'un terme de distances au contour et d'un critère d'apparence. Nous présentons dans un premier temps l'espace des transformations considérées, avant de détailler la fonctionnelle utilisée.

3.2.1.1 Transformations considérées

Pham propose de limiter les transformations admissibles pour l'initialisation aux transformations affines en trois dimensions. Parmi celles-ci, on peut distinguer quatre catégories de transformations :

- les translations
- les rotations
- les mises à l'échelle
- les cisaillements

Toutes ces transformations ont en commun de pouvoir être écrites sous la forme d'un produit matriciel. Plus précisément, on écrit la transformation sous la forme d'une matrice 4x4 homogène :

$$A = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & a_{14} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} & a_{24} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} & a_{34} \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad (3.1)$$

on peut alors calculer la déformation d'un point arbitraire :

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \\ z' \\ 1 \end{pmatrix} = A \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \\ 1 \end{pmatrix} \quad (3.2)$$

où (x, y, z) sont les coordonnées du point d'origine et (x', y', z') celles du point transformé. Les composantes de la matrice a_{ij} sont les paramètres de la transformation. Plutôt que de chercher à optimiser ces paramètres directement, Pham propose de voir la transformation affine comme la composition d'une translation, d'une rotation, d'une mise à l'échelle et d'un cisaillement :

$$\mathcal{A} = \mathcal{H} \circ \mathcal{S} \circ \mathcal{R} \circ \mathcal{T} \quad (3.3)$$

On peut également écrire chacune de ces transformations élémentaires avec des matrices homogènes. La minimisation se fait alors sur les paramètres des transformations élémentaires, plutôt que sur les termes de la matrice homogène. Cela permet d'avoir des paramètres plus faciles à interpréter, et pour lesquels il est plus facile de fixer des bornes.

3.2.1.2 Distance modèle-données ou fonctionnelle d'énergie

Pour caractériser la correspondance entre le modèle et l'image, Pham propose une fonctionnelle composée d'un terme de contours et d'un terme région. Le terme contour est la moyenne des distances au carré entre les points du modèle maillé et les contours détectés dans l'image :

$$E_C(T) = \frac{1}{N} \sum_i^N D(n_i) \quad (3.4)$$

où N est le nombre de points du maillage et $D(n_i)$ la distance du point n_i au point de contour de l'image le plus proche. En pratique, on extrait tout d'abord les contours de l'image à l'aide de l'algorithme de Canny et Deriche [80, 81]. On calcule ensuite une carte de distance, qui donne pour chaque point la distance au point de contour le plus proche, à l'aide de l'algorithme de Saito et Toriwaki [108]. Cette carte de distance évite de réitérer la recherche du point le plus proche de chaque point du maillage, et le calcul de l'énergie est beaucoup plus rapide.

Le terme région est calculé entre un modèle d'apparence constitué de l'intensité de l'image ayant servi à construire le modèle dans une zone englobant le cœur, et l'image à segmenter. Pham propose un certain nombre de critères classiques : somme des valeurs absolues, somme des différences au carré, ou encore information mutuelle.

3.3 Amélioration de la méthode de Pham

La méthode de Pham fournit une bonne base pour l'initialisation du modèle. Cependant, elle manque de robustesse. En effet, la méthode de Powell a tendance à tomber très tôt dans un minimum local de la fonctionnelle d'énergie, pour ne plus en sortir. Nous proposons donc un certain nombre d'améliorations pour rendre la méthode plus robuste.

3.3.0.3 Fonctionnelle d'énergie

Outre le critère de proximité des contours, Pham propose un critère région pour le recalage modèle-données. Ce terme pose un certain nombre de problèmes : tout d'abord, son calcul nécessite de parcourir toute une partie de l'image, rendant son évaluation particulièrement lente. D'autre part, il dépend fortement du type d'image étudié. Ainsi, il faudrait un modèle différent pour chaque type de séquence. Le fait d'avoir deux termes sous-entend également de choisir leurs pondérations respectives, ce qui n'est pas forcément évident. Finalement, nous n'avons

pas constaté, lors de nos expérimentations, d'amélioration notable liée à l'utilisation du critère région. Nous proposons donc de nous limiter à l'utilisation du critère de proximité aux contours.

Un des facteurs les plus importants de la difficulté d'un problème de minimisation est la dimension de la fonctionnelle étudiée. Pour simplifier le problème et augmenter les chances de trouver la bonne solution en temps utile, nous proposons de restreindre l'espace des transformations à sept paramètres : les translations, les rotations, et un paramètre de mise à l'échelle isotrope. Les autres transformations proposées par Pham augmentent significativement la taille du problème, sans être vraiment nécessaires pour décrire la variation anatomique du cœur d'un patient à l'autre.

Pham remarque que l'ordre des transformations élémentaires a une importance. Il propose d'utiliser l'ordre décrit précédemment, avec les translations en premier (équation 3.3). Comme les translations modifient l'origine de l'espace, elles modifient les sens des autres transformations. Les différents paramètres de la transformation globale ne sont alors plus indépendants. Nous proposons donc d'appliquer les translations en dernier. De cette manière, les paramètres sont indépendants et la minimisation plus aisée.

Dans la plupart des séquences IRM ciné modernes (sang blanc), la paroi endocardique est beaucoup plus visible que la paroi épiscopardique. Ainsi, les contours de l'épicarde sont mal détectés par les filtres d'extraction de contours classiques. Nous proposons donc de nous limiter aux contours endocardiques pour l'initialisation du modèle.

3.3.0.4 Minimisation

La méthode de Powell et la méthode du simplexe sont en elles-mêmes très sensibles aux minima locaux. Nous proposons deux solutions potentielles pour s'approcher du minimum global.

Nous proposons tout simplement d'effectuer un certain nombre de minimisations par la méthode du simplexe avec des initialisations aléatoires, et de garder la meilleure solution. On peut voir cette solution comme une méthode de Monte-Carlo, à la différence que nous comparons des minima locaux plutôt que de comparer directement des solutions aléatoires. De cette manière, seul un nombre limité d'essais est nécessaire pour trouver une solution convenable. Pour accélérer la méthode, nous ne faisons que des optimisations incomplètes pour chaque initialisation aléatoire, c'est à dire que nous arrêtons le processus d'optimisation avant d'avoir atteint une convergence complète. Le meilleur résultat est raffiné à la fin par une méthode de Powell menée jusqu'au bout.

Pour favoriser la diversité dans les solutions étudiées, nous avons également proposé de pénaliser la proximité aux solutions déjà étudiées, en multipliant l'énergie contour par le terme suivant :

$$J_{prox} = \sum_{i=1}^{N_{init}} \frac{1}{\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_i\|^2}$$

où N_{init} est le nombre d'initialisations déjà testées, et les \mathbf{x}_i sont les minima locaux déjà trouvés. Ce terme n'est bien sûr utilisé que pour guider le simplexe et

non pour comparer les minima locaux à la fin de l'algorithme.

3.3.1 Résultats

Pour évaluer l'impact des différentes modifications proposées, nous procédons d'après le protocole suivant : pour un nombre d'initialisations aléatoires donné, on procède au recalage un certain nombre de fois, en comparant à chaque fois les paramètres de la transformation obtenue à ceux de la solution attendue, définie manuellement. Si la solution obtenue est suffisamment proche de la solution optimale, on considère que le processus de recalage a réussi. On peut alors estimer le taux de réussite, c'est-à-dire le nombre de recalages réussis sur le nombre de recalages effectués, en fonction de la méthode étudiée et du nombre d'initialisations aléatoires.

Nous évaluons l'impact de l'absence de chaque modification proposée dans la méthode de référence suivante : initialisations aléatoires, minimisations incomplètes par la méthode du simplexe (tolérance de 0.15 en norme L_2 sur l'écart entre les points du simplexe), translations en dernier, pas de pénalisation des solutions proches, et critère de contour limité à l'endocarde. Nous avons ainsi évalué chaque modification proposée, pour un nombre d'initialisations aléatoires variant de 10 à 4000, en réalisant 200 recalages à chaque fois. Les résultats sont présentés dans les figures 3.1, 3.2 et 3.3.

Ces résultats montrent que chacune des modifications proposées, à l'exception de la pénalisation, améliore de manière significative les résultats. Nous avons également testé l'effet de la taille du simplexe initial : s'il est trop petit, les résultats sont de moins bonne qualité. Cependant, les résultats varient suffisamment lentement pour que l'on puisse considérer que ce paramètre est relativement facile à fixer.

Nous avons aussi comparé notre méthode à une méthode de Monte-Carlo classique, en supprimant l'étape de minimisation par le simplexe. On calcule alors simplement l'énergie d'un grand nombre de configurations aléatoires, et on raffine la meilleure par la méthode de Powell. Les résultats montrent que le taux d'erreur diminue beaucoup plus vite avec notre méthode qu'avec celle de Monte-Carlo. Même si l'on prend en compte la différence de temps de calcul, notre méthode s'avère plus performante dans le sens que pour un temps de calcul donné, le taux d'erreur est inférieur.

Finalement, nous avons évalué l'utilisation d'une minimisation simplexe menée jusqu'au bout (tolérance de 0.05) pour chaque initialisation aléatoire. Le taux d'erreur diminue beaucoup plus rapidement en fonction du nombre d'initialisations ; cependant, l'augmentation du temps de calcul compense essentiellement ce gain. On peut considérer que le fait d'utiliser ou non des minimisations complètes n'influe pas outre mesure sur les résultats.

La figure 3.3 présente les temps de calculs obtenus pour les différentes méthodes avec 500 initialisations aléatoires. Ce nombre a été retenu car il permet d'obtenir des résultats acceptables avec la méthode de référence. On peut de toutes façons considérer que le temps de calcul croît de manière quasi-linéaire avec le nombre d'initialisations aléatoires. Il faut environ deux minutes pour effectuer le recalage avec la méthode de référence sur un PC ordinaire. Les variations du

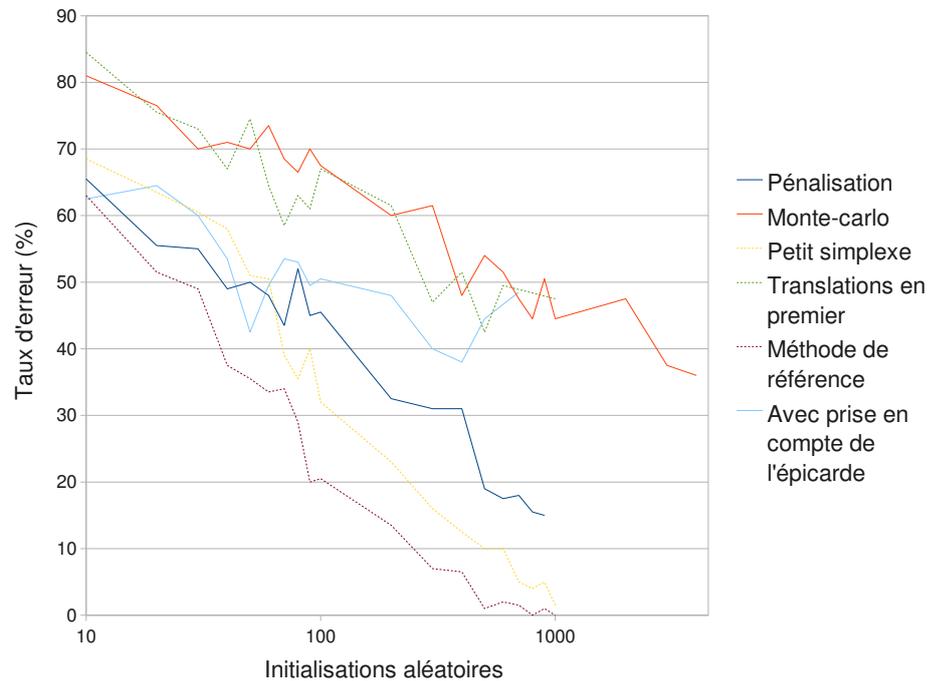


FIGURE 3.1 – Taux de réussite obtenu avec différentes méthodes en fonction du nombre d'initialisations aléatoires

temps de calcul entre méthodes sont dues principalement aux différences dans le nombre d'itérations nécessaires à la convergence du simplexe. La méthode de référence offre le meilleur compromis, c'est-à-dire le meilleur taux d'erreur pour un temps de calcul donné.

3.3.2 Conclusions sur l'initialisation automatique

Malgré les améliorations apportées par les initialisations multiples, la méthode présentée donne encore par moment des résultats erronés. Il apparaît que le critère d'énergie en lui-même est parfois mauvais : son minimum ne correspond pas nécessairement à une solution acceptable. En particulier, les muscles papillaires peuvent masquer le vrai contour endocardique sur certaines images.

Pour obtenir des résultats plus robustes, nous avons choisi de développer une méthode semi-automatique, basée sur la sélection de quelques amers anatomiques par le médecin. Cela lui permet en outre de garder le contrôle sur le processus de segmentation.

3.4 Initialisation semi-automatique

Dans cette section, nous présentons une méthode de recalage semi-automatique basée sur la sélection de repères anatomiques par le médecin. Il est en effet possible de repérer dans les images un certain nombre de points anato-

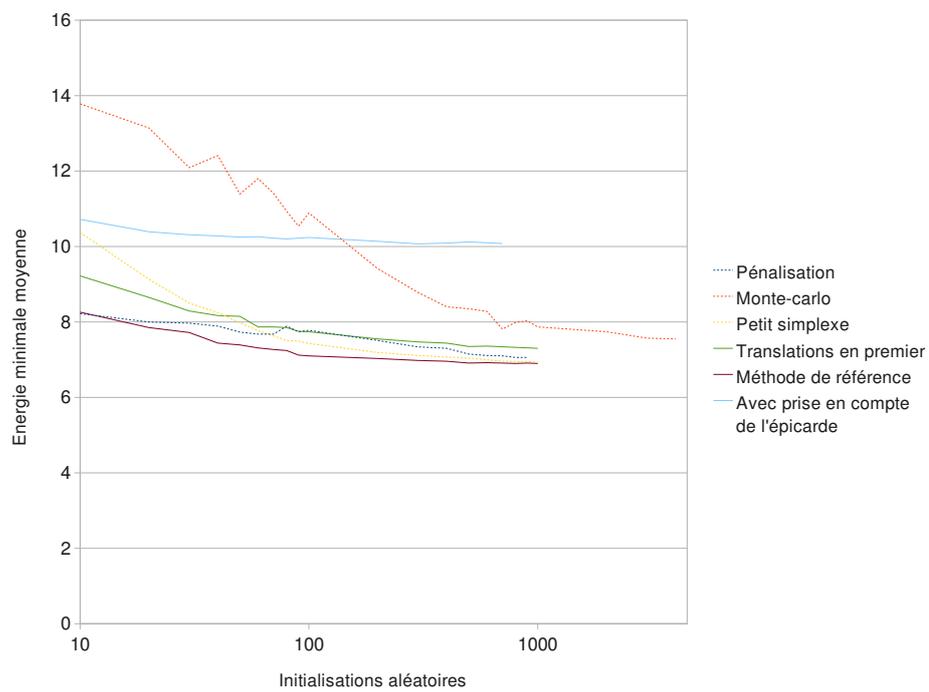


FIGURE 3.2 – Énergie moyenne obtenue

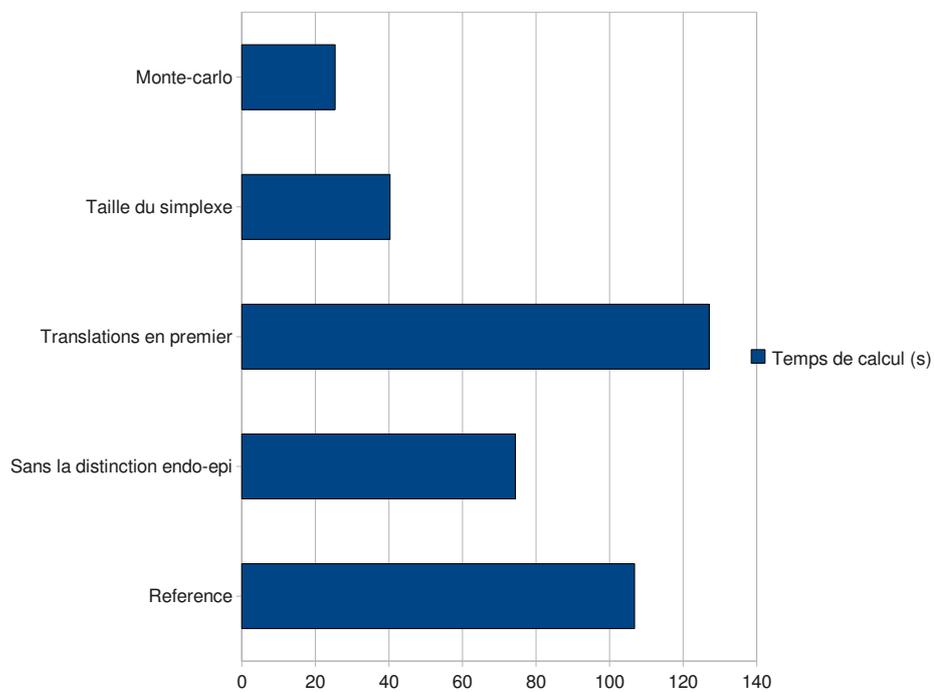


FIGURE 3.3 – Temps de calcul pour les différentes méthodes évaluées avec 500 initialisations aléatoires

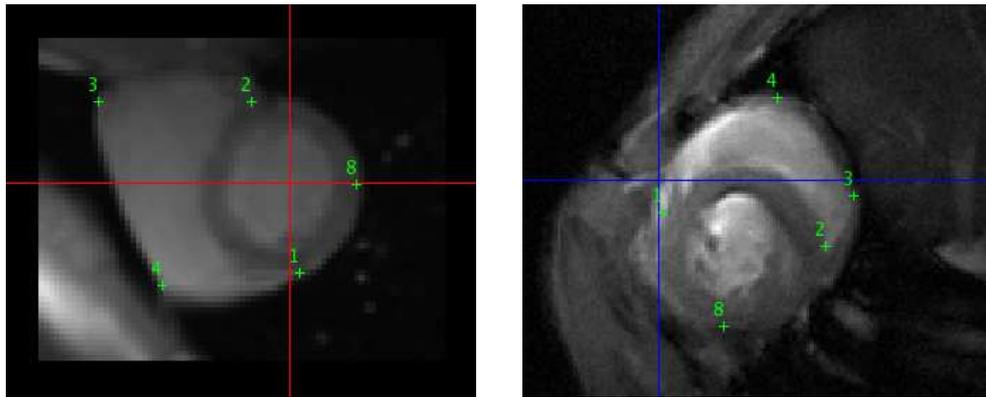


FIGURE 3.4 – Points de référence sur l’image ayant servi à construire le modèle (à gauche) et l’image cible (à droite).

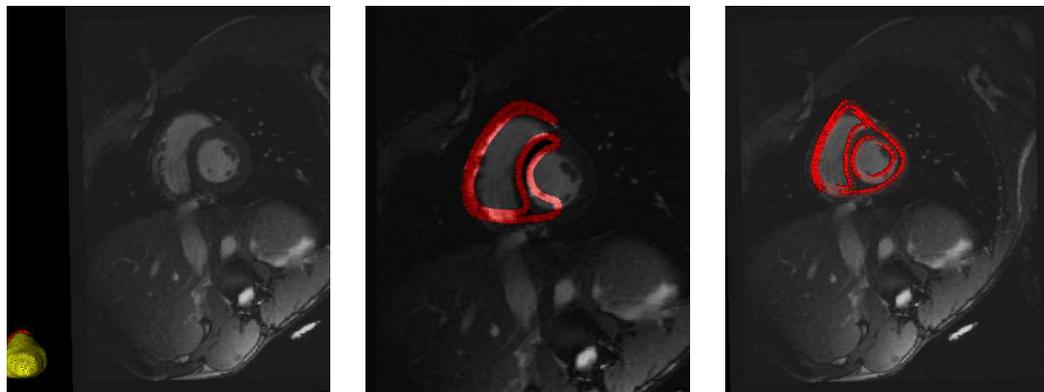


FIGURE 3.5 – Exemple de recalage semi-automatique. A gauche, positionnement initial du modèle. Le modèle est en dehors de l’image. Au milieu, résultat de la transformation affine optimale (le modèle n’est pas entièrement visible car il ne monte pas jusqu’à la base du ventricule). A droite, résultat final, après applications de la transformation affine et des splines de plaques minces.

miques tels que l’apex, le milieu du septum au niveau basal ou encore le milieu du ventricule gauche sur une coupe petit axe au niveau basal. On peut alors chercher des transformations faisant correspondre ces points sur le modèle avec leur position dans l’image. La figure 3.4 montre un exemple de choix d’amers.

Une bonne transformation doit faire coïncider le modèle au mieux avec les contours de l’image, tout en gardant une forme réaliste pour le modèle. Nous avons exploré une approche hybride, utilisant une transformation affine à 7 paramètres pour le placement approximatif du modèle, et une transformations non rigide, basée sur les splines de plaque mince pour un positionnement plus précis.

L’espace des transformations affines considérées est celui que nous avons décrit précédemment, et inclut les translations, les rotations et un paramètre de mise à l’échelle. Comme on suppose connue la correspondance entre les points de référence dans l’image et sur le modèle, le calcul de la transformation qui minimise l’erreur quadratique est un problème de moindres carrés linéaires, et se résout par inversion d’un simple système linéaire.

Une fois le modèle placé approximativement, si le nombre d’amers est suffi-

sant, une transformation non rigide locale peut être utilisée pour mettre le modèle en correspondance de manière plus fine. Les splines de plaque mince [109, 110, 111] sont une solution satisfaisante à ce problème. Ces fonctions apparaissent comme solutions du problème de minimisation de l'énergie de flexion de plaques minces. Les transformations résultantes sont une combinaison linéaire de fonctions de la forme $r^2 \log r$, centrées autour des points de contrôle. Les poids de chaque fonction sont obtenus en résolvant un système linéaire. Le fait d'utiliser des splines permet d'obtenir des transformations très régulières, ce qui assure en partie que la forme du modèle déformé est plausible.

Pour le positionnement du cœur, nous avons identifié quatre repères anatomiques pour une coupe donnée : l'intersection de l'épicarde et du plan grand axe quatre cavités, les points de rattachement du ventricule droit au ventricule gauche, et deux points de forte courbure sur le ventricule droit. L'apex et l'ensemble de ces repères sur la coupe basale et médiane forment 9 points de repère utilisés pour l'initialisation du modèle.

La localisation de ces points de repère suppose un certain travail pour le médecin, en contrepartie d'un meilleur contrôle sur le processus. Une solution pour réduire ce nombre pourrait être d'utiliser les points de repère pour contraindre l'algorithme automatique décrit précédemment. La figure 3.5 montre les résultats obtenus pour un recalage semi-automatique avec huit points de référence.

3.5 Positionnement du modèle dans des IRM de marquage tissulaire

L'IRM de marquage tissulaire est une modalité de choix pour l'étude des déformations à l'intérieur du myocarde. Pour faciliter l'exploitation des images et rendre leur interprétation plus objective, il est intéressant de calculer les déformations automatiquement, directement à partir des images. Cela nécessite de détecter les marqueurs (*tags*, en anglais) et de segmenter le myocarde.

La segmentation des images marquées est un problème particulier du fait de la présence du marquage qui peut perturber les méthodes de segmentation classiques. Des méthodes spécifiques ont donc été développées. Dans cette partie, nous proposons d'utiliser la méthode de Qian [48], décrite au chapitre 1, couplée à notre modèle pour estimer de manière détaillée le mouvement à l'intérieur du myocarde.

La méthode de Qian permet d'obtenir les contours du myocarde dans chaque coupe. Cependant, elle ne permet pas d'établir de correspondances entre les différentes coupes, ni d'obtenir la forme tridimensionnelle du cœur. Pour obtenir celle-ci, nous proposons de recalibrer notre modèle en utilisant la méthode décrite précédemment, en localisant des points de repère dans les contours obtenus par la méthode de Qian. La figure 3.6 présente les points de repère détectés sur un contour myocardique en petit axe. Ces contours sont définis suivant des critères de courbure locale et de position relative. On trouve les contours correspondants sur le modèle tridimensionnel en le coupant suivant le petit axe. On obtient alors la position des points de repère sur le modèle, et on peut appliquer la méthode hybride décrite précédemment.

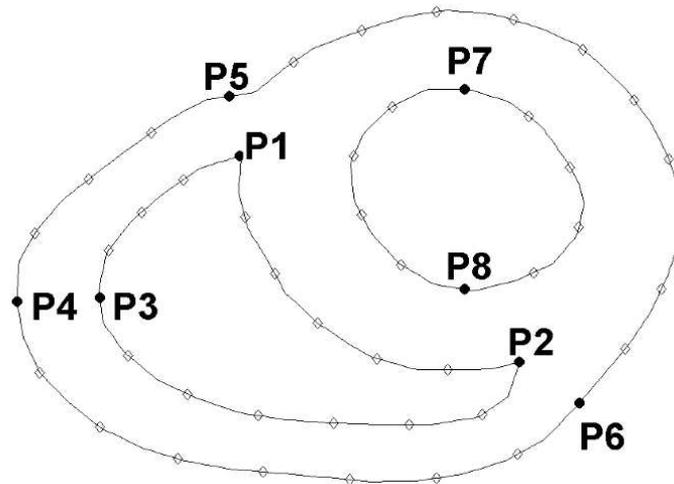


FIGURE 3.6 – Résultats de la méthode automatique utilisée pour placer les points de repère. Les points noirs sont des points clés localisés automatiquement en utilisant des critères de courbure et de position. Un nombre fixe de points (représentés par des carrés) sont placés à intervalles fixes entre eux.

Il est généralement observé que la configuration des différentes structures du cœur varie significativement de patient à patient. Nous proposons donc de recalibrer indépendamment les différentes structures, en utilisant une transformation hybride différente pour chacune d'entre elles. Les différentes structures peuvent alors être réunifiées en créant un maillage volumique.

Nous avons appliqué cette méthode à deux jeux de données, obtenus avec deux séquences aux paramètres différents : 192x192 pixels, avec une résolution de 1.3mm dans le plan, une épaisseur de coupe de 0.5cm, et 18 coupes espacées de 4.8mm pour le premier jeu de données ; 132x192 pixels, une résolution dans le plan de 1.7mm, et 7 coupes espacées de 12.5mm pour le second. Les deux jeux de données ont été acquis sur un IRM Siemens Sonata avec un champ de 1.5T.

La figure 3.7 présente les surfaces issues du recalage sur le premier jeu de données, avec les 400 points de repère.

La figure 3.9 montre le modèle recalé en superposition sur les images initiales des deux jeux de données. Les contours du modèle sont en bonne adéquation avec les contours de l'image, même dans les zones sans points de repère (notamment la partie apicale du cœur). Le modèle conserve par ailleurs une forme plausible. Cela montre l'intérêt d'utiliser un modèle tridimensionnel couplé à notre méthode de recalage (section 3.4). Tous ces résultats ont fait l'objet d'une publication présentée à la conférence MICCAI [16].

En collaboration avec Wang [112], nous avons utilisé le modèle recalé pour estimer le mouvement tridimensionnel détaillé à l'intérieur du myocarde. L'idée est de déformer le modèle en le soumettant à des forces issues d'une méthode de suivi du marquage tissulaire. La figure 3.8 montre un exemple de modèles déformés obtenus pour chaque instant du cycle cardiaque par cette méthode.

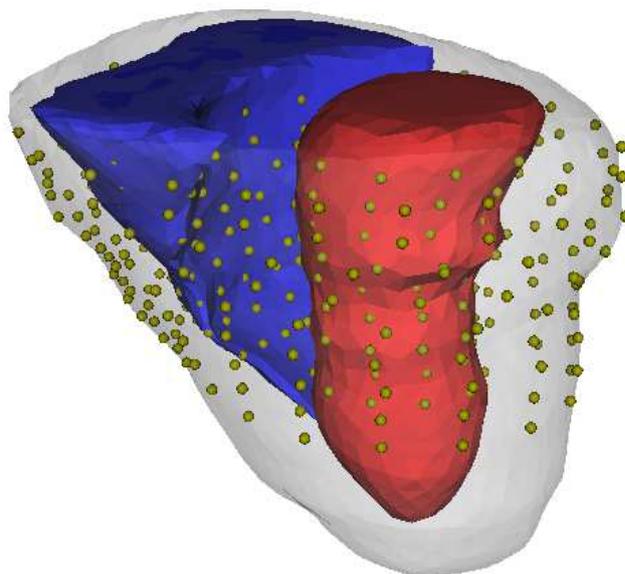


FIGURE 3.7 – Ventricules gauche et droit et épicarde du modèle reconstruit à partir d'un ensemble de coupes. Les points jaunes sont les 400 points de repère extraits par la méthode de Qian [48].

3.6 Conclusions

Nous avons proposé plusieurs améliorations de la méthode de positionnement automatique de Pham [70], concernant la fonctionnelle d'énergie en elle-même, d'une part, et sur la méthode de minimisation, d'autre part. Nous avons ensuite évalué quantitativement les améliorations proposées à l'aide d'un grand nombre de simulations, et mesuré l'impact de chacune d'entre elles tant en terme de robustesse que de temps de calcul. Si l'ensemble des modifications proposées permet une amélioration significative des performances de la méthode, la robustesse est encore insuffisante pour une utilisation en clinique.

C'est pourquoi nous avons exploré la possibilité d'une initialisation semi-automatique, ne nécessitant qu'un apport d'informations minimal de la part du praticien. Nous avons donc proposé une méthode hybride, composée d'un recalage affine à 7 paramètres et d'une transformation non rigide basée sur les splines de plaques minces. Nous avons ensuite appliqué cette méthode dans le contexte un peu différent de la reconstruction du modèle 3D à partir de segmentations bidimensionnelles en IRM de marquage tissulaire. Enfin, en collaboration avec Wang [112], nous avons utilisé le modèle recalé pour intégrer les informations de mouvement issues du suivi du marquage, et estimer certains paramètres fonctionnels tels que la déformation myocardique. Le modèle pourrait également être utilisé pour mener l'estimation de mouvement et la segmentation de manière conjointe, afin d'exploiter au mieux l'information de forme détaillée des séquences ciné et le mouvement précis des images marquées. Pour intégrer ces informations au mieux, le modèle doit prendre en compte la dynamique cardiaque : c'est l'objet du chapitre suivant.

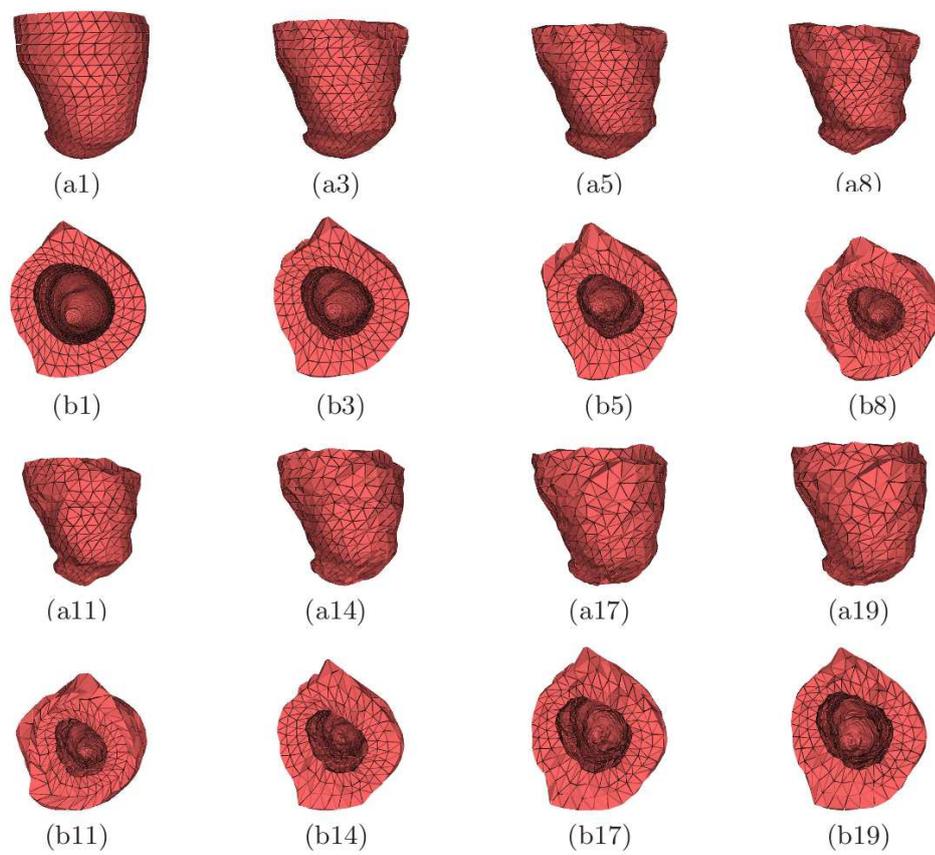


FIGURE 3.8 – Jeu de modèles déformés obtenus par la méthode de Wang [112], en utilisant notre modèle recalé.

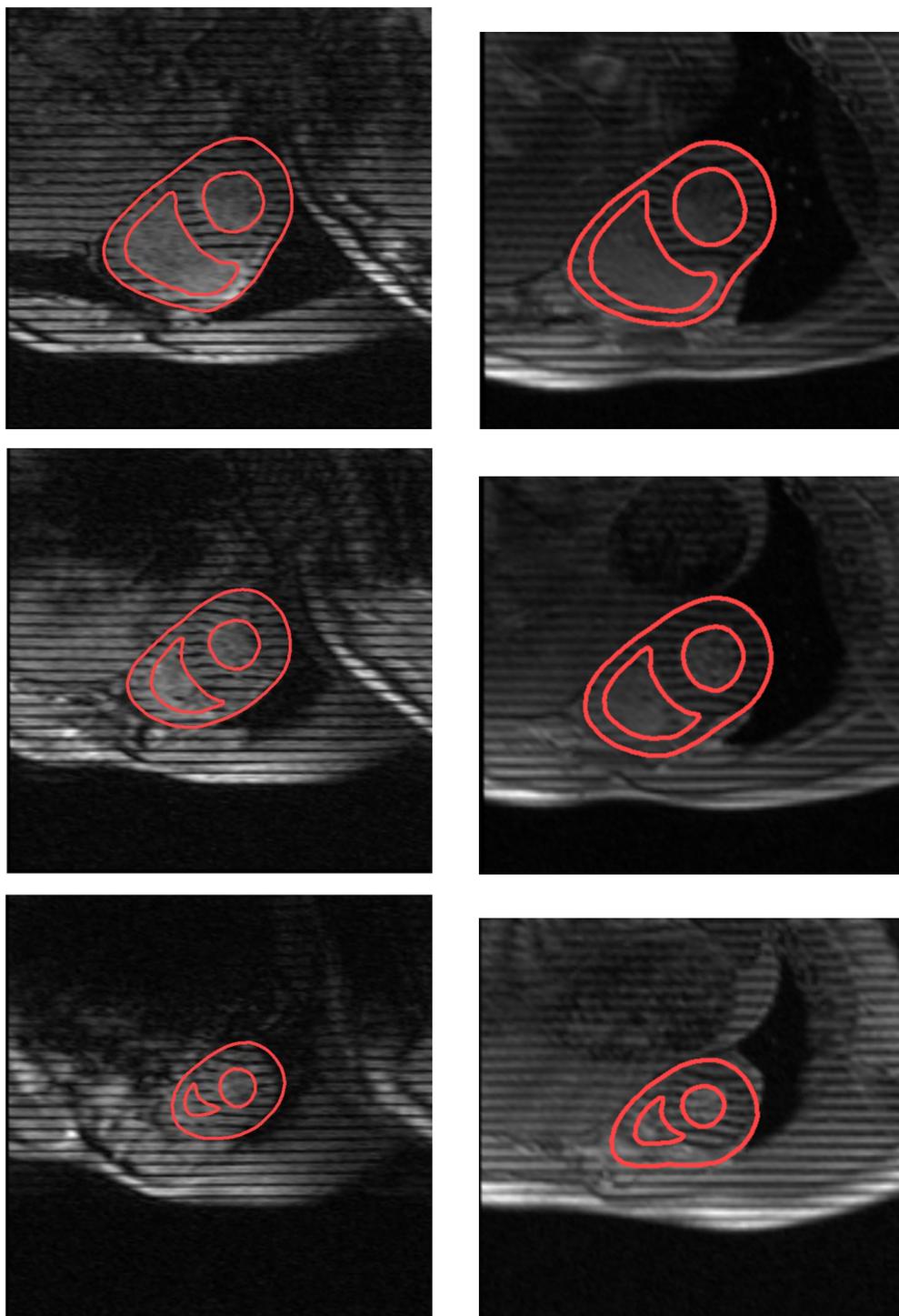


FIGURE 3.9 – Contour du modèle recalé superposé sur les images de deux jeux de données. Chaque colonne représente un jeu de données différent. La première ligne est une coupe située au niveau de la base. Les images du milieu représentent une coupe petit-axe du milieu des ventricules, et les images du bas représentent une coupe apicale. Remarque : aucune information de segmentation n'était disponible pour la coupe apicale.

Modèle élastique dynamique

Résumé

Nous reproduisons ici un article soumis à la revue *Medical Image Analysis*. Nous y présentons un modèle élastique dynamique pour la segmentation de séquences IRM ciné cardiaques. Ce modèle est l'extension naturelle du GDE statique à la dynamique.

Le nouveau modèle est basé sur deux idées principales : la première est de modéliser la dynamique sous une forme simplifiée de l'équation différentielle classique de la dynamique des milieux continus. Nous restons ainsi dans le cadre des modèles bio-inspirés, tout en gardant un modèle suffisamment simple pour être adapté facilement aux images. La seconde idée est de représenter les trajectoires des points du modèle sous la forme d'une série de Fourier, et d'y appliquer un filtrage fréquentiel. De cette manière, on peut contraindre le mouvement à être régulier et périodique.

Nous proposons un schéma de résolution pseudo-instationnaire pour adapter le modèle aux images, en considérant toute la séquence simultanément. Cela permet de prendre en compte toute l'information disponible et de corriger les erreurs de segmentation ponctuelles. Nous proposons également un autre schéma qui étend la contrainte (section 2.4) à la dynamique. En collaboration avec J. Pousin, nous avons démontré l'existence et l'unicité de solutions à ces deux problèmes, ainsi que la convergence des schémas proposés.

Nous avons évalué le nouveau modèle à la fois sur des données réelles et sur une séquence de synthèse pour laquelle les déplacements sont connus. Nous donnons des résultats quantitatifs sur la séquence de synthèse ainsi qu'une évaluation qualitative sur les 18 séquences réelles que nous avons traité.

4.1 Abstract

We believe that strong prior models are a prerequisite for reliable spatio-temporal cardiac image analysis. While several cardiac models have been presented in the past, many of them are either too complex for their parameters to be estimated on the sole basis of MR Images, or overly simplified. In this paper, we present a novel bio-inspired dynamic model, based on the equation of dynamics for elastic materials and on Fourier filtering. The explicit use of dynamics allows us to enforce periodicity and temporal smoothness constraints.

After describing the model, we give some theoretical results, notably existence and unicity of solutions. We then propose an algorithm to solve the continuous dynamical problem associated to adapting the model to the images numerically. This algorithm is proved to converge to the desired solution.

Using a simple 1D example, we show how temporal filtering can help removing noise while ensuring the periodicity and smoothness of solutions. Finally, we show results both on real MR images and on a synthetic sequence with known displacements to illustrate the benefits of our new dynamic model and to show how it can be used to analyze cardiac MR images. In order to assess the performance of the method, numerical results on the synthetic sequence and a qualitative evaluation on real MR sequences are given.

4.2 Introduction

The detailed analysis of cardiac images remains a challenging task. In particular, the automated analysis of cardiac anatomical and functional MR images could yield detailed anatomical and functional cardiac parameters such as 3D shapes and volumes, motion, strain and stresses in the myocardium.

In this paper, we present a new approach for the segmentation and motion tracking of the myocardium in dynamic image sequences. This approach includes strong priors without depending on statistical models. It is flexible enough to integrate data from various modalities, such as cine and tagged MRI.

Our method is based on the *Deformable Elastic Template* method introduced by Pham [113], and later improved by Rouchdy [13]. A *Deformable Elastic Template* is a combination of :

- A topological and geometrical model of the object to be segmented.
- A constitutive equation (elasticity) defining its behavior under applied external image forces that push the model's interfaces towards the image edges.

Here, we extend this approach to explicitly take into account the temporal dimension, in order to fully take into account the dynamics of the heart over the cardiac cycle. The proposed approach adds smoothness and periodicity constraints to the model, thus improving the robustness. It also analyzes all time frames concurrently, contrarily to most other approaches which analyze only one instant at a time. Moreover, existence and unicity of a solution, as well as convergence of the numerical algorithm towards the desired solution can be established.

The paper is organized as follows : after a presentation of previous results in the field, we introduce the new dynamic model. After studying the solution of the linear case of the model equations, we show how the general case can be sol-

ved using a sequence of linear problems. We then specify a few of the theoretical properties of the model with a sketch of the proofs. In a last section, results on synthetic data and real pathological human Magnetic Resonance Imaging sequences (MRI) are presented and discussed.

4.3 Previous work

Many methods have been presented to tackle the problem of cardiac MRI segmentation. In particular, statistical methods, have encountered a certain success. Mitchell et al. [114] first presented an Active Appearance Model (AAM) for the segmentation of 2D MR slices of the heart. The method was later extended to a full 3D AAM [40]. Lötjönen et al. presented a method based on a statistical point distribution model and a mean grayscale model [44].

Statistical *a priori* based methods have also been implemented with success for analyzing images of the heart from other modalities. For the segmentation of tagged MR images, Qian et al. [48] proposed a method based on an Active Shape Model for the shape coupled with an appearance model based on the Adaboost statistical method and Gabor filters. Lorenz et al. [115] also proposed a statistical shape model based on images from 13 patients for the automated segmentation of CT scans of the heart. Bernard et al. [116] proposed a statistical model for the distribution of intensities in echographic images of the heart. The segmentation is then performed using a level-set technique. Finally, Zhou et al. [46] present a very convincing information-fusion framework that allows to take into account uncertainties both in the statistical shape model and the measure of displacement, and apply it to heart shape tracking in echographic images.

Not all methods are based on statistical models, though. Some authors feel that statistical models are too dependent on the training data, and cannot account for all the variability in real patients. For example, in the field of echocardiography segmentation, Gérard et al. [57] proposed a 3D deformable model based on a simplex mesh. Angelini et al. [117] presented a solution based on deformable models and brushlet filtering of the image data for the segmentation of 3D ultrasound data.

Prior information about the heart motion can be used. Lorenzo-Valdés et al. [45] proposed using a 4D probabilistic atlas together with the expectation maximization algorithm to perform the segmentation of Cine MRI. Debreuve et al. [118] proposed a space-time level set method for the segmentation of myocardial SPECT images, taking the whole sequence as one 4D images. More recently, methods derived from mathematical morphology have appeared : Cousty et al. presented a framework based on discrete watersheds, also working in 4D [54].

However, none of these methods provide a convenient framework for analyzing the heart motion both on the contours and inside the myocardium, nor take into account the temporal dimension explicitly. A few papers have targeted the problem of dynamic image analysis in the past, taking the temporal dimension into account explicitly. Montagnat proposed a dynamic framework based on simplex meshes to analyze 4D SPECT data [58]. Nastar proposed a surfacic deformable model with a Fourier basis for expressing the motion of control points [55]. The method we present in this paper is very close to this last work. However, instead

of the simple mass-spring shape model, we propose a more realistic bio-inspired volumetric elastic model.

4.4 Model and theoretical background

4.4.1 Static model

Before describing the dynamic model, we briefly introduce the static Deformable Elastic Template (DET), upon which it is based [113].

The DET model is a deformable volumetric model submitted to external constraints imposed by the image. The equilibrium of the model is obtained through the minimization of the following global energy functional :

$$E = E_{elastic} + E_{data}$$

where $E_{elastic}$ represents the elastic deformation energy of the model and E_{data} is the energy due to the external image forces.

The model is considered as a linear elastic body [119]. Its elastic energy can be expressed as :

$$E_{elastic} = \frac{1}{2} \int_{\Omega} \text{tr}(\sigma \epsilon^T) d\Omega$$

where σ and ϵ are the 3D stress and deformation tensors and Ω is the model domain at rest. $\epsilon(u) = \frac{1}{2}(\nabla u + \nabla u^T)$ is the strain tensor and $\sigma(u) = \lambda \text{tr}(\epsilon(u))\mathbb{I} + 2\mu\epsilon(u)$ is the stress tensor as a function of the displacement u . The coefficients λ and μ stand for the Lamé coefficients (see [119]). The material is considered to be isotropic, homogeneous and completely defined by its Young modulus and its Poisson coefficient. The object boundaries are submitted to a superficial force field f . The expression of the external energy E_{data} is :

$$E_{data}(u) = - \int_{\partial\Omega} f^T u d\gamma$$

with $\partial\Omega$ the border of the object domain Ω .

These energy terms can be approximated by discretizing the underlying functions, namely the displacement u and the force f . To perform the discretization, we use the finite element method [120] (FEM) : the elastic domain Ω is approximated by a polyhedron divided into tetrahedral elements. The displacement is approximated by linear functions on these elements, while the forces are sampled at nodal points.

Under this approximation, the minimum of the energy must satisfy the following equation :

$$\mathbf{K}\mathbf{U} = \mathbf{F} \tag{4.1}$$

where \mathbf{K} is the stiffness matrix, corresponding to the response of the elastic material, and \mathbf{U} and \mathbf{F} are respectively the displacement and the force on mesh nodes. This equation results in a sparse linear system and can be solved using standard numerical methods. However since the force depends on the displacement, we do

not solve this equation directly. Rather, we construct an evolution equation that allows to solve the nonlinear problem by solving a series of linear systems :

$$\frac{d\mathbf{U}}{d\tau} + \mathbf{K}\mathbf{U} = \mathbf{F}(\mathbf{U})$$

where τ is the evolution parameter. The derivative of the displacement relative to τ can be approximated using finite differences, and \mathbf{F} can be supposed to be constant for small variations of \mathbf{U}

The model resulting from equation 4.1 is purely static, and its terms do not explicitly depend on time. It is thus not very well suited for the analysis of dynamic image sequences. In this paper, we extend the method to the analysis of dynamic image sequences by investigating the use of the equation of dynamics in place of equation 4.1.

4.4.2 Dynamical model

4.4.2.1 Image data

We assume the data is available as sequences of N 2D or 3D images, sampling the cardiac cycle. Dynamic MRI or X ray computed tomography can provide such sequences. To simplify the mathematical treatment of the problem, we assume that the cardiac cycle occurs for $t \in [0, 1[$.

4.4.2.2 Model requirements

Our goal is to match a geometrical heart template to a moving sequence of images, while satisfying certain imposed constraints : the motion should be periodical and smooth. Our approach is to design our model to be inspired from the real physics of the myocardium, while being simple enough for its parameters to be estimated from medical images. Additional complexity can be added later as the amount of available data increases (for example DT-MRI could provide fiber orientation information *in vivo* in the future). To this end, we propose the use of a simplified equation of dynamics introduced in the next section.

4.4.2.3 Equation of dynamics

The full equation of dynamics is as follows :

$$\mathbf{M}\ddot{\mathbf{U}} + \mathbf{D}\dot{\mathbf{U}} + \mathbf{K}(\mathbf{U})\mathbf{U} = \mathbf{F}(\mathbf{U}, t)$$

Where \mathbf{M} is the generalized mass matrix, accounting for both mass and rotational inertia and \mathbf{D} is the damping matrix and is usually diagonal. For more details on finite-element based dynamical models, the reader can refer to [121] and the references cited in it.

Note that \mathbf{K} and \mathbf{F} both depend on the displacement in the nonlinear case ([13]). As such, the problem is nonlinear and significantly harder than the linear one.

4.4.2.4 Simplified equation of dynamics

In this work, we chose to neglect the second-order term, namely $\mathbf{M}\ddot{\mathbf{U}}$. Whether this approximation is realistic remains to be shown, however, we believe that a first order model is sufficient for image analysis. Removing the second-order term also renders the problem more stable and easier to treat mathematically. The model equation becomes :

$$\mathbf{D}\dot{\mathbf{U}} + \mathbf{K}(\mathbf{U})\mathbf{U} = \mathbf{F}(\mathbf{U}, t) \quad (4.2)$$

We consider the matrix \mathbf{D} to be a multiple of identity. It can thus be replaced by a single scalar α :

$$\alpha\dot{\mathbf{U}} + \mathbf{K}(\mathbf{U})\mathbf{U} = \mathbf{F}(\mathbf{U}, t) \quad (4.3)$$

In appendix 4.7.1 a result of existence and uniqueness of a solution to Problem 4.3 is given in the case where the stiffness matrix does not depend on displacement.

4.4.2.5 Function basis

Solutions to the preceding equation do not necessarily satisfy the periodicity and smoothness constraints. In order to enforce these constraints, we look for solutions in a finite-dimension subspace \mathcal{F} generated by a set of Fourier harmonics [122].

The image data represents a certain number of uniformly-spaced noisy samples of a smooth and periodical phenomenon. Thus, we can assume the force fields \mathbf{F}^n derived from the images to be samples of an element of \mathcal{F} . One and only one element of \mathcal{F} satisfies $\mathbf{F}(\frac{n}{N}) = \mathbf{F}^n$, $\forall n, 0 \leq n < N$. The discrete Fourier Transform of the \mathbf{F}^n samples is defined as :

$$\mathbf{dft}[l] = \frac{1}{N} \sum_{n=0}^{N-1} \mathbf{F}^n e^{-\frac{2\pi i l n}{N}}$$

and

$$\mathbf{f}^l = \begin{cases} \mathbf{dft}[l], & \forall l, 0 \leq l < \frac{N}{2} \\ \mathbf{dft}[l + N], & \forall l, -\frac{N}{2} < l < 0 \\ \frac{1}{2}\mathbf{dft}[\frac{N}{2}], & \forall l, l = \pm \frac{N}{2} \end{cases}$$

then

$$\mathbf{F}(t) = \sum_{l=-N/2}^{N/2} \mathbf{f}^l e^{2\pi i l t}$$

Note that the previous expressions are only valid if N is even. Similar expressions can be easily derived for the odd case. For reasons of brevity, we only consider the case where N is even in the remaining part of this paper.

4.4.3 Integration methods

We now focus on solving equation 4.3. We first consider the linear case, where neither \mathbf{K} nor \mathbf{F} depend on the displacement :

$$\alpha\dot{\mathbf{U}} + \mathbf{K}\mathbf{U} = \mathbf{F}(t) \quad (4.4)$$

Later, in section 4.4.5.1 we will show how to solve the real problem using a series of these simplified linear problems.

The \mathbf{K} matrix derived from the finite-element treatment of linear elasticity is symmetric. Thus there exists an invertible matrix \mathbf{P} such that :

$$\mathbf{P}^{-1}\mathbf{K}\mathbf{P} = \text{diag}(\lambda_k)$$

where $\text{diag}(\lambda_k)$ is a diagonal matrix composed of the eigenvalues of \mathbf{K} .

We can rewrite equation 4.4 in the new basis :

Let \mathbf{Y} be the vector such that $\mathbf{U} = \mathbf{P}\mathbf{Y}$.

$$\alpha\mathbf{P}\dot{\mathbf{Y}} + \mathbf{K}\mathbf{P}\mathbf{Y} = \mathbf{F}$$

$$\alpha\mathbf{P}^{-1}\mathbf{P}\dot{\mathbf{Y}} + \mathbf{P}^{-1}\mathbf{K}\mathbf{P}\mathbf{Y} = \mathbf{P}^{-1}\mathbf{F}$$

Finally, setting $\mathbf{P}^{-1}\mathbf{F} = \mathbf{G}$,

$$\alpha\dot{\mathbf{Y}} + \text{diag}(\lambda_k)\mathbf{Y} = \mathbf{G} \quad (4.5)$$

Equation 4.5 is a set of independent 1-D problems, since the matrices are diagonal and each line is thus independent from the others. We now consider two methods to solve this problem.

4.4.3.1 Collocation method

If \mathbf{Y} is a solution of equation 4.5 and $\mathbf{Y} \in \mathcal{F}$, then each component \mathbf{Y}_k of \mathbf{Y} satisfies :

$$\mathbf{Y}_k(t) = \sum_{l=-N/2}^{N/2} \mathbf{y}_k^l e^{2\pi i l t}$$

where \mathbf{y}_k^l is the l -th component of the Fourier decomposition of \mathbf{Y}_k . From the previous expression, we can derive the time derivative of \mathbf{Y}_k :

$$\dot{\mathbf{Y}}_k(t) = \sum_{l=-N/2}^{N/2} 2\pi i l \mathbf{y}_k^l e^{2\pi i l t}$$

Equation 4.5 yields :

$$\langle \alpha\dot{\mathbf{Y}}_k + \lambda_k \mathbf{Y}_k | \phi \rangle = \langle \mathbf{G} | \phi \rangle, \forall \phi \in \{e^{2\pi i n}\}$$

$$\langle \alpha\dot{\mathbf{Y}}_k | \phi \rangle + \langle \lambda_k \mathbf{Y}_k | \phi \rangle = \langle \mathbf{G} | \phi \rangle$$

where $\langle \phi_1 | \phi_2 \rangle$ is the \mathcal{L}_2 scalar product. The elements of $\{e^{2\pi i n}\}$ are orthogonal, ie. :

$$\begin{aligned} \langle e^{i2\pi n_1 t} | e^{i2\pi n_2 t} \rangle &= \int_0^1 e^{i2\pi n_1 t} \overline{e^{i2\pi n_2 t}} dt = 0, n_1, n_2 \in \mathbb{Z} \\ &\Leftrightarrow n_1 \neq n_2 \end{aligned}$$

Replacing \mathbf{Y}_k , $\dot{\mathbf{Y}}_k$ and \mathbf{G}_k with their Fourier expressions, and using the orthogonality property, we obtain :

$$2\pi i\alpha l \mathbf{y}_k^l + \lambda_k \mathbf{y}_k^l = \mathbf{g}_k^l$$

or

$$\mathbf{y}_k^l = \frac{\mathbf{g}_k^l}{\lambda_k + 2\pi i l \alpha} \quad (4.6)$$

4.4.3.2 Finite difference method

We now consider the more common approach of finite differences and Euler integration for solving equation 4.4. Under the approximation of finite differences, the derivative of the displacement can be approximated by :

$$\dot{\mathbf{Y}}^{n+1} = \frac{\mathbf{Y}^{n+1} - \mathbf{Y}^n}{h}$$

Where \mathbf{Y}^n is the n th sample of $\mathbf{Y}(t)$. Equation 4.4 becomes :

$$\alpha \frac{\mathbf{Y}^{n+1} - \mathbf{Y}^n}{h} + \text{diag}(\lambda_k) \mathbf{Y}^{n+1} = \mathbf{G}^{n+1}$$

where h is the time step of the integration, ie. the duration of each sample. Using the Fourier expressions of \mathbf{Y} and \mathbf{G} , we have :

$$\begin{aligned} \left(\frac{\alpha}{h} + \lambda_k\right) \sum_{l=-N/2}^{N/2} \mathbf{y}_k^l e^{2\pi i l (n+1)h} - \frac{\alpha}{h} \sum_{l=-N/2}^{N/2} \mathbf{y}_k^l e^{2\pi i l n h} \\ = \sum_{l=-N/2}^{N/2} \mathbf{g}_k^l e^{2\pi i l (n+1)h} \\ \sum_{l=-N/2}^{N/2} \left(\frac{\alpha}{h} + \lambda_k - \frac{\alpha e^{-2\pi i l h}}{h}\right) \mathbf{y}_k^l e^{2\pi i l (n+1)h} \\ = \sum_{l=-N/2}^{N/2} \mathbf{g}_k^l e^{2\pi i l (n+1)h} \end{aligned}$$

Using the orthogonality of the elements $\{e^{2\pi i l n}\}$ as before, we obtain :

$$\left(\frac{\alpha}{h}(1 - e^{-2\pi i l h}) + \lambda_k\right) \mathbf{y}_k^l = \mathbf{g}_k^l$$

As h approaches zero, the result of the computation using finite differences converges towards the result of the collocation method :

$$\mathbf{y}_k^l = \frac{\mathbf{g}_k^l}{\frac{\alpha}{h}(1 - e^{-2\pi i l h}) + \lambda_k}$$

let $\Psi(h) = 1 - e^{-2\pi i l h}$

$$\Psi(0) = 0$$

$$\Psi'(h) = 2\pi i l e^{-2\pi i l h}$$

$$\Psi'(0) = 2\pi i l$$

thus $\lim_{h \rightarrow 0} \frac{\Psi(h)}{h} = 2\pi il$, and, finally :

$$\lim_{h \rightarrow 0} \mathbf{y}_k^l = \frac{\mathbf{g}_k^l}{\lambda_k + 2\pi il\alpha}$$

which is what we obtained using the collocation method. Thus both integration methods are equivalent when the finite difference time step is small. \square

4.4.4 Force vs. displacement filtering

The previous section dealt with a problem of interpolation : the values of force vector field \mathbf{F} measured in the images are supposed to drive the model perfectly towards the object's boundaries in the image. However, in practice, MR images are noisy and contain a lot of structures. It is thus impossible to derive a perfect force field from the images. Typical force fields derived for example from the GVF approach [79] suffer from two main problems :

- Temporal jittering : the border of the object will not be detected exactly at the same position in consecutive frames, resulting in an unrealistically irregular motion.
- Sporadic absence of data, due to different MR artifacts.

The force field we use in this article is derived from a sophisticated segmentation algorithm [54] and is thus much less prone to the second problem, however it still suffers from some temporal jittering. It is thus interesting to filter either the data or the computed solutions, in order to remove noise and to enforce continuity and smoothness of the motion. In the Fourier basis, filtering the high frequencies can be as easy as removing the high frequency harmonics, more precisely, setting $\mathbf{f}^l = 0$ and $\mathbf{f}^{-l} = 0$ for $l > a$, where a is the highest admissible frequency. The choice of a is a trade-off between filtering power and reconstruction accuracy. It should be noted that while truncation in the Fourier space is clearly not the optimal strategy for low-pass filtering, it is easy to replace it with better filters. However we found that this simple approach was sufficient for our application. Note that filtering \mathbf{F} before solving the equation is equivalent as filtering \mathbf{U} *a posteriori*, as can be clearly seen from the previous mathematical developments.

4.4.5 Algorithm implementation

4.4.5.1 Pseudo-instationnary scheme

We now discuss how to solve equation (4.3) when forces depend on the displacement. We propose to solve it by considering a series of linear problems, in a so-called pseudo-instationnary process [123]. Roughly speaking, it consists in introducing a parameter τ , and to consider a pseudo-instationnary problem with respect to τ derived from the original problem. The original problem will then be recovered as the asymptotic limit when τ goes to infinity of the instationnary problem. Doing so allows us to treat the nonlinear terms explicitly. Consider,

$$\begin{cases} \frac{d\mathbf{U}}{d\tau} &= \mathbf{F}(\mathbf{U}) - \mathbf{A}\mathbf{U} \\ \mathbf{U}(0) &= 0. \end{cases} \quad (4.7)$$

if \mathbf{U} converges when $\tau \rightarrow +\infty$, then it tends towards a limit which is a solution of the nonlinear problem. In appendix 4.7.2, results of existence, uniqueness and asymptotic behavior with respect to τ are specified in a mathematical way. Discretizing the previous equation gives :

$$\frac{\mathbf{U}^\tau - \mathbf{U}^{\tau-1}}{\Delta\tau} + \mathbf{A}\mathbf{U}^\tau = \mathbf{F}(\mathbf{U}^{\tau-1})$$

$$\left(\frac{1}{\Delta\tau} + \mathbf{A}\right)\mathbf{U}^\tau = \mathbf{F}(\mathbf{U}^{\tau-1}) + \frac{1}{\Delta\tau}\mathbf{U}^{\tau-1}$$

Using finite differences to solve the temporal equation,

$$\frac{1}{\Delta\tau}\mathbf{U}_n^\tau + \frac{\alpha}{\Delta n}(\mathbf{U}_n^\tau - \mathbf{U}_{n-1}^\tau) + \mathbf{K}\mathbf{U}_n^\tau = \mathbf{F}(\mathbf{U}_n^{\tau-1}) + \frac{1}{\Delta\tau}\mathbf{U}_n^{\tau-1}$$

$$\left(\frac{1}{\Delta\tau} + \frac{\alpha}{\Delta n} + \mathbf{K}\right)\mathbf{U}_n^\tau = \mathbf{F}(\mathbf{U}_n^{\tau-1}) + \frac{1}{\Delta\tau}\mathbf{U}_n^{\tau-1} + \frac{\alpha}{\Delta n}\mathbf{U}_{n-1}^\tau$$

which is a linear system and is thus straightforward to solve.

4.4.5.2 Constrained scheme

In cases where the force field is of good quality, ie. points correctly to the heart edges, one may wish to force solutions to respect the condition $\mathbf{F}(\mathbf{U}) = \mathbf{0}$ on the boundaries, which the previous scheme does not ensure. In this case, we propose to use a singular-perturbative scheme :

$$\frac{d\mathbf{U}}{d\tau} = \mathbf{F}(\mathbf{U}) - e^{-\gamma\tau}\mathbf{A}\mathbf{U}$$

where γ is a constant. It is quite obvious that if \mathbf{U} converges, it will satisfy $\mathbf{F}(\mathbf{U}) = \mathbf{0}$. Furthermore, if γ is chosen small enough, this scheme is close to solving a series of unconstrained problems with the pseudo-instationnary scheme. Thus, even though the displacement on the border of the domain is fixed, we still ensure that the displacement over the whole domain is the solution of an elastic problem.

4.4.6 Effects of damping and filtering

Although our method is general and applies to any number of spatial dimensions, we chose to illustrate some properties with only one spatial dimension, in order to ease result interpretation. In this setting, equation 4.3 becomes :

$$\alpha u'(t) + ku(t) = f(t)$$

Where α and k are scalars, and f and u are scalar functions. This setting allows to illustrate the effects of damping and filtering.

In this context, we use the dynamic model to match a target signal $s(t)$ which is the 1D equivalent of image contour data. The force function $f(t)$ was defined with an incremental method :

$$\alpha u'_j(t) + ku_j(t) = \sum_{i=0}^j \text{sign}(s(t) - u_i(t)) \sqrt{|s(t) - u_i(t)|}$$

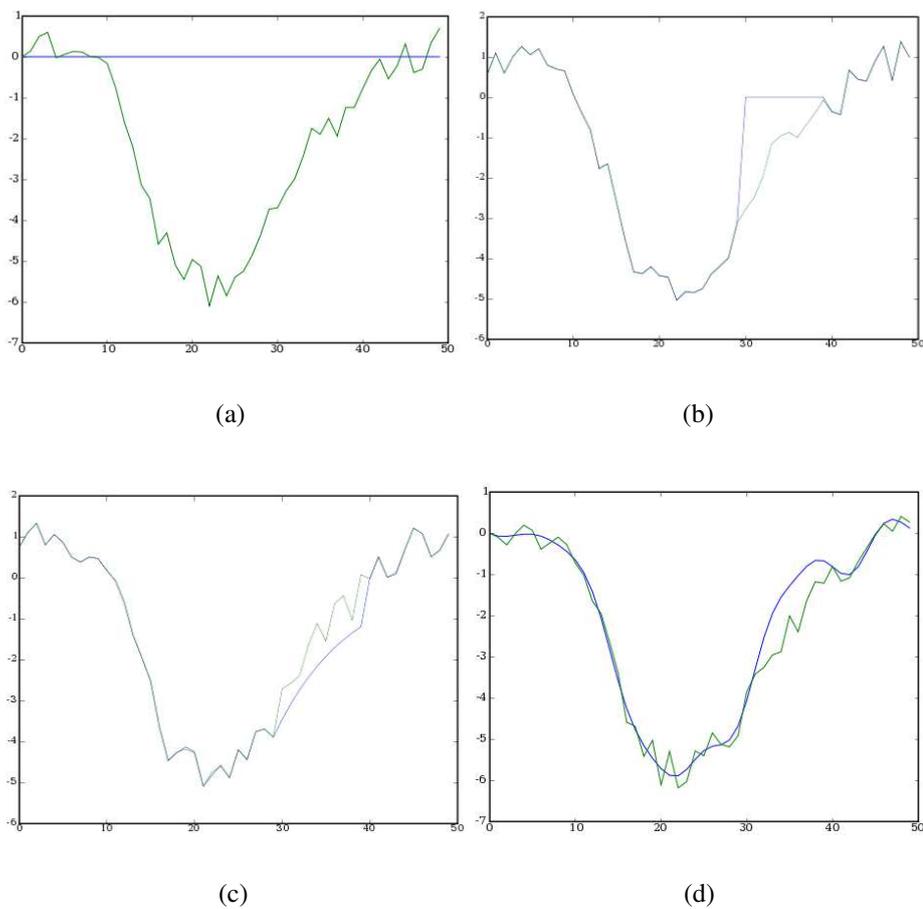


FIGURE 4.1 – Sample 1D results : (a) Target signal (green curve) and initialization ($\mathbf{U} = 0$), (b) Results without filtering or damping, (c) Results with damping but no filtering ($d=0.2, k=1$), (d) Results with damping and filtering ($d=0.2, k=1$ and 8 harmonics)

where j is the iteration step. The force is thus gradually increased until $u_j(t)$ is very close to $s(t)$, or the maximum number of iterations is reached. Although in this case the force depends on the displacement and is nonlinear, it is a series of linear problems and the results of the preceding sections still apply. This is very similar to the way our model could be used in 4D with real image data.

Similarly to real conditions, the signal $s(t)$ was contaminated with noise. Furthermore, in order to simulate an absence of data, the force was set to be equal to zero for $30 \leq t \leq 40$.

Figure 4.1 illustrates the results of this experiment, with various settings. Without damping or filtering, the model is unable to cope with the absence of data or to filter the noise. The addition of damping on figure 4.1(c), allows the model to cope with the absence of data in a convincing way. The addition of filtering in the Fourier domain allows to remove the noise and retrieve a signal that is very similar to the original one.

4.5 Results

4.5.1 Synthetic 2D sequence

In order to quantitatively assess the accuracy of our method, we created a test sequence using a Cardiac MRI sequence simulator. This simulator is based on a cardiac motion model [124] applied to true MR images to generate a realistic cardiac MR sequence. The sequence is generated as follows : A 2D MR short axis slice of the heart at end diastole is taken as input data. This image is warped using the motion predicted by the model at each of the cycle instants. The result is a series of MR images that closely resemble a real MR sequence, but for which the motion is completely known. Figure 4.2 shows two sample images generated using this simulator.

We applied the dynamic elastic model to this sequence, using a ring as the initial shape of the model. In fact, the shape of a short axis slice of the myocardium in healthy patients is very close to a perfect ring. This ring was meshed with a very simple method : first divide the ring into quadrangles using sectors and concentric rings, then divide each quadrangle into two triangles. Better meshing methods could be used, but the triangles generated by our simple method proved good enough for this application. Figure 4.2 shows a sample mesh generated by our method.

The force field was generated with the following algorithm :

- Preprocess image with a median filter.
- Extract the contours with a simple Sobel edge detector.
- Smooth the contours with a Gaussian filter.
- Compute the gradient of the resulting image.
- Apply a diffusion process to the resulting vector field
- Apply a Geman-McClure function to the vector norms. The vector norm is set as $\frac{d^2}{\sigma^2 + d^2}$, where d is a distance computed as a distance map of the previously extracted contour map. This step ensures that forces are null on the contours. In our experiments, σ was set to 2.5 pixels.

The resulting force map is a vector image with vector attributes at each node

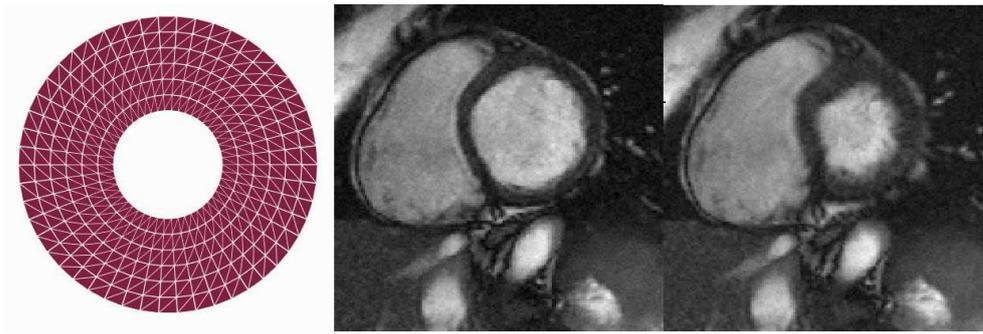


FIGURE 4.2 – On the left, sample ring mesh used for 2D short-axis cardiac MR analysis. On the right, two sample images generated using the Cardiac MRI sequence simulator, respectively in end-diastole and end-systole.

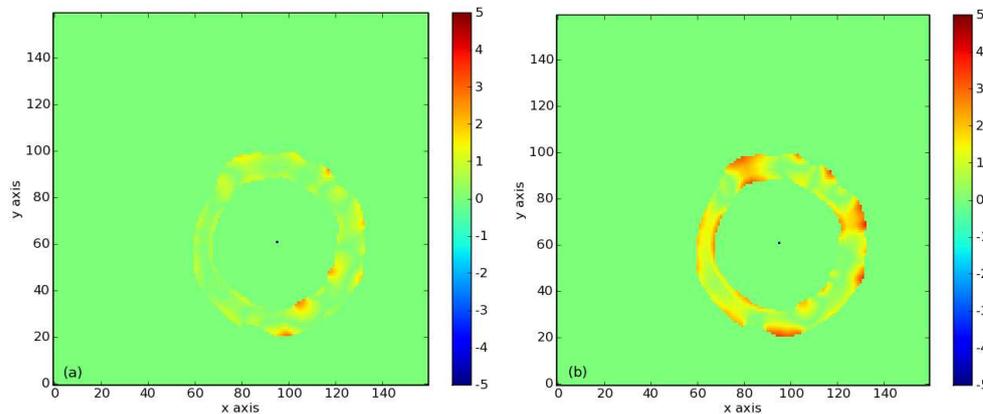


FIGURE 4.3 – Radial error maps at (a) mid-systole and (b) end-systole. Note that the error is larger at end-systole because the total motion (computed relatively to end-diastole) is largest at end-systole.

of a regular grid (image). To compute the forces at the arbitrary locations of mesh nodes from this force map, linear interpolation between the 4 nearest pixels was used. Using linear interpolation instead of nearest neighbor ensures a smooth transition at contours and helps avoid oscillation problems.

After running the model on the synthetic sequence, we compared the estimated radial motion to the real radial motion. The radial motion is the projection of the real motion at one point on the line that joins the points to the center of the heart. We only consider radial motion since in the absence of additional data (such as Tagged MRI), our model does not naturally capture the torsion motion. Figure 4.3 shows radial error maps for two sample instants of the cardiac cycle. On average over the sequence, the radial error was of 0.561 mm, with a standard deviation of 0.452. The mean radial error at end-systole (the instant of peak contraction), was of 1.02 mm, with a standard deviation of 0.694.

4.5.2 Results on real Cardiac MR images

In order to test the model on real data, we used a publicly available 4D heart database¹. This database is comprised of cardiac MR images of 18 patients, together with two expert segmentations at end-diastole and end-systole.

Experiments were conducted on 2D image sequences corresponding to a basal slice of each of the 18 patients. The ring mesh described in the previous section was used as the initial shape of the model.

The force field was generated with the same algorithm used for the synthetic sequence, except that we used a method based on discrete watersheds to extract contours, directly on the 4D image. More details about this segmentation method can be found in [54]. This method yields contour maps that are close to the actual myocardial contours.

The resulting force map is a vector image with vector attributes at each node of a regular grid (Image). To compute the forces at the arbitrary locations of mesh nodes from this force map, linear interpolation between the 4 nearest pixels was used. Using linear interpolation instead of nearest neighbor ensures a smooth transition at contours and helps avoid oscillation problems. We found that using two distinct force fields, one for the endocardium and one for the epicardium leads to better results.

Figure 4.4 shows the model after convergence, superimposed with the image data, for two sample patients (also see attached movies for a dynamic view of the deformation process and the results). The results show good adequation between the image and model contours. One remaining problem is the accurate segmentation of papillary muscles. In this experiment, the papillary muscles were removed using alternate morphological openings and closings. This method performs well when the papillaries don't touch the myocardial wall. Better methods for removing the papillary muscles have already been presented [125] and could be used to improve this point.

It is interesting to evaluate the effect of the different parameters of the model : the mechanical parameters, namely the Young modulus and the Poisson coefficient, the damping factor and the number of Fourier harmonics used to describe the motion of nodal points throughout the cardiac cycle.

The Young modulus represents the balance between prior knowledge and image data. If set too high, the model will not deform at all. If set too low, the model will deform to match perfectly all image features, real structures and artifacts alike. In practice, for the analysis of normal MR sequences of the heart, we used values of the Young modulus between 0.2 and 0.6, with forces of a maximal norm of 1.

The Poisson coefficient characterizes the ability of the material to be compressed, ie. to change volume when under stress. It is generally admitted that the myocardium is nearly incompressible. However, since we do not know the volume of the patients myocardium prior to analyzing the images, it is better to allow the volume to change during the adaptation of the model to the patient's images. An idea would be to do a first run with a compressible material to estimate the volume, then rerun with the Poisson coefficient set to 0.5. This could be interesting,

1. 4D Heart Database : <http://www.laurentnajman.org/heart/index.html>

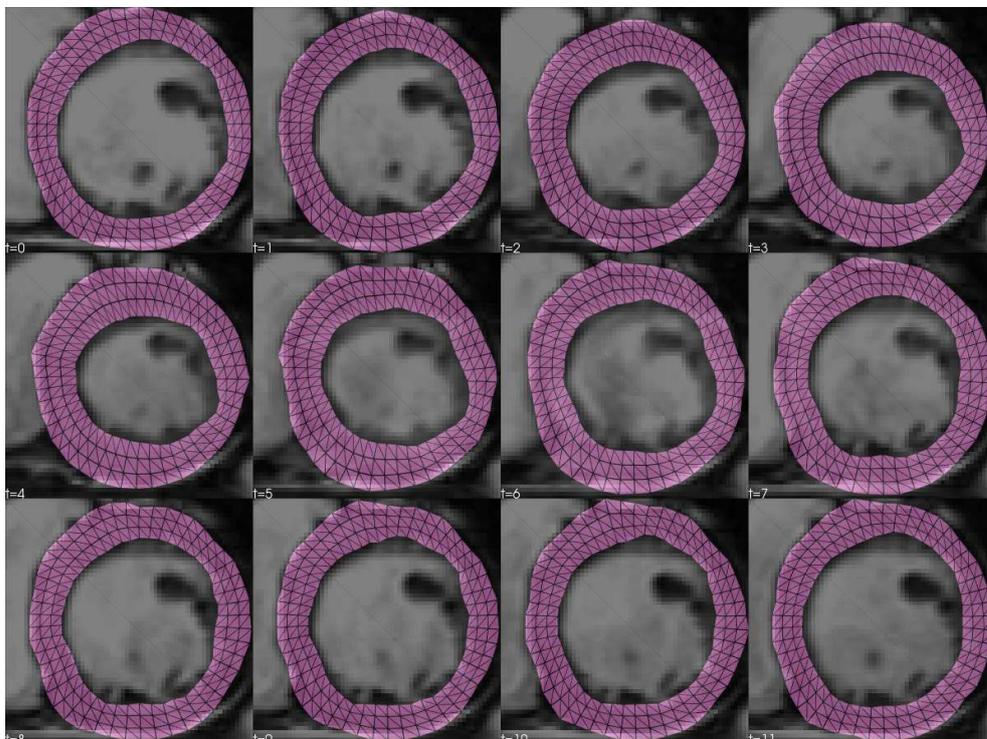
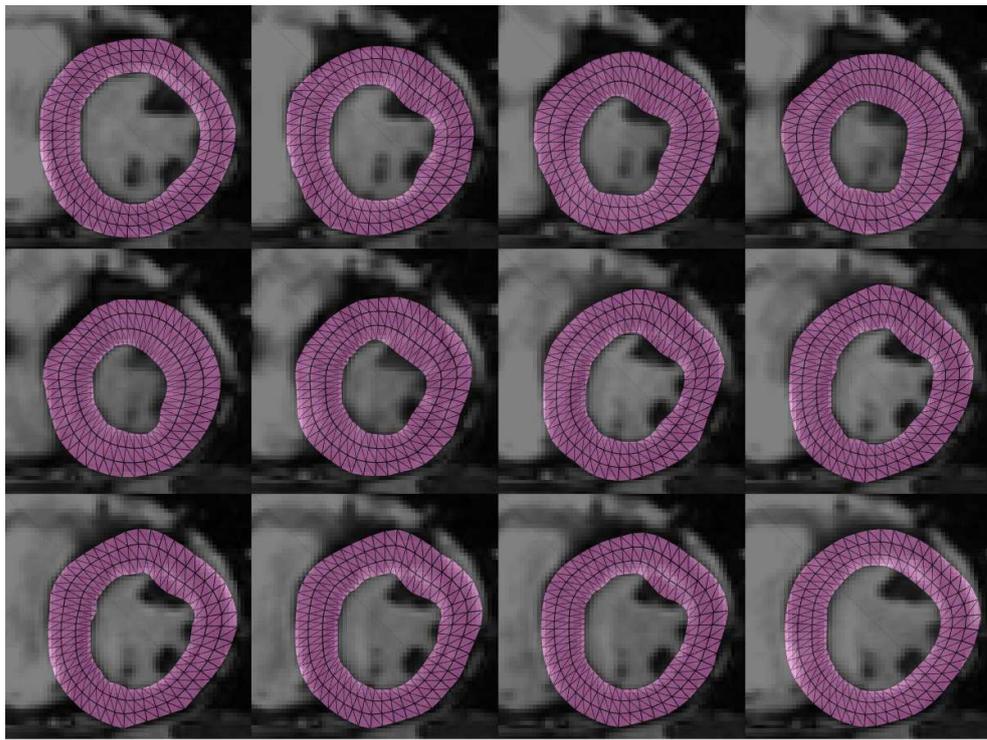


FIGURE 4.4 – Model and images superimposed, on two sequences of a median slice of the heart of two patients over the cardiac cycle. Sequences should be read like a book, with end-diastole on the top-left corner(Only one in two frames are shown.) The pink mesh is the model. It is set to be translucent so that correspondence between model and image contours can be appreciated.



FIGURE 4.5 – Effect of Fourier filtering. Each row shows several frames of a dynamic sequence, uniformly sampled over the cardiac cycle, with first frame corresponding to end-diastole and the second frame corresponding to end-systole. For each row, the forces are filtered with a different number of harmonics. Top row, 2 harmonics. Second row, 3 harmonics. Third row, 4 harmonics, Fourth row, 5 harmonics, and last row, no filtering at all.

especially to deal with the problem of papillary muscles touching the myocardial wall during systole. However, due to the problem of the motion of the myocardium across the image slices, it is not guaranteed that the imaged area of myocardium stays the same. In practice, an intermediary value such as 0.2 was found to work well.

Figure 4.5 shows the effect of filtering on tracking results. The top row shows that using two harmonics is clearly insufficient for accurately capturing the cardiac motion. However, as few as 4 to 5 harmonics are enough to capture most of the cardiac motion, while filtering a significant part of the noise introduced by the low-level segmentation method. The last row shows the results in the absence of filtering : while motion is captured accurately, the borders are not smooth and temporal consistency is reduced.

Damping acts in a complementary way with Fourier filtering : while Fourier

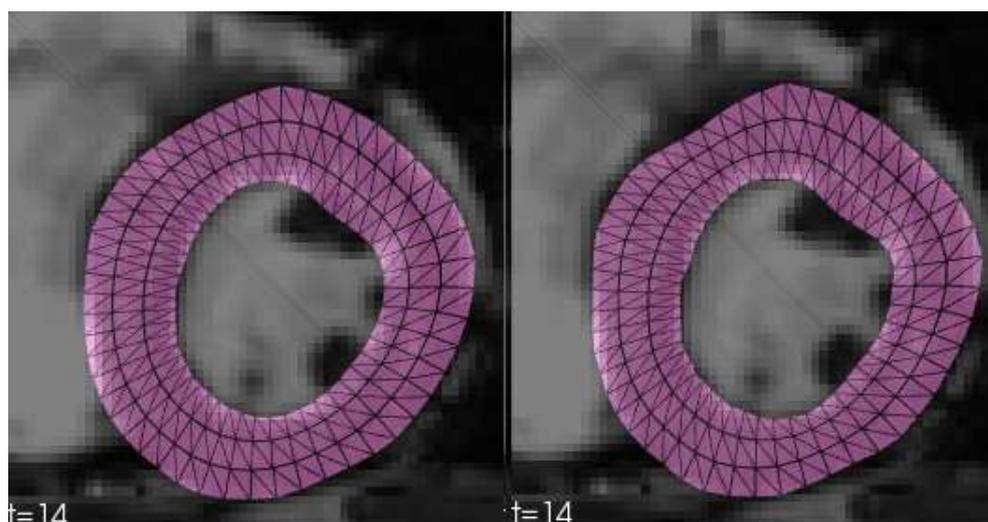


FIGURE 4.6 – Effect of the constrained scheme : on the left, normal scheme ; on the right, constrained scheme. Notice that the constrained scheme follows borders more accurately, at the expense of contour regularity.

filtering ensures global periodicity and smoothness, it does not filter local and smooth oscillations. Damping allows to enforce temporal consistency at the local level. In our experiments on the synthetic sequence, best results were obtained with damping set to 0.6.

Figure 4.6 shows the effect of the constrained scheme on an instant of the real MR sequence. The constrained scheme allows to perfectly match borders at the expense of contour regularity. It should thus be used only when the pre-segmentation is very good and the model is used mostly for motion estimation.

Our implementation of the model was written in Python with some performance-critical sections of the code rewritten in C, without paying too much attention to optimization. The program takes about 1 minute on a standard PC to compute the solution of the 2D dynamic problem on a sequence of 20 images.

4.6 Conclusion

We have presented a new dynamic elastic model for segmentation and motion estimation in cardiac MR images, and more generally, for the analysis of images of soft structures in periodical motion. Experiments on a MR database show a very good overall ability of the model to capture the heart motion in 2D image sequences : results were very satisfactory for 16 of the 18 patients. The model also exhibits very good theoretical properties, in particular convergence of the proposed algorithm can be proven.

Using a 3D model to process the whole image volume at the same time would of course be interesting. It should be noted that this does not require any further theoretical developments, since the equations we have presented can be used in 3D without any significant changes. However doing image analysis in 3D poses a number of purely technical problems (inter-slice alignment, data visualization, computation time, model initialization, etc.), which is what incited us to initially

experiment the model in 2D+time.

Another very interesting perspective would be to use additional data such as tagged MRI to drive the model. This information could be injected into the model simply by using a force field derived from the tag motion data. This would allow to retrieve information that is not directly available in Cine MRI, such as torsion motion. Of course, using multiple modalities raises registration problems. Another interesting development would be to couple our model to a non-rigid registration method such as [126]. This would enable us to estimate the torsion part of the motion, without using additional images such as tagged MRI. As more and more detailed imaging modalities become available, it would be interesting to integrate more detailed physics into the model, such as the cardiac fiber architecture that could be provided by DT-MRI.

4.7 Appendices

4.7.1 Formal description of the dynamic problem. Existence and unicity of a solution

Let us begin with some definitions and hypotheses. The finite dimension subset of rigid displacements is denoted by \mathcal{R} and Ω is a bounded domain of \mathbb{R}^3 . The space $H = (L^2(\Omega))^3 / \mathcal{R}$ is the quotient space with rigid displacements of measurable functions with integrable square, and the space $V = (H^1(\Omega))^3 / \mathcal{R}$ is the Sobolev space of functions belonging to H with distributional derivatives in H (see for example [119]). We will assume the following hypotheses to be satisfied.

- H1 : Ω is a bounded domain of \mathbb{R}^3 , the boundary of which $\partial\Omega$ is of C^4 class.
- H2 : The function $f : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}^3$ is Lipschitz with a constant K_f , and is a gradient function : $\exists F : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}^+$, such that : $-DF(x) = f(x), \forall x \in \mathbb{R}^3$. Furthermore, f verifies $f \perp \mathcal{R}$.

Here we only consider the linear elasticity body case. Thus we deal with the operator A defined by $A = \frac{d}{dt} - \text{div}(\sigma(v))$.

Let $L_p^2(0, 1; V)$ denote the 1-periodical functions with values in V , then we have.

Theorem 4.7.1. *Assume Hypothesis H1 and H2 to be satisfied, and that $u(0) = u(1) = 0$. Then there exists a unique $u \in L_p^2(0, 1; V)$ which is a weak solution to :*

$$\begin{cases} \frac{d}{dt}u(t) - \text{div}(\sigma(u(t))) = Au(t) = 0 \text{ in } (0, 1) \times \Omega; \\ (\sigma(u(t))/n)_{\mathbb{R}^3} = f(I + u(t)) \text{ on } (0, 1) \times \partial\Omega; \\ u(0) = u(1) \text{ in } \Omega. \end{cases} \quad (4.8)$$

Moreover, the solution has the following regularity : $u \in L^2(0, 1; V \cap (H^2(\Omega))^3) \cap H^1(0, 1; H)$, where $H^1(0, 1; H)$ is the space of functions from $(0, 1)$ with values in H which are in $L^2(0, 1; H)$ with a time derivative in distributional sense in $L^2(0, 1; H)$.

Proof. For a complete proof the reader is referred to [127]. Let us give the main steps of the proof. Approximating the functional space H by a dense finite dimensional subspace H_m (built for example with the eigenfunctions of the operator A or with a FEM), we denote by $S_m : H \rightarrow H$, the operator which to $u(0)_m$, the

projection of $u(0)$ into H_m , associates $v(1)$ with $v \in C^0(0, 1; H_m)$ a weak solution to

$$\begin{cases} Av(t) = 0 \text{ in } (0, 1) \times \Omega; \\ (\sigma(v(t))/n)_{\mathbb{R}^3} = f(I + v(t)) \text{ on } (0, 1) \times \partial\Omega; \\ v(0) = u(0)_m \text{ in } \Omega. \end{cases} \quad (4.9)$$

Then we prove that the operator S_m has a fixed point, and we pass to the limit when m tends towards ∞ .

□

4.7.2 Convergence of the pseudo-instationnary resolution scheme

Let Λ be fixed, set $\Delta\tau = \frac{\Lambda}{P}$ and consider the sequence $\{V_n^{\Delta\tau}\}_{n=0}^P \subset L^2(0, 1; V)$ verifying :

$$\begin{cases} V_{n+1}^{\Delta\tau}(t) - V_n^{\Delta\tau}(t) + \Delta\tau \left(\frac{d}{dt} V_{n+1}^{\Delta\tau}(t) - \operatorname{div}(\sigma(V_{n+1}^{\Delta\tau}(t))) \right) = 0 \text{ in } (0, 1) \times \Omega; \\ \text{written as } V_{n+1}^{\Delta\tau} - V_n^{\Delta\tau} + \Delta\tau \left(AV_{n+1}^{\Delta\tau}(t) \right) = 0 \text{ in } (0, 1) \times \Omega; \\ (\sigma(V_{n+1}^{\Delta\tau}(t))/n)_{\mathbb{R}^3} = f(I + V_{n+1}^{\Delta\tau}(t)) \text{ on } (0, 1) \times \partial\Omega; \\ V_{n+1}^{\Delta\tau}(0) = V_{n+1}^{\Delta\tau}(1) \text{ in } \Omega; \\ V_0^{\Delta\tau} = 0 \text{ in } (0, 1) \times \Omega. \end{cases} \quad (4.10)$$

Problem (4.10) corresponds to a semi-discretized version of the continuous pseudo-instationnary problem.

Lemma 3. *Assume the hypotheses H1 and H2 to be satisfied. Then for all $0 < n \leq P$ there exists a unique $V_n^{\Delta\tau} \in L^2(0, 1; V \cap (H^2(\Omega))^3) \cap H^1(0, 1; H)$.*

Thanks to the sequence $\{V_n^{\Delta\tau}\}_{n=0}^P$ a piecewise linear function with respect to τ , $V_P(\tau)$ is built. The function $V_P(\tau) \in C^0(0, \Lambda; L_p^2(0, 1; H))$ is linear on each intervals $(k\Delta\tau, (k+1)\Delta\tau)$. Now we have a sequence $\{V_P\}_{P \in \mathbb{N}}$ which can be proved a Cauchy sequence, and the following existence result is established (see [127]).

Theorem 4.7.1. *Assume the hypotheses H1 and H2 to be satisfied. Then there exists a unique function $v(\tau, t, x) \in C^0(0, \infty; L_p^2(0, 1; V)) \cap H_{loc}^1(0, \infty; L_p^2(0, 1; H))$ solution to*

$$\begin{cases} \frac{d}{d\tau} v + Av = 0 \text{ in } (0, \infty) \times (0, 1) \times \Omega; \\ (\sigma(v)/n)_{\mathbb{R}^3} = f(I + v) \text{ on } (0, \infty) \times (0, 1) \times \partial\Omega; \\ v(\cdot, 0, \cdot) = v(\cdot, 1, \cdot) \text{ in } (0, \infty) \times \Omega; \\ v(0, \cdot, \cdot) = 0 \text{ in } (0, 1) \times \Omega. \end{cases} \quad (4.11)$$

Now, let us specify the asymptotic behavior with respect to τ of solutions to 4.11.

Theorem 4.7.2. *Assume the hypotheses H1 and H2 to be satisfied. When τ goes to infinity, then $v(\tau) \in C^0(0, \infty; L_p^2(0, 1; V)) \cap H_{loc}^1(0, \infty; L_p^2(0, 1; H))$ solution to 4.11 converges towards $u \in L^2(0, 1; V \cap (H^2(\Omega))^3) \cap H^1(0, 1; H)$ solution to 4.8 given in Theorem 4.7.1.*

For a proof the reader is referred to [127].

4.7.3 Convergence of the periodical singular perturbative model

In order to be able to enforce the constraint $f(I + u) = 0$ on the boundary $\partial\Omega$, a singular perturbation technique is proposed. We introduce the following hypothesis

- H3 : $\alpha : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ a regular function, integrable on \mathbb{R}^+ , decreasing and bounded from below on every compact interval of \mathbb{R}^+ , with $\lim_{\tau \rightarrow +\infty} \alpha(\tau) = 0$.

We have for the static problem :

Theorem 4.7.2. *Assume hypotheses H1, H2 and H3 are satisfied. Then for all $0 < \Lambda$, the following problem*

$$\begin{cases} \frac{d}{d\tau}u(\tau) - \operatorname{div}(\alpha(\tau)\sigma(u(\tau))) = 0; \text{ in } (0, \Lambda) \times \Omega; \\ (\alpha(\tau)\sigma(u(\tau))/n)_{\mathbb{R}^3} = f(I + v) \text{ on } (0, \Lambda) \times \partial\Omega; \\ u(0) = 0 \text{ in } \Omega. \end{cases} \quad (4.12)$$

has a unique solution $u \in L^2(0, \Lambda; ((H^2(\Omega))^3 \cap H) \cap C^0(0, \Lambda; H))$; $\frac{d}{d\tau}u \in L^2(0, \Lambda; H)$

For Problem (4.12) the asymptotic behavior with respect to parameter τ is given in the next theorem.

Theorem 4.7.3. *Assume hypotheses H1, H2 and H3 are satisfied. Then $u(\tau)$ solution to (4.12) converges towards $\bar{u} \in (L^2(\Omega))^3 \cap (L^2(\partial\Omega))^3$ solution to*

$$\mathbf{f}(I + \bar{u}) = 0 \text{ on } \partial\Omega. \quad (4.13)$$

Proof.

For a complete proof, the reader is referred to [127]. Let us mention that the cornerstone of the proof is to prove that $\|\sqrt{\alpha(\tau)}u(\tau)\|_{(H^1(\Omega))^3}$ remains bounded for

every τ . Thus we have $\lim_{\tau \rightarrow +\infty} \sqrt{\alpha(\tau)}\|\sqrt{\alpha(\tau)}u(\tau)\|_{(H^1(\Omega))^3} = 0$ and

$$\|\frac{d}{d\tau}u(\tau)\|_{(H^1(\Omega))^3} = 0.$$

□

Now we consider the perturbed periodical problem (4.11) which reads :

$$\begin{cases} \frac{d}{d\tau}v + \alpha(\tau)\frac{d}{dt}v - \operatorname{div}(\alpha(\tau)\sigma(v)) = 0 \text{ in } (0, \infty) \times \Omega; \\ (\alpha(\tau)\sigma(v)/n)_{\mathbb{R}^3} = f(I + v) \text{ on } (0, \infty) \times \partial\Omega; \\ v(\cdot, 0, \cdot) = v(\cdot, 1, \cdot) \text{ in } (0, \infty) \times \Omega; \\ v(0, \cdot, \cdot) = 0 \text{ in } (0, 1) \times \Omega. \end{cases} \quad (4.14)$$

The asymptotic behavior with respect to parameter τ is given by :

Theorem 4.7.4. *Assume hypotheses H1, H2 and H3 are satisfied. Then $v(\tau)$ solution to (4.14) converges towards $\bar{v} \in (L^2(0, 1; H^1(\Omega)))^3 \cap (L^2(0, 1; L^2(\partial\Omega)))^3$ solution to*

$$\mathbf{f}(I + \bar{v}) = 0 \text{ on } (0, 1) \times \partial\Omega. \quad (4.15)$$

Multiply the equation (4.14) with $\frac{d}{d\tau}v(\tau)$ and integrate by parts the divergence term. For controlling the term $\alpha(\tau)\frac{d}{dt}v(\tau)\frac{d}{d\tau}v(\tau)$, use the inequality :

$$\left| \alpha(\tau) \frac{d}{dt}v(\tau) \frac{d}{d\tau}v(\tau) \right| \leq \frac{1}{2} \left[\left(\sqrt{\alpha(\tau)} \frac{d}{dt}v(\tau) \right)^2 - \left(\frac{d}{d\tau}v(\tau) \right)^2 + \alpha(\tau) \left(\frac{d}{dt}v(\tau) - \frac{d}{d\tau}v(\tau) \right)^2 \right]$$

since $\alpha(\tau) \leq 1$.

Conclusions et perspectives

L'objectif de nos travaux était de se rapprocher au mieux d'une application dans un contexte clinique. Ainsi, nous avons repris les travaux théoriques de Rouchdy [71] et proposé plusieurs améliorations dans le but de rendre le Gabarit Déformable Élastique non-linéaire utilisable en pratique. Plus précisément, nous avons proposé une méthode multirésolution portant sur le maillage qui permet une accélération du processus de segmentation. Nous avons également proposé un algorithme permettant de résoudre le problème de segmentation sous la contrainte de champ nul. Cette méthode permet de s'assurer que les contours du modèle suivent exactement les contours détectés dans l'image quand on dispose d'une méthode de détection fiable. Enfin, nous avons proposé un certain nombre de pistes pour améliorer le calcul du champ de force, et permettre d'appliquer le GDE aux nouvelles séquences IRM Ciné, tant chez l'homme que pour des études sur le petit animal.

Les nombreuses expériences menées avec le GDE ayant mis en lumière l'importance primordiale d'une bonne initialisation, nous y avons tout naturellement consacré une partie de nos travaux. Nous avons notamment proposé une méthode d'initialisations multiples pour améliorer la robustesse de la méthode de positionnement automatique initialement proposée par Pham [38]. Nous avons également développé une méthode semi-automatique basée sur les splines de plaques minces. Dans le cadre d'une collaboration avec l'université de New York (NYU), cette méthode a été appliquée à la création d'un modèle 3D à partir de segmentations bidimensionnelles en IRM de marquage tissulaire.

Enfin, et c'est à notre sens la contribution principale de cette thèse, nous avons étendu le GDE à la dimension temporelle. Cette méthode est basée sur une équation simplifiée de la dynamique, d'une part, et un filtrage fréquentiel des trajectoires des points du modèle, d'autre part. Un travail théorique nous a permis de démontrer quelques propriétés du modèle, montrant ainsi la validité de l'approche proposée. Les premiers résultats sont très prometteurs, et laissent envisager une utilisation potentielle pour l'estimation de mouvement en plus de la segmentation. Ainsi, il nous semblerait très intéressant de coupler cette approche à une méthode d'estimation de mouvement basée sur un recalage d'images telle que celle de Delhay [128], afin d'utiliser au mieux toute l'information disponible dans l'image. Dans ce sens, nous avons commencé à rapprocher ces deux méthodes en les exécutant sous forme de *workflows* sur une grille de calcul, dans le cadre de

l'ANR Gwendia².

Il est également possible d'intégrer des informations provenant de l'IRM de marquage tissulaire, comme nous avons commencé à le faire en collaboration avec Wang [112]. La disponibilité d'une méthode permettant d'estimer automatiquement la forme, le mouvement et la déformation du myocarde à partir des images médicales permettra sans aucun doute une prise en charge plus précise, plus rapide et plus fiable des pathologies ischémiques du myocarde.

Enfin, l'émergence récente de séquences d'IRM de diffusion applicables au cœur *in vivo* [129] permet d'espérer à moyen terme la disponibilité d'informations sur la structure fibreuse du myocarde. Dans ce sens, nous avons proposé [130] une nouvelle méthode d'extraction des fibres cardiaques à partir d'images de tenseurs de diffusion, spécialement adaptée à l'imagerie cardiaque. Si la disponibilité de ces données pour l'*in vivo* se confirme, il serait particulièrement intéressant de les intégrer au modèle. Cela permettrait notamment de mieux prédire la contraction du muscle, et de mieux estimer les contraintes afin de pouvoir identifier les régions sensibles du myocarde.

2. GWENDIA (Grid Workflow Efficient Enactment for Data Intensive Applications) : <http://gwendia.polytech.unice.fr/doku.php>

Bibliographie

- [13] Y. ROUCHDY, J. POUSIN, J. SCHAEERER et P. CLARYSSE, « A nonlinear elastic deformable template for soft structure segmentation : application to the heart segmentation in MRI », *Inverse Problems*, vol. 23, p. 1017–1035, 2007.
- [14] J. SCHAEERER, J. POUSIN et P. CLARYSSE, « A new singular perturbation approach for image segmentation tracking », in *Proceedings of the 5th IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, p. 1445–1448, 2008.
- [15] J. SCHAEERER, Y. ROUCHDY, P. CLARYSSE, B. HIBA, P. CROISILLE, J. POUSIN et I. MAGNIN, « Simultaneous segmentation of the left and right heart ventricles in 3D cine MR images of small animals », in *Computers In Cardiology*, p. 231–234, 2005.
- [16] J. SCHAEERER, Z. QIAN, P. CLARYSSE, D. METAXAS, L. AXEL et I. E. MAGNIN, « Fast and automated creation of patient-specific 3d heart models from tagged mri », in *Proceedings of the MICCAI 2006 SA2PM Workshop*.
- [17] J. SCHAEERER, P. CLARYSSE et J. POUSIN, « A new dynamic elastic model for cardiac image analysis », in *Proceedings of the 29th Annual International Conference of the IEEE EMBS*, (Lyon, France), p. 4488–4491, août 2007.
- [18] J. SCHAEERER, P. CLARYSSE, Y. ROUCHDY et J. POUSIN, « A dynamic elastic model for heart segmentation and motion estimation », *Medical Image Analysis (en révision)*.
- [19] Y. HOUDAS, *Physiologie cardio-vasculaire*. Vigot, 1990.
- [20] Y. FUNG, *Biomechanics : Circulation, 2nd edition*. Springer, 1996.
- [21] L. AXEL, « Papillary muscles do not attach directly to the solid heart wall », *Circulation*, p. 3145–3148, 2004.
- [22] F. NETTER, *The CIBA collection of medical illustrations, volume 5 : Heart Summit*. Ciba Pharmaceutical Products, 1969.
- [23] M. D. CERQUEIRA, N. J. WEISSMAN, V. DILSIZIAN, A. K. JACOBS, S. KAUL, W. K. LASKEY, D. J. PENNELL, J. A. RUMBERGER, T. RYAN et

- M. S. VERANI, « Standardized myocardial segmentation and nomenclature for tomographic imaging of the heart : A statement for healthcare professionals from the cardiac imaging committee of the council on clinical cardiology of the american heart association. », *Circulation*, vol. 105, no. 4, p. 539–542, 2002.
- [24] R. HADDAD, *Un Modèle numérique anthropomorphique et dynamique du thorax respirant et du cœur battant*. Doctorat, INSA Lyon, 2007.
- [25] E.-P. D'ALCHÉ, *Comprendre la physiologie cardiovasculaire*. Flammarion, 1999.
- [26] R. BEAGLEHOLE, A. IRWIN, T. PRENTICE *et al.*, *The World health report : 2004 - changing history*. Organisation mondiale de la santé, 2003.
- [27] S. HARDOON, P. WHINCUP, L. LENNON, S. WANNAMETHEE, S. CAPEWELL et R. MORRIS, « How much of the recent decline in the incidence of myocardial infarction in british men can be explained by changes in cardiovascular risk factors ? : Evidence from a prospective population-based study », *Circulation*, vol. 117, no. 5, p. 598, 2008.
- [28] S. E. NISSEN, S. J. NICHOLLS, I. SIPAHI, P. LIBBY, J. S. RAICHLIN, C. M. BALLANTYNE, J. DAVIGNON, R. ERBEL, J. C. FRUCHART, J.-C. TARDIF, P. SCHOENHAGEN, T. CROWE, V. CAIN, K. WOLSKI, M. GOORMASTIC et E. M. TUZCU, « Effect of very high-intensity statin therapy on regression of coronary atherosclerosis », *Journal of the American Medical Association*, p. 1556–1565, 2006.
- [29] D. REVEL, éd., *Imagerie cardiaque non invasive*. Société Française de Radiologie, 2004.
- [30] B. PERRENOT, R. VAILLANT, R. PROST, G. FINET, P. DOUEK et F. PEYRIN, « Motion correction for coronary stent reconstruction from rotational X-ray projection sequences », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 26, no. 10, p. 1412–1423, 2007.
- [31] L. AXEL et L. DOUGHERTY, « MR imaging of motion with spatial modulation of magnetization », *Radiology*, vol. 171, p. 841–845, 1989.
- [32] R. J. KIM, D. S. FIENO, T. B. PARRISH, K. HARRIS, E.-L. CHEN, O. SIMONETTI, J. BUNDY, J. P. FINN, F. J. KLOCKE et R. M. JUDD, « Relationship of MRI delayed contrast enhancement to irreversible injury, infarct age, and contractile function », *Circulation*, p. 1992–2002, 1999.
- [33] J. PAN et W. J. TOMPKINS, « A real-time QRS detection algorithm », *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on*, vol. BME-32, no. 3, p. 230–236, 1985.
- [34] M. GRISWOLD, P. JAKOB, R. HEIDEMANN, M. NITTKA, V. JELLUS, J. WANG, B. KIEFER et A. HAASE, « Generalized autocalibrating partially parallel acquisitions (GRAPPA) », *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 47, no. 6, p. 1202–1210, 2002.
- [35] D. SODICKSON, « Simultaneous acquisition of spatial harmonics (SMASH) : ultra-fast imaging with radiofrequency coil arrays », juin 1999. US Patent 5,910,728.

-
- [36] K. PRUESSMANN, M. WEIGER, M. SCHEIDEGGER et P. BOESIGER, « SENSE : Sensitivity encoding for fast MRI », *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 42, no. 5, p. 952–962, 1999.
- [37] M. SCHMITT, A. POTTHAST, D. SOSNOVIK, J. POLIMENI, G. WIGGINS, C. TRIANTAFYLLOU et L. WALD, « A 128-channel receive-only cardiac coil for highly accelerated cardiac MRI at 3 Tesla. », *Magn Reson Med*, vol. 59, no. 6, p. 1431–9, 2008.
- [38] Q. PHAM, *Segmentation et mise en correspondance en imagerie cardiaque multi-modale conduites par un modèle anatomique réaliste du cœur*. Doctorat, INPG, 2002.
- [39] F. VINCENT, *Gabarits déformables élastiques pour la segmentation et le suivi de mouvement du cœur en Imagerie par Résonance Magnétique*. Doctorat, INSA Lyon, 2001.
- [40] S. MITCHELL, J. BOSCH, B. LELIEVELDT, R. van der GEEST, J. REIBER et M. SONKA, « 3-D active appearance models : segmentation of cardiac MR and ultrasound images », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, p. 1167–1178, September 2002.
- [41] T. COOTES, G. EDWARDS et C. TAYLOR, « Active appearance models », *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 23, no. 6, p. 681–685, 2001.
- [42] M. KAUS, J. von BERG, J. WEESE, W. NIESSEN et V. PEKAR, « Automated segmentation of the left ventricle in cardiac MRI », *Medical Image Analysis*, vol. 8, p. 245–254, 2004.
- [43] S. P. LLOYD, « Least squares quantization in PCM », *IEEE Transactions on Information Theory*, vol. 28, no. 2, p. 129–137, 1982.
- [44] J. LÖTJÖNEN, S. KIVISTO, J. KOIKKALAINEN, D. SMUTEK et K. LAUERMA, « Statistical shape model of atria, ventricles and epicardium from short- and long-axis MR images », *Medical Image Analysis*, vol. 8, p. 371–386, 2004.
- [45] M. LORENZO-VALDÉS, G. I. SANCHEZ-ORTIZ, A. G. ELKINGTON, R. H. MOHIADDIN et D. RUECKERT, « Segmentation of 4D cardiac MR images using a probabilistic atlas and the EM algorithm », *Medical Image Analysis*, vol. 8, no. 3, p. 255–265, 2004.
- [46] X. S. ZHOU, A. GUPTA et D. COMANICIU, « An information fusion framework for robust shape tracking », *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 27, p. 115–129, Jan 2005.
- [47] D. COMANICIU, « Bayesian kernel tracking », in *Proceedings of the 24th DAGM Symposium on Pattern Recognition*, p. 438–445, 2002.
- [48] Z. QIAN, D. N. METAXAS et L. AXEL, « A learning framework for the automatic and accurate segmentation of cardiac tagged MRI images », in *Proceedings of the CVIBA*, p. 93–102, 2005.
- [49] T. F. COOTES, C. J. TAYLOR, D. H. COOPER et J. GRAHAM, « Active shape models, their training and application », *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 61, p. 38–59, 1995.

- [50] Y. FREUND et R. SCHAPIRE, « A decision-theoretic generalization of on-line learning and an application to boosting », in *Proceedings of the Second European Conference on Computational Learning Theory*, p. 119–139, 1995.
- [51] H. C. van ASSEN, M. G. DANILOUCHKINE, A. F. FRANGI, S. ORDÁS, J. J. WESTENBERG, J. H. REIBER et B. P. LELIEVELDT, « SPASM : Segmentation of sparse and arbitrarily oriented cardiac MRI data using a 3D-ASM », in *Lecture Notes in Computer Science, Volume 3504*, 2005.
- [52] Y. ZHENG, A. BARBU, B. GEORGESCU, M. SCHEUERING et D. COMANICIU, « Four-chamber heart modeling and automatic segmentation for 3D cardiac CT volumes using marginal space learning and steerable features », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2008 (in press).
- [53] Z. TU, « Probabilistic Boosting-Tree : Learning discriminative models for classification, recognition, and clustering », in *Proceeding of the International Conference on Computer Vision*, vol. 2, p. 1589–1596, 2005.
- [54] J. COUSTY, L. NAJMAN, M. COUPRIE, S. CLÉMENT-GUINAUDEAU, T. GOISSEN et J. GAROT, « Automated, Accurate and Fast Segmentation of 4D Cardiac MR Images », in *Functional Imaging and Modeling of the Heart, LNCS, Springer*, vol. 4466, p. 474–483, 2007.
- [55] C. NASTAR et N. AYACHE, « Frequency-based nonrigid motion analysis : Application to four dimensional medical images », *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 18, no. 11, p. 1067–1079, 1996.
- [56] H. DELINGETTE, *Modélisation, Déformation et Reconnaissance d'objets tridimensionnels à l'aide de maillages simples*. Doctorat, Ecole Centrale de Paris, 1994.
- [57] O. GÉRARD, A. BILLON, J.-M. ROUET, M. JACOB, M. FRADKIN et C. ALLOUCHE, « Efficient model-based quantification of left ventricular function in 3-D echocardiography », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, p. 1059–1068, Sep 2002.
- [58] J. MONTAGNAT et H. DELINGETTE, « 4D deformable models with temporal constraints : application to 4D cardiac image segmentation », *Medical Image Analysis*, vol. 9, no. 1, p. 87–100, 2005.
- [59] M. LYNCH, O. GHITA et P. F. WHELAN, « Segmentation of the Left Ventricle of the Heart in 3-D+t MRI Data Using an Optimized Nonrigid Temporal Model », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 27, no. 2, 2008.
- [60] G. JACOB, J. A. NOBLE, C. BEHRENBRUCH, A. D. KELION et A. P. BANNING, « A shape-space-based approach to tracking myocardial borders and quantifying regional left-ventricular function applied in echocardiography », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, no. 3, p. 226–238, 2002.
- [61] A. BLAKE, R. CURVEN et A. ZISSERMAN, « A framework for spatio-temporal control in the tracking of visual contours », *International Journal of Computer Vision*, no. 11, p. 127–145, 1993.

-
- [62] A. BLAKE, M. ISARD et D. REYNARD, « Learning to track the visual motion of contours », *Artificial Intelligence*, no. 78, p. 179–212, 1995.
- [63] P. NIELSEN, I. LE GRICE, B. SMAILL et P. HUNTER, « Mathematical model of geometry and fibrous structure of the heart », *American Journal of Physiology- Heart and Circulatory Physiology*, vol. 260, no. 4, p. 1365–1378, 1991.
- [64] T. ARTS, R. RENEMAN et P. VEENSTRA, « A model of the mechanics of the left ventricle », *Annals of Biomedical Engineering*, vol. 7, no. 3, p. 299–318, 1979.
- [65] M. SERMESANT, H. DELINGETTE et N. AYACHE, « An electromechanical model of the heart for image analysis and simulation », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 25, no. 5, p. 612–625, 2006.
- [66] J. SAINTE-MARIE, D. CHAPELLE et M. SORINE, « Data assimilation for an electro-mechanical model of the myocardium », in *Second MIT Conference on Computational Fluid and Solid Mechanics*, p. 1801–1804, 2003.
- [67] M. SERMESANT, P. MOIREAU, O. CAMARA, J. SAINTE-MARIE, R. ANDRIANTSIMIYONA, R. CIMRMAN, D. HILL, D. CHAPELLE et R. RAZAVI, « Cardiac function estimation from MRI using a heart model and data assimilation : Advances and difficulties », *Medical Image Analysis*, vol. 10, no. 4, p. 642–656, 2006.
- [68] M. SERMESANT, C. FOREST, X. PENNEC, H. DELINGETTE et N. AYACHE, « Deformable biomechanical models : application to 4D cardiac image analysis. », *Medical Image Analysis*, vol. 7, p. 475–88, 2003.
- [69] A. VERESS, G. GULLBERG et J. WEISS, « Measurement of strain in the left ventricle during diastole with cine-MRI and deformable image registration », *Journal of Biomechanical Engineering*, vol. 127, p. 1195–1207, 2005.
- [70] T. MÄKELÄ, Q. C. PHAM, P. CLARYSSE, J. NENONEN, J. LÖTJÖNEN, O. SIPILÄ, H. HÄNNINEN, K. LAUERMA, J. KNUUTI, T. KATILA et I. E. MAGNIN, « A 3-D model-based registration approach for the PET, MR and MCG cardiac data fusion », *Medical Image Analysis*, vol. 7, p. 377–389, 2003.
- [71] Y. ROUCHDY, *Segmentation automatique et suivi du mouvement du cœur par modèles déformables élastiques semi-linéaires et non-linéaires en imagerie par résonnance magnétique*. Doctorat, INSA de Lyon, 2005.
- [72] P. CIARLET, *Elasticité tridimensionnelle*. Masson, 1986.
- [73] J. SCHAEERER, A. GELAS, R. PROST, P. CLARYSSE et I. E. MAGNIN, « Volumetric mesh construction from scattered prior data : Application to cardiac mr image analysis », in *European Signal Processing Conference*, (Poznań, Poland), p. 438–442, sept. 2007.
- [74] P. L. GEORGE, « Improvements on delaunay-based three-dimensional automatic mesh generator », *Finite Elements in Analysis and Design*, vol. 25, p. 297–317, 1997.
- [75] J. SHEWCHUK, « What is a good linear element ? Interpolation, conditioning, and quality measures », in *IMR*, p. 115–126, 2002.

- [76] S. VALETTE et R. PROST, « Wavelet-based multiresolution analysis of irregular surface meshes », *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, vol. 10, no. 2, p. 113–122, 2004.
- [77] K. ROHR, H. STIEHL, T. BUZUG, J. WEESE et M. H. KUHN, « Landmark-based elastic registration using approximating thin-plate splines », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, p. 526–534, 2001.
- [78] L. COHEN et I. COHEN, « Finite-element methods for active contour models and balloons for 2-D and 3-D images », *PAMI*, vol. 15, no. 11, p. 1131–1147, 1993.
- [79] C. XU et J. L. PRINCE, « Snakes, shapes, and gradient vector flow », *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 7, p. 359–369, 1998.
- [80] J. CANNY, « A computational approach to edge detection », *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 8, p. 679–698, 1986.
- [81] R. DERICHE, « Using Canny’s criteria to derive a recursively implemented optimal edge detector », *Int. J. Comput. Vision*, vol. 1, p. 167–187, 1987.
- [82] A. MONTILLO, D. METAXAS et L. AXEL, « Automated segmentation of the left and right ventricles in 4D cardiac SPAMM images », in *MICCAI*, 2002.
- [83] P. PERONA et J. MALIK, « Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion », *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 12, no. 7, p. 629–639, 1990.
- [84] D. COMANICIU et P. MEER, « Mean shift : a robust approach toward feature space analysis », *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, vol. 24, p. 603–619, 2002.
- [85] J. LÖTJÖNEN, P. REISSMAN, I. MAGNIN et T. KATILA, « Model extraction from magnetic resonance volume data using the deformable pyramid. », *Medical Image Analysis*, vol. 3, no. 4, p. 387–406, 1999.
- [86] J. WEESE, M. KAUS, C. LORENZ, S. LOBREGT, R. TRUYEN et V. PEKAR, « Shape constrained deformable models for 3D medical image segmentation. », in *Proc. of Information Processing in Medical Imaging, Lecture Notes in Computer Science 2082.*, 2001.
- [87] J. MONTAGNAT et H. DELINGETTE, « Volumetric medical images segmentation using shape constrained deformable models », in *First Joint Conference CVRMedMRCAS, Lecture Notes in Computer Science 1205*, p. 13–22, 1997.
- [88] M. BREJL et M. SONKA, « Object localization and border detection criteria design in edge-based image segmentation : Automated learning from examples », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 10, no. 10, p. 973–985, 2000.
- [89] D. ARTHUR et S. VASSILVITSKII, « k-means++ : The advantages of careful seeding », in *Proceeding of the 18th annual ACM-SIAM symposium on Discrete algorithms*, p. 1027–1035, 2001.

-
- [90] N. CHERNOV et C. LESORT, « Least squares fitting of circles and lines », *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, vol. 23, no. 3, 2005.
- [91] J. A. NELDER et R. MEAD, « A simplex method for function minimization », *Computer Journal*, no. 7, p. 308–313, 1965.
- [92] L. NAJMAN, J. COUSTY, M. COUPRIE, H. TALBOT, S. CLÉMENT-GUINAUDEAU, T. GOISSEN et J. GAROT, « An open, clinically-validated database of 3D+t cine-MR images of the left ventricle with associated manual and automated segmentation », *Insight Journal*, 2007.
- [93] O. CUISENAIRE et B. MACQ, « Fast and exact signed Euclidean distance transformation with linear complexity », in *Proceedings of the IEEE International Conference on Acoustics, Speech, and Signal Processing*, vol. 6, 1999.
- [94] C. MAURER JR, R. QI et V. RAGHAVAN, « A linear time algorithm for computing exact Euclidean distance transforms of binary images in arbitrary dimensions », *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, vol. 25, no. 2, p. 265–270, 2003.
- [95] Z. YU et C. BAJAJ, « Image segmentation using gradient vector diffusion and region merging », in *16th International conference on pattern recognition (IEEE, éd.)*, 2002.
- [96] B. LI et S. T. ACTON, « Vector field convolution for image segmentation using snakes », in *International Conference on Image Processing*, 2006.
- [97] J. SCHAEERER, Y. ROUCHDY, P. CLARYSSE, B. BIBA, P. CROISILLE et I. E. MAGNIN, « Simultaneous segmentation of the left and right heart ventricles in 3d cine mr images of small animals », in *Computers in Cardiology*, 2005.
- [98] H. BENOIT-CATTIN, G. COLLEWET, B. BELAROUSSI, H. SAINT-JALMES et C. ODET, « The SIMRI project : a versatile and interactive MRI simulator. », *Journal of Magnetic Resonance*, vol. 173, no. 1, p. 97–115, 2005.
- [99] V. CHALANA et Y. KIM, « A methodology for evaluation of boundary detection algorithms on medical images », *IEEE Transactions on medical imaging*, vol. 16, no. 5, p. 642–652, 1997.
- [100] A. HAMMOUDE, « An empirical parameter selection method for endocardial border identification algorithms », *Computerized medical imaging and graphics*, vol. 25, no. 1, p. 33–45, 2001.
- [101] C. ODET, B. BELAROUSSI et H. BENOIT-CATTIN, « Scalable discrepancy measures for segmentation evaluation », in *Proceedings of the ICIP*, vol. 1, p. 785–788, 2002.
- [102] S. WARFIELD, K. ZOU et W. WELLS, « Simultaneous truth and performance level estimation (STAPLE) : an algorithm for the validation of image segmentation », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 23, no. 7, p. 903–921, 2004.
- [103] P. CIGNONI, C. ROCCHINI et R. SCOPIGNO, « Metro : measuring error on simplified surfaces », *Computer Graphics Forum*, vol. 17, no. 2, p. 167–174, 1998.

- [104] N. ASPERT, D. SANTA-CRUZ et T. EBRAHIMI, « MESH : Measuring errors between surfaces using the Hausdorff distance », in *Proceedings of the IEEE International Conference on Multimedia and Expo*, vol. I, p. 705 – 708, 2002.
- [105] C. ALBEROLA-LÓPEZ, M. MARTIN-FERNANDEZ et J. RUIZ-ALZOLA, « Comments on : A methodology for evaluation of boundary detection algorithms on medical images », *IEEE Transactions on medical imaging*, vol. 23, no. 5, 2004.
- [106] D. NGUYEN, K. MASTERSON et J. VALLÉE, « Comparative evaluation of active contour model extensions for automated cardiac MR image segmentation by regional error assessment », *Magnetic Resonance Materials in Physics, Biology and Medicine*, vol. 20, no. 2, p. 69–82, 2007.
- [107] M. POWELL, « An efficient method for finding the minimum of a function of several variables without calculating derivatives. », *Computer Journal*, vol. 7, p. 155–162, 1964.
- [108] T. SAITO et T. TORIWAKI, « New algorithm for euclidean distance transformation of an n-dimensional digitized picture with applications », *Pattern recognition*, vol. 27, p. 1551–1565, 1994.
- [109] J. DUCHON, « Interpolation des fonctions de deux variables suivant le principe de la flexion des plaques minces », *RAIRO Analyse Numerique*, vol. 10, no. 12, p. 5–12, 1976.
- [110] F. BOOKSTEIN, « Principal warps : Thin-plate splines and the decomposition of deformations », *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 11, no. 6, p. 567–585, 1989.
- [111] K. ROHR, H. STIEHL, T. BUZUG, J. WEESE et M. H. KUHN, « Landmark-based elastic registration using approximating thin-plate splines », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, p. 526–534, 2001.
- [112] X. WANG, J. SCHAERER, Z. QIAN, D. METAXAS, T. CHEN et L. AXEL, « Reconstruction of Detailed Left Ventricle Motion Using Deformable Model from Tagged MR Image. », in *Functional Imaging and Modeling of the Heart*, p. 60–68, 2007.
- [113] Q. PHAM, F. VINCENT, P. CLARYSSE, P. CROISILLE et I. MAGNIN, « A FEM-based deformable model for the 3D segmentation and tracking of the heart in cardiac MRI », in *Proceedings of the 2nd International Symposium on Image and Signal Processing and Analysis (ISPA 2001)*, p. 250–254, 2001.
- [114] S. MITCHELL, B. LELIEVELDT, R. van der GEEST, H. BOSCH, J. REIVER et M. SONKA, « Multistage hybrid active appearance model matching : segmentation of left and right ventricles in cardiac MR images », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, no. 5, p. 415–423, 2001.
- [115] C. LORENZ et J. von BERG, « A comprehensive shape model of the heart », *Medical Image Analysis*, vol. 10, p. 657–670, August 2006.
- [116] O. BERNARD, B. TOUIL, J. de HOOGE et D. FRIBOULET, « Statistical modeling of the radio-frequency signal for partially- and fully-developed spe-

- ckle based on a generalized gaussian model with application to echocardiography », *IEEE transactions on Ultrasonics, Ferroelectrics and Frequency Control*, vol. 54, p. 2189 – 2194, October 2007.
- [117] E. D. ANGELINI, S. HOMMA, G. PEARSON, J. W. HOLMES et A. F. LAINE, « Segmentation of real-time three-dimensional ultrasound for quantification of ventricular function : A clinical study on right and left ventricles », *Ultrasound in medicine & biology*, vol. 31, p. 1143–1158, 2005.
- [118] E. DEBREUVE, M. BARLAUD, G. AUBERT, I. LAURETTE et J. DARCOURT, « Space-time segmentation using level set active contours applied to myocardial gated SPECT », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, p. 643–659, Jul 2001.
- [119] P. G. CIARLET, *Mathematical Elasticity Volume I : Three-Dimensional Elasticity*. North-Holland, Amsterdam, 1988.
- [120] O. C. ZIENKIEWICZ, R. L. TAYLOR et J. Z. ZHU, *The Finite Element Method : Its Basis and Fundamentals*. Butterworth-Heinemann, 2005.
- [121] D. METAXAS et D. TERZOPOULOS, « Shape and nonrigid motion estimation through physics-based synthesis », *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 15, p. 580–591, June 1993.
- [122] A. V. OPPENHEIM, R. W. SCHAFER et J. R. BUCK, *Discrete-time signal processing (2nd ed.)*. Upper Saddle River, NJ, USA : Prentice-Hall, Inc., 1999.
- [123] P. G. CIARLET et J.-L. LIONS, *Handbook of Numerical Analysis, Volume 1, Finite difference methods, Solution of equations in \mathbb{R}^n* . North-Holland, 1990.
- [124] P. CLARYSSE, C. BASSET, L. KHOUAS, P. CROISILLE, D. FRIBOULET, C. ODET et I. E. MAGNIN, « 2D spatial and temporal displacement field fitting from cardiac MR tagging », *Medical Image Analysis*, vol. 3, p. 253–268, 2000.
- [125] R. EL-BERBARI, I. BLOCH, A. REDHEUIL, E. D. ANGELINI, É. MOUSSEAU, F. FROUIN et A. HERMENT, « Automated segmentation of the left ventricle including papillary muscles in cardiac magnetic resonance images. », in *Functional Imaging and Modeling of the Heart, LNCS, Springer*, p. 453–462, 2007.
- [126] B. DELHAY, P. CLARYSSE et I. E. MAGNIN, « Locally adapted spatio-temporal deformation model for dense motion estimation in periodic cardiac image sequences », in *Functional Imaging and Modeling of the Heart, LNCS, Springer*, p. 393–402, 2007.
- [127] P. CLARYSSE, J. POUSIN et J. SCHAEERER, « Singular perturbation techniques for image segmentation », *To be submitted*.
- [128] B. DELHAY, *Estimation spatio-temporelle de mouvement et suivi de structures déformables. Application à l'imagerie dynamique du cœur et du thorax*. Thèse doctorat, INSA Lyon, déc. 2006.
- [129] U. GAMPER, P. BOESIGER et S. KOZERKE, « Diffusion imaging of the *in vivo* heart using spin echoes-considerations on bulk motion sensitivity », *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 57, no. 2, p. 331–337, 2007.

- [130] C. FRINDEL, J. SCHAEERER, P. GUETH, P. CLARYSSE, Y. ZHU et M. ROBINI, « A global approach to cardiac tractography », in *Biomedical Imaging : From Nano to Macro, 2008. ISBI 2008. 5th IEEE International Symposium on*, p. 883–886, 2008.
- [131] O. OLEINIK, A. SHAMAEV et G. YOSIFIAN, *Mathematical Problems in Elasticity and Homogenization. Studies in Mathematics and its applications*. North-Holland, 1992.
- [132] J. NEČAS, *Les méthodes directes en théorie des équations elliptiques*. Masson, Paris, 1967.
- [133] H. BRÉZIS, *Analyse fonctionnelle*. Masson, Paris, 1985.
- [134] L. TARTAR, *Topics in nonlinear analysis*. Publications mathématiques d'orsay, 1978.

Annexe : Singular Perturbation Technique

Nous reproduisons ici la démonstration des deux théorèmes présentés à la section 2.4, due à J. Pousin. Le premier théorème établit l'existence et l'unicité d'une solution au problème de perturbation singulière. Le deuxième théorème montre que cette solution satisfait bien la contrainte 2.12.

We denote by $H^1(\Omega_0)$ the classical Sobolev space of functions in $L^2(\Omega_0)$ with a derivative in distributional sense in $L^2(\Omega_0)$.

$$H^1(\Omega_0) = \{\varphi \in L^2(\Omega_0); D\varphi \in L^2(\Omega_0)\}$$

(see [119]) and we set $\mathbf{H} = (H^1(\Omega_0))^3$.

Let R be the subspace of rigid motions, which is defined as the kernel of the strain tensor : $R = \text{Ker } \epsilon$, set $\mathbb{H} = (H^1(\Omega_0)/R)^3$ the displacement space, equipped with the semi-norm $\|\epsilon(v)\|_{L^2(\Omega_0)}$ which, thanks to the Korn inequality, is a Hilbert space. The following hypotheses for the field \mathbf{f} are convenient for analyzing the asymptotics.

- H1 : The function \mathbf{f} is defined on $\mathcal{O} \supset \Omega_0$, and \mathbf{f} is Lipschitz on \mathcal{O} with values in \mathbb{R}^3 . Furthermore, there exists $\mathbf{F} : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}^+$ verifying $-D\mathbf{F}(x) = \mathbf{f}(x)$.

The optimality conditions associated with minimizing the elastic energy read : find the displacement $u \in \mathbb{H}$ verifying :

$$\begin{cases} -\text{div}(\sigma(u)) = 0 & \text{in } \Omega_0; \\ \sigma(u) \cdot n = \mathbf{f}(I + u) & \text{on } \partial\Omega_0. \end{cases} \quad (16)$$

Let us introduce a function α satisfying :

- H2 : The function $\alpha : \mathbb{R}^+ \rightarrow [0, 1]$ is regular, integrable over \mathbb{R}^+ , non increasing and bounded from below on any compact subset of \mathbb{R}^+ with $\lim_{t \rightarrow \infty} \alpha(t) = 0$.

We have :

Theorem 1. Assume hypotheses H1 and H2 to be satisfied. Whatever $T \in \mathbb{R}_+^*$ is, then for all $0 < t < T$, the following problem

$$\begin{cases} \frac{d}{dt}u(t) - \operatorname{div}(\alpha(t)\sigma(u(t))) &= 0 \text{ in } \Omega_0; \\ \alpha(t)\sigma(u(t)) \cdot n &= \mathbf{f}(I + u(t)) \text{ on } \partial\Omega_0; \\ u(0) = 0 &\text{in } \Omega_0. \end{cases} \quad (17)$$

has a unique solution $u \in L^2(0, T; ((H^2(\Omega))^3 \cap \mathbb{H}) \cap C^0(0, T; \mathbb{H}))$; $\frac{d}{dt}u \in L^2(0, T; H)$

Proof. The proof is classic. An Hilbert basis of \mathbb{H} is introduced, and then a Galerkin method is used to approximate the solution. Define the unbounded linear elasticity operator A from $(L^2(\Omega_0))^3$ into $(L^2(\Omega_0))^3$ associated to Problem (16). Since the bilinear symmetric form $\bar{a}(\cdot, \cdot)$ associated to the linear elasticity operator A :

$$\bar{a}(v, w) = \int_{\Omega_0} \mu(\nabla v / \nabla w) + (\lambda + \mu)\operatorname{div}v\operatorname{div}w \, dx,$$

is \mathbb{H} -coercive due to Korn's inequality (see[131] Thm 3.5 p. 37 or [119] p. 298). Then for $h \in (L^2(\Omega_0))^3 \cap R^\perp$ given, there exists a unique $v \in \mathbb{H}$ verifying

$$\begin{cases} -\operatorname{div}(\sigma(v)) = h & \text{in } \Omega_0; \\ \sigma(v) \cdot n = 0 & \text{on } \partial\Omega_0. \end{cases}$$

Moreover the regularity of the boundary provides, $v \in (H^2(\Omega))^3$ ([132] p. 260). The embedding of $(H^2(\Omega))^3 \cap \mathbb{H}$ in \mathbb{H} is compact since the domain Ω_0 is bounded. The spectral theorem for self-adjoint compact operator applies for A^{-1} ([133] Thm VI.11 p. 97), the eigenvalues are non negative and constitute a sequence eventually converging towards zero. The associate eigenfunctions $\{w_i\}_{i=1}^{i=\infty}$ of A^{-1} constitute an orthonormal basis of $(L^2(\Omega_0)/\mathbb{R})^3$ and of \mathbb{H} , and are orthogonal for the duality pairing

$$((w_i, w_j))_{\mathbb{H}'} = (A^{-1}w_i, w_j)_{L^2} = \begin{cases} 0 & i \neq j; \\ \frac{1}{\lambda_i} & i = j \end{cases}$$

Now let us give technical lemmas. For any $\varphi \in \mathbb{H}$ define the linear form $b(\varphi, \cdot) : \mathbb{H} \rightarrow \mathbb{R}$ with :

$$\forall \psi \in \mathbb{H}, \quad b(\varphi, \psi) = \int_{\partial\Omega_0} \mathbf{f}(I + \varphi)\psi \, d\gamma. \quad (18)$$

The time dependent \mathbb{H} -coercive bilinear form $a(\cdot, \cdot)$ is for any $0 < t \leq T$ defined by :

$$a(v(t), w(t)) = \alpha(t) \int_{\Omega_0} \mu(\nabla v(t) / \nabla w(t)) + (\lambda + \mu)\operatorname{div}v(t)\operatorname{div}w(t) \, dx.$$

Since the function α is bounded from below (see H2), by denoting $|v|_{1, \Omega_0}^2 = \|\nabla v\|_{(L^2(\Omega_0))^3}^2$ we have :

$$\mu \min_{0 \leq s \leq t} \alpha(s) |v|_{1, \Omega_0}^2 \leq \min_{0 \leq s \leq t} \alpha(s) \bar{a}(v, v) \leq a(v, v) \quad \forall v \in \mathbb{H}.$$

Lemma 2. For all $m \in \mathbb{N}$, there exists a unique family of functions $\{\varphi\}_{i=1}^m$ belonging to $C^1(0, \infty; \mathbb{R})$ such that $u_m(t) = \sum_{i=1}^m \varphi_i(t)w_i$ is solution to :

$$\begin{cases} \left(\frac{d}{dt}u_m(t), w_i \right) + a(u_m(t), w_i) = b(u_m(t), w_i) \text{ for } 1 \leq i \leq m \\ u_m(0) = 0. \end{cases} \quad (19)$$

Proof.

Let $G_i(\varphi_1, \dots, \varphi_m)$ be a real lipschitz function defined by :

$$\begin{aligned} G_i(\varphi_1, \dots, \varphi_m) &= \int_{\partial\Omega} \mathbf{f}(I + \sum_{j=1}^m \varphi_j(t)w_j)w_i \, d\gamma \\ |G_i(\varphi_1, \dots, \varphi_m) - G_i(\psi_1, \dots, \psi_m)| &\leq K_f \int_{\partial\Omega} \sum_{j=1}^m |\varphi_j(t)w_j - \psi_j(t)w_j| |w_i| \, d\gamma. \end{aligned} \quad (20)$$

We have :

$$(w_j, w_i) = \delta_{ij}; \quad a(w_j, w_i) = \delta_{ij} \text{ for } 1 \leq i, j \leq m, \quad (21)$$

thus Problem (19) is reduced to a diagonal system of differential equations :

$$\begin{cases} \frac{d}{dt}\varphi_i(t) + \lambda_i\alpha(t)\varphi_i(t) = G_i(\varphi_1(t), \dots, \varphi_m(t)) \\ \varphi_i(t) = 0 \text{ for } 1 \leq i \leq m. \end{cases} \quad (22)$$

Theorem VII.3 p. 104 in [133] applies which proves the announced result.

□ Now we prove some *a priori* estimates for u_m .

Lemma 3. For every $0 < t$ there exists a constant $0 < C_1$ irrespective of m such that :

$$\max_{0 \leq s \leq t} \|u_m(s)\|_{L^2(\Omega_0)}^2 \leq C_1. \quad (23)$$

Proof. Since $|\mathbf{f}|$ is bounded from above by M_f , define $\underline{\alpha} = \min_{0 \leq s \leq t} \alpha(s)$ and by taking u_m as test function in (19), for every $0 < \eta$ we have :

$$\frac{d}{2dt} \|u_m(s)\|_{L^2(\Omega_0)}^2 + a(u_m(s), u_m(s)) \leq \int_{\partial\Omega_0} M_f |u_m(s)| \, d\xi \leq \frac{\eta}{2} \|u_m(s)\|_{L^2(\partial\Omega_0)}^2 + \frac{1}{2\eta} M_f^2 |\partial\Omega_0|. \quad (24)$$

Korn's inequality the bound from below for α depending on T and the continuity of the embedding of \mathbb{H} onto H (see [119] for example) yeild :

$$\underline{\alpha} C_{\Omega_0} \|u_m(s)\|_{L^2(\Omega_0)}^2 \leq a(u_m(s), u_m(s)), \quad \|u_m(s)\|_{L^j(\partial\Omega_0)}^2 \leq C_{\partial\Omega_0} \bar{a}(u_m(s), u_m(s)) \quad 1 \leq j \leq 2.$$

Choose η verifying $\frac{\underline{\alpha}}{2} < \underline{\alpha} - \frac{C_{\partial\Omega_0}\eta}{2}$, we deduce from (24) :

$$\frac{d}{2dt} \|u_m(s)\|_{L^2(\Omega_0)}^2 + \frac{\underline{\alpha} C_{\Omega_0}}{2} \|u_m(s)\|_{L^2(\Omega_0)}^2 \leq \frac{1}{2\eta} M_f^2 |\partial\Omega_0|. \quad (25)$$

Gronwall's Lemma provides :

$$\|u_m(s)\|_{L^2(\Omega_0)}^2 \leq \int_0^s e^{(-\underline{\alpha} C_{\Omega_0}(s-\tau))} \, d\tau \frac{1}{2\eta} M_f^2 |\partial\Omega_0|. \quad (26)$$

Lemma is proved.

□

Lemma 4. *There exist two constants $0 < C_2$ and $0 < C_3$ irrespective of m and t such that the following estimates hold true :*

$$\begin{aligned} \max_{0 \leq s \leq t} \int_0^s \frac{1}{2} \left\| \frac{d}{d\tau} u_m(\tau) \right\|_{L^2(\Omega_0)}^2 d\tau \leq C_2; \quad \max_{0 \leq s \leq t} |\sqrt{\alpha(s)} u_m(s)|_{1, \Omega_0}^2 \leq C_2; \\ \int_0^t \|\alpha(\tau) u_m(\tau)\|_{H^2(\Omega_0)}^2 d\tau \leq C_3. \end{aligned} \quad (27)$$

Proof. Substitute the test function by $\frac{d}{dt} u_m$ in (19), and integrate from 0 to s and over Ω_0 . Accordingly the gradient structure of \mathbf{f} , we have :

$$\int_{\partial\Omega_0} \mathbf{f}(u_m(\tau)) \frac{d}{d\tau} u_m(\tau) d\gamma, = - \int_{\partial\Omega_0} \frac{d}{dt} \mathbf{F}(u(t)) d\gamma, . \quad (28)$$

After some classical calculations, we get :

$$\left\| \frac{d}{d\tau} u_m(\tau) \right\|_{L^2(\Omega_0)}^2 + \frac{\alpha(d\tau)}{2} \frac{d}{dd\tau} a(u_m(\tau), u_m(\tau)) = - \int_{\partial\Omega_0} \frac{d}{dd\tau} \mathbf{F}(u_m(\tau)t) d\gamma. \quad (29)$$

For all $0 < s < t$, by integrating by parts the second term, we get :

$$\begin{aligned} \int_0^s \left\| \frac{d}{d\tau} u_m(\tau) \right\|_{L^2(\Omega_0)}^2 d\tau - \int_0^s \frac{\alpha'(\tau)}{2} a(u_m(\tau), u_m(\tau)) d\tau + \frac{\alpha(s)}{2} a(u_m(s), u_m(s)) + \\ \int_{\partial\Omega_0} \mathbf{F}(u_m(s)) d\gamma = \int_{\partial\Omega_0} \mathbf{F}(0) d\gamma. \end{aligned} \quad (30)$$

So

$$\int_0^s \left\| \frac{d}{d\tau} u_m(\tau) \right\|_{L^2(\Omega_0)}^2 d\tau + \frac{\mu}{2} |\sqrt{\alpha(s)} u_m(s)|_{1, \Omega_0}^2 + \int_{\partial\Omega_0} \mathbf{F}(u_m(s)) d\gamma = \int_{\partial\Omega_0} \mathbf{F}(0) d\gamma. \quad (31)$$

The function $|F|$ is bounded by M_F , thus we get the two first inequalities with $C_2 = M_F |\partial\Omega_0|$.

Lemma 2 tells us u_m is a solution of Problem (17) in a finite dimensional vector space. Multiply the first equation of (17) with $-\operatorname{div}(\alpha(t)\sigma(u_m(t)))$ and integrate over Ω_0 and with respect to time. Holder inequality provides :

$$\int_0^s \|\operatorname{div}(\alpha(\tau)\sigma(u_m(\tau)))\|_{L^2(\Omega_0)}^2 d\tau \leq 2 \int_0^s \left\| \frac{d}{d\tau} u_m(\tau) \right\|_{L^2(\Omega_0)}^2 d\tau \leq C_2. \quad (32)$$

The linear elasticity operator A is uniformly elliptic ([132] p. 260), thus we have :

$$\int_0^s \|\alpha(\tau) u_m(\tau)\|_{H^2(\Omega_0)}^2 d\tau - \beta \int_0^s \|\alpha(\tau) u_m(\tau)\|_{H^1(\Omega_0)}^2 d\tau \leq \int_0^s \|\operatorname{div}(\alpha(\tau)\sigma(u_m(\tau)))\|_{L^2(\Omega_0)}^2 d\tau. \quad (33)$$

Korn's inequality and estimates from Lemma 3 allows us to establish the last inequality.

□

From the Lemmas proved before we deduce the following. There exist K_1 a bounded subset of $L_{loc}^2(0, \infty; H)$, K_2 a bounded subset of $L_{loc}^\infty(0, \infty; \mathbb{H})$ and K_3 a bounded subset of

$L_{loc}^2(0, \infty; ((H^2(\Omega_0))^3 \cap \mathbb{H}))$ such that :

$$\left\{ \frac{d}{dt} u_m \right\}_{m=1}^\infty \subset K_1; \quad \{u_m\}_{m=1}^\infty \subset K_2; \quad \{u_m\}_{m=1}^\infty \subset K_3. \quad (34)$$

Let us mention that Estimate (23) can be improved (C_1 is independent of time t) since $u_m(0) = 0$ and Estimate (27) is irrespective of time t . Jensen's inequality provides :

$$\int_{\Omega_0} \left(\int_0^t \frac{d}{ds} u_m(s) ds \right)^2 dx \leq \int_{\Omega_0} \int_0^t \left(\frac{d}{ds} u_m(s) \right)^2 ds dx$$

The weak sequential compactness of the unit ball of a reflexive Banach space allows us to take the limit when m goes to infinity.

Lemma 5. *There exists $u \in L^\infty(0, \infty; H) \cap L^\infty(0, \infty; \mathbb{H}) \cap L^2_{loc}(0, \infty; (H^2(\Omega_0))^3 \cap \mathbb{H}) \cap C^0(0, \infty; \mathbb{H})$ such that, up to a subsequence, for every $0 < T$,*

$$\begin{aligned} \int_0^T (u_m(s), \varphi(s))_H ds &\rightarrow \int_0^T (u(s), \varphi(s))_H ds \quad \forall \varphi \in L^1(0, T; H); \\ \int_0^T (u_m(s), \varphi(s))_{\mathbb{H}'\mathbb{H}} ds &\rightarrow \int_0^T (u(s), \varphi(s))_{\mathbb{H}'\mathbb{H}} ds \quad \forall \varphi \in L^1(0, T; \mathbb{H}); \\ \int_0^T a(u_m(s), \varphi(s)) ds &\rightarrow \int_0^T a(u(s), \varphi(s)) ds \quad \forall \varphi \in L^1(0, T; \mathbb{H}); \\ \frac{d}{dt}(u_m, \varphi)_H &\rightarrow \frac{d}{dt}(u, \varphi)_H \quad \forall \varphi \in H \text{ in } \mathcal{D}'(0, \infty). \end{aligned} \tag{35}$$

The last step is to prove that u is a solution to Problem (17). So let us take the limit in the variational formulation (19). Since Ω_0 is bounded, the embedding of $H^2(\Omega_0)$ onto $H^1(\Omega_0)$ is compact. We deduce that the following embedding is compact (see for example [134])

$$\{\varphi \in L^2(0, T; (H^2(\Omega_0))^3 \cap \mathbb{H}), \frac{d}{dt}\varphi \in L^2(0, T; H)\} \subset C^0(0, T; \mathbb{H}) \subset C^0(0, T; (L^2(\partial\Omega_0))^3).$$

Thus, for every $0 < t < T$, $u_m(t, x) \rightarrow u(t, x)$ for almost every $x \in \partial\Omega_0$, and since \mathbf{f} is continuous, up to a subsequence, we have $\mathbf{f}(x + u_m(t, x)) \rightarrow \mathbf{f}(x + u(t, x))$ for every t and for every $x \in \partial\Omega_0$. The Lebesgue's dominated convergence Theorem applies and we get :

$$\lim_{m \rightarrow \infty} b(u_m, \varphi) \rightarrow b(u, \varphi) \quad \forall \varphi \in (L^2(\partial\Omega_0))^3.$$

We have proved the existence of a solution for Problem 17. Uniqueness is shown in a classical way. Take the difference of two solutions, and arguing in the same way as before, we get an estimate similar to (25) for the difference. Gronwall's Lemma applies and the uniqueness is proved since the two solutions have the same initial condition.

□

For Problem (17), the asymptotic behavior with respect to time is given in the next theorem.

Theorem 6. *Assume hypotheses H1 and H2 to be satisfied. Then, when t goes to infinity, $u(t)$ solution to (17) converges towards $\bar{u} \in H$ and*

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} \mathbf{f}(I + u(t)) = 0 \text{ on } \partial\Omega_0. \tag{36}$$

Proof. Arguing in the same way as in the proof of Lemma 4, we have two constants C_4 and C_5 irrespective of time t such that :

$$\left\| \frac{du(s)}{ds} \right\|_{(L^2(0,t;(L^2(\Omega_0))))^3}^2 \leq C_3; \quad \|\sqrt{\alpha(t)}u(t)\|_{(H^1(\Omega_0))^3}^2 \leq C_4.$$

Whatever $\varphi \in (H_0^1(\Omega_0))^3$ is we deduce from Problem (17) that

$$\left| \int_{\Omega_0} \frac{du(t)}{dt} \varphi dx \right| \leq \sqrt{\alpha(t)} |a(\sqrt{\alpha(t)}u(t), \varphi)| \leq \sqrt{\alpha(t)} \sqrt{C_4}. \quad (37)$$

We conclude that up to a zero measure subset, $\frac{d}{dt}u(t)$ goes to zero when time goes to infinity. Moreover, by considering a variational formulation of Problem (17), we have for all $\varphi \in (H^1(\Omega_0))^3$:

$$\left| \int_{\partial\Omega_0} \mathbf{f}(I + u(t))\varphi d\xi \right| \leq \left| \int_{\Omega_0} \frac{d}{dt}u(t)\varphi dx \right| + \sqrt{\alpha(t)} |a(\sqrt{\alpha(t)}u(t), \varphi)|. \quad (38)$$

The right hand side of the previous expression goes to zero when t goes to infinity. Since $u(t) \in C^0(0, \infty; \mathbb{H})$, and since \mathbf{f} is continuous, we conclude that

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \mathbf{f}(I + u(t)) = 0 \text{ on } \partial\Omega_0.$$

The function $u \in C^0(0, \infty; \mathbb{H})$ thus belongs to $C^0(0, \infty; H)$, and is bounded in $L^\infty(0, \infty; H)$ (i.e. (27) improved). Set $\bar{u} = \lim_{t \rightarrow +\infty} \frac{1}{t} \int_0^t u(s) ds$, then let us prove that :

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} u(t) = \bar{u} \text{ in } H.$$

We have :

$$\begin{aligned} \int_{\Omega_0} \left(\frac{1}{t} \int_0^t u(t) - u(s) ds \right)^2 dx &= \int_{\Omega_0} \left(\frac{1}{t} \int_0^t \int_s^t \frac{1}{d\tau} u(\tau) d\tau ds \right)^2 dx \\ &\leq \int_{\Omega_0} \frac{1}{t^2} \int_0^t \int_s^t \left(\frac{1}{d\tau} u(\tau) \right)^2 d\tau ds dx \leq \frac{1}{t^2} \int_{\Omega_0} \int_0^t C_3^2 ds dx = \frac{C_3^2}{t} |\Omega_0| \end{aligned} \quad (39)$$

□