



HAL
open science

Estimation des déformations du ventricule gauche sur des séquences ciné-IRM non-marquées

Solofohery Randrianarisolo

► **To cite this version:**

Solofohery Randrianarisolo. Estimation des déformations du ventricule gauche sur des séquences ciné-IRM non-marquées. Autre. Université Paris-Est, 2009. Français. NNT : 2009PEST0022 . tel-00473769

HAL Id: tel-00473769

<https://theses.hal.science/tel-00473769>

Submitted on 16 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.

UNIVERSITÉ PARIS EST

Thèse présentée et soutenue publiquement par

Solofohery RANDRIANARISOLO

en vue de l'obtention du grade de
DOCTEUR EN SCIENCES

Spécialité : **Science de l'Ingénieur**

Option : **Traitement de l'Image et du Signal (TIS)**

Équipe d'accueil : Laboratoire Images, Signaux et Systèmes Intelligents
(LiSSi, E.A. 3956)

École doctorale : Sciences et Ingénierie : Matériaux, Modélisation, Environnement
SIMME

**Estimation des Déformations du
Ventricule Gauche sur des Séquences
ciné-IRM Non-Marquées**

Soutenue le 3 Mars 2009 devant le jury composé de :

| | | |
|--------------------------|-----------------------------------|--------------------|
| Frédérique FROUIN | Chargée de Recherche INSERM, UPMC | Rapporteur |
| Patrick CLARYSSE | Chargé de Recherche, CREATIS | Rapporteur |
| Benoit DIEBOLD | Professeur, Université Paris V | Examinateur |
| Jérôme GAROT | Professeur, Université Paris EST | Examinateur |
| Eric PETIT | Professeur, Université Paris EST | Directeur de thèse |

Remerciements

Je tiens tout d'abord à exprimer ma profonde reconnaissance pour mon directeur de thèse Eric Petit, qui a consacré à l'encadrement de ma thèse un temps et une disponibilité d'esprit considérables. J'ai ainsi largement pu profiter de sa grande acuité scientifique et de son enthousiasme indéfectible. Je suis donc redevable d'avoir pu faire une thèse dans des conditions exceptionnelles.

Je remercie tout particulièrement Eric Deléchelle pour m'avoir encadré avec compétence et disponibilité. Ses connaissances étendues du traitement de l'image ont été un support et une inspiration pour cette thèse.

Je remercie Frédérique Frouin ainsi que Patrick Clarysse d'avoir accepté la tâche fastidieuse d'être les rapporteurs de cette thèse et de s'en être acquittés avec objectivité, rigueur et intérêt. Leurs conseils et les remarques pertinentes dont ils m'ont fait part m'ont permis d'améliorer significativement le contenu de mon manuscrit.

Je remercie également Benoit Diebold et Jérôme Garot d'avoir accepté d'examiner ce travail de thèse. Jérôme Garot a apporté un regard pertinent sur les travaux réalisés grâce à ses compétences médicales.

Je tiens aussi à remercier Alain Rahmouni pour nous avoir fournis les images que nous avons traitées.

Remerciements

Je souhaite remercier Patrick Siarry qui m'a accueillie au sein du LISSI et qui a créé les conditions nécessaires à un travail agréable tout en exigeant une bonne qualité scientifique du travail de chacun.

Je remercie également tous les membres du LiSSi, l'équipe pédagogique avec laquelle j'ai beaucoup appris, tout particulièrement Frank Monmasson, Christelle Vézien et Jacques Guillmart.

Je salue tous mes collègues de LISSI, Yasmina Chenoune avec qui j'ai travaillé tout au long de cette thèse, Yéhia, Nada, Riad, Odile, Oumar, Amir, Walid, Yann, Emre, Marie-cécile et Youssouf qui ont ajouté leur pierre à l'harmonie au sein du laboratoire.

Toute ma reconnaissance va aussi à Annick Joncour, Patricia Jamin, Michel Noum et Audrey Carotine pour leur encouragement, leur bonne humeur et leur disponibilité.

Enfin, c'est l'occasion de remercier ma famille, Annick, et mes amis, dont le soutien a été précieux tout au long de cette thèse.

à Annick,
à Loïc,
à ma mère

Résumé

L'évaluation de la fonction cardiaque présente un intérêt majeur pour le diagnostic et le suivi de l'ischémie cardiaque et l'infarctus du myocarde. L'accès aux déformations locales du cœur permet une meilleure planification du traitement en fournissant une définition plus précise des volumes infarctés.

Ce travail de thèse a pour objectif l'estimation du champ de déformation du myocarde sur des séquences d'images IRM non marquées en vue de l'évaluation de la fonction contractile en routine clinique. On est donc amené à trouver une méthode d'analyse d'images rapide et qui demande très peu ou pas d'intervention de la part du clinicien.

L'approche que nous proposons consiste d'abord à évaluer par une méthode de segmentation et de mise en correspondance semi-automatique les vitesses des contours myocardiques. Ces vitesses sont ensuite utilisées comme contrainte dans un calcul du flot optique du myocarde. Notre contribution consiste d'une part à adapter la méthode des ensembles de niveaux (Level set) aux problèmes posés par la segmentation des contours interne et externe du ventricule gauche, d'autre part à estimer le flot optique du ventricule gauche en utilisant les vitesses des contours comme contrainte supplémentaire. Le procédé de segmentation est directement appliqué sur un ensemble d'images pseudo-volumiques $2D+t$. Ceci conduit à une méthode de segmentation efficace qui, tient compte à la fois des contraintes de continuité spatiales et temporelles.

Une évaluation clinique de notre méthode d'estimation des déformations myocardiques ont été effectuée sur un ensemble de données comportant 16 séquences réparties en 4 groupes : normale, hypokinétique, akinétique et dyskinétique selon leur mouvement. Les déformations estimées ont été comparées avec celles fournies par la méthode HARMonic Phase MRI (HARP). Les mesures fournies par les deux méthodes sont très proches. Sur l'ensemble des 16 séquences traitées, le coefficient de corrélation entre notre courbe et celle de HARP atteignent 0,97 pendant la systole.

Le résultat obtenu avec la méthode proposée a été également confronté à celui de la technique d'interpolation par plaques minces (Thin Plate Splines) sur une séquence synthétique. Le meilleur résultat est obtenu avec la méthode d'interpolation. La méthode du flot optique, qui est fondée sur la conservation du niveau de gris, se heurte au manque de correspondances explicites entre les images des séquences dynamiques. Les vitesses obtenues par la méthode des plaques minces s'avèrent assez précises, permettant d'envisager l'évaluation de la viabilité du tissu cardiaque en routine clinique.

Table des matières

| | |
|---|-----------|
| Remerciements | ii |
| Résumé | v |
| 1 Contexte Médical | 1 |
| 2 Le cœur humain | 4 |
| 2.1 Anatomie du cœur | 4 |
| 2.2 Physiologie cardiaque | 6 |
| 2.2.1 Cycle cardiaque | 6 |
| 2.2.2 Système cardio-necteur | 7 |
| 2.2.3 Fonction contractile du cœur | 8 |
| 2.3 L'ischémie et l'infarctus | 11 |
| 3 Les modalités d'imagerie cardiaque | 14 |
| 3.1 Les plans de coupe | 14 |
| 3.2 Le Ciné-IRM cardiaque | 16 |
| 3.3 Domaine d'application du Ciné-IRM | 18 |
| 3.4 Les problèmes d'acquisition des images | 18 |
| 3.5 Protocole d'acquisition des séquences ciné-IRM étudiées | 20 |
| 4 Etat de l'art | 22 |
| 4.1 Les méthodes invasives | 22 |
| 4.2 Analyse des séquences Ciné-IRM | 23 |

| | | |
|----------|--|-----------|
| 4.3 | Analyse des séquences IRM marquées | 27 |
| 4.3.1 | Approches par flot optique | 29 |
| 4.3.2 | Approches par segmentation des tags et reconstruction du champ de déplacement | 33 |
| 4.3.3 | Approche par analyse de la phase des images harmoniques | 38 |
| 4.3.4 | Estimation des déformations de la paroi libre du VD . . . | 41 |
| 4.3.5 | Conclusion | 41 |
| 5 | Segmentation des contours | 43 |
| 5.1 | Segmentation | 43 |
| 5.1.1 | Méthode des ensembles de niveaux | 44 |
| 5.1.2 | Mise en oeuvre | 47 |
| 5.1.3 | Segmentation des piliers et cordages | 51 |
| 5.1.4 | Rehaussement des niveaux de gris | 55 |
| 5.1.5 | Démarche appliquée | 58 |
| 5.1.6 | Résultats et discussions | 61 |
| 5.2 | Mise en correspondance des contours | 63 |
| 5.2.1 | Recalage géométrique | 64 |
| 5.2.2 | Morphing par Level Set | 67 |
| 5.2.3 | Résultats | 68 |
| 6 | Champ de vitesse du Ventricule Gauche | 71 |
| 6.1 | Flot Optique Contraint | 72 |
| 6.2 | Interpolation par plaques minces | 74 |
| 6.2.1 | Formulation mathématique de la TPS | 75 |
| 6.2.2 | Paramétrisation de la méthode TPS | 77 |
| 6.3 | Validation du champ de vitesse | 78 |
| 6.4 | Résultat et discussions | 81 |
| 6.4.1 | Comparaison entre FO standard et FOC | 81 |
| 6.4.2 | Comparaison entre TPS et Interpolation | 85 |
| 6.4.3 | Comparaison entre TPS et FOC | 85 |

| | | |
|----------|--|------------|
| 6.5 | Conclusion | 85 |
| 7 | Analyse des déformations | 89 |
| 7.1 | Evaluation de la contractilité | 89 |
| 7.2 | Comparaison avec la méthode HARP | 92 |
| 7.3 | Evaluation clinique | 98 |
| 8 | Conclusion générale | 103 |
| A | Séquences ciné-IRM analysées | 105 |
| B | La méthode de Gauss Seidel | 122 |
| C | L'IRM | 124 |
| C.1 | Principe de l'IRM | 124 |
| C.1.1 | Principe Physique de la résonance magnétique nucléaire . | 124 |
| C.1.2 | Création d'une image IRM | 126 |
| C.1.3 | L'interprétation en contraste | 131 |
| C.1.4 | Les séquences d'acquisition | 135 |
| C.2 | L'IRM de marquage | 138 |
| C.2.1 | Marquage tissulaire par impulsion sélective | 139 |
| C.2.2 | La séquence SPAMM | 140 |
| C.2.3 | La séquence DANTE | 143 |
| C.2.4 | La séquence DANTE/SPAMM | 144 |
| C.2.5 | La séquence CSPAMM | 144 |
| C.3 | L'IRM à contraste de phase | 146 |
| C.3.1 | Le principe de l'IRM à contraste de phase | 146 |
| C.3.2 | Approche hybride PC-IRM et IRM de marquage | 147 |
| C.3.3 | Analyse des séquences IRM à contraste de phase | 147 |
| C.4 | L'IRM de diffusion | 148 |
| C.4.1 | Le principe de l'IRM de diffusion | 148 |
| C.4.2 | L'IRM de diffusion cardiaque | 149 |

| | | |
|----------|--|------------|
| D | Autres modalités d'imagerie cardiaque | 150 |
| D.1 | Echocardiographie | 150 |
| D.2 | Médecine nucléaire | 151 |
| D.3 | Radiographie X | 152 |
| D.3.1 | Tomographie à rayons X | 152 |
| D.3.2 | L'angiographie à rayons X | 152 |

Table des figures

| | | |
|-----|--|----|
| 2.1 | L'anatomie du cœur (d'après Netter, [1]) | 5 |
| 2.2 | Les parois du VG | 6 |
| 2.3 | Le système cardio-necteur. | 7 |
| 2.4 | Illustration d'un cœur présentant une zone nécrosée due à l'obstruction complète d'une branche d'artère coronaire. A droite, la figure montre une coupe de l'artère coronaire avec une plaque d'athérome et des caillots. (Source : National Heart Lung and Blood Institute.gov) | 12 |
| 3.1 | Définition des plans de coupe petit axe et grand axe. | 15 |
| 3.2 | Le mouvement apparent : le mouvement de contraction à l'instant t_2 observé dans le plan P résulte non seulement de la contraction radiale du VG mais aussi de sa contraction longitudinale. | 17 |
| 4.1 | Coupe petit-axe d'une séquence IRM de marquage illustrant les déformations systoliques. | 28 |
| 4.2 | Deux séquences petit axe marquées orthogonalement et une séquence grand axe (Source : Department of Biomedical Engineering, Johns Hopkins University, Baltimore, MA). | 29 |
| 4.3 | Modèle densitométrique gaussien d'une ligne de tag | 35 |

| | | |
|-----|--|----|
| 4.4 | L'approche inverse : le correspondant du point P_0 à t_1 (P_1 ou P'_1) ne peut être connu ; seule la composante perpendiculaire de tag non déformée $n\psi$ peut être estimée. | 36 |
| 4.5 | Image d'IRM de marquage et son spectre, sur lequel on peut observer la répétition d'un motif due à l'échantillonnage réalisé par les $tags$ | 40 |
| 5.1 | La forme de la distribution des intensités de la région de l'image correspondant à la cavité ventriculaire gauche est assimilable à la forme de la distribution de probabilité suivant la loi normale, son coefficient d'aplatissement est de 3,05 et son coefficient de dissymétrie de -0,26. | 49 |
| 5.2 | Illustration de l'initialisation d'une hypersurface dans la cavité ventriculaire en vue de la détection des contours endocardiques. (Une image sur quatre d'une séquence complète est représentée). | 50 |
| 5.3 | Illustration de la mise en œuvre du Level Set Methods en vue de l'extraction des contours myocardiques. (a) Détection de l'endocarde avec une hypersurface en évolution, (b) Initialisation de l'hypersurface servant à l'extraction de l'épicarde. | 51 |
| 5.4 | Un élément structurant sphérique éclaire le myocarde : (a) Image originale, (b) Son fermé avec une sphère de rayon 2 voxels, (c) Son fermé avec une ellipsoïde de rayon central 2 voxels et de hauteur 10 voxels, (d) La différence entre l'image (c) et l'image (b). | 53 |
| 5.5 | Efficacité de la fermeture morphologique à supprimer les piliers et le ventricule droit. (a) Image originale, (b) son fermé par reconstruction et (c) son fermé | 54 |
| 5.6 | Mise en évidence de la frontière des poumons par égalisation d'histogramme : (a) image originale (b) image rehaussée. | 56 |

| | | |
|------|--|----|
| 5.7 | Mise en évidence de la frontière des poumons par amplification des h-dômes : (a) image originale (b) image rehaussée avec $h = 70$ et $k = 4$ | 57 |
| 5.8 | Histogramme des principaux organes présents sur une coupe IRM petit-axe. | 59 |
| 5.9 | Fonction de rehaussement définie par morceaux. | 60 |
| 5.10 | Mise en évidence du myocarde par la technique de rehaussement par morceaux. | 60 |
| 5.11 | Images ciné-IRM extraites d'une séquence saine (FIG. A.3). Elles sont prises à différents moments du cycle. A gauche : avant la systole ($t=2$); au centre : pendant la systole ($t=10$) et à droite : après la systole ($t=15$). | 62 |
| 5.12 | Images prétraitées de la figure 5.11 à l'aide d'une étape de rehaussement par morceaux suivie d'une étape de fermeture morphologique visant à supprimer les piliers. | 62 |
| 5.13 | Résultat de l'extraction des contours endocardiques des images prétraitées de la figure 5.12. L'endocarde n'est pas correctement segmenté à la systole ($t=10$) car les piliers sont complètement collés à la parois. La segmentation est par contre correcte avant ($t = 2$) et après ($t = 15$) la systole car les piliers se détachent grâce à la phase de prétraitement. | 63 |
| 5.14 | Appariement des contours endocardiques. (a) Deux images d'une séquence IRM avec la représentation des contours extraits, (b) résultat de l'appariement obtenu sans alignement préalable et (c) résultat de l'appariement obtenu avec l'étape d'alignement. | 69 |
| 5.15 | Mise en correspondance des contours endocardiques et épicaudiques | 70 |
| 6.1 | Le coefficient du terme de lissage λ doit être supérieur à 10^3 pour minimiser les erreurs d'estimation de la méthode TPS. (Haut) Erreur en amplitude vs λ (Bas) Erreur angulaire vs λ | 79 |

| | | |
|-----|--|----|
| 6.2 | Séquence synthétique obtenue par une homothétie et une rotation périodique. | 82 |
| 6.3 | Composante u_s du champ de vitesse de la séquence synthétique. | 83 |
| 6.4 | Composante v_s du champ de vitesse de la séquence synthétique. | 84 |
| 6.5 | Comparé à la méthode standard de Horn et Schunck, notre FOC produit moins d'erreurs sur une séquence d'images synthétique. (Haut) Erreurs en amplitude (Bas) Erreurs angulaires. | 86 |
| 6.6 | La méthode des plaques minces fournit un résultat plus précis que la méthode d'interpolation bicubique, sur une séquence d'images synthétique. (Haut) Erreurs en amplitude (Bas) Erreurs angulaires. | 87 |
| 7.1 | Illustration de l'orientation du champ de vecteur unitaire radial. (a) Myocarde de forme normal, (b) Myocarde très abimé par un infarctus latéral. | 91 |
| 7.2 | Allongement radial E_{rr} (%) du myocarde pour un sujet sain. A la systole, l'épaississement est important et assez homogène tout autour du VG | 92 |
| 7.3 | Raccourcissement circonférentiel E_{cc} (%) du myocarde pour le sujet sain. A la systole, la déformation est importante sur l'endocarde. | 93 |
| 7.4 | Allongement radial E_{rr} (%) du myocarde pour un patient atteint d'un infarctus antérieur aigu. La flèche montre une zone d'amincissement anormal de la paroi ventriculaire. | 94 |
| 7.5 | Raccourcissement circonférentiel E_{cc} (%) du myocarde pour le patient atteint d'un infarctus antérieur. | 95 |
| 7.6 | Sectorisation du myocarde en 8 segments. | 97 |
| 7.7 | Illustration du raccourcissement circonférentiel E_{cc} estimé par la méthode HARP au centre de chaque secteur (courbe bleue) et du raccourcissement circonférentiel moyen déterminé par notre méthode (courbe rouge) sur les 8 segments d'un myocarde sain. | 99 |

| | | |
|------|--|-----|
| 7.8 | Variation du coefficient de corrélation entre les courbes du raccourcissement moyen sur 128 segments (16 sequences x 8 segments) | 100 |
| 7.9 | Graphes de type Bland-Altman représentant le raccourcissement circonférentiel moyen, du début de la contraction (temps $t = 1$) jusqu'à la télésystole ($t = 7$). | 101 |
| 7.10 | Histogramme du raccourcissement circonférentiel myocardique E_{cc} selon les 4 états cliniques. L'axe des abscisses représente la valeur de E_{cc} en (%). | 102 |
| A.1 | ciné-IRM d'un volontaire sain | 106 |
| A.2 | ciné-IRM d'un volontaire sain. | 107 |
| A.3 | ciné-IRM d'un volontaire sain. | 108 |
| A.4 | ciné-IRM d'un volontaire sain | 109 |
| A.5 | ciné-IRM d'un volontaire sain | 110 |
| A.6 | ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus antérieur | 111 |
| A.7 | ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus antérieur | 112 |
| A.8 | ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus antérieur | 113 |
| A.9 | ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus antérieur | 114 |
| A.10 | ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus antérieur | 115 |
| A.11 | ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus inférieur | 116 |
| A.12 | ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus inférieur | 117 |
| A.13 | ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus inférieur | 118 |
| A.14 | ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus latéral | 119 |
| A.15 | ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus latéral | 120 |
| A.16 | ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus latéral | 121 |
| C.1 | Principe du codage spatial dans une direction : (a) application d'un champ magnétique uniforme, (b) application d'un gradient de champ magnétique (d'après Le Bas, [2]). | 127 |

| | | |
|------|--|-----|
| C.2 | Influence de TR et TE sur le contraste en $T1$ et $T2$ pour différents tissus du cerveau : (1) substance blanche, (2) substance grise, (3) liquide céphalo-rachidien [2] | 130 |
| C.3 | Signal observé lors d'une séquence d'Echo de Spin [3] | 131 |
| C.4 | Séquence d'Echo de Spin | 132 |
| C.5 | Séquence d'Echo de Gradient | 134 |
| C.6 | Evolution de l'aimantation M_z après suppression de la séquence d'inversion-récupération | 137 |
| C.7 | Coupes petit-axe du cœur en Ciné-IRM et en IRM de marquage au même instant et au même niveau de coupe. | 139 |
| C.8 | La séquence SPAMM. Les pointillés indiquent un second gradient facultatif. | 141 |
| C.9 | Evolution temporelle du vecteur d'aimantation lors d'une séquence SPAMM avec un angle de basculement $\phi = 90^\circ$ | 141 |
| C.10 | Les deux principales séquences de marquage tissulaire en IRM. | 143 |
| C.11 | Comparaison entre images SPAMM (a) et CSPAMM (b) à différents instants du cycle cardiaque. | 145 |

Liste des tableaux

| | | |
|-----|--|-----|
| 3.1 | Caractéristiques des séquences ciné-IRM. | 21 |
| 7.1 | Caractéristiques des séquences IRM taggées. | 96 |
| C.1 | Valeurs de T1 et T2 en ms à 1,5 Tesla (d'après [4]). | 129 |

Chapitre 1

Contexte Médical

Les maladies cardio-vasculaires (MCV) sont les principales causes de mortalité dans le monde. Selon l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS), le nombre de décès dus aux MCV atteignait 17,5 millions en 2005 et estimé à 20 millions en 2015, ce qui représenterait 30% des décès globaux ¹.

Les MCV sont divisées en 6 groupes : les maladies des artères coronaires, cérébro-vasculaires, les maladies vasculaires périphériques, le rhumatisme articulaire aigu du cœur, les malformations congénitales, la phlébite et l'embolie pulmonaire. Les maladies liées à l'atteinte des artères coronaires ou cardiopathies coronariennes sont les plus meurtrières des MCV, elles sont à l'origine des 43% des décès. Dans ce travail de thèse, notre attention se porte sur l'incidence de l'infarctus myocardique qui compose l'essentiel des cardiopathies coronariennes, sur la fonction contractile du ventricule gauche. En effet, l'accès à des méthodes d'analyse fiables et robustes ainsi qu'à des outils ergonomiques capables de fournir des informations concernant l'étendue et l'évolution d'une zone d'infarctus est un atout considérable pour les cliniciens. Les démarches thérapeutiques sont de nature différente. Les traitements peuvent être simple-

¹<http://www.who.int>

ment médicamenteux, une angioplastie avec ou sans la pose d'un ressort (stent) ou encore un pontage de l'artère qui nécessitera par contre une intervention chirurgicale lourde.

On cherche à caractériser une zone d'infarctus par la cinématique du myocarde. En effet, les cardiopathies dues à une détérioration de la vascularisation dans une zone tissulaire se caractérisent par une altération de la fonction contractile du cœur. Pour atteindre notre objectif, nous serons donc amenés à quantifier les déformations locales du myocarde au cours d'un cycle cardiaque. Concrètement l'étude consiste à extraire des paramètres mécaniques à partir d'une séquence images du cœur.

Bien que l'imagerie IRM par marquage tissulaire (*Tagged MRI*) ait permis d'obtenir une visualisation cinématique des déformations cardiaques, offrant une alternative non invasive aux techniques par marqueurs opaques implantés chez certains animaux, nous ne l'avons pas adoptée ici. La spécificité de notre étude réside dans l'utilisation des images ciné-IRM standard non marquées pour estimer les déformations myocardiques. Ce choix est motivé par le fait que : (1) la résolution de la grille de marquage permettant la visualisation des déformations cardiaques est faible (7 mm), (2) la mise en œuvre d'une phase spécifique de pré-magnétisation pendant l'acquisition des images taggées exclut leur usage systématique en routine clinique.

Dans ce travail de thèse, nous présentons une application de l'approche eulérienne des ensembles de niveaux dans le cadre de la segmentation du myocarde et proposons une méthode d'évaluation des vitesses des contours myocardiques par un nouveau processus d'appariement. Une estimation dense du champ de vitesses a été ensuite obtenue grâce à une méthode d'estimation du flot op-

tique contraint et par interpolation. Des grandeurs locales ont été estimées puis validées cliniquement par comparaison à la méthode HARP.

Nos contributions portent sur (1) l'adaptation de la méthode des ensembles de niveaux afin de résoudre le problème de segmentation du myocarde sur des images IRM 2D+t, (2) la mise en correspondance des contours myocardiques ainsi détectés et (3) la modification de la méthode du flot optique classique.

Le mémoire est structuré en sept chapitres. Le chapitre 2, décrit brièvement la physiologie du cœur et les maladies du myocarde. Le chapitre 3 présente les modalités d'imagerie cardiaques existantes. Le chapitre C est consacré à l'IRM, la modalité la mieux adaptée à l'étude de la fonction contractile du cœur. Nous présentons ensuite un état de l'art sur les principales approches permettant la quantification de la déformation myocardique dans le chapitre 4. Le chapitre 5 décrit notre méthode de segmentation des contours du ventricule gauche, suivie par la description d'une nouvelle technique de mise en correspondance développée au LISSI , permettant l'appréciation des vitesses des contours extraits. Dans le chapitre 6, seront présentées nos méthodes d'estimation du champ de vitesse et sa validation sur des images synthétiques. Le chapitre 7 est consacré au calcul des paramètres de déformations, et à la validation des mesures obtenues pour des séquences réelles marquées comprenant des cas sains et pathologiques. Enfin, une conclusion synthétise les résultats obtenus et dégage quelques perspectives envisageables à ce travail.

Chapitre 2

Le cœur humain

Ce chapitre est consacré à la description du cœur humain. Une première section présente l'anatomie du cœur. Dans une deuxième section, nous rappelons la physiologie cardiaque, et en particulier la vascularisation, les relations anatomie-dynamique et (l'activité électrique). Enfin, les cardiopathies à l'origine d'une altération de la fonction contractile myocardique (ischémie, cardiomyopathies) font l'objet d'une troisième partie.

2.1 Anatomie du cœur

Situé entre les deux poumons dans le médiastin inférieur, le cœur est une pompe propulsant le sang dans le corps. Le cœur est un organe creux composé de quatre cavités (Fig. 2.1) : deux cavités droites, l'oreillette droite (OD) et le ventricule droit (VD) et deux cavités gauches, l'oreillette gauche (OG) et le ventricule gauche (VG). Les cavités droites et gauches sont totalement séparées par une cloison, le septum. Le septum interauriculaire est la cloison séparant les oreillettes, le septum ventriculaire la cloison séparant les ventricules. Les oreillettes sont reliées aux ventricules par l'intermédiaire de valves : la valve mitrale à gauche et la valve tricuspide à droite. Ces quatre cavités sont entourées par un muscle, le myocarde, lui-même entouré d'une membrane appelée péri-

carde. Les parois interne et externe du myocarde sont respectivement nommées endocarde et épicaarde. Le myocarde est de forme pyramidale triangulaire. Sa pointe est orientée vers le bas, vers la gauche et vers l'arrière et est appelée apex, et la partie haute est appelée base. L'axe apex-base est appelé grand-axe et le plan qui lui est perpendiculaire est appelé plan petit axe. Les parois du VG sont divisées en segments myocardiques appelés antérieur, latéral, inférieur et septal (Figure 2.2). Les parties droite et gauche fonctionnent en parallèle selon le schéma suivant :

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

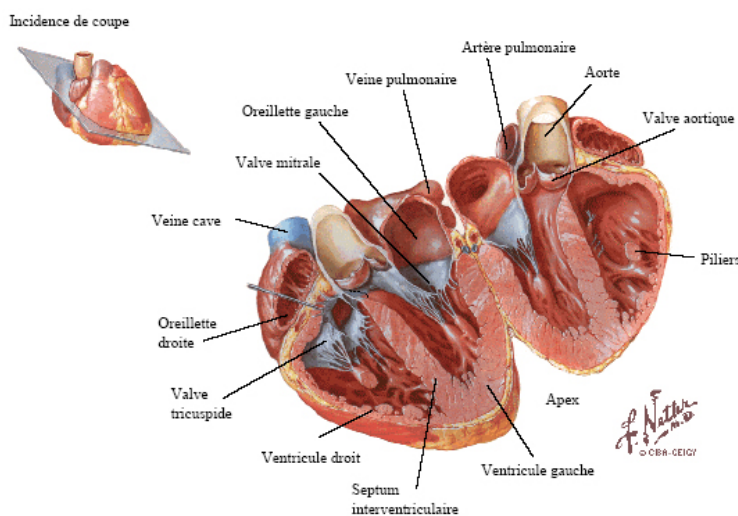


FIG. 2.1 – L'anatomie du cœur (d'après Netter, [1])

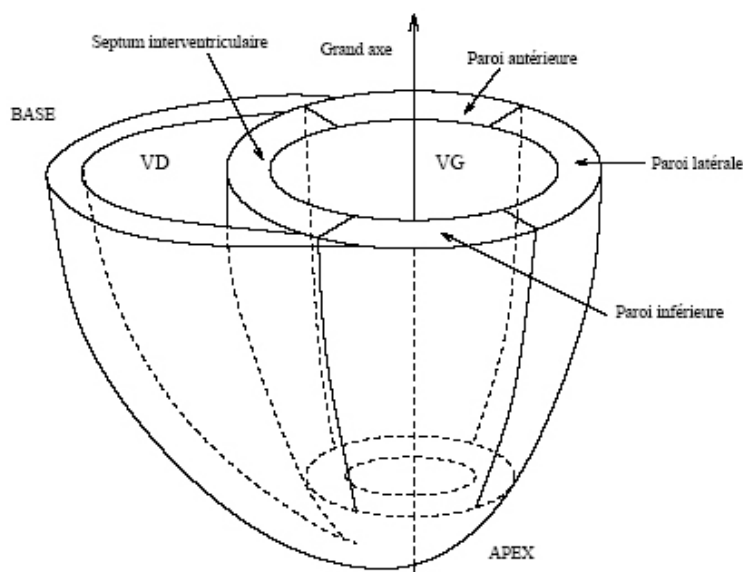


FIG. 2.2 – Les parois du VG

2.2 Physiologie cardiaque

Nous décrivons succinctement ici le fonctionnement du cœur.

2.2.1 Cycle cardiaque

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, le cœur est relâché, 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 5 à 6 litres par minute. Les termes protosystole et télésystole (resp. protodiastole et télédiastole) désignent le début et la fin de la systole (resp. diastole).

La pression sanguine dans l'aorte étant environ quatre fois plus importante que dans l'artère pulmonaire, le VG est plus développé (muscle plus impor-

tant, parois plus épaisse) que le VD. Aussi, une atteinte au VG peut altérer de manière significative les performances cardiaques.

2.2.2 Système cardio-necteur

Le système électrique du cœur, appelé système cardio-necteur, est responsable de l'automatisme cardiaque (Figure 2.3). Les influx électriques sont initiés au nœud de Keith-Flack, dans les parois de l'OD, lieu de réglage de la fréquence de contraction. L'influx se propage rapidement et les deux oreillettes se contractent à l'unisson. Un retard est pris au nœud d'Ashaw-Tawara, au bas de la cloison inter-auriculaire, qui permet aux oreillettes de se contracter et de se vider complètement avant que ne débute la contraction ventriculaire. Le signal de contraction se propage ensuite jusqu'à l'extrémité de chaque ventricule, le long des branches de faisceau de His (ou faisceau aurico-ventriculaire) dans le septum. L'onde d'excitation remonte ensuite et s'étend dans les parois ventriculaires par les myofibres de conduction cardiaque du réseau de Purkinje.

La relation entre activités mécanique et électrique fait l'objet de nombreuses études ; elle a été étudiée dans [5, 6, 7].

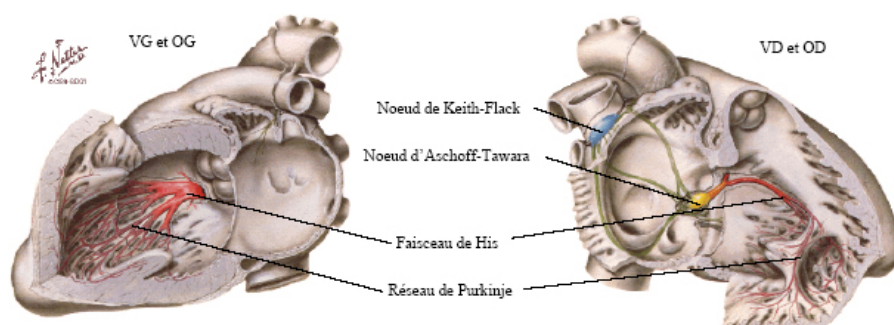


FIG. 2.3 – Le système cardio-necteur.

2.2.3 Fonction contractile du cœur

Le cœur est un système complexe reposant sur des mécanismes mécanique, électrique, chimique et physiologique intercorrélés. Le mouvement cardiaque est piloté par la propagation d'une onde de dépolarisation à la surface du cœur et les régimes de pression dans les différentes structures cardiaques et vasculaires. La phase d'éjection du sang, par exemple, débute lorsque, la pression intraventriculaire dépassant la pression aortique, la valve aortique s'ouvre. Le ventricule gauche se contracte ce qui se traduit par un raccourcissement circonférentiel et un épaissement radiaire des fibres musculaires du myocarde (fibres myocardiques).

Les atteintes cardiaques peuvent donc être de multiples ordres. Nous nous intéressons particulièrement à la fonction myocardique contractile et aux processus de sa dégradation.

La dynamique cardiaque est une des premières fonctions à avoir pu être observée d'abord de manière directe et expérimentale chez l'animal puis grâce aux techniques d'imagerie chez l'homme.

L'altération de la fonction myocardique contractile peut provenir d'un défaut de contractilité myocardique causé directement par la pathologie (cardiomyopathie, myocardite, ischémie, origines toxiques, métaboliques, inflammatoires) ou d'une surcharge mécanique du ventriculaire. L'effet des occlusions coronaires sur la contraction myocardique a été mis en évidence par Tennant et Wiggers dans les années trente [8]. La surcharge volumétrique se produit en principe dans le cas de valvulopathies régurgitantes insuffisance mitrale, aortique, tricuspidiennne ou lors d'une élévation des pressions systémiques (hypertension artérielle) et/ou d'un obstacle à la vidange ventriculaire (rétrécisse-

ment aortique, pulmonaire).

Les cardiomyopathies et l'ischémie, principales causes de cette altération sont présentées dans le section 2.3.

Lors d'une altération de la fonction contractile, on cherche à mettre en évidence les anomalies localisées de la cinétique des parois ventriculaires : diminution de l'amplitude de contraction (hypokinésie), abolition de la contraction (akinésie), mouvement paradoxal par expansion d'une région en période de systole (dyskinésie) [9]. Dans cet objectif, nous sommes amenés à définir et à évaluer des paramètres pouvant caractériser avec précision la contractilité myocardique.

Mesure de la fonction contractile

Les paramètres qui caractérisent la fonction cardiaque sont intrinsèquement de nature tridimensionnelle bien qu'ils soient encore, dans la majorité des cas, estimés à partir de données 2D. Ils caractérisent principalement le ventricule gauche (VG) du cœur qui assure à lui seul 80% de la fonction cardiaque.

Les paramètres cliniques les plus utilisés en routine clinique sont de nature globale ou régionale. Deux paramètres sont couramment calculés : la fraction de raccourcissement FR et la fraction d'éjection FE . Ces quantités sont définies par :

$$FR = \frac{D_{TD} - D_{TS}}{D_{TD}} \quad (2.1)$$

Où D_{TD} (resp. D_{TS}) représente le diamètre de la cavité du VG en télédiastole (resp. télésystole), et par :

$$FE = \frac{V_{TD} - V_{TS}}{V_{TD}} \quad (2.2)$$

Où V_{TD} (resp. V_{TS}) représente le volume de la cavité du VG en télédiastole

(resp. télésystole). Les autres indices globaux mesurables sont : la masse myocardique et la courbe de volume de la cavité VG au cours du cycle.

Cependant, pour une meilleure discrimination des régions altérées, il apparaît qu'une analyse des déformations myocardiques à des échelles spatiales et temporelles plus fines serait nécessaire [10]. Les paramètres recherchés sont donc de nature locale. Dans cette catégorie d'indices figurent la contractilité segmentaire, la déformation pariétale, la vitesse locale du déplacement et l'évolution spatio-temporelle. Dans la littérature, quelques études s'intéressent à l'analyse de l'évolution locale de la forme des parois ventriculaires au cours du cycle. Parmi elles nous citerons les travaux de Park et al. [11], qui traitent d'un modèle déformable physique permettant de paramétrer les changements locaux de la forme, ceux de Friboulet et al. [12] et de Clarysse et al. [13, 14] qui proposent respectivement une estimation et un suivi automatique de la courbure locale 3D de l'endocarde au cours du cycle. Le suivi de ces paramètres de forme fournit des lois d'évolution locale.

Enfin, la fonction contractile peut être évaluée en angiocardigraphie à rayons X, en médecine nucléaire par gamma-angiographie, en échocardiographie, en IRM avec en particulier l'IRM de marquage tissulaire qui apparaît comme la modalité non invasive de référence pour l'estimation globale et locale de la fonction contractile. Les séquences de rehaussement tardif donnent, par ailleurs, une information assez précise sur l'étendue des zones de nécrose. Le travail présenté dans ce manuscrit propose une méthode d'estimation de la vitesse du déplacement et déformations locales du VG à partir des séquences Ciné-IRM non marquées.

2.3 L'ischémie et l'infarctus myocardique

Les maladies cardiovasculaires (MCV) représentent une pathologie majeure. Selon l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS), le nombre de décès dus aux MCV atteignait 17,5 millions en 2005 et estimé à 20 millions en 2015, ce qui représenterait 30% des décès globaux. Le coût direct et indirect de ces pathologies est estimé à près de 400 milliards de dollars par an aux Etats Unis.

Les MCV sont divisées en 6 groupes : les maladies des artères coronaires, cérébro-vasculaires, les maladies vasculaires périphériques, le rhumatisme articulaire aigu du cœur, les malformations congénitales, la phlébite et l'embolie pulmonaire. Les maladies liées à l'atteinte des artères coronaires ou cardiopathies coronariennes sont les plus meurtrières des MCV, elles sont à l'origine des 43% des décès. La pathologie à laquelle nous nous intéressons plus particulièrement est l'ischémie myocardique qui désigne l'arrêt ou la diminution de l'apport en sang et consécutivement en oxygène dans un territoire donné à cause de l'occlusion d'une artère coronaire. Une ischémie myocardique se caractérise par :

- une dilatation du VG ou des ventricules, avec des diamètres télédiaastoliques augmentés et des parois d'épaisseur normale ;
- une augmentation de la masse myocardique ;
- une altération de la fonction ventriculaire gauche systolique, traduite par une diminution de la fraction d'éjection globale.

Une de ces conséquences possibles est l'infarctus, qui est un foyer circonscrit de nécrose tissulaire (voir figure 2.4).

L'infarctus myocardique est une maladie malheureusement très fréquente, qui prédomine chez l'homme et apparaît en priorité chez les sujets ayant des facteurs de risque cardiovasculaires tels que le tabac, l'obésité, l'existence d'un diabète, d'un taux élevé de cholestérol et d'une hypertension artérielle.

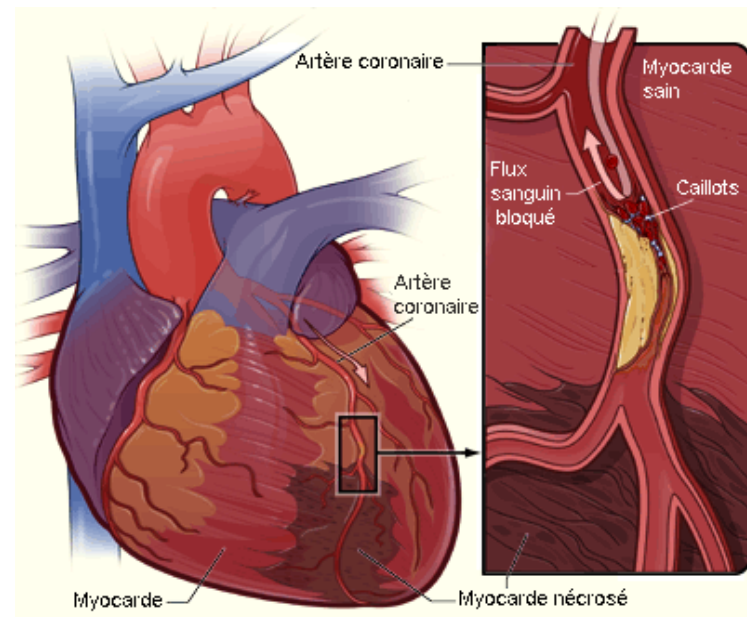


FIG. 2.4 – Illustration d'un cœur présentant une zone nécrosée due à l'obstruction complète d'une branche d'artère coronaire. A droite, la figure montre une coupe de l'artère coronaire avec une plaque d'athérome et des caillots. (Source : National Heart Lung and Blood Institute.gov)

L'infarctus du myocarde est une affection grave. Elle implique une prise en charge urgente en milieu hospitalier spécialisé avec un traitement bien codifié. Le but du traitement est de faciliter l'irrigation sanguine du muscle cardiaque. Le concept de viabilité tissulaire a été introduit afin de traduire l'état fonctionnel des tissus et leur potentiel à recouvrer une fonction normale. Le traitement de l'infarctus est d'abord médicamenteux, puis en cas d'échec, il est pratiqué deux sortes de technique de revascularisation : l'angioplastie et le pontage. L'angioplastie consiste à déboucher l'artère malade par endoscopie. Une angioscopie peut être de type simple avec ballonnet ou avec mise en place d'un ressort (stent). Dans environ 50% des cas, l'artère qui a été dilatée par le ballonnet se rebouche, dans un délai moyen de 6 mois tandis qu'avec la pose d'un stent le résultat à court, moyen et long terme est très bon, le malade n'ayant plus de symptôme d'angine de poitrine. Le pontage est par contre un geste invasif et risqué dont il est important de déterminer les bénéfices a priori. En effet, le pontage consiste à mettre en place un morceau de vaisseau sanguin sain pour apporter du sang en aval de la zone bouchée de l'artère coronaire malade. Ce traitement nécessite donc une intervention chirurgicale avec ouverture de la cage thoracique. Pour observer de manière non invasive l'état fonctionnel des tissus avant et après traitement on fait appel aux techniques d'imagerie médicale. Le chapitre suivant présente les principales modalités utilisées en imagerie cardiaque.

Chapitre 3

Les modalités d'imagerie cardiaque

L'imagerie cardiaque joue un rôle fondamental dans le diagnostic, les soins et la thérapeutique. Dans ce chapitre, nous présentons d'abord les plans d'exploration cardiaque couramment utilisés, puis les propriétés des séquences étudiées dans cette thèse, c'est à dire le ciné IRM.

3.1 Les plans de coupe

Le cœur n'est pas orienté dans l'axe du corps. Il est orienté suivant un axe oblique en avant, en bas et à gauche. Suivant le type de modalité d'imagerie, il est possible d'acquérir des coupes suivant les 3 principaux plans de l'anatomie des vertébrés (sagittal, axial, coronal) et/ou suivant des plans spécifiques adaptés à l'anatomie cardiaque. La Société Américaine de Cardiologie (AHA) [15] a défini cet ensemble de plans de coupe spécifique du cœur : ils consistent en un système de plans, deux à deux orthogonaux (Figure 3.1), formés de :

- un plan petit-axe,
- un plan grand-axe horizontal (également appelé 4 cavités),
- un plan grand axe vertical (2 cavités)

Le Plan Petit Axe est essentiel car il sert de socle à la quantification de la fonction VG. De multiples coupes repérées selon cette obliquité complexe seront

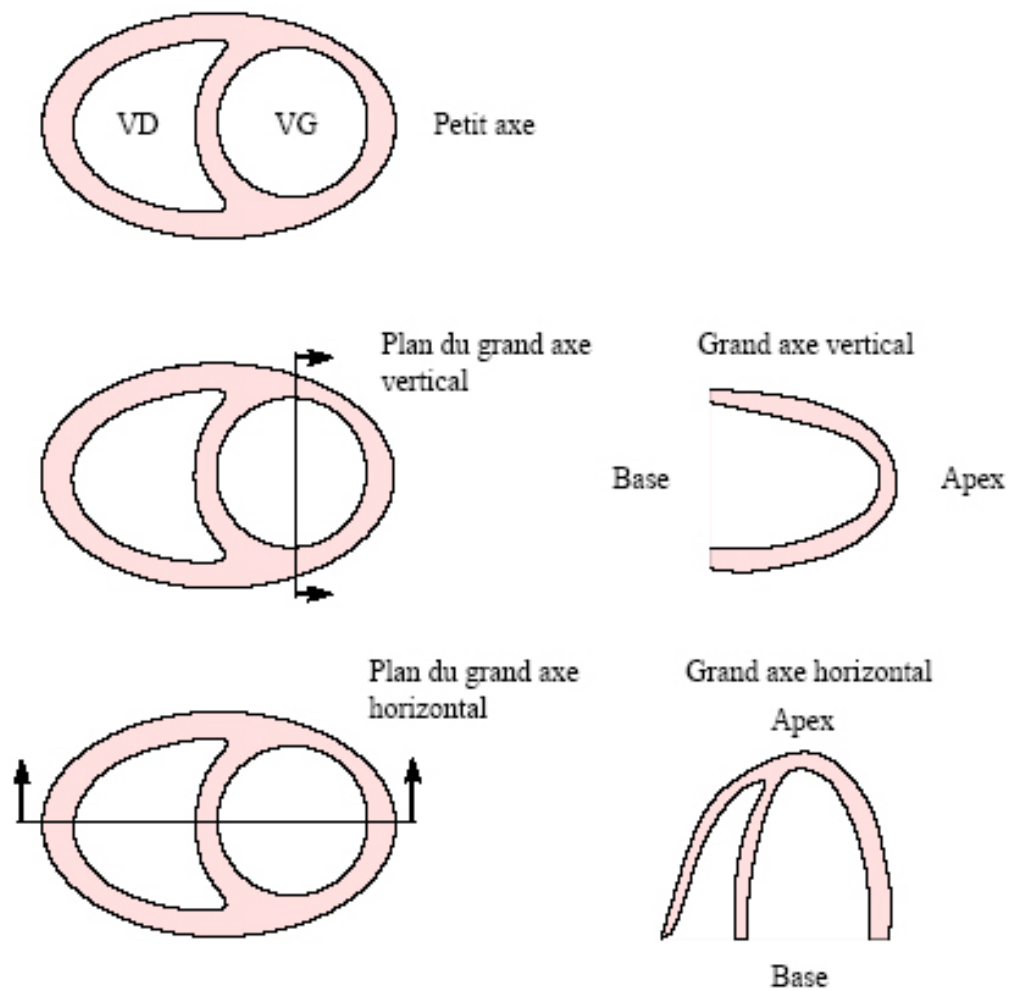


FIG. 3.1 – Définition des plans de coupe petit axe et grand axe.

répétées depuis le plan valvulaire mitral jusqu'à l'apex du VG. Les séquences obtenues serviront à la mesure de l'épaisseur télésystolique et télédiastolique de la paroi latérale du VG et du septum, à celle des volumes télésystolique et télédiastolique du VG, à la mesure de la masse du VG ainsi qu'à l'appréciation de la fraction d'éjection. Le plan grand-axe horizontal passe par les 4 cavités principales du cœur. Le plan grand axe vertical est sagittal oblique suivant l'orientation du septum inter ventriculaire. Il permet la visualisation d'arrière en avant de l'OG, de la valve mitrale et du VG. Les coupes grand-axe permettent également d'apprécier le mouvement de contraction longitudinale. Contrairement aux coupes petit-axe qui présentent un mouvement apparent composé du mouvement de contraction longitudinale et du mouvement de contraction radial du myocarde.

La figure 3.2 illustre le mouvement apparent sur les coupes petit-axe.

3.2 Le Ciné-IRM cardiaque

L'imagerie par Résonance Magnétique apparaît comme la modalité non invasive de référence pour l'estimation globale et locale de la fonction contractile du myocarde. Elle permet l'étude de la cinématique du cœur en cas d'échec de l'échographie chez les patients peu échogènes. C'est un examen non invasif fournissant des données de résolutions spatiales et temporelles élevées, sous n'importe quelle incidence. Il existe plusieurs types d'image cardiaque en IRM. Cependant, nous nous focalisons uniquement sur le ciné-IRM. L'annexe C regroupe tout de même une description assez détaillée des autres types d'imagerie IRM cardiaque. Les bases physiques et les différentes séquences d'acquisition en IRM y sont également présentées.

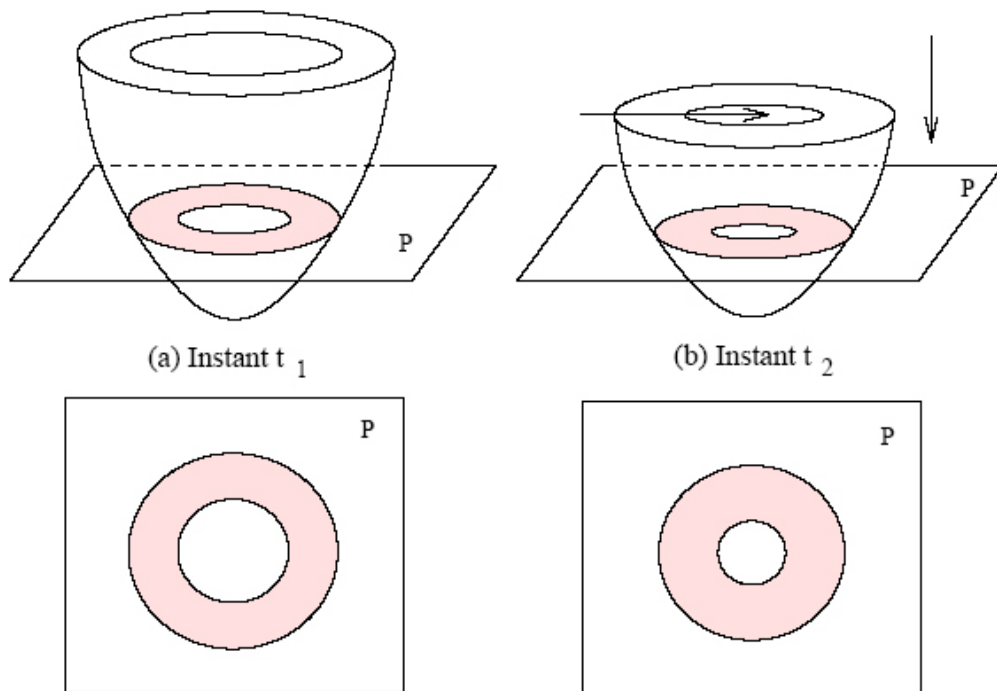


FIG. 3.2 – Le mouvement apparent : le mouvement de contraction à l'instant t_2 observé dans le plan P résulte non seulement de la contraction radiale du VG mais aussi de sa contraction longitudinale.

3.3 Domaine d'application du Ciné-IRM

L'IRM anatomique (ciné-IRM) permet d'avoir accès à des informations sur la cinématique des parois endo-et épicaudiques.

La séquence de sang noir de base est la séquence d'Echo de Spin synchronisée à l'onde R de l'électrocardiogramme (ECG). Le signal obtenu ne contient pas de contribution d'écoulements fluides ; ainsi le sang apparaît noir. Les séquences de sang noir utilisent une double inversion de recouvrement appliquée avant la séquence FSE proprement dite, qui permet d'annuler le signal du sang. Si ces séquences permettent d'obtenir un très bon contraste entre myocarde et cavités, elles n'autorisent toutefois qu'une étude statique des structures myocardiques. Elles sont utilisées pour l'étude des valves aortiques, la caractérisation des masses cardiaques, le diagnostic de dysplasie ventriculaire droite arythmogène [16].

Les séquences de sang blanc sont dérivées de la séquence d'Echo de Gradient. Synchronisée à l'ECG, elles autorisent une visualisation dynamique (Ciné-IRM), et permettent ainsi d'apprécier le fonctionnement dynamique du cœur sur un cycle cardiaque complet. C'est sur ce type d'images que nous travaillons. Nous décrivons dans les parties suivantes les problèmes liés à leur acquisition ainsi que leurs caractéristiques.

3.4 Les problèmes d'acquisition des images

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 [17]. 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 artéfacts 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 réduire 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 Tesla, 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.

3.5 Protocole d'acquisition des séquences ciné-IRM étudiées

Les séquences d'images ciné-IRM étudiées dans cette thèse ont été fournies par le Département d'Imagerie de l'Hôpital Henri Mondor à Créteil. Nous disposons d'une base de données composée de 16 séquences. La population étudiée comprend 5 sujets sains, 3 cas d'infarctus inférieur, 3 cas d'infarctus latéral et 5 cas d'infarctus antérieur. Les séquences sont représentées en annexe A. Ces images ont été acquises au niveau de la base avec un imageur Symphony 1,5 Tesla de Siemens (Erlangen-Germany), en utilisant la technique connue sous le nom commercial True FISP. Ces séquences sont de type écho de gradient balancé ou balanced SSFP (Steady State Free Precession). Elles ont une pondération mixte $T2/T1$: l'eau et la graisse sont en hypersignal. La graisse épigastrique

n'est pas éliminée dans ces séquences. En imagerie cardiaque elles permettent d'obtenir un bon rapport de signal entre le sang (blanc) et le myocarde (sombre). Les artefacts de flux existent mais sont peu importants. Le chapitre suivant présente un état de l'art des méthodes permettant l'estimation des déformations myocardiques.

Nous regroupons dans le tableau 3.1 les principales caractéristiques de ces images.

| | |
|---|----------------|
| Champ magnétique | 1,5 Tesla |
| Temps de répétition TR | 3.1 ms |
| Temps d'écho TE | 2.1 ms |
| Résolution temporelle | 40 à 90 ms |
| Durée de l'apnée (selon la fréquence cardiaque) | 6 à 8 s |
| Epaisseur de la coupe | 6 mm |
| Résolution de l'image | 256x160 pixels |

TAB. 3.1 – Caractéristiques des séquences ciné-IRM.

Chapitre 4

Etat de l'art

Une somme considérable de travaux en imagerie et en traitement d'images a été consacrée à l'estimation et à la caractérisation du mouvement du cœur à partir de séquences d'images médicales. Dans la mesure où il représente la cavité principale du cœur, la plupart de ces études se sont particulièrement intéressées au VG. Dans ce chapitre, nous présenterons les principales approches utilisées en IRM et les approches de validation invasives.

4.1 Les méthodes invasives

La quantification du mouvement cardiaque a d'abord été réalisée avec des méthodes invasives. Des chaînes de marqueurs radio-opaques [18, 19] ont été implantées chirurgicalement sur des animaux et observées en angiocardio-graphie. Une autre méthode repose sur l'utilisation des sonomicromètres [20, 21]. La sonomicrométrie consiste à mesurer le temps de propagation d'une impulsion ultrasonore entre plusieurs cristaux piézo-électriques implantés dans le myocarde. Ces cristaux jouent à la fois le rôle d'émetteur et récepteur. Cette technique permet de mesurer l'épaississement radial, les diamètres du VG, la distance base-apex et l'allongement segmentaire en multipliant le temps de propagation du son par sa vitesse dans le tissu biologique (1540 m/s).

Bien que les mesures obtenues avec les méthodes invasives soient précises, elles ne fournissent que des informations éparses des déformations à cause de la difficulté de l'implantation des capteurs. Une telle approche ne permet l'étude que d'un nombre restreint de sites. D'autre part, les incisions pratiquées sur le ventricule sont supposées altérer la fonction contractile et la perfusion myocardique. Ainsi, ces techniques sont plutôt pratiquées sur des animaux dans le cadre de la validation clinique d'une nouvelle approche de mesure.

4.2 Analyse des séquences Ciné-IRM

L'analyse des séquences anatomiques IRM (ciné IRM) a fait l'objet de nombreuses études afin d'extraire des paramètres globaux du cœur comme les volumes cavitaires, la fraction d'éjection et des paramètres régionaux comme l'épaississement segmentaire pariétal. Ces études consistent généralement à analyser la déformation au cours du cycle des contours des cavités cardiaques.

Pour l'estimation des déformations locales, les démarches utilisées comprennent généralement 4 étapes de traitement.

Premièrement, on extrait les contours endocardiques et/ou épicaudiques. Dans [22] on décrit une méthode de segmentation fondée sur la connaissance a priori de la forme du VG et la prise en compte des contraintes introduites interactivement par l'utilisateur. Il existe également des approches utilisant des images IRM et SPECT pour créer un modèle biomécanique pour segmenter le myocarde entier (VG et VD) [23]. Deuxièmement, on définit des paramètres permettant la caractérisation des contours obtenus. Il s'agit en principe de la courbure locale principale ou gaussienne [24]. La troisième étape consiste à apparier un échantillon de points ou segments des contours à deux instants consécutifs par minimisation d'une métrique paramétrée par les courbures. La

métrique peut être une grandeur bidimensionnelle [25, 26, 27] ou tridimensionnelle [14], il s'agit donc d'une méthode géométrique de mise en correspondance surfacique. Enfin, la dernière étape intègre les vitesses des contours par interpolation ou à l'aide d'un modèle biomécanique afin d'évaluer le champ de déplacement transmural [28, 29]. Les équations qui en découlent sont généralement résolues par la méthode des éléments finis.

Les approches que l'on voit apparaître actuellement reposent de plus en plus sur des modèles anatomiques a priori. [30] propose par exemple une méthode exploitant la connaissance a priori de l'orientation des fibres musculaires.

Dans sa thèse, Schaerer [31] dresse un aperçu des récentes méthodes pour la segmentation d'IRM cardiaques, en insistant tout particulièrement sur les méthodes basées sur un apprentissage. Ces approches cherchent à créer des modèles automatiquement à partir d'un certain nombre d'exemples. L'apprentissage 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.

Mitchell et al. [32] ont proposé un modèle d'apparence active 3D (en anglais Active Appearance Model, ou AAM), directement inspiré des travaux de Cootes et al. [33], 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. [34] 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 [35], 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. [36] 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 active, 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. [37] 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. [36].

Zhou et al. [38] 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 [39]. Le modèle dynamique utilisé est un simple modèle d'ordre zéro, qui semble suffisant d'après les auteurs pour l'application considérée.

D'autre part, il existe des approches d'estimation des déformation du VG utilisant la représentation paramétrique des images [40]. Les représentations paramétriques renferment des informations sur le décalage temporel et l'his-

torique du mouvement de la paroi ventriculaire pendant la phase systolique.

Enfin, une approche de segmentation assez proche de celle utilisée dans cette thèse a été proposée Berbari et al. [41]. Les auteurs effectuent un filtrage visant à supprimer les muscles papillaires avant de développer à l'intérieur de la cavité ventriculaire un contour actif qui viendra segmenter successivement l'endocarde et l'épicarde. Comparée à une segmentation manuelle, la méthode donne un bon résultat.

4.3 Analyse des séquences IRM marquées

Nous présentons également un état de l'art sur les méthodes d'analyse des IRM taggées car notre méthode d'estimation des déformations sera comparée avec la méthode HARP.

De par son caractère non invasif et sa résolution spatio-temporelle élevée, l'IRM de marquage offre un contexte unique pour l'étude quantitative de la fonction contractile du myocarde. L'enjeu méthodologique sous-jacent réside donc dans le développement de techniques robustes, fiables et reproductibles d'estimation du mouvement non rigide dans des séquences d'images issues de cette modalité, autorisant une caractérisation quantitative des déformations du myocarde au cours d'un cycle cardiaque, et en particulier pendant la systole (Figure 4.1).

D'une manière générale, les méthodes d'estimation des déformations sont tributaires :

- de la technologie de marquage tissulaire : la plupart des méthodes proposées à ce jour exploitent des données de marquage tissulaire avec perte de contraste (SPAMM, DANTE). Cette désaimantation inhérente des tags est souvent intégrée dans les modèles. A contrario, les méthodes traitant des images obtenues sans perte de contraste (CSPAMM) sont encore peu nombreuses [42, 43, 44, 45].

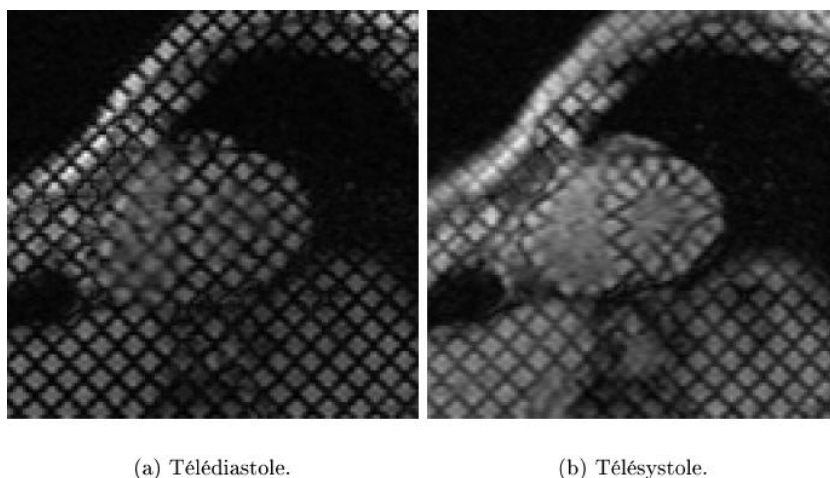


FIG. 4.1 – Coupe petit-axe d'une séquence IRM de marquage illustrant les déformations systoliques.

- du motif du marquage : il peut être constitué d'un ensemble de lignes parallèles, d'une grille rectangulaire, ou plus rarement d'une grille polaire à géométrie radiale.
- la nature des coupes acquises : si certaines méthodes n'utilisent que des images petit axe, d'autres exploitent également des images grand axe, permettant ainsi l'estimation de déplacements 3D. L'association de deux séquences, petit axe marquées orthogonalement et d'une séquence grand axe est fréquente (Figure 4.2) : chaque plan de tag fournit des informations sur le mouvement perpendiculaire à son orientation.

En fonction des caractéristiques d'acquisition, des méthodologies choisies et des applications, les approches proposées dans la littérature estiment des déformations spatio-temporelles différentes :

- au niveau spatial, certaines permettent d'estimer les déformations à la fois sur le VG et le VD [46, 47, 48], alors que d'autres sont totalement dédiées au VG. La dimension du champ de déplacement estimé (2D ou 3D) est également variable, principalement en fonction des coupes acquises ;

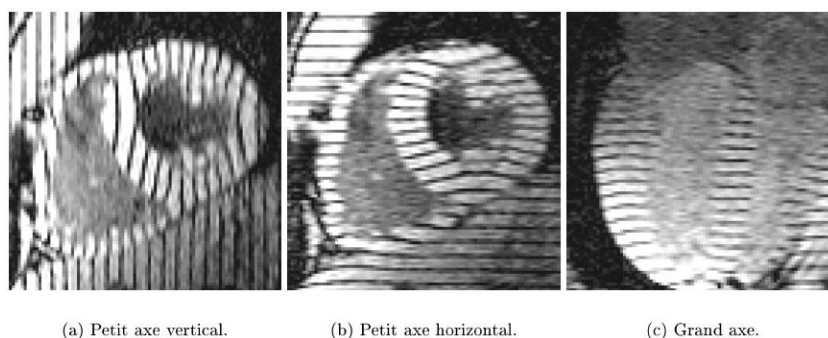


FIG. 4.2 – Deux séquences petit axe marquées orthogonalement et une séquence grand axe (Source : Departement of Biomedical Engineering, Johns Hopkins University, Baltimore, MA).

- au niveau temporel, certaines permettent d'estimer un champ de déplacement entre deux images arbitraires de la séquence (par exemple entre les images en télédiastole et télésystole). D'autres sont restreintes à des mesures de déplacement entre deux images consécutives. Enfin, selon les applications et la technologie d'acquisition considérée, le champ de déplacement est estimé sur un cycle cardiaque complet ou seulement pendant la systole.

Si de nombreuses synthèses bibliographiques relatives à la modélisation et l'analyse de la fonction pariétale sont disponibles [49, 50, 51], il n'existe qu'un seul état de l'art concernant les différentes méthodes d'estimation de mouvement du VG en IRM de marquage [52]. Ces approches se structurent en trois familles : (1) les techniques de flot optique, (ii) les méthodes opérant une segmentation des tags suivie d'une interpolation dense du champ des déplacements, (iii) les approches par analyse de la phase des images harmoniques.

4.3.1 Approches par flot optique

Le flot optique est la mesure du déplacement d'un pixel entre deux images. L'estimation de ce champ en tout point d'une image constitue un problème

inverse mal posé, dont la résolution a motivé de nombreux développements [53, 54, 55]. Nous restreignons ici notre propos aux seules approches formulées dans le contexte de l'IRM de marquage. La mesure du flot repose sur une hypothèse de stationnarité locale du signal d'intensité ψ au cours de la séquence. Au premier ordre, elle fait intervenir la dérivée particulaire de ψ par rapport à la variable d'évolution t :

$$\frac{d}{dt}\psi(\mathbf{x}(t), t) = \frac{\partial\psi}{\partial t} + \mathbf{v}^T \nabla\psi \quad (4.1)$$

où $\mathbf{v} = \mathbf{x}_t$ représente le flot optique. L'équation du flot optique standard (FO) est alors

$$\frac{\partial\psi}{\partial t} + \mathbf{v}^T \nabla\psi = 0 \quad (4.2)$$

Dans le contexte de l'IRM de marquage, cette équation est manifestement invalide en cas de désaimantation des tags, qui induit une dérive temporelle du contraste. Prince et McVeigh [56] définissent une équation du flot optique modifiée qui prend en compte la désaimantation en T1 des tags. En notant

$$\tilde{\psi}(\mathbf{x}(t), t) = \frac{\partial}{\partial t}\psi(\mathbf{x}(t), t) - \frac{d}{dt}\psi(\mathbf{x}(t), t) \quad (4.3)$$

L'équation 4.2 se réécrit sous la forme :

$$\tilde{\psi}(\mathbf{x}(t), t) + \mathbf{v}^T \nabla\psi = 0 \quad (4.4)$$

Dans cette nouvelle approche, appelée flot optique à intensité variable (Variable Optical Flow (VBOF)), les variations $\tilde{\psi}$ de l'intensité de l'image au cours de la séquence sont modélisées en prenant en compte les paramètres du processus d'imagerie (Eq C.7) : le temps d'écho TE , le temps de répétition TR , la densité de protons D_0 , le temps de relaxation longitudinal $T1$ et le temps de relaxation transversal $T2$. Si les résultats sont meilleurs qu'avec le flot optique standard pour les premières images d'une séquence, l'approche par VBOF est limitée par la nécessité de connaître les paramètres D_0 , $T1$ et $T2$, par sa

sensibilité aux paramètres RM et par l'accumulation des erreurs d'estimation au cours du temps qui rend son utilisation impossible sur de longues séquences.

Dans le but d'améliorer la précision de l'estimation et de réduire sa dépendance vis-à-vis des paramètres RM, Gupta a mis en œuvre le flot optique de Gennert et Negahdaripour qui modélise la variation locale d'intensité par une transformation linéaire de paramètres $m(\mathbf{x}, t)$ et $c(\mathbf{x}, t)$ [57]

$$\frac{d}{dt}\psi(\mathbf{x}(t), t) = m(\mathbf{x}, t)\psi(\mathbf{x}, t) + c(\mathbf{x}, t) \quad (4.5)$$

Cette expression est injectée dans l'équation de contrainte 4.2. Le flot v et les paramètres $m(\mathbf{x}, t)$ et $c(\mathbf{x}, t)$ sont estimés par régularisation dans un cadre variationnel. Le choix empirique des paramètres de régularisation se révélant délicat, les auteurs proposent d'utiliser la formulation de l'intensité de l'image marquée (C.7) pour exprimer les paramètres $m(\mathbf{x}, t)$ et $c(\mathbf{x}, t)$. Comme dans la formulation du VBOF, ceux-ci dépendent alors des paramètres d'acquisition :

$$m_t(\mathbf{x}, t) = -1/T1 \quad (4.6)$$

$$c_t(\mathbf{x}, t) = \frac{1}{T1} D_0(\mathbf{x}) e^{\frac{-TE}{T2(\mathbf{x})}} [1 - \cos(\phi(\mathbf{x}))] e^{\frac{-TR}{T1(\mathbf{x})}} \quad (4.7)$$

Gupta propose de n'utiliser que l'expression de $m(\mathbf{x}, t)$ et d'estimer $c(\mathbf{x}, t)$ et v avec l'approche variationnelle précédente. Il montre alors que l'algorithme est robuste vis-à-vis des erreurs sur $T1$. Dans [58], le caractère mal-posé du problème d'estimation du flot optique est résolu en supposant classiquement que la vitesse est constante au voisinage de chaque pixel. Mathématiquement, cette hypothèse implique l'annulation de la dérivée particulaire du gradient de l'image, conduisant à la contrainte du deuxième ordre : $\frac{d}{dt}\nabla\psi = 0$.

En associant cette contrainte à l'équation du flot optique 4.2, on obtient le modèle de flot optique à contraintes multiples (MCOF), décrit par le système surdéterminé suivant :

$$\begin{pmatrix} \nabla\psi^T \\ \nabla\psi_x^T \\ \nabla\psi_y^T \end{pmatrix} \mathbf{v} + \begin{pmatrix} \psi_t \\ \psi_{xt} \\ \psi_{yt} \end{pmatrix} = 0 \quad (4.8)$$

L'originalité de l'approche est d'appliquer la contrainte (4.8) à des images harmoniques extraites du spectre de l'image marquée par SPAMM 2D. Cette méthode, dénommée Bandpass Optical Flow (BPOF), possède de nombreux avantages : elle est non-itérative et évite de recourir à une régularisation explicite susceptible d'entraîner des artefacts de lissage au voisinage des contours. Cette méthode n'a cependant pas été validée sur des images réelles.

Denney et Prince [59] cherchent à identifier, dans un espace paramétrique, une fonction d'intensité permettant d'optimiser les résultats du SOF. A partir d'une formulation stochastique du SOF, ils construisent une mesure de performance du flot optique, fonction de la covariance de l'erreur sur le champ estimé. La fonction d'intensité optimale est celle qui minimise cette mesure de performance. Cette approche possède des temps de calcul prohibitifs pour une utilisation clinique ; en outre, elle dépend du choix a priori d'une classe de fonctions paramétriques particulières.

Dougherty et al. [60] proposent une technique hiérarchique d'estimation du flot optique. Chaque image $\psi(t)$ de la séquence est décomposée dans une pyramide gaussienne ($\psi_k(t)$). Une pyramide laplacienne est ensuite construite à partir des différences $\mathbf{L}_k(t)$, filtrées par un laplacien, entre les images d'un niveau de résolution $\psi_k(t)$ et celles interpolées du niveau précédent $\psi_{k-1}^\uparrow(t)$. On minimise ensuite classiquement, à chaque niveau de résolution, l'erreur quadratique entre deux images consécutives $\mathbf{L}_k(t)$ et $\mathbf{L}_k(t+1)$ par une méthode de Gauss-Newton. Le champ de déplacement estimé à chaque niveau de résolution sert d'initialisation pour le niveau suivant. Cette méthode permet de réduire légèrement l'erreur d'estimation par rapport à une méthode n'utilisant pas de prétraitement, notamment pour les images en fin de séquence, pour lesquelles

le contraste tags /tissu est presque nul.

Toutes ces méthodes permettent l'obtention d'un champ de déformation dense tant sur le VG que sur le VD. Cependant, certains algorithmes nécessitent une connaissance *a priori* des caractéristiques des tissus, ce qui peut être source d'erreurs. D'autre part, de par son caractère local, le flot optique n'est généralement pas adapté au traitement des grandes déformations, telles que celles qui se produisent pendant la systole. La déformation totale doit être synthétisée en additionnant les déformations successives entre chaque paire d'images, avec les risques d'accumulation d'erreurs associés.

4.3.2 Approches par segmentation des tags et reconstruction du champ de déplacement

Cette classe d'approches regroupe la majorité des méthodes d'estimation de mouvement du VG. La plupart d'entre elles requiert une segmentation préalable de l'endocarde et de l'épicarde afin de ne prendre en compte que les tags inclus dans le myocarde. Elles se décomposent en deux étapes :

- la segmentation et le suivi des tags
- l'obtention d'un champ de déplacement dense par modélisation paramétrique ou stochastique.

Segmentation des contours du myocarde

Cette étape, nécessaire pour délimiter la région d'intérêt, est délicate : la région entourant l'épicarde est mal définie en raison de la présence du VD, et la stagnation du sang dans la cavité ventriculaire en fin de systole rend difficile la détection de l'endocarde. Dans de nombreux cas, la segmentation est effectuée manuellement et nécessite un travail fastidieux et non reproductible [61, 62]. Une méthode de segmentation semi-automatique, développée par Guttman et al. et intégrée au logiciel Findtags [63, 64] est largement utilisée. La détection des contours du myocarde est effectuée par suppression des tags aux

moyens d'une fermeture morphologique suivie d'un filtrage de Sobel. Une estimation optimale des frontières est ensuite obtenue en minimisant une fonction non-linéaire combinant plusieurs fonctions de coût locales. Malgré de bonnes performances, cet algorithme peut avoir un comportement aberrant en certains points et une correction interactive est souvent nécessaire sur l'épicarde, et plus occasionnellement sur l'endocarde. Deux méthodes, l'une fondée sur une variante des contours actifs [65], l'autre utilisant une règle de décision au sens du maximum a posteriori permettant de valider si un point appartient au myocarde [66], permettent de s'affranchir de cette étape de segmentation de l'endocarde et de l'épicarde. L'étape suivante de segmentation des tags est alors automatiquement limitée au muscle myocardique.

Segmentation et suivi des tags

Ajustement d'un modèle densitométrique de tag Le profil densitométrique d'une ligne de tag peut être modélisé par une gaussienne [67] (Figure 4.3). La position des tags est estimée par ajustement de ce modèle sur les données par des méthodes de moindres carrés [64] ou par estimation au sens du maximum de vraisemblance [66].

Segmentation par contours actifs Les contours actifs (snakes) [68, 69] sont largement utilisés pour segmenter les tags [70, 61, 65, 62, 71, 72, 51, 73]. Dans la formulation initiale de Kass et al., le snake est une courbe (ici ouverte) se déformant en minimisant itérativement une fonctionnelle comprenant un terme de régularisation de type membrane-plaque mince et un terme d'adéquation aux données. Cette formulation peut être adaptée aux problèmes posés par la segmentation des tags. Le terme d'adéquation aux données est généralement proportionnel à l'intensité de l'image ; ainsi le minimiser revient à chercher les zones sombres, i.e. les lignes de tags. La plupart des auteurs prévoient une énergie d'interaction (en $1/x^2$) avec l'utilisateur pour le traitement des points aberrants. La segmentation préalable des contours du VG permet d'ignorer

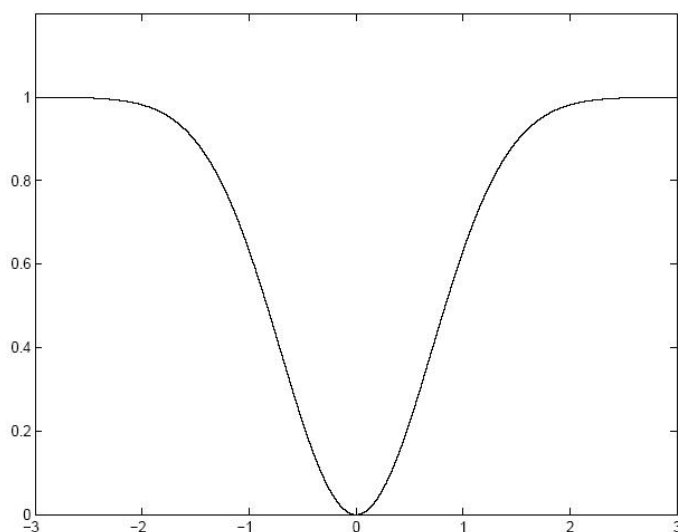


FIG. 4.3 – Modèle densitométrique gaussien d'une ligne de tag

les pixels hors du myocarde. Les variantes comprennent l'approche d'Amini et al. [72, 74, 51, 75] qui utilisent une représentation paramétrique du contour par B-splines, dont les propriétés fortement régularisantes permettent de s'affranchir de l'énergie interne. Radera et al. [71] définissent un modèle volumétrique de B-solide via un produit tensoriel 3D de B-splines dont chaque surface isoparamétrique correspond à un plan d'acquisition ou à un plan de tag. Ce modèle permet un suivi simultané des lignes de tags à différents niveaux de coupes. L'adjonction d'une dimension temporelle à cette représentation [73] permet de connaître les déformations du LV et leurs variations à chaque instant. Les limitations de ces approches concernent (i) le traitement des grandes déformations, en raison des minima locaux de l'énergie totale, et (ii) la détermination des hyperparamètres (coefficients d'élasticité, paramètres de régularisation).

Modélisation paramétrique du champ de déplacement L'estimation du mouvement du VG à partir de tags 1D nécessite de résoudre un problème d'ouverture (Figure 4.4). Considérer l'intersection des lignes de tags 2D dans

des images petit axe permettrait de reconstruire cette correspondance avec une résolution grossière, s'il n'y avait le mouvement du cœur orthogonal au plan d'acquisition de l'image. La prise en compte de ce mouvement, si elle n'est pas intégrée au protocole d'imagerie (technique du suivi de coupe en CSPAMM), nécessite un traitement spécifique.

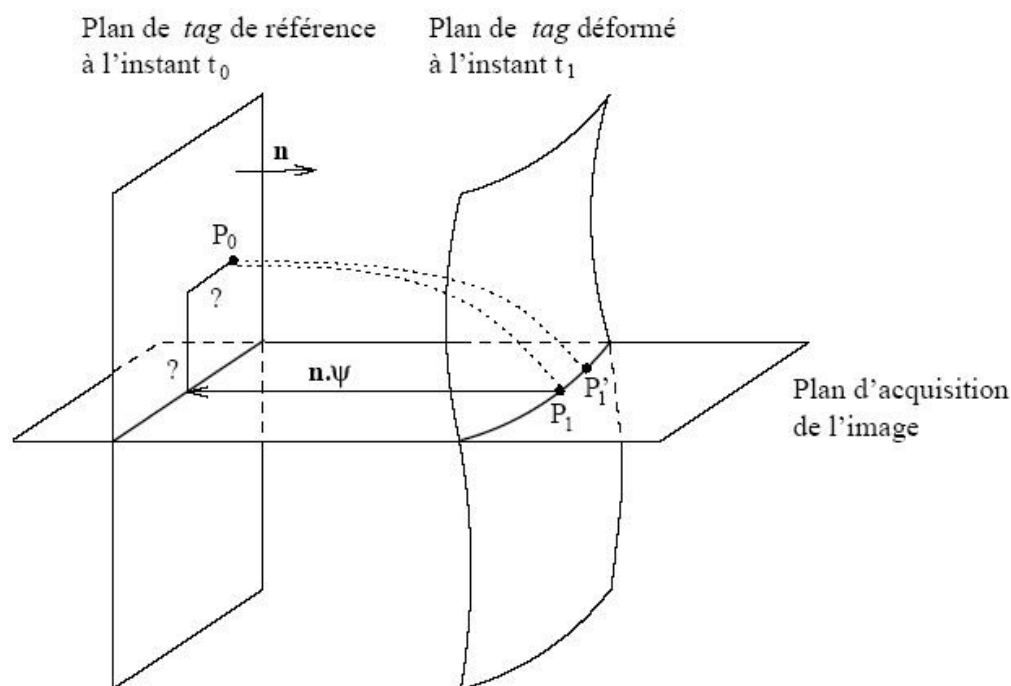


FIG. 4.4 – L'approche inverse : le correspondant du point P_0 à t_1 (P_1 ou P'_1) ne peut être connu ; seule la composante perpendiculaire de *tag* non déformée $n \cdot \psi$ peut être estimée.

Aussi la plupart des méthodes sont-elles fondées sur une estimation du champ de déplacement opposé au champ réel : la trajectoire estimée est celle du point du plan déformé vers le plan non déformé, ce qui permet de calculer la composante du champ dans la direction perpendiculaire aux lignes de tags. Ce calcul, réalisé sur deux séquences petit axe marquées orthogonalement et une séquence grand axe dont les tags sont perpendiculaires au grand axe du

cœur, permet de retrouver le champ de déplacement en 3D. L'inconvénient de ces approches réside dans la nécessité d'acquisitions multiples et surtout dans l'impossibilité d'estimer un champ entre deux images présentant des lignes de tags déformées [76, 77, 78].

L'utilisation d'un système de coordonnées adapté à la géométrie du VG permet de simplifier les calculs, de décrire avec un minimum de paramètres les mouvements du cœur et de faciliter l'extraction des paramètres d'intérêt. Deux représentations ont été proposées : (i) le système de coordonnées ellipsoïdales (prolate spheroidal) [62, 79], dont les surfaces à coordonnées constantes sont respectivement des ellipses, des hyperboles et des plans, et (ii) le système de coordonnées planisphériques, construit par Declerck et al. [80] à partir des systèmes de coordonnées sphériques et cylindriques. Dans ce système, la transformation peut être décrite aisément par trois mouvements élémentaires : un mouvement de contraction radiale, une rotation des points du myocarde, une élévation des points du VG dans l'axe apex-base [81]. D'autres méthodes utilisent le repère cartésien et peuvent donc s'appliquer également à l'étude des mouvements du VD [78, 77, 48]. A partir des mesures éparses obtenues sur les tags, l'obtention d'un champ de déplacement dense est effectuée par interpolation sur un espace de fonctions paramétriques. De nombreux choix sont possibles :

- une base d'éléments finis utilisant des fonctions d'interpolation choisies de manière heuristique [62],
- une série sinusoïdale spatio-temporelle [78],
- une série de Fourier spatiale [42] ;
- un développement en série en coordonnées ellipsoïdiques après recalage rigide préalable [79] ;
- un produit tensoriel de B-splines [76] ; [77].

La modélisation paramétrique du champ de déplacement conduit à une description compacte, plus facilement interprétable et permet un calcul analy-

tique des déformations.

Modélisation stochastique du champ de déplacement Denney et Prince [82] exploitent des informations a priori sur les mouvements du cœur, afin d'établir un modèle stochastique du champ de déplacement. Ils considèrent en outre que les mesures sont bruitées par un bruit blanc gaussien de variance σ_1 . Le modèle du champ de déplacement utilise deux hypothèses physiologiques :

- hypothèse de lissage : le cœur étant constitué de fibres musculaires, les déplacements de deux points spatialement proches sont similaires en amplitude et en direction. Ainsi, la différence des valeurs du champ de déplacement en deux pixels voisins est modélisée par un bruit blanc gaussien de variance σ_2 .
- hypothèse isochorique : le myocarde étant constitué principalement d'eau, il est approximativement incompressible. Cela se traduit en modélisant la somme des différences entre deux valeurs du champ de déplacement en deux pixels voisins par un bruit blanc gaussien de variance σ_3 .

Le champ de déplacement est calculé par un estimateur de Fisher à partir des trois hypothèses précédentes. Les performances en terme de précision dépendent du choix des paramètres des modèles (variances σ_i), choisis de manière empirique, ainsi que de la segmentation des contours et des tags. Le temps de calcul important limite l'utilisation clinique de cette méthode. Dans [83], cette approche est appliquée à des données obtenues par PC-IRM. Denney montre que l'incorporation de mesures de déplacement obtenues par IRM de marquage permet de réduire l'erreur par rapport à une estimation fondée sur les seules données PC-IRM.

4.3.3 Approche par analyse de la phase des images harmoniques

Application de la contrainte du flot optique à la phase Il peut être intéressant d'utiliser l'information d'orientation contenue localement dans la

phase d'une image. Celle-ci est en effet moins sensible que l'intensité aux variations locales de contraste [84], et en particulier à la désaimantation des tags. Le concept de flot optique appliqué à la phase [84, 53] repose sur la même hypothèse de stationnarité que le flot optique standard dérivé de l'intensité, i.e. la différence entre les phases de deux points analogues dans deux images d'une séquence est faible. Soient ϕ_1 et ϕ_2 les phases respectives des images ψ_1 et ψ_2 . Le déplacement \mathbf{u} en un point \mathbf{x} de l'image est alors [84] :

$$\mathbf{u}(\mathbf{x}) = \frac{[\phi_1 - \phi_2] 2\pi}{\omega(\mathbf{x})} \quad (4.9)$$

$\omega(\mathbf{x})$ étant une mesure de la fréquence au voisinage de \mathbf{x} et $[\cdot] 2\pi$ désignant une détermination angulaire sur un intervalle d'amplitude 2π .

La méthode HARP En théorie, une seule image suffit à estimer le champ de déplacement [85, 86, 87, 47, 88, 89]. Une image marquée par un réseau de tags ψ_{tag} peut se modéliser par :

$$\psi_{tag}(\mathbf{x}, t) = c(t)\psi_0(\mathbf{x})TAG(\mathbf{x}) \quad (4.10)$$

où ψ_0 représente l'image non marquée, TAG le motif de marquage (1D ou 2D), modélisé généralement par une fonction cosinus ou un peigne de Dirac, et $c(t)$ un coefficient d'atténuation temporelle des tags. Ainsi, l'image $\psi_{tag}^0 := \psi_{tag}(\cdot, 0)$ déformée par une transformation φ s'écrit :

$$\psi_{tag}^0 \circ \varphi(\mathbf{x}, t) = c(t)\psi_0(\varphi(\mathbf{x}))TAG(\varphi(\mathbf{x})) \quad (4.11)$$

L'opération de marquage entraîne une périodisation du spectre de l'image non marquée à la fréquence inverse de la période des tags et dans une direction orthogonale à celle des tags (Figure 4.5). L'image marquée se décompose ainsi en une somme d'images harmoniques ψ_k aux différentes fréquences ω_k chacune contenant des informations sur le mouvement dans une direction.

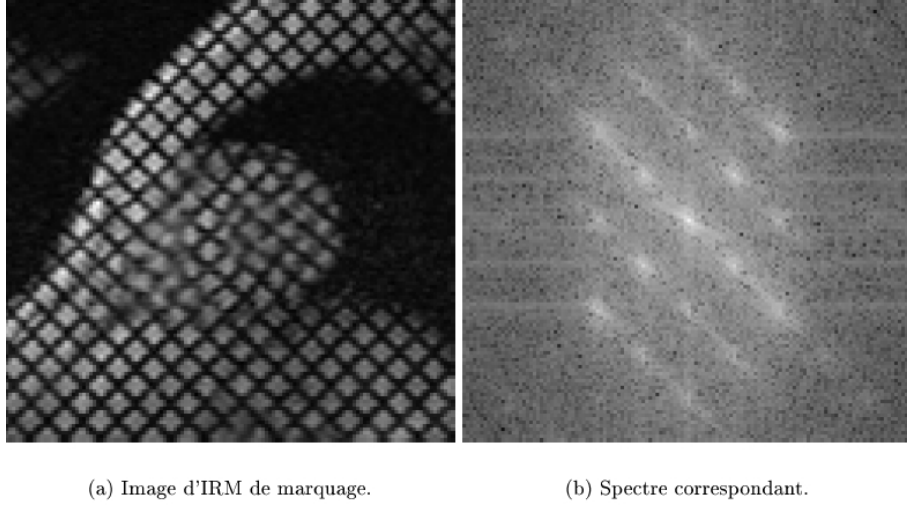


FIG. 4.5 – Image d'IRM de marquage et son spectre, sur lequel on peut observer la répétition d'un motif due à l'échantillonnage réalisé par les *tags*.

Une image harmonique à la fréquence ω_k est obtenue par filtrage passe-bande dans le plan de Fourier. La transformée de Fourier inverse ψ_k est une image complexe

$$\psi_k(\mathbf{x}, t) = c(t)\psi_0(\mathbf{x})e^{j\omega_k^T \mathbf{x}} \quad (4.12)$$

Sa phase ϕ_k est $\phi_k(\mathbf{x}) = \omega_k^T \mathbf{x}$. Pour une image déformée, on a :

$$\psi_{tag,k}^0(\varphi(\mathbf{x}), t) = c(t)\psi_0(\varphi(\mathbf{x}))e^{j\omega_k^T \varphi(\mathbf{x})} \quad (4.13)$$

Le champ de déplacement \mathbf{u} recherché est ainsi relié à la phase de l'image par

$$\omega_k^T \mathbf{u}(\mathbf{x}) = \phi_{tag,k}^0(\mathbf{x}) - \omega_k^T \mathbf{x} \quad (4.14)$$

Le raisonnement est appliqué à deux images harmoniques correspondant à deux fréquences de directions orthogonales afin d'obtenir les deux coordonnées du champ des déplacements. En pratique, cette méthode n'est pas appliquée

à une image unique avec une grille de tags mais à deux images ayant des motifs de marquage orthogonaux, acquises au même instant du cycle cardiaque. Notons également qu'une segmentation du myocarde peut être obtenue à partir de l'amplitude de l'image complexe. Cette approche, dénommée Harmonic Phase MRI (HARP), numériquement très performante [90], ne nécessite pas d'intervention manuelle et peut s'adapter aisément à l'analyse du mouvement du VD. Cependant, elle reste sensible aux artefacts et requiert une double acquisition des images marquées dans les deux directions. Les développements en cours concernent l'acquisition directe du spectre par le scanner et l'extension en 3D.

4.3.4 Estimation des déformations de la paroi libre du VD

La minceur des structures du VD et leurs géométries complexes rendent difficile l'étude des déformations de la paroi libre du VD [91]. Aussi, les travaux à ce sujet sont-ils peu fréquents dans la littérature. Les méthodes employées se différencient par la nature de la modélisation géométrique du VD. Celles ne modélisant pas le VD utilisent un simple marquage supervisé des points à l'intersection des tags [92, 93]. Le VD peut être modélisé par éléments finis [94, 95, 46] ou par des surfaces de type quadrique [96, 97, 98, 99, 100, 101].

4.3.5 Conclusion

Parmi les nombreuses méthodes permettant l'estimation des déformations myocardiques en IRM de marquage, il n'existe pas de technique de référence, chacune d'entre elles imposant un compromis entre résolution spatiale, robustesse aux artefacts, variations d'intensité, changements de topologie locale, prise en compte des grandes déformations, connaissance a priori des paramètres d'acquisition, précision d'interpolation et degré de supervision [76]. Le choix d'une méthode dépend de l'application ciblée. Enfin, la plupart de ces ap-

proches ne satisfont pas aux critères de viabilité clinique : fiabilité, robustesse, reproductibilité, absence de supervision et rapidité.

Par contraste, les techniques statistiques de recalage non rigide émergent comme des candidats potentiels de par leur propriétés remarquables : insensibles à la désaimantation des tags et ne nécessitant pas de segmentation préalable, elles peuvent estimer de manière fiable et non supervisée des déformations non rigides de grande amplitude. L'analyse des images IRM taggées a donné lieu à une vaste littérature. Pour de plus amples détails sur les approches existantes, on se reportera à [102].

Chapitre 5

Extraction et mise en correspondance des contours myocardiques

Ce chapitre présente notre contribution dans le cadre de la segmentation des contours du VG et de l'estimation de leur déplacement au cours d'un cycle cardiaque. La vitesse obtenue sera ensuite utilisée dans la phase d'estimation des vitesses intra-myocardiques présentée au chapitre 6. Pour extraire les contours myocardiques, la solution envisagée consiste à utiliser la méthode des ensembles de niveaux (Level Set Methods). Les contours obtenus sont ensuite recalés à l'aide d'une approche par primitives géométriques [103, 104] que nous avons améliorée et adaptée aux problèmes posés par les séquences IRM cardiaques.

5.1 Segmentation

La segmentation manuelle d'une séquence de plusieurs images est bien entendu irréalisable en routine clinique. Parmi les méthodes (semi-) automatiques d'extraction de contour existantes, la technique des ensembles de niveaux reste

l'une des plus intéressantes pour les raisons suivantes. D'abord, la qualité du résultat de cette méthode ne dépend pas de l'utilisateur. La solution obtenue est unique quelque soit la forme et l'emplacement du contour initial qui est généralement tracé à la main. Ensuite, la solution est toujours lisse. Les contours peuvent également se fusionner ou se séparer puisque la méthode est capable de gérer les changements topologiques. La méthode est facilement extensible en dimension quelconque $n > 2$. Enfin, les paramètres intrinsèques aux contours tels que la courbure locale ou la distance se calculent aisément avec le Level Set.

5.1.1 Méthode des ensembles de niveaux

Le modèle de segmentation utilisé est le modèle des ensembles de niveaux initialement proposé par Osher et Sethian [105] dans le contexte de la mécanique des fluides et étendu à la résolution des équations d'évolution des courbes fermées au travers de leur représentation implicite. Cette méthode de résolution est à la fois un outil performant et très intéressant d'un point de vue théorique. Les méthodes de segmentation fondées sur l'évolution de courbes ont été initiées par Kass, Witkin et Terzopoulos [68]. Reformulées et améliorées par plusieurs équipes : Malladi, Sethian et al. [106, 107], Caselles, Kimmel et Sapiro [108], ou encore par Kichenassamy et al. [109]. Il existe une importante bibliographie portant sur l'aspect théorique des équations aux dérivées partielles associées à l'évolution des courbes, aussi bien sur l'interprétation géométrique que sur l'existence et l'unicité de la solution [110, 111, 112].

Formulation mathématique

Le principe consiste à encoder l'interface ou l'hyper-surface par le passage par zéro d'une fonction implicite φ , dite fonction de distance. De ce fait, les coordonnées des points de l'hyper-surface vérifient la relation suivante :

$$\varphi(x(t), t) = 0 \tag{5.1}$$

L'équation d'évolution de φ est obtenue par dérivation totale par rapport au temps de l'Eq. (5.1) :

$$\varphi_t + \nabla(x(t), t) \cdot x'(t) = 0 \quad (5.2)$$

Où φ_t désigne la dérivée partielle par rapport au temps de φ .

Si l'on note par F la composante normale aux contours de la vitesse de l'hyper-surface, c'est à dire que $F = x'(t) \cdot n$, où $n = \frac{\nabla\varphi}{|\nabla\varphi|}$, l'Eq. (5.2) peut s'écrire comme suit :

$$\varphi_t + F \cdot |\nabla\varphi| = 0 \quad (5.3)$$

Modèles de vitesse d'expansion

L'expansion de l'hyper-surface est obtenue avec une vitesse négative $F = -|v_0|$, et inversement dans le cas d'une contraction.

En rajoutant la courbure locale de l'hyper-surface elle-même κ , à F on pourra plus ou moins lisser les contours détectés. En effet, la vitesse d'expansion s'accélère à l'endroit où l'hyper-surface présente une courbure positive.

$$F = -v_0 - \varepsilon\kappa \quad (5.4)$$

L'attachement aux données de l'image est obtenu en multipliant F par une fonction indicatrice de contours $g : [0, 255] \rightarrow [0, 1]$, telle que g , s'annule sur les contours recherchés, et varie entre 0 et 1 à l'intérieur de l'objet à segmenter. Dans notre cas, elle peut être modélisée par une fonction gaussienne centrée sur l'intensité moyenne des pixels contenus dans l'hypersurface initiale :

$$g(I(\vec{x})) = \exp\left(\frac{-(I(\vec{x}) - \bar{I}_{init})^2}{2 \cdot \beta^2}\right) \quad (5.5)$$

où le coefficient β est défini de manière que la fonction g tende vers 0 sur les contours :

$$\exp\left(\frac{-(\bar{I}_{myocarde} - \bar{I}_{init})^2}{2 \cdot \beta^2}\right) \rightarrow 0 \quad (5.6)$$

Une autre forme de la fonction g peut être également obtenue à partir de la norme du gradient de l'image préalablement lissée par une gaussienne centrée G :

$$g(I(\vec{x})) = \frac{1}{1 + |\nabla(G_\sigma * I)|^m} \quad (5.7)$$

où σ^2 représente la variance, et m est une constante choisie empiriquement.

Comme les Eq. (5.5) et (5.7) ne s'annulent pas totalement (elles tendent uniquement vers 0 sur les contours), on rajoute un terme de rappel nommé vitesse d'advection pour attirer l'hypersurface vers les zones de fort gradient. Si l'on écrit la vitesse d'advection sous la forme suivante :

$$F_{advection} = -\nabla g \cdot \frac{\nabla \varphi}{|\nabla \varphi|}$$

la vitesse d'expansion peut donc être réécrite comme suit :

$$F = -g \cdot (v_0 + \varepsilon \kappa) - \nabla g \cdot \frac{\nabla \varphi}{|\nabla \varphi|} \quad (5.8)$$

Résolution numérique

L'Eq. (5.3) est discrétisée en différences finies et se résout numériquement par un schéma itératif [107].

On crée l'hypersurface initiale en copiant sur toutes les images de la séquence un tracé réalisé manuellement sur l'image systolique. On définit ensuite la fonction Level Set initiale φ_0 comme la distance euclidienne par rapport à cette hypersurface initiale.

Pour accélérer l'implémentation du programme, il est indiqué d'utiliser la technique de la « bande étroite », en anglais *narrow band*, qui consiste à calculer la fonction Level Set uniquement dans le voisinage de l'hypersurface en évolution.

5.1.2 Mise en oeuvre

Dans le cas des séquences ciné-IRM traitées, nous avons procédé à l'élaboration d'un modèle adapté à la segmentation d'un pseudo-volume de données constitué par l'empilement 2D+t des images d'une même séquence cardiaque. L'axe temporel étant considéré de la même manière que les deux axes spatiaux, à la résolution près. On cherche ensuite à extraire les contours endocardiques en faisant évoluer une hypersurface fermée à l'intérieur de la cavité ventriculaire en suivant le modèle d'évolution définie par l'Eq. (5.3).

Nous utilisons le modèle de fonction d'arrêt Eq. (5.5) pour sa précision. En effet cette fonction tend plus rapidement vers 0 que le modèle de vitesse de l'Eq. (5.7). L'intensité moyenne \bar{I}_{init} de la fonction indicatrice de contours g est ensuite calculée sur les voxels contenus dans l'hypersurface initiale pour correspondre à l'intensité moyenne du sang. Ainsi définie, la vitesse d'expansion de l'hypersurface tend vers 0 lorsque l'intensité du voxel courant est différente de \bar{I}_{init} .

Il est évident que pour ne pas biaiser la valeur de \bar{I}_{init} , l'hypersurface initiale doit être placée de manière à ne contenir aucun voxel du myocarde (voir FIG. 5.2). Le tracé de la section de l'hypersurface se fait donc à l'image systolique où l'aire de la cavité ventriculaire est la plus faible.

Le coefficient β de l'Eq. (5.5) est évalué expérimentalement. Comme la largeur de la gaussienne varie proportionnellement en fonction de β , il suffit d'augmenter la valeur de cette dernière si l'hypersurface s'arrête avant les contours, et inversement dans le cas contraire. D'après nos expériences, $\beta=34$ donne un bon résultat pour la détection des contours endocardiques.

Une autre approche consiste à définir automatiquement la fonction d'arrêt d'après l'histogramme des intensités des voxels contenus dans l'hypersurface.

Cela est tout à fait faisable car l'histogramme des intensités correspondant à la cavité cardiaque peut être considérée comme une distribution normale comme l'illustre la FIG. 5.1.

Les coefficients d'aplatissement (kurtosis) et de dissymétrie (skewness) de la distribution des intensités l'affirment également car leurs valeurs sont respectivement très proches de 3 et 0. Par conséquent, la fonction g peut être obtenue en normalisant la densité de probabilité de l'intensité du sang entre l'intervalle $[0 \ 1]$. Ce modèle de vitesse est particulièrement indiqué si les échantillons de voxels contenus dans l'hypersurface initiale sont suffisamment nombreux, puisque g dépend alors de l'écart-type des intensités σ :

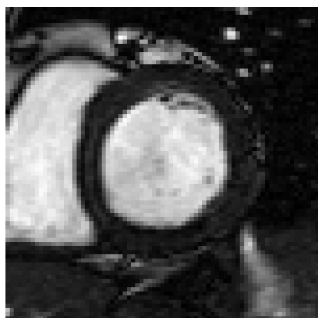
$$g(I(\vec{x})) = \frac{1}{\sigma^2 2\pi} \exp\left(-\frac{(I(\vec{x}) - \bar{I}_{init})^2}{2\sigma^2}\right) \quad (5.9)$$

La segmentation de l'épicarde est également réalisée avec la méthode des ensembles de niveaux. Une deuxième hypersurface est alors initialisée à l'intérieur du myocarde en élargissant d'environ 3 voxels les contours endocardiques détectés précédemment. Etant donné que la fonction Level Set φ^{epi} qui définit les contours de l'endocarde est une mesure de distance, on obtient facilement la fonction Level Set φ_0^{epi} de la nouvelle hypersurface par soustraction :

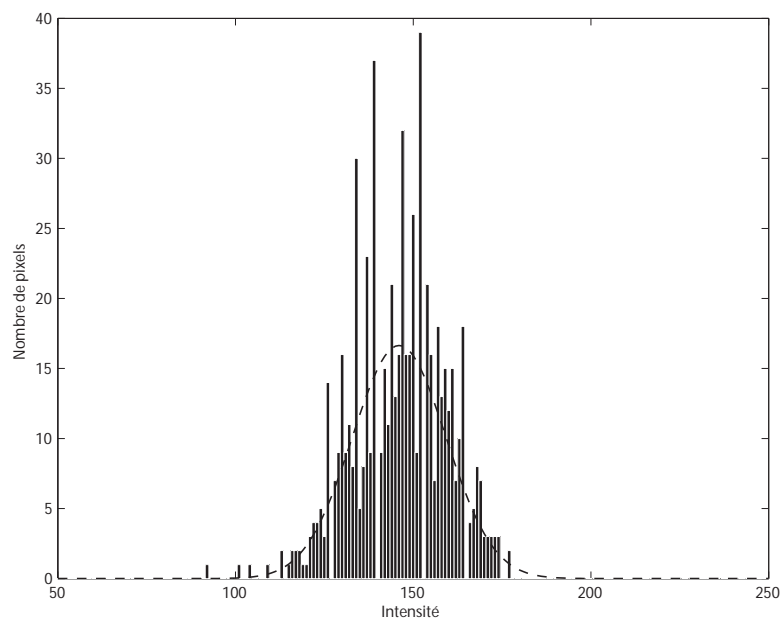
$$\varphi_0^{epi} = \varphi^{epi} - 3 \quad (5.10)$$

Pour que la vitesse d'expansion s'annule cette fois-ci au niveau des contours épicaudiques, on recalcule l'intensité moyenne \bar{I}_{init} de g sur les voxels du myocarde compris entre les parois endocardiques et la nouvelle hypersurface initiale.

D'autre part, afin de limiter la segmentation du myocarde au VG, l'épaisseur du myocarde sera majorée par un nombre déterminé expérimentalement. Dans bien des cas, cette limitation n'intervient pas puisque le ventricule droit est préalablement supprimé au cours d'un prétraitement, précisément par une opération de fermeture morphologique.



(a) Image IRM



(b) Histogramme des pixels de la région de l'image correspondant à la cavité ventriculaire gauche

FIG. 5.1 – La forme de la distribution des intensités de la région de l'image correspondant à la cavité ventriculaire gauche est assimilable à la forme de la distribution de probabilité suivant la loi normale, son coefficient d'aplatissement est de 3,05 et son coefficient de dissymétrie de -0,26.

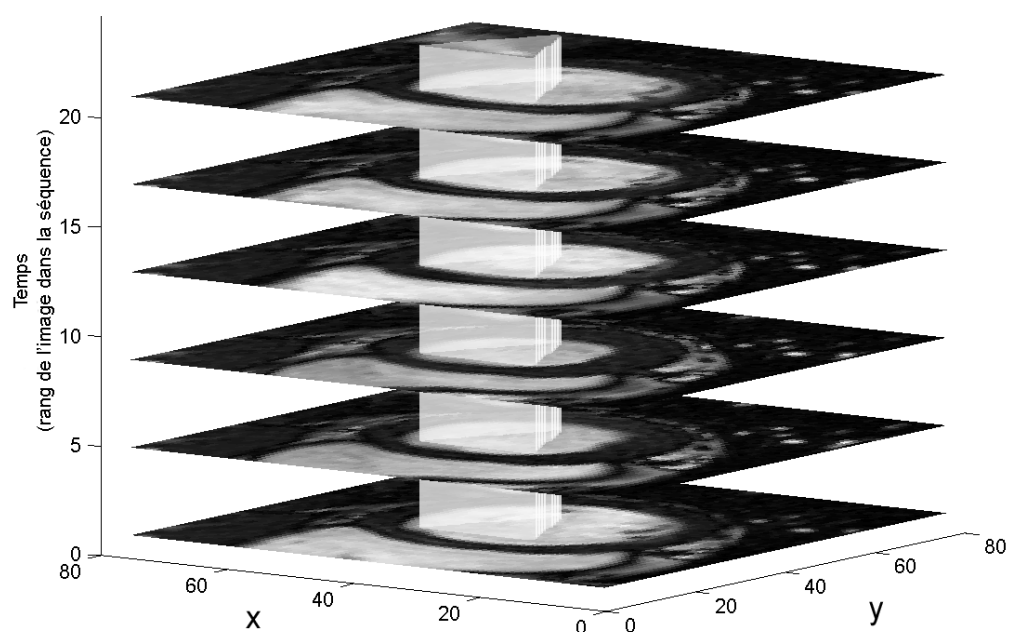


FIG. 5.2 – Illustration de l’initialisation d’une hypersurface dans la cavité ventriculaire en vue de la détection des contours endocardiques. (Une image sur quatre d’une séquence complète est représentée).

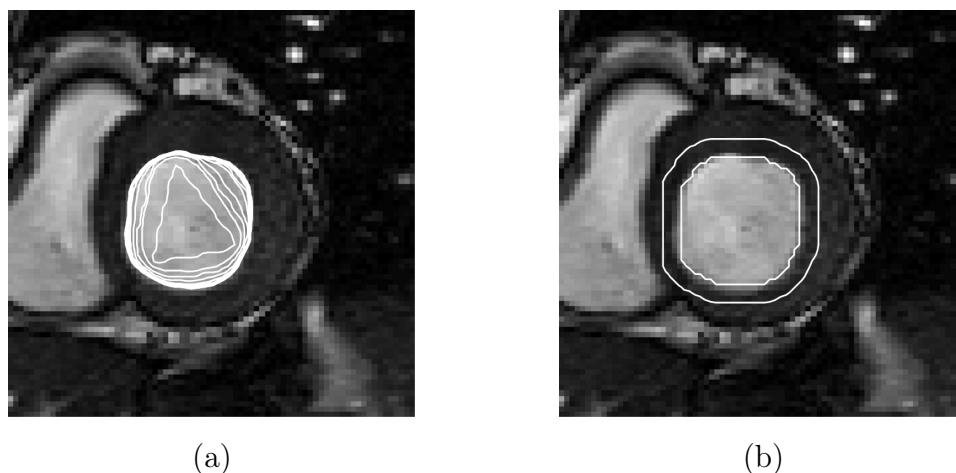


FIG. 5.3 – Illustration de la mise en œuvre du Level Set Methods en vue de l'extraction des contours myocardiques. (a) Détection de l'endocarde avec une hypersurface en évolution, (b) Initialisation de l'hypersurface servant à l'extraction de l'épicarde.

5.1.3 Segmentation des piliers et cordages

La présence des muscles papillaires et cordages tendineux sur les parois de l'endocarde rend délicat la phase de segmentation. Si les cordages n'interviennent pas dans le mouvement contractile du myocarde, certains muscles papillaires, notamment les piliers de grandes dimensions y contribuent. Pour simplifier le problème, on retire tout type de muscle papillaire. Pour cela, on se propose les démarches suivantes :

- avant la segmentation, appliquer sur les séquences d'images une transformation morphologique de type fermeture. Elle doit pouvoir remplir les vallées de faible dimension dans le profil de l'image, qui correspondent en principe aux muscles papillaires et ventricule droit ;
- effectuer une segmentation multi-résolution pour lisser les images ;
- enfin, appliquer sur le masque issu de la segmentation une fermeture morphologique binaire.

Compte tenu du fait que les muscles papillaires peuvent se présenter sous différentes formes sur une séquence d'images IRM sous l'action du flux sanguin, on choisit alors un élément structurant de forme simple, capable de s'adapter à toutes les situations. D'après nos expériences, une forme ellipsoïdale ou sphérique est adaptée au problème. Comme l'illustre la FIG. 5.4, les résultats obtenus avec les deux types d'élément structurant sont pratiquement identiques. En retranchant le fermé de l'image obtenu avec un élément structurant sphérique au fermé de l'image obtenu par un élément structurant ellipsoïdal, on obtient un écart relativement faible compris entre l'intervalle $[-6, +6]$.

Concernant la fermeture morphologique, le rayon de l'élément structurant doit être suffisamment grand pour pouvoir supprimer les muscles papillaires ainsi que le VD. Cependant s'il est trop grand, les parties du VG de faible épaisseur risquent également d'être effacées, un tel cas induirait un problème de fuite lors de l'étape de segmentation par Level Set Methods. Dans la plupart des séquences étudiées, le meilleur résultat est obtenu pour un élément structurant de rayon 3 ± 1 pixels.

Il existe une autre transformation morphologique plus complexe sensée pouvoir supprimer les muscles papillaires. Il s'agit de la fermeture par reconstruction, due à L. Vincent [113].

L'approche consiste à rajouter à l'image originale les minimas locaux I_{min} détectés par la relation :

$$I_{min} = I_{inv} - \rho(\gamma_s(I_{inv}), I_{inv}) \quad (5.11)$$

où $\rho(., .)$ est la transformation de reconstruction et $\gamma_s(I_{inv})$ l'ouvert de l'inverse de l'image originale par l'élément structurant s .

Rappelons qu'en terme de dilatation géodésique, la reconstruction morphologique $\rho(\text{marqueur}, \text{masque})$ d'une image à niveaux de gris *marqueur*

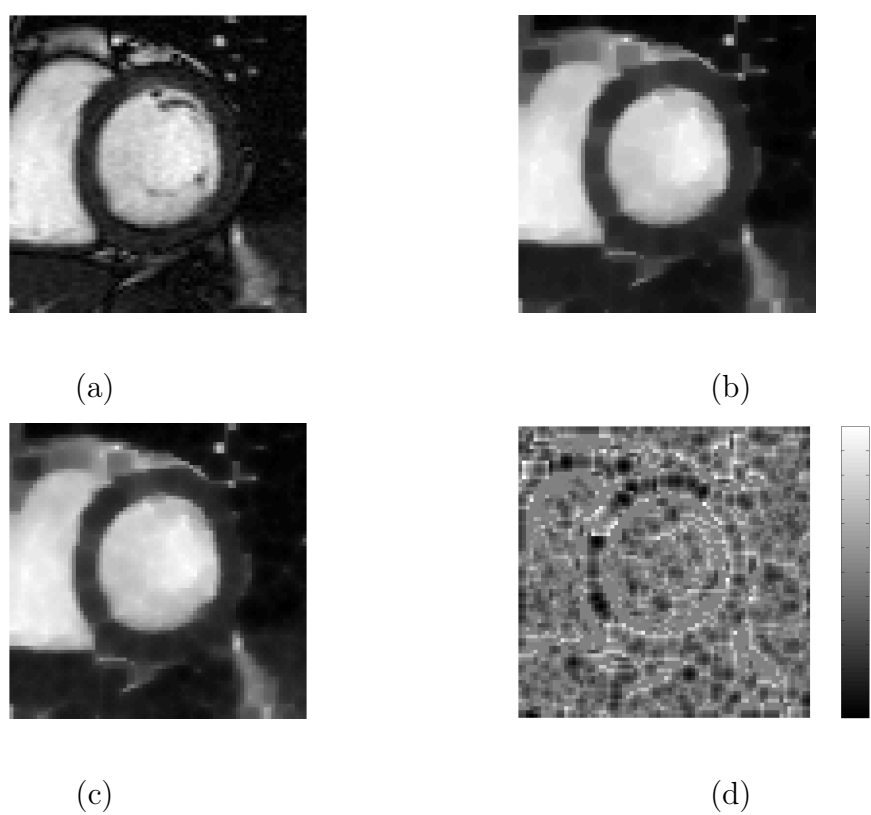


FIG. 5.4 – Un élément structurant sphérique éclaircit le myocarde : (a) Image originale, (b) Son fermé avec une sphère de rayon 2 voxels, (c) Son fermé avec une ellipsoïde de rayon central 2 voxels et de hauteur 10 voxels, (d) La différence entre l'image (c) et l'image (b).

sous une autre image à niveaux de gris *masque*, est obtenue par dilatations géodésiques successives de l'image *marqueur* sous l'image *masque* jusqu'à ce que la stabilité soit atteinte.

La fermeture morphologique a l'avantage d'être sélective. Elle diffère de la fermeture standard par le fait qu'elle peut laisser intactes certaines zones de l'image que l'on ne souhaite pas modifier. Cependant sur des images à niveaux de gris, les effets de la fermeture par reconstruction semblent moins prévisibles. Si elle arrive à supprimer les objets de très faibles dimensions, elle se stabilise trop vite, même avec un élément structurant de grande dimension. La fermeture standard supprime plus efficacement les muscles papillaires et piliers. Dans bien des cas, elle arrive même à supprimer une partie du ventricule droit comme l'illustre la FIG. 5.5.

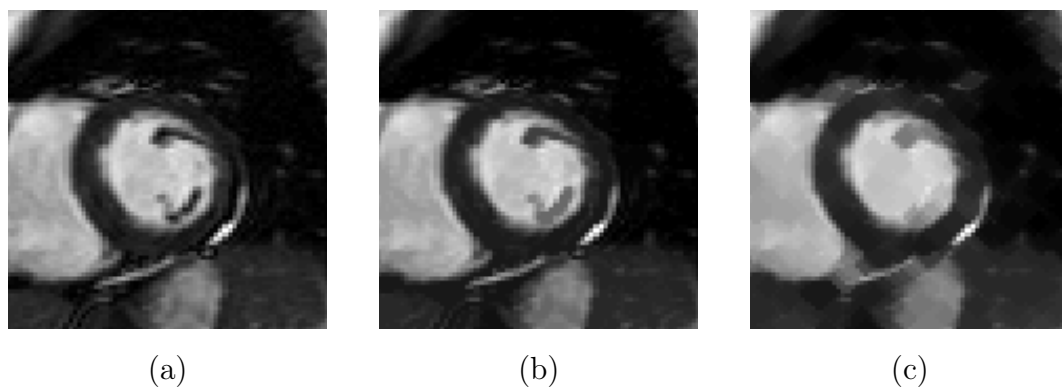


FIG. 5.5 – Efficacité de la fermeture morphologique à supprimer les piliers et le ventricule droit. (a) Image originale, (b) son fermé par reconstruction et (c) son fermé

La méthode peut rencontrer des limitations dans le cas de muscles papillaires plaqués le long des parois endocardiques. Pour s'affranchir de ce problème, on se propose de rehausser le contraste de l'image. Le résultat de la segmentation des contours endocardiques et épicaudiques dépend énormément de la qualité des images traitées. Des images présentant des contrastes élevés

du myocarde par rapport au flux sanguin et aux organes avoisinants doivent fournir un résultat de segmentation plus précis. On a donc testé quelques méthodes de rehaussement d'images sur nos séquences d'images IRM. La section suivante porte sur le paramétrage et l'efficacité de ces méthodes dans le cadre de la segmentation.

5.1.4 Rehaussement des niveaux de gris

Pour remédier aux défauts de contraste d'une image, on peut utiliser soit une approche améliorant la répartition de l'histogramme du niveau de gris soit une approche reposant sur l'amplification sélective de l'intensité de l'image. Ici, nous étudions l'utilité de ces techniques dans le cadre de la suppression des muscles papillaires et l'extraction des contours myocardiques, notamment au niveau de l'interface myocarde/poumons.

Egalisation d'histogramme

Elle consiste à calculer à partir de l'histogramme H_I de l'image I une fonction de rehaussement des niveaux de gris f telle que l'image rehaussée J ait son histogramme H_J se rapprochant le plus possible d'une fonction « plate ». Il est connu que cette technique utilise uniquement l'histogramme de l'image pour la rehausser. Elle ne fait intervenir aucune caractéristique des objets à mettre en évidence. Cette propriété peut constituer une limitation à son utilisation si le résultat obtenu n'est pas satisfaisant puisque on ne dispose d'aucun moyen pour ajuster son effet sur une zone donnée de l'image. Testée sur toutes les séquences d'images IRM, l'égalisation d'histogramme a tendance à éclaircir fortement le myocarde au risque d'en effacer une partie, par contre les frontières des poumons deviennent bien contrastées comme le montre la FIG. 5.6. De ce fait, nous estimons que l'utilisation de la technique d'égalisation d'histogramme pourrait être utile dans le cadre de la segmentation de l'épicarde uniquement pour délimiter les poumons.

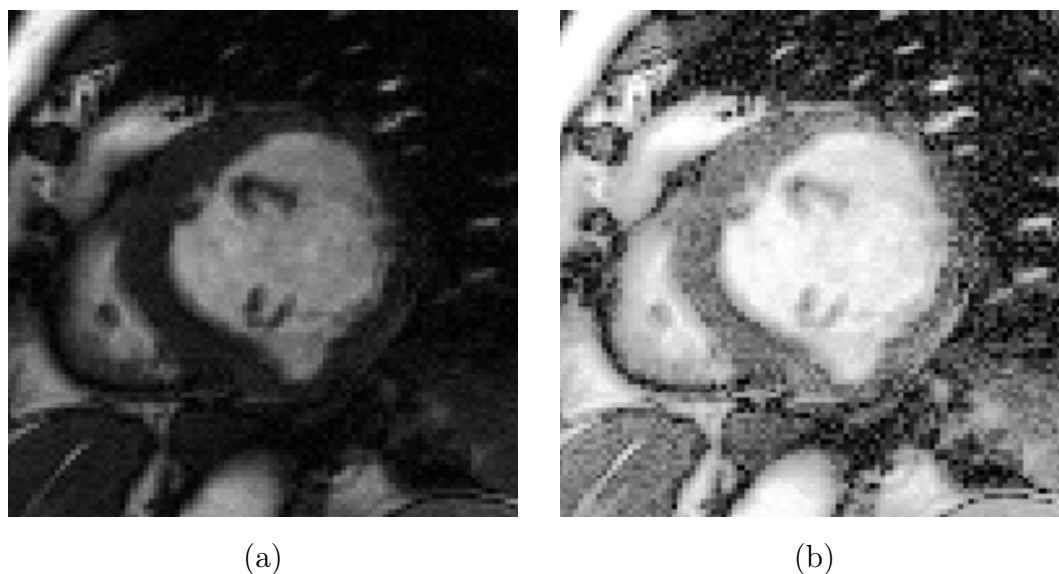


FIG. 5.6 – Mise en évidence de la frontière des poumons par égalisation d’histogramme : (a) image originale (b) image rehaussée.

Amplification des maxima régionaux et dômes

Pour mieux distinguer les frontières du myocarde, il nous a paru intéressant également d’amplifier la luminosité des zones claires de l’image. Notre approche consiste à détecter par reconstruction morphologique [113] les maxima régionaux et dômes et les amplifier par la suite. Ces maxima et dômes de hauteur h peuvent être extraits en effectuant la différence entre l’image I et la reconstruction de l’image rabaissée de h , sous l’image I elle-même, c’est à dire :

$$I - \rho(\max(0, (I - h)), I) \quad (5.12)$$

Il est évident que la hauteur h doit être la plus élevée possible sans pour autant atteindre l’écart de luminosité entre cavité ventriculaire et myocarde. La visualisation du profil d’intensité de chacune de nos séquences IRM montre que la valeur moyenne de l’écart myocarde cavité ventriculaire est de 90 ± 10 niveaux de gris (FIG. 5.8). On a donc pris une hauteur de 70 pour h . Une fois

que les h -dômes sont extraites, on les ajoute à l'image originale :

$$I = I + k.(I - \rho(\max(0, (I - h)), I)) \quad (5.13)$$

avec un coefficient multiplicateur k dont la valeur est à déterminer expérimentalement. Dans ce travail la valeur de k a été fixée à 1.

Le résultat obtenu (voir FIG. 5.7) montre que cette technique est aussi efficace dans la perception des frontières poumons-VG, mais contrairement à l'égalisation d'histogramme, l'effet de l'approche par amplification des h -dômes peut être ajusté par l'intermédiaire de la hauteur h et le coefficient de pondération k .

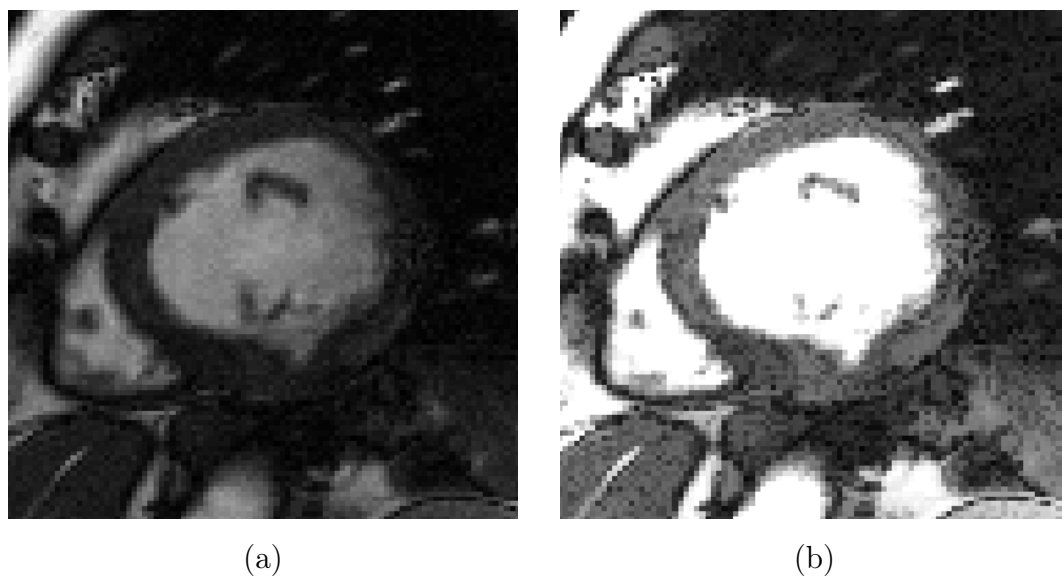


FIG. 5.7 – Mise en évidence de la frontière des poumons par amplification des h -dômes : (a) image originale (b) image rehaussée avec $h = 70$ et $k = 4$.

Rehaussement d'intensité par morceaux

Sur une image IRM, chaque tissu est représenté par une région plus ou moins homogène pouvant être caractérisée par son intensité moyenne. Il est donc possible de trouver une fonction f définie par morceaux sur la plage de

l'intensité $[0, 255]$, transformant l'image de manière à rehausser le contraste entre deux tissus voisins.

La fonction f s'obtient par interpolation et doit vérifier les conditions suivantes : $f(\bar{I}_k) = \bar{I}_{s_k}$, $f(\min(I)) = 0$ et $f(\max(I)) = 255$

avec \bar{I}_{s_k} désignant l'intensité moyenne souhaitée du tissu k . Dans bien des cas, l'intensité moyenne des poumons, du myocarde et de la cavité ventriculaire se situent respectivement dans les intervalles $[0, 11]$, $[12, 40]$ et $[80, 140]$ (voir FIG. 5.8). Le contraste entre le myocarde et les poumons s'avère insuffisant et doit être amélioré pour que l'épicarde puisse être détecté précisément. Pour cela, on pourrait par exemple augmenter légèrement l'intensité moyenne des poumons et rehausser largement celle du myocarde. On pourrait aussi augmenter l'intensité moyenne de la cavité ventriculaire pour garder le contraste avec le myocarde. Ce qui donne une fonction f comme illustré sur la FIG. 5.9.

5.1.5 Démarche appliquée

Dans cette thèse, nous avons choisi la méthode de rehaussement d'intensité par morceaux dans la phase d'extraction de l'endocarde parce que cette méthode est complètement paramétrable et très précise. Quant à l'épicarde, nous avons choisi la méthode de rehaussement d'intensité par amplification des maxima régionaux. La démarche que nous avons appliquée pour extraire le VG comprend donc les étapes suivantes :

1. Améliorer le contraste entre Cavité ventriculaire et piliers par la méthode de rehaussement d'intensité par morceaux,
2. Supprimer les piliers en effectuant une fermeture morphologique sur l'image rehaussée,
3. Segmenter par la méthode levelset l'endocarde sur l'ouvert de l'image rehaussée,
4. Supprimer par une autre fermeture morphologique (binaire) les contours de piliers éventuellement détectés par levelset,

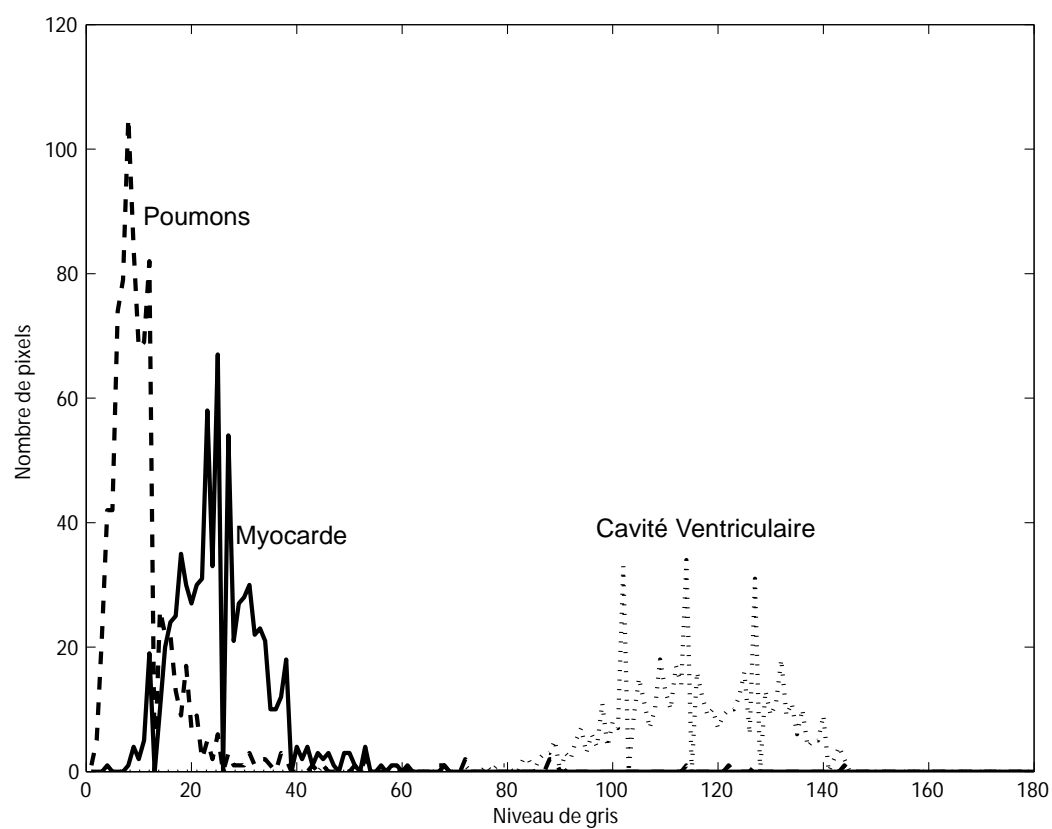


FIG. 5.8 – Histogramme des principaux organes présents sur une coupe IRM petit-axe.

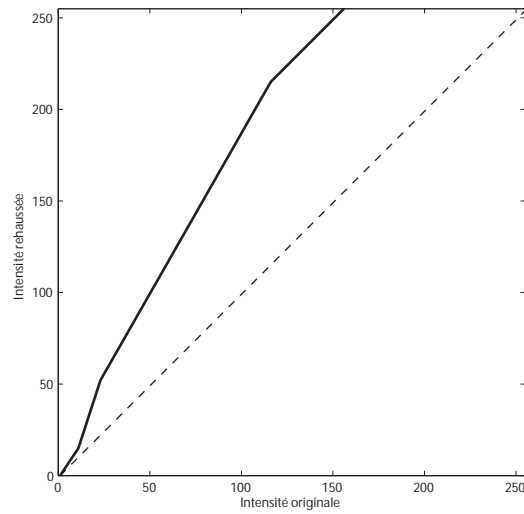


FIG. 5.9 – Fonction de rehaussement définie par morceaux.



(a) Image originale.



(b) Image rehaussée.

FIG. 5.10 – Mise en évidence du myocarde par la technique de rehaussement par morceaux.

5. vérifier visuellement le résultat. Corriger manuellement si nécessaire,
6. Rehausser l'intensité du myocarde en amplifiant l'intensité des maximas régionaux,
7. Lancer une autre surface en évolution pour segmenter l'épicarde. son initialisation est obtenue par élargissement des contours endocardiques extraits.

5.1.6 Résultats et discussions

La segmentation des contours myocardiques n'est pas une tâche facile. Les structures fibreuses telles que les piliers, les ligaments et les couches de graisse qui peuvent être de forme et de taille différentes sont difficiles à enlever.

Nous sommes parvenus à segmenter correctement la plupart des séquences qui nous ont été soumises en prenant soin d'appliquer aux images des traitements de rehaussement et de fermeture morphologique. Les résultats de la segmentation du VG sur chaque séquence sont affichés en annexe A. 11 séquences ont été segmentées automatiquement sans aucune correction manuelle. Par contre les séquences A.3, A.4, A.5, A.7 et A.10 ayant une agglomération de piliers complètement collés aux parois ont posé de problèmes. Le cas de la séquence saine de la figure A.3 dont certaines images sont reproduites sur la figure 5.11, est particulièrement difficile à traiter car on ne peut pas distinguer les piliers du myocarde à la systole même après l'étape de prétraitement (voir figure 5.12). Cependant ces mêmes piliers peuvent être dissociés avant et après la systole. Le contour obtenu à la systole (voir figure 5.13) présente donc une erreur qui ne peut être corrigée que manuellement.

En ce qui concerne la durée de l'analyse, la segmentation des contours est rapide, et tout à fait envisageable en routine clinique. Avec un ordinateur standard équipé d'un processeur Intel Pentium M 740 et d'une mémoire vive de 1Go, la détection des contours endocardiques sur une séquence de 23 images se fait en moins de 3 minutes et l'épicarde peut être extrait en une minute environ

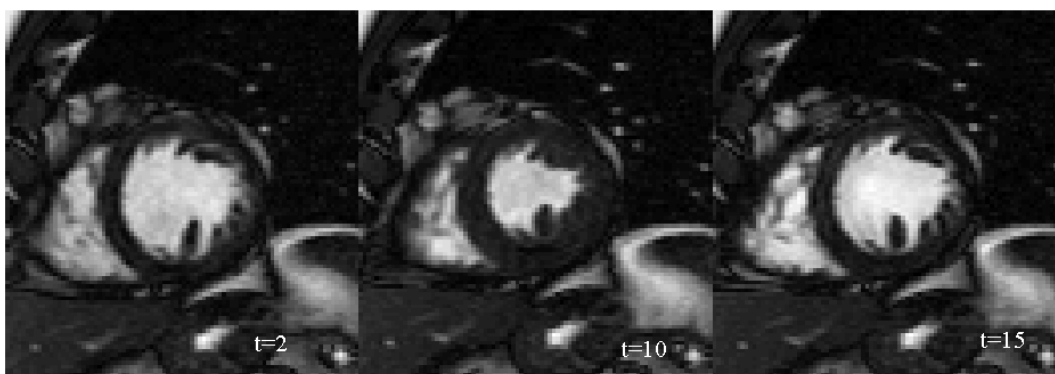


FIG. 5.11 – Images ciné-IRM extraites d’une séquence saine (FIG. A.3). Elles sont prises à différents moments du cycle. A gauche : avant la systole ($t=2$) ; au centre : pendant la systole ($t=10$) et à droite : après la systole ($t=15$).



FIG. 5.12 – Images prétraitées de la figure 5.11 à l’aide d’une étape de rehaussement par morceaux suivie d’une étape de fermeture morphologique visant à supprimer les piliers.

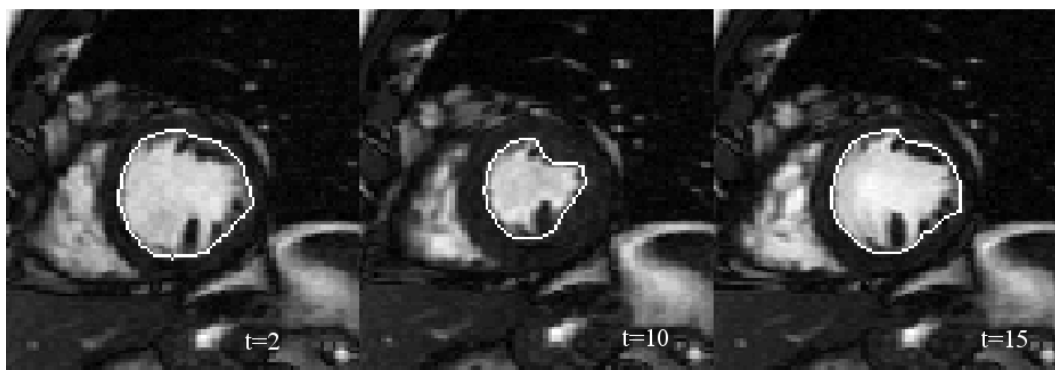


FIG. 5.13 – Résultat de l'extraction des contours endocardiques des images prétraitées de la figure 5.12. L'endocarde n'est pas correctement segmenté à la systole ($t=10$) car les piliers sont complètement collés à la parois. La segmentation est par contre correcte avant ($t=2$) et après ($t=15$) la systole car les piliers se détachent grâce à la phase de prétraitement.

sous *Matlab*. Ces temps d'analyse peuvent encore être fortement réduits en optimisant et en implémentant le programme en langage C.

5.2 Mise en correspondance des contours

La mise en correspondance des points des contours permettra dans la phase ultérieure de la méthode présentée d'estimer leurs vitesses de déplacement. Cette tâche de mise en correspondance se divise en deux opérations successives. Les contours sont d'abord alignés par une méthode de recalage géométrique afin de compenser les mouvements de grande amplitude non intrinsèques à la contraction cardiaque (bouger, mouvement respiratoire) puis mis en correspondance par une technique de morphing afin de permettre l'analyse des déformations du myocarde.

5.2.1 Recalage géométrique

Soient $C_1 = \{p_1(j), j = 1, \dots, L_1\}$ et $C_2 = \{p_2(k), k = 1, \dots, L_2\}$ deux courbes à apparier.

Une méthode de mise en correspondance, « Point le plus proche itéré » (en anglais « Iterative closest point » ou ICP), a été introduite par Besl et McKay en 1992 [114].

L'algorithme correspondant à cette méthode comprend les étapes suivantes :

1. Pour tout point du premier ensemble C_1 , trouver le point « le plus proche » dans le second ensemble C_2 (phase d'appariement).
2. A partir de ces appariements, calculer une transformation par la méthode des moindres carrés ; puis appliquer cette transformation au premier ensemble C_1 (phase d'alignement).
3. Itérer jusqu'à ce que les distances entre les deux ensembles soient « faibles ».

K. Benhajel [115] s'est basé sur cet algorithme en le modifiant et en l'adaptant au problème de mise en correspondance de contours endocardiques. Dans cette thèse nous utilisons cette méthode à la fois sur les contours endocardiques et épicaudiques. Nous décrivons rapidement le principe de la méthode standard et l'amélioration apportée au LISSI.

Appariement

D'après Zhang [116, 117], durant la phase d'appariement, chaque point p_2 de C_2 est apparié avec un point p_1 de C_1 qui est son plus proche voisin suivant la distance euclidienne d définie comme suit :

$$d(p_1, p_2) = \sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2} \quad (5.14)$$

Feldman et al [118] proposent une autre définition en 3D de la distance en intégrant des caractéristiques différentielles ce qui permet d'étendre la notion

de « point le plus proche » à celle de « point de forme similaire » :

$$\begin{aligned}
d(p_1, p_2) = & [\alpha_1(x_2 - x_1)^2 + \alpha_2(y_2 - y_1)^2 + \alpha_3(z_2 - z_1)^2 + \\
& \alpha_4(n_{x_2} - n_{x_1})^2 + \alpha_5(n_{y_2} - n_{y_1})^2 + \alpha_6(n_{z_2} - n_{z_1})^2 + \\
& \alpha_7(\kappa_{1_2} - \kappa_{1_1})^2 + \alpha_8(\kappa_{2_2} - \kappa_{2_1})^2]^{1/2} \quad (5.15)
\end{aligned}$$

où :

- $(n_{x_1}, n_{y_1}, n_{z_1})$ est le vecteur normal à la surface en p_1 .
- $(n_{x_2}, n_{y_2}, n_{z_2})$ est le vecteur normal à la surface en p_2 .
- κ_{1_1} et κ_{2_1} sont les courbures principales sur la surface en p_1 .
- κ_{1_2} et κ_{2_2} sont les courbures principales sur la surface en p_2 .

Une des difficultés qui apparaît est de déterminer les différents coefficients de normalisation α_i qui pondèrent l'influence relative de la position, la normale et des courbures.

Nous utilisons la mesure de distance développée au LISSI par Benhajel [115], appelée mesure de dissimilarité D . Cette mesure est une fonction des trois paramètres suivants :

- la distance euclidienne entre ces deux points :

$$d_{j,k} = 1 + \sqrt{(x_1(j) - x_2(k))^2 + (y_1(j) - y_2(k))^2}$$

- différence de courbure locale calculée au niveau de ces deux points

$$\kappa_{j,k} = 1 + \log \left(1 + \left| \frac{\kappa_1(j) - \kappa_2(k)}{\kappa_1(j) + \kappa_2(k)} \right| \right)$$

où $\kappa_1(j)$ et $\kappa_2(k)$ sont les courbures respectives des courbes C_1 et C_2 aux deux points.

- la différence d'orientation des vecteurs normaux aux courbes en ces deux points

$$n_{j,k} = 2 - n_1^T(j) \cdot n_2(k)$$

où $n_1(j)$ et $n_2(k)$ sont les vecteurs normaux.

La mesure de dissimilarité entre deux points appartenant à deux contours successifs est définie par l'expression suivante :

$$D_{p_2(k)}(p_1(j)) \equiv D_{j,k} = d_{j,k} \cdot (\kappa_{j,k})^{\gamma_\kappa} \cdot (n_{j,k})^{\gamma_n} \quad (5.16)$$

Avec $D_{j,k} \geq 1$. γ_κ , γ_n sont des facteurs de pondération déterminés expérimentalement, qui valent 4.

L'appariement revient à trouver pour chaque $p_2(k) = (x_2(k), y_2(k))$ de C_2 , un point $p_1(j) = (x_1(j), y_1(j))$ de C_1 qui minimise la mesure de dissimilarité (Eq. 5.16). Autrement dit, $p_1(j)$ est défini comme suit :

$$p_1^* = \arg \min_{p_1} D_{p_2}(p_1) \quad (5.17)$$

Alignement

La procédure d'alignement réalise un recalage entre deux contours successifs à l'aide d'une transformation géométrique T , paramétrée par le critère de dissimilarité.

Nous supposons qu'il existe une transformation d'Helmert T , telle que $p_2 = T(p_1)$ et exprimée comme suit :

$$\begin{pmatrix} x_2 \\ y_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} s \cdot \cos \theta & -s \cdot \sin \theta \\ s \cdot \sin \theta & s \cdot \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ y_1 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \end{pmatrix} \quad (5.18)$$

En utilisant les coordonnées homogènes, l'Eq. (5.18) devient :

$$\begin{pmatrix} x_2 \\ y_2 \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \alpha_1 & -\alpha_2 & t_x \\ \alpha_2 & \alpha_1 & t_y \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x_1 \\ y_1 \\ 1 \end{pmatrix} \quad (5.19)$$

où $\alpha_1 = s \cdot \cos \theta$ et $\alpha_2 = s \cdot \sin \theta$.

Les paramètres (α_1, α_2) et (t_x, t_y) sont estimés par minimisation de l'erreur quadratique ε , calculée sur l'ensemble de points à apparier qui s'exprime comme suit :

$$\varepsilon = \sum_{(j,k)} \omega_{j,k} \cdot [p_2(k) - T(p_1(j))]^2 \rightarrow \min \quad (5.20)$$

Dans l'expression précédente, la valeur du coefficient de pondération $\omega_{j,k}$ est définie en fonction de la mesure de dissimilarité $D_{j,k}$ (Eq. (5.16)) comme suit :

$$\omega_{j,k} = \Omega \cdot \exp(-D_{j,k}^2/\sigma^2) \quad (5.21)$$

avec Ω une constante de normalisation telle que $\sum \omega_{j,k} = 1$ et σ une constante.

En minimisant les dérivées partielles de ε par rapport aux coefficients de la transformation T , on obtient deux systèmes d'équations (en x et y) pouvant être résolus par les méthodes classiques.

5.2.2 Morphing par la Méthode des Ensembles de Niveaux

Fondée sur la méthode des ensembles de niveaux, cette opération permet d'effectuer un recalage précis des contours alignés. Le principe de cette opération consiste à considérer deux contours successifs, C_S et C_D , nommé respectivement « courbe source » et « courbe destination », et à faire évoluer C_S vers C_D en utilisant l'équation d'évolution suivante :

$$\varphi_t = F \cdot |\nabla \varphi| \quad (5.22)$$

Avec F , la vitesse donnée par $F = \varphi_D - \varphi$.

Cette vitesse s'annule lorsque la courbe intermédiaire en mouvement C initialisée avec C_S atteint C_D .

L'équation d'évolution devient donc :

$$\begin{cases} \varphi_t = (\varphi_D - \varphi) |\nabla \varphi| \\ \varphi(X, t = 0) = \varphi_S(X) \end{cases} \quad (5.23)$$

5.2.3 Résultats

L'association de la méthode de mise en correspondance de contours par level set avec la méthode d'alignement proposée par Zhang apporte une amélioration visible du résultat de recalage des contours comme l'illustre la figure 5.2.3. La méthode morphing par level set permet d'affiner le résultat tandis que l'étape d'alignement sert à rapprocher la courbe source de la courbe destination tout en évitant des appariements multiples incohérents, caractérisés généralement par des agglomérations de liens sur les mêmes points.

La FIG. 5.15 présente le résultat de la méthode d'appariement des contours endocardiques et épicaudiques sur une séquence IRM entière. Cette méthode est potentiellement capable d'évaluer les déformations des contours myocardiques routine clinique parce qu'elle est complètement automatique et relativement rapide. Avec un ordinateur standard équipé d'un processeur Pentium M 740 et 1Go de mémoire, la durée de d'appariement des contours endocardiques en 64 points sur une séquence de 20 images IRM sous matlab est de 3 minutes.

K. Benhajel [115] et Y. Chenoune [119] présentent dans leurs travaux de thèse des méthodes permettant l'analyse de ces contours appariés. Leurs études sont orientées sur l'évaluation des déformations segmentaires des contours endocardiques. Dans le chapitre suivant, nous proposons une méthode d'estimation des déformations locales du VG qui utilise les vitesses des contours endocardiques et épicaudiques obtenues par la méthode de mise en correspondance, pour contraindre une méthode d'estimation du Flot optique.

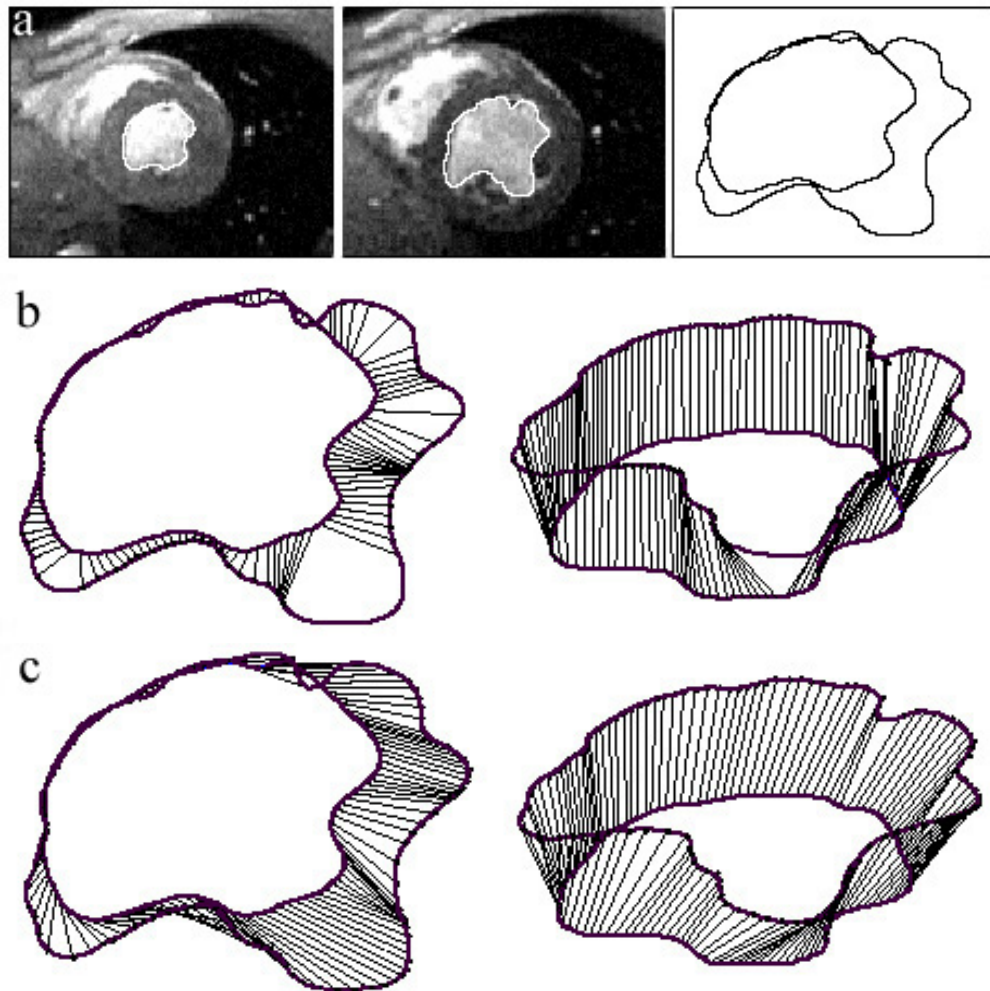


FIG. 5.14 – Appariement des contours endocardiques. (a) Deux images d'une séquence IRM avec la représentation des contours extraits, (b) résultat de l'appariement obtenu sans alignement préalable et (c) résultat de l'appariement obtenu avec l'étape d'alignement.

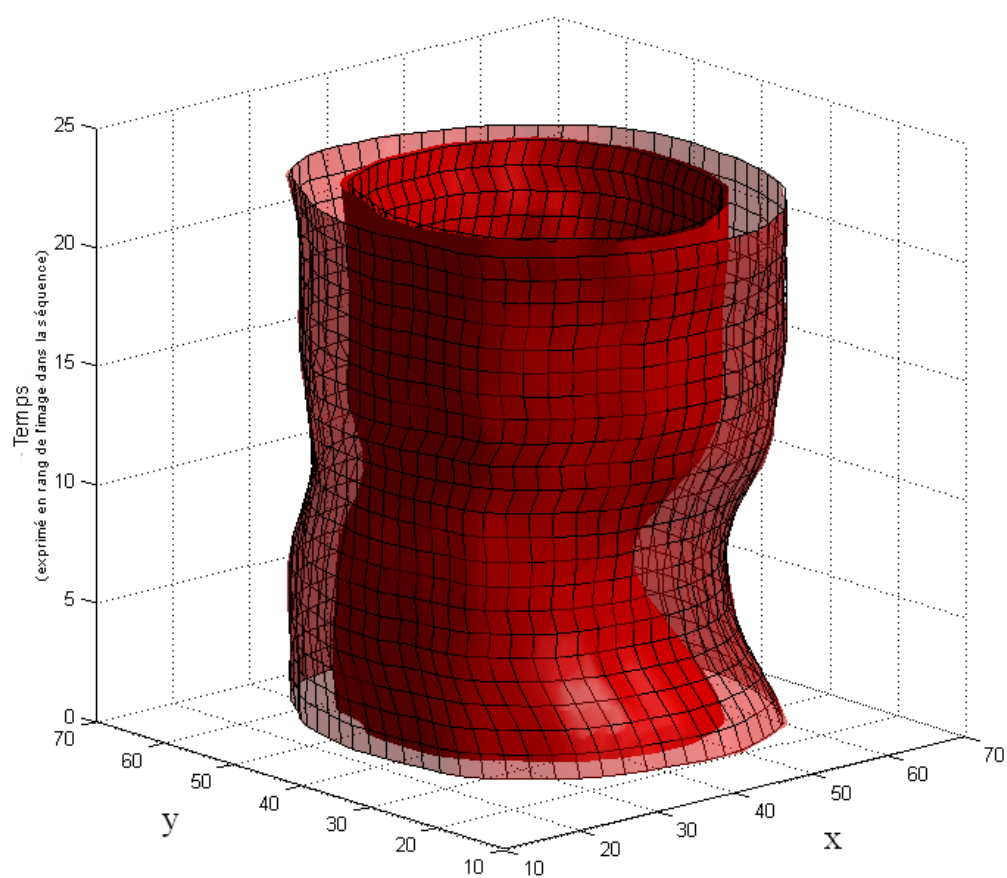


FIG. 5.15 – Mise en correspondance des contours endocardiques et épicaudiques

Chapitre 6

Champ de vitesse du Ventricule Gauche

Dans le chapitre précédent nous avons déterminé la vitesse des contours endocardiques et épicaudiques par appariement. De cette vitesse, on peut déjà déduire quelques mesures globales de la contractilité du VG telles que le raccourcissement circonférentiel, la fraction d'éjection et la torsion des contours (voir [115]).

Pour calculer les déformations locales et les déformations dans une direction donnée il faudra également disposer du champ de vitesse en tout point du myocarde.

Ce chapitre a donc pour objectif de présenter les méthodes d'évaluation du champ de vitesse intra-myocardique utilisées. Dans cette thèse, nous avons utilisé et amélioré la méthode d'estimation du flot optique de Horn et Schunck et testé la méthode d'interpolation par plaques minces.

La première section de ce chapitre décrit notre méthode d'estimation du champ de vitesse, que nous appelons Flot optique contraint puis nous présentons la méthode d'interpolation par plaques minces. Nous montrons ensuite comment sont validés les champs de vitesse estimés. Enfin, la dernière section regroupe les résultats obtenus.

6.1 Flot Optique Contraint

Le flot optique contraint que nous proposons dans ce travail dérive du flot optique de Horn & Schunck dont le principe est fondé sur la conservation temporelle du niveau de gris de l'image [120, 121]. En effet, si l'on note respectivement par I_x , I_y et I_t les dérivées partielles en x , y et par rapport au temps du niveau de gris de l'image I , la conservation de l'intensité peut être formulée en minimisant la dérivée particulaire de l'intensité de l'image, c'est à dire :

$$\frac{dI}{dt} = I_x \cdot u + I_y \cdot v + I_t = 0, \quad (6.1)$$

où $u = dx/dt$ et $v = dy/dt$ désignent les composantes horizontale et verticale de la vitesse que nous recherchons. On a alors deux inconnues pour une seule équation. Le problème est donc mal posé et peut avoir plusieurs solutions. En effet, l'équation (6.1) se voit être une contrainte sur la projection de la vitesse dans la direction du gradient de l'image :

$$\nabla I \cdot \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} = -I_t \quad (6.2)$$

Afin d'obtenir une solution unique, une contrainte supplémentaire est nécessaire. Horn et Schunck ajoutent alors une contrainte de régularité spatiale en minimisant l'expression suivante :

$$\inf \{ \|\nabla u\|^2 + \|\nabla v\|^2 \} \quad (6.3)$$

Donc la fonctionnelle à minimiser est de la forme :

$$E_{HS} = \int \int (I_x \cdot u + I_y \cdot v + I_t + \{ \|\nabla u\|^2 + \|\nabla v\|^2 \}) dx dy \quad (6.4)$$

Avec ces contraintes, la solution offerte par Horn et Schunck ne sera donc correcte que si le champ de gradient n'est pas uniforme, autrement dit l'image doit être texturée.

Les images IRM du myocarde que nous utilisons ont été acquises selon le

protocole d'acquisition Balanced SSFP (steady state free precession). La particularité de cette technique est d'être en mesure de récupérer aussi bien les signaux du tissu myocardique que les signaux émis par la masse graisseuse et les vaisseaux sanguins présents sur le cœur. La connaissance de la présence de ces différents types de tissus sur nos séquences IRM nous conduit alors à utiliser la méthode du flot optique.

Toutefois, dans ce travail nous améliorons la méthode standard en forçant le flot optique à prendre une valeur fixe et connue en certains points de l'image. Ces vitesses fixées sont celles d'un échantillon de points appartenant aux contours endocardiques et épicaudiques, obtenues par la méthode d'appariement présentée au chapitre précédent.

On les introduit dans le schéma itératif de résolution du flot optique (Gauss Seidel voir Annexe B) par l'intermédiaire de la combinaison linéaire suivante :

$$\begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} = \alpha(i, j) \begin{pmatrix} u_{HS} \\ v_{HS} \end{pmatrix} + (1 - \alpha(i, j)) \begin{pmatrix} u_c \\ v_c \end{pmatrix} \quad (6.5)$$

Où (u_{HS}, v_{HS}) désigne le vecteur vitesse standard et (u_c, v_c) la vitesse éparsée des contours myocardiques.

L'effet de la correction est pondéré par le coefficient α dont la valeur est égale à 1 ou 0 selon l'emplacement des pixels :

$$\alpha(i, j) = \begin{cases} 0 & \text{si } (i, j) \text{ est un point où la vitesse est connue} \\ 1 & \text{sinon} \end{cases} \quad (6.6)$$

Comme toutes les méthodes différentielles, le FOC (Flot Optique Contraint) peut rencontrer des limitations sur des séquences cardiaques avec des déplacements de grande amplitude. La solution que nous proposons ici pour surmonter cet inconvénient est de combiner l'algorithme du FOC avec une procédure multi-résolution de compensation des grands mouvements. En effet, nous estimons d'abord le champ de vitesse sur les images à la résolution la

plus faible en initialisant le flot optique par un champ nul. Lorsque l'estimation à basse résolution est effectuée, le champ de vitesse obtenu est interpolé à la résolution supérieure pour y devenir le champ initial du flot optique. La démarche est répétée jusqu'à la résolution la plus élevée. Cette approche permet l'obtention de résultats satisfaisants à la fois en terme de rapidité et de précision parce que le champ initial est déjà proche du champ estimé.

L'utilisation du Flot Optique sur une séquence bruitée est discutable, puisque l'hypothèse sur la conservation du niveau de gris n'est peut être plus respectée. Nous avons donc comparé les résultats obtenus à ceux d'une approche qui évalue uniquement le champ de vitesse par interpolation sans utiliser l'information apportée par le niveau de gris des pixels de l'image. La méthode d'approximation par plaques minces choisie est présentée dans la section suivante.

6.2 Interpolation par plaques minces

Dans la mesure où les images étudiées sont bruitées, le résultat obtenu par la méthode du Flot optique risque d'être inexploitable. Pour éviter cet écueil, la solution envisagée est d'interpoler la vitesse d'un échantillon de points appartenant aux contours myocardiques qui a été évaluée par appariement dans le chapitre précédent.

Ici, nous utilisons la méthode d'interpolation par plaques minces, en anglais Thin-Plate Splines (TPS), introduite par Duchon [122]. Son principe consiste à minimiser sur toute l'image une fonctionnelle d'énergie composée d'un terme d'erreur et de lissage dont l'expression est identique à l'équation de déformation d'une plaque métallique mince.

Cette méthode présente deux avantages dans l'estimation du champ de vitesse du myocarde. Premièrement, elle peut extrapoler la vitesse à l'extérieur de la zone délimitée par les points d'échantillonnage des contours myocardiques. Ce

qui permet l'évaluation de la vitesse sur toute la surface du myocarde. Deuxièmement, la TPS peut aussi lisser les vitesses mesurées au cas où celles-ci seraient entachées d'erreurs.

Dans les parties suivantes, nous rappelons brièvement la formulation mathématique de cette méthode puis nous précisons le choix effectué pour la paramétrisation de la TPS sur les images IRM.

6.2.1 Formulation mathématique de la TPS

Nous considérons d'abord une formulation générale du problème en dimension quelconque d , puis nous donnerons les expressions utilisées dans les cas particuliers qui nous intéressent.

Nous appellerons *sites de données*, les N points de l'image où la vitesse est connue. Ensuite, nous les repérons spatialement par les vecteurs colonnes notés \mathbf{r} . La valeur observée sur un site de données n sera appelée *donnée* du site n , et notée F_n . Enfin, la valeur estimée au point courant \mathbf{r} de l'image, sera notée $f(\mathbf{r})$.

L'interpolation ou l'approximation par plaques minces sont des problèmes d'optimisation. L'idée consiste à rechercher la fonction f minimisant la somme des erreurs quadratiques de f aux sites de données plus un terme mesurant la rugosité de f sur toute l'image. L'énergie à minimiser s'écrit donc sous la forme :

$$E_\lambda(f) = \sum_{n=1}^N (F_n - f(\mathbf{r}_n))^2 + \lambda \int_{\mathbb{R}^d} \gamma(\mathbf{r}) \, d\mathbf{r} \quad (6.7)$$

où λ est un coefficient de pondération qui tend vers 0 dans le cas d'une interpolation.

$\gamma(\mathbf{r})$ désigne la rugosité locale au point \mathbf{r} . On la définit comme la somme des carrés des dérivées secondes spatiales de f , ce qui donne :

$$\gamma(\mathbf{r}) = \sum_{i=1}^d \sum_{j=1}^d \left[\frac{\partial^2 f(\mathbf{r})}{\partial r_i \partial r_j} \right]^2 \quad (6.8)$$

Dans le cas où $d = 2$, l'énergie de flexion serait composée de dérivées partielles d'ordre 2 par rapport aux coordonnées spatiales x et y :

$$\Gamma_2^2(f) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} (f_{xx}^2 + 2f_{xy}^2 + f_{yy}^2) dx dy \quad (6.9)$$

L'un des aspects intéressants des plaques minces est l'existence d'une solution analytique unique. La solution de l'équation (6.7) est du type :

$$f(\mathbf{r}) = a + \mathbf{b}^T \mathbf{r} + \sum_{n=1}^N c_n \psi(\mathbf{r} - \mathbf{r}_n) \quad (6.10)$$

Elle est constituée d'une superposition de quelques fonctions radiales notées ψ dépendant également de m et d [123]. En prenant $m = 2$, on obtient :

$$\psi(\mathbf{r}) = \begin{cases} |\mathbf{r}|^3 / 12 & \text{si } d = 1 \\ \|\mathbf{r}\|^2 \ln \|\mathbf{r}\| / 8\pi & \text{si } d = 2 \\ -\|\mathbf{r}\| / 8\pi & \text{si } d = 3 \end{cases} \quad (6.11)$$

Le problème de minimisation revient donc à déterminer les inconnus de l'équation (6.10), c'est à dire les paramètres a , \mathbf{b}^T et \mathbf{c}_n .

Dans le cas d'une interpolation, ces inconnues sont obtenues par les conditions d'interpolation (6.12) et les conditions aux limites (6.13) :

$$f(\mathbf{r}_n) = F_n, \quad \forall n \in \{1, \dots, N\} \quad (6.12)$$

$$\sum c_n = 0, \quad \sum c_n x_n = 0, \quad \sum c_n y_n = 0 \quad (6.13)$$

qui peuvent s'écrire simplement sous la forme suivante :

$$\begin{bmatrix} \mathbf{K} & \mathbf{T} \\ \mathbf{T}^T & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{c}_n \\ \mathbf{d} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{F}_n \\ 0 \end{bmatrix} \quad (6.14)$$

où \mathbf{K} désigne une matrice $N \times N$ dont l'élément K_{ij} est égal à $\psi(\mathbf{r}_i - \mathbf{r}_j)$; et \mathbf{T} est une matrice $N \times 3$ dont la n -ième ligne s'écrit $[1 \ x_n \ y_n]$. Comme les inconnues sont regroupées dans \mathbf{c}_n et $\mathbf{d} = [a \ \mathbf{b}^T]^T$, elles peuvent donc être déterminées facilement par une inversion de matrice.

Le système d'équation est similaire dans le cas d'un problème d'approximation :

$$\begin{bmatrix} \mathbf{K} + \lambda \mathbf{Id}_N & \mathbf{T} \\ \mathbf{T}^T & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{c}_n \\ \mathbf{d} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{F}_n \\ 0 \end{bmatrix} \quad (6.15)$$

où \mathbf{Id}_N est une matrice unitaire de taille $N \times N$.

6.2.2 Paramétrisation de la méthode TPS

Dans cette partie, nous cherchons à évaluer la valeur optimale du coefficient de pondération du terme de lissage λ dans (6.7). Pour ce faire nous faisons varier la valeur de λ de 0 à 10^5 et nous étudions l'évolution des erreurs de la vitesse correspondantes. La valeur optimale de λ sera alors celle qui minimise les erreurs.

Afin de pouvoir quantifier précisément ces erreurs, il faudra utiliser une séquence d'images synthétiques dont la vitesse de déformation vraie est connue. La réalisation de la séquence synthétique sera détaillée à la section 6.3.

Dans le cadre de l'évaluation du paramètre λ , nous ajoutons du bruit blanc gaussien de niveau RSB variable à la vitesse vraie des contours de la séquence synthétique pour modéliser les éventuelles erreurs de mesures des vitesses par notre méthode d'appariement décrite dans le chapitre précédent (voir section 5.2). Concrètement, la démarche que nous avons suivie pour évaluer λ est donnée dans l'encadré ci-après :

Etape 1 Créer une séquence synthétique pour obtenir un champ de vitesse vrai noté (u_s, v_s) . Segmenter la séquence par Level Set.

Etape 2 Prendre un échantillon de vitesses sur les contours du myocarde synthétique que l'on identifie par (u_s^e, v_s^e) . Cette étape est réalisée par seuillage de la fonction Level Set (qui est une fonction distance).

Etape 3 Ajouter du bruit au champ de vitesse (u_s^e, v_s^e) pour obtenir un champ (ub_s^e, vb_s^e) .

Etape 4 Interpoler (ub_s^e, vb_s^e) pour λ variant de 0 à 10^5 afin d'obtenir les champs de vitesse (ub_i, vb_i) .

Etape 5 Confronter (ub_i, vb_i) au champ vrai (u_s, v_s) , en utilisant la méthode de calcul d'erreurs décrite à la section 6.3.

Etape 6 Retourner à l'étape 3 et diminuer le rapport RSB jusqu'à la valeur -6 dB.

Nous représentons sur la figure 6.2.2 ci-après les erreurs moyennes en amplitude et angulaires obtenues en fonction de λ . Les erreurs ont été mesurées à l'instant où la vitesse de déformation est maximale. Nous pouvons y constater que les erreurs sont élevées lorsque λ est petit, et décroissent vers leurs valeurs minimales quand λ atteint 10^3 , quelque soit la valeur du rapport RSB . Pour corriger les éventuelles erreurs dues au recalage des contours, λ doit donc être supérieur à 10^3 .

6.3 Validation du champ de vitesse

La validation rigoureuse des méthodes d'estimation de champ de vitesse nécessite la connaissance du champ de vitesse vrai d'une séquence référence. Une telle séquence peut être générée à partir d'une image d'une séquence réelle. Pour cela, une image réelle du myocarde d'une séquence ciné non-tagguée a

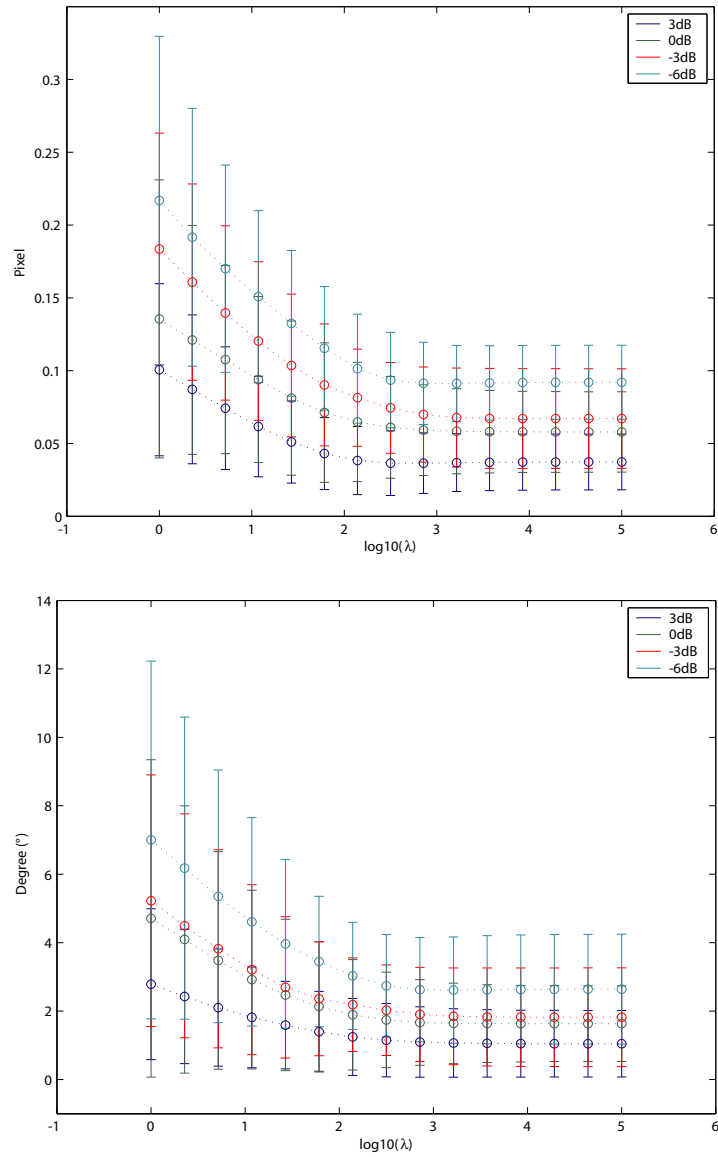


FIG. 6.1 – Le coefficient du terme de lissage λ doit être supérieur à 10^3 pour minimiser les erreurs d'estimation de la méthode TPS. (Haut) Erreur en amplitude vs λ (Bas) Erreur angulaire vs λ .

été segmentée et déformée à l'aide d'une transformation affine pour simuler le mouvement de contraction cardiaque. Ce mouvement synthétique est composé à la fois d'une rotation périodique et d'une homothétie périodique par rapport au centre de la cavité ventriculaire.

Comme il est admis que le muscle myocardique est quasiment incompressible, nous appliquons un coefficient d'homothétie proche de 1, sa valeur varie entre $[1, 1.02]$. L'angle de rotation maximale de l'image synthétique étant fixée à 12 degrés, c'est l'angle de rotation moyen de l'épicarde observé sur une coupe basale d'un individu sain [124, 125].

Nous donnons la formulation mathématique de la transformation affine appliquée. Soient $(x(t), y(t))$ les coordonnées d'un point de l'image synthétique à l'instant t . Leurs expressions en coordonnées homogènes en fonction des coordonnées du point à l'instant initial $t = 1$ s'obtiennent par :

$$\begin{pmatrix} x(t) \\ y(t) \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} s_x \cdot \cos \theta & -s_y \cdot \sin \theta & -x_0 \cdot s_x \cdot \cos \theta + y_0 \cdot s_y \cdot \sin \theta + x_0 \\ s_x \cdot \sin \theta & s_y \cdot \cos \theta & -x_0 \cdot s_x \cdot \sin \theta - y_0 \cdot s_y \cdot \cos \theta + y_0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x(1) \\ y(1) \\ 1 \end{pmatrix} \quad (6.16)$$

où (x_0, y_0) sont les coordonnées du centre du VG. s_x et s_y sont les coefficients d'une homothétie périodique de centre x_0, y_0 de la forme :

$$s_x = s_y = 1 + A \cdot (1 - \cos \theta) \quad (6.17)$$

où A est une constante égale à 0,02 afin que les coefficients soient compris dans $[1, 1.02]$. θ représente la phase du mouvement périodique. θ est égale à 0 au début ($t = 1$) et à la fin de la séquence ($t = T$) et est définie alors comme :

$$\theta = 2\pi \left(\frac{t - 1}{T - 1} \right) \quad (6.18)$$

ω correspond à l'angle de rotation du VG, il s'écrit :

$$\omega = \Omega (1 - \cos\theta) \quad (6.19)$$

avec Ω , fixé à 6 pour que la rotation maximale soit égale à 12 degrés.

La figure 6.2 présente la séquence synthétique utilisée dans la phase de validation.

L'évaluation des erreurs du champ de vitesse estimé (u, v) par rapport au champ vrai de la séquence synthétique (u_s, v_s) (figures 6.3 et 6.4), se fait ensuite selon la méthode standard décrite dans [53], où les erreurs angulaire ψ_e et en amplitude N_e sont calculées à l'aide des relations suivantes :

$$\psi_e = \arccos \left(\frac{u \cdot u_s + v \cdot v_s + 1}{\sqrt{(u^2 + v^2 + 1)(u_s^2 + v_s^2 + 1)}} \right) \quad (6.20)$$

$$N_e = \sqrt{(u - u_s)^2 + (v - v_s)^2} \quad (6.21)$$

Rappelons que l'avantage d'utiliser ces mesures réside dans le fait que l'amplitude de la vitesse n'est pas intégrée dans le calcul. Les erreurs sont alors toujours définies et évaluées correctement sans aucune amplification, ce qui n'est pas le cas des erreurs relatives.

6.4 Résultat et discussions

Nous présentons maintenant ici les résultats de la confrontation de nos méthodes avec les méthodes standard existant. Nous quantifions la précision de chaque méthode en mesurant sur une séquence synthétique les erreurs moyennes et l'écart-type entre la vitesse estimée et sa valeur vraie.

6.4.1 Comparaison entre FO standard et FOC

Commençons par comparer le FOC avec la méthode générique de Horn et Schunck. Nous représentons sur la figure 6.4.1 les erreurs en amplitude et

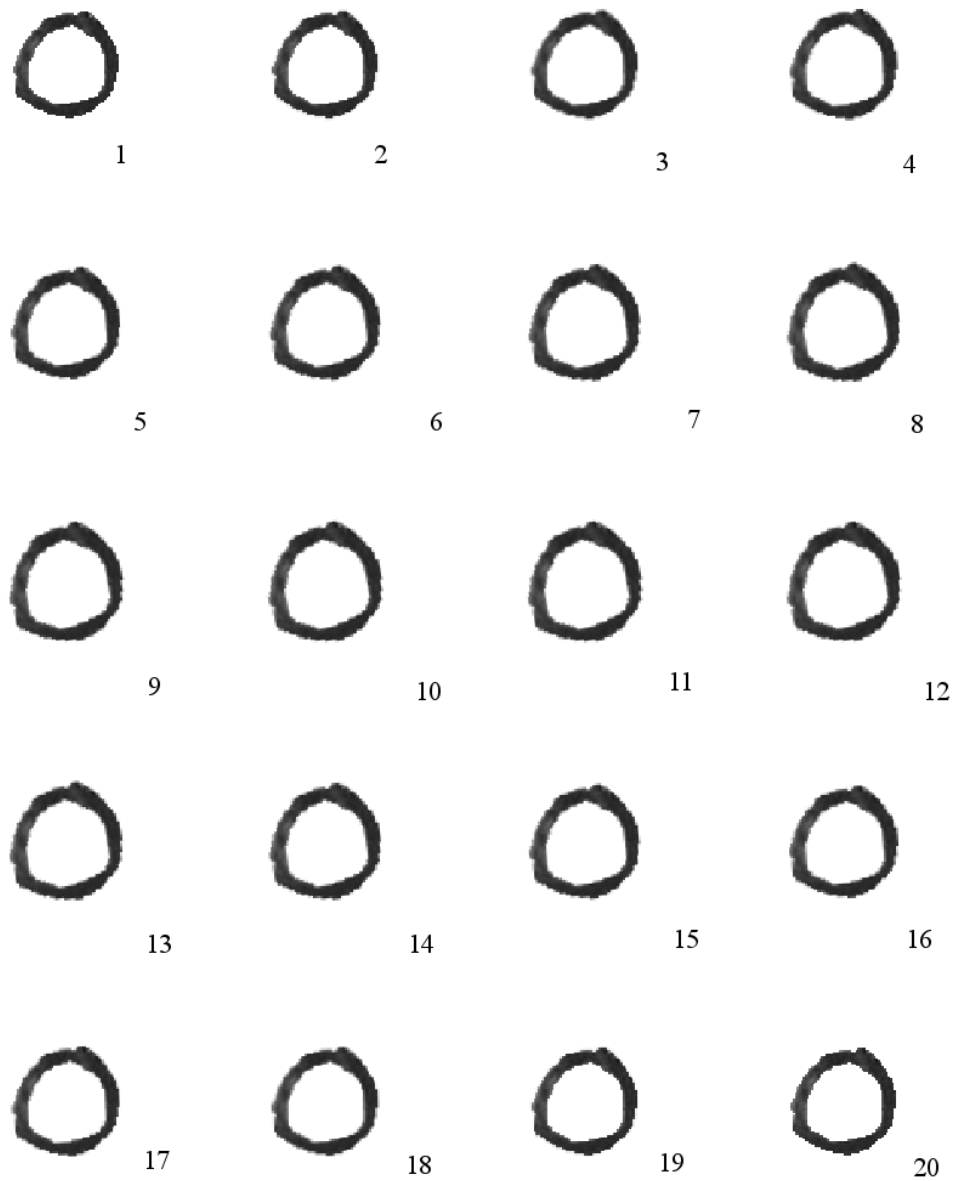
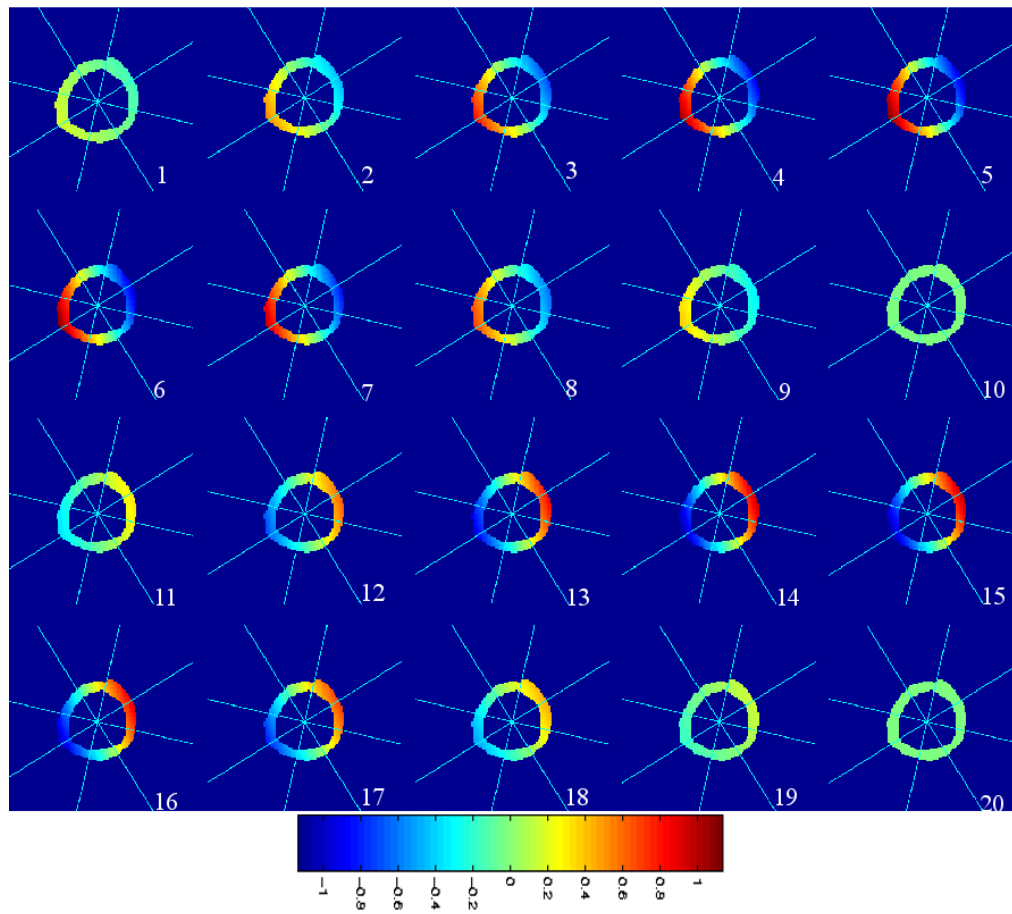
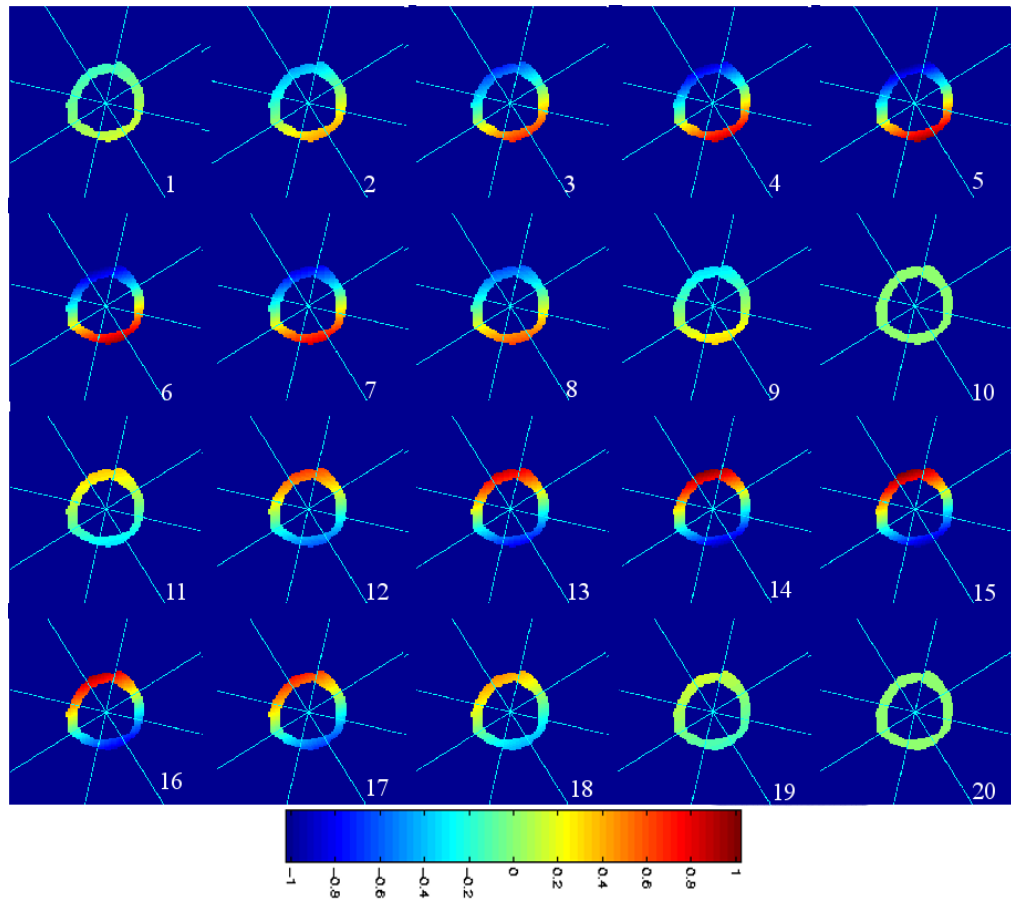


FIG. 6.2 – Séquence synthétique obtenue par une homothétie et une rotation périodique.

FIG. 6.3 – Composante u_s du champ de vitesse de la séquence synthétique.

FIG. 6.4 – Composante v_s du champ de vitesse de la séquence synthétique.

angulaires obtenues. On voit que les erreurs de notre méthode FOC sont plus faibles. L'utilisation de la vitesse des contours pour contraindre le flot optique améliore le résultat de l'estimation.

6.4.2 Comparaison entre TPS et Interpolation

Comparons maintenant la méthode TPS avec la méthode d'interpolation bicubique sur la même séquence synthétique. Pour ce faire, il faut apparier les contours du myocarde synthétique comme avec les séquences réelles, à l'aide de la méthode décrite au chapitre précédent afin de disposer de la vitesse à interpoler.

La figure 6.4.2 suivante montre les erreurs d'estimation obtenues avec ces deux méthodes. On voit que le meilleur résultat est obtenu avec la méthode TPS.

6.4.3 Comparaison entre TPS et FOC

D'après les figures 6.4.1 et 6.4.2 précédentes, TPS et FOC fournissent des résultats quasiment identiques en terme de précision sur des images synthétiques. Les erreurs moyennes du FOC sont légèrement plus faibles, mais leur écart-type est plus grand par rapport à celles de la TPS. Dans le cas d'une séquence réelle, la méthode TPS doit fournir un résultat plus précis car elle est insensible aux bruits.

6.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons testé une méthode d'interpolation existante et proposé une méthode fondée sur le flot optique dans le cadre de l'estimation du champ de vitesse intra-myocardique. La méthode que nous avons proposée est une méthode d'amélioration qui consiste à introduire dans le schéma de résolution du flot optique une contrainte de vitesse supplémentaire. Testée sur une séquence synthétique, notre méthode est plus performante que la méthode

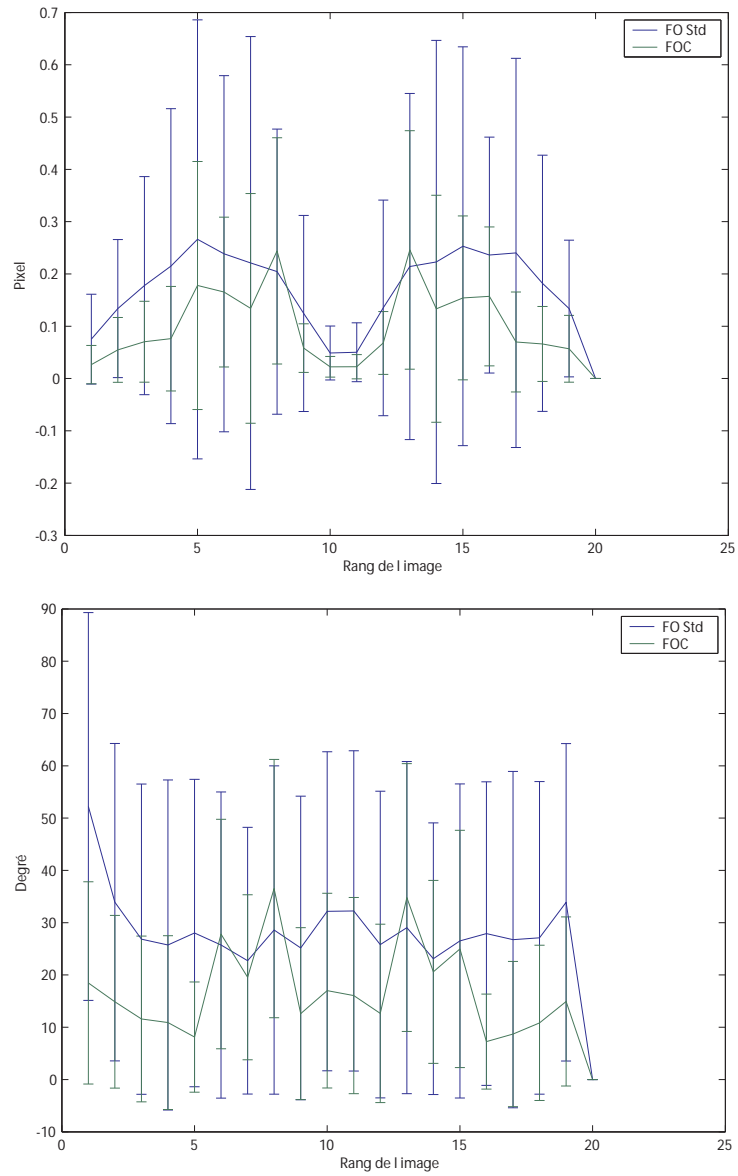


FIG. 6.5 – Comparé à la méthode standard de Horn et Schunck, notre FOC produit moins d’erreurs sur une séquence d’images synthétique. (Haut) Erreurs en amplitude (Bas) Erreurs angulaires.

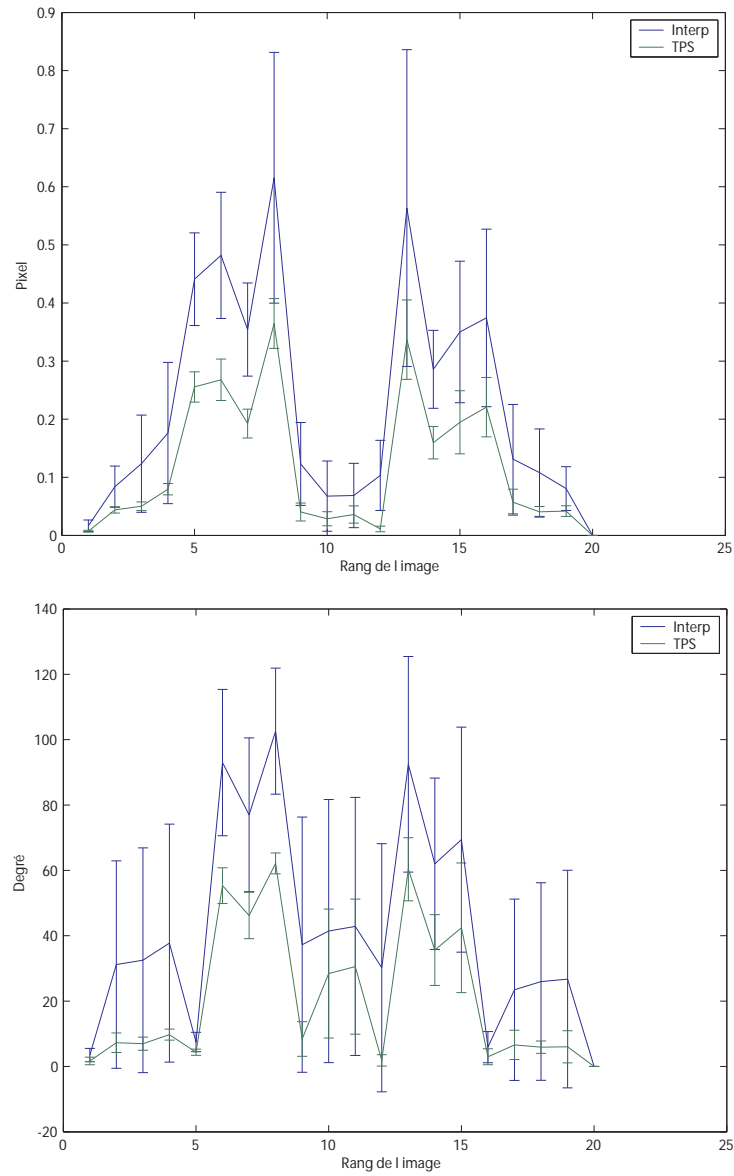


FIG. 6.6 – La méthode des plaques minces fournit un résultat plus précis que la méthode d’interpolation bicubique, sur une séquence d’images synthétique. (Haut) Erreurs en amplitude (Bas) Erreurs angulaires.

de Horn et Schunck en terme de précision. Dans le chapitre suivant, nous nous servons du champ de vitesse obtenu afin d'évaluer les déformations locales du myocarde.

Chapitre 7

Analyse des déformations myocardiques

7.1 Evaluation de la contractilité

Nous analysons maintenant dans ce chapitre le mouvement intra-myocardique mesuré dans le chapitre précédent afin de quantifier la fonction contractile du cœur. Précisément, nous allons évaluer localement l'allongement radial et le raccourcissement circonférentiel du VG en faisant appel à la théorie de la mécanique des milieux continus. La démarche nécessite la détermination préalable du champ de déplacement du myocarde, et les tenseurs des déformations de Green-Lagrange associés, que nous rappelons ci-après. Ensuite, nous calculons les déformations locales, et les comparons avec celles fournies par la méthode HARP. Nous soumettons enfin nos résultats à des cliniciens cardiologues pour les valider visuellement.

Rappelons qu'en cinématique, le déplacement, noté \vec{D} , d'un point matériel p à l'instant t par rapport à la configuration de référence à l'instant t_0 est défini par le vecteur :

$$\vec{D}(p, t) \equiv \vec{x}(p, t) - \vec{x}(p, t_0) \quad (7.1)$$

où $\vec{x}(p, t)$ désigne les coordonnées du point p à l'instant t .

Nous pouvons calculer facilement ce champ de déplacement en effectuant la somme cumulée de la vitesse Lagrangienne. Ce qui revient à sommer le champ de vitesses \vec{v} que nous avons calculé au chapitre précédent en suivant chaque point du myocarde entre l'instant t_0 et l'instant t . Ce qui donne :

$$\vec{D}(p, t) = \sum_{\tau=0}^{t-1} \vec{v}(p, \tau) \quad (7.2)$$

Par convention, l'instant de référence t_0 est fixé à la télédiastole. Le déplacement télé-diastolique est de ce fait nul.

Le champ de déplacement peut être ensuite lié au tenseur des déformations de Green-Lagrange $\bar{\bar{E}}$ par :

$$\bar{\bar{E}} = \frac{1}{2}(\nabla \vec{D} + \nabla \vec{D}^T + \nabla \vec{D} \cdot \nabla \vec{D}^T) \quad (7.3)$$

Le tenseur des déformations de Green-Lagrange nous permettra par la suite d'évaluer les déformations locales, notamment l'allongement radial et le raccourcissement circonférentiel.

Par définition, l'allongement à l'instant t dans la direction \vec{n} quelconque d'un élément de surface infinitésimale de côté dl est donné par l'expression :

$$E_{\vec{n}} = \frac{dl(t) - dl(t_0)}{dl(t_0)} \quad (7.4)$$

et dans le domaine des petites déformations, cet allongement peut s'écrire sous la forme :

$$E_{\vec{n}} = \sqrt{2\bar{\bar{E}}(\vec{n}, \vec{n}) + 1} - 1 \quad (7.5)$$

Afin d'évaluer les déformations normales et tangentielles, nous sommes conduits à définir les vecteurs unitaires \vec{n}_R et \vec{n}_T correspondants. Le vecteur unitaire radial au point M est déterminé par :

$$\vec{n}_R = \frac{\vec{OM}}{\|\vec{OM}\|} \quad (7.6)$$

où le point O désigne le centre de la cavité cardiaque que l'on doit positionner manuellement et

$$\langle \vec{n}_T, \vec{n}_R \rangle = 0 \quad (7.7)$$

La figure 7.1 montre l'orientation du champ de vecteur unitaire radial sur un myocarde sain et pathologique.

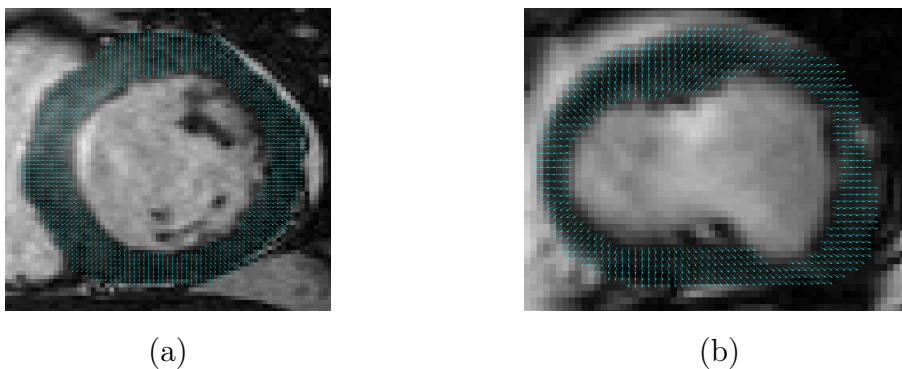


FIG. 7.1 – Illustration de l'orientation du champ de vecteur unitaire radial. (a) Myocarde de forme normale, (b) Myocarde très abimé par un infarctus latéral.

Enfin, nous pouvons aussi évaluer l'allongement dans les directions principales de déformation \vec{n}_i par la relation :

$$E_{\vec{n}_i} = \sqrt{2E_i + 1} - 1 \quad (7.8)$$

où E_i désignent les valeurs propres de $\bar{\bar{E}}$ et \vec{n}_i les vecteurs propres associés.

Nous illustrons sur les figures 7.2 et 7.4 l'allongement radial, noté E_{rr} estimé sur deux séquences appartenant à un sujet sain et un patient souffrant d'infarctus antérieur. La figure 7.2 montre qu'à la systole l'allongement radial est important et assez homogène tout autour du VG, tandis que la figure 7.4 présente un allongement négatif, c'est à dire un amincissement de la paroi ventriculaire, sur la zone antérieure. Dans le cas pathologique, seule la zone inférolatérale assure normalement la fonction contractile du cœur. Ainsi, l'affichage permet déjà l'identification des régions comportant des mouvements anormaux, mais pour que ces mesures puissent être utilisées dans la pratique

clinique il faudra les valider. Nous validons alors notre méthode au moyen d'une part de mesures de mouvement obtenues par la méthode HARP et d'autre part d'évaluations visuelles réalisées par des cliniciens cardiologues.

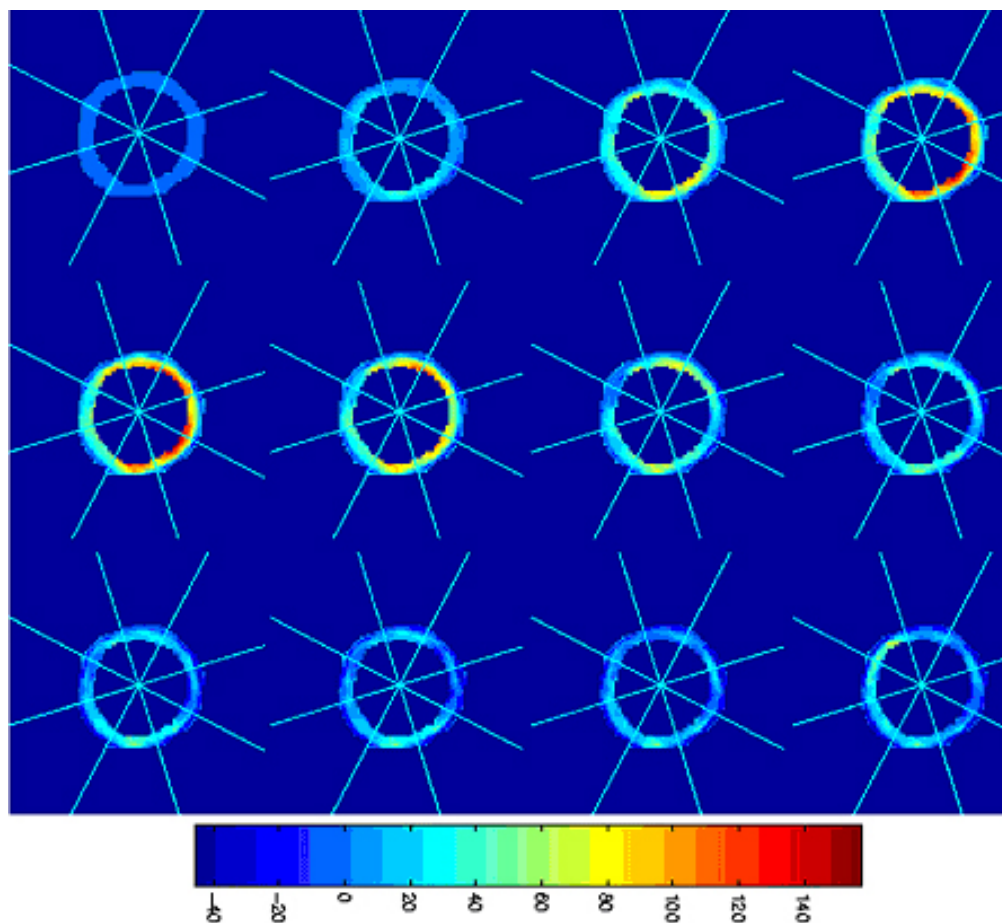


FIG. 7.2 – Allongement radial E_{rr} (%) du myocarde pour un sujet sain. A la systole, l'épaississement est important et assez homogène tout autour du VG

7.2 Comparaison avec la méthode HARP

Le but de la section suivante est de confronter nos mesures de déformation avec celles de la méthode HARP, qui exploite les séquences IRM taggées. Nous

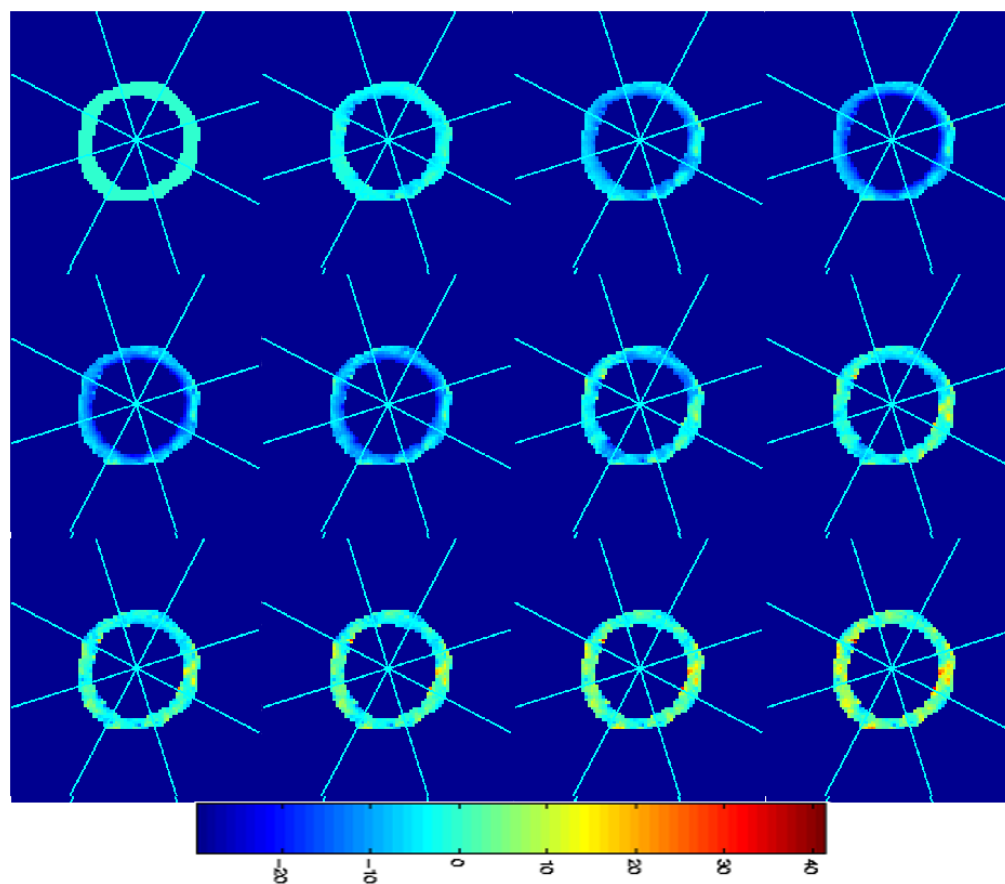


FIG. 7.3 – Raccourcissement circonférentiel E_{cc} (%) du myocarde pour le sujet sain. A la systole, la déformation est importante sur l'endocarde.

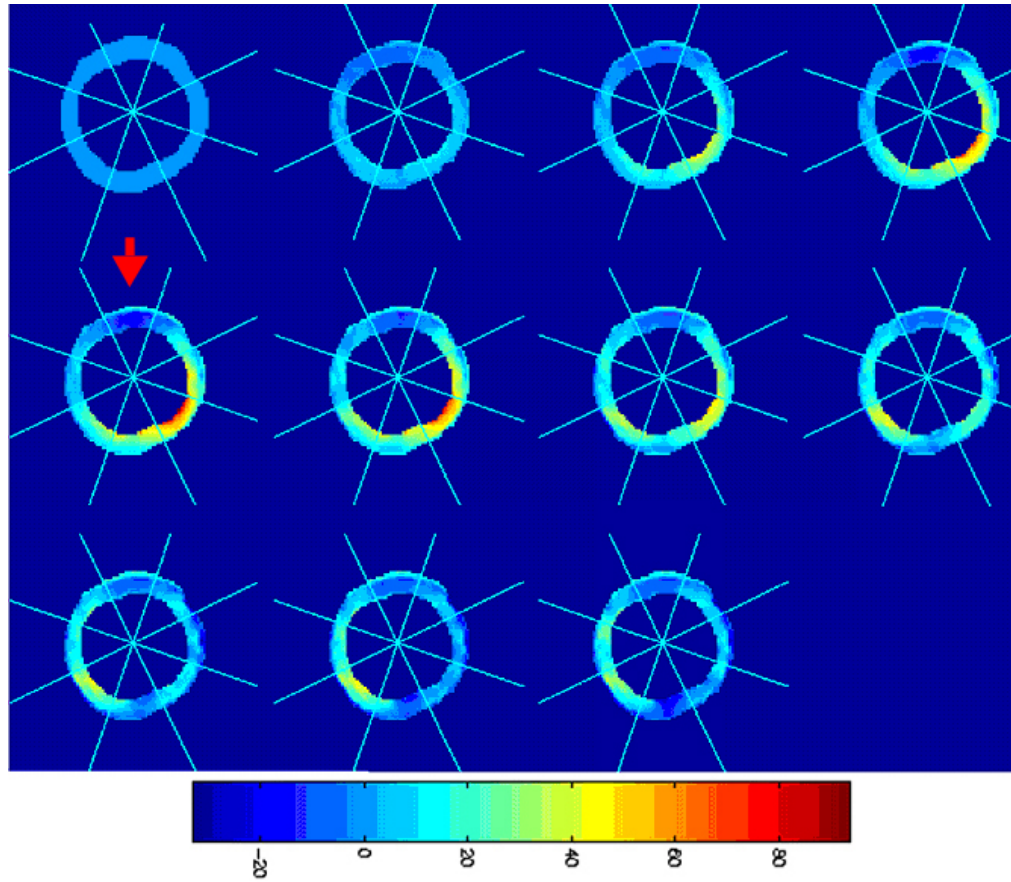


FIG. 7.4 – Allongement radial E_{rr} (%) du myocarde pour un patient atteint d'un infarctus antérieur aigu. La flèche montre une zone d'amincissement anormal de la paroi ventriculaire.

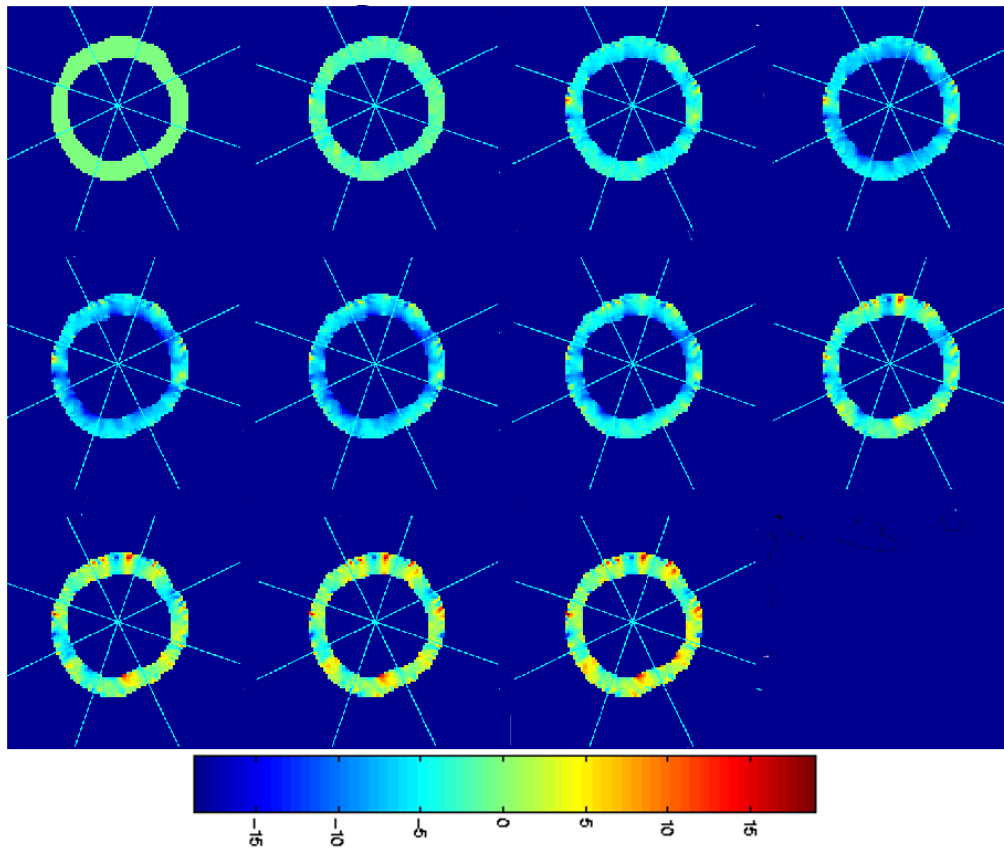


FIG. 7.5 – Raccourcissement circonférentiel E_{cc} (%) du myocarde pour le patient atteint d'un infarctus antérieur.

présentons en premier lieu le protocole d'acquisition de ces images taggées et leurs caractéristiques puis nous décrivons les procédures mises en œuvre pour comparer concrètement les déformations mesurées.

Les séquences d'images IRM taggées ont été fournies, comme les séquences ciné-IRM analysées pendant cette thèse, par le Département d'Imagerie de l'Hôpital Henri Mondor à Créteil. Ces images taggées ont été acquises exactement aux mêmes positions de coupe, en apnée et à la même position du diaphragme (en fin d'expiration) qu'en ciné-IRM, sur un imageur Symphony 1.5 Tesla de Siemens (Erlangen-Germany), en utilisant la technique de marquage ECG-gated SPAMM et un écho de gradient rapide.

Nous regroupons dans le tableau 7.1 les principales caractéristiques des images taggées analysées.

| | |
|---|----------------|
| Champ de vue | 360 mm |
| Espacement des lignes de tag | 6 mm |
| Temps de répétition TR | 3.1 ms |
| Temps d'écho TE | 2.1 ms |
| Résolution temporelle | 50 ms |
| Nombre d'apnées par niveau de coupe | 1 |
| Durée de l'apnée (selon la fréquence cardiaque) | 8 à 14s |
| Epaisseur de la coupe | 6 mm |
| Résolution de l'image | 256x160 pixels |

TAB. 7.1 – Caractéristiques des séquences IRM taggées.

Les images taggées ont été analysées à l'hôpital à l'aide du logiciel Diagnosoft par un spécialiste tandis que nous traitons les ciné-IRM au laboratoire. Pour avoir un référentiel commun permettant de comparer les mêmes zones du VG, il convient de partitionner le myocarde en secteurs nommés segments. Une

coupe basale a été donc divisée en 8 segments comme l'illustre la figure (7.6). Les segments sont ensuite identifiés et numérotés par rapport à la position du point de jointure inférieur du VG droit et gauche. Le centre des segments est positionné manuellement au milieu de la cavité ventriculaire. Par conséquent, un léger décalage spatial pourra avoir lieu entre le référentiel des séquences taggées et ciné générant des erreurs dont il faudra tenir compte dans l'interprétation du résultat de la comparaison.

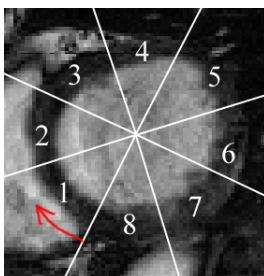


FIG. 7.6 – Sectorisation du myocarde en 8 segments.

Il faut également signaler que, du fait de la faible résolution spatiale des lignes de tag, les déformations locales issues de la méthode HARP que nous allons comparer ici, ont dû être mesurées au centre de chaque secteur par un clinicien. Afin de proposer une mesure équivalente à partir de notre méthode, nous utilisons pour la confrontation, la moyenne des déformations locales sur chaque secteur.

Enfin, il aurait fallu valider les deux composantes circonférentielle E_{cc} et radiale E_{rr} de la déformation à l'aide de la méthode HARP. Cependant, la comparaison de E_{rr} n'a pu être effectuée car la licence d'utilisation du logiciel Diagnosoft n'a pas été renouvelée au cours de cette phase de validation, pour de simples considérations financières.

La figure 7.7 illustre le résultat de la comparaison du raccourcissement circonférentiel E_{cc} par la méthode HARP et la méthode du flot optique contraint.

L'allure de la courbe correspond aux mouvements du myocarde car on observe une phase de relaxation rapide suivie d'une autre un peu plus lente sur les séquences. On voit aussi que les mesures fournies par notre méthode sont très proches de celles données par la méthode HARP.

Sur l'ensemble des 16 séquences traitées, le coefficient de corrélation entre notre courbe et celle de HARP atteignent 0,97 en début du cycle cardiaque (voir Fig. 7.8). Un écart apparaît ensuite à partir de la systole, que nous attribuons à la disparition des lignes de tag. En affichant les allongements circonférentiels estimés selon les deux méthodes avec la représentation graphique de Bland et Altman (voir Fig. 7.9) à chaque instant, on peut constater aussi cette bonne correspondance des mesures au début du cycle ($t = 1$ à 5) car les points sont assez regroupés à l'intérieur de l'intervalle moyenne-différence ± 2 écart-type.

Cette correspondance se dégrade ensuite à l'approche de la systole ($t = 6,7$), au moment où les grilles de tag commencent à s'évanouir.

7.3 Evaluation clinique

En complément de la validation du raccourcissement circonférentiel avec la méthode HARP, nous avons effectué une évaluation visuelle de nos mesures. Les séquences IRM ont été soumises à deux cardiologues experts, et bien entraînés à l'évaluation de la contraction myocardiaque pour répartir les 128 segments des 16 séquences analysées en 4 groupes : normale, hypokinétique, akynétique et dyskinétique selon leur mouvement.

Nous pouvons ensuite représenter le raccourcissement circonférentiel de chaque segment en fonction de l'état pathologique observé.

La figure 7.10 montre qu'il existe une faible correspondance entre les atteintes ischémiques et le raccourcissement circonférentiel évalué par notre méthode. Il est difficile de faire la discrimination des classes pathologiques à partir de E_{cc} .

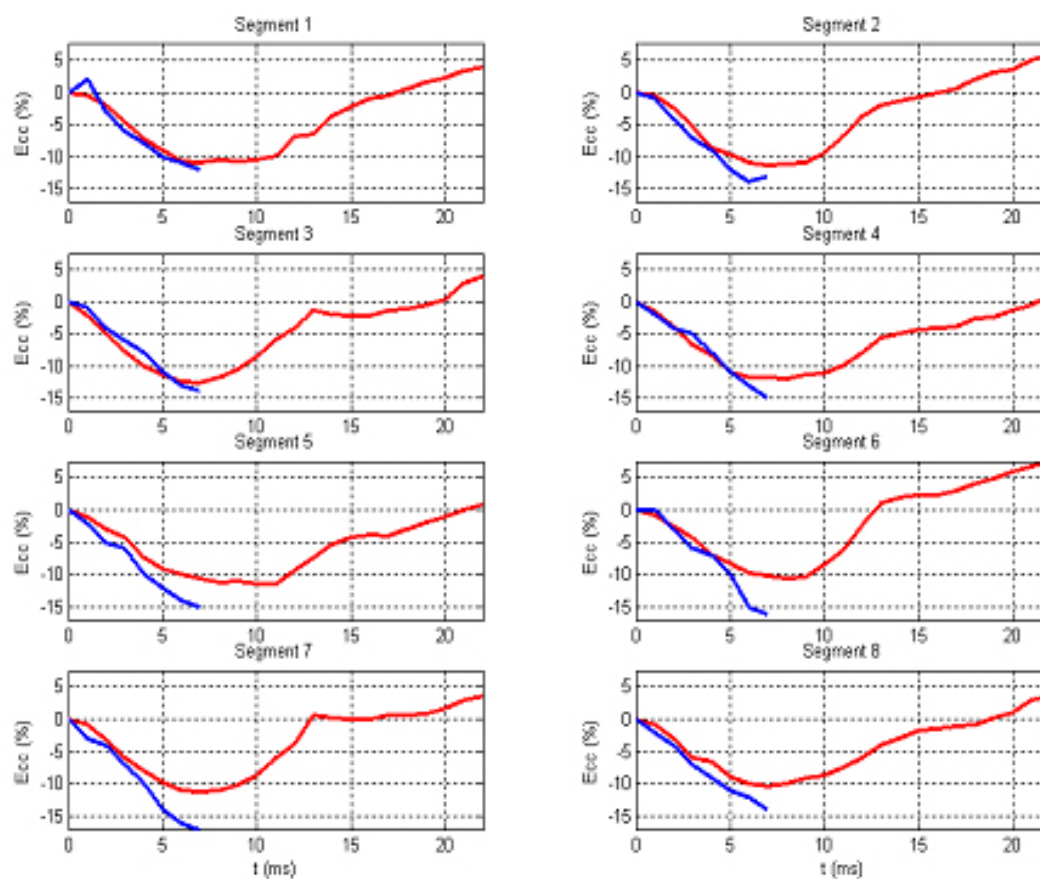


FIG. 7.7 – Illustration du raccourcissement circonférentiel E_{cc} estimé par la méthode HARP au centre de chaque secteur (courbe bleue) et du raccourcissement circonférentiel moyen déterminé par notre méthode (courbe rouge) sur les 8 segments d'un myocarde sain.

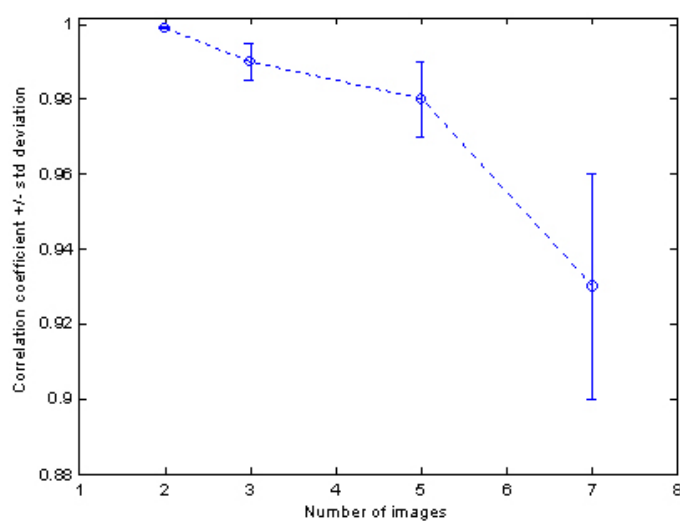


FIG. 7.8 – Variation du coefficient de corrélation entre les courbes du raccourcissement moyen sur 128 segments (16 sequences x 8 segments).

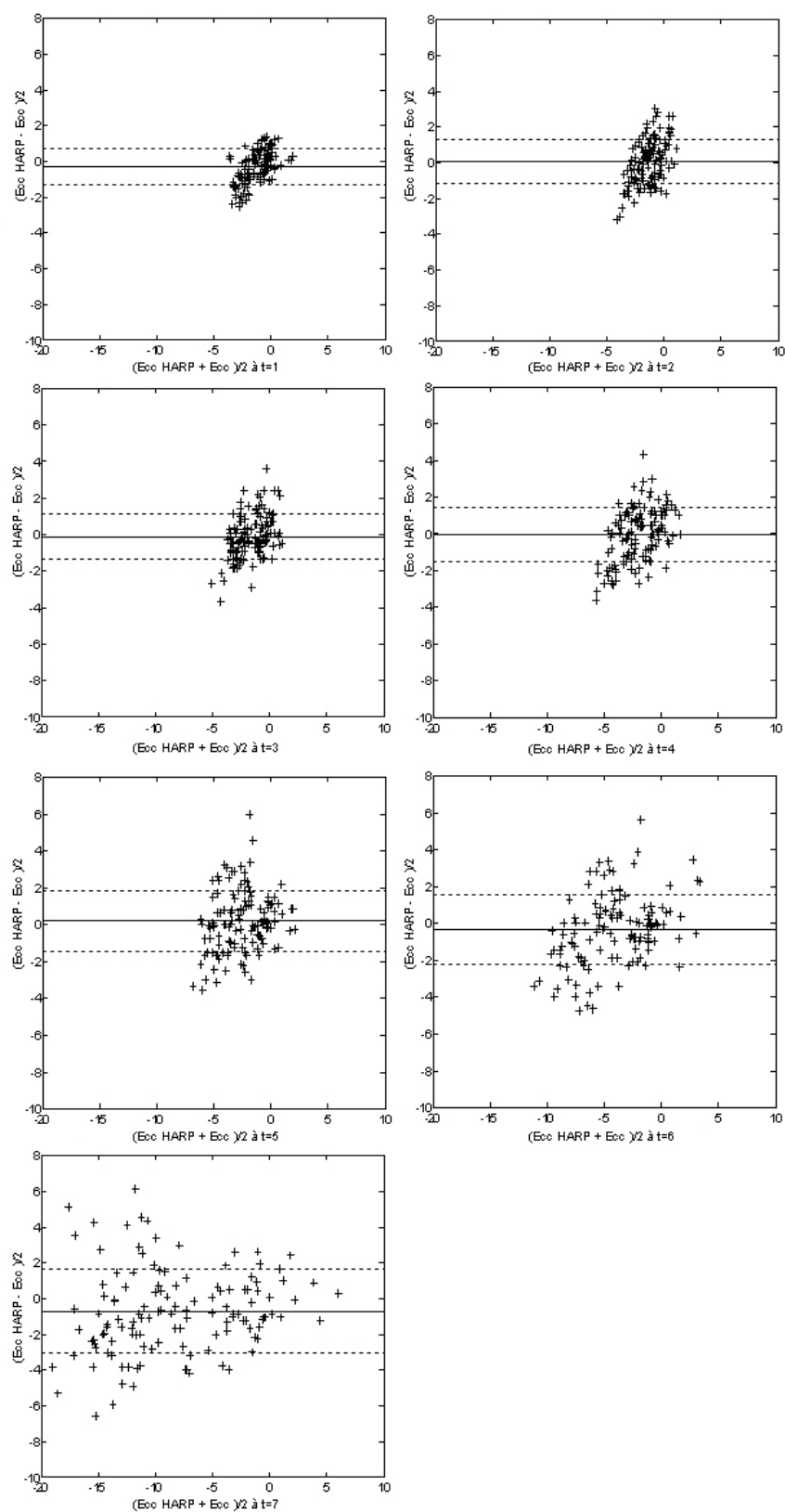


FIG. 7.9 – Graphes de type Bland-Altman représentant le raccourcissement circonférentiel moyen, du début de la contraction (temps $t = 1$) jusqu'à la télésystole ($t = 7$).

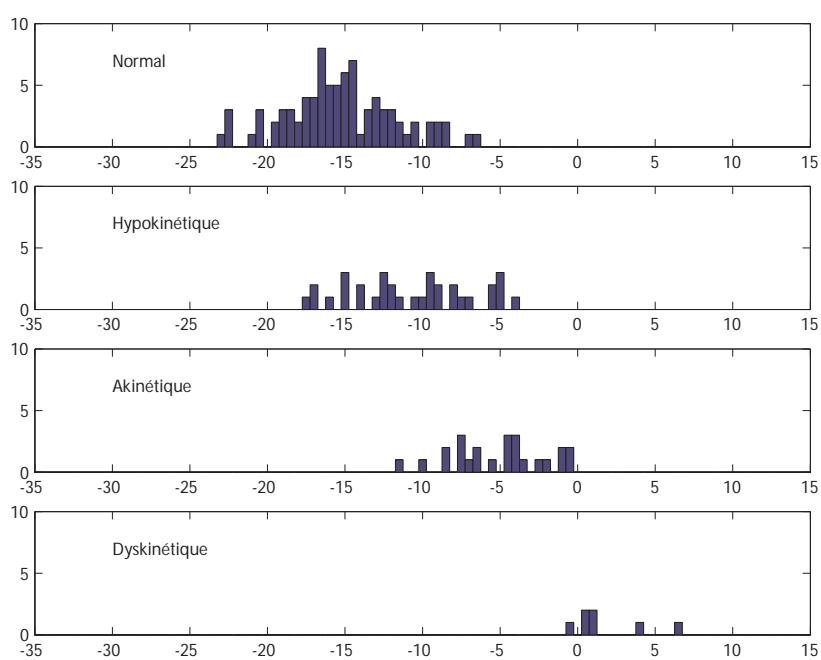


FIG. 7.10 – Histogramme du raccourcissement circonférentiel myocardique E_{cc} selon les 4 états cliniques. L'axe des abscisses représente la valeur de E_{cc} en (%).

Chapitre 8

Conclusion générale

Une nouvelle méthode d'évaluation des déformations locales du ventricule gauche sur des séquences ciné-IRM standard non marquées a été présentée dans ce travail de thèse.

Nous avons adapté la méthode standard des ensembles de niveaux pour extraire les contours internes et externes du VG. Le procédé de segmentation est directement appliqué sur un ensemble d'images pseudo-volumiques $2D+t$. Ceci conduit à une méthode de segmentation efficace qui tient compte à la fois des contraintes de continuité spatiales et temporelles. La segmentation a été effectuée sur une séquences prétraitées avec une technique de rehaussement d'intensité et d'une fermeture morphologique pour l'endocarde afin de supprimer les muscles papillaires, et une méthode de rehaussement par amplification des maxima régionaux pour l'épicarde. Le champ de vitesse des contours endocardique et epicardique a été ensuite estimé par la méthode de mise en correspondance géométrique développée au LISSI. Cette approche est fondée sur la méthode ICP et la méthode de morphing par Levelset. cette méthode a permis d'obtenir un résultat correct exempté d'appariements multiples incohérents. Notre contribution consiste à appliquer cette méthode sur les contours epicardiques. Nous avons ensuite évalué et validé le champ de déplacement in-

tramyocardique afin de calculer les déformations locales relatives au raccourcissement circonférentiel et à l'allongement radial du VG. L'approche consiste à contraindre une méthode d'estimation de flot optique standard avec le déplacement des contours évalués précédemment afin de s'affranchir du problème d'ouverture bien connu des méthodes différentielles. En confrontant le résultat du flot optique standard avec celui du flot optique contraint sur une séquence d'image synthétique, notre méthode reste avantageuse en terme de précision. L'erreur de la méthode du flot optique contraint est cependant pratiquement identique à celle de la méthode d'interpolation par plaques minces. Les déformations locales obtenues sur des séquences réelles sont assez proches de celles obtenues par la méthode HARP qui exploitent des images marquées. Les premières estimations des déformations radiales obtenues ont permis de mettre en évidence la présence des anomalies de contraction sur les séquences ciné-IRM.

L'intérêt principal de notre approche est la possibilité d'accès aux déformations locales en tout point de l'image.

L'approche proposée a fait l'objet de quelques communications nationale et internationale [126, 127, 128].

En perspectives, il importe de créer une séquence d'images synthétique plus réaliste capable de modéliser les déformations réelles d'un myocarde sain et pathologique pour améliorer la phase de validation. Il est également nécessaire d'étendre l'analyse en 4D afin de tenir compte des déformations longitudinales du VG. Ceci ne devrait pas poser de problème car toutes les approches proposées dans ce travail de thèse sont facilement extensibles en 4D. Enfin, il est intéressant de recouper les déformations locales obtenues avec les informations sur la localisation des régions infarctées fournies par les images de rehaussement tardif correspondantes.

Annexe A

Séquences ciné-IRM analysées

Nous montrons ici les séquences d'image ciné-IRM traitées dans ce travail de thèse. L'acquisition a été faite au niveau de la base.

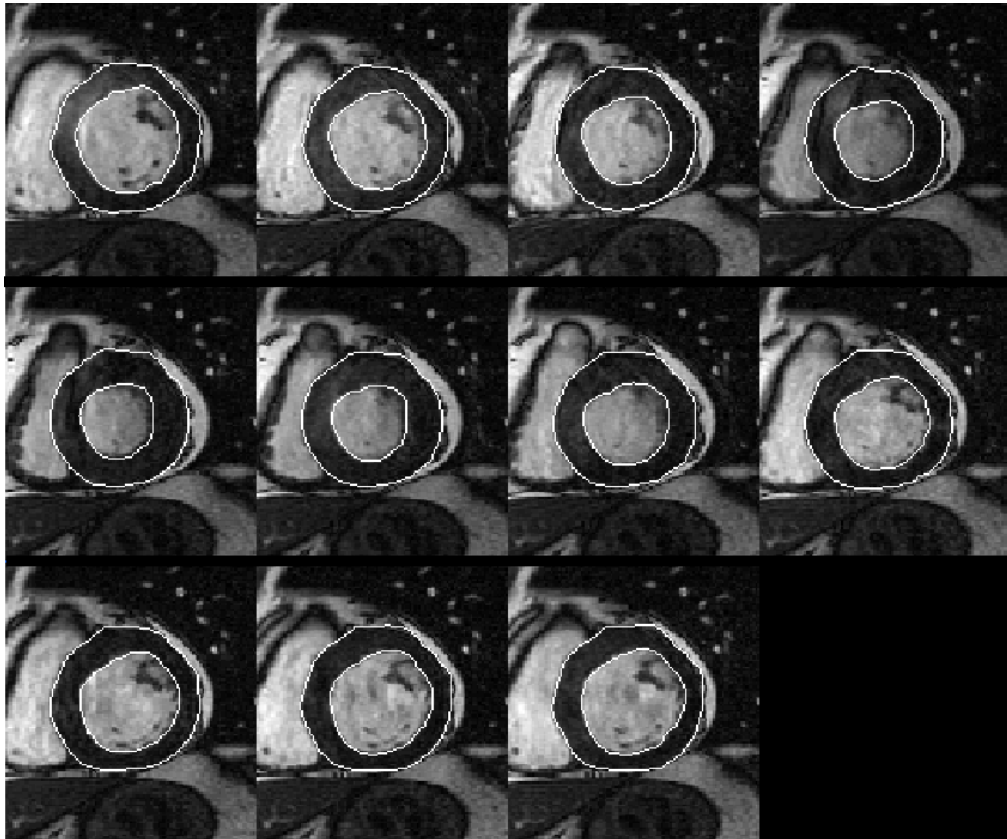


FIG. A.1 – ciné-IRM d'un volontaire sain



FIG. A.2 – ciné-IRM d'un volontaire sain.



FIG. A.3 – ciné-IRM d'un volontaire sain.

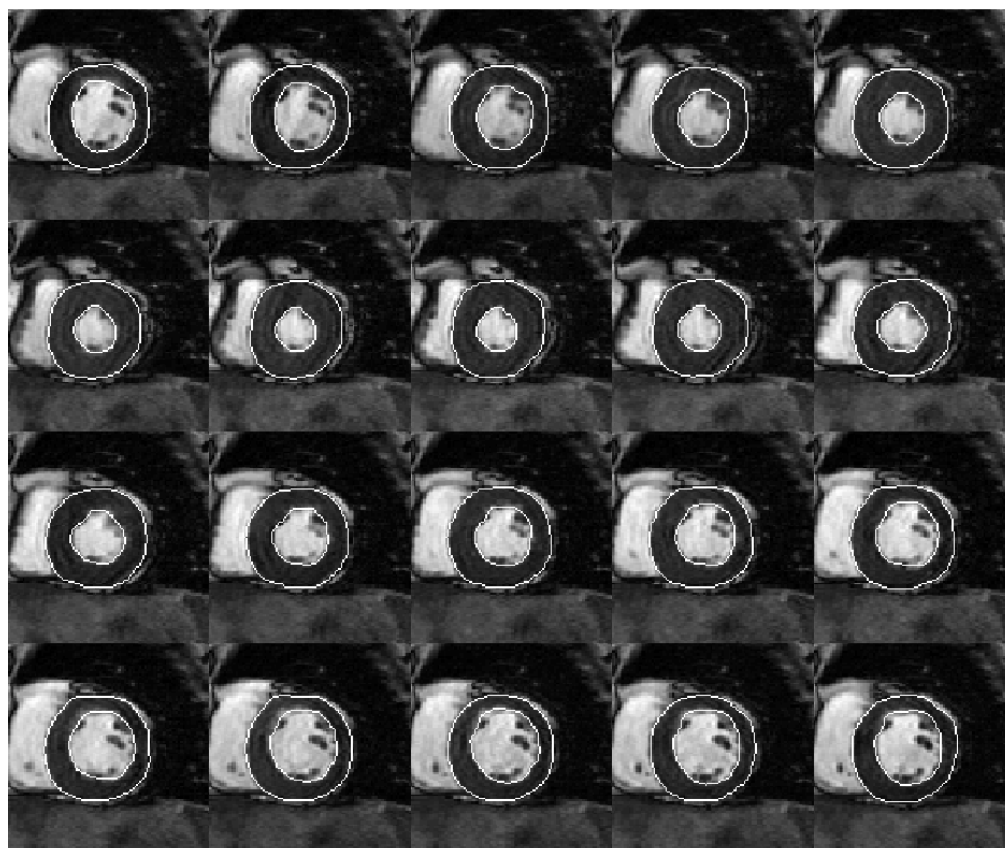


FIG. A.4 – ciné-IRM d'un volontaire sain

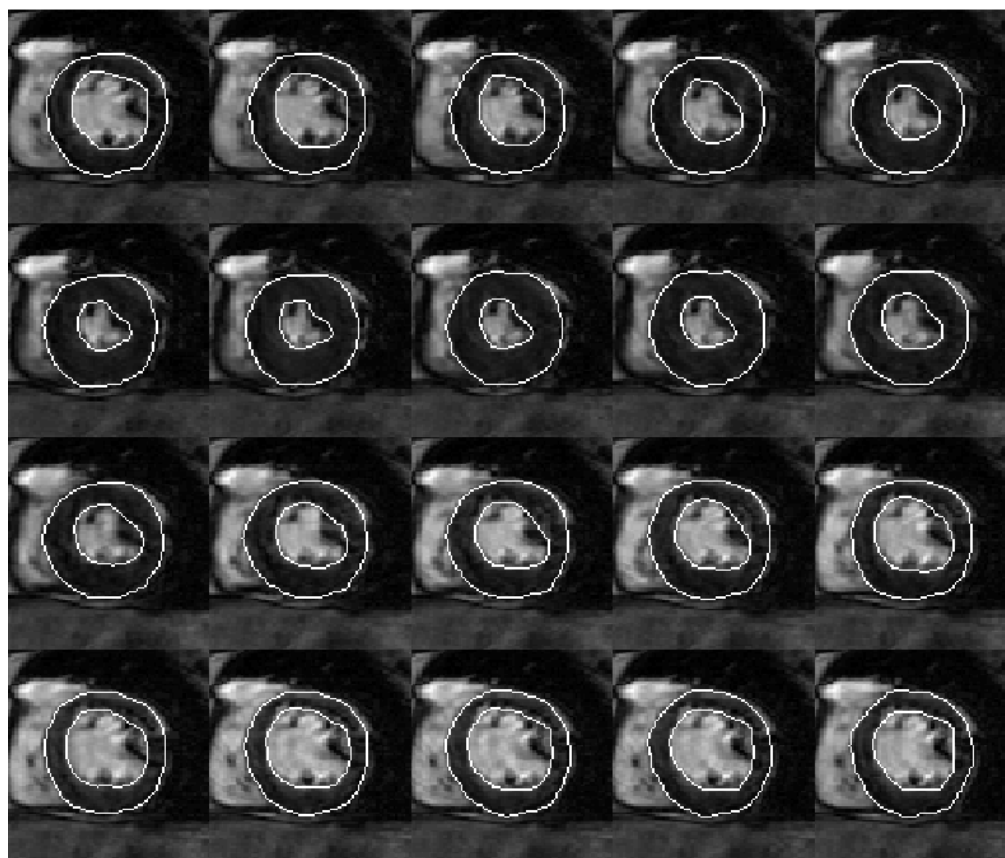


FIG. A.5 – ciné-IRM d'un volontaire sain

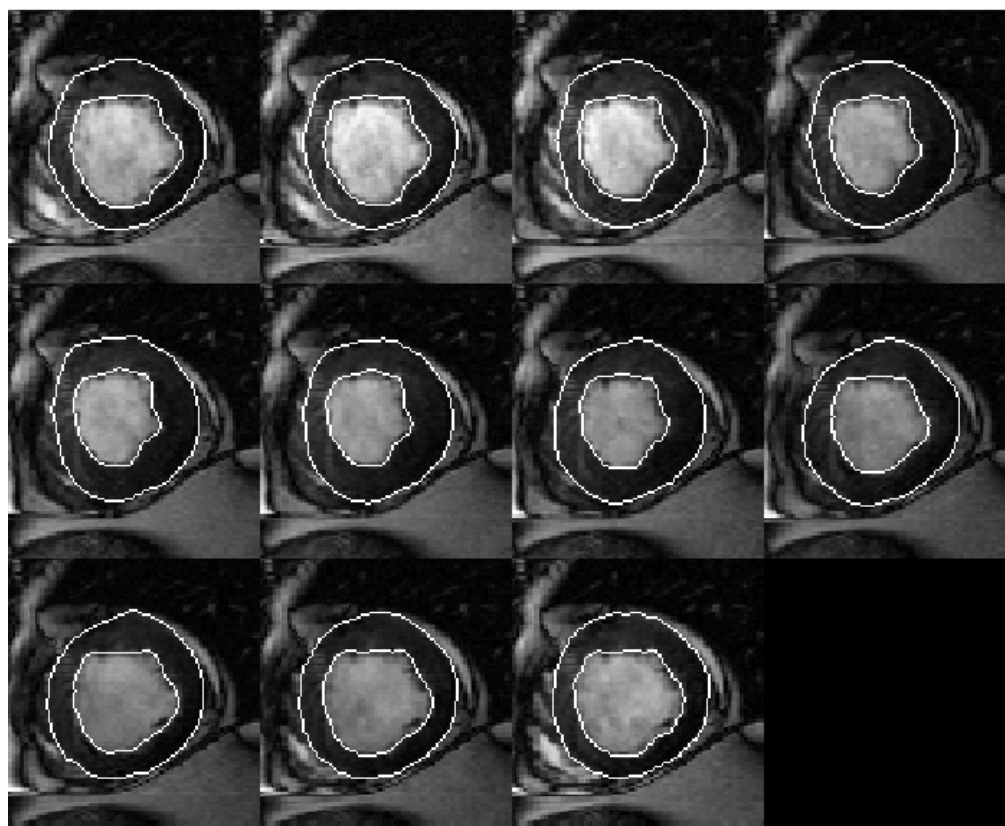


FIG. A.6 – ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus antérieur

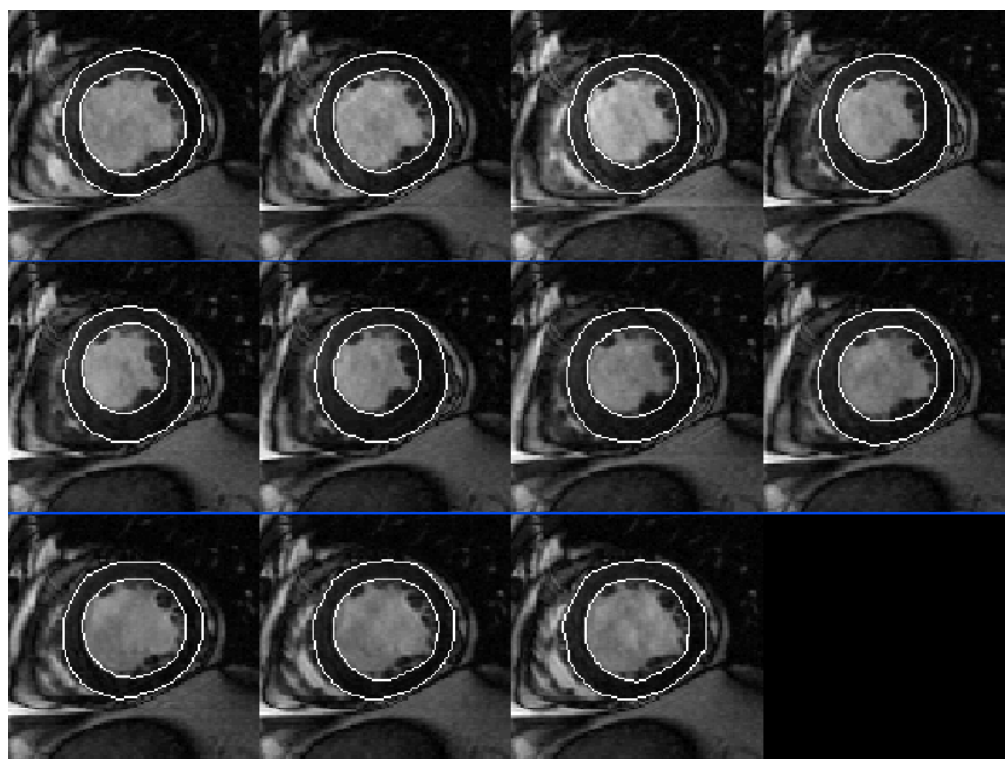


FIG. A.7 – ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus antérieur

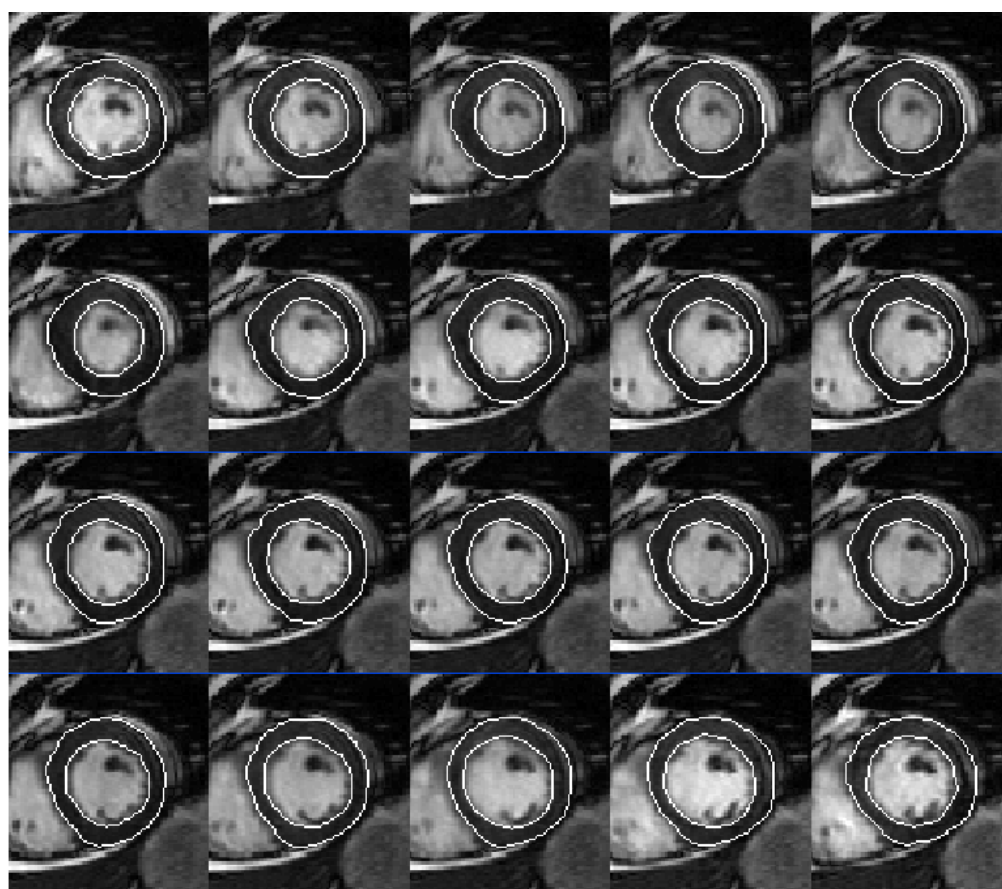


FIG. A.8 – ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus antérieur

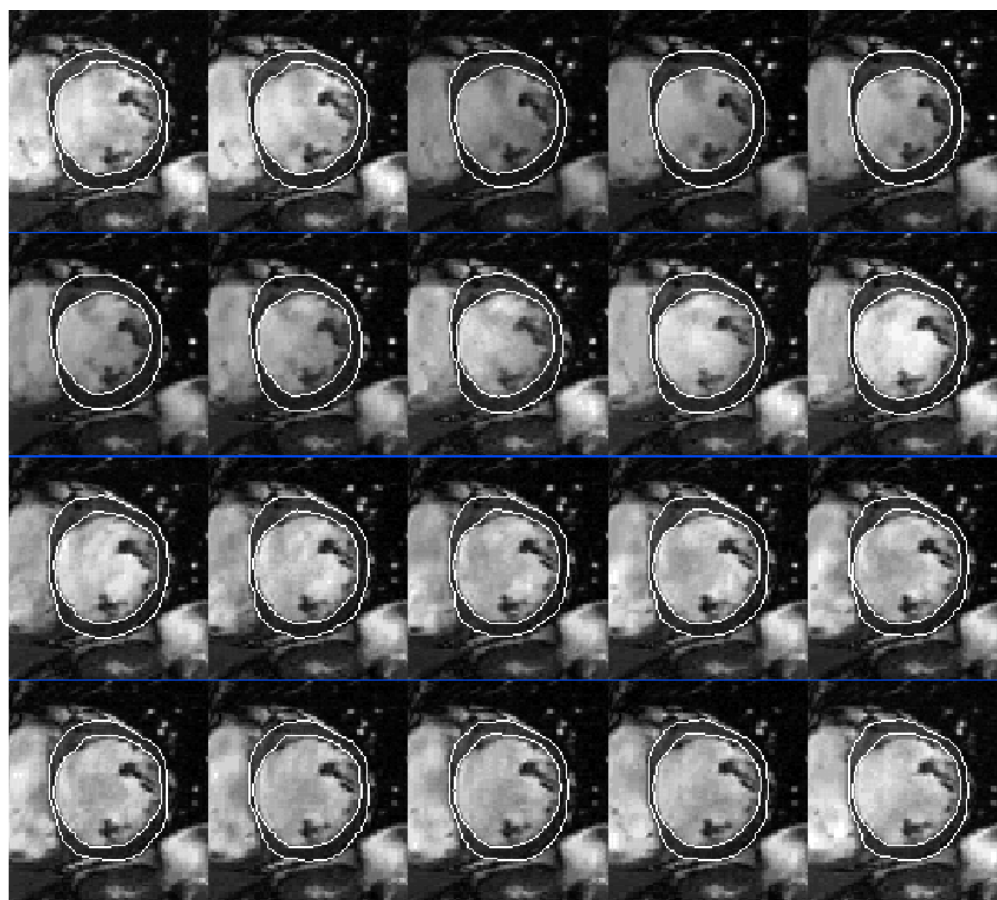


FIG. A.9 – ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus antérieur

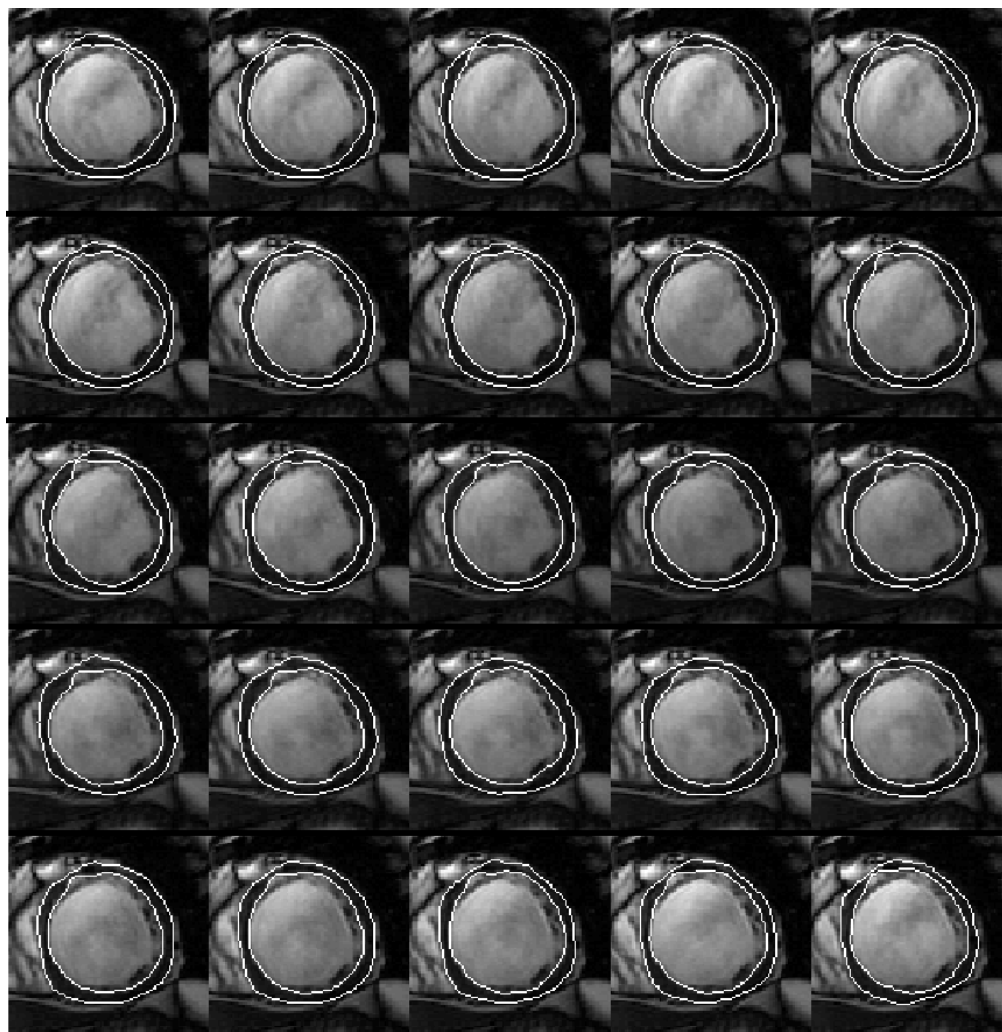


FIG. A.10 – ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus antérieur

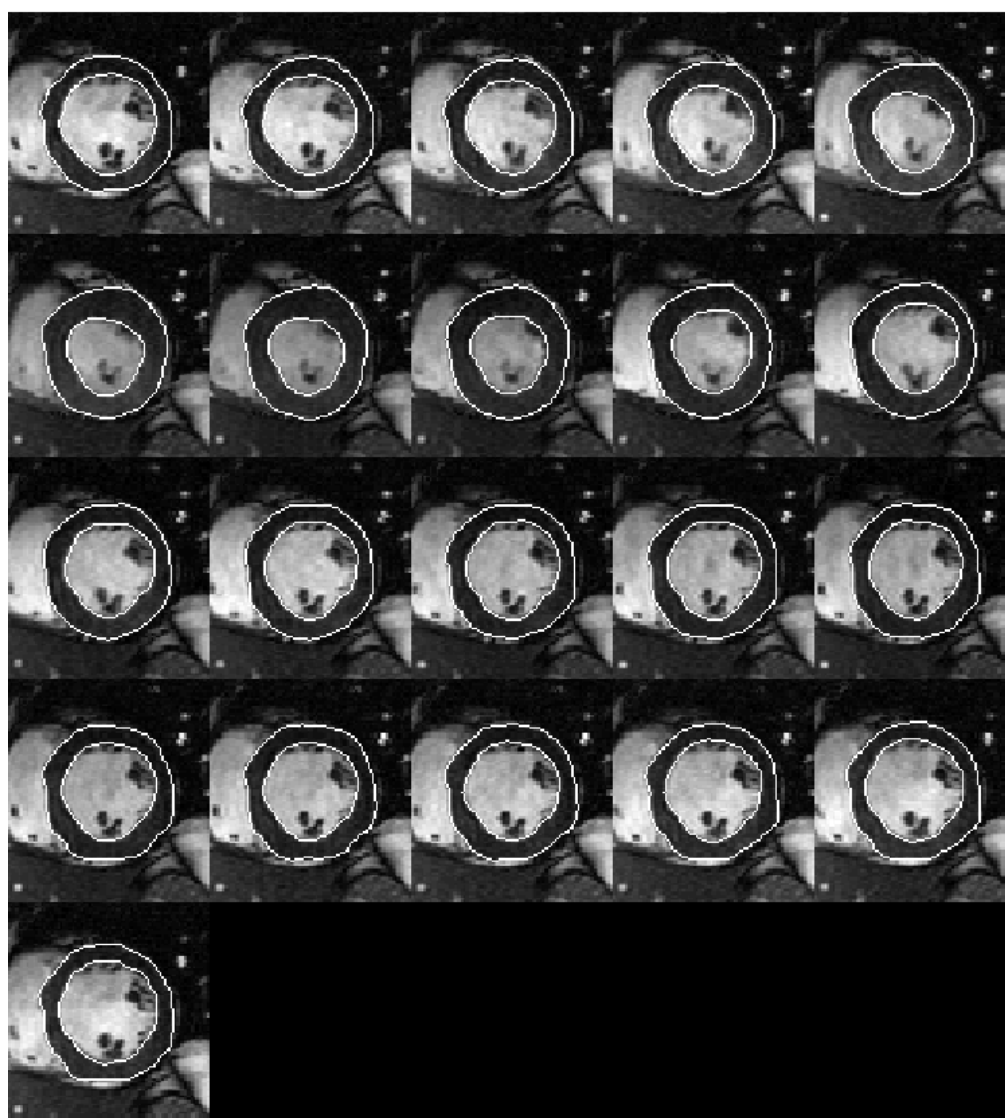


FIG. A.11 – ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus inférieur

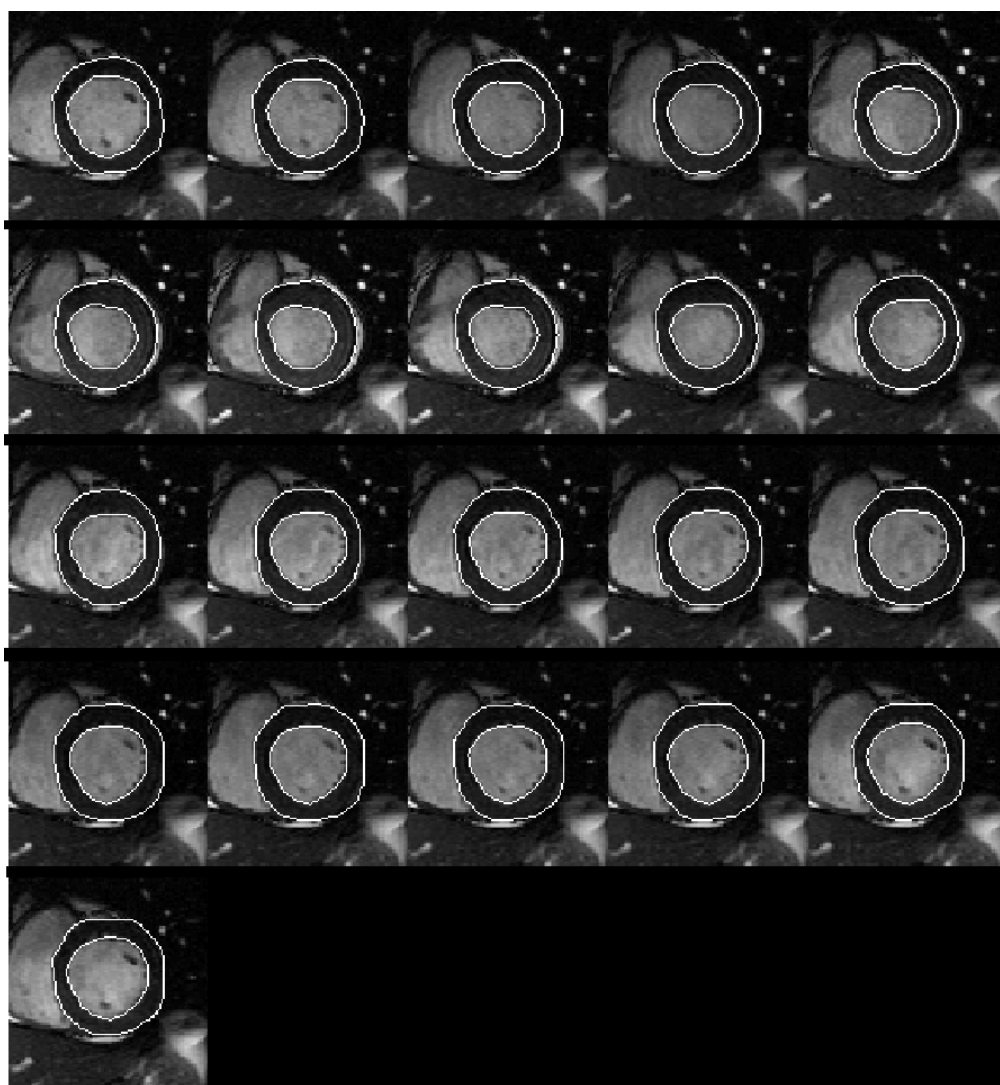


FIG. A.12 – ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus inférieur

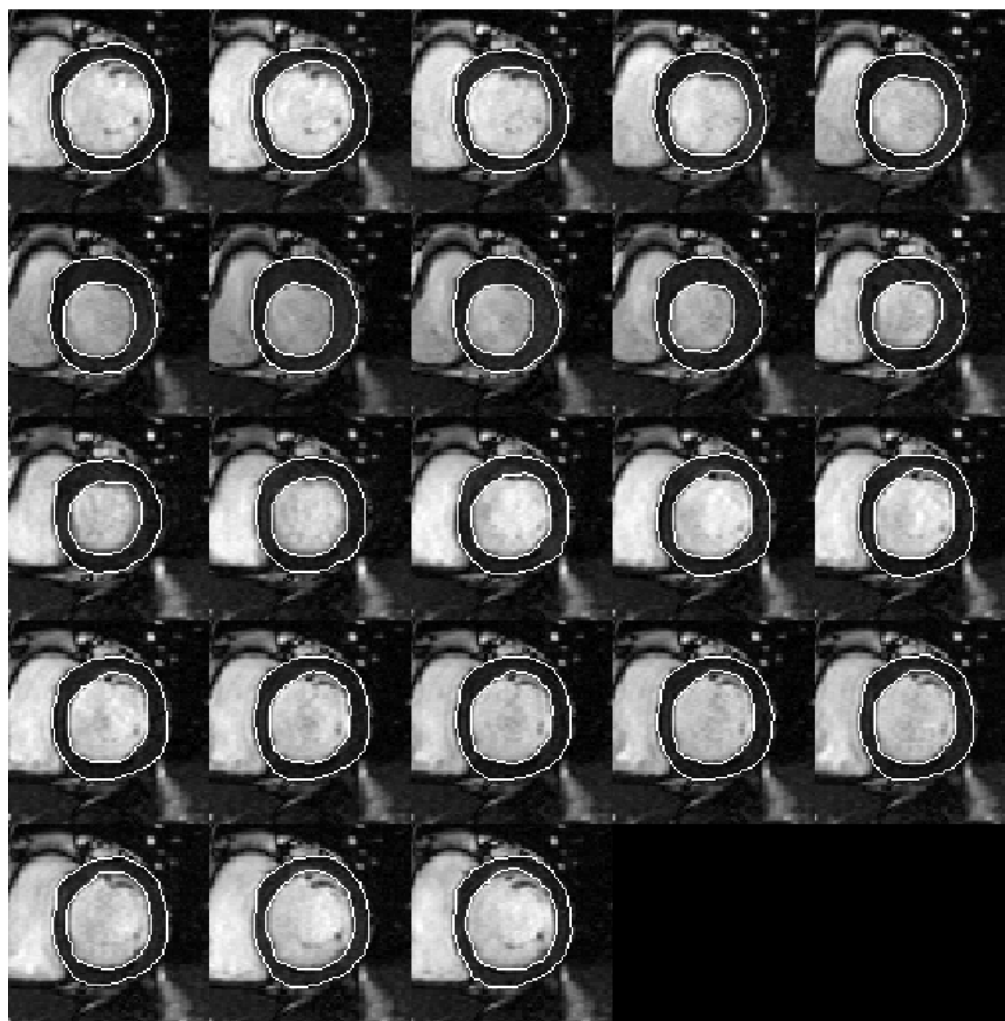


FIG. A.13 – ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus inférieur

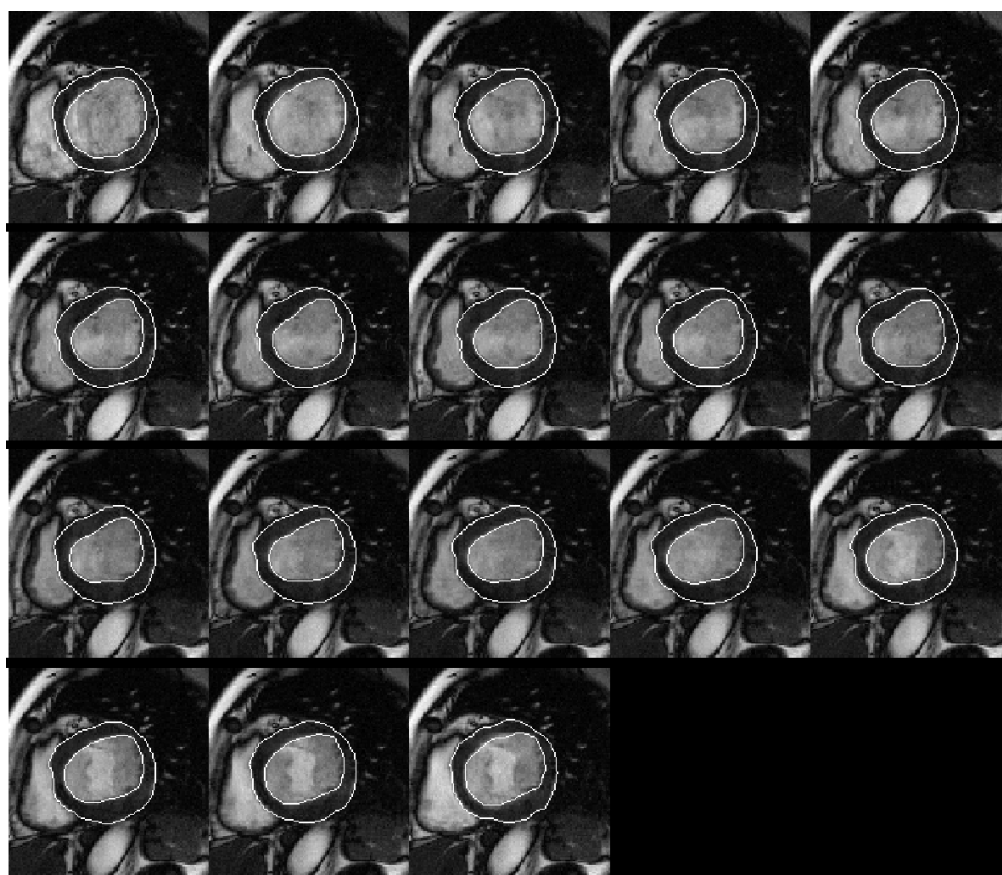


FIG. A.14 – ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus latéral

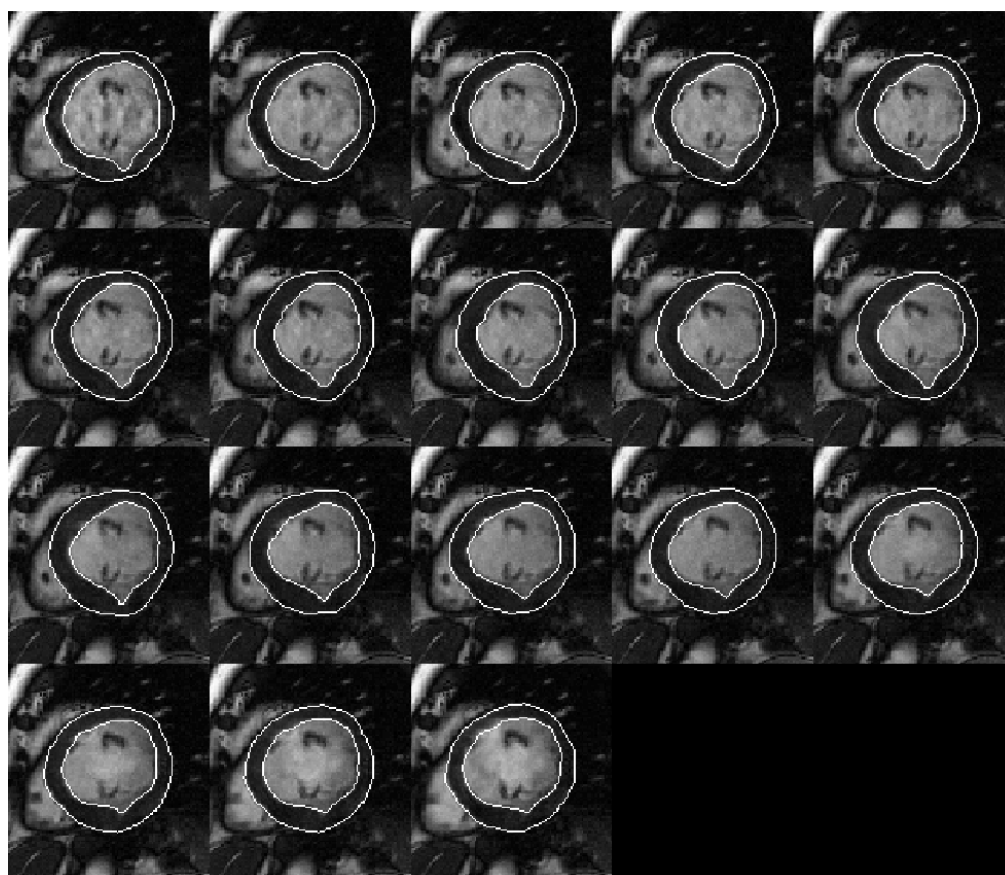


FIG. A.15 – ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus latéral

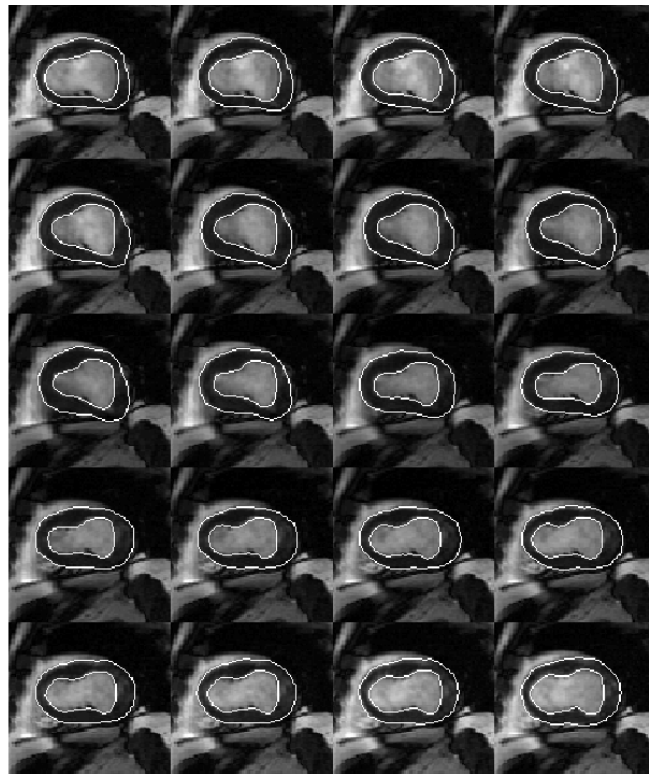


FIG. A.16 – ciné-IRM d'un patient souffrant d'un infarctus latéral

Annexe B

La méthode de Gauss Seidel

La méthode de Gauss Seidel est une méthode de résolution de systèmes d'équations linéaires

$$Ax = b \tag{B.1}$$

où $A = (a_{ij})$ est une matrice carrée $n \times n$ de réels (i l'indice de ligne et j l'indice de colonne) et x et b sont des vecteurs de \mathbb{R}^n (n entier strictement positif). C'est une méthode itérative : elle consiste à construire une suite de vecteurs (x^k)

$$x^k = \begin{pmatrix} x_1^k \\ \vdots \\ x_n^k \end{pmatrix} \tag{B.2}$$

qui, sous certaines hypothèses, converge vers la solution exacte du système B.1. Quel est l'intérêt d'une telle méthode vis-à-vis du pivot de Gauss ? Elle permet de traiter des matrices beaucoup plus volumineuses parce qu'elle est plus stable numériquement : elle donne des résultats beaucoup plus précis pour les systèmes linéaires dont les coefficients sont inexacts. On montre sur l'exemple d'un système de trois équations à trois inconnues comment la méthode de Gauss Seidel permet de calculer x^{k+1} à partir de x^k . Supposons que x^k soit

proche de la solution d'un système $Ax = b$. Alors

$$\begin{cases} a_{11}x_1^k + a_{12}x_2^k + a_{13}x_3^k \approx b_1 \\ a_{21}x_1^k + a_{22}x_2^k + a_{23}x_3^k \approx b_2 \\ a_{31}x_1^k + a_{32}x_2^k + a_{33}x_3^k \approx b_3 \end{cases} \quad (\text{B.3})$$

Méthode élémentaire : Elle consiste à prendre pour x^{k+1} le vecteur défini par

$$\begin{cases} x_1^{k+1} = (b_1 - a_{12}x_2^k - a_{13}x_3^k) / a_{11} \\ x_2^{k+1} = (b_2 - a_{21}x_1^k - a_{23}x_3^k) / a_{22} \\ x_3^{k+1} = (b_3 - a_{31}x_1^k - a_{32}x_2^k) / a_{33} \end{cases} \quad (\text{B.4})$$

Pour une matrice $n \times n$ la formule s'énonce (on suppose bien sûr $a_{ii} \neq 0$) :

$$x_i^{k+1} = \frac{b_i - \sum_{j \neq i} a_{ij}x_j^k}{a_{ii}} \quad (\text{B.5})$$

Optimisation. Elle consiste à réutiliser les coordonnées de x^{k+1} à la place de celles (moins précises) de x^k dès qu'on les a calculées. Cela donne la formule de Gauss Seidel :

$$\begin{cases} x_1^{k+1} = (b_1 - a_{12}x_2^k - a_{13}x_3^k) / a_{11} \\ x_2^{k+1} = (b_2 - a_{21}x_1^{k+1} - a_{23}x_3^k) / a_{22} \\ x_3^{k+1} = (b_3 - a_{31}x_1^{k+1} - a_{32}x_2^{k+1}) / a_{33} \end{cases} \quad (\text{B.6})$$

Pour une matrice $n \times n$ la formule s'énonce (on suppose bien sûr $a_{ii} \neq 0$) :

$$x_i^{k+1} = \frac{b_i - \sum_{j=i}^{i-1} a_{ij}x_j^{k+1} - \sum_{j=i+1}^n a_{ij}x_j^k}{a_{ii}} \quad (\text{B.7})$$

Annexe C

L'IRM

Cette partie présente le principe et les techniques particulières de l'IRM.

C.1 Principe de l'IRM

L'IRM est fondée sur le principe de la résonance des atomes d'hydrogène sous l'action de certaines ondes radiofréquences (RF). Le phénomène de résonance nucléaire (RMN) a été observé par Purcell et Bloch en 1946 (Prix Nobel de Physique en 1952) et appliqué à l'anatomie humaine il y a une vingtaine d'années.

C.1.1 Principe Physique de la résonance magnétique nucléaire

L'atome d'hydrogène est l'atome le plus abondant dans le corps humain. Son noyau est composé d'un proton, de charge $+e$ et de masse m . Ce proton a la propriété de tourner sur lui-même : ce mouvement de précession, nommé *spin*, est caractérisé par un moment magnétique $\boldsymbol{\mu}$ et un moment cinétique \boldsymbol{J} tel que $\boldsymbol{\mu} = \gamma \boldsymbol{J}$, γ désignant le rapport gyromagnétique, caractéristique du proton.

Placés dans un champ magnétique statique intense \boldsymbol{B}_0 (typiquement $\|\boldsymbol{B}_0\| =$

1.5 Tesla soit 20 000 fois celui produit par la Terre), les protons s'alignent selon la direction de \mathbf{B}_0 en précessant à la vitesse angulaire donnée par la relation de Larmor [129] :

$$\boldsymbol{\omega}_0 = \gamma \mathbf{B}_0 \quad (\text{C.1})$$

$\boldsymbol{\omega}_0$ est appelée fréquence de résonance ou fréquence de Larmor. L'alignement selon \mathbf{B}_0 peut être parallèle ou antiparallèle, ces deux états correspondent à deux niveaux discrets d'énergie respectifs E_p et E_a tels que $E_p > E_a$. Les protons se répartissent sur ces niveaux selon une distribution de Boltzmann [130] :

$$\frac{N_p}{N_a} = \exp\left(\frac{E_a - E_p}{kT}\right) \quad (\text{C.2})$$

N_p (resp. N_a) étant le nombre de protons dans l'état d'énergie E_p (resp. E_a), k la constante de Boltzmann et T la température absolue. De plus :

$$E_a - E_p = \gamma \hbar \|\mathbf{B}_0\| \quad (\text{C.3})$$

\hbar désignant la constante de Planck réduite ($\hbar = h/2\pi$). Les protons sont donc plus nombreux dans la position parallèle et génèrent un vecteur d'aimantation noté \mathbf{M} de même sens que celui du champ magnétique \mathbf{B}_0 . En choisissant pour direction du champ magnétique l'axe z , les deux composantes longitudinale M_z et transversale M_{xy} sont alors telles que $M_z = \|\mathbf{M}\| \equiv M$ et $M_{xy} = 0$.

L'application d'un champ magnétique supplémentaire \mathbf{B}_1 , induit par un courant sinusoïdal exciteur à la fréquence de Larmor $\boldsymbol{\omega}_0$ du proton, modifie l'aimantation globale : le vecteur \mathbf{M} bascule d'un angle d'autant plus élevé que l'excitation est intense et longue. En général, l'angle de basculement (flip angle) vaut 90° . L'impulsion RF associée permettant de faire basculer la composante M_z est dite longitudinale et possède une direction perpendiculaire à

celle du champ \mathbf{B}_0 . La suppression de l'excitation s'accompagne d'un retour du vecteur d'aimantation \mathbf{M} à sa position d'équilibre : la composante longitudinale M_z croît vers sa valeur d'équilibre M et la composante transversale M_{xy} décroît selon un mouvement de spirale à la vitesse ω_0 . Ce phénomène de relaxation est gouverné par les équations de Bloch [130] :

$$M_z = M \left(1 - e^{-\frac{t}{T_1}} \right) \quad (\text{C.4})$$

$$|M_{xy}| = M e^{-\frac{t}{T_2}} \quad (\text{C.5})$$

T_1 et T_2 étant respectivement les temps caractéristiques de récupération pour la composante M_z et de décroissance pour la composante M_{xy} . La diminution de M_{xy} induit dans une bobine réceptrice un signal sinusoïdal amorti ou FID (Free Induction Decay) à la fréquence de résonance ω_0 , qui est le signal RMN. L'énergie ainsi émise est proportionnelle à la densité de spins du volume étudié. Le spectre de ce signal est obtenu par transformation de Fourier.

C.1.2 Création d'une image IRM

Codage de position des protons

La sélection d'une coupe se fait par codage spatial dans une direction. Soumis au champ magnétique \mathbf{B}_0 , tous les protons du volume résonnent à la fréquence ω_0 . Une discrimination spatiale selon l'axe z entre ces protons est effectuée en appliquant dans cette direction un gradient de champ magnétique $\mathbf{G}_z = \mathbf{B}_0 + gz\mathbf{i}_z$, g étant une constante et \mathbf{i}_z le vecteur orthonormé directeur : les protons précessent ainsi à une vitesse $\omega = \gamma(\mathbf{B}_0 + gz)$ proportionnelle à leur ordonnée z (Figure C.1).

L'application d'une excitation sélective à la fréquence du plan de coupe souhaité permet dès lors d'obtenir le signal RMN correspondant aux points de cette coupe.

L'étape suivante consiste à coder les points du plan sélectionné dans les deux

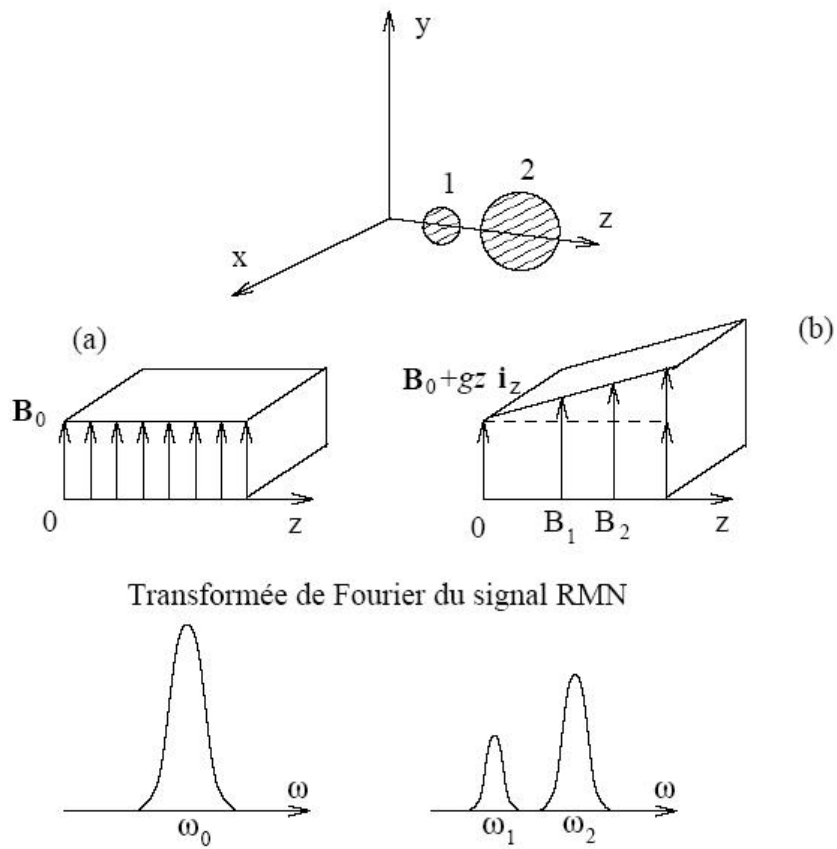


FIG. C.1 – Principe du codage spatial dans une direction : (a) application d'un champ magnétique uniforme, (b) application d'un gradient de champ magnétique (d'après Le Bas, [2]).

directions restantes.

La lecture du plan image est faite par codage de phase et codage de fréquence. Après sélection du plan de coupe perpendiculairement à l'axe z , le codage des points de ce plan en x et y est réalisé par l'application successive de deux gradients de champs magnétiques \mathbf{G}_x et \mathbf{G}_y .

Pendant l'application du gradient \mathbf{G}_x , les protons précessent à des fréquences différentes, proportionnelles à leur abscisse x et donc se déphasent. Après suppression de \mathbf{G}_x , les protons précessent de nouveau à la même fréquence, tout en conservant leur déphasage. L'application ultérieure du gradient \mathbf{G}_y entraîne une précession des protons à des fréquences différentes, proportionnelles à leur ordonnée y : chaque proton va dès lors être caractérisé par sa phase et sa fréquence. La fréquence et la phase de précession sont respectivement proportionnelles aux coordonnées y et x . Le gradient \mathbf{G}_x induit ainsi un codage de phase et le gradient \mathbf{G}_y un codage de fréquence.

En pratique, le gradient \mathbf{G}_x est appliqué avant la lecture du signal et le gradient \mathbf{G}_y pendant la lecture du signal. Le temps séparant la première impulsion longitudinale de la lecture du signal est appelé temps d'écho (TE). Le codage de phase \mathbf{G}_x doit être répété autant de fois que l'on désire de lignes, avec une période appelée temps de répétition (TR).

Influence des constantes physiques et des paramètres d'acquisition

Pour un élément de volume donné, de multiples facteurs conditionnent donc l'intensité du signal RMN acquis. Il s'agit :

- de paramètres intrinsèques, liés à la nature même des tissus contenus dans cet élément de volume : densité de protons, temps de relaxation $T1$ et $T2$;
- de paramètres extrinsèques, liés à l'appareil de mesure lui-même et à la séquence d'acquisition : intensité du champ principal \mathbf{B}_0 qui définit en partie l'intensité du signal RMN, nature et grandeurs caractéristiques

des séquences de gradient utilisées (TE , TR ...).

L'intensité du signal en un point image correspond à la moyenne des intensités des signaux dans les volumes échantillons contenant ce point. Ce moyennage tient compte de l'épaisseur de la coupe et peut ainsi être responsable d'effets de volume partiel.

Le choix des paramètres TR et TE permet d'obtenir des images plus ou moins dépendantes de $T1$ ou $T2$. $T1$ et $T2$ sont caractéristiques d'un milieu donné; ils sont plus courts dans un solide que dans un liquide, reflétant le fait que les échanges d'énergie sont plus rapides dans un solide (voir tableau C.1). Dans le myocarde, $T1 \approx 800$ ms et $T2 \approx 45$ ms [4].

| Tissu | T1 (ms) | T2 (ms) |
|-------------------|---------|---------|
| Myocarde | 800 | 45 |
| Muscle | 870 | 45 |
| Graisse | 260 | 80 |
| Rein | 500 | 40 |
| Substance Blanche | 780 | 90 |
| Substance Grise | 900 | 100 |

TAB. C.1 – Valeurs de $T1$ et $T2$ en ms à 1,5 Tesla (d'après [4]).

La valeur du temps de répétition TR séparant deux impulsions longitudinales à 90° détermine la pondération du contraste en $T1$, en limitant la croissance de la composante longitudinale. La valeur du temps d'écho TE détermine la pondération du contraste en $T2$, en exprimant les variations de la composante transversale dont la décroissance est en $T2$ pour la séquence d'Écho de Spin (voir C.1.3). La figure C.2 illustre l'influence de TR (respectivement TE) sur le contraste en $T1$ (respectivement $T2$) pour différencier plusieurs tissus. On peut noter que le contraste en $T1$ est d'autant plus fort que TR est court et le contraste en $T2$ est d'autant plus fort que TE est long.

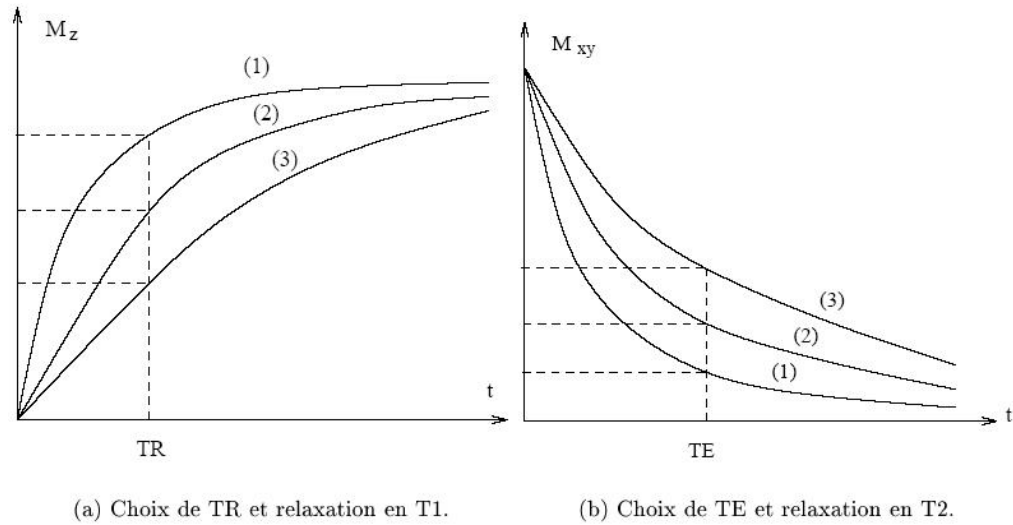


FIG. C.2 – Influence de TR et TE sur le contraste en $T1$ et $T2$ pour différents tissus du cerveau : (1) substance blanche, (2) substance grise, (3) liquide céphalo-rachidien [2]

Un compromis reste à réaliser entre un fort contraste et un bon rapport signal sur bruit (RSB) : celui-ci est en effet d'autant meilleur que TR est long. Finalement, une séquence avec :

- un TE court et un TR court donnera une image pondérée en $T1$, puisque ce seront les effets de $T1$ qui vont dominer,
- un TE long et un TR long donnera une image pondérée en $T2$.
- un TE court et un TR long donnera un contraste pondéré en densité d'hydrogène (Proton Density (PD)) puisque la mesure de l'écho sera alors assez voisine de l'aimantation M de départ, sans que celle-ci soit influencée ni par les effets de $T1$, ni par ceux de $T2$ [2].

C.1.3 L'interprétation en contraste

La séquence d'Écho de Spin

La relaxation transversale est caractérisée par le temps T_2 . Cependant, du fait des hétérogénéités spatiales du champ magnétique \mathbf{B}_0 , le signal de relaxation transversale observé ne correspond pas au temps T_2 réel des tissus, mais à un temps T_2^* inférieur à T_2 . Les protons précessent ainsi à des valeurs légèrement différentes et se déphasent.

Pour annuler ces artefacts et obtenir des images en T_2 vrai, une impulsion RF transversale à 180° , permettant d'inverser l'aimantation M_{xy} est appliquée après la première impulsion longitudinale à 90° . Le déphasage provoqué par l'impulsion à 90° est inversé sans que le sens de rotation ne soit modifié ; le signal émis est donc opposé (Figure C.3), d'où le nom d'écho. Cette séquence, représentée sur la figure C.4 avec les paramètres TR et TE , est appelée Écho de Spin ou Spin Echo (SE).

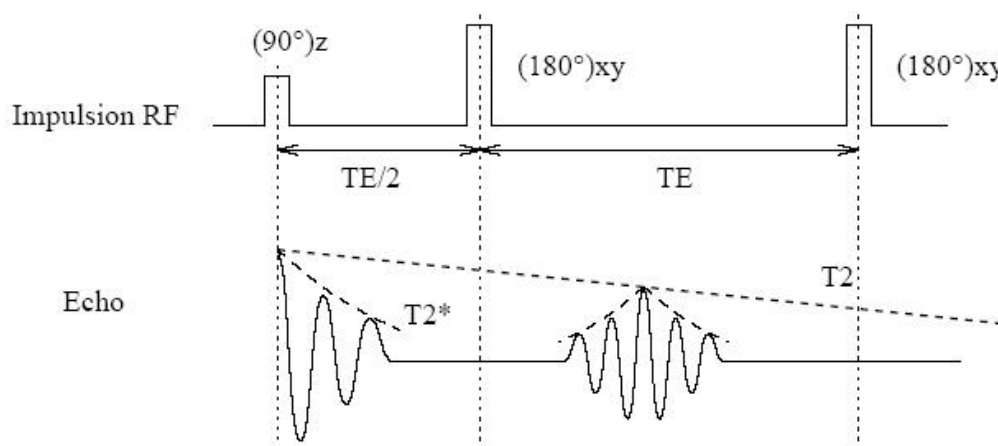


FIG. C.3 – Signal observé lors d'une séquence d'Écho de Spin [3]

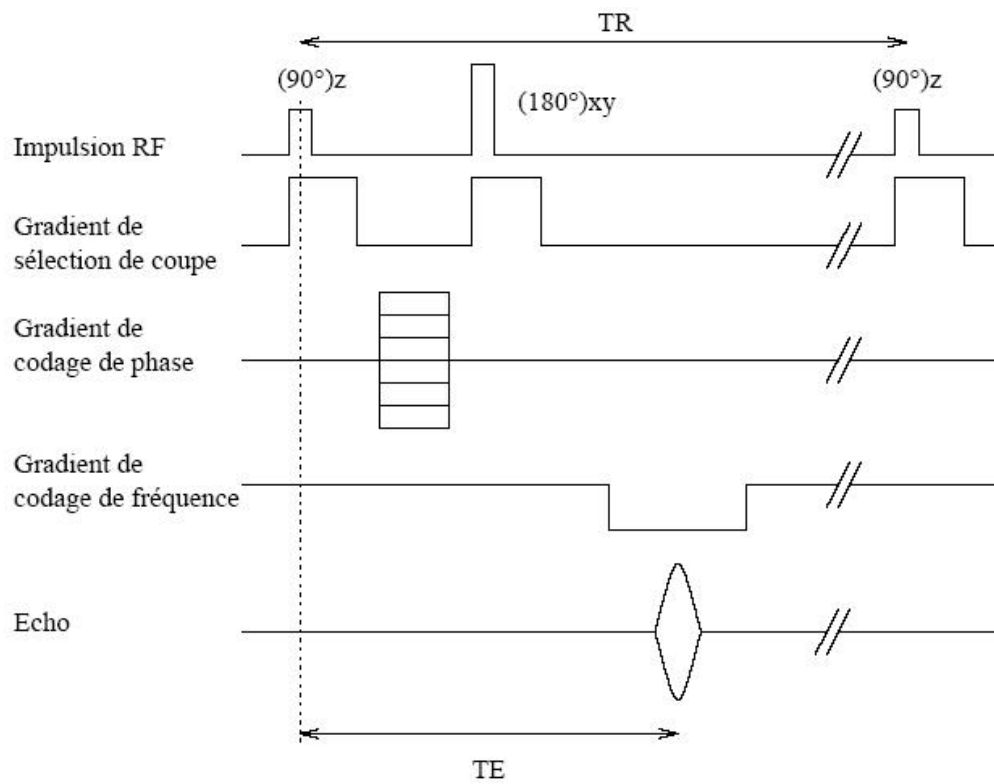


FIG. C.4 – Séquence d'Echo de Spin

La séquence d'Écho de Gradient

La séquence d'Echo de Gradient ou Gradient Echo (GE) n'utilise pas d'impulsion d'inversion et ne permet donc pas d'éliminer les hétérogénéités du champ magnétique ; ainsi les images obtenues seront en $T2^*$. L'écho est obtenu par application consécutive, lors du codage de fréquence, d'un gradient de champ magnétique et de l'inverse de ce champ : le premier gradient déphase les aimantations et le deuxième les rephase (Figure C.5).

L'intérêt de cette séquence réside dans le fait qu'il est possible d'utiliser des angles de basculement faibles et de diminuer ainsi les temps de répétition. Ainsi, le contraste des images obtenues par séquence GE dépend de TR , de TE et de l'angle de basculement. Si l'angle de basculement est proche de 90° , l'influence des paramètres TR et TE est similaire à celle d'une séquence de Spin Echo. Si l'angle est plus faible, le contraste est en $T2^*$.

La qualité de l'image et le bruit

On montre [130] que le RSB est proportionnel à l'intensité du champ magnétique statique B_0 , au temps d'acquisition T_a , et à la résolution spatiale R selon l'équation C.6

$$RSB \approx \frac{B_0 \sqrt{T_a}}{R} \quad (C.6)$$

Un compromis doit donc être trouvé entre un bon RSB , une résolution R satisfaisante et une vitesse d'acquisition raisonnable.

La principale source du bruit dans l'image RM est la création d'une force électromotrice dans le récepteur par le corps lui-même. La nature gaussienne de ce bruit [130] peut être exploitée dans le cadre de modèles de recalage ou de segmentation.

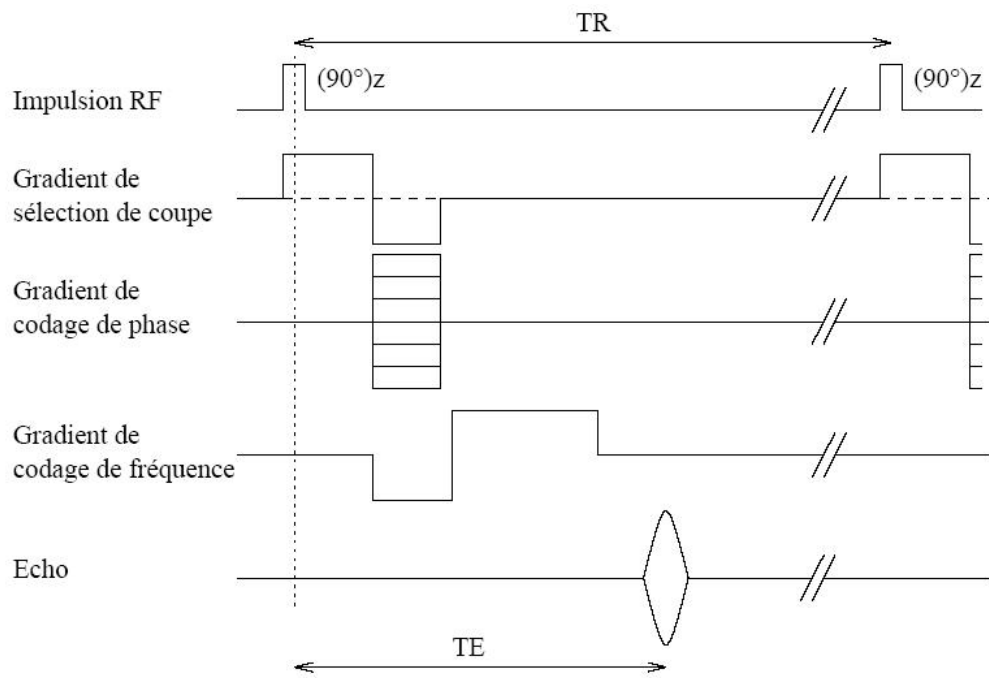


FIG. C.5 – Séquence d'Echo de Gradient

Temps d'acquisition

Le temps d'acquisition T_a , est défini par [2] :

$$T_a = N.n.TR$$

Il dépend ainsi du temps de répétition TR , de la taille de la matrice (qui définit le nombre N de pas de codage de phase, i.e. le nombre de lignes de l'image ; typiquement $N = 256$) et du nombre d'accumulations n . Celui-ci représente le nombre d'acquisitions effectuées pour obtenir un signal de qualité suffisante ; plus il est élevé, meilleur est le RSB , mais plus le temps d'acquisition est important.

La réduction du temps d'acquisition par diminution du temps de répétition a un impact variable selon le type de séquence utilisé. En écho de Spin, elle entraîne une diminution du RSB . La technique employée par la séquence d'écho de gradient permet de résoudre ce problème : elle emploie des angles de basculement faibles qui autorisent des TR très courts tout en conservant un bon rapport signal/bruit.

C.1.4 Les séquences d'acquisition

Définition d'une séquence

Les séquences d'Echo de Spin et d'Echo de Gradient précédemment décrites sont rarement utilisées telles quelles : de nombreuses améliorations concernant la qualité de l'image et le temps d'acquisition ont été apportées et intégrées à différentes variantes. D'une manière générale, une séquence est caractérisée par 4 paramètres :

- l'angle de basculement de l'impulsion RF,
- le type de l'écho (Echo de Spin ou Echo de Gradient),
- le temps de répétition TR ,
- le temps d'écho TE .

Les deux types d'écho définissent les familles de séquences :

- les séquences d'Echo de Spin et leurs variantes rapides (Fast Spin Echo (FSE) ou Turbo Spin Echo (TSE)),
- les séquences d'Echo de Gradient et leurs variantes rapides (Fast Gradient Echo (FGE) ou Turbo Gradient Echo (TGE)),
- et les séquences hybrides SE-GE (très rapides).

Il existe ainsi de très nombreuses séquences en IRM, chacune étant adaptée à l'organe à étudier et aux pathologies à détecter. Ces séquences sont paramétrables, la nature des modifications étant laissées à l'appréciation du radiologue.

Choix de l'angle de basculement

L'impulsion à 90° (ou saturation-récupération) est l'impulsion standard. Le choix d'un angle plus faible lors d'une séquence d'Echo de Gradient permet de diminuer le temps de répétition et par conséquent les temps d'acquisition.

L'impulsion à 180° (ou inversion-récupération) est également utilisée : la composante longitudinale M_z s'inverse et revient à sa position initiale après suppression de l'impulsion (figure C.6). Dans ce cas, l'absence de composante dans le plan transversal ne produit pas de signal mesurable : une impulsion à 90° est donc appliquée après un temps d'inversion TI afin de basculer la composante M_z dans le plan transversal et mesurer ainsi sa valeur.

L'augmentation de la dynamique des variations de l'aimantation dans l'intervalle $[-M, +M]$ au lieu de $[0, +M]$ permet d'accroître le contraste différentiel. D'autre part, en choisissant un TI correspondant à l'annulation de la composante longitudinale d'un tissu donné, il est possible de s'affranchir du signal de ce tissu : la séquence STIR, (Short TI Inversion Recovery) annule ainsi le signal de la graisse ; la séquence FLAIR (FLuid Attenuated Inversion Recovery), celui du liquide céphalo-rachidien.

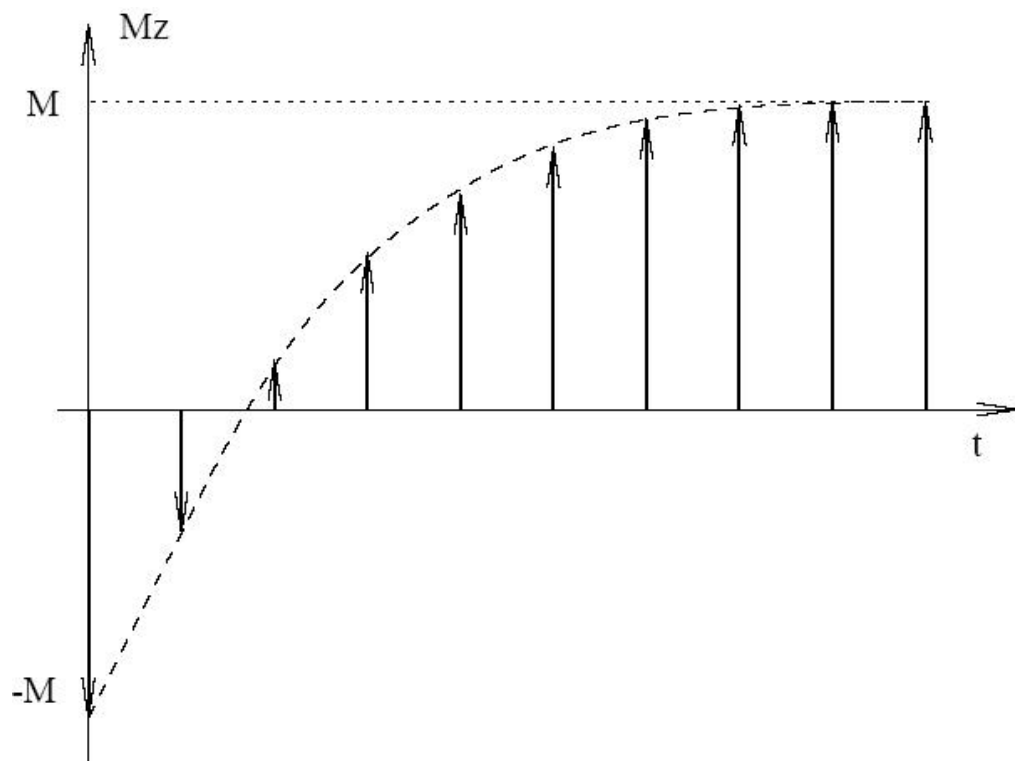


FIG. C.6 – Evolution de l'aimantation M_z après suppression de la séquence d'inversion-récupération

Les séquences ultra-rapides

Deux types de séquences ultra-rapides permettent de faire décroître le temps d'acquisition de plusieurs dizaines de minutes à quelques (dizaines de) secondes. Les premiers correspondent à une combinaison des deux séquences Turbo SE et Turbo GE, d'où les terminologies : TGSE (Turbo Gradient Spin Echo) et GRASE (GRadient And Spin Echo). Le second type est constitué de la séquence EPI (Écho Planar Imaging), qui permet d'acquérir toutes les lignes du plan spectral en une seule fois.

C.2 L'IRM de marquage

Préalablement à la séquence de ciné-IRM, il est possible d'intégrer sur chaque image un marquage physique sous forme de lignes (tags se déformant avec le tissu marqué au cours de son évolution Figure C.7). Cette modalité est appelée IRM de marquage ou IRM marquée (tagged MRI) [131, 132]. Alors qu'une image en ciné-IRM fournit des indications anatomiques (géométrie des parois du myocarde), l'IRM marquée permet d'obtenir des informations cinématiques sur les déplacements intramyocardiques (en particulier sur leurs composantes non-radiales), et d'accéder de manière non-invasive à des mesures de la fonction contractile des ventricules. Initialement, dédiée au cœur, l'IRM de marquage est aujourd'hui utilisée dans d'autres contextes d'imagerie dynamique, médical, d'une part, pour mesurer les déformations de la langue [133] et des tissus pulmonaires [134, 135] et industriel d'autre part [136].

Dans la suite de ce paragraphe, nous présentons le principe original du marquage tissulaire, avant de détailler les différentes séquences spécifiques à cette modalité.



(a) Ciné-IRM.

(b) IRM de marquage.

FIG. C.7 – Coupes petit-axe du cœur en Ciné-IRM et en IRM de marquage au même instant et au même niveau de coupe.

C.2.1 Marquage tissulaire par impulsion sélective

Le principe du marquage tissulaire consiste à appliquer une impulsion RF sélective accompagnée d'un gradient de champ magnétique dans une ou plusieurs sections du tissu, préalablement à l'acquisition de l'image RM [137]. La fréquence de l'impulsion RF permet de sélectionner un plan perpendiculaire au plan de l'image. L'impulsion fait basculer d'un angle ϕ compris entre 90° et 180° la composante longitudinale M_z de l'aimantation des protons de ce plan. Après suppression de l'excitation, la relaxation sur la position d'équilibre entraîne une croissance de M_z (Figure C.6), son passage par zéro produisant une ligne noire (appelée tag) lors de l'intersection avec le plan de l'image.

Une conséquence du phénomène de désaimantation est la diminution progressive du contraste des tags (fading out) à mesure que la composante longitudinale croît, suivie de leur disparition complète lorsque M_z atteint sa position d'équilibre, i.e. lorsque t tend vers $T1$. La valeur caractéristique de $T1$ pour le myocarde (800ms) permet l'étude d'une partie du cycle cardiaque, en par-

ticulier de la phase de contraction (300-400ms). Une observation sur tout le cycle nécessite en théorie plusieurs acquisitions sur plusieurs cycles cardiaques, en supposant celui-ci périodique. L'acquisition de l'image RM doit être réalisée avant que la zone perturbée par les excitations RF ne retrouve toute son aimantation originelle, et s'effectue orthogonalement aux plans des tags. L'intersection de ces plans avec l'image donnera des lignes noires. L'intensité φ de l'image marquée au pixel \mathbf{x} est donnée par [64] :

$$\varphi(\mathbf{x}) = D_0(\mathbf{x}) \left(e^{-TE/T_2(\mathbf{x})} [1 - \cos(\phi(\mathbf{x}))] e^{-TR/T_1(\mathbf{x})} + [\cos(\phi(\mathbf{x})) - 1] e^{-TD/T_1(\mathbf{x})} \right) \quad (\text{C.7})$$

où D_0 est la densité de protons et TD le temps séparant le marquage de l'acquisition RM. Une telle méthode permet d'obtenir une image marquée selon des directions radiales ou parallèles, avec au maximum trois lignes de tag. Ses performances sont largement dépassées par la technique suivante, avec laquelle la création de plans de tags est systématisée.

C.2.2 Marquage tissulaire par modulation spatiale de l'aimantation : la séquence SPAMM

Avec la technique SPAMM (SPAtial Modulation of Magnetization), introduite par Axel et al. [132], la suppression du signal de précession est systématisée en modulant spatialement l'aimantation pour obtenir une série de lignes organisée dans une géométrie parallèle (SPAMM 1D) ou rectangulaire (SPAMM 2D). Son principe consiste à appliquer deux impulsions RF non sélectives séparées par un gradient de champ magnétique (Figure C.8).

L'évolution du vecteur d'aimantation est illustrée sur la Figure C.9.

Dans l'état initial, i.e. après application d'un gradient de champ magnétique statique, l'aimantation est longitudinale (a). A la première impulsion, le vecteur d'aimantation bascule d'un angle w (égal à 90° dans l'exemple) (b). L'application du gradient de champ magnétique déphase les vecteurs d'aiman-

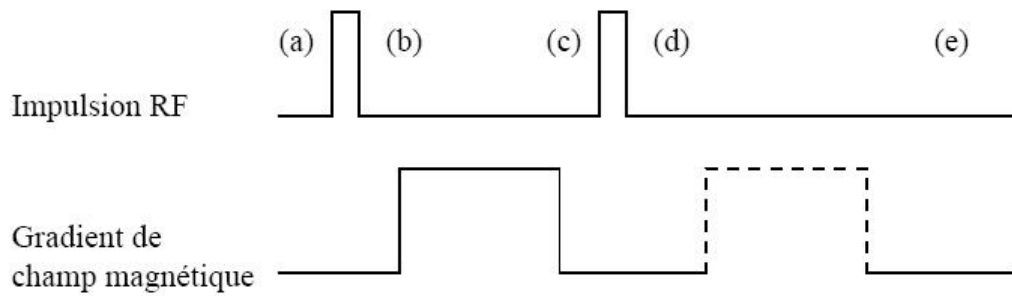


FIG. C.8 – La séquence SPAMM. Les pointillés indiquent un second gradient facultatif.

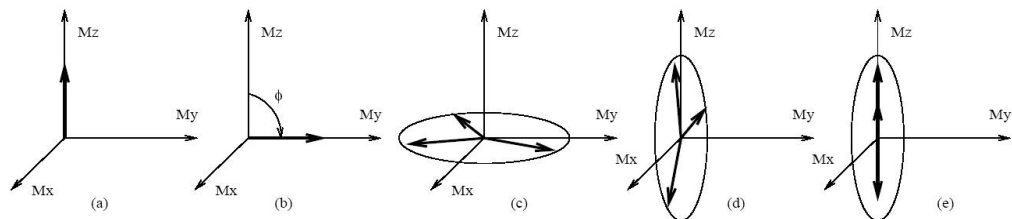


FIG. C.9 – Evolution temporelle du vecteur d'aimantation lors d'une séquence SPAMM avec un angle de basculement $\phi = 90^\circ$

tation des protons situés dans un certain plan : la phase de la composante transversale est modulée spatialement (c). La deuxième impulsion, identique à la première, produit une aimantation longitudinale modulée (d). Un éventuel second gradient permet d'éliminer la composante transversale (e). Le résultat obtenu est un marquage à motif sinusoïdal dont l'amplitude initiale est déterminée par l'angle de basculement de l'impulsion RF et dont la période est inversement proportionnelle à l'amplitude et à la durée du gradient. Les impulsions ne sont donc pas sélectives, par opposition à celle employée dans la technique précédente.

L'avantage de cette méthode est l'obtention via une séquence unique d'un marquage de lignes parallèles couvrant totalement l'image. De plus, l'utilisation conjointe de deux gradients selon des directions orthogonales et d'une troisième impulsion RF à la séquence permet d'obtenir une grille de tags. Toutefois le profil sinusoïdal du motif augmente le bruit sur l'image et ne facilite pas la détection, les contours des tags apparaissant flous.

Ce problème est finalement résolu par l'emploi d'une séquence de train d'impulsions séparées par des gradients de champ magnétique (Figure C.10), permettant d'affiner les frontières des tags [132]. Les amplitudes relatives des impulsions RF sont déterminées par l'amplitude et la durée des gradients, et pondérés par des coefficients binomiaux (e.g. 1-2-1 ou 1-4-6-4-1).

S'appuyant sur les méthodes originelles d'Axel et Zerhouni, Bolster et al. ont proposé une technique permettant un marquage radial, adapté à la géométrie de révolution du VG en coupe petit axe [138]. Les lignes radiales apparaissent en pointillé : en moyenne, quatre points répartis sur l'épaisseur du myocarde, de l'épicarde à l'endocarde permettent d'accéder à des mesures éparses de déplacement.

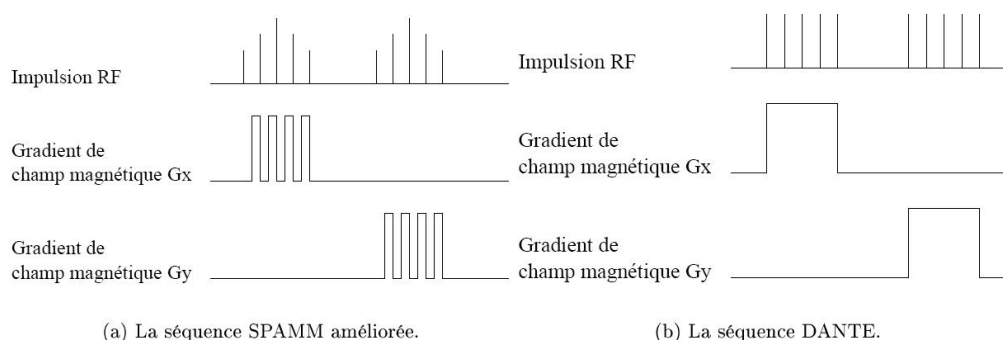


FIG. C.10 – Les deux principales séquences de marquage tissulaire en IRM.

C.2.3 Marquage tissulaire par train d'impulsions : la séquence DANTE

La technique DANTE (Delays Alternating with Nutations for Tailored Excitations) [139] est similaire à la technique SPAMM améliorée dans la mesure où elle emploie également une séquence de trains d'impulsions. Le train d'impulsions, d'amplitudes constantes, est ici appliqué en présence d'un gradient de champ magnétique. La séquence DANTE, illustrée sur la Figure C.10, permet également d'obtenir un marquage en grille.

Comme dans les méthodes précédentes, l'épaisseur des tags et l'espace entre tags sont paramétrables. La distance entre deux tags est déterminée par l'amplitude du gradient de champ magnétique et le délai entre chaque impulsion : plus cette amplitude est importante et plus le délai est long, plus les tags sont proches. Leur épaisseur est inversement proportionnelle à la longueur du train d'impulsions.

Pour un temps d'acquisition fixé, la séquence DANTE permet d'obtenir des tags moins larges qu'une séquence SPAMM : dans [139], une expérience à paramètres fixés (même délai entre impulsions, même amplitude et durée du gradient) conduit à des tags d'épaisseur 0.7 mm pour la séquence DANTE

contre 0.53 mm pour la séquence SPAMM.

C.2.4 Marquage tissulaire par approche hybride DANTE/SPAMM

Une technique combinant les méthodes SPAMM et DANTE est proposée dans [140]. A partir d'une séquence DANTE, une nouvelle séquence est construite : entre chaque impulsion, le gradient de champ est diminué, sans toutefois devenir nul. Le temps d'acquisition est ainsi plus court que pour les méthodes précédentes.

C.2.5 Marquage tissulaire sans perte de contraste : la technique CSPAMM

La méthode CSPAMM (Complementary SPAMM), développée dans [141], permet de garantir la persistance des tags pendant l'intégralité du cycle cardiaque (Figure C.11). Cette méthode utilise deux séquences de marquage, dont les images associées donnent par soustraction une image RM marquée sans artefact de perte de contraste. Une technique d'optimisation de l'angle de basculement permettant d'améliorer le contraste est également proposée.

Après une excitation classique, la composante longitudinale de l'aimantation M_z croît exponentiellement selon $T1$. Après une séquence de marquage suivie d'une excitation, M_z se compose de deux termes, la fonction TAG représentant la modulation :

$$M_z(\mathbf{x}, t) = \underbrace{M_0(1 - e^{-t/T1})}_{Q_R} + \underbrace{M_{ss}TAG(\mathbf{x})e^{-t/T1}}_{Q_T} \quad (C.8)$$

M_{ss} désignant la valeur de la composante M_z avant la séquence de marquage. Le terme Q_R représente la relaxation longitudinale en $T1$; le terme Q_T contient l'information de marquage. Le principe de CSPAMM est de séparer ces deux composantes en appliquant deux grilles de marquage différentes TAG_A

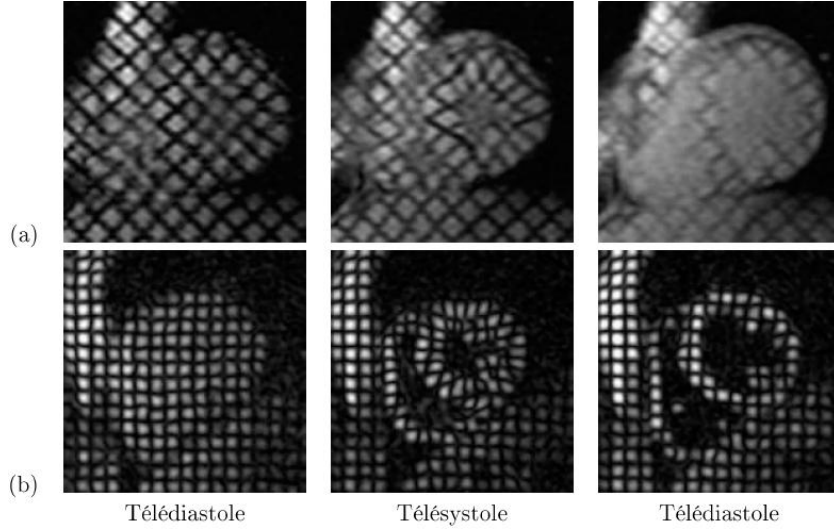


FIG. C.11 – Comparaison entre images SPAMM (a) et CSPAMM (b) à différents instants du cycle cardiaque.

et TAG_B ; les images obtenues A et B sont soustraites l'une de l'autre, l'image différence ($A - B$) devenant indépendante du phénomène de relaxation :

$$(A - B) \propto M_{ss}[TAG_A(\mathbf{x}) - TAG_B(\mathbf{x})]e^{-t/T_1} \quad (\text{C.9})$$

L'amplitude maximum est obtenue lorsque $TAG_A(\mathbf{x}) + TAG_B(\mathbf{x}) = 0$, la différence ($A - B$) étant alors proportionnelle à $2Q_T$. Pour réaliser ces grilles, deux séquences fondées sur le principe de SPAMM (Figure C.8), sont nécessaires : l'une est identique à une séquence SPAMM (avec par exemple $\phi = 90^\circ$) : l'autre diffère par la deuxième impulsion, d'amplitude opposée, qui provoque un basculement $-\phi$.

De plus, l'addition des deux acquisitions ($A + B$) $\propto 2Q_R$ fournit une image sans aucune information de marquage, adaptée à la segmentation dynamique du myocarde. Cependant la double acquisition entraîne l'allongement du temps d'acquisition qui nécessite plusieurs apnées par niveau de coupe. L'approche

récente de [142] ne nécessite qu'une seule apnée par niveau, grâce à l'emploi d'une séquence EPI. Cette approche intègre un concept de suivi du plan de coupe (Slice Following (SF)) qui permet d'éviter le problème causé par le déplacement longitudinal du cœur.

De nombreuses améliorations ont été apportées en IRM depuis son apparition vers le début des années 1980. La technique CSPAMM alliée au suivi de coupe résout non seulement le problème de la perte de contraste du signal de marquage mais également celui du mouvement apparent.

C.3 L'IRM à contraste de phase

C.3.1 Le principe de l'IRM à contraste de phase

Le contraste de phase (Phase Contrast (PC-IRM)) [143] repose sur le fait que les spins des tissus en mouvement ont une phase différente de celles des spins statiques. Cette technique utilise des séquences d'impulsions spécifiques permettant d'obtenir des images à valeurs complexes dont la phase dépend linéairement de la vitesse eulérienne du flux circulant. Plus précisément, des spins se déplaçant à une vitesse v ont un déphasage ϕ proportionnel à v et au premier moment temporel du gradient G de champ magnétique (Equation C.10) :

$$\phi = v\gamma \int_0^{TE} tG(t)dt \quad (\text{C.10})$$

La vitesse peut donc être estimée dans une direction donnée en mesurant le déphasage entre deux acquisitions réalisées avec des moments différents. L'altération du gradient $G(t)$ par des courants parasites est la principale source d'erreur.

Cette technique ne souffre pas du phénomène de désaimantation intrinsèque à l'IRM de marquage et permet d'éviter le problème d'ouverture pour la détermination du champ de vitesse eulérien sur le myocarde. Mais la nature bruitée des images, le temps d'acquisition prolongé, et la manque de logiciels de reconstruction de la vitesse en limite l'utilisation clinique en estimation des déformations myocardiques.

C.3.2 Approche hybride PC-IRM et IRM de marquage

Perman et al. [144] présentent une nouvelle méthode d'acquisition combinant les principes de l'IRM marquée (séquence DANTE) et de l'IRM à contraste de phase. Elle consiste à acquérir simultanément des images RM selon un certain plan (petit axe) et des images de vitesse selon un plan perpendiculaire (grand axe, cf. Section 3.1). L'avantage de cette approche est la prise en compte du problème du mouvement apparent, permettant d'obtenir le champ de déplacement 3D réel d'un point.

C.3.3 Analyse des séquences IRM à contraste de phase

La technique utilisée est basée sur le fait qu'un mouvement uniforme d'un tissu soumis à un gradient de champ magnétique produit une variation de la phase du signal IRM qui est proportionnelle à la vitesse. Van Dijk [145] et Nayler [146] ont apporté cette idée de base, puis Pelc et son équipe [143, 147, 148] ont effectué le rapprochement avec les images IRM et ont permis l'étude complète sur un cycle entier. Appliquée dans une région d'intérêt de taille variant d'un à plusieurs pixels, cette méthode permet d'évaluer la vitesse eulérienne locale. La précision des mesures dépend de la taille de la région d'intérêt. Plus cette dernière est grande plus la méthode est précise. Les vitesses des contours myocardiques sont de ce fait mal évaluées par cette méthode. Pour

améliorer le résultat, cette technique a été couplée avec une méthode fondée sur les suivis de contours [149, 24]. La technique se déroule en deux étapes :

- calcul direct des tenseurs des taux de déformation à partir des images à contraste de phase.
- intégration (sommation) par rapport au temps des vitesses pour estimer les déplacements.

C.4 L'IRM de diffusion

C.4.1 Le principe de l'IRM de diffusion

Cette technique datant du début des années 1980, a largement contribué à l'établissement d'une cartographie fonctionnelle cérébrale avant d'être appliqué à l'étude du cœur en 1995. Elle repose sur les propriétés de diffusion des molécules d'eau dans les tissus. L'IRM de diffusion permet d'avoir accès au tenseur de diffusion D en chaque point de l'image RM en s'appuyant sur la réduction d'intensité du signal MR, qui résulte de la modulation de l'aimantation produite par une paire de gradients de champs magnétiques distincts de signes opposés. Le tenseur D est relié à l'intensité du signal RM selon :

$$\log \left(\frac{\varphi_k}{\varphi_0} \right) = -\Delta \mathbf{k}^T \mathbf{D} \mathbf{k} \quad (\text{C.11})$$

où φ_k et φ_0 sont les intensités du signal atténué et non-atténué, respectivement, Δ la durée de la diffusion, \mathbf{k} la modulation de l'aimantation produite par le gradient, pendant un temps $\delta \ll \Delta$, avec $\|\mathbf{k}\| = \int_0^\delta \gamma \|g\| dt$. La diffusion est un processus lent : dans le myocarde, le temps de diffusion est de 800ms, soit un cycle cardiaque entier [150]. Ainsi, l'étude du myocarde par IRM de diffusion est statique.

C.4.2 L'IRM de diffusion cardiaque

Les études de la littérature comparent des résultats obtenus en IRM de diffusion cardiaque avec des données histologiques [151, 152, 153]. Elles montrent (i) la grande corrélation entre données histologiques et données IRM de diffusion concernant les fibres myocardiques, et (ii) que le vecteur propre du tenseur de diffusion associé à la valeur propre maximale indique l'orientation des fibres. Reese et al. remarquent que la déformation du ventricule altère ses propriétés de diffusion [154, 155]. Ils utilisent les directions des fibres obtenues en IRM de diffusion et les champs de déplacement obtenus en IRM à contraste de phase à des fins de quantification [150].

Annexe D

Autres modalités d'imagerie cardiaque

Nous présentons ici les autres modalités d'imagerie cardiaque existantes.

D.1 Echocardiographie

L'échocardiographie est une échographie du cœur. Cette technique permet d'évaluer la fonction systolique ventriculaire gauche et les pathologies valvulaires. L'échographie de stress est fortement indiquée dans la recherche de l'ischémie myocardique grâce à sa sensibilité et sa spécificité élevées. Couplée avec un examen doppler, l'échographie doppler permet également d'analyser l'amplitude et la vitesse de déplacement, ainsi que la déformation des parois ventriculaires. Cette technique est intéressante pour apprécier la contractilité régionale des parois ventriculaires gauches. Elle a des applications cliniques précises, telles que l'étude de la diastole ventriculaire et le diagnostic de la désynchronisation ventriculaire.

L'échographie fournit cependant des images de résolution médiocre, de qualité variable selon l'échogénicité des patients. Les meilleures images sont obtenues

chez les enfants et les adultes jeunes. L'obésité, les déformations thoraciques, l'insuffisance respiratoire chronique (lorsqu'il existe une distension thoracique, l'air étant un très mauvais conducteur des ultrasons) sont autant d'obstacles à la propagation des ultrasons, ce qui rend parfois l'examen difficilement interprétable. La qualité des images, et de leur interprétation, dépendent également beaucoup de l'expérience de l'opérateur : la qualité d'un examen échocardiographique est très « opérateur-dépendante ».

Aussi, la visualisation du cœur est limitée à certaines incidences. Cette limitation peut être résolue par l'échocardiographie transœsophagienne, technique cependant invasive au cours de laquelle une sonde ultrasonore est introduite dans l'œsophage.

D.2 Médecine nucléaire

En médecine nucléaire, la fonction contractile est habituellement évaluée de manière globale par gamma-angiographie. La gamma-angiographie ou l'angioscintigraphie est en fait une scintigraphie du cœur et des gros vaisseaux qui permet d'observer les contractions cardiaques. Cet examen nécessite, comme toutes les scintigraphies, une injection préalable d'un marqueur radioactif. Cet examen est particulièrement efficace pour mettre en évidence des pathologies coronariennes, valvulaires ou ventriculaires.

Grâce à la Tomographie d'Émission Monophotonique du Myocarde Synchronisé à l'ECG (TEMPS), il est aussi possible d'étudier la fonction ventriculaire et la perfusion du myocarde simultanément. Une TEMP est réalisée en même temps qu'un électrocardiogramme avec trois électrodes afin de donner une TEMPS. Les tomographies obtenues montrent l'état de la perfusion myocardique aux différentes étapes du cycle cardiaque. Enfin, l'examen est onéreux, et reste d'un accès réservé aux centres disposant d'un service capable de manier les isotopes.

D.3 Radiographie X

D.3.1 Tomographie à rayons X

Les principes de la tomographie à rayons X ont été présentés pour la première fois en 1972 par Godfrey Hounsfield. Après ces trente dernières années il existe aujourd'hui deux types d'acquisition en TDM : l'acquisition spiralée mono barrette, puis l'acquisition spiralée multi-barrette ou TDM à détection multicoupe TDMMC. La TDMMC permet l'acquisition de plusieurs coupes simultanées, ce qui augmente la vitesse de balayage et réduit le temps d'acquisition et d'exposition aux radiations. Les scanners à rayons X récents permettent aujourd'hui l'étude de la fonction ventriculaire avec une très bonne résolution spatiale dans le plan axial. La combinaison de la rotation rapide des barrettes avec le pitch d'acquisition permet d'ajuster la variable du battement cardiaque en fonction de chaque patient. Cependant, son utilisation en routine clinique ne peut pas être systématique à cause du rayonnement ionisant mis en jeu.

D.3.2 L'angiographie à rayons X

L'angiographie étudie les vaisseaux sanguins qui ne sont pas visibles sur des radiographies standards. On parle d'artériographie pour l'exploration des artères et de phlébographie pour celle des veines. Elle peut aussi être réalisée afin de dépister une maladie coronarienne à l'origine d'une ischémie myocardique. Elle permet l'exploration, par l'intermédiaire d'un cathéter introduit dans l'aorte, des artères coronaires. L'objectif de cet examen invasif est d'apprécier la sévérité et la diffusion de l'atteinte artérielle coronaire ainsi que son impact sur la fonction ventriculaire gauche.

Cet examen utilise les rayons X et un produit de contraste à base d'iode. Son principe consiste à rendre visibles les vaisseaux artériels ou veineux grâce aux propriétés radio-opaques de l'iode.

Bibliographie

- [1] F. Netter, "The ciba collection of medical illustration," *Ciba*, vol. 5, 1969.
- [2] J.-F. Le-Bas, *Imagerie par résonance magnétique. Cours du Collège des Enseignants de Radiologie en France*, 1995.
- [3] S. Reeder, "Assessment of myocardial viability with magnetic résonance." Ph.D. dissertation, John Hopkins University, Baltimore, 1997.
- [4] A. Duerinckx and N. Kumar, "One-stop mr evaluates function and perfusion - mri approach to cardiac imaging provides noninvasive diagnostic information about ischemic disease." *Diagnostic Imaging - Cardiovascular Imaging Supplement*, 2000.
- [5] B. Wyman, W. Hanter, F. Prinzen, and E. McVeigh, "Mapping the propagation of mechanical activation in the paced heart with mri tagging. : Heart and , 276(3) :." *American Journal of Physiology, Circulatory Physiology*, vol. 273, no. 3, pp. 881–891, 1999.
- [6] A. Samli, C. Öztürk, O. Faris, and B. Wyman, "Analysis of the activation propagation on both ventricles using tagged mri," in *23rd Annual International Conference of the IEEE/EMBS*, vol. 1, Istanbul, Turkey, 2001, pp. 307 –310.
- [7] O. Fans, F. Evans, C. Ôztiirk, D. Ennis, J. Taylor, and E. McVeigh, "Correlation between electrical and mechanical activation in the paced canine heart," in *Meeting of the International Society for Magnetic Resonance in Medicine (ISMRM'01)*, Glasgow, UK, 2001, glasgow, UK.

- [8] Tennant and Wiggers, “The effect of coronary occlusion on myocardial contraction,” *Am J Physiol.*, vol. 112, pp. 351–361, 1935.
- [9] Daubert, *Infarctus du myocarde*. Cours de Cardiologie du CHU de Rennes., 1998. [Online]. Available : <http://www.med.univ-rennes1.fr/etud/cardio/IDM.htm>
- [10] M. Götte, A. V. Rossum, J. Twisk, J. Kuijer, J. Marcus, and C. Visser, “Quantification of regional contractile function after infarction : Strain analysis superior to wall thickening in discriminating infarct from remote myocardium.” *Journal of the American College of Radiology*, vol. 37, no. 3, pp. 808–817, 2001.
- [11] J. Park, D. Metaxas, A. YoungA., and L. Axel, “Deformable models with parameter functions for cardiac motion analysis from tagged mri data,” *MedImg*, vol. 15, no. 3, pp. 278–289, June 1996.
- [12] D. Friboulet, I. Magnin, C. Mathieu, A. Pommert, and K. Hohne, “Assessment and visualization of the curvature of the left ventricle from 3d medical images,” *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 17, pp. 257–262, 1993.
- [13] P. Clarysse, D. Friboulet, and I. Magnin, “Curvature assessment of the heart walls in 3d dynamic imaging,” in *Proc. of Computers in Cardiology*, 1993, pp. 607–610.
- [14] P. Clarysse, D. Friboulet., and I. Magnin, “Tracking geometrical descriptors on 3-d deformable surfaces : application to the left-ventricular surface of the heart,” *Medical Imaging*, vol. 16, no. 4, pp. 392–404, August 1997.
- [15] M. Cerqueira, N. Weissman, C. Dilsizian, A. Jacobs, S. Kaul, W. Laskey, D. Pennell, J. Rumerger, T. Ryan, and M. Verani, “Standardized myocardial segmentation and nomenclature for tomographie imaging of the heart.” *Circulation*, vol. 105, pp. 539–542, 2002.
- [16] Cormeau and C., *Introduction to cardiovascular MR imaging - A practical guide to cardiovascular MRI*. GE Medical Systems., 1999.

- [17] J. Pan and W. J. Tompkins, "A real-time qrs detection algorithm," *Biomedical Engineering, IEEE Transactions*, vol. BME-32, no. 3, pp. 230–236, 1985.
- [18] L. Waldman, Y. Fung, and J. Covell, "Transmural myocardial deformation in the canine left ventricle. normal in vivo three-dimensional finite strains," *Circ Res*, vol. 57, pp. 152–163, 1985.
- [19] G. D. Meier, M. Ziskin, W. P. Santamore, and A. Bove, "Kinematics of the beating heart," *IEEE Trans Biomed Eng*, vol. 27, pp. 319–329, 1980.
- [20] K. Gallagher, G. Oksada, and M. Miller, "Nonuniformity of inner and outer systolic wall thickening in conscious dogs," *Am J. Physiology*, vol. 249, pp. H241–H248, 1985.
- [21] T. Freeman, J. Cherry, and G. Klassen, "Transmural myocardial deformation in the canine left ventricular wall," *Am J. Physiology*, vol. 235, pp. H523–H530, 1978.
- [22] N. Paragios, "Variational methods and partial differential equations in cardiac image analysis," April 2004.
- [23] M. Sermesant, C. Forest, and X. Pennec, "Deformable biomechanical models : Application to 4d cardiac image analysis," *Elsevier Medical Image Analysis*, vol. 7, pp. 475–488, 2003.
- [24] P. Shi, A. J. Sinusas, R. T. Constable, and E. Ritman, "Point-tracked quantitative analysis of left ventricular motion from 3d image sequences," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 19, no. 1, pp. 36–50, January 2000.
- [25] C. Kambhamettu and D. Goldgof, "Curvature-based approach to point correspondence recovery in conformal nonrigid motion," *CVGIP : Image Understanding*, vol. 60, pp. 26–43, 1994.
- [26] I. Cohen, N. Ayache, and P. Sulger, "Tracking points on deformable objects using curvature information," in *Proceedings of the 2nd European Conference on Computer Vision*. Springer Verlag, 1992, pp. 458–466.

- [27] J. C. McEachen, A. Nehorai, and J. S. Duncan, "A recursive filter for temporal analysis of cardiac motion," in *Proceedings of the IEEE Workshop on Biomedical Image Analysis*, 1994, pp. 124–133.
- [28] X. Papademetris, E. Onat, A. Sinusas, D. Dione, R. Constable, J. Duncan, M. Insana, and R. Leahy, "The active elastic model," in *Information Processing in Medical Imaging (IPMI)*, June 2001.
- [29] X. Papademetris, A. J. Sinusas, D. P. Dione, R. T. Constable, and J. S. Duncan, "Estimating 3d strain from 4d cine-mri and echocardiography : In-vivo validation," in *Medical Image Computing and Computer Aided Intervention (MICCAI)*, Pittsburgh, U.S.A., October 2000.
- [30] A. Sinusas, X. Papademetris, R. Constable, D. Dione, M. Slade, P. Shi, and J. Duncan, "Quantification of 3-d regional myocardial deformation :shape-based analysis of magnetic resonance images," *AJP J Physiol Heart Circ Physiol*, vol. 281, no. 2, March 2001.
- [31] J. Schaerer, "Segmentation et suivi de structures par modèle déformable élastique non-linéaire. application à l'analyse automatisée de séquences d'irm cardiaques." Ph.D. dissertation, INSA de Lyon, 2008.
- [32] S. Mitchell, J. BOSCH, B. LELIEVELDT, R. van der GEEST, J. REIBER, and M. SONKA, "3-d active appearance models : segmentation of cardiac mr and ultrasound images," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, pp. 1167–1178, September 2002.
- [33] T. Cootes, G. Edwards, and C. Taylor, "Active appearance models," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 23, no. 6, pp. 681–685, 2001.
- [34] M. Kaus, J. von Berg, J. Weese, W. Niessen, and V. Pekar, "Automated segmentation of the left ventricle in cardiac mri," *Medical Image Analysis*, vol. 8, pp. 245–254, 2004.
- [35] S. P. Lloyd, "Least squares quantization in pcm," *IEEE Transactions on Information Theory*, vol. 28, no. 2, pp. 129–137, 1982.

- [36] J. Lötjönen, S. Kivisto, J. Koikkalainen, D. Smutek, and K. Lauerma, “Statistical shape model of atria, ventricles and epicardium from short- and long-axis mr images,” *Medical Image Analysis*, vol. 8, pp. 371–386, 2004.
- [37] M. Lorenzo-Valdés, G. I. Sanchez-Ortiz, A. G. Elkington, R. H. Mohiaddin, and D. Rueckert, “Segmentation of 4d cardiac mr images using a probabilistic atlas and the em algorithm,” *Medical Image Analysis*, vol. 8, no. 3, pp. 255–265, 2004.
- [38] X. S. Zhou, A. Gupta, and D. Comaniciu, “An information fusion framework for robust shape tracking,” *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 27, pp. 115–129, Jan 2005.
- [39] D. Comaniciu, “Bayesian kernel tracking,” in *24th DAGM Symposium on Pattern Recognition*, 2002, pp. 438–445.
- [40] N. Kachenoura, A. Redheuil, D. Balvay, C. Ruiz-Dominguez, A. Herment, E. Mousseaux, and F. Frouin, “Evaluation of regional myocardial function using automated wall motion analysis of cine mr images : Contribution of parametric images, contraction times, and radial velocities,” *Journal Of Magnetic Resonance Imaging*, vol. 26, pp. 1127–1132, 2007.
- [41] R. E. Berbari, I. Bloch, A. Redheuil, E. Angelini, E. Mousseaux, F. Frouin, and A. Herment, “An automated myocardial segmentation in cardiac mri,” *Engineering in Medicine and Biology Society. EMBS . 29th Annual International Conference of the IEEE*, pp. 4508–4511, Aug 2007.
- [42] C. Allouche, S. Makram-Ebeid, M. Stuber, N. Ayache, and H. Delingette, “New methods and algorithm for the accurate, real-time, motion analysis of the left ventricle with mri-tagging,” in *Computer Assisted Radiology and Surgery (CARS’J001)*, Berlin, Germany, Elsevier., vol. 1230, 2001, pp. 911–916.
- [43] C. Allouche, “Automatic, real-time processing of spamm-tagged myocardium images with a software-improved tag resolution.” in *Meeting*

- of the *International Society for Magnetic Resonance in Medicine (ISMRM'01)*, Glasgow, UK., 2001.
- [44] —, “Reconstruction, recalage et modélisation 4d du mouvement du ventricule gauche du coeur humain pour le traitement d’images médicales.” Ph.D. dissertation, Université Paris XI, 2002.
- [45] D. Ennis, F. Epstein, E. McVeigh, and A. Arai, “Mr tagging of the entire cardiac cycle : regional analysis of normal subjects an hypertrophic cardiomyopathy using a new quantity for assessment of regional cardiac fonction.” in *Meeting of the International Society for Magnetic Resonance in Medicine (ISMRM'01)*, Glasgow, UK., 2001.
- [46] I. Haber, D. Metaxas, and L. Axel, “Using tagged mri to reconstruct a 3d heartbeat,” *Computing in Science and Engineering*, vol. 2, no. 5, pp. 18–30, 2000.
- [47] N. Osman and J. Prince, “Imaging heart motion using harmonic phase mri,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 19, no. 3, pp. 186–202, 2000.
- [48] C. Oztürk and E. McVeigh, “Motion analysis of both ventricles using tagged-mri in paced canine hearts.” in *Meeting of the International Society for Magnetic Resonance in Medicine (ISMRM'00)*, Denver, CO., vol. 8, 2000, p. 1612.
- [49] W. O’Dell and A. McCulloch, “Imaging three-dimensional cardiac fonction.” *Annual Reviews in Biomedical Engineering*, vol. 2, pp. 431–456, 2000.
- [50] A. Frangi, W. Niessen, and M. Viergever, “Three-dimensional modeling for fonctional analysis of cardiac images.” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, no. 1, pp. 2–25, 2001.
- [51] A. Amini and J. Prince, *Measurement of Cardiac Deformations from MRI : Physical and Mathematical Models*. Kluwers Academic Publishers, Springer, 2002.

- [52] W. Kerwin, N. Osman, and J. Prince, *Image processing and analysis in tagged cardiac MRI*. Academic Press, San Diego, CA. : Handbook of Medical Imaging, 2000, vol. chapitre 24, pages 375-391.
- [53] J. Barron, S. Beauchemin, and D. Fleet, "Performance of optical flow techniques," *IJCV*, vol. 12, no. 1, pp. 43-77, 1994.
- [54] C. Stiller and J. Konrad, "Estimating motion in image sequences," *IEEE Signal Processing*, vol. 16, no. 4, pp. 70-91, July 1999.
- [55] H. Haussecker and H. Spies, *Motion*. San Diego, CA : HandBook of Computer Vision and Applications, 1999, ch. 13, pp. 309-392.
- [56] J. L. Prince and E. R. McVeigh, "Motion estimation from tagged mr image sequences," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 11, pp. 238-249, 1992.
- [57] S. N. Gupta and J. L. Prince, "On variable brightness optical flow for tagged mri," in *Information Processing in Medical Imaging*, June 1995.
- [58] S. Gupta, J. Prince, and S. Androutsellis-Theotokis, "Bandpass optical flow for tagged mri." in *IEEE International Conference on Image Processing (ICIP'97)*, vol. 3, San Diego, CA., 1997, pp. 364-367.
- [59] T. Denney and J. Prince, "Optimal brightness fonctions for optical flow estimation of deformable motion." *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 3, no. 2, pp. 178-191, 1994.
- [60] L. Dougherty, J. Asmuth, A. Blom, L. Axel, and R. Kumar, "Validation of an optical flow method for tag displacement estimation." *IEEE Transactions on Medical imaging*, vol. 18, no. 4, pp. 359-363, 1999.
- [61] D. Kraitchman, A. Young, C. C., and L. Axel, "Semi-automatic tracking of myocardial motion in mr tagged images," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 14, no. 3, pp. 422-433, 1995.
- [62] A. Young, D. Kraitchman, L. Dougherty, and L. Axel, "Tracking and finite element analysis of stripe deformation in magnetic resonance tag-

- ging,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 14, no. 3, pp. 413–421, 1995.
- [63] M. Guttman, E. Zerhouni, and E. McVeigh, “Analysis of cardiac function from mr images,” *IEEE Computer Graphics and Applications*, pp. 30–38, 1997.
- [64] M. Guttman, J. Prince, and E. McVeigh, “Tag and contour detection in tagged mr images of the left ventricle,” *Medical Imaging, IEEE Transactions*, vol. 13, no. 13, pp. 74 – 88, 1994.
- [65] M. Guttman, E. Zerhouni, and E. McVeigh, “Fast contourless tag segmentation and displacement estimation for analysis of myocardial motion,” in *Joint meeting of Society of Magnetic Resonance*, vol. 1. Nice : European Society for Magnetic Resonance in Medicine and Biology, 1995, p. 41.
- [66] T. Denney, “Estimation and detection of myocardial tags in mr images without prior knowledge of myocardial contours,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 8, no. 4, pp. 330–344, 1999.
- [67] E. Atalar and E. McVeigh, “Optimization of tag thickness for measuring position with magnetic resonance imaging,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 13, no. 1, pp. 152–160, 1994.
- [68] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos, “Snakes : Active contour models,” *International Journal of Computer Vision*, vol. 1, no. 4, pp. 321–332, 1988.
- [69] N. Rougon, “Eléments pour la reconnaissance de formes 3d déformables - application à l’imagerie biomédicale.” Ph.D. dissertation, ENST, Paris, France, 1993.
- [70] S. Kumar and D. Goldgof, “Automatic tracking of spamm grid and the estimation of deformation parameters from cardiac images,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 13, pp. 122–132, 1994.

- [71] P. Radeva, A. Amini, J. Huang, and E. Marti, “Deformable b-solids and implicit snakes for localization and tracking of mri-spamm data,” in *IEEE/SIAM Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis (MMBIA '96)*, San Francisco, CA., 1996, pp. 192–201.
- [72] A. Amini, Y. Chen, and R. Curwen, “Coupled b-snake grids and constrained thin-plate splines for analysis of 2-d tissue deformations from tagged mri,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 17, pp. 344–356, 1998.
- [73] J. Huang, D. Abendschein, V. Dàvila-Romàn, and A. Amini, “Spatio-temporal tracking of myocardial deformations with a 4d b-spline model from tagged mri,” *IEEE Transactions on Medical, Imaging*, vol. 18, no. 10, pp. 957–972, 1999.
- [74] A. Amini, P. Radeva, M. Ellayyadi, W. McBride, D. Li, and D. Abendschein, “Non-invasive placement and 3d tracking of myocardial beads with spamm-tagged magnetic resonance imaging,” *Computers in Cardiology*, vol. 25, pp. 745–748, 1998.
- [75] Y. Wang, Y. Chen, and A. Amini, “Efficient lv motion estimation using subspace approximation techniques,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, no. 6, pp. 499–513, 2001.
- [76] J. Declerck, N. Ayache, and E. McVeigh, “Use of a 4d planispheric transformation for the tracking and the analysis of lv motion with tagged mr images,” INRIA, Sophia-Antipolis., Tech. Rep. 3535, 1998.
- [77] C. Oztürk and E. McVeigh, “Four dimensional b-spline based motion analysis of tagged cardiac mr images,” in *SPIE proceedings*, ser. Physiology and Function from Multidimensional Images, vol. 3660. San Diego CA : SPIE Press, Feb. 1999, pp. 45–56.
- [78] P. Clarysse, C. Basset, L. Khouas, P. Croisille, D. Friboulet, C. Odet, and I. Magnin, “Two-dimensional spatial and temporal displacement and deformation field fitting from cardiac magnetic resonance imaging,” *Medical Image Analysis*, vol. 4, pp. 253–268, 2000.

- [79] W. O'Dell, C. Moore, W. Hunier, E. Zerhouni, and E. McVeigh, "Displacement field fitting for calculating 3d myocardial deformations from tagged mr images," *Radiology*, 195, vol. 195, pp. 829–835, 1995.
- [80] J. Declerck, T. Denney, C. Oztürk, W. O'Dell, and E. McVeigh, "Lv motion reconstruction from tagged mri : A comparison," in *Meeting of the International Society for Magnetic Resonance in Medicine (ISMRM'99)*, vol. 7, Philadelphia, PA, 1999, p. 1283.
- [81] J. Park, D. Metaxas, A. Young, and L. Axel, "Analysis of left ventricular wall motion based on volumetric deformables models and mri-spamm," *Medical Image Analysis*, vol. 1, no. 1, pp. 53–71, 1996.
- [82] T. Denney and J. L. Prince, "Reconstruction of 3-d left ventricular motion from planar tagged cardiac mr images : An estimation theoretic approach," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 14, pp. 625–635, December 1995.
- [83] T. Denney, "Estimation of left ventricular displacement from magnetic resonance phase contrast and tagging data," in *Image and Multidimensional Signal Processing Workshop*, Belize City, Belize, 1996.
- [84] D. Fleet and A. Jepson, "Stability of phase information," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 15, no. 12, pp. 1253–1268, 1993.
- [85] N. Osman and J. Prince, "Angle images for measuring heart motion from tagged mri," in *IEEE International Conference on Image Processing (ICIP'98)*, vol. 1, Chicago, IL, 1998, pp. 704–708.
- [86] —, "Direct calculation of 2d components of myocardial strain using sinusoidal mr tagging," in *SPIE Conference on Medical Imaging : Image Processing*. San Diego, CA : SPIE Press, 1998.
- [87] T. Nguyen, S. Reeves, and T. Denney, "New magnetic resonance tagging technique for directly measuring the strain tensor of the in-vivo heart," in *IEEE International Conference on Image Processing (ICIP'98)*, vol. 1, Chicago, IL, 1998, pp. 694–698.

- [88] N. Osman and J. Prince, "An integrated system for measuring regional cardiac function using harmonic phase mri," in *Meeting of the International Society for Magnetic Resonance in Medicine (ISMRM'00)*, vol. 8, Denver, CO., 2000, p. 1551.
- [89] E. Bayram, C. Hamilton, and W. Hundley, "Mr tagging from a signal processing perspective," in *23rd Annual International Conference of the IEEE/EMBS*, vol. 3, Istanbul, Turkey, 2001, pp. 2488–2491.
- [90] J. Garot, D. A. Bluemke, N. F. Osman, C. E. Rochitte, E. M. R., E. Zerhouni, J. L. Prince, and J. A. Lima, "Fast determination of regional myocardial strain fields from tagged cardiac images using harmonic phase mri," *Circulation*, vol. 101, no. 9, pp. 981–988, 2000.
- [91] P. Oldershaw and A. Bishop, "The difficulty of assessing right ventricular function," *British Heart Journal*, vol. 74, pp. 99–100, 1995.
- [92] H. Naito, J. Arisawa, K. Harada, H. Yamagami, T. Kozuka, and S. Tamura, "Assessment of right ventricular regional contraction and comparison with the left ventricle in normal humans : a cine magnetic resonance study with presaturation myocardial tagging," *British Heart Journal*, vol. 74, pp. 186–191, 1995.
- [93] S. Klein, T. Graham, and C. Lorenz, "Noninvasive delineation of normal right ventricle contractile motion with magnetic resonance imaging myocardial tagging," *Annals of Biomedical Engineering*, vol. 26, pp. 756–763, 1998.
- [94] A. Young, Z. Fayad, and L. Axel, "Right ventricular midwall surface motion and deformation using magnetic resonance tagging," *American Journal of Physiology : Heart and Circulatory Physiology*, vol. 271, pp. 2677–2688., 1996.
- [95] Z. Fayad, V. Ferrari, D. Kraitchman, A. Young, H. Palevsky, D. Bloomgarden, and L. Axel, "Right ventricular regional function using mr tagging : Normals versus chronic pulmonary hypertension," *Magnetic Resonance in Medecine*, vol. 39, pp. 116–123, 1998.

- [96] M. Sacks, C. Chuong, G. Templeton, and R. Peshock, "In vivo 3-d reconstruction and geometric characterization of the right ventricular free wall," *Annals of Biomedical Engineering*, vol. 21, pp. 263–275, 1993.
- [97] S. Denslow, H. Wiles, L. McKellar, N. Wright, and P. Gillette, "Right ventricular volume estimation using an ellipsoidal shell model and single-plane magnetic resonance imaging," *Investigative Radiology*, vol. 31, no. 1, pp. 17–25, 1996.
- [98] Q. Pham, F. Vincent, P. Clarysse, P. Croisille, and I. Magnin, "A fem-based deformable model for the 3d segmentation and tracking of the heart in cardiac mri," in *International Workshop on Image and Signal Processing and Analysis*, Pula, Croatia, 2001, pp. 250–254.
- [99] Q. Pham, "Segmentation et mise en correspondance en imagerie cardiaque multimodale conduites par un modèle anatomique bi-cavités du coeur," Ph.D. dissertation, Institut National Polytechnique de Grenoble, 2002.
- [100] F. Vincent, P. Clarysse, P. Croisille, and I. Magnin, "Segmentation et suivi de mouvement d'objets déformables par région active," in *17ème colloque GRETSI*, Vannes, 1999, pp. 163–166.
- [101] F. Vincent, "Gabarits déformables élastiques pour la segmentation et le suivi de mouvement du coeur en imagerie par résonance magnétique," Ph.D. dissertation, INSA, Lyon, 2001.
- [102] L. Axel, A. Montillo, and D. Kim, "Tagged magnetic resonance imaging of the heart : a survey," *Medical Image Analysis*, vol. 9, no. 4, pp. 376–393, 2005.
- [103] C. Davatzikos, J. Prince, and R. Bryan, "Image registration based on boundary mapping." *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 15, no. 1, pp. 112–115, 1996.
- [104] W. Peckar, C. Schnörr, K. Rohr, and H. Stiehl, "Parameter-free elastic deformation approach for 2d and 3d registration using prescribed dis-

- placements,” *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, vol. 10, pp. 143–162, 1999.
- [105] S. Osher and J. Sethian, “Fronts propagating with curvature dependent speed : Algorithms based on hamilton jacobi formulations,” *Journal of Computational Physics*, vol. 79, pp. 12–49, 1988.
- [106] R. Malladi, J. Sethian, and B. Vemuri, “Evolutionary fronts for topology-independent shape modeling and recovery,” in *ECCV '94 : Proceedings of the third European conference on Computer vision*, vol. 1. Secaucus, NJ, USA : Springer-Verlag New York, Inc., 1994, pp. 3–13.
- [107] J. A. Sethian, *Level Set Methods and Fast Marching Methods*, 2nd ed. Cambridge University Press, 1999.
- [108] V. Caselles, R. Kimmel, and G. Sapiro, “Geodesic active contours,” *ICCV*, pp. 694–699, 1995.
- [109] S. Kichenassamy, A. Kumar, P. Olver, A. Tannenbaum, and A. Yezzi, “Gradient flows and geometric active contour models,” *iccv*, vol. 00, p. 810, 1995.
- [110] M. Gage and R. Hamilton, “The heat equation shrinking convex plane curves,” *J. of Differential Geometry*, vol. 69-96, p. 23, 1986.
- [111] M. Grayson, “The heat equation shrinks embedded plane curves to round points,” *J. of Differential Geometry*, vol. 26, pp. 285–314, 1987.
- [112] Y. Chen, Y. Giga, and S. Goto, “Uniqueness and existence of viscosity solutions of generalized mean curvature flow equation.” *J. of Differential Geometry*, vol. 33, pp. 749–786, 1991.
- [113] L. Vincent, “Morphological grayscale reconstruction in image analysis : Applications and efficient algorithms,” *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 2, no. 2, April 1993.
- [114] P. Besl and H. McKay, “A method for registration of 3-d shapes,” *IEEE Transactions On Pattern Analysis And Machine Intelligence*, vol. 14, no. 2, pp. 239–256, Feb 1992.

- [115] K. Benhajel, “Etude et modélisation de la fonction cardiaque par analyse numérique d’images,” Ph.D. dissertation, LERISS Université Paris 12, 2003.
- [116] Z. Zhang, “Iterative point matching for registration of free-form curves and surfaces,” *International Journal of Computer Vision*, vol. 13, no. 2, pp. 119–152, 1994.
- [117] —, “On local matching of free-form curves,” in *BMVC92*, 1992, pp. 345–356.
- [118] J. Feldmar and N. Ayache, “Locally affine registration of free form surfaces,” in *Proc. of IEEE CVPR, Seattle, Washington*, June 1994, pp. 496–501.
- [119] Y. Chenoune, “Estimation des déformations myocardiques par analyse d’images,” Ph.D. dissertation, UNIVERSITÉ PARIS 12, March 2008.
- [120] B. Horn and B. Schunck, “Determining optical flow,” Massachusetts Institute of Technology, Memo 572, 1980.
- [121] —, “Determining optical flow,” *Artificial Intelligence*, vol. 17, pp. 185–203, 1981.
- [122] J. Duchon, “Interpolation des fonctions de deux variables suivant le principe de la flexion des plaques minces,” *R.A.I.R.O. Analyse Numérique*, vol. 10, no. 12, pp. 5–12, 1976.
- [123] J. Meinguet, “Multivariate interpolation at arbitrary points made simple,” *Zeitschrift für Angewandte Mathematik und Physik (ZAMP)*, vol. 30, no. 2, pp. 292–304, March 1979.
- [124] Y. Notomi, R. Setser, T. Shiota, and al, “Assessment of left ventricular torsional deformation by doppler tissue imaging validation study with tagged magnetic resonance imaging,” *Circulation*, December 2004.
- [125] C. Lorenz, J. Pastorek, and J. Bundy, “Delineation of normal human left ventricular twist throughout systole by tagged cine magnetic resonance imaging,” *J Cardiovasc Magn Reson*, vol. 2, no. 2, pp. 97–108, 2000.

- [126] S. Randrianarisolo, E. Deléchelle, E. Petit, J. Garot, and A. Rahmouni, “Evaluation des déformations du myocarde sur des séquences temporelles d’images irm par estimation contrainte du flot optique,” in *Gretsi, 20ème Colloque*, Louvain la Neuve, Sept 2005.
- [127] —, “Assessment of myocardial deformations from untagged cardiac cine mri,” in *IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, Aug 2008.
- [128] —, “Estimation des déformations du ventricule gauche sur des séquences irm non taggées,” in *Applications Médicales de l’Informatique : Nouvelles Approches*. Monastir-Tunisie : 4è Workshop AMINA, Nov 2008.
- [129] W. Hinshaw and A. Lent, “An introduction to mr imaging : From the bloch equation to the imaging equation.” *Proceedings of the IEEE*, vol. 71, no. 3, pp. 338–350, 1983.
- [130] G. Wright, “Magnetic resonance imaging,” *IEEE Signal Processing Magazine*, vol. 14, no. 1, pp. 56–66, 1997.
- [131] E. Zerhouni, D. Parish, W. Rogers, A. Yang, and E. Shapiro, “Human heart : Tagging with mr imaging : a method for noninvasive assessment of myocardial motion,” *Radiology*, vol. 169, pp. 59–63, 1988.
- [132] L. Dougherty, “Mr imaging of motion with spatial modulation of magnetization,” *Radiology*, vol. 171, pp. 841–5, 1989.
- [133] M. Stone, E. Davis, A. Douglas, M. NessAiver, R. Gullapalli, W. Levine, and A. Lundberg, “Modeling the motion of the internal tongue from tagged cine-mri images.” *Journal of the Acoustical Society of America*, vol. 109, no. 6, pp. 74–82, 2001.
- [134] Q. Chen, V. Mai, A. Bankier, V. Napadow, R. Gilbert, and R. Edelman, “Ultrafast mr grid-tagging sequence for assessment of local mechanical properties of the lungs.” *Magnetic Résonance in. Medicine*, vol. 5, no. 1, pp. 24–8, 2001.

- [135] V. Napadow, V. Mai, A. Bankier, R. Gilbert, R. Edelman, and Q. Chen, "Determination of regional pulmonary parenchymal strain during normal respiration using spin inversion tagged magnetization mri," *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, vol. 13, no. 3, pp. 467–74, 2001.
- [136] S. Tsushima, T. S. Hasegawab, S. Hiraia, Y. Tanakac, and Y. Nakasujic, "Velocity measurement of clay intrusion through a sudden contraction step using a tagging pulse sequence," *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 21, no. 6, pp. 673–677, 2003.
- [137] E. Zerhouni, D. Parish, W. Rogers, A. Yang, and E. Shapiro, "Human heart : Tagging with mr imaging-a method for noninvasive assessment of myocardial motion," *Radiology*, vol. 169, pp. 59–63, 1988.
- [138] B. Bolster, E. McVeigh, and E. Zerhouni, "Myocardial tagging in polar coordinates with use of stripped tags." *Radiology*, vol. 177, pp. 769–772, 1990.
- [139] T. Mosher and M. Smith, "A dante tagging sequence for the evaluation of translational sample motion," *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 15, pp. 334–339, 1990.
- [140] E. McVeigh and E. Atalar, "Cardiac tagging with breath-hold cine mri," *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 28, pp. 318–327, 1992.
- [141] S. Fischer, G. McKinnon, S. Maier, and P. Boesiger, "Improved myocardial tagging contrast," *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 30, pp. 191–200, 1993.
- [142] M. Stuber, M. Spiegel, S. Fischer, M. Scheidegger, P. Danias, E. Pedersen, and P. Boesiger, "Single breath-hold slice-following cspamm myocardial tagging." *Magnetic Resonance Materials in Physics, Biology and Medicine*, vol. 9, pp. 85–91, 1999.
- [143] N. Pelc, R. Herfkens, A. Shimawa, and D. Enzmann, "Phase contrast cine magnetic resonance imaging," *Magnetic Resonance Quarterly*, vol. 7, no. 4, pp. 229–254, 1991.

- [144] W. Perman, L. Creswell, S. Wyers, M. Moulton, and M. Pasque, "Hybrid dante and phase-contrast imaging technique for measurement." *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, vol. 5, pp. 101–106, 1995.
- [145] P. V. Dijk, "Direct cardiac nmr imaging of heart wall and blood flow velocity," *J. Comp. Assist. Tomog.*, vol. 8, pp. 429–436, 1984.
- [146] G. Nayler, N. Firmin, and D. Longmore, "Blood flow imaging by cine magnetic resonance," *J. Comp. Assist. Tomog.*, vol. 10, pp. 715–722, 1986.
- [147] N. Pelc, R. Herfkens, and L. Pelc, "3d analysis of myocardial motion and deformation with phase contrast cine mri," in *Proceedings of the 11th Annual SMRM*, vol. 18, Berlin, 1992.
- [148] N. Pelc, R. Herfkens, A. Shimakawa, and D. Enzmann, "Phase contrast cine magnetic resonance imaging," *Magn. Res. Quart.*, vol. 7, no. 4, pp. 229–254, 1991.
- [149] P. Shi, A. J. Sinusas, R. T. Constable, and J. S. Duncan, "Volumetric deformation analysis using mechanics-based data fusion : Applications in cardiac motion recovery," *International Journal of Computer Vision*, vol. 35, no. 1, pp. 65–85, November 1999.
- [150] W. Tseng, T. Reese, R. Veisskoff, T. Brady, and V. Wedeen, "Myocardial fiber shortening in humans : initial results of mr imaging," *Radiology*, vol. 216, no. 1, pp. 128–139, 2000.
- [151] E. Hsu, A. Muzikant, S. Matulevicius, R. Penland, and C. Henriquez, "Magnetic resonance myocardial fiber orientation mapping with direct histological correlation." *American Journal of Physiology*, vol. 274, pp. 1627–1634, 1998.
- [152] D. Scollan, A. Holmes, and R. W. et J. Forder, "Histological validation of myocardial microstructure obtained from diffusion tensor magnetic resonance imaging," *American Journal of Physiology*, vol. 275, pp. 2308–2318, 1998.

- [153] W. O'Dell, V. Wedeen, T. Reese, and A. McCulloch, "Histological validation of mr diffusion imaging for myocardial fiber architecture analysis," in *Meeting of the International Society for Magnetic Resonance in Medicine (ISMRM'97), Vancouver, Canada.*, 1997.
- [154] T. Reese, R. Weisskoff., R. Smith, B. Rosen, R. Dinsmore, and V. Wedeen, "Imaging myocardial fiber architecture in vivo with magnetic resonance." *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 34, pp. 786–791, 1995.
- [155] W. Tseng, T. Reese, R. Weisskoff, and V. Wedeen, "Cardiac diffusion tensor mri in vivo without strain correction," *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 42, no. 2, pp. 393–403, 1999.

Résumé

Cette thèse présente un nouveau concept pour l'évaluation des déformations cardiaques à partir de ciné-IRM standard sans avoir recours aux images IRM marquées. Nous avons adapté la méthode des ensembles de niveaux afin de segmenter le myocarde et évalué le déplacement des contours endo et épocardique. Le processus de segmentation est appliqué directement sur un ensemble d'images pseudo-volumique 2D + t. Cela conduit à une méthode de segmentation efficace tenant compte à la fois des contraintes de continuité spatiale et temporelle. Puis, nous avons évalué le déplacement des contours endo et épocardique détectés avec une technique de mise en correspondance fondée sur les ensembles de niveaux. La vitesse de déplacement au sein de la paroi myocardique est évaluée par une méthode de flot optique, contrainte avec le déplacement des contours. Enfin, de ce champ de vitesses du myocarde, nous tirons des mesures pertinentes de la contraction cardiaque. La validation de la méthode proposée est effectuée sur des séquences d'images synthétiques, et en comparant sur les mêmes patients nos mesures à celles obtenues avec la méthode de référence HARP appliquée sur des images IRM taggées correspondantes. Les résultats de la méthode sont encourageants, ils sont pratiquement identiques à ceux de l'approche HARP. Cette méthode présente deux avantages principaux: premièrement elle exploite les ciné-IRM standard non taggées, deuxièmement elle permet des évaluations des déformations à haute résolution spatiale. Cette méthode est déjà disponible et peut rendre accessible l'évaluation des déformations du ventricule gauche du myocarde en routine clinique à partir des séquences ciné-IRM.

Mots clés : Traitement d'images, Imagerie cardiaque, IRM, Evaluation des déformations, Segmentation d'images, Ensembles de niveaux, Aide au diagnostic.

Abstract

This thesis presents a new concept for the assessment of cardiac deformation from standard cine-MRI without requiring tagged MRI. We have adapted the level set method to segment the myocardium and to evaluate the endocardial and epicardial velocity contours. The segmentation process is directly applied on a pseudo-volumic 2D+t set of images. This leads to an efficient segmentation method that both take into account spatial and temporal continuity constraints. Then, we evaluated the displacement of detected endocardial and epicardial contours by a levelset based matching procedure. The velocity flow in the myocardial wall is assessed by an optical flow method constrained with the contour displacement. Finally, from the velocity flow, we derive relevant measurements of the cardiac contraction. The validation of the method is performed on synthetic image sequences, and by comparing our measurements to those obtained on the same patients with the HARmonic Phase reference (HARP) method applied on matched tagged MR images. The results of this method are encouraging, they are practically identical to those HARP approach. This method presents two main advantages: first it exploits standard untagged cine-MRI, secondly it leads to high spatial resolution strain assessments. This method is readily available and has potential to make the assessment of left ventricular myocardial deformation accessible for clinical use from a set of cardiac cine MR acquisitions.

Keywords: Images processing, Cardiac imaging, MRI, Strain assessment, Images segmentation, Level sets, Diagnosis.