Modélisation Biomécanique pour l'Imagerie de Prostate

Johan Sarrazin

▶ **To cite this version:**

Johan Sarrazin. Modélisation Biomécanique pour l'Imagerie de Prostate. Modélisation et simulation. Communauté Université Grenoble Alpes, 2016. Français. ⟨NNT : ⟩. ⟨tel-01356665⟩

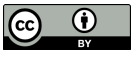
HAL Id: tel-01356665

https://theses.hal.science/tel-01356665v1

Submitted on 30 Aug 2016

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.



Distributed under a Creative Commons CC BY 4.0 - Attribution - International License

Communauté
UNIVERSITÉ Grenoble Alpes

THÈSE

Pour obtenir le grade de

DOCTEUR DE LA COMMUNAUTÉ UNIVERSITÉ GRENOBLE ALPES

Spécialité : **Modèles, méthodes et algorithmes en Biologie, Santé et environnement**

Arrêté ministériel : 7 août 2006

Présentée par

Johan SARRAZIN

Thèse dirigée par **Emmanuel PROMAYON**
et codirigée par **Jocelyne TROCCAZ**

préparée au sein du **Laboratoire Techniques de l'Ingénierie Médicale et de la Complexité - Informatique, Mathématiques et Applications de Grenoble**
et de **l'École Doctorale d'Ingénierie pour la Santé, la Cognition et l'Environnement**

Modélisation Biomécanique pour l'Imagerie de Prostate

Thèse soutenue publiquement le **12 mai 2016**,
devant le jury composé de :

Monsieur, Dimitris VISVIKIS
Directeur de Recherche, LATIM INSERM, Brest, Président
Monsieur, Christian DURIEZ
Directeur de Recherche, INRIA, Lille, Rapporteur
Madame, Maud MARCHAL
Maître de Conférences, INSA INRIA, Rennes, Rapporteur
Monsieur, Pierre MOZER
Professeur des Universités - Praticien Hospitalier, ISIR-UPMC - Hôpital Pitié-Salpétrière, Paris, Examinateur
M. Emmanuel, PROMAYON
Maître de Conférences, Université Joseph Fourier-TIMC, Directeur de thèse
Mme. Jocelyne, TROCCAZ
Directrice de recherche, TIMC-CNRS, Co-Directrice de thèse
M. Michael, BAUMANN
Docteur, KOELIS SAS, Co-Encadrant de thèse

Remerciements

Tout d'abord, je souhaitais remercier mon jury de thèse ; Mes rapporteurs Maud Marchal et Christian Duriez qui ont pu, par leur lecture approfondie, me faire par de leurs suggestions qui me poussent à toujours continuer ce travail. Je remercie également Dimitris Visvikis, pour ses questions pertinentes et son rôle de Président lors de ma thèse. Enfin, je remercie Pierre Mozer, examinateur, pour son oeil de clinicien et l'aide qu'il a pu apporter à mes travaux et cela peu importe le temps que cela prenait ...

Je remercie très fortement et très chaleureusement mes directeurs de thèse, Mahnu, Joce et Micha qui m'ont guidé, aidé et soutenu tout au long des ces presque quatre dernières années ; des petits cafés du matin jusqu'aux deadlines de la nuit en passant par les innombrables brainstorming.

Encore une fois je remercie Mahnu mais également Céline pour l'occasion qu'ils m'ont donné de pouvoir donner des cours - TD - TP pendant les trois années que ce soit à l'IMAG ou à Polytech'Grenoble et en me laissant une grande liberté dans l'enseignement.

Je voudrais remercier l'ensemble des personnes que j'ai pu côtoyer ces dernières années que ce soit dans l'équipe GMCAO du TIMC, au sein de Koelis, qui m'ont fait confiance pour la réalisation de cette thèse, ou encore des quelques membres de l'UPMC de Paris que j'ai pu rencontrer. Je remercie tout particulièrement l'équipe GMCAO, lieu de mes trois ans de travaux de thèse, où j'ai eu le sentiment d'appartenir à une vraie famille, soudée, dynamique, où la bonne ambiance est de rigueur. Je remercie, aussi Ahmad et Anna qui ont du me supporter en tant que doyen du bureau 06.

Un grand merci à mes amis qui m'ont soutenu, chacun à leur manière, dans leur domaine d'excellence (blagues, "blagues", soirées, musique, coinche, bureau des plaintes, squash et randos ...). Merci à vous : Antho, Arnaud, Aurélie, Benoît, Fanny, Gabriel, H, Lastic, Mathieu, Meryck, Nassos, Nicolas, Paul, Pierre-Loup, Poulet, Sébastien, Sonia, Thomas, Valentin, Vincent(s).

Je ne pouvais terminer sans remercier ma famille de tout mon cœur.

Table des matières

1 Prélude **1**

1 Les biopsies dans le cancer de la prostate . . . 1
2 Les GMCAO . . . 2
3 Koelis . . . 3
4 Contexte applicatif . . . 3
5 Objectifs de la thèse . . . 4
6 Organisation du manuscrit . . . 5

2 Contexte Anatomique et Clinique **7**

1 Introduction . . . 7
2 L'anatomie de la prostate . . . 8
2.1 L'environnement pelvien . . . 8
2.2 Sa structure . . . 9
2.3 Ses dimensions . . . 11
2.4 Son rôle . . . 11
3 Contexte clinique . . . 11
3.1 Épidémiologie . . . 11
3.2 De la détection du cancer... . . . 12
3.3 ...à l'Intervention . . . 17
4 Mouvements et déformations de la prostate . . . 22
4.1 L'environnement anatomique . . . 22
4.2 Les outils médicaux . . . 24
5 Conclusion et problématique clinique . . . 25

3 La Modélisation Biomécanique **27**

1 Introduction . . . 27
2 La mécanique des milieux continus . . . 28
2.1 Le domaine . . . 28
2.2 Les tenseurs . . . 28
2.3 Lois de comportement . . . 29
2.4 Construction du modèle . . . 30
2.5 La méthode des éléments finis . . . 31
3 La modélisation discrète . . . 33
3.1 Le système des masses-ressorts . . . 33
3.2 Modèle d'élasticité par mémoire de forme : Phymul . . . 35
4 Application au contexte de la prostate . . . 36
5 Conclusion et problématique biomécanique . . . 43

4 Étude et Validation de Procédures liées à la Modélisation **47**

1 Introduction . . . 47
2 La validation pour la biomécanique clinique . . . 48

2.1 La mesure quantitative . . . 48
2.2 La mesure qualitative . . . 50
2.3 La mesure objective des attentes . . . 50
3 Chaîne de validation de modèles biomécaniques dédiée aux GMCAO . . . 51
3.1 Motivations . . . 51
3.2 La chaîne de validation : étape par étape . . . 52
4 Conclusion . . . 60

5 Développement et Validation d'Outils Associés **61**
1 Introduction . . . 62
2 Calibrage de Sondes Échographiques . . . 62
2.1 Contexte . . . 62
2.2 Méthode 1 : Calibrage pour banc d'essais expérimentaux . . . 63
2.3 Méthode 2 : Calibrage à l'aide d'un robot porte-sonde . . . 73
3 Modélisation et Validation d'une Méthode de Collision . . . 88
3.1 Modéliser la collision . . . 88
3.2 Description générale de notre méthode . . . 90
3.3 Expérimentations . . . 93
3.4 Résultats . . . 99
3.5 Discussion . . . 102
4 Conclusion . . . 104

6 Expérimentations sur des Données Réalistes **105**
1 Introduction . . . 105
2 Description de la chaîne de validation . . . 106
2.1 Objet d'étude . . . 106
2.2 Calibrage . . . 108
2.3 Acquisitions . . . 108
2.4 Segmentation . . . 108
2.5 Construction des maillages . . . 109
2.6 Définition des modèles . . . 110
2.7 Simulations . . . 111
2.8 Métriques et Analyse . . . 113
3 Résultats . . . 115
3.1 Mouvements de la prostate . . . 115
3.2 Stabilité des simulations et temps de calcul . . . 115
3.3 Précision et robustesse des modèles biomécaniques . . . 117
3.4 Erreurs de la chaîne de validation . . . 122
3.5 Pertinence du critère de stabilité . . . 123
3.6 Comparaison avec un modèle hyper-élastique . . . 124
4 Conclusion . . . 127

7 Expérimentations sur des Données Patients **129**
1 Introduction . . . 129
2 Description de la chaîne de validation . . . 130

2.1 Préambule . . . 130
2.2 Objet d'étude . . . 131
2.3 Calibrage . . . 132
2.4 Acquisition . . . 132
2.5 Segmentation . . . 133
2.6 Construction des maillages . . . 134
2.7 Définition du modèle . . . 136
2.8 Simulations . . . 138
2.9 Métriques et Analyse . . . 139
3 Prise en compte des bougés patient . . . 139
3.1 Conservation d'un seul repère de référence . . . 141
3.2 Modification du repère de référence . . . 142
3.3 Avantages et inconvénients . . . 145
4 Résultats . . . 145
4.1 Mouvements simulés de la prostate . . . 146
4.2 Temps de simulation . . . 148
4.3 Erreurs sur l'ensemble de la prostate . . . 149
4.4 Erreurs par zone . . . 151
5 Modélisation de la vessie . . . 152
6 Retour sur la chaîne de validation . . . 154
7 Conclusion . . . 156

8 Postlude **159**
1 Rappel des contributions . . . 159
2 Perspectives . . . 160
3 Publications . . . 162

A Calibrage d'un robot porte-sonde : acquisitions cliniques **163**
1 Objectifs . . . 163
2 Matériel . . . 163
3 Protocole, acquisitions et traitements . . . 164

Bibliographie **167**

Liste des figures

1.1 L'Urostation Touch de Koelis. 4

2.1 Anatomie pelvienne masculine (vue sagittale) [Drake *et al.* 2010]. 8
2.2 Anatomie de prostate (vue axiale). 9
2.3 Description des 4 zones définissant la prostate [Drake *et al.* 2010]. 10
2.4 Représentation d'un examen de toucher rectal. 13
2.5 Représentation d'une biopsie par un abord transrectal [Ouzzane *et al.* 2011] 13
2.6 Principe de la biopsie dite "12-cœurs". 14
2.7 Représentation d'un découpage douze cœurs lors d'une biopsie de prostate TRUS. 14
2.8 Illustration d'une biopsie par abord transpérinéal. 16
2.9 Principe de distribution dosimétrique pour deux types de radiothérapies. 19
2.10 Schéma d'insertion d'aiguilles lors d'une curiethérapie prostatique. 20
2.11 Localisation anatomique des termes pour les bougés et déformations de la prostate. 22
2.12 Déformation de la prostate induite par une sonde échographique transrectale. . . . 25

3.1 Tenseur des contraintes en trois dimensions. 29
3.2 Courbe d'élasticité de la contrainte en fonction de la déformation. 30
3.3 Maillons de chaînes modélisés en masses-ressorts. 34
3.4 Phymul : modélisation discrète à mémoire de forme. 35
3.5 Phymul : Calcul de l'attracteur 36

4.1 Spécificités attendues pour différentes utilisations d'un modèle biomécanique. . . . 51
4.2 Chaîne de validation de modèles biomécaniques dédiée aux GMCAO. 52
4.3 Exemple de données expérimentales pour l'étude de modèles biomécaniques. . . . 53
4.4 Différents types de maillages pour la définition de modèles. 55
4.5 Environnement de comparaison de modèles biomécaniques. 57
4.6 ConvertMML : Bibliothèque pour le traitement des résultats de simulation. 58
4.7 Différentes imageries de prostate. 59

5.1 Outils nécessaires au calibrage plan. 64
5.2 Schématisation du calibrage plan pour l'obtention de la matrice $T_{\Re Vol2\Re Son}$. . . . 65
5.3 Détection de lignes via la transformée de Hough dans une échographie 3D. 65
5.4 Application de la correction de la vitesse du son. 66
5.5 UML simplifié décrivant la structure logicielle du calibrage plan 67
5.6 Création de $\Re_{Inv}$ via le centre invariant de sonde pour un calibrage sonde. 68
5.7 Schémas de volumes échographiques acquis avec différents paramètres de profondeurs et d'angles. 69
5.8 Évaluation du calibrage plan via la segmentation de billes FIMO. 72
5.9 Évaluation du calibrage plan selon les spécificités recherchées. 73
5.10 Schéma d'une méthode de calibrage Main-Œil adaptée à un robot porte sonde. . . 76
5.11 Échographie d'un fantôme de calibrage réalisé au TIMC-IMAG. 77
5.12 Génération virtuelles de données de calibrage Main-Œil d'un robot porte-sonde. . 79

5.13 Dispositif de calibrage utilisant un localisateur optique pour simuler le robot porte-sonde. . . . 80
5.14 Segmentation d'une bille en FIMO de 2mm de diamètre. . . . 81
5.15 Simulation d'un bruit gaussien dans la localisation de billes virtuelles. . . . 82
5.16 Évolution de l'erreur RMS de calibrage due à la segmentation de billes auxquelles un bruit gaussien est ajouté graduellement. . . . 83
5.17 Évolution de $\varepsilon_{RMS-Disp}$ à l'issue du calibrage lors de l'ajout d'un bruit gaussien graduel dans les matrices A_i et B_i pour un nombre d'acquisitions donné (4, 8, 12, 16, 20). . . . 85
5.18 Évolution de l'erreur maximum à l'issue du calibrage lors de l'ajout d'un bruit gaussien graduel dans les matrices A_i et B_i pour un nombre d'acquisitions donné. 85
5.19 Acquisition de volumes échographiques (b) avec un robot porte-sonde et un fantôme dédié (a) au calibrage Main-Œil. . . . 86
5.20 Évaluation du calibrage d'un robot porte-sonde échographique. . . . 88
5.21 Méthodes de détection de collision (tiré de [Teschner *et al.* 2005]). . . . 89
5.22 Écartement dû à une projection radiale et exemple de la solution proposée. . . . 91
5.23 Schématisation des différentes étapes permettant de créer la projection à l'extérieure de la sonde des noeuds entrés dans celle-ci. . . . 93
5.24 Banc de test pour l'étude de méthodes de collisions. . . . 94
5.25 Modèle sténopé d'une caméra. . . . 95
5.26 Diagramme des tâches pour l'interprétation des données du banc de test et ses résultats à l'état initial et final. . . . 98
5.27 Détection de la profondeur dans une image. . . . 98
5.28 Visualisation des différentes méthodes de collisions utilisées. . . . 99
5.29 Exemple d'une simulation de notre méthode de collision sur banc de test. . . . 101
5.30 Champ de contrainte équivalente de von Mises par élément après insertion de la sonde pour différentes méthodes de collision. . . . 103

6.1 Banc d'essai pour l'acquisition d'échographies sur fantôme réaliste. . . . 106
6.2 Fantôme d'un environnement de prostate. . . . 107
6.3 Échographie volumique du fantôme réaliste de prostate 109
6.4 Déformation du fantôme de prostate avec une méthode à éléments finis. . . . 113
6.5 Division de la prostate selon le protocole 12-cœurs. . . . 114
6.6 Mouvements de prostate induits par 2 mouvements de sonde dans un fantôme PVC. 115
6.7 Temps de calcul nécessaires à la stabilisation des simulations. . . . 117
6.8 Erreur RMS générale calculée pour l'ensemble de la prostate par axe et selon le type de maillage. . . . 120
6.9 Distribution de l'erreur RMS pour différentes zones axiales de la prostate et selon le type de maillage. . . . 121
6.10 Distribution de l'erreur RMS pour différentes zones coronales de la prostate et selon le type de maillage. . . . 122
6.11 Évolution de l'erreur de simulation par bille pour un déplacement (a) important ($\simeq$ 2 cm) et (b) normal ($\simeq$ 1 cm) de sonde. . . . 125

6.12 Comparaison de l'erreur RMS entre un modèle Néo-Hookéen et linéaire FEM-Large pour des mêmes jeux de données. 126

7.1 Mise en place des acquisitions cliniques sur patient. 131
7.2 Acquisition des données de calibrage sur fantôme en mimant la position du patient en décubitus latéral. 132
7.3 Ordre des biopsies dans un schéma 12-cœurs visualisé dans le plan coronal. 133
7.4 Segmentation de points d'intérêt dans une prostate issue d'acquisitions échographiques patient. 134
7.5 Modélisation du rectum lors de la construction des maillages patients. 135
7.6 Visualisation et modélisation de l'arche pubienne à l'échographie transrectale, à gauche, et dans le maillage, à droite. 136
7.7 Deux tests de conditions aux limites. 137
7.8 Prise en compte des bougés du patient dans les simulations 140
7.9 Observation des bougés patients dans le Panorama. 143
7.10 Principes généraux lors du changement de repère de référence. 144
7.11 Repères anatomiques pour l'étude du mouvement de la prostate. 146
7.12 Mouvements de la prostate dans les simulations de la biopsie B02 à B08 engendrés par la sonde endorectale. 147
7.13 Erreurs mesurées par axe pour les simulations B02 à B08. 150
7.14 Découpage automatique "12-cœurs" de la prostate. 151
7.15 Illustration de la segmentation de la vessie en plus de la prostate dans le modèle patient-spécifique. 153
7.16 La perspective Phymul. 157

A.1 Fantôme de calibrage utilisé pour des acquisitions en conditions cliniques. 164

Liste des tableaux

2.1 Description des principaux déplacements subis par la prostate en fonction du remplissage de la vessie (V) et du rectum (R). 23

3.1 Récapitulatif des modèles biomécaniques de prostate issus de la littérature. 44

5.1 Erreurs de calibrage calculées à partir de la re-projection du plan détecté dans 12 volumes échographiques dans le repère $\Re_{Plan}$ pour 3 calibrages. 71
5.2 Erreurs de calibrage calculées à partir de la projection de billes dans le repère $\Re_{Loc}$ pour trois calibrages. 72
5.3 Jeux de données réels acquis pour l'étude du calibrage Main-Œil développé au cours de cette thèse. 84
5.4 Résultats de calibrage Main-Œil en conditions réelles. 86
5.5 Comparaison de l'ε_{RMS} trouvée avec notre méthode de calibrage avec des méthodes similaires de la littérature. 87
5.6 Résultats de collisions obtenus en précision et en temps pour deux méthodes basées sur les pénalités. 100
5.7 Résultats de collisions obtenus en précision et en temps jusqu'à stabilisation pour notre méthode et la projection radiale. 102
5.8 Extremums de la contrainte équivalente de von Mises obtenus pour 3 tests de collision. 103

6.1 Récapitulatif des résolutions utilisées pour le maillage du fantôme. 110
6.2 Récapitulatif des jeux de paramètres utilisés lors de la définition des modèles. . . . 111
6.3 Nombre total de simulations qui n'atteignent pas le critère de stabilité imposé. . . 118
6.4 Erreurs RMS obtenues pour 36 des 81 combinaisons de paramètres dans les simulations. 119
6.5 Erreurs RMS moyennes obtenues pour les 3 zones axiales de la prostate selon le maillage. 122
6.6 Erreurs RMS et temps obtenus avec un modèle hyper-élastique Néo-Hookéen. . . . 126

7.1 Récapitulatif des paramètres utilisés pour les simulations. 138
7.2 Déplacement simulé du barycentre de six repères anatomiques de la prostate pour sept biopsies en fonction des deux méthodes de conditions aux limites. 148
7.3 Temps de simulations (FPS) et temps de stabilisation (en nombre de pas de temps) moyens observés pendant les simulations. 149
7.4 Erreurs moyennes (mm) pour les simulations des biopsies B02 à B08. 149
7.5 Répartition des cibles dans la prostate. 152
7.6 Erreurs moyennes obtenues par zones et par axe dans la prostate pour les simulations avec des sphères pour conditions aux limites. 152
7.7 Erreurs moyennes (mm) pour les simulations des biopsies B02 à B08 où la vessie est également maillée. 154

Chapitre 1

Prélude

Sommaire

1 **Les biopsies dans le cancer de la prostate** 1
2 **Les GMCAO** 2
3 **Koelis** 3
4 **Contexte applicatif** 3
5 **Objectifs de la thèse** 4
6 **Organisation du manuscrit** 5

Ce premier chapitre est une brève introduction aux travaux menés pendant ces trois dernières années au travers d'une thèse Cifre[1] en partenariat entre le laboratoire TIMC-IMAG et la société Koelis. Pour introduire nos travaux, nous explicitons brièvement, dans un premier temps, le contexte clinique de cette thèse : le cancer de la prostate. Nous présentons, ensuite, les partenaires de ces travaux en mettant l'accent sur les problématiques auxquelles ils répondent. Les deux sections suivantes exposent le contexte applicatif de cette thèse ainsi que ses objectifs. Finalement, nous décrivons l'organisation de ce manuscrit.

1 Les biopsies dans le cancer de la prostate

Le cancer de la prostate est le cancer le plus fréquent chez l'homme en France ainsi que dans le reste de l'Europe et aux États-Unis. La biopsie de la prostate est le seul geste permettant d'affirmer de manière histopathologique la présence d'un cancer. En France, la procédure conventionnelle se réalise via des prélèvements acquis sous guidage échographique 2D le plus souvent ou 3D endorectale pouvant déplacer et déformer la prostate. Ce geste demande une charge cognitive importante à l'urologue afin d'obtenir des prélèvements précis et de déduire la position exacte 3D des cibles du traitement.

Aujourd'hui, des solutions existent pour assister l'urologue. Par exemple, le laboratoire TIMC-IMAG et la société Koelis ont réalisé un système de cartographie 3D des biopsies de prostate à l'aide d'un recalage élastique échographique et IRM. Cet outil permet de situer le prélèvement dans un volume de référence ou de viser une cible vue à l'IRM. Dans la littérature, depuis quelques années, d'autres outils de recalage voient le jour pour la prise en compte des bougés et de la déformation de la prostate. Cependant ces recalages peuvent être mis à défaut lors de très grandes déformations de l'organe. Un certain nombre de chercheurs se penchent sur ce sujet et tentent de résoudre ces problèmes à l'aide de modèles biomécaniques. Nos travaux de thèse s'intéresse à cette problématique.

1. Convention Industrielle de Formation par la Recherche - Subvention ANRT Cifre N°2012/1247

2 Les GMCAO

La pratique médicale et chirurgicale connaît de nos jours une réelle transformation qui va de paire avec l'émergence des nouvelles technologies. Grâce à celles-ci, les praticiens hospitaliers visent à améliorer la qualité de vie du patient en prodiguant des soins de plus en plus précis, efficaces et minimalement invasifs. Dans ces dernières décennies, la littérature montre tout un ensemble de recherches qui a permis, par exemple, l'amélioration des images médicales avec l'émergence de l'imagerie numérique 3D permettant de se déplacer dans un volume d'acquisition pour visualiser un ensemble d'organes. Nous pouvons également citer l'imagerie fonctionnelle permettant de voir l'activité cérébrale, l'élastographie et un grand nombre d'autres techniques. En effet, les nouvelles technologies et l'augmentation de la puissance calculatoire des ordinateurs ont permis la transcription de solutions mathématiques complexes en des algorithmes puissants, rapides et adaptés aux demandes médicales aidant le médecin dans sa pratique journalière.

Aujourd'hui encore, de très nombreuses recherches sont menées dans ce domaine. L'équipe de recherche GMCAO (Gestes Médico-Chirurgicaux Assistés par Ordinateur) du laboratoire TIMC-IMAG de Grenoble travaille dans ce domaine. Tout un pan de recherche, sur lequel nous nous sommes penchés pendant ces trois dernières années, est dédié au calibrage et au recalage d'imageries multi-modales pré-opératoires ou/et per-opératoires ainsi qu'à la modélisation biomécanique des structures du vivant. Á titre illustration, nous mentionnons ci-dessous quelques travaux de l'équipe en relation plus ou moins étroite avec les travaux que nous présentons dans ce manuscrit, de ces dernières années pour :

- la création de simulateurs visant à entraîner les jeunes médecins dans leur futur pratique à l'aide de modèle biomécaniques. [Selmi *et al.* 2013] travaillent sur un simulateur réaliste de biopsies transrectales de prostate réalisées sous échographie permettant l'entraînement des jeunes urologues au travers de différents exercices et jeux de données particuliers issus de vrais cas patients.
- le recalage de volumes issus de modalités différentes et acquises à des temps différents pour un traitement per-opératoire des informations. [Baumann 2008] ont travaillé sur le recalage per-opératoire de volumes échographiques de prostate par abord transrectal. [Leroy *et al.* 2004], quant à eux, ont travaillé sur le recalage d'images tomodensitométriques pré-opératoires avec des volumes échographiques per-opératoires du rein pour aider le médecin lors de ponctions dans cet organe.
- le calibrage de systèmes d'acquisitions échographiques [Baumann *et al.* 2008] ou encore le calibrage intrinsèque d'appareils de scanographie [Spencer & Desbat 2014] (type "C-arm"). Ces méthodes sont utilisées pour reconstruire, à partir d'une série d'acquisitions, un référentiel unique permettant de retrouver la position de tout objet dans un même espace ou encore permettre la construction de volumes à partir de l'acquisition d'images.
- la prédiction en temps-réel (ou temps per-opératoire) du mouvement, de la déformation et de la position de cibles, d'organes ou de cellules [Payan *et al.* 2012, Promayon 2008, Marchal 2006] à l'aide de modèles biomécaniques. Ces recherches ont porté sur le "Mesh-Matching" [Payan *et al.* 2012], permettant d'évaluer l'impact d'un geste chirurgical pendant une intervention à l'aide modèles biomécaniques. [Promayon 2008]

ont étudié le mouvement respiratoire afin de le contrôler pendant une exploration fonctionnelle pour la détection de pathologie au niveau du tronc. [Marchal 2006] ont étudié un modèle biomécanique discret dans le but de pouvoir aider l'urologue lors de biopsies ou de curiethérapies de prostate en lui donnant un grande nombre d'informations (déformations, suivi de zones) dont il ne dispose pas explicitement avec seulement une imagerie échographique lors de la procédure standard.

3 Koelis

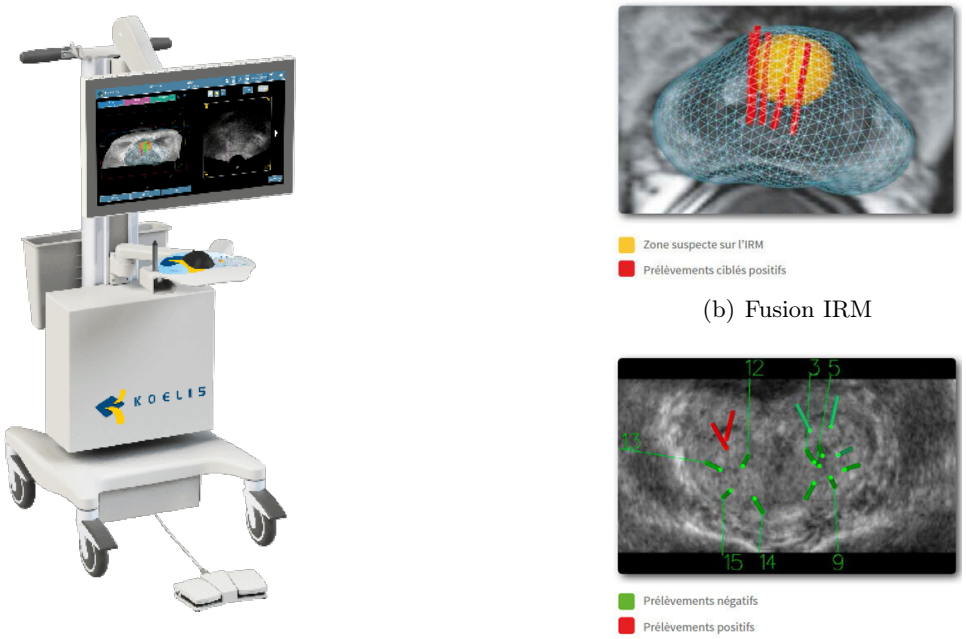
Koelis est une société innovant dans le domaine de l'urologie et plus précisément au niveau du cancer de la prostate. Depuis 2009, cette société commercialise un produit, appelé Urostation, permettant la cartographie 3D des biopsies de prostate afin d'aider l'urologue à visualiser les ponctions qu'il effectue et donc d'être plus précis (voir figure 1.1). Cette cartographie se fait à l'aide d'un recalage élastique 3D de volumes échographiques issus de travaux développés au sein du laboratoire TIMC-IMAG [Baumann *et al.* 2012]. L'Urostation permet également de fusionner des images pré-opératoires IRM, où la détection de zones cibles a lieu, avec des volumes échographiques per-opératoires. La société Koelis, qui vise à toujours mieux aider l'urologue, a entrepris des travaux de recherche avec des partenaires tels que le laboratoire ISIR ou le laboratoire TIMC-IMAG comme celui que nous vous présentons ci-après.

4 Contexte applicatif

Cette thèse s'inscrit dans un projet de recherche nommé PROSBOT [2]. Ce projet réunit à la fois des hospitaliers (APHP Pitié Salpétrière de Paris, CHU et CIC-IT de Grenoble Alpes), deux laboratoires de recherches (ISIR de l'UPMC et TIMC-IMAG de l'UJF-UGA) et un industriel (Koelis).

Ce projet avait pour objectif de développer un robot de comanipulation échographique visant à améliorer la précision du geste lors de biopsies de prostate [Poquet *et al.* 2014]. Aujourd'hui, rappelons -le, la biopsie de prostate reste la seule intervention affirmant de manière histopathologique la présence ou non d'un cancer. Ces biopsies sont à la base des décisions en termes de traitements ou de surveillance active pour le patient. Connaître précisément la localisation des prélèvements effectués est donc très importante. Le robot de comanipulation a pour but d'être intégré avec l'Urostation pour aider l'urologue à stopper son geste sur des zones cibles lors de ces biopsies. Dans le projet ANR PROSBOT, un simulateur de biopsies de prostate est également développé, au sein du TIMC-IMAG [Selmi *et al.* 2013], afin de faciliter un apprentissage du geste de la biopsie basé sur des scénarios réels. Finalement des algorithmes de traitements d'images et des modèles biomécaniques temps-réel sont également étudiés pour permettre une comanipulation efficace et un geste le plus fluide et précis possible.

2. Projet ANR TECSAN sous la référence : ANR-11-TECS-0017



(a) Urostation Touch

(b) Fusion IRM

(c) Cartographie 3D

Figure 1.1 – L'Urostation Touch de Koelis.
L'Urostation (a) permet, suite à un IRM pré-opératoire où des zones suspectes ont été vues, de fusionner cette IRM à des acquisitions échographiques transrectales 3D (b) à l'aide d'un recalage élastique afin de s'assurer de ponctionner les cibles voulues. L'Urostation propose également pour chaque nouvelle acquisition échographique, le recalage de celle-ci à un volume de référence permettant au final d'établir une cartographie précise des lieux de biopsies (c). Cela est très utile pour la localisation du cancer et la surveillance active de personnes à risque.

5 Objectifs de la thèse

Pendant ces trois années de thèse, nous nous sommes penchés sur le déploiement d'un modèle biomécanique de la prostate. En effet, dans des cas où la prostate est très fortement déformée par une sonde endorectale, comme lors de biopsies, les algorithmes de recalage de la littérature peuvent être mis en défaut. D'autres gestes médicaux tels que la curiethérapie ou l'utilisation d'antennes IRM nécessite un abord transrectal et les mêmes déformations peuvent être observées. En curiethérapie, on observe le même type de phénomène où une sonde transrectale est utilisée et peut changer la forme et la position de la prostate au cours du temps. Cela peut donc rendre caduque le planning pré-opératoire visant à positionner précisément un ensemble de grains radioactifs dans la prostate afin de traiter le cancer. En plus de cela s'ajoutent des imprécisions dues à l'œdème provoqué par l'insertion de nombreuses aiguilles et le dépôt de grains radioactifs (cf. chapitre 2). Notre objectif est donc de développer un modèle biomécanique, utilisable en temps per-opératoire, permettant le suivi des bougés et des déformations de la prostate pour pallier les effets induits par la sonde endorectale. Le but étant de pouvoir améliorer la précision du guidage des biopsies ou tout

autre intervention où la prostate est déformée et déplacée alors que des zones spécifiques doivent être suivies.

Il s'agit donc de pouvoir développer des modèles biomécaniques patients-spécifiques à la fois précis et utilisables pendant le geste du clinicien. Ces modèles doivent pouvoir interagir en temps-réel avec une sonde échographique et être couplés au robot de comanipulation. Ces travaux de thèse ne sont pas dédiés à la création de nouveaux types de modèles mais visent à étudier la faisabilité de méthodes existantes pour un déploiement en application clinique. En effet, beaucoup de travaux existent sur les modèles mais peu peuvent satisfaire l'ensemble de critères nécessaires à un transfert clinique, dans une utilisation quotidienne sur patient de la méthode. Ces critères sont principalement la robustesse des modèles, leur précision et leur fiabilité, leur rapidité et leur reproductibilité.

Un autre objectif est donc le développement d'une méthodologie, pour l'évaluation et la validation des modèles, prenant en compte tout le processus de construction et d'utilisation d'un modèle biomécanique dynamique dans une application clinique. Ceci n'a pas été réalisé par le passé. Une étude approfondie des sources d'erreurs est alors possible et permet une comparaison point à point de différents modèles. Ce déploiement doit permettre de réaliser du prototypage d'applications cliniques via des bancs d'essais expérimentaux d'abord. Ils seront suivis par des tests expérimentaux sur patients utilisant des modèles biomécaniques et le même enchaînement d'étapes. Un autre but de cette méthodologie est de permettre la comparaison d'outils liés à la construction des modèles biomécaniques et de comparer massivement ceux-ci pour le test d'une multitude de cas afin d'évaluer la robustesse des méthodes utilisées. Enfin, un autre objectif est de ne pas changer l'espace de travail du clinicien ni son mode de fonctionnement pendant son geste pour lui donner des informations en plus tout en étant le plus transparent possible. C'est pourquoi il faut tirer parti au maximum de l'existant, comme par exemple l'utilisation unique de volumes échographiques pour la construction de modèles biomécaniques lors de sessions de biopsies.

Ces objectifs sont les axes principaux de la thèse. Nous verrons, au fil du manuscrit, qu'une multitude d'outils ont du être conçus afin de réaliser ces objectifs.

6 Organisation du manuscrit

Pour présenter les travaux réalisés, le plan suivant a été adopté. Afin de se situer par rapport à l'existant, les deux premiers chapitres (Chapitre 2 et Chapitre 3) traitent du contexte de cette thèse au travers d'une découverte clinique de la prostate suivie d'un état de l'art de la modélisation biomécanique appliqué à cet organe.

De cet état de l'art, nous introduisons les travaux réalisés afin de répondre à la fois aux exigences scientifiques que l'on se fixe et aux verrous scientifiques trouvés dans la littérature. Dans le but de valider l'ensemble d'une procédure et non plus seulement les modèles biomécaniques construits à la fin de celle-ci, le chapitre 4 explicite une chaîne de validation détaillant l'ensemble des informations avant et pendant les simulations. Le chapitre 5 détaille les outils développés pour la création de ces modèles dynamiques de prostate à partir d'acquisitions réalisées sur un banc d'essai expérimental mais aussi à partir de l'acquisition de données cliniques.

Ces outils nous ont permis de réaliser une étude sur fantôme réaliste de prostate (Chapitre 6) ainsi que sur des données cliniques (Chapitre 7). Nous concluons ce manuscrit par une synthèse des travaux menés pendant cette thèse et apportons des propositions d'améliorations et des perspectives à ce travail.

Chapitre 2

Contexte Anatomique et Clinique

Sommaire

1 Introduction . . . 7
2 L'anatomie de la prostate . . . 8
2.1 L'environnement pelvien . . . 8
2.2 Sa structure . . . 9
2.3 Ses dimensions . . . 11
2.4 Son rôle . . . 11
3 Contexte clinique . . . 11
3.1 Épidémiologie . . . 11
3.2 De la détection du cancer... . . . 12
3.2.1 Le taux d'Antigène Spécifique de Prostate . . . 12
3.2.2 Le toucher rectal . . . 12
3.2.3 La biopsie . . . 13
3.3 ...à l'Intervention . . . 17
3.3.1 La prostatectomie radicale . . . 17
3.3.2 La radiothérapie . . . 17
3.3.3 La curiethérapie prostatique . . . 18
3.3.4 L'hormonothérapie . . . 20
3.3.5 Le traitement focal . . . 21
4 Mouvements et déformations de la prostate . . . 22
4.1 L'environnement anatomique . . . 22
4.2 Les outils médicaux . . . 24
5 Conclusion et problématique clinique . . . 25

1 Introduction

Afin de mieux comprendre la problématique de cette thèse, nous présentons, dans un premier temps, l'anatomie de la prostate. Cette section détaille les particularités de l'organe, ses fonctions et les spécificités liées à son environnement. Dans un second temps, l'accent est mis sur les différentes interventions médicales dans la détection et le traitement du cancer de la prostate. Les avantages et les inconvénients des méthodes sont présentés afin de mettre en exergue les potentielles sources d'améliorations. Une partie est également dédiée à la description des déformations et des déplacements non négligeables subis par la prostate.

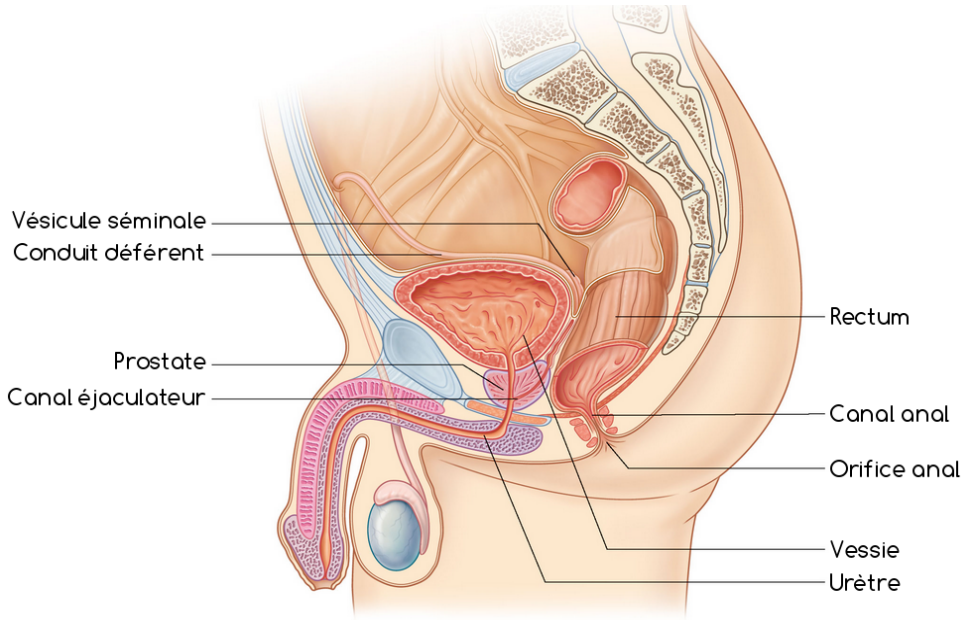


Figure 2.1 – Anatomie pelvienne masculine (vue sagittale) [Drake *et al.* 2010].

2 L'anatomie de la prostate

2.1 L'environnement pelvien

La prostate est un organe génital masculin situé dans la zone pelvienne. Elle se situe en avant du rectum, derrière la symphyse pubienne, dans la loge prostatique, située elle-même, juste en-dessous de la vessie. La prostate entoure, à ce niveau, la partie proximale de l'urètre sur 3 cm à 4 cm. Tout autour de la prostate, on retrouve également des ligaments, le pubis, la symphyse pubienne, des tissus d'épaisseurs et d'élasticités différentes (rectum, vessie) ainsi que du tissu adipeux plus ou moins représenté selon l'individu. Il s'agit donc d'un organe confiné, au milieu d'un environnement dense, entouré de structures anatomiques de natures tissulaires et de propriétés bien différentes.

Parmi ces organes, en contact avec la prostate comme le montre les figures 2.1 et 2.2, se trouve la **vessie**. Il s'agit d'un organe musculaire extensible pouvant aller jusqu'à plus de dix centimètres de long. Cette extensibilité lui permet de contenir, en moyenne, de 200 à 500 ml d'urine chez l'adulte. Dans le système urinaire, la vessie permet de stocker l'urine, produite au niveau des reins, qui sera ensuite évacuée via l'urètre.

L'**urètre** est un canal par lequel passe l'urine permettant son évacuation lors de la miction. Ce canal débute au col de la vessie et se termine au bout de la verge en passant au travers de la prostate. L'urètre mesure environ 15 cm et a un diamètre variable allant jusque 5 mm à 6 mm aux parties les plus larges. ce canal joue également un rôle reproducteur chez l'homme en évacuant le sperme arrivant des vésicules séminales.

Plaquées en arrière de la vessie et au devant du rectum, connectées à la prostate et reliées à l'urètre, on retrouve les **vésicules séminales**. Au nombre de deux, elles jouent un rôle de sécréteur et d'excréteur du liquide spermatique. En effet, les spermatozoïdes arrivent

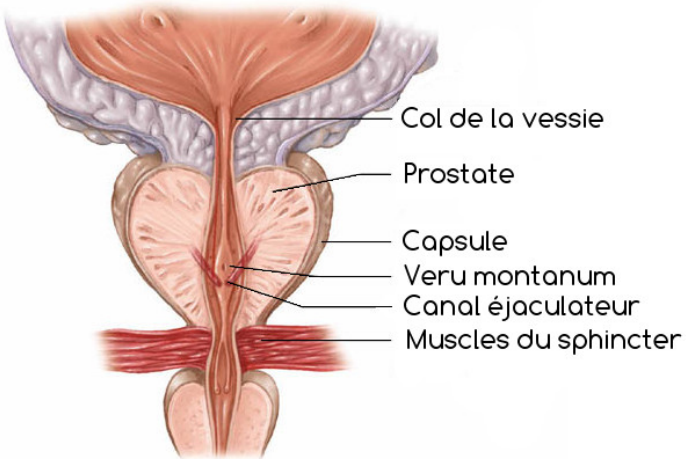


Figure 2.2 – Anatomie de prostate (vue axiale).
(http ://www.cea1.com/)

via les **canaux déférents** au niveau de ces vésicules qui excrètent le plasma séminal sécrété. Les canaux déférents deviennent alors les canaux éjaculateurs et amènent le liquide séminal et les spermatozoïdes, le contenant, au niveau de l'utricule prostatique, située elle-même en amont du **veru montanum**.

Le **rectum** est également en contact avec la prostate. Composé de muqueuses et de fibres musculaires, le rectum possède une paroi fine au niveau de la prostate. C'est pourquoi, des sondes endorectales sont utilisées afin de réaliser, par exemple, des échographies de prostate, voir figure 2.7. La fine paroi permet une bonne visualisation de la prostate lors d'un abord transrectal.

2.2 Sa structure

De manière générale, la prostate est de forme conique, formée de deux lobes, avec une base située au niveau du col de la vessie où se forme l'urètre. Au niveau du diaphragme uro-génital, on retrouve l'apex de la prostate. Plus précisément, le modèle anatomique généralement utilisé pour décrire la prostate [Seisen *et al.* 2012, Selman 2011] est celui proposé par McNeal [McNeal 1981]. Il décrit la prostate sous forme de 4 zones (voir figure 2.3) définies grâce à des repères anatomiques précis. Ses zones respectivement appelées zone de transition, zone périphérique, zone centrale et zone fibro-musculaire, ont été choisies étant donné leur origine embryologique. Cette différence d'origine permet, en effet, de les décrire en terme de sensibilité à contracter certaines pathologies.

Dans la prostate, on retrouve une zone dite **zone de transition** (ZT). Cette zone représente environ 5 % de la masse glandulaire. Elle correspond à deux petits lobes entourant la partie proximale de l'urètre [1] au milieu de la prostate. D'un point de vue pathologique, cette zone est liée à certaines hyperplasie bénignes [2] survenant lors du vieillissement. La

1. Partie de l'urètre située en amont du veru montanum et en dessous de la vessie.
2. Forte croissance de cellules non malignes.

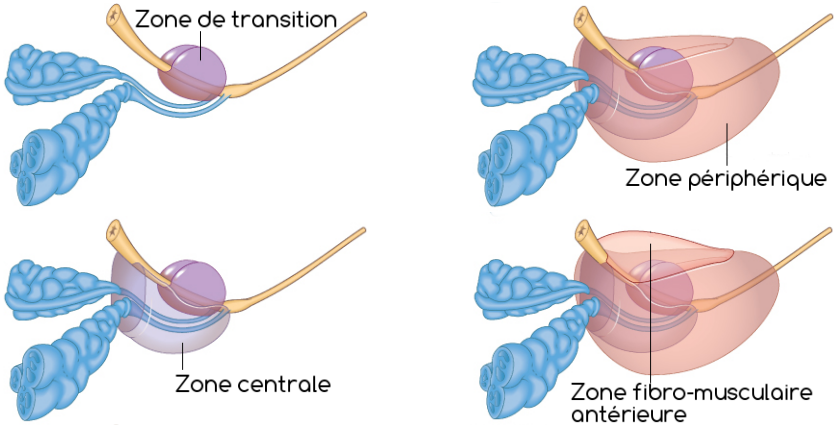


Figure 2.3 – Description des 4 zones définissant la prostate [Drake *et al.* 2010].

zone de transition peut également donner lieu à des cancers. Cela représenterait jusqu'à 20 % des cancers de la prostate[3]. À l'âge adulte, cette zone connaît une forte croissance pour devenir la partie la plus volumineuse dans la prostate. Cet élargissement peut provoquer des complications telles que des problèmes urinaires.

La **zone périphérique** (ZP) est la partie de la prostate entourant à la fois la zone de transition, la zone centrale et l'urètre distale. Elle compose la majeure partie de la prostate, représentant environ 70 % du volume dans les cas non pathologiques. C'est également dans cette zone que le cancer est le plus souvent localisé (jusqu'à 70 % des cas des cancers de prostate). Lors de la croissance de la zone de transition, la zone périphérique se trouve alors poussée vers le rectum, ce qui en fait la zone où les tumeurs sont le plus facilement détectables par toucher rectal.

La **zone centrale** (ZC), quant à elle, se situe en dessous et en arrière de la zone de transition. Elle représente la majeure partie de la base de la prostate (en dessous de la vessie) et constitue environ 25 % de la masse de la glande dans des conditions non pathologiques. Cette zone entoure les canaux éjaculateurs arrivant des vésicules séminales. Dans les cas de cancer, la zone centrale représente 5 % à 10 % des cancers se développant dans la prostate.

La **zone fibro-musculaire antérieure** est une zone constituée exclusivement de fibres musculaires (non glandulaire). Elle est située au dessus de l'urètre et parcours la prostate, dans sa partie antérieure, du col vésical jusqu'en amont de l'apex de la prostate. Cette zone joue un rôle musculaire important lors de la miction et plus rarement peut être le lieu de tumeurs.

La prostate est également entourée d'une capsule prostatique [Hammerich *et al.* 2009] principalement composée de collagène. Celle-ci sépare la prostate des structures anatomiques voisines. Dans le diagnostic du cancer, cette capsule est primordiale car elle permet de définir si le cancer est localisé ; celui-ci est alors exclusivement à l'intérieur de cette capsule. Si des cellules cancéreuses sont détectées en dehors de cette capsule, le cancer est alors dit localement avancé. Selon cette distinction, différents traitements peuvent alors être proposés.

3. http ://www.centre-europeen-prostate-paris.com/anatomie-physiologie-prostate.html - màj fév.2012

2.3 Ses dimensions

Il s'agit de la glande la plus volumineuse de l'appareil urogénital masculin. Les dimensions de cette glande varient significativement selon l'âge et les individus. Au cours de la croissance, la prostate va observer une période de croissance lors de la puberté. En moyenne, à la fin de cette première phase d'élargissement, la prostate pèse environ 20 grammes (g) et mesure approximativement 3 cm de long (axe antérieur-postérieur) pour 4 cm de large (axe gauche-droite) et une hauteur de 2 cm (axe inférieur-supérieur). Cela donne un volume moyen de 24 cm^3. La prostate connaît, ensuite, une deuxième phase de croissance quand l'homme dépasse 40 ans. C'est après cette deuxième phase de croissance que les pathologies surviennent, le plus souvent, telles que les troubles urinaires ou encore le cancer [HAS 2013].

2.4 Son rôle

La prostate est une glande exocrine. Elle joue donc un rôle dans la sécrétion au niveau génital. La prostate, avec les vésicules séminales, permet la production du liquide spermatique favorisant la durée de vie des spermatozoïdes, produit au niveau des testicules. Ce liquide protège également de l'acidité du tractus vaginal lors de l'éjaculation dans le cas de la fécondation des ovules. La prostate est également le lieu de production de l'Antigène Spécifique de Prostate (PSA). C'est cette enzyme qui permet de liquéfier le liquide spermatique, provenant initialement des vésicules séminales, et favorise ainsi le déplacement des spermatozoïdes. Le rôle de la prostate dans la reproduction est donc très important.

3 Contexte clinique

Dans les prochains paragraphes, nous nous concentrons sur les gestes médico - chirurgicaux liées au cancer de la prostate. Pour introduire ces derniers, l'épidémiologie est détaillée dans un premier temps. Puis différentes possibilités existantes pour la détection, le soin et la surveillance active de ce cancer sont décrites.

3.1 Épidémiologie

Le cancer de la prostate est, aujourd'hui, le second cancer le plus répandu chez l'homme après celui du poumon. Il représente le 5^e cancer le plus mortel au monde. D'après l'organisation mondiale de la santé [Ferlay *et al.* 2013, Ferlay *et al.* 2012], en 2012, 1.1 million de personnes ont été porteuses de ce cancer et 307 000 personnes en sont décédées. L'incidence du cancer de la prostate est beaucoup plus élevée dans les pays développés et reste en augmentation chaque année. Cette ascendance est à la fois dû au vieillissement de la population et est dû, pour l'Europe, aux campagnes de dépistage précoce par le biais de mesures du taux de PSA plus fréquentes voire systématique à partir d'un certain âge. En plus de cela, des biopsies prostatiques sont également réalisées. Cela permet de constater une tendance de diminution de la mortalité du cancer de la prostate grâce à ce diagnostic précoce permettant une meilleure prise en charge.

En France, les rapports techniques de la Haute Autorité en Santé [HAS 2014, HAS 2013, HAS 2010] rapportent, en 2012, une incidence estimée de 53 465 nouveaux cas de cancers de prostate pour un nombre de décès de 8 876 personnes. Cette incidence est en constante augmentation depuis les années 1980. Il s'agit du cancer à la plus forte incidence chez l'homme et il représente le 3^e cancer le plus mortel en France. Le cancer de la prostate étant un cancer des personnes âgées, la prévalence augmente significativement avec l'âge.

3.2 De la détection du cancer...

3.2.1 Le taux d'Antigène Spécifique de Prostate

Une des premières méthodes dans le dépistage du cancer de la prostate est de mesurer le taux de l'Antigène Spécifique de Prostate (PSA) par une prise de sang. Le PSA est une enzyme produite par la prostate. Dans le cas de pathologies liées à la prostate, le taux de PSA a tendance à augmenter fortement dans le sang. Cependant, ce taux n'est pas spécifique du cancer. Des individus peuvent avoir naturellement un taux élevé dans le sang sans avoir de pathologies. Un haut taux de PSA peut indiquer des prostatites [4], des hyperplasies bénignes de la prostate ou peut être dû au vieillissement. C'est pourquoi, le taux de PSA est utilisé à titre de pré-diagnostic. La littérature [HAS 2013] indique qu'il doit être considéré comme anormal un dosage sérique du PSA supérieur à 4 ng/mL. Ce taux anormal, mis en relation avec l'anamnèse [5] du patient, amène le médecin à se projeter vers des examens complémentaires s'il y a suspicion de cancer. Ces examens sont le toucher rectal, l'imagerie IRM et ou la biopsie prostatique.

3.2.2 Le toucher rectal

Dans le cas de dépistage systématique et ciblé du cancer de la prostate, le toucher rectal (TR), voir figure 2.4, est un des examens réalisés. Dans des conditions normales, une prostate, lors d'un toucher rectal, a un aspect souple et régulier formé par deux lobes. Dans les cas de cancer, le TR montre alors un aspect irrégulier, l'absence de différenciation des deux lobes ou encore des parties plus ou moins rigides sur la prostate. Cet examen ne permet pas d'affirmer la non-présence du cancer [HAS 2013, Villers *et al.* 2003]. En effet, seule une partie de la zone périphérique est palpable, ce qui n'indique pas la présence ou non de cancer dans le reste des zones, comme on peut le voir sur la figure 2.4. Le toucher rectal reste cependant utilisé car c'est un moyen rapide et peu douloureux qui, corrélé au taux de PSA, augmente la sensibilité et la spécificité de la détection du cancer de la prostate. De plus, il est avéré que des cancers peuvent être détectés par un simple toucher rectal alors que les antécédents et premiers examens semblent normaux [Villers *et al.* 2003]. En France, la Haute Autorité de Santé recommande un examen annuel de la prostate pour les hommes de 55 à 69 ans par le biais du toucher rectal.

4. Infection aiguë ou chronique de la prostate
5. en médecine : fait de retracer les antécédents médicaux d'un patient

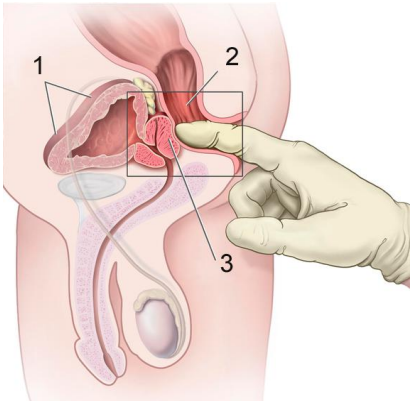


Figure 2.4 – Représentation d'un examen de toucher rectal.
(http ://www.wikipedia.org/)

3.2.3 La biopsie

La biopsie est l'acte standard pour la détection et le suivi actif du cancer de la prostate en France [HAS 2013]. Il s'agit, à l'heure actuelle, du moyen le plus spécifique de prouver, de manière histopathologique, la présence de cellules cancéreuses dans la prostate. La réalisation des biopsies se fait, soit par un abord transrectal [Heidenreich *et al.* 2011, Ouzzane *et al.* 2011], soit par un abord transpérinéal [Heidenreich *et al.* 2011] selon les recommandations d'associations d'urologie.

L'abord transrectal

Ce type de séance de biopsie est traditionnellement réalisé en ambulatoire avec une anesthésie locale et dure, en général, moins d'une heure. Celle-ci peut également être réalisée sous anesthésie générale. Le patient est allongé en décubitus latéral ou en position gynécologique. L'urologue insère alors une sonde endorectale échographique recouverte par un préservatif pour éviter toute contamination. Sur cette sonde est fixé un guide aiguille servant à ponctionner les "carottes" de biopsie, voir figure 2.5.

Figure 2.5 – Représentation d'une biopsie par un abord transrectal [Ouzzane *et al.* 2011]

La recommandation pour les biopsies est d'utiliser des aiguilles dites 18 G [6], soit un diamètre extérieur de 1.27 mm. Pour chaque biopsie, une aiguille ponctionne une carotte de prostate à l'aide d'un "pistolet" permettant un tir rapide pour que l'aiguille soit la moins déformée possible. Une carotte d'environ 17 mm est alors récupérée et envoyée en laboratoire de biologie pour des analyses histologiques. Dans la littérature, il est recommandé de réaliser au moins dix biopsies [Heidenreich *et al.* 2008] ou de respecter le schéma étendu de douze biopsies [Ouzzane *et al.* 2011]. Les risques de morbidité associés à cette intervention sont une hématurie, une rétention urinaire ou encore une infection causée par l'abord transrectal mais ont de faibles pourcentages [Lechevallier 1996]. Des exemples de ponctions dites "douze cœurs" sont présentés en figure 2.6 et figure 2.7.

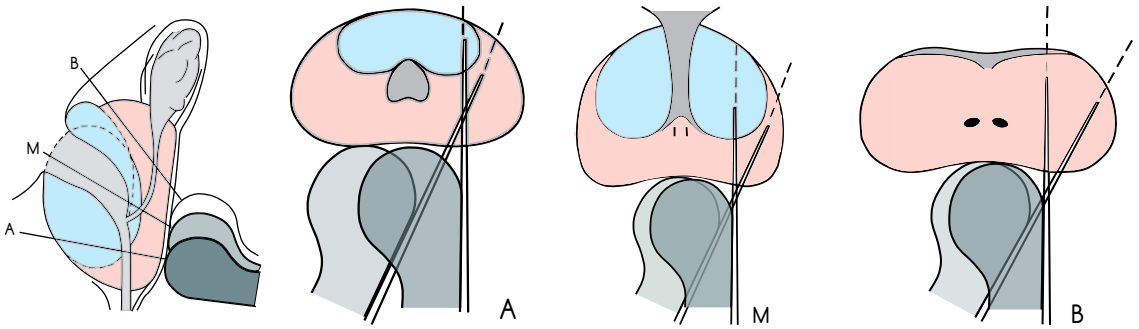


Figure 2.6 – Principe de la biopsie dite "12-cœurs".
Les lettres A, M et B désignent respectivement Apex, Median, Base. Seules les biopsies faites sur la droite de la prostate sont schématisées. Les biopsies seront faites sur la gauche de la prostate par une rotation de 180 ° de la sonde. (Image adaptée de http ://www.urofrance.org/)

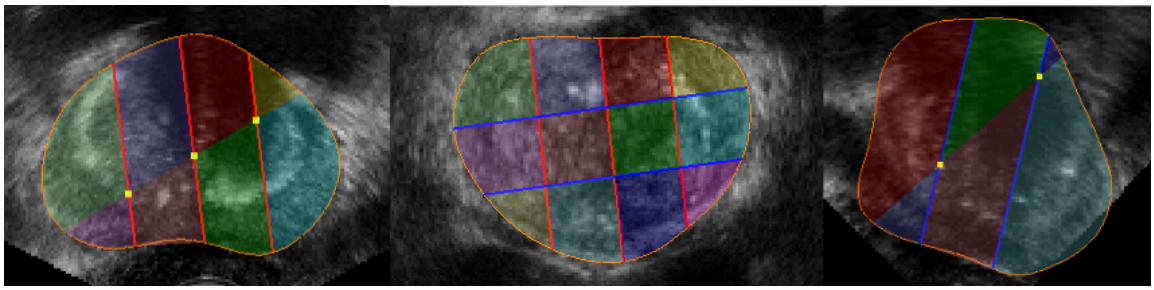


Figure 2.7 – Représentation d'un découpage douze cœurs lors d'une biopsie de prostate TRUS.
De gauche à droite on retrouve une vue axiale, coronale et enfin sagittale d'une échographie de prostate par abord transrectal. Les lignes rouges désignent les plans sagittaux et les lignes bleues les plans axiaux du volume échographique. Les délimitations dans les plan axial et sagittal sont dus au non alignement de la prostate par rapport au volume échographique.

Le protocole de douze biopsies vise à ponctionner de manière équirépartie l'ensemble de la zone périphérique de la prostate. Ceci vient du fait que le cancer n'est généralement pas discernable sur une imagerie échographique. Ainsi, six ponctions sont réalisées sur chaque

6. G pour Gauge : Unité de mesure du diamètre extérieur des aiguilles.

lobe. Chacun des lobes est découpé en trois parties qui sont l'apex, la base et la zone médiane. Une partie est alors ponctionnée avec deux carottes, une latérale et une centrale. Il existe également d'autres protocoles rendant compte de plus de biopsies (18, 24 biopsies, etc). Cependant, aucune étude de la littérature montre une augmentation significative de la détection du cancer de prostate lorsque plus de douze biopsies sont réalisées de manière équirépartie par session et par abord transrectal.

Si une IRM pré-opératoire est réalisée et montre des zones suspectes, des biopsies supplémentaires peuvent alors être réalisées pour biopsier la zone spécifique désignée par le radiologue. Des outils de fusion de volumes échographiques et d'IRM peuvent être utilisés afin de visualiser le lieu de ponction pendant l'intervention faite sous échographie. Malgré tout, cette fusion est généralement réalisée mentalement. Une récente étude réalisée sur 152 patients [Mozer *et al.* 2015] montre l'intérêt de réaliser, pour une première série de biopsie, à la fois le schéma standard de douze biopsies et des ponctions supplémentaires pour chaque zone suspecte identifiée en pré-opératoire sur des images IRM, fusionnées aux images échographiques. Ceci permet de détecter une plus grande proportion de cancer dans la prostate par comparaison avec un schéma standard "douze cœurs". Dans cette étude, la fusion est réalisée à l'aide d'un algorithme développé dans le produit Urostation (Koelis, La Tronche, France). D'autres études ont été menées et montre les mêmes conclusions [Baco *et al.* 2015, Ukimura *et al.* 2015].

Cependant, dans une majeure partie des cas (sans assistance informatique), la fusion IRM/TRUS est mentale. En effet, l'urologue effectue cette tâche sans outils et doit se repérer dans un plan 2D échographique pour ponctionner une zone 3D observée sur une IRM pré-opératoire.

Dans de rares cas, la partie apicale de la prostate est inaccessible par des biopsies par abord transrectal. Malgré le fait que cette partie ne soit pas la plus sensible au cancer, effectuer une biopsie de cette zone reste importante.

L'abord transpérinéal

Les biopsies par abord transpérinéal se font sous anesthésie générale. Le patient est allongé en décubitus dorsal, en position gynécologique. Comme l'abord transrectal, une sonde échographique endorectale est insérée dans le rectum afin d'observer la prostate. Généralement, une grille de guidage appelée "template" [7] guidant les aiguilles est utilisée pour permettre une bonne distribution des ponctions dans l'ensemble de la prostate comme le montre la figure 2.8. Les risques de morbidité associés à cette intervention sont une hématurie macroscopique et une rétention urinaire [Ouzzane *et al.* 2011].

Lorsque le volume de la prostate est très important, le risque d'une biopsie transpérinéale est que l'accessibilité de la prostate est perturbé par les os pelviens bloquant toute ponction dans la partie antérieure de la prostate.

L'évaluation des ponctions

Lors de ces protocoles, chacune des ponctions prostatiques est référencée par le nom de la

7. Anglicisme pour désigner une grille carrée où des trous espacés régulièrement de 5 mm permettent le guidage de l'aiguille.

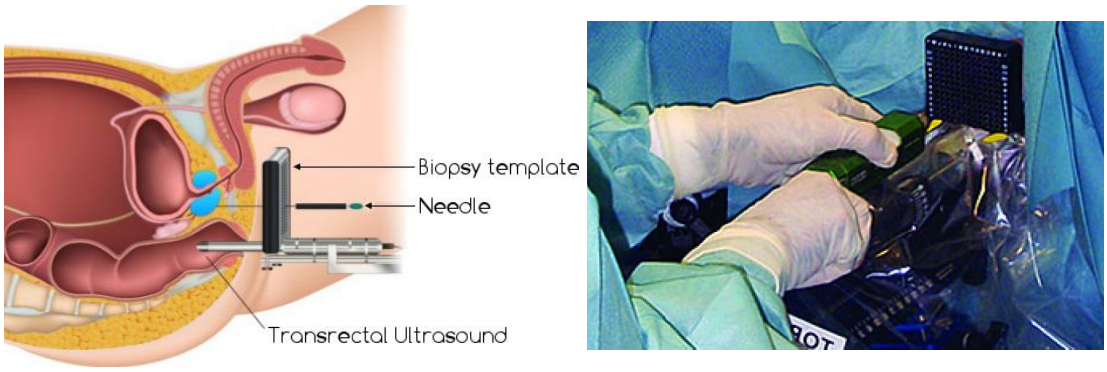


Figure 2.8 – Illustration d'une biopsie par abord transpérinéal.
À gauche, on retrouve un schéma décrivant l'abord transrectal de la sonde ultrasonore avec un guide de biopsie permettant l'insertion par le périné des aiguilles. Une photographie du template est présenté sur l'image de droite. Images tirées de[8] *et*[9].

zone ponctionnée (une des "douze-cœurs") et évaluée en histologie. Si un cancer est détecté, un volume tumoral est estimé via la longueur du cancer dans la carotte prélevée et un score de Gleason peut être donné. Plus ce score est élevé, plus le cancer est agressif. Le score de Gleason est évalué microscopiquement et représente les deux grades de cancer (grades allant de 1 à 5) les plus représentés dans la carotte de biopsie donnant donc un score allant de 2 à 10 (énoncé sous la forme x+y).

La session de biopsie permet à l'urologue de déterminer les suites à donner si un cancer est détecté. L'acte reste cependant difficile à réaliser car le travail de l'urologue se fait généralement "à l'aveugle" de part le confinement de l'organe et l'échogénicité du cancer semblable à celle du tissu dans la majeure partie des cas. Lors d'une session de biopsie classique, l'urologue dispose d'un échographe donnant des coupes 2D en temps réel de la prostate. Ces images sont en niveaux de gris, de qualité assez variable et ne disposent pas d'un référentiel image fixe. En effet, la sonde sert à la fois de guide aiguille et d'outil d'imagerie. On peut noter également une difficulté induite par la distance entre la main du chirurgien et l'organe en question due à la sonde transrectale utilisée. Cette sonde est également restreinte dans ses déplacements par le rectum et l'anus. La plus grande difficulté est donc, à partir de ces images planes, de savoir se situer dans un volume 3D de prostate mentalement imaginé et de réaliser des biopsies de zones ciblées en pré-opératoire. La charge cognitive est donc très importante et seule des estimations sommaires de localisation peuvent être faites à partir des images planes. De nouvelles solutions sont proposées pour pallier à ces problèmes, telle que l'Urostation (Koelis, La Tronche, France). Cet outil permet de recaler des volumes IRM et des échographies 3D entre eux ou plusieurs échographies entre elles pour ainsi aider l'urologue à situer plus rapidement certaines zones dans la prostate. Il procure un référentiel image fixe lié à l'organe et une localisation/visualisation des lésions IRM lors de la session de biopsie. Ces outils sont un bon moyen de diminuer la charge cognitive demandée à l'urologue mais peuvent échouer dans le cas de grandes déformations et déplacements où l'algorithme n'est pas suffisant seul.

3.3 ...à l'Intervention

Il existe plusieurs interventions permettant de lutter contre le cancer. Dans les paragraphes, nous explicitons les principales. Le choix d'un traitement est directement lié au stade du cancer (volume, score, son extension, etc). En effet, différents critères entrent en jeu, tels que la taille de la tumeur, l'atteinte des ganglions pelviens ou encore si le cancer est juste localisé ou présent dans tout autre organe du corps. Lorsque le cancer de la prostate est localisé, différentes interventions peuvent également être choisies et dépendent de l'agressivité du cancer et son risque de récidive (faible, intermédiaire ou haut risque). Une grande quantité d'informations a été recueillie dans les références suivantes : [HAS 2014],[HAS 2013] et [INCA 2010].

3.3.1 La prostatectomie radicale

La prostatectomie radicale est une intervention chirurgicale relativement lourde visant à prélever l'ensemble de la prostate et les vésicules séminales [Mottet *et al.* 2015]. Une partie des tissus environnants est également réséquée pour assurer l'éradication du cancer dans cette zone.

Elle est généralement effectuée sous anesthésie générale et réalisée si le cancer est localisé. Cette chirurgie est préconisée lorsque le patient a une espérance de vie supérieure à 10 ans en tenant compte de l'âge, du stade du cancer, des antécédents et des autres maladies que le patient peut avoir. La prostatectomie est généralement effectuée lorsque le cancer est localisé avec un risque faible ou intermédiaire de récidive. Cette intervention peut être suivie d'une radiothérapie ou hormonothérapie. Les effets indésirables d'une telle opération peuvent être l'impuissance et l'incontinence. Le taux de PSA est surveillé suite à l'opération. On considère que le patient est guéri et que le taux de récidive est faible si, à 5 ans post-intervention, le taux de PSA reste très faible voire nul.

Deux techniques majeures de prostatectomie existent. L'une se fait par un accès rétro-pubique et la seconde par un accès périnéal. Cette intervention peut également être réalisée soit par incision, soit à l'aide de caméras via une chirurgie laparoscopique ou encore à l'aide de robots via une chirurgie laparoscopique également. Ces deux dernières, de plus en plus utilisées, induisent une baisse de perte de sang mais conservent, a priori, les mêmes complications et risques qu'une prostatectomie radicale classique. Le faible suivi à long terme et le peu d'études de haute qualité (randomisation, grand nombre de patients) suite à ces interventions ne permettent pas d'infirmer ou d'affirmer le bénéfice de ces chirurgies mini-invasives [Verdier *et al.* 2014] lorsqu'elles sont comparées à une prostatectomie radicale ouverte qu'elle soit rétro-pubique ou périnéale.

3.3.2 La radiothérapie

La radiothérapie a pour but d'envoyer des rayons ionisants sur la zone tumorale afin de détruire les cellules cancéreuses et de bloquer leur faculté à se multiplier. La technique consiste à envoyer une dose irradiante sur un volume précis pendant un nombre de séances précis dans une période donnée. Les doses sont délivrées à l'aide d'accélérateurs linéaires de

particules permettant de créer ces faisceaux ionisants. La radiothérapie peut être utilisée pour des stades de développements du cancer localisé à risque faible ou intermédiaire récidive. Pour un risque élevé de récidive, le traitement est complété avec une hormonothérapie généralement ainsi que pour les cancers localement avancés.

Dès 1988, l'institut national de santé américain (National Institutes of Health, NIH) affirme que les résultats sont équivalents à ceux d'une chirurgie que ce soit en termes d'éradication du cancer ou encore de qualité de vie après l'intervention pour le patient. Il existe, aujourd'hui, différentes interventions utilisant ce procédé. En ce qui concerne le cancer de la prostate, la radiothérapie appelée **radiothérapie par modulation d'intensité** [10] est la technique de référence à ce jour [Mottet *et al.* 2015].

Des volumes, issus d'une imagerie scanner du patient, sont acquis et utilisés pour définir une dose adéquate à distribuer sur le volume cible cancéreux avec une marge autour de cette cible. Des doses maximales à délivrer aux zones à risques (organes voisins) sont également déterminées. Cela est réalisé à l'aide de logiciels de planning de doses permettant de définir l'énergie délivrée et la localisation des faisceaux. L'intérêt de l'IMRt est de pouvoir moduler l'intensité des faisceaux via des collimateurs multilames permettant alors de distribuer les rayons ionisants avec plus ou moins d'énergie en suivant les contours de la cible et des marges.

Dans le cadre du cancer de la prostate, dessiner les contours de la prostate permet ainsi de contrôler plus précisément la dose distribuée aux organes environnants tels que la vessie ou le rectum, les préservant d'une trop forte irradiation et diminuant donc les risques de morbidité associés. Tout au long du traitement, des séries d'images sont acquises afin de contrôler et d'effectuer des ajustements si cela est nécessaire lors de mouvements et déformations de la prostate. Le fait de délivrer des doses adaptées aux volumes cibles selon leurs formes nécessite une meilleure précision qu'une radiothérapie dite **radiothérapie conformationnelle 3D**, où les doses sont distribuées via des collimateurs produisant des faisceaux d'intensité uniformes. Des exemples de contours de la prostate et des organes environnant pour l'établissement de doses sont présentés en figure 2.9.

Il existe d'autres techniques basées sur la radiothérapie telles que la **tomothérapie**, la **radiothérapie conventionnelle** ou encore la **radiothérapie conformationnelle 3D**. Ces méthodes sont basées sur le même principe. Dans le cas de la prostate, les doses délivrées varient de 70 à 80 Gy [11][Mottet *et al.* 2015, Gross 2011]. Les effets liés à ce traitement sont généralement un trouble érectile, de possibles cystites, rectites ou encore une hématurie.

3.3.3 La curiethérapie prostatique

Contrairement à la radiothérapie externe (faite depuis l'extérieur du corps), comme l'IMRt, la curiethérapie consiste non plus à envoyer des rayons ionisants de l'extérieur du corps mais à placer directement des sources radioactives au niveau la zone cancéreuse, voir figure 2.10. Cette intervention est réalisée, de manière générale, pour des cancers localisés (à

10. Anglais : IMRt (Intensity Modulated Radiation therapy)
11. Gy : Désigne l'unité représentant une énergie absorbée par un milieu homogène pour une masse de $1kg$ et un rayon ionisant de 1 Joule.

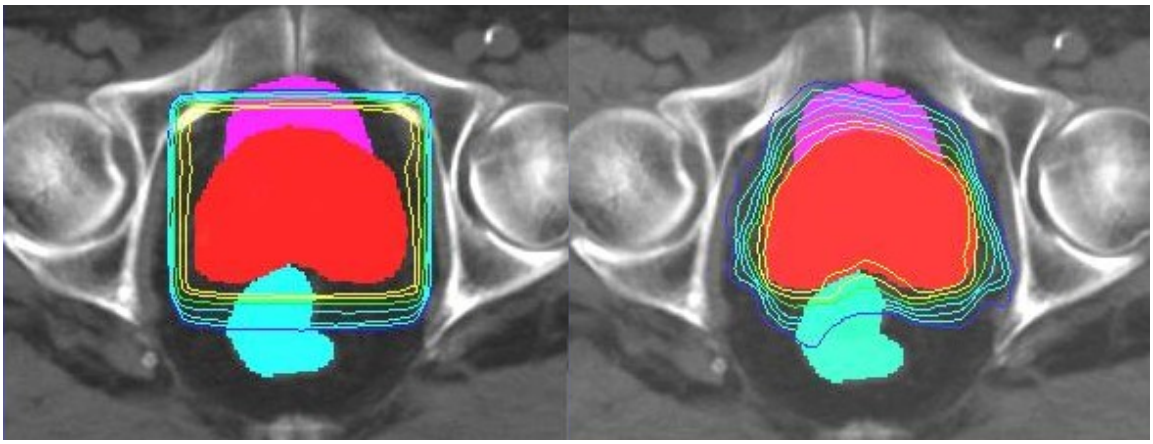


Figure 2.9 – Principe de distribution dosimétrique pour deux types de radiothérapies. *À gauche, on retrouve une radiothérapie conformationelle 3D. On remarque que la distribution de la dose sur la cible (prostate en rouge) et les marges est cubique. Le rectum en bleu ciel et la vessie en violet reçoivent la dose maximum (encadré intérieur jaune) appliquée à la prostate. À droite, avec une radiothérapie IMRt, le rectum et la vessie sont épargnées par cette dose maximum suivant le contour de la prostate. Seules les doses appliquées sur les marges et de moins fortes intensités touchent ces organes. Images tirées de http ://www.umm.uni-heidelberg.de/inst/radonk/engl/englimrt/englimrt.html*

faible risque de récidive) et est à visée curative exclusivement [Mottet *et al.* 2015]. En 2004, une étude montre que la curiethérapie donne d'aussi bons résultats que la radiothérapie [Cosset *et al.* 2004].

Lors de ce traitement, le patient, sous anesthésie générale ou locorégionale (rachianesthésie), est allongé en décubitus dorsal et en position gynécologique. Une sonde endorectale, rigidement fixée afin qu'elle ne bouge plus, est utilisée afin de visualiser la prostate et les sources radioactives implantées pendant l'intervention. Un planning pré-opératoire est conjointement réalisé avec un physicien, un oncologue et le chirurgien urologue. Ce planning vise à contourer précisément la prostate, calculer la dosimétrie et localiser, ensuite, les lieux d'insertion d'aiguilles pour déposer les grains ou fils radioactifs dans la prostate. Les grains sont composés d'iode 125 (implants permanents) ou d'iridium 192 (implants temporaires) et ont pour dimensions 4.5 mm de long pour 0.8 mm de diamètre. L'insertion se fait via une aiguille, par un abord transpérinéal, et est dirigée par un template dont les points d'insertions sont espacés de 5 mm. Une fois les aiguilles placées selon le planning pré-opératoire, les grains sont alors déposés dans la prostate afin de l'irradier dans le cas d'une thérapie à base dose par implants permanents. Lors de curiethérapie à haut débit de dose par implants temporaires, les aiguilles sont reliées à un projecteur de source d'irridium 192 amenant celle ci au niveau des aiguilles. Dans ce cas, quelques séances (3-4 séances) sont réalisées sur quelques jours (2 jours). La collaboration des différents médecins assistants et radiophysiciens à l'intervention permet de réviser au fur et à mesure la dosimétrie et l'insertion des nouveaux grains. Les risques d'une telle intervention sont une perte du pouvoir érectile (mais moins que certaines chirurgies [Mottet *et al.* 2015]), une incontinence

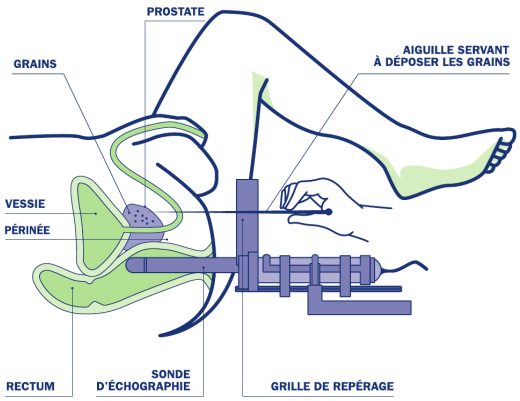


Figure 2.10 – Schéma d'insertion d'aiguilles lors d'une curiethérapie prostatique. *(http ://www.centre-paul-strauss.fr/)*

ou une rétention urinaire. Des risques de développement tumoraux sont également observés au niveau du rectum et de la vessie.

Dans certains cas, des difficultés ou imprécisions peuvent être rencontrés essentiellement à cause des mouvements de translation et de rotation de la prostate empêchant le respect du planning pré-opératoire. Le positionnement des grains peut également être restreint par le template et par les déformations de l'aiguille qui peuvent être importantes [Long 2012]. Cela induit une nouvelle source d'imprécision dans le respect du planning. Finalement, l'accès transpérinéal pose problème lorsque la prostate est très volumineuse (volume supérieur à 60 cm^3) [Cosset *et al.* 2004]. Dans ce cas là, certaines parties de celle-ci sont inaccessibles car situées derrière l'arche pubienne.

Depuis quelques années, la curiethérapie est préconisée pour de nouvelles indications telle que la **curiethérapie focale** ou la curiethérapie dite de rattrapage [Cosset *et al.* 2013]. Ces nouveaux traitements arrivent suite à la prise de conscience d'un certain sur-traitement des cancers de prostate avec des méthodes très agressives. L'utilisation de thérapies focales permettent de limiter cette agressivité. En curiethérapie, cela amène moins d'irradiation donc moins de toxicité. Ce traitement est indiqué que pour des cancers localisé avec préférentiellement un seul foyer tumoral. La curiethérapie de rattrapage est indiquée dans le cadre de rechutes après une radiothérapie externe en lieu et place d'une hormonothérapie quasi-systématique. Il s'agit de d'introduire quelques grains de façon très localisé. Des essais cliniques ont encore lieu aujourd'hui afin d'évaluer le bénéfice pour le patient de telles méthodes.

3.3.4 L'hormonothérapie

Ce traitement est utilisé dans le cas de cancer dits hormonosensibles. L'hormonothérapie est généralement associée à la radiothérapie pour les cancers localisés de prostate. Elle peut également être utilisée en complément de la chirurgie ou de la curiethérapie. Ce traitement est médicamenteux et consiste à bloquer la stimulation hormonale permettant au cancer de se développer. Dans le cadre de la prostate, il s'agit de la testostérone. Dans

certains cas, une ablation des testicules peut avoir lieu afin de stopper cette production.

3.3.5 Le traitement focal

Depuis quelques années se développent de nouvelles procédures pour soigner localement le cancer. Ces techniques sont, pour la plupart, encore au stade de l'évaluation clinique. Il s'agit des traitements focaux [Bozzini *et al.* 2013]. Un traitement focal consiste à détruire seulement la zone tumorale tout en réduisant l'impact sur les tissus environnants. Le but est également de réduire les risques de morbidité liées aux interventions telles que la radiothérapie ou encore la prostatectomie radicale pouvant provoquer l'incontinence ou encore l'impuissance.

Parmi ces procédures, on retrouve :

La **cryothérapie** [Nguyen *et al.* 2013, Hétet *et al.* 2013, Ahmed *et al.* 2009]. Faite généralement sous anesthésie générale cette méthode détruit les cellules cancéreuses en insérant, via un accès transpérinéal, des aiguilles afin de refroidir la zone concernée à -40 ^{o}C. Cette zone peut être soit de nature tumorale, toute une partie de la prostate (hémi-ablation) ou dans de rares cas la totalité de la prostate. La visualisation se fait à l'aide d'une sonde échographique endorectale. Afin de protéger un maximum la partie de l'urètre passant au travers de la prostate, celle-ci est réchauffée le temps de la procédure minimisant ainsi les complications du canal urétral. La morbidité de cette technique rapportée dans la littérature [Hétet *et al.* 2013] montre de meilleurs résultats qu'une ablation totale avec de faibles pourcentages de perte des pouvoirs érectiles et des complications post-opératoires moins importantes.

Le traitement **HIFU** [Crouzet *et al.* 2014, Ahmed *et al.* 2009] (pour High-Intensity Focalized Ultrasound). Il s'agit d'ondes ultrasonores envoyées directement sur la tumeur. Ces ondes, de fréquences supérieures à celles audibles par l'ouïe humaine, produisent des vibrations et des changements biologiques au niveau des cellules. Cela permet de réaliser l'ablation d'une zone cible par la chaleur. La visualisation et l'intervention se font également grâce à une sonde échographique transrectale par laquelle les ondes ultrasonores sont également envoyées. Un des avantages réside dans le fait que le rectum soit épargné par cette chaleur car la concentration des ondes se fait exclusivement sur une zone de focalisation définie au niveau des cellules cancéreuses. La non invasivité de cette méthode est également un avantage à considérer.

La **thérapie photodynamique** du cancer [Nguyen *et al.* 2013, Colin *et al.* 2011] et [Ahmed *et al.* 2009] . Cette procédure vise à injecter des photosensibilisants qui seront, ensuite, activés par excitation via une source lumineuse à une longueur d'onde précise au niveau de la prostate. Ces photosensibilisants sont conçus pour être spécifiques aux cellules tumorales. L'activation des ces photosensibilisants entraîne une cascade d'événements chimiques provoquant la destruction des cellules liées à ce photosensibilisant ainsi que les cellules environnantes.

Un inconvénient mentionné par les détracteurs de ces méthodes, encore débattues aujourd'hui, réside dans le fait que le cancer de la prostate est dans de nombreux cas multifocal, ce qui peut rendre certaines de ces procédures inadéquates.

4 Mouvements et déformations de la prostate

Un certain nombre des difficultés ou des imprécisions retrouvées dans les différents traitements non-chirurgicaux, discutés dans la section précédente, est lié au fait que la prostate bouge et se déforme. Dans les paragraphes qui suivent, nous allons décrire les déplacements et les déformations subis par la prostate que ce soit du fait des organes environnants ou des outils médicaux utilisés dans la détection et le traitement du cancer de la prostate, tels que les aiguilles ou encore les sondes endorectales. La figure 2.11 présente les termes anatomiques et axes utilisés afin de décrire les mouvements subis par la prostate.

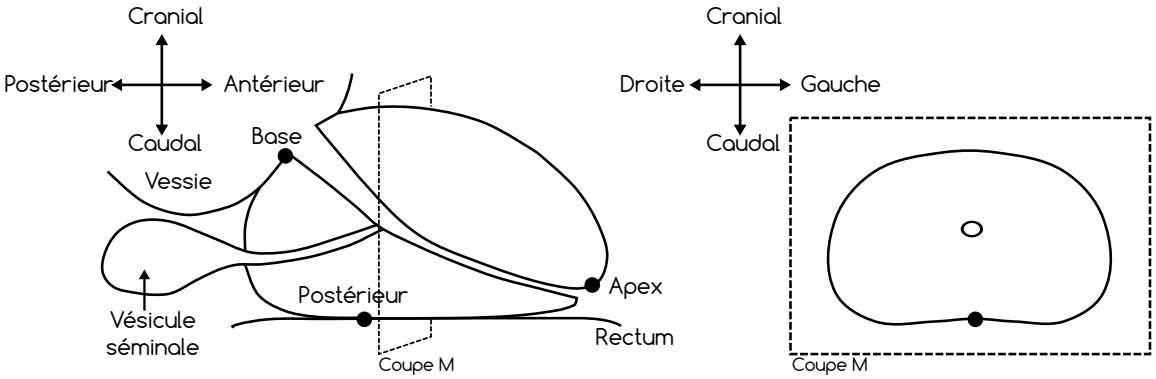


Figure 2.11 – Localisation anatomique des termes pour les bougés et déformations de la prostate.

4.1 L'environnement anatomique

Comme nous l'avons présenté dans les sections précédentes, la prostate est un organe tissulaire confiné. Elle est donc soumise aux contraintes induites par son voisinage anatomique. Principalement, la vessie et le rectum, qui ont un volume variable et une grande extensibilité, sont responsables de la déformation et du déplacement de la prostate. La respiration semble également jouer un rôle dans les changements de position voire de forme de celle-ci [Dawson *et al.* 2000, Malone *et al.* 2000]. Les cycles inspiration-expiration au niveau du remplissage des poumons implique un mouvement du diaphragme et, par conséquent, de l'ensemble des organes du pelvis. Une revue exhaustive de la littérature, arrêtée en 2006 [Marchal 2006], montre un ensemble de déplacements de la prostate obtenu par le remplissage, ou non, de la vessie (V) et du rectum (R). Nous présentons dans la table 2.1 un exemple pour chacun des organes des déplacements qu'ils occasionnent sur la prostate.

La gravité joue également un rôle dans la déformation et le déplacement de la prostate. Une imagerie médicale faite dans deux positions différentes, telle que la position décubitus dorsale gynécologique ou encore une position en décubitus latérale, ne donnera pas les mêmes résultats en termes de déformations et déplacements. La position des jambes du patient influe également en provoquant des rotations du bassin et donc de l'environnement pelvien. Des études ont été menées sur les déplacements de la prostate en fonction de la position du patient dans le cadre de la radiothérapie afin de réduire les risques de toxicité au niveau du

Auteurs	Organes	Mesures (mm)	Commentaires
[Pinkawa *et al.* 2006]	V vide	AP = -1.2 ± 3.5 GD = 0.1 ± 0.9 CC = 0.0 ± 2.4	30 patients ; Centroïde prostate quasi-égal avec V pleine et V vide ; Volume de V très variable
	V pleine	AP = -1.1 ± 4.1 GD = 0.2 ± 1.1 CC = -0.8 ± 3.4	
[Keros *et al.* 2006]	R vide à plein (V vide)	Ant. = 8	9 mm maximum ; Effets respiratoires aussi étudiés ;
	V vide à pleine (R plein)	Post. = 8 Cra.-Ant. = 4	

Table 2.1 – Description des principaux déplacements subis par la prostate en fonction du remplissage de la vessie (V) et du rectum (R).
Les acronymes désignent : AP (Antéro-postérieur) ; GD (Gauche-Droite) ; CC (Cranial-Caudal) ; Ant. (Antérieur) ; Cra. (Cranial) ; Post. (Postérieur)

rectum. [Shah *et al.* 2011] montrent ainsi des différences entre la position décubitus dorsal et décubitus ventral corrélées aux mouvements provoqués par la respiration. Pour réaliser cette expérience, les auteurs utilisent une méthode de suivi électromagnétique de la prostate sur vingt patients. Sur 400 observations, ils constatent des déplacements supérieurs à 3 mm dans 37 % des cas en position ventrale contre 12 % en position dorsale. De forts déplacements, supérieurs à 5 mm, ont également été observés en position ventrale dans 10 % des cas contre 3 % en position dorsale.

En radiothérapie, de nombreux cliniciens ont étudié le mouvement de la prostate pendant et entre deux séquences d'irradiation (intra et inter-fraction). [Smeenk *et al.* 2012] montrent, à l'aide d'une cohorte de trente patients, que l'utilisation d'un ballon endorectal gonflé (quinze patients) permet de significativement réduire les déplacements de la prostate en intra-fractions, surtout le long de l'axe antéro-postérieur comparativement à une intervention sans ballon (quinze patients). Cette statistique est surtout vraie sur les premiers temps du traitement (150 s) avec seulement 88 corrections du positionnement de la table de traitement avec le ballon contre 207 sans celui-ci. Aucune différence n'a cependant été constatée en inter-fraction. Dans le même type d'étude, [Steiner *et al.* 2013] concluent tout de même à la nécessité de repositionner le patient au cours d'une séance d'irradiation malgré l'utilisation d'un ballon endorectal. Repositionner le patient permet de réduire les marges d'irradiation et donc de réduire les risques de morbidités. [Azcona *et al.* 2013] montrent, à l'aide de cibles implantées au niveau de la prostate, que celle-ci subit des déplacements assez importants selon les individus. Sur une cohorte de dix patients, ils observent, en général, des déplacements allant de 0.70 mm à 2.31 mm le long de l'axe antéro-postérieur, de 0.76 mm à 1.64 mm sur l'axe latéral et de 0.70 mm à 2.38 mm le long de l'axe cranio-caudal. Ces auteurs constatent également un mouvement supérieur à 5 mm dans 10 % des cas pour

au moins une direction donnée. Cette étude a été réalisée lors du traitement du cancer de la prostate par une irradiation avec modulation d'intensité volumétrique par arc-thérapie (VMAT). Ce type d'irradiation est basé sur le même principe que l'IMRt mis à part que l'outil de radiothérapie tourne autour du patient.

4.2 Les outils médicaux

L'utilisation d'outils médicaux, tels que des sondes endorectales voire abdominales, entraîne également des mouvements et des déformations de la prostate. Il peut s'agir de sondes échographiques ou IRM. Une revue de la littérature, écrite en 2005 par [Byrne 2005], présente les déplacements de la prostate subis lors d'échographies trans-abdominales. Sur l'ensemble, il est constaté un déplacement variant entre de 1.0 mm à 7.3 mm le long de l'axe cranio-caudal, de 0.4 mm à 5.6 mm sur l'axe antéro-postérieur et de 1.3 mm à 4.6 mm sur l'axe gauche-droite de la prostate. [Mozer *et al.* 2009, Kim *et al.* 2004] indiquent que la prostate subit forcément des déformations et des déplacements lors de l'insertion d'instruments tel qu'une sonde transrectale échographique ou une antenne pour l'imagerie par résonance magnétique. Ces modifications sont importantes et dans le cadre de sondes gonflables peuvent provoquer un mouvement moyen de 4.1 ± 3.0 mm contre 1.2 ± 2.2 mm pour des sondes rigides classiques.

L'insertion d'aiguilles induit également des mouvements et des rotations de la prostate. Dans le cadre de la curiethérapie, on observe également l'apparition d'un œdème prostatique augmentant le volume de la prostate jusque 20 % environ et déformant donc la prostate. [Lagerburg *et al.* 2005] estiment la rotation de la prostate lors de l'insertion d'aiguilles en curiethérapie. Sur une cohorte de seize patients, 31 aiguilles ont été insérées dans un total de huit patients sans blocage et le même nombre avec blocage. Le blocage consiste à insérer deux aiguilles, une de chaque côté de la prostate afin de la bloquer un minimum. La rotation est calculée en comparant la trajectoire de l'aiguille segmentée dans une échographie et la trajectoire des grains insérés grâce à celle-ci. Une rotation maximum de $13.8\ ^o$ dans le plan coronal a été observée pour un patient où l'aiguille était non-bloquée. Dans le plan sagittal, la mesure des rotations a varié entre $-8.5\ ^o$ et $10.2\ ^o$. Les auteurs démontrent, finalement, que bloquer les aiguilles réduit significativement la rotation de la prostate dans le plan coronal mais pas forcément dans le plan sagittal comparativement à des aiguilles non-bloquées. Il est cependant difficile de mesurer les déformations de la prostate puisque l'outil la déformant est également l'outil d'acquisition. Dans la figure 2.12, une exemple de déformation de la prostate est présenté à taille réelle.

Plus tard, [Lagerburg *et al.* 2006] ont également estimé les déplacements de la prostate lors de l'insertion d'aiguille avec et sans robot. Dans une cohorte de trente patients, 32 aiguilles ont été insérées manuellement dans la prostate tandis que 29 autres ont été insérées à l'aide d'un robot. La méthode d'insertion robotisée présentée par ces auteurs varie des autres méthodes. Elle consiste à insérer par à-coups de 5 mm l'aiguille sur la zone cible. Un déplacement cranio-caudal est mesuré à l'aide d'une vidéo échographique prise le temps de l'insertion. Au final, un déplacement moyen de 5.6 mm pour une insertion manuelle et de 0.9 mm pour une insertion robotisée sont mesurés.

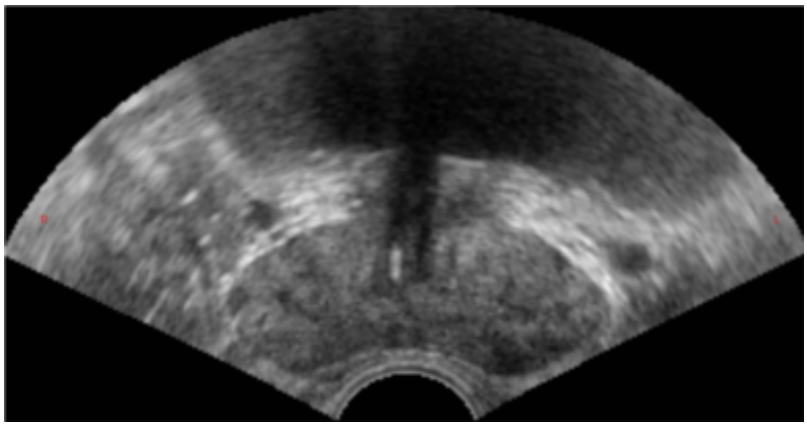


Figure 2.12 – Déformation de la prostate induite par une sonde échographique transrectale. *L'image est affichée en taille réelle, i.e. une hauteur de 55 mm.*

5 Conclusion et problématique clinique

Synthèse

Dans ce premier chapitre, nous avons décrit l'anatomie de la prostate ainsi que les différents outils diagnostiques et interventionnels existants pour les pathologies affectant cet organe. Qu'il s'agisse des techniques de détection ou d'intervention du cancer de la prostate, on constate qu'il est important de pouvoir suivre la prostate. Le but étant que les médecins adaptent leurs gestes tout au long de la procédure. Nous avons également observé, au travers de la section précédente, que la prostate est soumise à de nombreuses contraintes dues à la fois aux organes environnants et aux outils utilisés pouvant entraîner de forts déplacements et de fortes déformations. Ces bougés ou déformations nécessitent le recours à des acquisitions d'images itératives et des corrections du planning qui sont le plus souvent à la charge de l'utilisateur et se font de manière cognitive.

Problématique clinique de la thèse

Aujourd'hui, un des premiers moyens de détection du cancer de la prostate est l'utilisation de la biopsie sous échographie. Que l'abord soit transrectal ou périnéal, on constate que l'insertion de la sonde échographique dans le rectum modifie la forme de la prostate et donc que biopsier un endroit précis devient plus difficile. De plus, l'échographie est une imagerie donnant une visualisation en niveaux de gris, la plupart du temps 2D et de qualité très variable. À partir de là, l'urologue doit reconstruire par simple visualisation 2D, un volume de prostate 3D et se rendre compte de l'endroit où il se trouve exactement pour effectuer son acte. La charge cognitive demandée aux médecins est très importante et doit durer tout au long de l'intervention. Dans le cadre de biopsies ciblées, de thérapies focales ou même de curiethérapie, donner des moyens aux urologues pour se localiser plus précisément pourrait améliorer la précision des actes prodigués. Il devient donc nécessaire de développer des outils performants permettant le suivi de la forme de l'organe afin de garantir aux patients la meilleure prise en charge possible.

L'approche que nous proposons dans ce manuscrit, est l'utilisation de modèles bio-

mécaniques couplés à des images échographiques. La modélisation biomécanique patient-spécifique pourrait permettre de cibler et suivre des zones pendant le temps de l'acte médical. En monitorant ces zones spécifiques ou l'ensemble de la prostate, il serait possible, par exemple, d'adapter les plannings pré-opératoires des interventions par rapport aux images et données acquises en temps réel. Lors de biopsies, l'urologue pourrait également connaître en temps réel sa zone de ponction. Dans le prochain chapitre, nous décrirons et ferons un état de l'art de la modélisation biomécanique dédiée à la médecine. Nous détaillerons également l'existant concernant les modèles biomécaniques dédiés à la prostate et l'environnement pelvien.

Chapitre 3

La Modélisation Biomécanique

Sommaire

1 Introduction . . . 27
2 La mécanique des milieux continus . . . 28
2.1 Le domaine . . . 28
2.2 Les tenseurs . . . 28
2.3 Lois de comportement . . . 29
2.3.1 Élasticité linéaire . . . 29
2.3.2 Hyper-élasticité . . . 30
2.4 Construction du modèle . . . 30
2.5 La méthode des éléments finis . . . 31
2.5.1 Discrétisation et choix du maillage . . . 31
2.5.2 Fonctions de formes . . . 31
2.5.3 MMC et assemblage . . . 31
2.5.4 Résolution . . . 32
2.5.5 Avantages & inconvénients . . . 32
3 La modélisation discrète . . . 33
3.1 Le système des masses-ressorts . . . 33
3.2 Modèle d'élasticité par mémoire de forme : Phymul . . . 35
4 Application au contexte de la prostate . . . 36
5 Conclusion et problématique biomécanique . . . 43

1 Introduction

Dans ce chapitre, nous allons présenter brièvement la modélisation biomécanique en générale. Nous verrons qu'il existe une multitude de modèles biomécaniques qu'ils soient constitués d'une base physique ou qu'ils soient issus d'approximations géométriques connues et que chacun d'entre eux, avec leurs avantages et leurs inconvénients, apportent des solutions à des problèmes bien spécifiques. Pour cela, ce chapitre se décline en trois parties. Une première partie décrit la modélisation biomécanique des milieux continus. Dans cette partie, après une brève introduction à propos de la Mécanique des Milieux Continus (MMC), nous expliquons brièvement la Méthode de résolution des Éléments Finis (MEF) que nous utilisons dans les travaux présentés dans ce manuscrit. La partie suivante présente le principe de la modélisation discrète au travers de la méthode des masses-ressorts et d'une méthode basée sur la mémoire de forme et appelée Phymul. La dernière partie est un état de l'art des modèles utilisés pour la modélisation des déformations et des déplacements de la prostate et leur utilisation clinique.

2 La mécanique des milieux continus

La mécanique des milieux continus consiste à étudier et reproduire la déformation que peut subir un solide. La MMC décrit un ensemble d'opérations permettant de relater précisément l'écoulement de fluide, la compression de gaz ou encore la déformation de solides. L'ensemble des informations que nous décrivons ici vient de la littérature suivante : [Sidoroff 2010, Salencon 2007]. En préambule de cette section, il est à noter que nous utilisons une description Lagrangienne de l'objet déformable. La représentation Lagrangienne d'un modèle déformable part du principe qu'un volume peut être décomposé en particules. Celles-ci sont identifiables et suivies au cours du temps contrairement à une description eulérienne (plus adaptée aux fluides).

2.1 Le domaine

En description lagrangienne il est important de connaître l'objet dans sa configuration initiale pour ensuite étudier ses déplacements et déformations à tout instant. La relation permettant de passer entre deux configurations de l'objet est défini par un champ de déformations et un champ de déplacements. Pour un ensemble de points de l'objet, le vecteur de déplacement représente le déplacement entre la position courante de l'objet par rapport à sa position initiale.

2.2 Les tenseurs

Tenseur des déformations
Le tenseur des déformations ε décrit la variation locale entre les déplacements de deux points de matière de l'objet entre deux configurations de celui-ci. Il est d'ordre 2. La plupart du temps, le tenseur de Green-Lagrange (E) est utilisé pour modéliser la déformation localement en un point du l'objet continu. Il est défini comme :

$$E = \frac{1}{2}\left(F^T.F - Id\right)$$

où F est le gradient de déformation. E est un tenseur diagonalisable où les directions propres sont les directions principales de la déformation.

Tenseur des contraintes
Le tenseur des contraintes σ décrit l'état d'une contrainte interne locale entre deux configurations d'un objet dans toutes les directions induit par les forces appliquées sur l'objet. Il est généralement d'ordre 2 et a été caractérisé par Cauchy. La contrainte est définie sur des éléments infinitésimaux de l'objet déformable où une force est définie par unité de surface et dans toutes les directions. Ces contraintes sont par exemple des tractions (termes diagonaux du tenseur) ou des cisaillements (termes non diagonaux du tenseur). Ce tenseur se définit comme :

$$\sigma = \begin{pmatrix} \sigma_{11} & \sigma_{21} & \sigma_{31} \\ \sigma_{12} & \sigma_{22} & \sigma_{32} \\ \sigma_{13} & \sigma_{23} & \sigma_{33} \end{pmatrix}$$

où chaque σ_{ij} est illustré dans la figure 3.1 pour un volume élémentaire d'arête de longueur infinitésimal a.

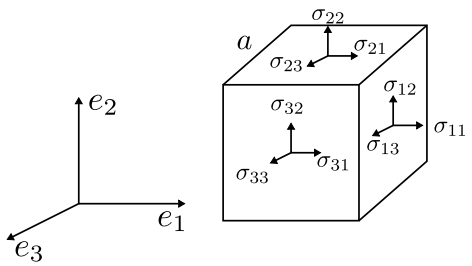


Figure 3.1 – Tenseur des contraintes en trois dimensions.
Les différentes composantes du tenseur des contraintes sont présentées dans un repère parallèle (e_1, e_2, e_3).

2.3 Lois de comportement

Lorsque l'on applique une série de contraintes sur un objet élastique, celui-ci se déforme. Intuitivement, on comprend qu'une série de contraintes appliquées sur un objet va impliquer la déformation de celui-ci. En MMC, cela est traduit par un fonction reliant les déformations aux contraintes. Cette fonction définit la loi de comportement de l'objet soumis à des forces. Il existe une multitude de lois de comportement permettant de définir l'objet modélisé (viscoélasticité, plasticité, etc). Dans notre cas, nous expliquons brièvement l'élasticité linéaire ainsi que l'hyper-élasticité.

2.3.1 Élasticité linéaire

Une loi de comportement élastique linéaire décrit une déformation réversible. Tout matériau déformé en suivant cette loi doit retrouver son état d'origine lorsque les contraintes sont enlevées. Ceci est vrai pour des déformations de faible amplitude seulement. Lorsque les forces appliquées sur ce matériau sont trop importantes, l'objet atteindra une limite plastique, voire une rupture, l'empêchant de revenir à sa configuration initiale (voir figure 3.2). Le critère de plasticité d'un matériau peut se décrire à l'aide du critère de von Mises ou encore de Tresca.

Hooke est le premier à formaliser cette loi. Il décrit celle-ci comme :

$$\sigma = C \,.\, \varepsilon \tag{3.1}$$

où σ décrit un tenseur des contraintes, ε le tenseur des déformations et C un tenseur d'élasticité d'ordre 4. Ce dernier contient 81 coefficients élastiques et peut être résumé à 21 coefficients grâce à la symétrie des tenseurs σ et ε. On distingue ensuite les matériaux anisotropes (suivant une direction de sollicitation, le matériau réagit différemment) et isotrope (le matériau réagit identiquement peu importe la direction de la sollicitation). Dans le cas isotrope, la loi de Hooke se simplifie et devient :

$$\sigma = \frac{E}{1\ +\nu}\ \left(\varepsilon + \frac{\nu}{1-2\nu} Tr(\varepsilon) I\right) \tag{3.2}$$

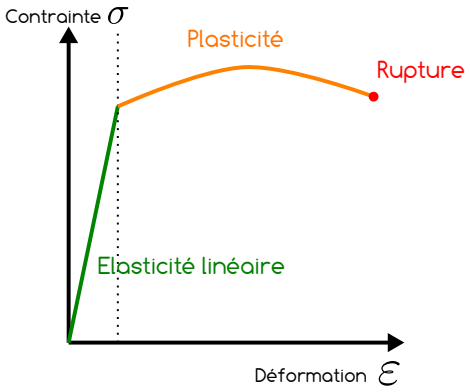


Figure 3.2 – Courbe d'élasticité de la contrainte en fonction de la déformation.

E désigne le coefficient élastique du matériau, appelée module de Young, exprimé en unité de pression tel que le Pascal. ν désigne le coefficient de Poisson et est sans unité. Ce dernier caractérise la contraction transversale à la force appliquée.

2.3.2 Hyper-élasticité

Pour une loi hyper-élastique, on ne peut pas relier directement le tenseur des contraintes avec le tenseur des déformations mais avec une fonction de densité d'énergie de déformation. Il existe de nombreuses lois de comportement hyper-élastiques (Mooney-Rivlin, Ogden, etc). Dans le suite de ce manuscrit, nous étudierons un modèle Neo-Hookean de nature incompressible. La loi devient dans ce cas :

$$\sigma = \frac{\partial W}{\partial \varepsilon} \tag{3.3}$$

où W est égale à :

$$W = C_1(\overline{I}_1 - 3) + D_1(J-1)^2 \tag{3.4}$$

où

$$C_1 = \frac{E}{4(1+\nu)},\ D_1 = \frac{E}{6(1-2\nu)}$$

et $\overline{I}_1$ est le premier invariant du tenseur des déformations de Cauchy-Green droit et J le jacobien du gradient des déformations. Comme pour l'élasticité linéaire, E désigne le module de Young et ν le coefficient de Poisson.

2.4 Construction du modèle

La définition du domaine, des tenseurs de contrainte et de déformation ainsi que les lois de comportements permettent de construire le modèle mathématique de l'objet déformable. Analytiquement, cela signifie que l'on peut résoudre la déformation et le déplacement de l'objet en n'importe quel point. La continuité du modèle rend difficile sa résolution analytique. Dans la section suivante, nous décrivons une résolution numérique de ce modèle mathématique appelée Méthode des Éléments Finis (MEF).

2.5 La méthode des éléments finis

La méthode des éléments finis est utilisée pour résoudre numériquement les équations aux dérivées partielles de la MMC définissant le comportement physique du solide considéré. La MEF permet de trouver, de manière discrète, une solution approchée de l'état d'un solide à un instant donné. Dans les sous-sections qui suivent, nous donnons brièvement les étapes utilisées dans la méthode des éléments finis. De plus amples informations peuvent être trouvées dans la littérature. Un bon point d'entrée pour un approfondissement de la méthode peut être l'utilisation des papiers ou manuels suivants : [Code_Aster 2012, Brunet 2011, Fortin & Garon 2011, McGinty 2012].

2.5.1 Discrétisation et choix du maillage

Le principe de la MEF est de "découper" le domaine continu du solide en un ensemble fini de sous-éléments reliés entre eux par des nœuds. Cette discrétisation géométrique en éléments et nœuds constitue le maillage de l'objet. Ces éléments ont des géométries simples. On peut citer pour les cas 2D des éléments triangles ou quadrilatères. En 3D, on retrouve le plus souvent des tétraèdres et des hexaèdres mais on peut également retrouver des prismes ou encore des pyramides. Il y a un compromis à trouver entre le nombre d'éléments nécessaires pour approcher la géométrie de l'objet et le temps de calcul de la solution approchée qui dépend des calculs au niveau de chacun des éléments. À ce maillage où les sommets sont les nœuds permettant le calcul des déformations, on peut ajouter d'autres nœuds, par exemple au niveau des arêtes afin d'augmenter le nombre de degré de liberté.

2.5.2 Fonctions de formes

La déformation est ensuite définie sur chacun des éléments du maillage à l'aide de fonctions d'interpolation polynomiales, appelées aussi "fonctions de forme". Cette fonction est décrite généralement pour chacun des nœuds d'un élément dit de référence avec une géométrie connu et un espace de coordonnées également connu. Elle permet de trouver, par exemple, en fonction des déplacements des nœuds de l'élément, les déplacements en tout point de l'élément. Une transformation géométrique est appliquée pour passer de l'élément de référence à l'élément réel du maillage. Généralement les fonctions de forme utilisées ont pour valeurs nodales les valeurs inconnues aux nœuds. Les polynômes de Lagrange sont le plus souvent utilisés.

2.5.3 MMC et assemblage

Une fois le domaine de l'objet maillé et muni des fonctions de forme pour chacun des élément le constituant, l'étape suivante consiste à écrire les équations de la MMC localement pour chacun des éléments. C'est à cette étape que sont définis les paramètres rhéologiques de l'objet (élasticité, compressibilité, plasticité). Au final, la résolution de ces équations pour un élément sous forme matricielle s'écrit dans le cas statique linéaire :

$$K_e U_e = F_e$$

où K_e est la matrice de raideur de l'élément, U_e son champ de déplacement et F_e l'ensemble des forces appliquées sur l'élément. La résolution de la MMC pour l'ensemble de l'objet dans un cas statique s'écrit alors :

$$KU = F$$

où K, U et F représente les mêmes grandeurs mais pour l'ensemble des éléments de l'objet considéré. K est une matrice creuse symétrique définie positive. Chaque élément du système contribue également aux voisins puisqu'il partage des nœuds du maillage. Cette contribue est assemblée dans K.

Dans le cas dynamique, une masse et un amortissement sont également ajoutés dans l'équation comme suit :

$$M\ddot{U} + D\dot{U} + KU = F$$

où M est une matrice donnant la masse pour chacun des nœuds et D est une matrice définissant l'amortissement sur ces nœuds. $\ddot{U}$ représentant l'accélération et $\dot{U}$ la vitesse calculée sur ces nœuds à un instant donné.

2.5.4 Résolution

Dans le cas statique linéaire, la résolution de la MEF peut se faire à l'aide de méthodes dites "directes". Pour ces méthodes, l'inversion de la matrice K se fait directement par une décomposition de type LU ou QR ou par une factorisation de Cholesky par exemple lorsque la matrice est inversible. Des méthodes itératives peuvent également être utilisées telles que le Gradient Conjugué (GC) ou la méthode de Gauss-Seidel. Dans ce cas, on s'approche de la solution par itération successive. Lorsque les modèles utilisés sont non-linéaires, la matrice K dépend de U. Des méthodes de résolution de systèmes non-linéaires doivent alors être utilisées. Un exemple est la méthode itérative de Newton-Raphson.

Dans le cadre de la résolution de systèmes dynamiques, des schémas d'intégration temporelle (représentant une discrétisation du temps) sont utilisés pour résoudre le système afin de simuler le comportement de l'objet au cours du temps. Ces intégrations peuvent être explicites. Dans ce cas, la position d'une particule à l'instant d'après $(t + dt)$ se calcule seulement avec les données au temps t. Les schémas explicites sont stables sous certaines conditions. Des pas de temps trop grands donneront des solutions instables. À titre d'exemple, on pourra citer les méthodes de Runge-Kutta, Newton-Cotes ou encore la méthode Euler explicite. Il y a également des schémas d'intégration implicites. Dans ce cas, la position d'une particule à l'instant d'après $(t + dt)$ se calcule également avec les données au temps $t + dt$. À titre d'exemple, on pourra citer la méthode d'Euler. Il est à noter que l'utilisation de schémas d'intégration implicites permet généralement d'utiliser avec des pas de temps plus grands mais demande un temps de calcul plus long.

2.5.5 Avantages & inconvénients

La MEF étant basée directement sur la MMC, les résultats en termes de précision et réalisme sont très appréciables dès lors que le modèle est correctement paramétré. En effet, l'utilisation de propriétés physiques comme la masse, l'élasticité ou encore la compressibilité

du matériau de l'objet permet d'obtenir des résultats fidèles à la réalité. Toutefois, cette solution nécessite un grand nombre d'opérations impactant directement le temps de calcul d'une solution approchée. Dans le cas de solutions dynamiques, il est pourtant nécessaire pour chaque pas de temps d'obtenir rapidement une solution. Il y a donc un compromis à faire entre la précision et le réalisme vis à vis du temps de calcul par itération du modèle. Pour pallier à ces problèmes, différentes recherches ont été conduites. D'une part des chercheurs ont créé d'autres types de modèles basés ou s'approchant de la MMC comme la méthode des éléments frontières [James & Pai 1999] ou encore des différences finis [Terzopoulos *et al.* 1987]. D'autres part, des chercheurs visent à utiliser cette méthode par le biais soit de simplifications ou de calcul effectués en prétraitement soit par le calcul parallèle ou sur GPU de la MEF [Diziol *et al.* 2011, Comas *et al.* 2008]. Un autre exemple de ce compromis est le développement de méthodes basées sur une méthode appelée co-rotationnelle. Dans le cas de grandes déformations, l'utilisation d'un comportement linéaire élastique produit des effets de gonflements au niveau des éléments. Pour éviter cela, ces auteurs décomposent le déplacement d'un élément en une rotation rigide et une déformation. Différentes résolutions de ce problème existent, par exemple [Irving *et al.* 2004, Nesme *et al.* 2005].

3 La modélisation discrète

Contrairement à la mécanique des milieux continus, la modélisation discrète considère seulement des masses ponctuelles reliées entre elles par certaines forces. C'est l'interaction entre ces particules qui donne un certain dynamisme à la simulation. Ces méthodes, tout comme la MMC, sont basées sur des lois physiques que nous verrons au travers des sections qui suivent. Dans ce manuscrit, nous expliciterons la méthode la plus connue, à savoir, les masses-ressorts. Dans un second temps, nous nous pencherons sur un modèle physique basé sur la mémoire de forme appelé Phymul.

3.1 Le système des masses-ressorts

Dans un système masses-ressorts, des objets volumiques de masse M sont discrétisés en un ensemble de points n de masses ponctuelles m_i reliées entre elles par des ressorts. Ces ressorts sont le plus souvent de nature linéaire (suivant la loi de Hooke) mais peuvent être plus élaborés [Nikolaev 2014]. La dynamique de l'objet est rendu par l'application de force sur ceux-ci. Cette force est exprimée par un changement de longueur et un coefficient de raideur associé au ressort concerné. À chaque instant t de la simulation, nous connaissons la position x_i du point i de masse m_i, ainsi que sa vitesse et son accélération $a_i = \ddot{x}_i$. En représentant la dynamique de l'objet à l'aide de la seconde loi de Newton, on a :

$$m\, a \;=\; F \tag{3.5}$$

soit, dans notre cas :

$$m_i\, \ddot{x}_i \;=\; \sum f_i \tag{3.6}$$

où f_i est la sommes des forces externes et internes appliquées sur la masse ponctuelle m_i. La force appliquée sur les masses de l'objet doit tenir compte de la force exercée par les

voisins $F_{voisins}$, mais également des forces extérieures (gravité, contrainte, etc) notée F_{ext} ainsi qu'un coefficient d'amortissement c. Au final, la force F de l'équation 3.5 est donc composée de :

$$F \;=\; F_{ext} \;-\; c\,\ddot{x_i} \;+\; F_{voisins} \tag{3.7}$$

Dans le cas d'un objet volumique 3D, où chaque masse a plusieurs voisins, $F_{voisins}$ s'exprime comme :

$$F_{voisins} = \sum f_i^j = \sum_{j=1}^{n} \frac{x_j \;-\; x_i}{\|x_j \;-\; x_i\|} \left(k_i^j(\|x_j \;-\; x_i\| - l_{ij})\right) \tag{3.8}$$

où f_i^j est la force appliquée sur la particule m_i par le ressort entre celle-ci et le j^{eme} voisin. k_i^j désigne le coefficient de raideur appliqué au ressort entre la masse m_i et la masse m_j. l_{ij} est la longueur initiale du ressort. Il est à noter que si une force f_i^j est appliquée sur m_i alors $-f_i^j$ est appliquée sur la masse ponctuelle m_j afin que la somme des forces internes soit nulle. Finalement l'intégration avec l'ensemble des éléments de l'objet, et après linéarisation, donne :

$$M\ddot{X} \;+\; D\dot{X} \;+\; KX \;=\; F_{ext} \tag{3.9}$$

où M, D, K représentent respectivement des matrices $3n \times 3n$ de la masse de chaque particule, des coefficients d'amortissement ($damp$) et des coefficients de raideur (k_i^j) appliqués pour chaque ressort. X, $\dot{X}$ et $\ddot{X}$ sont des vecteurs $3n$ et représentent respectivement la position, la vitesse et l'accélération de chaque masse ponctuelle. Une illustration de simulation avec des masses-ressorts est présentée en figure 3.3.

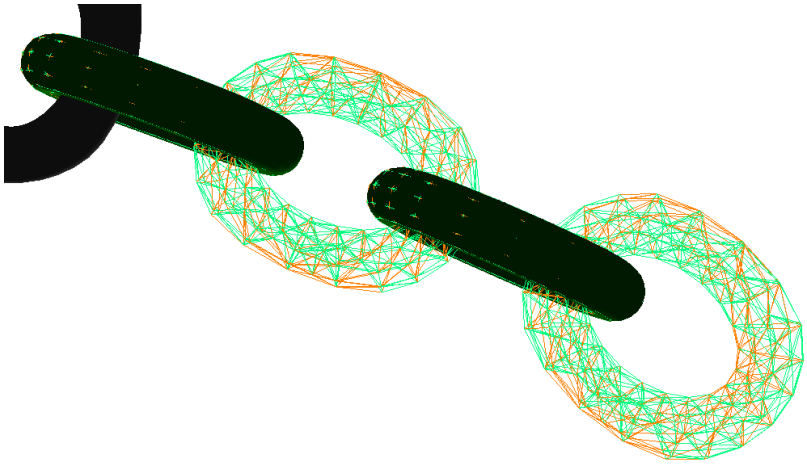


Figure 3.3 – Maillons de chaînes modélisés en masses-ressorts.
Les traits verts et oranges représentent les ressorts entre deux masses ponctuelles. La couleur montre une force plus ou moins importante sur le ressort. Simulation tirée du logiciel [Sofa].

Bien que les systèmes masses-ressorts n'aient pas de réalité physique pour la modélisation d'objets courants, une bonne définition des ressorts dans un ensemble volumique avec de bons paramètres (raideur et amortissement) permettra d'obtenir des simulations relativement précises et réalistes. Cela est le cas, par exemple, pour la simulation de vêtements. La facilité d'implémentation et l'efficacité calculatoire donnent de bons arguments

à ces modèles pour être utilisés dans des simulateurs ou pour de l'animation où la précision n'est pas primordiale mais où seuls le temps d'exécution et le réalisme sont considérés [Hong *et al.* 2006, Castañeda & Cosio 2004].

3.2 Modèle d'élasticité par mémoire de forme : Phymul

Cette méthode discrète a été, tout d'abord, développée par [Promayon *et al.* 1996] puis par [Marchal 2006] dans le cadre de la modélisation biomécanique de la prostate dans un environnement pelvien complet. Le principe général de cette méthode est la mémoire de forme. Elle peut être considérée à l'intersection des modèles masse-ressort et des méthodes basées sur la position (Point Based Method) [Bender *et al.* 2015]. À chaque instant d'une simulation, une particule essaie de retrouver sa position de plus faible contrainte, appelé attracteur dans la suite des paragraphes. Génériquement, on peur représenter cette notion sous la forme suivante :

$$F^* = k\,|P - P^*|$$

où F^* est la force élastique, k représente une raideur appliquée entre la position P courante d'une particule et la position P^* de son attracteur calculé initialement. La raideur k peut être un coefficient de raideur simple ou une formulation complexe. Pour différencier certaines zones dans un objet, la définition de différentes raideurs pour l'ensemble des particules et leurs attracteurs respectifs peut être utilisée. La position de l'attracteur ainsi que la position des particules, à chaque instant de la simulation, sont calculés en fonction des n voisins (voir figure 3.4). Afin de respecter la seconde loi de Newton, chaque force appliquée sur une particule est redistribuée proportionnellement par une force opposée sur les particules voisines en fonction de leur impact sur la particule considérée.

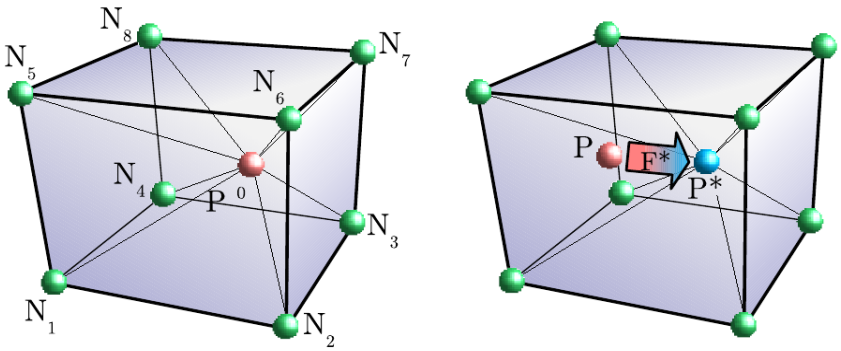


Figure 3.4 – Phymul : modélisation discrète à mémoire de forme.
Image tirée de [Marchal 2006]

L'attracteur correspond à la position initiale, sans contrainte, de la particule considérée. La fonction de forme permettant de faire le lien entre l'attracteur et la nouvelle position de la particule à chaque instant se fait par :

$$P^* = \frac{1}{m} \sum_{\triangle=1}^{m} (Q_\triangle + \beta \frac{n_\triangle}{\|n_\triangle\|}) \tag{3.10}$$

où m est le nombre de triplets valides composés par les n voisins de la particule considérée. Une représentation de la formulation est donnée en figure 3.5.

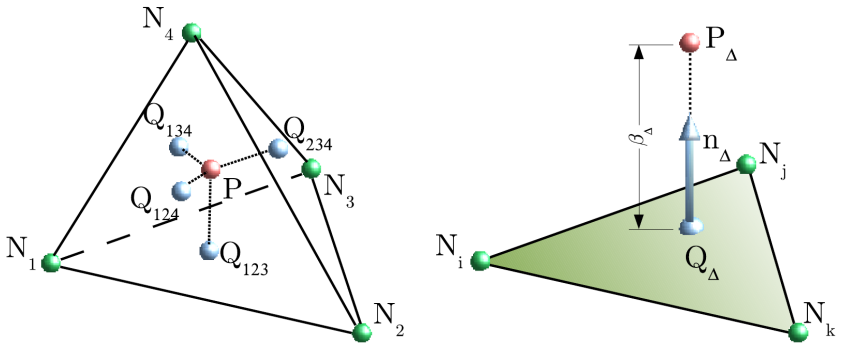


Figure 3.5 – Phymul : Calcul de l'attracteur
Images tirées de [Marchal 2006]

Dans l'équation 3.10, $Q_\triangle$ représente la projection de l'attracteur sur un triplet composé de trois particules prises parmi les m voisins :

$$Q_\triangle = \alpha^i_\triangle N_i + \alpha^j_\triangle N_j + \alpha^k_\triangle N_k \tag{3.11}$$

N_i, N_j, N_k désignent un triplet de particules voisines et la somme des $\alpha_\triangle$ doit être égale à 1. β est la distance entre l'attracteur et sa projection sur la base triangulaire. La projection ainsi que la distance sont calculés le long de la normale $n_\triangle$ de la base triangulaire concernée. Pour chaque particule il est nécessaire d'avoir un minimum de quatre voisins afin d'avoir au moins 3 bases triangulaires pour le calcul de l'attracteur.

Tout comme le système masses-ressorts, Phymul donne de très bons résultats en termes d'efficacité calculatoire. La mise en œuvre de l'attracteur et la possibilité de nombreux calculs en parallèle permettent d'obtenir des simulations temps-réel. Cependant, un compromis doit être fait entre le temps de calcul et le nombre de voisins choisis pour le calcul de l'attracteur. Plus des voisins seront choisis localement, plus le réalisme sera important mais le temps de calcul peut augmenter considérablement. En effet, le nombre de bases triangulaires pour n points est $C(n, 3)$. Le choix du k est empirique et doit être adapté à chaque modélisation ne représentant pas de réalité physique contrairement aux paramètres rhéologiques d'un modèle à éléments finis. [Marchal 2006, Promayon *et al.* 1996] décrivent de bons résultats en terme de réalisme pour la modélisation du pelvis masculin et les mouvements du diaphragme.

4 Application au contexte de la prostate

Dans cette section, nous décrivons, brièvement, quelques recherches issues de la littérature concernant la modélisation biomécanique de la prostate. L'ordre chronologique est adopté. Ces descriptions nous donnent un point d'ancrage pour la comparaison, in fine,

des travaux que nous réalisons et expliquons dans les chapitres qui suivront. Les différents travaux présentés dans cette section fournissent des valeurs d'erreurs qui sont très rarement comparables (mesure sur des cibles, sur la similarité entre deux volumes, etc). Les valeurs que nous donnons pour l'ensemble des travaux sont liées à chacune des méthodes utilisées par les auteurs. De même, nous essayons de résumer au mieux la littérature étudiée. Par conséquent, et lorsque cela est possible, nous décrivons précisément les valeurs rhéologiques utilisées (module de Young, coefficient de Poisson, etc). Un récapitulatif des travaux est donné dans la table 3.1.

[Mohamed *et al.* 2002] estime la déformation de la prostate causée par une sonde échographique endorectale. Ces travaux sont menés dans le but d'aider le geste en curiethérapie en améliorant la correspondance entre un planning pré-opératoire, réalisé sur une image scanner ou IRM, avec les acquisitions d'images échographiques (2D) obtenues pendant l'opération avec une sonde endorectale déformant et déplaçant la prostate. Pour traiter ce problème, les auteurs construisent un modèle biomécanique de la prostate et des tissus environnants à l'aide des images pré-opératoires. Ce modèle utilise un modèle MEF basé sur un maillage composé de tétraèdres et d'un matériau non linéaire de Mooney-Rivlin via le logiciel ABAQUS (Dassault Systèmes, Vélizy-Villacoublay, France). À partir de ce modèle, les auteurs lancent, en pré-opératoire, un ensemble de déformations avec des angles (de -4 degrés à 4 degrés) et des déplacements cohérents avec une procédure de curiethérapie standard donnant un total de 225 résultats de simulations où la prostate est déformée. Sur ces modèles, ils appliquent une analyse en composantes principales afin de récupérer les modes de déformations principaux de la prostate. De ces observations, ils créent une relation fonctionnelle entre ces modes et différents paramètres des simulations, tels que les déplacements et les angles de la sonde. Pour tester cette méthode, ils utilisent un fantôme réaliste de l'environnement pelvien. Ils réalisent 5 tests de simulations et obtiennent des erreurs maximales inférieures à 2 mm. Cette erreur, qui n'est pas basée sur une erreur RMS calculées à partir de cibles, dénote la différence entre la forme déformée estimée par la relation fonctionnelle et la forme déformée obtenue avec le modèle biomécanique. Aucune information sur la précision avec les images n'est donnée.

[Alterovitz *et al.* 2006] veulent utiliser un modèle biomécanique 2D afin de recaler des images IRM de prostate acquises avant et pendant le traitement où celle-ci a subi des déplacements et des déformations importantes. En effet, une antenne endorectale est présente pendant les acquisitions IRM pour établir le planning et est retirée pendant le traitement radio-thérapeutique du patient. Pour cela, le pelvis est segmenté dans les deux images et une triangulation de Delaunay est réalisée à l'aide du logiciel Triangle [1]. Un modèle à éléments finis linéaire avec l'hypothèse d'un matériau isotrope est utilisé pour un nombre de triangles allant de 800 à 1000. Les auteurs différencient la zone centrale de la zone périphérique et des tissus environnants et leur assignent respectivement un module de Young de 60 kPa et 30 kPa. Ils font l'hypothèse d'un matériau quasi-incompressible (coefficient de Poisson de 0.49). Avant la simulation de l'insertion de la sonde, les deux images sont recalées rigidement

1. https ://www.cs.cmu.edu/ quake/triangle.html

à l'aide des os du pelvis. La méthode est testée sur une étude rétrospective de dix patients. Cinq images ont été acquises avec des ballons d'un diamètre de 48 mm pour un volume de 100 cc. Cinq autres images ont été acquises avec des vraies sondes rigides, avec une longueur de gauche à droite de 29 mm et une longueur antéro-postérieure de 16.5 mm. Ces images correspondent à la coupe montrant la partie médiane centrale de la prostate. Au final, ils obtiennent un coefficient de Dice [2] de 97.5 % pour le ballon et de 98.1 % pour la sonde. Ces résultats sont obtenus après 37 s de simulation en moyenne (PC 1.6GHz Pentium-M).

[Marchal 2006] proposent un modèle discret, appelé Phymul (c.f. section 3.2), afin de prendre en compte les déformations et les déplacements de la prostate provoqués par un déplacement de sonde endorectale ainsi que l'insertion d'aiguilles. Ces modèles biomécaniques sont présentés dans le cadre de la biopsie et de la curiethérapie. Afin de tester ce modèle biomécanique discret, les auteurs représentent la vessie et le rectum comme des surfaces et la prostate et les tissus environnants comme des volumes à partir de la segmentation d'images IRM. Les auteurs étudient l'influence des organes environnants comme, par exemple, l'influence du taux de remplissage de la vessie sur le déplacement et la déformation de la prostate. Sans optimisation du code, les auteurs trouvent, pour un maillage composé de 1 300 nœuds, un temps de 133 ms par itération à l'aide d'un Pentium M 2 GHz. Les résultats préliminaires montrent des comportements réalistes d'interactions entre les organes ainsi qu'entre les organes et les objets de l'environnement pelvien.

[Crouch *et al.* 2007] proposent un outil de création de maillages contenant des éléments hexaédriques avec un calcul automatique des conditions aux limites. Pour cela, ils utilisent la méthode dite des m-reps ("Medial Shape Models") [Pizer *et al.* 2005]. Pour tester leur méthode, les auteurs réalisent deux tests. Le premier test est réalisé à l'aide d'un fantôme de prostate où des cibles, tels des grains de curiethérapie, ont été insérées. Cette expérience est réalisée à l'aide d'images scanner où une sonde IRM est utilisée afin de déformer la prostate. Le second test est réalisé sur un patient ayant reçu une curiethérapie. Deux volumes scanner, à une heure et à un mois après l'intervention, ont été acquis. Les segmentations sont réalisés par des experts, à l'aide du logiciel Pablo permettant l'utilisation des m-reps. Le nombre de grains, pour le calcul de l'erreur, est au nombre de 75 pour le fantôme et 68 pour le patient. Les auteurs utilisent un modèle à éléments finis avec un matériau linéaire isotrope (coefficient de Poisson de 0.49). En ce qui concerne le fantôme, les auteurs trouve une erreur de 2.18 mm après simulation de la déformation de la prostate par une antenne endorectale. Pour le patient, ils obtiennent une erreur de 5.15 mm. Il est à noter, pour cette dernière expérience, que les coupes ont une épaisseur de 5 mm. Les auteurs estiment, qu'avec un développement C++, ils pourraient obtenir des résultats de simulation en moins de deux minutes avec des maillages très bien définis.

[Hensel *et al.* 2007] créent un modèle biomécanique afin de recaler des images IRM préopératoires, utilisées pour un planning, et des images tomographiques acquises pendant la radiothérapie. Pour évaluer leur méthode, 19 patients atteint d'un cancer de la prostate ont

2. Mesure de similarité de deux images (voir chapitre 4)

eu une implantation de trois marqueurs à l'aide d'une échographie transrectale. Pendant les acquisitions per-opératoires, des coupes axiales IRM de 2 mm à 3 mm sont acquises avec et sans antenne IRM. L'antenne est gonflée avec de l'air jusqu'à 100 cm^3. Pour l'ensemble des images, la prostate, la vessie et le rectum sont contourés et vérifiés par un oncologue. Avec la série pré-opératoire, un maillage composé de tétraèdres est construit. Leur nombre varie de 16 000 éléments à 35 000 éléments. Les auteurs utilisent un matériau élastique linéaire. Les organes sont assemblés entre eux à l'aide de contraintes de liaisons. Différentes élasticités sont données aux organes. Ainsi, la prostate a module de Young de 21 kPa et la vessie et le rectum ont un module de Young de 10 kPa. Les tissus environnants sont imposés à 15 kPa. Le coefficient de Poisson est de 0.4 pour la prostate et les tissus environnants et 0.499 pour la vessie et le rectum. Les maillages et les simulations sont réalisés avec le logiciel Morfeus, HyperMesh [3] et ABAQUS. Pour réaliser le recalage des images, le centre de gravité de la prostate pour chaque série d'images est calculé. Les déformations sont obtenues en mappant la vessie et le rectum de la première session d'acquisition (IRM) avec la seconde session (Tomographie). La simulation biomécanique permet d'obtenir le comportement volumique ainsi que la déformation de la prostate. Avec l'utilisation d'un PC standard, les recalages sont obtenus, en moyenne, en 7 minutes. Les auteurs obtiennent une erreur moyenne de 2.2 mm $\pm$ 0.9 mm en calculant la distance entre les cibles simulées et leurs positions réelles. Sur le même principe, [Brock K.K 2006] ont réalisé la même expérience, avec 8 patients, et obtiennent les mêmes résultats.

[McAnearney *et al.* 2011] utilisent des modèles biomécaniques afin de réaliser des recalages non-rigides précis entre des IRM pré-opératoires et des volumes per-opératoires dans le cadre de la curiethérapie. Les volumes pré-opératoires sont acquis avec le patient en position allongée dorsale. Une sonde de 4 cm à 6 cm de diamètre est insérée dans le rectum. Lors des acquisitions per-opératoires, un obturateur rectal de 2 cm de diamètre remplace la sonde et le patient est en position gynécologique. Pour construire le modèle biomécanique patient-spécifique, une segmentation, à l'aide de 3D Slicer [4], est réalisée par deux opérateurs. Aucune différence significative n'est trouvée entre ces deux segmentations. Les auteurs utilisent la méthode des éléments finis avec un matériau non-linéaire de type Neo-Hookéen avec un schéma d'intégration du temps explicite. Les maillages ont, au final, 13 477 tétraèdres pour 2 858 nœuds. Les auteurs différencient la prostate en deux zones : la zone centrale (ZC) et la zone périphérique (ZP). La zone périphérique a le même module de Young que les tissus environnants tandis que la zone centrale a un module plus élevé. Ces modules varient de 2.2 kPa à 221 kPa. Les simulations sont réalisées en obtenant des déplacements de surface à l'aide de la méthode [Haker *et al.* 2004]. La littérature montrant un grand nombre de valeurs en ce qui concerne le module de Young de la prostate et des organes environnants, les auteurs évaluent l'impact du ratio ZC :ZP entre ces deux modules en allant de 1 :1 à 1 :40 respectivement. À titre d'information, les auteurs présentent une grande revue des valeurs que l'on peut trouver dans la littérature. Pour caractériser leurs résultats, ils calculent le coefficient de DICE (voir chapitre 4 section 2.1). Au final, aucun changement significatif n'est observé : les différences de déformation selon les ratios sont

3. http ://www.hyperworks.fr/Product,7,HyperMesh.aspx
4. http ://www.slicer.org

très faibles. Une tendance à l'augmentation de l'erreur (diminution du coefficient de DICE) est constatée lorsque le ratio diminue. Le test a été réalisé pour des volumes issus de dix patients ayant subi une curiethérapie. Pour la zone centrale, ils calculent un coefficient de DICE allant de 70.5 % à 89.2 %. Quant à la zone périphérique, ce coefficient de DICE varie entre 65.5 % et 82.6%.

[Hu *et al.* 2008, Hu *et al.* 2010, Hu *et al.* 2011, Hu *et al.* 2012] proposent une solution liant un ensemble des modèles biomécaniques et une approche statistique appelée "Statistical Shape Model" (SSM). La méthode permet de recaler des images acquises avant l'acte médical, ici une IRM, avec des images acquises pendant l'acte, à savoir des échographies transrectales. L'objectif est d'effectuer des biopsies ciblées en certains endroits vus à l'IRM. Ce système peut également être utilisé en HIFU, curiethérapie ou la thérapie photodynamique. Les auteurs ont amélioré la méthode au fil du temps, par exemple, en affinant le maillage ou en modélisant les organes environnants. Dans le paragraphe qui suit, nous traitons une des dernières publications reprenant l'ensemble du travail après amélioration [Hu *et al.* 2012]. La méthode consiste, tout d'abord, à acquérir une première série d'images IRM de haute résolution. Celles-ci sont segmentées manuellement à l'aide d'une "toolbox" du logiciel MATLAB [5] afin de construire un modèle à éléments finis de la prostate et des tissus environnants. Les auteurs indiquent que cette étape prend 45 min par patient. La prostate est segmentée en deux parties, la zone centrale et la zone périphérique. Le rectum, une partie de la vessie et les os du pelvis sont également contourés. La prostate est lissée puis triangulée. L'environnement pelvien est également triangulé. Le logiciel ANSYS est utilisé afin de générer un maillage tétraédrique, comprenant entre 35 000 et 60 000 éléments avec un raffinement du maillage au niveau du rectum. La sonde TRUS est modélisée par un cylindre rempli de fluide. Suite à cela, un ensemble de simulations est réalisé avec différentes propriétés de matériau et différentes contraintes afin de simuler diverses positions et orientations de la sonde (celle-ci déformant et déplaçant la prostate). La sonde est également gonflée pendant les simulations jusqu'à 1,5 fois son rayon. Le modèle est construit sur la base d'un matériau neo-Hookéen. 500 simulations sont ensuite réalisées en 140 min environ. Un solveur non-linéaire à éléments finis, développé sur GPU, est utilisé et permet d'obtenir un temps par simulation inférieur à 20 s en moyenne (500 simulations en 140 min). À partir de cela, les différents résultats de déformations de la prostate sont remaillés pour obtenir une même densité de nœuds ; le but étant d'obtenir une correspondance entre toutes les déformations. L'analyse en composantes principales (ACP) est appliquée sur les déplacements des nœuds. Les auteurs choisissent un nombre de vecteurs principaux couvrant au moins 99 % de la variance statistique dans l'ensemble des modèles déformés. Pendant le geste médical, l'urologue acquiert un volume TRUS 3D. Une étape de traitement d'image est réalisée à l'aide d'un filtre Gaussien de second degré afin de trouver la capsule de la prostate et les vecteurs caractéristiques associés. Suite à cela, le recalage vise à trouver la relation optimale entre un des modèles SSM et la réalité. Finalement chaque voxel de l'acquisition IRM est déplacé dans le modèle à éléments finis pour correspondre à la nouvelle forme de la prostate. Les auteurs ont testé cette méthode sur huit jeux de données patients. Sur un total de 100 recalages IRM/TRUS, ils obtiennent une erreur médiane RMS de 2.40 mm.

5. http ://fr.mathworks.com/ ?requestedDomain=fr.mathworks.com

Cette erreur est calculée comme la distance entre les points d'intérêts ciblés dans l'IRM et leur correspondance dans l'image échographique après l'exécution de leur méthode.

Plus récemment, en 2015, [Hu *et al.* 2015] adaptent la méthode pour utiliser un ensemble de données issues de différents patients afin de générer un modèle patient-spécifique lors de nouvelles acquisitions. Ces modèles sont construits à partir des précédentes utilisations vues dans le paragraphe précédent. Les auteurs obtiennent une erreur similaire (2.40 mm)

[Jahya *et al.* 2013] ont recours à des modèles biomécaniques afin de construire un réseau de neurones capable de prédire la déformation provoquée par un guide aiguille de la taille d'une sonde endorectale guidée à l'aide d'un robot. Les premiers tests sont réalisés sur un fantôme d'environnement pelvien fait de gélatine. Celui-ci est construit à l'aide d'une segmentation IRM d'un ensemble de coupes. Il est à noter que ces coupes ne représentent pas la globalité du pelvis mais une partie seulement (une large coupe). Un modèle à éléments finis linéaire isotrope est utilisé. Le maillage comprend 218 290 éléments tétraèdres. Les élasticités sont calculées in situ grâce à une technique d'élastométrie impulsionnelle [6] et un coefficient de Poisson de 0.495 est imposé. Les élasticités obtenues sont approximativement de 62 kPa pour la prostate, 100 kPa pour la vessie, 10 kPa pour les tissus adipeux et de 180 kPa pour une partie définie comme la zone rectale. Les auteurs ont créé un banc de test à l'aide d'un guide aiguille à un seul axe de translation (profondeur) et un seul axe de rotation. Ce guide est orienté de -10 degrés à 10 degrés et enfoncé jusque 5 mm. Huit marqueurs, déposés sur le dessus du fantôme au niveau de la prostate, sont suivis à l'aide d'une caméra HD et d'un outil issu de la bibliothèque OpenCV [Bradski 2000]. Une erreur maximum de 0.3 mm et une erreur angulaire maximum de 8.62 degrés sont trouvées. Dans un second temps, les auteurs créent un ensemble de déformations (835 patterns) en 38.5 min pour entraîner le réseau de neurones. Celui-ci a pour entrée le déplacement et l'orientation du guide-aiguille. Ce réseau a un nombre réduit de patterns grâce à l'utilisation d'une analyse en composantes principales permettant de réduire le nombre de nœuds du réseau. Les prédictions du réseau de neurones comparativement à la modélisation biomécanique résultante donnent une erreur maximum de 0.3 mm et une erreur angulaire maximum de 0.01 degrés. Le résultat est obtenu en 0.04 s (PC 2.4GHz Intel i5 8GB RAM).

[Moreira *et al.* 2013] ont utilisé le fantôme cité ci-dessus afin de mesurer lé déformation de la prostate pendant l'insertion. Dans cet article les auteurs discutent de la déformation de la prostate induite par un mouvement de sonde. De plus, ils étudient ce phénomène à l'aide d'un modèle à éléments finis composé de 35 000 tétraèdres avec un matériau linéaire. Pour étudier la déformation de la prostate, ils insèrent un guide aiguille, modélisant la sonde, à une vitesse de 0.5 $mm.s^{-1}$ sur 5 mm. Les simulations sont réalisées à l'aide du logiciel SOFA [Faure *et al.* 2012] et le temps total de simulation est de 80 s. Il est à noter que l'on ne sait pas s'il s'agit d'un temps simulé (avec un pas de temps de 0.01 s) ou du temps réel de simulation (temps "utilisateur"). Sur les huit marqueurs détectés pendant la simulation, ils obtiennent une erreur RMS de 0.36 mm avec un maximum inférieur à 0.5 mm.

6. en anglais ARFI : Acoustic Radiation Force Impulse imaging

[Mousavi *et al.* 2013] présentent une solution utilisant à la fois des modèles biomécaniques et un robot. Ce dernier reçoit ses instructions à l'aide de capteurs de pression montés sur l'extrémité d'une sonde 2D. Les auteurs étudient cette solution dans le cadre de la biopsie par échographie transrectale. Le but étant de pouvoir imposer les mêmes forces au niveau du rectum à l'aide de la biomécanique. Dans leur procédure, une acquisition à l'aide d'une sonde 3D, similaire en taille et en forme à la sonde 2D, est réalisée. La sonde 3D permet d'acquérir des images de l'environnement avant d'effectuer les biopsies. Ensuite, une sonde temps-réel 2D permet de réaliser les biopsies. Le principe est de positionner la sonde 2D de la même manière que la sonde 3D, en position et pression, pour éviter un maximum des déplacements et déformations de la prostate. Pour réaliser leur expérience, les auteurs utilisent un fantôme représentant un bloc de 16 cm x 12 cm x 10 cm. Un fantôme de prostate est également présent dans le bloc. Un maillage de 33 000 éléments est construit. Les nœuds de la partie supérieure sont fixes. L'élasticité est imposée à 65 kPa pour la prostate et à 50 000 Pa pour les tissus environnants. Le logiciel ABAQUS est utilisé pour obtenir les résultats de simulation biomécanique. Les auteurs réalisent plusieurs tests en effectuant des mouvements et des rotations de sonde ainsi que des bougés du fantôme. Ces déplacements vont jusqu'à 5 mm avec (incréments de 0.5 mm). Les rotations varient jusqu'à 5 degrés. Les résultats obtenus montrent que le robot repositionnent très précisément la sonde afin d'obtenir les mêmes pressions entre l'acquisition 3D et 2D. Aucune information de temps est fournie.

[van de Ven *et al.* 2015] étudient le recalage élastique de surface à l'aide de modèles biomécaniques entre des images IRM, pré-opératoires, et des échographies transrectales (TRUS) réalisées pendant l'acte médical. Dans chacune des images la prostate est segmentée par un opérateur. Une première transformation rigide est réalisée pour aligner les IRM et les TRUS. Un maillage est construit à partir de ces segmentations. Le nombre d'éléments varie de 33 à 3 632. Les auteurs utilisent un matériau hyper-élastique de type neo-Hookéen. L'élasticité est définie à partir des modules de cisaillement [7] et d'élasticité isostatique [8] avec respectivement des valeurs de 7.5 kPa et 35 kPa ainsi qu'un coefficient de Poisson de 0.4. Le solveur NIFTYSIM est utilisé pour réaliser les calculs de la biomécanique. La simulation consiste à déplacer les nœuds de surface, à l'aide de projections radiales, pour faire correspondre les masques IRM et TRUS. Cette méthode nécessite d'avoir une correspondance entre les nœuds de surface. Les auteurs utilisent une paramétrisation spécifique de la surface pour cette mise en correspondance. Cette procédure a été testée sur dix jeux d'acquisitions patients. Au total, 360 simulations ont été effectuées avec quelques échecs dus à la mauvaise consistance du maillage. Les simulations ont duré entre 5 s et 60 s à l'aide d'un PC intel Xeon dual CPU 2.26GHz, 24GB RAM et un une carte graphique NVIDIA Geforce 570GTX. Une erreur moyenne de 3.62 mm $\pm$ 2.13 mm est obtenue et correspond à la distance entre la position réelle de cibles (segmentées par le même opérateur) et la position simulée pour 35 de celles-ci. Une médiane de 2.40 mm est calculée.

Les solutions présentées précédemment sont résumées dans le tableau 3.1. Pour l'heure, l'ensemble de ces méthodes est encore à l'état de recherche et les résultats patients n'ont pu

7. en anglais : shear modulus
8. en anglais : bulk modulus

être obtenus qu'en rétrospectif. Sur l'ensemble des publications citées, on observe principalement l'utilisation de modalités permettant d'obtenir des images de grandes qualité (IRM puis scanner). L'échographie est très peu utilisée ou alors en combinaison avec une segmentation IRM préalablement réalisée pour effectuer des déformations et des recalages avec de l'échographie. Les modèles utilisés sont volumiques pour la plupart et utilisent principalement la méthode des éléments finis. Ces expériences ont été réalisées soit sur des images patients soit avec un fantôme réaliste de prostate.

5 Conclusion et problématique biomécanique

Synthèse

Comme nous avons pu le décrire dans les sections précédentes, la littérature montre une grande quantité de recherches sur la modélisation biomécanique en général. Deux grands types se distinguent : les modèles continus et les modèles discrets. Les modèles continus sont plus représentatifs d'une réalité physique d'un objet ou de l'interaction entre objets tandis que les modèles discrets permettent une accélération des algorithmes non négligeable. L'utilisation de chacun est donc généralement liée à l'application que l'on veut en faire.

Cela est également le cas pour la modélisation de la prostate et de son environnement. Depuis un peu plus d'une décennie (section 4), les chercheurs tendent à utiliser les modèles à éléments finis afin de modéliser l'environnement de prostate, les déplacements et déformations qu'il subit, pour finalement recaler et suivre des les mouvements de la prostate. Les buts recherchés sont de pouvoir aider les cliniciens pendant des gestes, par exemple pour la délivrance adéquate de doses lors de radiothérapies ou l'étude des bougés de la prostate pour la biopsie transrectale ou la curiethérapie. Cependant, les résultats montrent que l'utilisation de modèles à éléments finis induit un temps de calcul important rendant plus difficile son utilisation per-opératoire. Cela est encore plus vrai lorsque des matériaux non-linéaires sont utilisés. Pour pallier ce problème, des chercheurs travaillent en utilisant une modélisation biomécanique en pré-opératoire (donc avec la nécessité d'avoir des acquisitions pré-opératoires) afin d'entraîner des algorithmes de décision alors utilisés pendant le geste. On observe également que les images de "haute qualité" (IRM, scanner CT) sont privilégiées afin de produire un pelvis le plus complet et précis possible.

Problématique biomécanique

Au travers de tous ces éléments, nous nous sommes orientés vers l'utilisation, dans un premier temps, de modèles à éléments finis linéaires par souci de précision et d'efficacité calculatoire. Bien que nous soyons en accord avec les auteurs de l'état de l'art pour l'utilisation de maillages d'environnements pelviens pour s'assurer de donner les bonnes contraintes aux modèles, nous nous sommes penchés sur le déploiement de solutions modélisant seulement la prostate plongée dans un environnement homogène. Les deux raisons principales à cette étude sont :

a) la simplification des maillages et des conditions aux limites appliquées sur celui-ci. Le but est d'améliorer le temps de calcul afin de s'approcher de simulations temps réel.

b) dans le cadre des biopsies de prostate, il arrive le plus souvent que l'urologue n'ait à

Articles	US	IRM	CT	Autre	MEF L.	MEF N-L.	Phymul	Modèle 3D	Young Prost.	coef. Poisson	Temps	Patient(s)	Fantôme	Commentaires
[Mohamed *et al.* 2002]	•	•	•			•		•	?	?	?		•	Défo. TRUS curiethérapie ; MEF+ACP pré-op. ; Estimateur math. per-op.
[Alterovitz *et al.* 2006]		•			•				60	0.49	37s	•		Recalages IRM avec/sans sonde
[Marchal *et al.* 2006]		•					•	•	-	-	0.13s*	•	•	*par itération pour 1300 nœuds ; Défo. TRUS ; insertion aiguille
[Crouch *et al.* 2007]		•	•		•			•	?	0.49	2min*	•	•	Recalage CT pour curiethérapie ; *Maillages affinés
[Hensel *et al.* 2007]		•		•*	•			•	21	0.4	7min	•		Recalage planning radiothérapie ; *Tomographie
[McAnearney *et al.* 2011]		•				•		•	-	-	?	•		Recaler IRM curiethérapie ; Neo-Hookéen ; Revue et test de Young(s)
[Hu *et al.* 2012]	•	•				•		•	-	-	20s	•	•	Recaler IRM/TRUS ; Neo-Hookéen ; Apprentissage MEF (140min) + SSM (statistiques).
[Jahya *et al.* 2013]		•		•*	•			•	65	?	0.04s$^{\diamond}$		•	Prédire Défo. pré-op. ; *Caméra ; $^{\diamond}$Réseau de neurones ; Fantôme 2D/3D
[Moreira *et al.* 2013]		•		•*	•			•	75	0.495	80s		•	Prédire Défo. ; *Caméra ; Fantôme 2D/3D ; Temps imprécis
[Mousavi *et al.* 2013]	•				•			•	65	?	?		•	Min Défo. entre images 3D et 2D ; Robot ; Capteurs de pression ;
[van de Ven *et al.* 2015]	•	•				•		•	21	0.4	<60s	•		Neo-Hookéen ; Recalage IRM/TRUS

Table 3.1 – Récapitulatif des modèles biomécaniques de prostate issus de la littérature.

*Les renvois * et $\diamond$ sont détaillés dans la case "Commentaires" de la ligne correspondante. Abréviations : ACP (Analyse en Composantes Principales) ; Défo. (Déformation) ; MEF (Méthode à Eléments Finis) L. (Linéaire) N-L. (Non-Linéaire) ; SSM (Statistical Shape Model) ; TRUS (échographie transrectale) ; Les modules de Young sont donnés en kPa.*

disposition que des volumes échographiques per-opératoires. Dans ce cas là, l'utilisation des méthodes présentées précédemment n'est pas envisageable, car nous ne disposons pas d'une IRM pré-opératoire afin de construire le modèle ne sont pas adaptées.

C'est pourquoi, nous voulons également étudier la précision des simulations biomécaniques de prostate lorsqu'elles sont construites uniquement avec des volumes échographiques per-opératoires.

Dans cette littérature, on retrouve une grande disparité dans la validation des modèles avec des métriques de surfaces, de similarités d'images ou de distances entre cibles, etc. Il est à noter que toute ces métriques ne traitent que du modèle en lui-même et non de l'ensemble des étapes permettant sa réalisation. Pour l'étude des modèles que nous désirons mener, nous avons préalablement travaillé à la construction d'une chaîne de validation générique permettant l'évaluation, la comparaison et la validation de modèles ainsi que des étapes amonts aux simulations. Le chapitre suivant explicite cette chaîne.

Chapitre 4

Étude et Validation de Procédures liées à la Modélisation

Sommaire

1 Introduction 47
2 La validation pour la biomécanique clinique 48
2.1 La mesure quantitative 48
2.2 La mesure qualitative 50
2.3 La mesure objective des attentes 50
3 Chaîne de validation de modèles biomécaniques dédiée aux GMCAO 51
3.1 Motivations 51
3.2 La chaîne de validation : étape par étape 52
3.2.1 Objet d'étude 52
3.2.2 Étalonnage/Calibrage 53
3.2.3 Acquisition des données 54
3.2.4 Segmentation 54
3.2.5 Génération de maillages 54
3.2.6 Définition du modèle 55
3.2.7 Choix de simulation 56
3.2.8 Comparaison et analyse 56
3.2.9 Erreurs propagées de la chaîne 57
4 Conclusion 60

1 Introduction

Dans ce chapitre, nous aborderons la problématique de la validation en biomécanique dans le cadre d'une application en GMCAO. Nous montrerons qu'il existe une multitude d'options dans l'évaluation et la validation des modèles biomécaniques utilisés dans des applications cliniques et que leur choix dépend de l'objectif du modèle. À partir des descriptions que nous faisons de ces mesures, nous expliquons, dans un second temps, notre travail sur l'établissement d'une chaîne de validation générique et semi-automatique pour l'évaluation, la comparaison et la validation de modèles biomécaniques. Nous verrons alors que l'erreur de modélisation biomécanique que nous mesurons incorpore un ensemble d'erreurs. Chaque étape de la chaîne sera alors expliquée et détaillée.

Ce travail, préambule des expérimentations que nous avons réalisées, sera également discuté dans les dernières sections de ce chapitre. Nous expliciterons alors l'intérêt de structurer la donnée pour la comparaison et la validation efficace d'une procédure, pour un

transfert de l'expérimental vers le clinique. Dans le cadre de procédures, nous verrons que cette chaîne trouve également un intérêt pour le partage des connaissances lorsqu'elle nécessite le travail de plusieurs groupes d'experts.

2 La validation pour la biomécanique clinique

Dans les paragraphes qui suivent, nous décrivons un ensemble de mesures, les plus utilisés, pour l'évaluation des modèles biomécaniques. (Nous nous concentrons sur les métriques utilisées dans les mêmes domaines que nos travaux). Nous verrons que selon les attentes des utilisateurs, nous nous orienterons plus vers des mesures qualitatives que quantitatives et vice versa. Pour de plus amples informations sur les critères de validation dans le domaine des modèles biomécaniques, on peut se référer aux articles et rapports de la littérature suivants : [Deram *et al.* 2012, Henninger *et al.* 2010, Marchal *et al.* 2008, ASME 2006, Alterovitz 2003]. Ceux-ci sont un bon point d'entrée pour la compréhension de la nécessité d'adopter un comportement pragmatique sur la vérification puis la validation de modèles dans un contexte général et encore plus dans le domaine médical où la précision et la robustesse sont primordiales. Dans [ASME 2006], la validation biomécanique est réalisée après une première étape de vérification du code et des calculs décrivant la théorie mathématique. Dans notre cas, nous utilisons des modèles déjà issus de la littérature. Par conséquent, nous nous affranchissons de cette étape de vérification et procédons directement à l'étape de validation des modèles à l'aide de métriques comparant le modèle à la réalité.

2.1 La mesure quantitative

La mesure quantitative permet d'évaluer les modèles créés en termes de précision et de temps de simulation. Principalement, cela revient à comparer des valeurs de simulations avec des valeurs de référence, issues d'abaques ou d'expérimentations reproduites dans les simulations biomécaniques. Pour cela, des cibles sont identifiées dans le modèle et sont monitorées tout au long de la simulation par rapport à une référence. Dans le cas où l'évaluation se base sur un grand nombre d'expérimentations, la robustesse d'un modèle peut également être testée face à la variation d'un grand nombre de paramètres.

[Alterovitz 2003, Marchal *et al.* 2008] utilisent également une métrique point à point, appelée "Relative Energy Norm" (REN). Cette métrique représente une différence normalisée ; Elle se calcule comme la distance entre des points à un instant donné de la simulation et leur position dans le modèle de référence par rapport à la distance ces positions de référence et la position initiale de ces points. Si on décrit u_0 comme la distance entre la position initiale et la position de référence des nœuds de l'objet et u_t la distance entre les points de la simulation à un instant t et la position de référence des points, on a :

$$REN = \frac{u_t}{u_0}$$

Des mesures peuvent également directement être réalisées sur le volume ou la surface afin de savoir si une perte ou un gain a eu lieu. Ce test peut être utilisé afin de monitorer l'incompressibilité d'objets ou l'évolution de la perte de volume lors d'une compression. À

partir d'un maillage de surface triangulaire, il est possible d'obtenir un volume à l'aide de la formulation d'Ostrogradski et du théorème de flux-divergence [Schneider & Eberly 2002].

[Alterovitz 2003] utilisent une métrique de volume basée sur l'opérateur Xor. Cette métrique permet d'obtenir une erreur de surface entre deux maillages, 2D ou 3D. À un temps t, ils définissent cette métrique comme :

$$error = \frac{|Int(M) \oplus Int(M')|}{|Int(M)|}$$

où M' et M sont les deux maillages à comparer.

[Marchal *et al.* 2008] proposent également de mesurer l'erreur entre deux maillages (référence et simulé), où les points ne correspondent pas forcément, en calculant la distance d'un point issu de la simulation au maillage de surface de référence. Cette distance est calculée à l'aide de la normale du point simulé.

La distance de Hausdorff [Huttenlocher *et al.* 1993] est également une métrique applicable sur des nuages de points provenant de maillages ou d'images. Celle-ci donne pour deux nuages de points la distance min-max entre un objet et son modèle. Ainsi, pour deux ensembles de points $Obj_A = \{a_1, a_2, ..., a_n\}$ et $Obj_B = \{b_1, b_2, ..., b_m\}$, la distance de Hausdorff est définie comme :

$$H(Obj_A, Obj_B) = max(h(Obj_A, Obj_B), h((Obj_B, Obj_A)))$$

où h est la distance de Hausdorff orientée d'un objet à un autre et représente :

$$h(Obj_A, Obj_B) = \max_{a \in Obj_A} \min_{b \in Obj_B} \|a - b\|$$

Cette quantité donne le point a le plus éloigné de Obj_B et mesure la distance de ce point au plus proche voisin de Obj_B. Au final, la distance de Hausdorff se calcule d'un objet à l'autre et vice versa. Pour une distance trouvée d, cela indique que tout point de Obj_A est à une distance inférieure à d de Obj_B et tout point de Obj_B est à une distance inférieure à d de Obj_A. [Dubuisson & Jain 1994] introduisent des variantes pour le calcul de cette distance en tenant compte du bruit dans les images.

Lorsque des images sont recalées sur les modèles, il est possible d'utiliser des métriques basées sur la similarité de formes. Il y a, par exemple, le coefficient de DICE. Il s'agit d'une mesure de similarité entre deux ensembles. Sa valeur varie de 0 à 1. Plus le résultat sera proche de 1 plus la similarité entre les deux images sera grande. Cette métrique a, par exemple, été utilisée par [Alterovitz *et al.* 2006] pour évaluer la qualité de leurs simulations biomécaniques 2D entre deux jeux d'images IRM. Les auteurs définissent cette métrique de la manière suivante :

$$D = \frac{2a}{2a + b + c}$$

où a représente le nombre de pixels partagés par les deux images, b et c les valeurs de pixels retrouvées respectivement dans la première et la seconde image.

En ce qui concerne le temps de calcul, il s'agit, généralement, de savoir si les simulations peuvent atteindre le seuil des 25 frames par secondes (FPS), symbole d'une possible

utilisation temps-réel du modèle liée à de la visualisation. Cela implique que chaque pas de temps de la simulation (dt) doit être calculé en moins de 0.04 s. Ce type de modèle est surtout utilisé pour un affichage réaliste temps-réel. Dans certains cas, les pas de calcul peuvent être un peu plus grand et on parle alors de temps interactif. Par exemple, il peut s'agir de modèles donnant des informations de trajectoires ou encore de positions de cibles. Il est important de noter que dans le cadre de la biomécanique clinique le notion de FPS prise seule n'est pas forcément judicieuse. Il faut également s'attacher à fournir une information fiable issue du calcul biomécanique, c'est à dire en tenant compte de l'état stabilisé du calcul mécanique. Le temps nécessaire à la stabilisation des systèmes est donc à prendre en compte dans l'évaluation des modèles. Dans un contexte médical, on parle alors de temps clinique. Ce temps est une valeur subjective et peut varier selon l'intervention et le clinicien. Il définit la possibilité de donner dans un court laps de temps (mais éventuellement un peu plus long que le temps réel) des informations sur la simulation pendant une intervention clinique.

2.2 La mesure qualitative

En modélisation biomécanique appliquée à un contexte médical, l'utilisation de métriques qualitatives est faible. En effet, celles-ci ne permettent pas de rendre compte de la précision ou de la robustesse d'un modèle. Elles sont le résultat d'une interprétation subjective. Malgré tout, ce genre de métrique peut être utilisé dans le cas de comparaisons graphiques de modèles. Ces comparaisons peuvent être l'étude de phénomènes, de la contrainte mécanique ou encore de la déformation élastique ou plastique d'un objet à l'aide de diagramme de contours colorés [Henninger *et al.* 2010, Anderson *et al.* 2007]. À titre d'exemple, la comparaison de diagrammes montrant les lieux de plus fortes contraintes pour une expérimentation permettra de réaliser une première validation des conditions aux limites imposées sur l'objet modélisé. Nous présentons un exemple dans le chapitre 5 section 3 et plus particulièrement à la figure 5.30.

Dans notre contexte des gestes médico-chirurgicaux assistés par ordinateur, les métriques qualitatives sont généralement utilisées dans le cas de simulateurs utilisant des modèles biomécaniques. [Fiard *et al.* 2014], par exemple, proposent à des urologues experts de valider un simulateur de biopsies de prostate. Pour cela, les auteurs utilisent une Échelle Analogue Visuelle (ÉAV) pour valider différents aspects du simulateur tels que le rendu visuel, l'ergonomie, l'intérêt d'exercices thématiques, etc.

2.3 La mesure objective des attentes

L'application finale d'une modélisation biomécanique doit entrer en compte dans le choix des mesures pour l'évaluation et la validation. Un simulateur d'apprentissage nécessitera le plus souvent un réalisme de grande qualité, que ce soit en termes de rendu visuel ou de fluidité et ressemblance du geste modélisé, mais une précision moindre contrairement à des modèles dédiés au planning par exemple. [Promayon 2008] décrit un ensemble de caractéristiques pour différents types de modélisations biomécaniques. Il décrit ainsi des modèles : d'apprentissage où les caractéristiques majeures doivent être un temps de calcul très court

("Efficacité calculatoire") et une interaction temps-réel ; morpho-dynamique où le but est de montrer précisément un phénomène clinique ; pour le planning de gestes cliniques afin d'anticiper le comportement des organes pendant le geste ; ou encore per-opératoire pour assister le clinicien pendant le geste clinique. Pour ces deux derniers simulateurs, les modèles doivent être à la fois précis et représenter la réalité en termes de comportements et paramètres physiques ("Conformité spécifique"). Le diagramme, présenté en figure 4.1, illustre les caractéristiques que doit posséder un modèle selon son utilisation.

Selon les cas, ces critères peuvent donc être d'ordre esthétique-graphique, de précision, de temps, de robustesse, etc. Mais quoiqu'il en soit, le modèle doit répondre à des critères qui sont définis dans un cahier des charges précis. En imbriquant l'applicatif dans la validation, on s'assure d'utiliser un modèle biomécanique qui s'adapte au mieux aux contraintes exigées. Cela permet également d'éviter les effets de bords ou encore de limiter les comportements inattendus. Finalement, en respectant la procédure clinique qui sera réalisée, nous allons donc pouvoir étudier l'ensemble des erreurs générées en amont de la modélisation. L'influence de chacune des étapes dans l'erreur finale, à l'issue des simulations, pourra alors être observée. C'est dans cette perspective que nous avons monté une chaîne de validation de modèles biomécaniques afin de valider les étapes amonts à la simulation également. Cette procédure est décrite dans les sections suivantes.

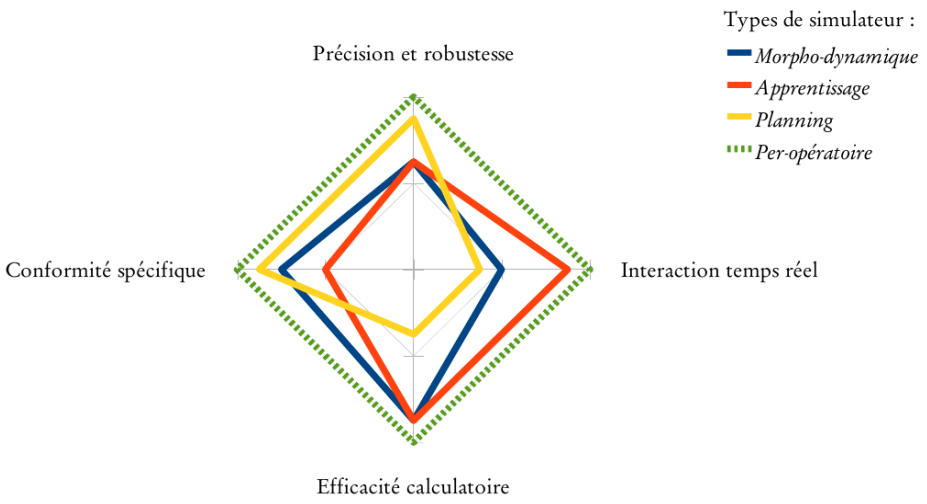


Figure 4.1 – Spécificités attendues pour différentes utilisations d'un modèle biomécanique. *(tiré de [Promayon 2008])*

3 Chaîne de validation de modèles biomécaniques dédiée aux GMCAO

3.1 Motivations

Après une étude de la littérature sur la modélisation biomécanique de la prostate et de l'expérience apportée par les "alumni" de notre équipe dans ce domaine [Baumann 2008, Mozer 2007, Marchal 2006], nous avons décidé de nous orienter vers une validation complète

du processus de simulation. Cela implique de ne pas seulement étudier les modélisations biomécaniques mais également étudier et évaluer l'impact de toutes les étapes en amont. Une étape de vérification du code et des calculs, comme décrite dans [ASME 2006], pourra également être réalisée.

Les motivations de ce travail sont directement basées sur les contextes médicaux pour lesquels nous construisons ces modèles. Les données obtenues pour la création de modèles biomécaniques sont souvent très bruitées. Le but que nous nous fixons ici est de pouvoir tracer l'ensemble de ces erreurs et donc pouvoir interpréter l'erreur finale avec un haut niveau de détails. D'autre part, il s'agit de déterminer efficacement les sources d'erreurs les plus importantes pour les améliorer par de nouvelles méthodes. Au final, la comparaison de ces méthodes doit être plus aisée à l'aide d'une méthodologie et d'outils pratiques le permettant, que ce soit en termes de robustesse, de précision, de temps ou encore de réalisme en fonction des critères définis dans le cahier des charges.

3.2 La chaîne de validation : étape par étape

Dans cette section, nous déployons, pas à pas, les étapes que nous proposons dans la chaîne de validation, illustrées en figure 4.2. Afin de montrer le caractère générique de la méthode, nous décrivons à la fois l'étape et des exemples applicables. Ces illustrations permettent de montrer en quoi cette chaîne est un outil efficace dans la comparaison et l'analyse de modèles biomécaniques générés de différentes manières.

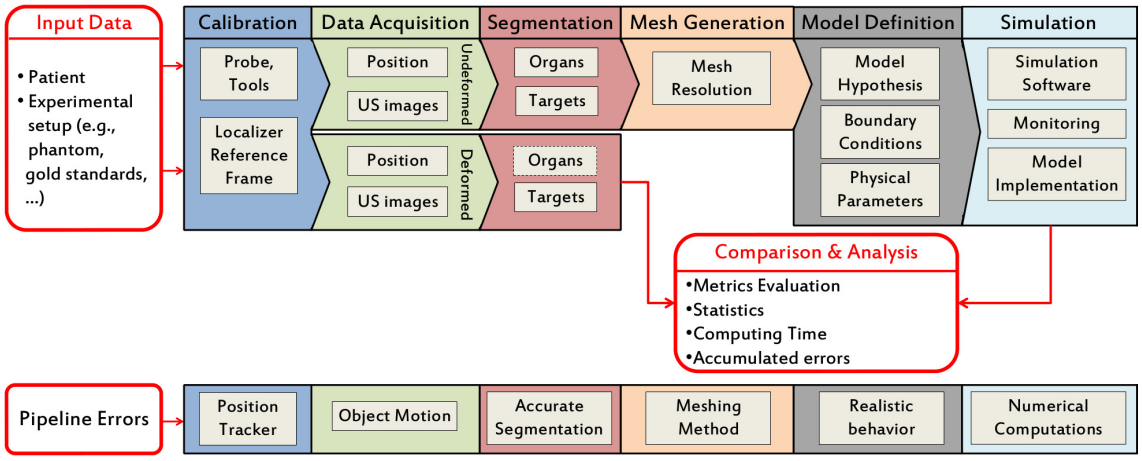
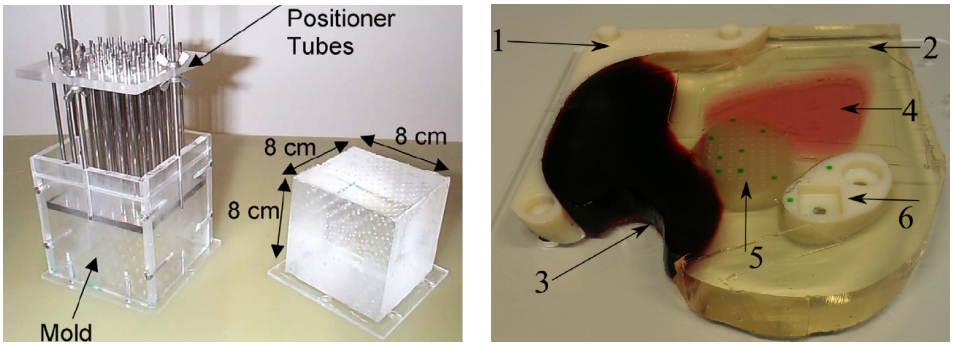


Figure 4.2 – Chaîne de validation de modèles biomécaniques dédiée aux GMCAO.

3.2.1 Objet d'étude

Le caractère générique de la chaîne de validation permet d'avoir différents types d'entrées. Ainsi, des données issues de protocoles expérimentaux ou cliniques peuvent être utilisées. Les acquisitions peuvent être réalisées sur patients ou bien sur des fantômes de formes connues [Kerdok *et al.* 2003] ou représentant la réalité [Jahya *et al.* 2013, Moreira *et al.* 2013], (c.f figure 4.3). Dans le cas de l'utilisation de fantômes, il est important de reproduire avec un

maximum de fidélité les régions d'intérêts et les spécificités de chaque organe (mouvements, déformations, contraintes, etc). Cela permet, en effet, de s'assurer des comportements les plus proches possibles de vrais cas cliniques et donc de pouvoir tester en amont l'intégration clinique potentielle du modèle biomécanique.



(a) [Kerdok *et al.* 2003] (b) [Moreira *et al.* 2013]

Figure 4.3 – Exemple de données expérimentales pour l'étude de modèles biomécaniques. *(a) représente le Thruth-Cube et (b) un fantôme d'une tranche d'un environnement pelvien masculin.*

3.2.2 Étalonnage/Calibrage

Généralement, la première étape de la chaîne de validation consiste à calculer un repère commun à tous les outils, volumes et données nécessaires à la reproduction de la réalité [Bergmeir *et al.* 2009, Baumann *et al.* 2008]. Cette étape d'étalonnage permet d'obtenir, à n'importe quel moment des acquisitions, les positions relatives des volumes dans un repère commun.

Cette étape peut être réalisée à l'aide de différents outils d'aide à la localisation tels que des localisateurs 3D optiques et magnétiques, des robots porte-instrument ou encore à l'aide d'une série de recalages d'images rigides ou élastiques. Une fois l'étape de calibrage réussie, toutes les acquisitions peuvent alors être placées dans un repère mathématique de référence à l'aide de transformations mathématiques permettant le changement de bases. Si le procédé clinique nécessite l'utilisation d'outils physiques (tels que des sondes, instruments, etc), l'étape de calibrage permet de localiser cet ensemble d'objets dans ce même repère de référence.

Pour certains types d'acquisition, l'étape de calibrage n'est pas nécessaire. Cela est le cas pour les volumes issus de modalités comme l'IRM ou le Scanner [Crouch *et al.* 2007] où un repère global virtuel est déjà calibré lors des acquisitions sur ce type de machine. Le repère de référence est alors le repère de la modalité d'acquisitions. Toutefois, il est nécessaire de contrôler quelques conditions comme les changements de paramètres d'acquisitions, les bougés du patient ou la présence d'objets non-visibles à l'imagerie interagissant avec l'objet de la modélisation.

3.2.3 Acquisition des données

Deux jeux de données sont généralement à acquérir pendant cette phase. Un premier jeu de données représente des acquisitions faites dans une configuration initiale de l'organe et des tissus. Pendant cette phase, les déformations et les déplacements des organes doivent être très limités afin de ne pas ajouter des pré-contraintes non-identifiées dans la définition des modèles biomécaniques. De plus, il est intéressant d'acquérir un ensemble de volumes recueillant un maximum de l'environnement étudié (tissus environnants, organes, os) afin de les reproduire dans les simulations au travers de maillages, contraintes et paramètres rhéologiques.

Le second jeu de données consiste à reproduire avec un maximum de fidélité les acquisitions, mouvements et déformations réalisés pendant l'intervention clinique que l'on désire simuler. Réaliser un grand nombre d'acquisitions reflétant la réalité permet d'évaluer et valider les modèles biomécaniques dans leur utilisation finale. Cela minimise l'apparition de comportements inattendus dans le cas d'une utilisation clinique après validation sur des données expérimentales. Si l'examen nécessite l'utilisation d'outils, il est nécessaire d'obtenir leurs positions au cours du temps. Il est alors possible de les prendre en compte dans la modélisation ou de définir les contraintes correspondantes dans les simulations.

3.2.4 Segmentation

La segmentation de la géométrie dans des conditions de repos des objets vus au travers de l'imagerie est indispensable afin de construire un environnement de simulation correspondant à la configuration initiale avant toute déformation ou déplacement de ces objets. Les contours des organes, des os et des tissus environnants peuvent ainsi être segmentés. Selon les métriques utilisées afin d'évaluer et valider les modèles, un certain nombre de marqueurs ou points de mesures peuvent être acquis à la fois dans la configuration initiale et dans la configuration déformée des objets. Les métriques peuvent être directement basées sur les contours de l'objet (champs de déformation, évolution du volume) ou sur des cibles précises (une variation de la position) contenues par les objets de la scène. Nous verrons par la suite qu'une étape de validation des segmentations doit être réalisée pour s'assurer de la cohérence de celles-ci. L'étape préalable de calibrage nous permet de réunir l'ensemble de ces informations dans un même référentiel.

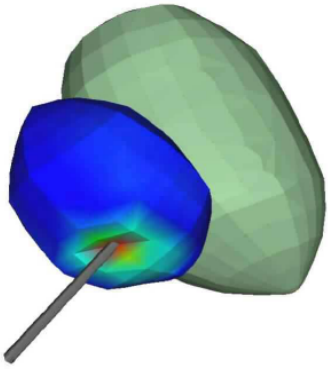
3.2.5 Génération de maillages

Les maillages 3D sont produits à partir de l'étape de segmentation. Dans la littérature, les modèles à éléments finis sont généralement utilisés. Les maillages sont alors construits à partir de formes telles que des tétraèdres ou des hexaèdres principalement mais peuvent également contenir des pyramides ou encore des prismes [Lobos & González 2015]. Le maillage d'un modèle biomécanique influence directement les résultats de simulation. Il peut être évalué à l'aide d'outils de mesure de qualité [Knupp *et al.* 2006]. L'utilisation de différentes résolutions de maillages avec des zones affinées correspondant à des zones cliniques précises permet également d'évaluer le niveau de granularité nécessaire au cahier des charges défini.

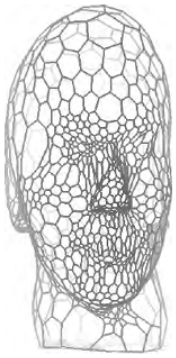
Nous privilégierons des maillages avec peu d'éléments pour avoir un faible temps de calcul. Au contraire, si la contrainte de temps est inexistante et la précision nécessaire, des maillages très bien définis seront privilégiés. Notre chaîne de validation permet de comparer ces ensembles de maillages précisément et des indications de précision/temps pourront être définies selon les résultats finaux obtenus.

3.2.6 Définition du modèle

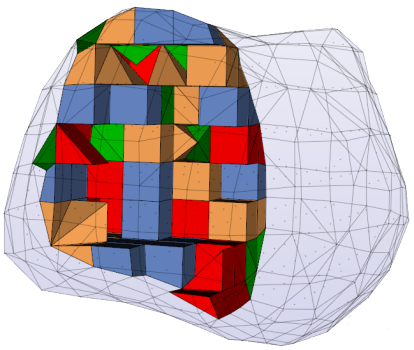
Il existe un grand choix de modèles qu'ils soient continus, discrets ou dits "meshless". Un certain nombre de ces modèles sont présentés dans le chapitre 3 de ce manuscrit. Des illustrations sont présentées en figure 4.4. Selon la loi de comportement biomécanique choisie, un ensemble de paramètres doit être déterminé. Ces paramètres peuvent représenter des valeurs concrètes correspondant à des mesures physiques (masse, masse volumique, élasticité, coefficient d'incompressibilité, coefficients de frottement, etc). Ils peuvent également représenter des notions plus empiriques telles que des coefficients d'amortissement, la définition de constantes de raideur comme pour la modélisation d'un ressort ou la réponse en contrainte d'objets entrant en collision.



(a) Phymul [Marchal 2006]



(b) Simplex [Delingette 1999]



(c) MEF

Figure 4.4 – Différents types de maillages pour la définition de modèles.

Les conditions aux limites doivent également être définies. Celles-ci doivent être énon-

cées de manière à pouvoir représenter les tissus et leur environnement correctement afin que les déplacements et déformations miment au mieux la réalité. Elles peuvent être créées en fixant des nœuds du maillage, en ajoutant des forces externes sur des zones précises du maillages ou encore à l'aide de méthodes permettant la détection et la réponse à l'interpénétration d'objets dans des simulations composées de plusieurs objets.

La caractérisation de tous ces paramètres a un intérêt certain dans notre chaîne de validation. Cette caractérisation permet de créer et d'automatiser le lancement d'un ensemble de simulations où chaque paramètre peut être évalué en étudiant son impact sur le résultat final lorsque sa valeur varie peu ou lorsqu'il est imposé entre deux bornes. Par exemple, dans le cas de modèles à éléments finis linéaires, des paramètres tels que le module de Young ou le coefficient de Poisson sont à définir. Évaluer l'impact de chacun de ses paramètres dans le résultat final permet de trouver une plage de tolérance où la valeur ne modifie pas significativement le résultat final que ce soit en termes de précision ou temps de calcul. Cela permet ainsi de produire une étude de sensibilité aux paramètres. Dans le cadre de gestes médicaux, l'intérêt de cette analyse réside dans le fait qu'il est difficile, par exemple, de mesurer l'élasticité d'un tissu in vivo. Obtenir une plage d'élasticité où on sait que l'erreur sera très peu modifiée peut nous permettre d'éviter de réaliser ces mesures.

3.2.7 Choix de simulation

Une fois le modèle défini, les simulations représentant les déformations et les déplacements observés pendant les acquisitions peuvent être réalisées. L'implémentation de la méthode choisie pour le modèle biomécanique et le logiciel utilisé doivent permettre la production de mesures (erreurs, distances, volumes, etc) utilisées pour comparer différents modèles. Des développements doivent donc être faits pour obtenir une sortie cohérente pour n'importe quel logiciel et/ou méthode dans notre chaîne de validation. Par exemple, [Deram *et al.* 2012] ont développé (diagramme présenté en figure 4.5) un outil de récupération de mesures de modèles biomécaniques permettant de comparer différentes implémentations issues de différents logiciels tel que Sofa [Faure *et al.* 2012], Artisynth [Lloyd *et al.* 2012] ou encore ANSYS (Canonsburg Pennsylvanie, États-Unis). Chaque logiciel ayant des modèles spécifiques, ce type d'outil permet de tester un large choix de solutions. De nouveaux modèles développés peuvent aussi être comparés aux modèles existants grâce à ce système.

3.2.8 Comparaison et analyse

La sélection des métriques qui vont être suivies tout au long des simulations doit être fait en fonction des résultats attendus. Principalement, des moniteurs tel que le temps de calcul par itération ou le suivi en déplacement de marqueurs représentant des cibles cliniques d'un organe sont utilisés. Il existe, toutefois, un grand nombre de métriques basées à la fois sur le volume, les surfaces ou encore les contraintes mécaniques [Deram *et al.* 2012, Alterovitz 2003]. Travailler avec des simulations biomécaniques interactives nécessite l'utilisation de critères d'arrêts pour ensuite faire l'analyse des différents modèles. Pour cette section, nous utilisons les travaux de [Deram *et al.* 2012] et développons nos propres mé-

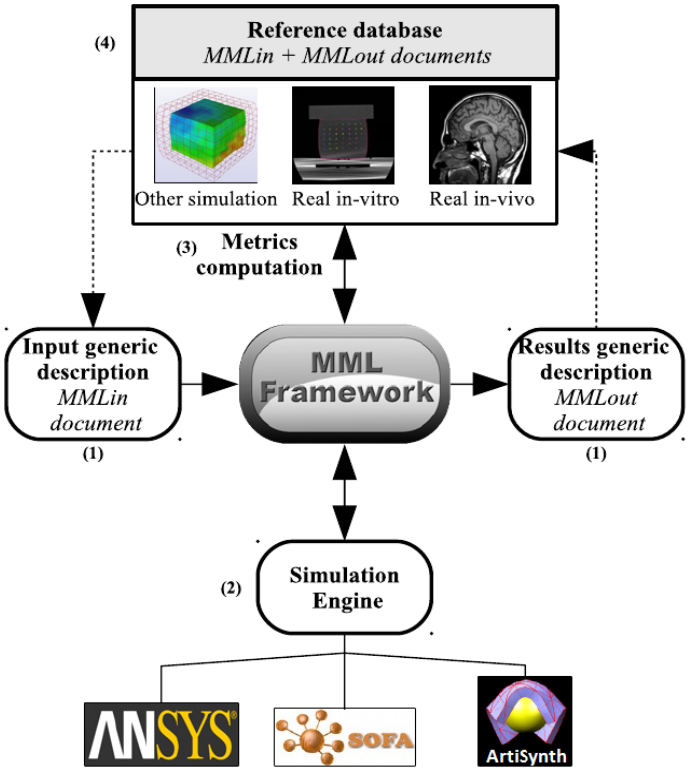


Figure 4.5 – Environnement de comparaison de modèles biomécaniques.
(tiré de [Deram et al. 2012])

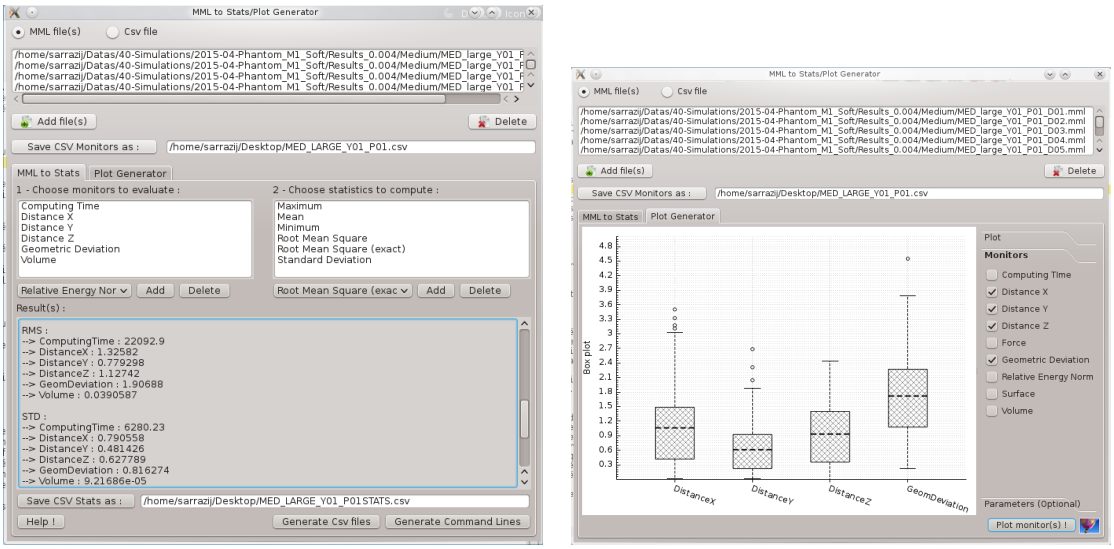
triques telles que l'étude de l'erreur pour chaque axe, le calcul du volume basé sur un maillage triangulaire ou encore la définition d'un critère d'arrêt prenant en compte à la fois une erreur et un temps pour détecter une certaine stabilité. Enfin pour analyser cet ensemble de données, nous avons développé une bibliothèque permettant de récupérer un ensemble de données et de valeurs mesurées sous forme de base de données simples et de les traiter à l'aide d'outils statistiques de base (voir figure 4.6). L'interfaçage de la bibliothèque QCustomPlot [1] à cet outil permet également de visualiser automatiquement les résultats sous forme de graphiques. Les résultats récupérés et calculés via notre bibliothèque sont transcrits dans des fichiers de sortie de sorte à ce qu'ils soient aisément ré-utilisables dans un logiciel de statistique tel que R [R Core Team 2015] afin d'approfondir l'étude statistique.

3.2.9 Erreurs propagées de la chaîne

La définition précise de chacune des étapes de la chaîne de validation nous permet d'observer chaque source d'erreur possible. Ainsi, les erreurs suivantes doivent être analysées et quantifiées :

- **Erreurs sur les positions de volumes et d'instruments dans un même repère global.** Cette erreur dépend de la méthode de calibrage et de la précision des outils

1. http ://www.qcustomplot.com/index.php/introduction - Licence GNU GPL



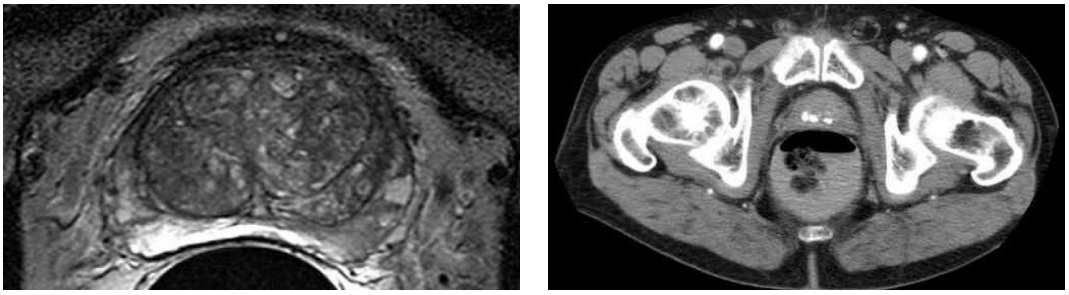
(a) (b)

Figure 4.6 – ConvertMML : Bibliothèque pour le traitement des résultats de simulation. *(a) présente la partie correspondant à la génération des statistiques en fonction du choix de métriques présentes dans la simulation pour un ensemble de fichiers donnés. (b) présente la partie correspondant à la création des graphiques.*

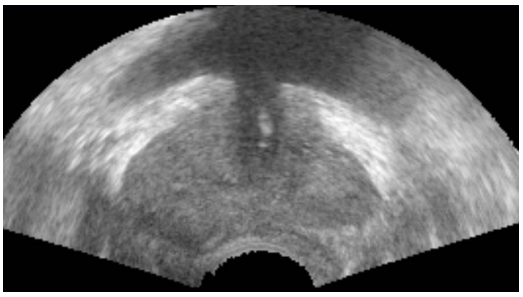
utilisés. Dans ce type d'étude, il est important de vérifier que la mesure est précise, exacte et répétable, c'est dire de vérifier la faible incertitude de mesure. En effet, un outil donnant seulement un ensemble de mesures précis mais inexact n'est pas utilisable dans notre contexte car cela engendrerait des décalages ou des erreurs de rotations significatives dans les simulations.

- Pendant les acquisitions, les organes et les tissus d'un patient dans le cas clinique ou les objets dans les fantômes peuvent bouger. Cela peut induire des artefacts dans les images ou induire une **erreur sur la position de l'objet ou du patient au moment de l'acquisition**. Cette erreur arrivant très tôt dans la chaîne, il est fort envisageable qu'elle induise de plus grands biais dans la suite des étapes comme lors de la segmentation qui sera alors décalée/déformée ou encore lors de la comparaison de la cible entre deux images. Un exemple de ces erreurs sur la position du modèle est présenté dans la partir expérimentation patient de ce manuscrit (c.f Chapitre 7). Les erreurs de positions peuvent également être dues aux erreurs intrinsèques de l'outil utilisé ou encore de la qualité d'acquisition de la modalité d'imagerie.
- **Une erreur de segmentation.** Cette erreur inclut à la fois une erreur due au type de segmentation utilisé mais également à la qualité de l'imagerie (c.f figure 4.7). Par exemple, en échographie l'ombre acoustique, la largeur du faisceau ou encore le bruit de fond [2] sont autant de facteurs associés aux erreurs de segmentation. Que la segmentation soit manuelle ou automatique, il est donc indispensable de valider cette étape.
- **Une erreur de discrétisation.** La discrétisation du volume de l'organe et des tissus en

2. en anglais : speckle



(a) (b)



(c)

Figure 4.7 – Différentes imageries de prostate.

(a) présente une IRM, (b) un CT Scan et (c) une échographie de prostate. Par son faible champ de vision et sa qualité, l'échographie est la modalité où la segmentation précise de tout un environnement reste compliquée.

un ensemble d'éléments utilisés pour effectuer nos simulations est une source d'erreur. La résolution des maillages en est également une [Tanner *et al.* 2006]. Suivant la qualité et le nombre d'éléments, il est possible d'obtenir des erreurs lors de la déformation de ces éléments impliquant alors une anomalie ou une différence dans le résultat final. [Crouch *et al.* 2007] montrent, avec leur modèle m-reps (voir chapitre 2 section 4), que la discrétisation ne permet pas forcément de suivre toute la forme de la prostate et qu'à faible résolution, une partie du volume de ses extrémités n'est pas maillée.

- **Une erreur sur les paramètres et les conditions aux limites.** L'approximation des paramètres rhéologiques des tissus et l'établissement des conditions aux limites est également une source d'erreur. Ces conditions peuvent changer complètement la dynamique d'un modèle entre deux jeux de données différents. Il est donc important d'étudier les degrés de libertés des objets simulés avant d'imposer des conditions aux limites. Cela est très important dans le cadre de simulations simplifiées où seule une partie des éléments d'une scène sont représentés. Dans ce cas, les objets environnants, non modélisés, doivent être représentés à l'aide de conditions aux limites tels que des forces ou encore la fixation de nœuds du maillage. Les lois de comportement, qui approximent la réalité physique d'un phénomène, utilisées dans les modélisations biomécaniques induisent des erreurs. Certaines lois permettent d'être précis mais ont le désavantage de nécessiter un long temps de calcul et vice versa.

Finalement, l'erreur obtenue à la fin des simulations reflète l'ensemble de ces erreurs accumulées tout au long de la chaîne de validation. Une des difficultés dans l'évaluation de chaque méthode réside dans l'imbrication des erreurs. Seules les erreurs indépendantes de chaque étape peuvent être étudiées séparément tel que le calibrage ou la segmentation. Il n'en est pas de même, par exemple, pour le niveau de discrétisation d'un objet et la définition des conditions aux limites qui influencent tout deux la précision du modèle de manière inter-dépendante. Nous verrons dans les chapitres suivants, qu'en cas d'inter-dépendance d'erreurs il faut automatiser la chaîne de validation afin de pouvoir lancer pour un modèle un ensemble de simulations où seul un des paramètres varie à chaque fois. L'étude statistique permet alors de dégager les paramètres les plus influents.

4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons tout d'abord présenté les différents modes de validation de modèles biomécaniques. Dans un second temps, nous avons montré que suivant les modèles, le choix de certaines métriques suivant l'utilisation du modèle pouvait être fait. En lien avec le chapitre 3 section 4 discutant de la littérature sur la modélisation biomécanique de la prostate, nous constatons que les modèles nécessitent un grand nombre d'étapes préalables à leur construction. Nous avons donc décrit une chaîne de validation, reprenant la globalité de la procédure, afin de pouvoir connaître l'impact de chaque étape avant la simulation. Après une phase de tests, on peut donc évaluer les avantages et les inconvénients de la chaîne utilisée et ainsi en corriger les maillons faibles.

D'un point de vue recherche, le montage d'une chaîne de validation stricte permet une comparaison précise des paramètres d'un modèle biomécanique ou d'une étape de génération de celui-ci. On peut ainsi se focaliser indépendamment sur chacune des étapes (méthodes de calibrages, algorithmes de segmentation et génération de maillages). Cela permet également de tester différentes lois de comportement issues de la mécanique des milieux continus (FEM linéaire, FEM hyper-élastique, etc) ou basées sur une approche discrète (Masse-ressorts, Phymul, etc).

D'un point de vue industrialisation, la description précise d'une procédure assure une bonne évaluation et validation de chaque élément technique selon un cahier des charges donné. L'analyse des risques peut être construite précisément pour chaque point clé de la procédure. La chaîne de validation apporte une plus-value dans l'assurance qualité du produit l'utilisant.

Expliciter cette chaîne de validation peut aussi faciliter une interaction avec des partenaires pour le partage de données, d'algorithmes ou le test de nouveaux paradigmes. En découpant précisément la chaîne, on peut envisager un partage des connaissances de plusieurs groupes d'expertises dans des domaines différents comme le traitement d'images, le calibrage ou encore la biomécanique. De nouvelles méthodes seraient donc comparées aux méthodes existantes mais également appliquées à une application clinique afin de montrer la plus-value de celles-ci.

Chapitre 5

Développement et Validation d'Outils Associés

Sommaire

1 Introduction . . . 62

2 Calibrage de Sondes Échographiques . . . 62

2.1 Contexte . . . 62

2.2 Méthode 1 : Calibrage pour banc d'essais expérimentaux . . . 63

2.2.1 Introduction . . . 63

2.2.2 Résumé de la méthode . . . 63

2.2.3 Quels apports pour quelles améliorations ? . . . 66

2.2.4 Expérimentations et Résultats . . . 69

2.2.5 Discussion . . . 72

2.3 Méthode 2 : Calibrage à l'aide d'un robot porte-sonde . . . 73

2.3.1 Introduction . . . 73

2.3.2 La méthode . . . 74

2.3.3 Banc de tests : Essai de faisabilité . . . 79

2.3.4 Tests de robustesse . . . 80

2.3.5 Jeu de tests : conditions réelles . . . 84

2.3.6 Discussion . . . 87

3 Modélisation et Validation d'une Méthode de Collision . . . 88

3.1 Modéliser la collision . . . 88

3.2 Description générale de notre méthode . . . 90

3.2.1 Contexte . . . 90

3.2.2 La méthode . . . 90

3.3 Expérimentations . . . 93

3.3.1 Espace de travail et calibrage caméra . . . 94

3.3.2 Acquisition des données 2D/3D . . . 96

3.3.3 Création des simulations 3D . . . 97

3.4 Résultats . . . 99

3.4.1 Mise en place du banc de test . . . 99

3.4.2 Simulation . . . 100

3.5 Discussion . . . 102

4 Conclusion . . . 104

1 Introduction

Dans ce nouveau chapitre, nous détaillons les outils développés dans le but d'améliorer chacune des étapes de la chaîne de validation présentée précédemment. La description exhaustive de la chaîne de validation dédiée à l'étude de la modélisation biomécanique de la prostate nous a permis d'observer des étapes clés dans l'ensemble du processus. Par exemple, l'étape de calibrage est indispensable à la modélisation biomécanique que nous voulons réaliser. Étudier le comportement des méthodes de calibrage que nous utilisons nous permet de valider notre méthode dans des conditions expérimentales puis d'évaluer de nouvelles méthodes par comparaison. Dans ce chapitre, nous décrivons dans un premier temps deux méthodes de calibrage utilisées pendant cette thèse. L'une a fait l'objet d'améliorations pour améliorer sa robustesse et la seconde a été développée dans le but de réaliser des acquisitions en conditions cliniques. Dans un second temps, nous présenterons une méthode de collision biomécanique basée sur des contraintes projectives. Cette collision a été développée dans le but d'améliorer le temps de calcul des modélisations biomécaniques tout en essayant de garder un niveau de précision acceptable.

2 Calibrage de Sondes Échographiques

2.1 Contexte

Aujourd'hui, dans les pratiques médicales courantes, les sondes 3D échographiques sont de plus en plus utilisées. Le bon compromis entre la facilité d'utilisation, l'imagerie des tissus mous rendue dynamique, la qualité des images par rapport au temps d'acquisition des volumes et la commodité de la manipulation des sondes ont permis cet essor et la création de nouveaux protocoles cliniques utilisant ce type d'imagerie. Ainsi pendant une investigation clinique, les volumes échographiques peuvent être recalés à d'autres volumes échographiques [Baumann *et al.* 2012] ou encore recalés avec des images pré-opératoires issues d'autres modalités telles que l'IRM ou encore le scanner [Baumann *et al.* 2012, Leroy *et al.* 2004] où la définition de cibles peut être plus précise.

Dans le cadre de cette thèse, l'utilisation de ces sondes échographiques endocavitaire 3D comme système d'acquisition d'images médicales nous a amené à trouver et développer des outils de calibrage afin de créer nos simulations. En effet, et contrairement à des dispositifs médicaux tels que l'IRM ou encore le scanner, les sondes échographiques ne donnent, a priori, aucune connaissance quant aux déplacements et positions des images dans un référentiel unique. Il en est de même pour les outils des systèmes échographiques tels que les aiguilles. Pour nos modélisations biomécaniques et plus particulièrement lors de la reproduction fidèle de déplacements et de déformations, il est indispensable de pouvoir s'orienter et se déplacer dans les simulations comme dans la réalité. Calibrer de tels systèmes d'acquisitions nous permet d'obtenir la position dans l'espace des images ainsi que des outils et donc de pouvoir reproduire les mouvements effectués dans la réalité.

Dans les sections qui suivent, nous allons décrire les moyens mis en place pour l'obtention de ces référentiels uniques pour la reproduction fidèle des gestes réalisés dans nos

modélisations biomécaniques. Pour cela, nous présentons deux méthodes de calibrage extrinsèque de sonde que nous avons adaptées, développées et utilisées pour l'acquisition des données. Chacune de ces deux méthodes est discutée au travers des cas d'utilisations, des résultats d'expérimentations ainsi que des avantages et inconvénients les caractérisant.

2.2 Méthode 1 : Calibrage pour banc d'essais expérimentaux

2.2.1 Introduction

Dans le cadre de premiers essais expérimentaux basés sur des fantômes réalistes de prostate, une méthode de calibrage de la littérature [Baumann *et al.* 2008] a été ré-implémentée et améliorée pendant cette thèse. Un nouveau développement a été nécessaire afin de faire correspondre nos nouveaux besoins et le nouveau matériel à son utilisation. Cette méthode a été utilisée dans le but de trouver un repère mathématique unique à l'ensemble des acquisitions volumiques faites sur fantômes. Le référentiel unique est calculé afin de créer un ensemble de simulations biomécaniques de la prostate et d'évaluer la précision des modèles utilisés comme nous l'avons expliqué dans le chapitre précédent (voir chapitre 4).

Dans les sections suivantes, nous résumons succinctement la méthode. Pour plus d'informations, on pourra se référer à la littérature [Baumann *et al.* 2008, Prager *et al.* 1998].

2.2.2 Résumé de la méthode

La méthode consiste à calibrer une sonde échographique endocavitaire 3D afin de connaître sa position à tout moment dans un espace particulier. Il s'agit donc de pouvoir déterminer la position des volumes échographiques, et donc des objets suivis dans les volumes, au cours d'une procédure. Pour cela le matériel suivant est nécessaire :

- **Un outil de localisation** pour le suivi de marqueurs dans l'espace. Dans notre cas, il s'agit d'un localisateur optique de marqueurs passifs (NDI Polaris). À l'aide de **corps rigides** de géométries connues il est possible de suivre la position et l'orientation dans l'espace de tout objet où un de ces corps rigides est fixé. En effet, le localisateur fournit au cours du temps une transformation mathématique homogène liant son référentiel ($\Re_{Loc}$) à celui du corps rigide.
- **Une sonde endocavitaire 3D** sur laquelle un corps rigide est fixé afin de la suivre au cours du temps. Dans les sections qui suivent, nous appelons $\Re_{Son}$ le référentiel du corps rigide fixé sur la sonde. $\Re_{Vol}$ désigne le référentiel des volumes échographiques acquis à l'aide de cette sonde.
- **Un fantôme de calibrage** permettant de récupérer des géométries connues pour ensuite les exploiter dans l'algorithme de calibrage. Pour cette méthode, il a été choisi un bac de calibrage contenant un plan d'équation connue ($\Re_{Plan}$) et localisable à l'aide de corps rigides. Le bac contient de l'eau et le plan est formé par une surface en nylon pour éviter artéfacts et réverbérations induits par les ultrasons.

À partir de ce matériel, il est possible de trouver une transformation homogène unique permettant de lier mathématiquement $\Re_{Vol}$ et $\Re_{Son}$: $T_{\Re Vol2\Re Son}$. Pour chaque acquisition,

(a) (b)

Figure 5.1 – Outils nécessaires au calibrage plan.
(a) présente l'outil de localisation avec un corps rigide détecté par cet outil. (b) montre le bac de calibrage utilisé pour les acquisitions volumiques échographiques.

un point segmenté dans un volume échographique quelconque pourra être calculé dans un repère mathématique de référence correspondant au repère du localisateur optique dans notre cas (voir figure 5.2). Tout point est alors transformé de la manière suivante :

$$P_{\Re Loc} = T_{\Re Son2\Re Loc}.T_{\Re Vol2\Re Son}.P_{\Re Vol} \tag{5.1}$$

où :

- $P_{\Re Loc}$ représente un point dans le repère du localisateur optique en millimètres,
- $T_{\Re Son2\Re Loc}$ est la transformation homogène permettant de passer du repère de la sonde au repère du localisateur,
- $T_{\Re Vol2\Re Son}$ est la transformation homogène permettant de passer du repère de volume échographique au repère de la sonde calculée à l'issue du calibrage,
- et $P_{\Re Vol}$ est un point segmenté dans le repère du volume échographique en millimètres. Une simple mise à l'échelle des voxels (donnée dans les images échographiques) permettra de trouver cette position.

L'équation du plan en nylon est déterminé préalablement dans le repère du corps rigide fixé sur celui-ci ($\Re_{Plan}$) (c.f figure 5.2). Pour cela, un palpeur calibré est utilisé. Cet outil permet de numériser un ensemble de points palpés sur le plan au cours du temps dans $\Re_{Loc}$. L'obtention d'une multitude de points permet de calculer l'équation d'un plan via une régression des moindres carrés. Puisque l'équation du plan est connue dans $\Re_{Loc}$ et le corps rigide fixé ce plan également $\Re_{Plan}$, il est possible de connaître l'équation du plan dans $\Re_{Plan}$. Pour toute acquisition, on connaît dans l'espace du localisateur, la transformation exprimant la position de la sonde dans $\Re_{Loc}$: $T_{\Re Son2\Re Loc}$; on connaît ainsi la transformation exprimant la position du plan dans $\Re_{Loc}$: $T_{\Re Plan2\Re Loc}$. À l'aide d'une suite de traitements d'images, il est également possible de calculer l'équation du plan dans le repère du volume échographique. Dans notre cas nous avons utilisé un filtre laplacien pour rehausser les contours suivi d'une transformée de Hough pour détecter les lignes vues dans l'échographie. Un exemple de détection est donné en figure 5.3. Dans le cas où la segmentation est imparfaite, il est possible de l'ajuster manuellement.

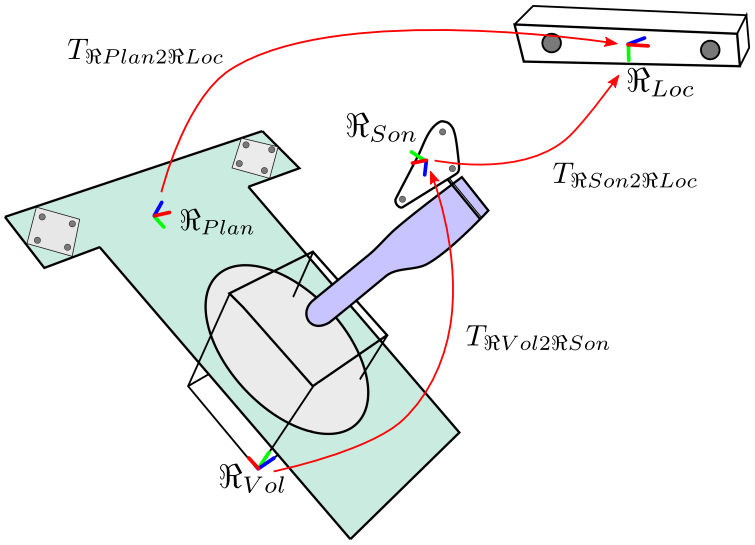


Figure 5.2 – Schématisation du calibrage plan pour l'obtention de la matrice $T_{\Re Vol2\Re Son}$. *(Inspiré de [Baumann et al. 2008])*

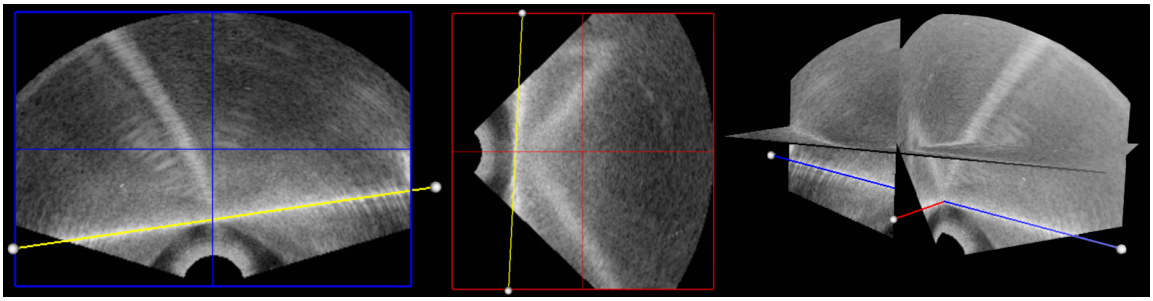


Figure 5.3 – Détection de lignes via la transformée de Hough dans une échographie 3D. *Visualisation d'une coupe centrale (à gauche), d'une coupe sagittale (au milieu) et d'une représentation 3D (à droite) où un rehaussement laplacien suivi d'une transformée de Hough ont permis la détection des lignes représentant le plan de calibrage.*

En trouvant une relation entre les points segmentés du plan dans l'image et l'équation du plan donné par le localisateur, il est alors possible de trouver les six inconnues (trois rotations et trois translations) avec un minimum de deux volumes échographiques. Pour obtenir des résultats robustes, les auteurs de la méthode utilisent un protocole de douze acquisitions issu de la littérature [Prager *et al.* 1998]. Ces douze acquisitions permettent d'acquérir des données représentatives des amplitudes de mouvement de la sonde en usage standard. Un algorithme de minimisation (Levenberg-Marquardt) est alors utilisé pour résoudre le problème.

Il est à noter la nécessité d'utiliser un outil de correction de la vitesse du son. En effet, la vitesse moyenne du son dans les tissus humains est de 1540 m.s^{-1} en moyenne tandis qu'elle varie entre 1482 m.s^{-1} et 1497 m.s^{-1} pour une eau entre 20 ^{o}C et 25 ^{o}C [Bilaniuk & Wong 1993]. Un simple rapport des distances montre qu'à 10 cm, une non-correction de la vitesse du son peut entraîner jusqu'à 4 mm d'erreur en terme de distance

entre des tissus humains comparée à une acquisition dans de l'eau à 20 ^{o}C. Pour pallier cet effet, nous appliquons la solution proposée dans [Baumann *et al.* 2008] (c.f figure 5.4). Les vraies positions des segmentations sont approximées à l'aide d'un ratio des distances à partir du centre de la sonde entre la vitesse du son réglée dans celle-ci et la vitesse calculée à partir de la température de l'eau mesurée au moment de l'acquisition.

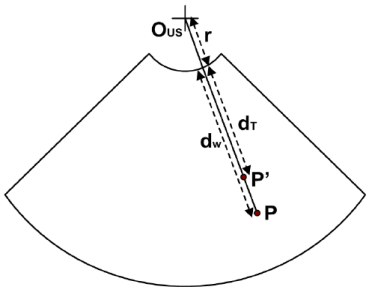


Figure 5.4 – Application de la correction de la vitesse du son.
Tiré de [Baumann 2008]. Pour une célérité donnée d_t, la vraie position P' est approximée en obtenant la distance d_t de ce point par rapport au centre de sonde O_{us} en fonction de la célérité du son dans l'eau v_w et de la distance d_w du point P par rapport à O_{us} dans l'eau. La correction appliquée est : $d_t = \frac{v_t}{v_w} \cdot d_w$. La longueur du rayon de sonde r est fixe.

2.2.3 Quels apports pour quelles améliorations ?

Un développement générique

Une étape importante du re-développement et du déploiement de cet algorithme a été de concevoir une architecture logicielle générique pour faciliter son utilisation lors de changements matériels, lors d'améliorations de briques logicielles particulières telles que la détection du plan dans les images ou lors d'ajouts de fonctionnalités telles que le calibrage au niveau du centre de sonde (paragraphe suivant). Les appareils utilisés à l'hôpital n'étant pas forcément les mêmes que ceux dont le laboratoire TIMC-IMAG disposent, il était indispensable de pouvoir utiliser la méthode avec n'importe quel format d'images échographiques et de données issues des localisateurs.

Pour cela, le framework CamiTK a été utilisé. La mode de fonctionnement de ce framework nous a permis de connecter l'algorithme de calibrage à deux interfaces [1] logicielles, qui sont respectivement, l'interface "ImageComponentAcquisition" et l'interface "TrackerComponentAcquisition". Cette notion d'interface permet de créer indépendamment les bibliothèques de lectures de volumes échographiques et de localisateurs sans toutefois avoir à changer le code de la méthode de calibrage. Une représentation UML simplifiée est donnée en figure 5.5. Tout nouvel appareil, et ses bibliothèques logicielles associées, peut être connecté à l'algorithme à partir du moment où la liaison entre l'interface et la nouvelle machine est réalisée et que celui-ci fournit les informations nécessaires aux calculs effectués dans la méthode de calibrage. Un atout à ce développement générique est également la possibilité de créer des émulateurs d'appareils virtuels facilitant la ré-utilisation de précédentes

1. Conception logicielle permettant le couplage d'un programme à différentes bibliothèques logicielles.

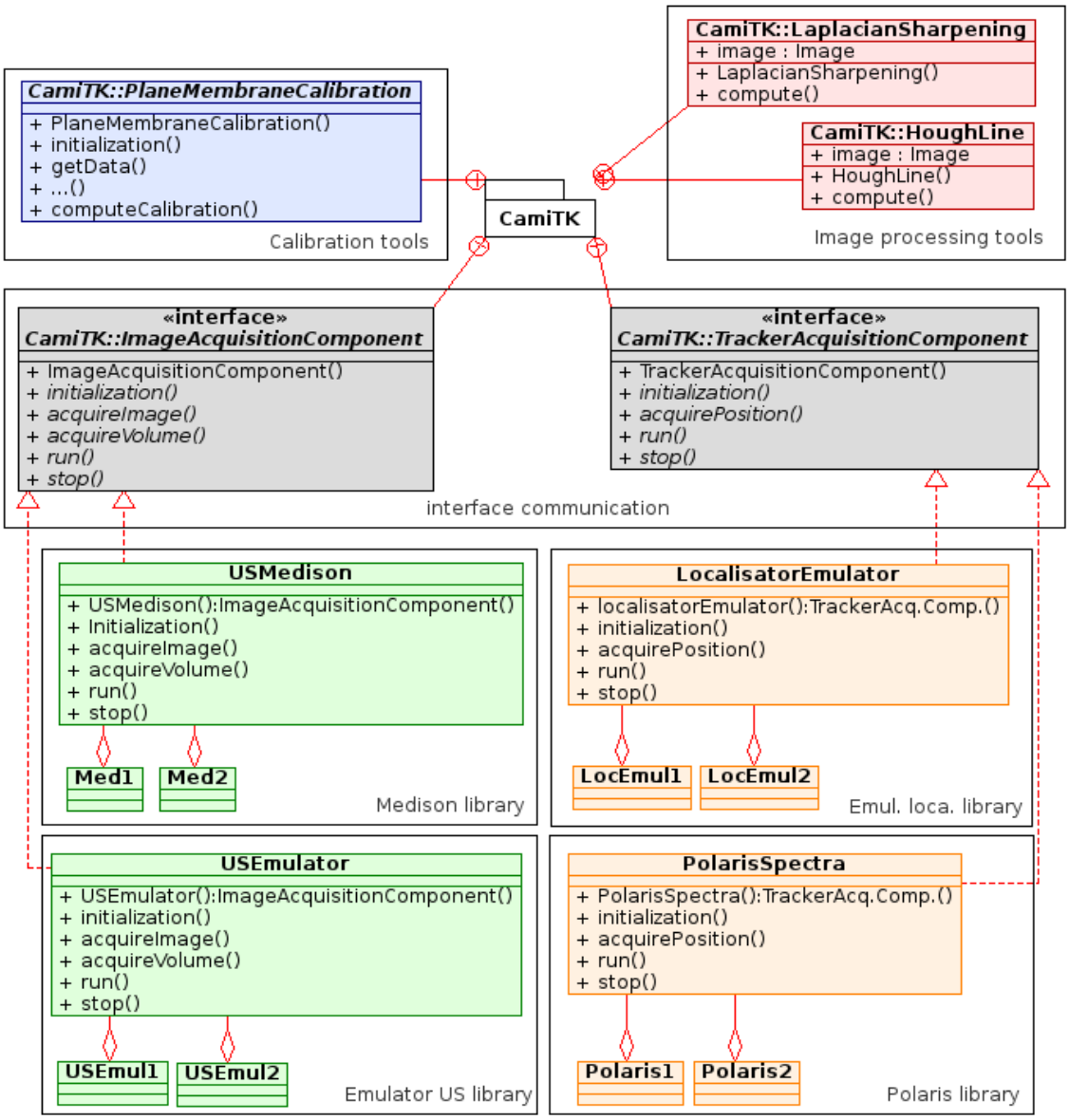


Figure 5.5 – UML simplifié décrivant la structure logicielle du calibrage plan

Il est important de noter l'indépendance des bibliothèques Medison, Polaris et des émulateurs vis à vis de la bilbiothèque CamiTK. La détection automatique des bibliothèques nous permet une grande modularité. Il est ainsi possible d'utiliser les algorithmes développés dans le framework CamiTK [Promayon et al. 2013] avec n'importe quel type d'imageurs et/ou de localisateurs sans toutefois avoir nécessairement compilé toutes les bibliothèques. Par soucis de visibilité, les classes notées "Med1", "Med2", "Polaris1", ... représentent les bibliothèques logicielles fournies avec les appareils. Les implémentations des interfaces dans les bibliothèques de chaque appareil permettent de lier CamiTK et ses algorithmes au bibliothèques constructeurs.

acquisitions par l'intermédiaire de fichiers afin de générer de nouveaux des résultats. Ces émulateurs sont intéressants dans le cas où des algorithmes plus précis ou robustes sont développés. Cela permet d'utiliser d'anciens jeux d'acquisitions. Enfin, un autre avantage est la flexibilité de ce code permettant son utilisation pour d'autres algorithmes.

Un calibrage sonde (image-indépendant)

Un inconvénient de la méthode est l'utilisation du repère des volumes échographiques dans l'algorithme de calibrage et dans le calcul de la détection du plan dans les images ($T_{\Re Vol2\Re Son}$). La création de ce repère est dépendante des paramètres d'acquisitions donnés à la sonde et dépend du calibrage intrinsèque de celle-ci. À titre d'exemple, nous pouvons donner la profondeur d'acquisition ou l'angle d'acquisition. Ainsi le repère change de position par rapport à la sonde dès qu'un paramètre est modifié. Un changement de profondeur influençant la position du repère est illustré en figure 5.7 (a). Les mêmes paramètres de sonde doivent donc obligatoirement être conservés pour toutes les acquisitions faites pendant et après un calibrage sinon celui-ci est obsolète et les volumes échographiques ne pourront plus être localisés dans un même référentiel. L'utilisation d'un tel calibrage est par conséquent limitant dans le cadre d'une utilisation clinique où il peut être nécessaire de changer des paramètres afin de mieux visualiser une zone d'intérêt.

Afin d'éviter cet effet de bord, nous nous sommes directement basés sur la géométrie des sondes endocavitaires utilisées lors de nos expérimentations. Une sonde endocavitaire est composée d'éléments piézo-électriques positionnés sur un arc de cercle permettant l'acquisition d'images de coupes 2D dites axiales. Lors d'acquisitions 3D, cet arc est pivoté sur un axe moteur et selon un angle choisi permettant alors l'acquisition de multiples coupes axiales 2D qui, interpolées entre elles, donnent un volume 3D. De plus, une acquisition volumique est toujours centrée sur le bout de sonde. Avec l'ensemble de ces données, il est alors possible de calculer un centre virtuel unique situé aux environs de l'intersection des deux coupes 2D réalisés aux extrémités de l'acquisition 3D et du plan axial central du volume échographique comme le montre la figure 5.6 et la figure 5.7. Ce calcul peut être fait à l'aide de méthodes de traitement d'images simples. Nous appelons le référentiel $\Re_{Inv}$, le repère mathématique positionné sur ce centre invariant de sonde.

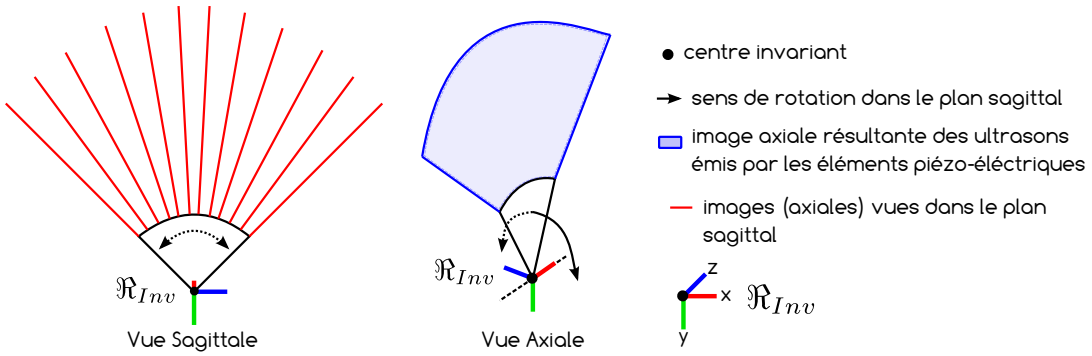


Figure 5.6 – Création de $\Re_{Inv}$ via le centre invariant de sonde pour un calibrage sonde.

Ce référentiel, invariant quelque soit les paramètres de sonde, peut être utilisé comme

repère géométrique afin de pallier aux verrous décrits ci-avant. Ce repère peut être obtenu directement à partir des données constructeur. Cela permet de déterminer, plus précisément qu'avec un traitement d'images, la position de ce centre par rapport à la construction des volumes échographiques.

Avec cette modification, le calibrage consiste maintenant à calculer une matrice de transformation homogène permettant le passage du référentiel $\Re_{Inv}$ de la sonde au référentiel $\Re_{Son}$ (défini comme le corps rigide fixé sur la sonde) : $T_{\Re Inv2\Re Son}$. Pour exprimer les segmentations faites dans le repère du volume échographique dans le repère invariant de la sonde puis dans le repère du localisateur, l'équation 5.1 devient :

$$P_{\Re Loc} = T_{\Re Son2\Re Loc}.T_{\Re Inv2\Re Son}.T_{\Re Vol2\Re Inv}.P_{\Re Vol} \tag{5.2}$$

où $T_{\Re Vol2\Re Inv}$ permet de passer du repère de volume échographique au repère invariant de la sonde grâce aux données constructeur de la sonde ou à un traitement d'image.

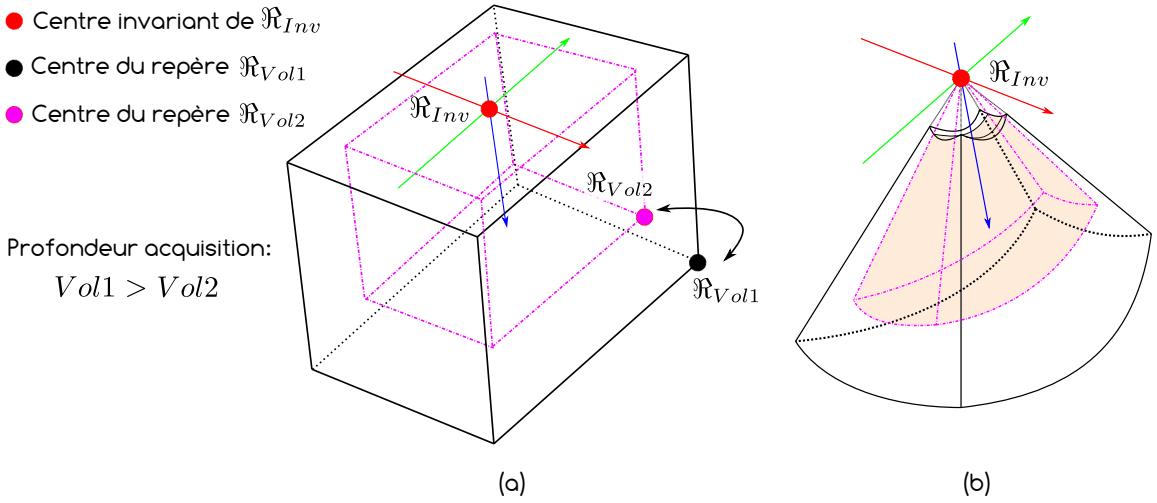


Figure 5.7 – Schémas de volumes échographiques acquis avec différents paramètres de profondeurs et d'angles.
(a) représente les deux volumes obtenus dans leur repère intrinsèque respectif $\Re_{Vol1}$ et $\Re_{Vol2}$. (b) décrit les volumes échographiques dans le repère du centre de sonde (ici invariant). On observe qu'à différentes profondeurs les repères mathématiques usuels, c'est à dire ceux des volumes échographiques $\Re_{Vol1}$ et $\Re_{Vol2}$, sont différents tandis qu'un seul repère au niveau du centre invariant de sonde $\Re_{Inv}$ est obtenu pour les deux volumes.

2.2.4 Expérimentations et Résultats

Pour illustrer les améliorations appliquées à l'algorithme de calibrage, nous avons appliqué la méthode avec un échographe Voluson 730pro (General Electrics, Fairfield, Connecticut, États-Unis) et un localisateur optique NDI Polaris (NDI, Waterloo, Ontario). Pour tester les différentes améliorations apportées à l'algorithme, nous avons acquis un jeu de douze volumes avec les mêmes paramètres de sonde et les transformations issues du localisateur associées. Ensuite, nous avons acquis trois volumes échographiques de profondeur

différentes et interchangé ceux-ci avec trois volumes du premier jeu de données. Pour la suite des résultats, nous définissons les jeux de données de la façon suivante :

- **Plan-Set1 :** ce jeu de données désigne un calibrage suivant le protocole décrit en 2.2.2. Ce calibrage est basé sur des volumes échographiques où la profondeur ne change pas (profondeur de 8.9 cm). La matrice déterminée par l'algorithme permet de lier mathématiquement le repère du volume échographique au repère du corps rigide fixé sur la sonde. Après ce calibrage, seules des acquisitions avec les mêmes paramètres utilisés pendant le calibrage seront manipulables.
- **Plan-Set2 :** il s'agit du même jeu de données que Plan-Set1 mais le calibrage est réalisé sur le centre de sonde. Le calibrage permet de calculer la matrice liant le repère symbolisant le centre de sonde au repère du corps rigide fixé sur la sonde. Avec ce calibrage, des volumes ayant des paramètres d'acquisitions différents pourront être utilisés.
- **Plan-Set3 :** ce dernier jeu de données effectue un calibrage avec des volumes échographiques de différentes profondeur. Dans ce jeu données, neuf volumes ont été acquis avec une profondeur de 8.9 cm, puis trois volumes avec des profondeurs de 6.5 cm, 7.7 cm et 10.1 cm respectivement. Le calibrage permet de calculer la matrice liant le repère symbolisant le centre de sonde au repère du corps rigide fixé sur la sonde. L'acquisition de volumes échographiques avec des paramètres différents pourront être utilisés.

Pour se comparer aux méthodes existantes, nous avons repris les métriques calculées par [Baumann *et al.* 2008] et celles trouvées dans la littérature.

Re-projection du plan

Une première erreur consiste à calculer la distance des lignes obtenues par le traitement d'images pour chaque volume puis exprimées dans $\Re_{Plan}$ avec l'équation du plan obtenu préalablement au calibrage. Des erreurs RMS en termes de distances et de rotations sont calculées et présentées dans le tableau 5.1. L'erreur en distance est calculée en discrétisant, pour chacun des douze volumes, les lignes obtenues dans le plan axial et dans le plan sagittal en dix points respectivement. Une erreur sur 240 points est donc calculée. Ces points sont d'abord exprimés dans $\Re_{Plan}$:

$$P_{\Re Plan} = T_{\Re Loc2\Re Plan}.T_{\Re Son2\Re Loc}.T_{\Re Vol2\Re Son}.P_{\Re Vol}$$

où $P_{\Re Plan}$ désigne un point issu de la discrétisation des segments et projeté dans le repère $\Re_{Plan}$. Dans le cas où nous calibrons via le centre de sonde, ce calcul devient :

$$P_{\Re Plan} = T_{\Re Loc2\Re Plan}.T_{\Re Son2\Re Loc}.T_{\Re Inv2\Re Son}.T_{\Re Vol2\Re Inv}.P_{\Re Vol}$$

À partir de ces points, l'erreur définissant la distance du point au plan se calcule par :

$$d(P_{\Re Plan}, Proj(P_{\Re Plan})_{Plan}) = \frac{ax + by + cz + d}{\sqrt{a^2 + b^2 + c^2}}$$

où a, b, c, d désigne les coefficients du plan d'équation connu et x, y, z sont les coordonnées du points projeté dans le repère plan $\Re_{Plan}$.

Pour calculer une erreur de rotation, le produit vectoriel des lignes axiales et sagittales exprimées dans $\Re_{Plan}$ est calculé pour obtenir la normale du plan pour chaque volume échographique acquis. L'angle entre le plan d'équation connue et le plan issu de la segmentation est alors calculé :

$$(P) : ax + by + cz + d = 0$$

$$(P') : a'x + b'y + c'z + d' = 0$$

où P et P' sont respectivement le plan d'équation connue dans le repère $\Re_{Plan}$ et le plan calculé par la segmentation et projeté dans le repère $\Re_{Plan}$. Le calcul de l'angle se traduit par :

$$|cos(\vec{n}_{\Re Plan}, \vec{n}'_{\Re Plan})| = \frac{|aa' + bb' + cc'|}{\sqrt{a^2 + b^2 + c^2}.\sqrt{a'^2 + b'^2 + c'^2}}$$

Erreurs	Rotation (^{o})		Distance (mm)	
	RMS	Max	RMS	Max
Plan-Set1	0.35	1.11	0.70	1.90
Plan-Set2	0.39	1.27	0.67	1.85
Plan-Set3	0.37	0.77	0.70	1.69

Table 5.1 – Erreurs de calibrage calculées à partir de la re-projection du plan détecté dans 12 volumes échographiques dans le repère $\Re_{Plan}$ pour 3 calibrages.

Au travers des résultats présentés dans le tableau 5.1, nous constatons que l'erreur de re-projection après l'étape de calibrage reste quasi-identique que ce soit pour un calibrage effectué avec le repère de l'image ou calculé avec le repère du centre de sonde montrant la robustesse de la méthode. Les différences de résultats sont essentiellement dues à l'ajustement manuel fait sur la segmentation du plan dans les volumes via la transformée de Hough.

Projection de cibles dans un volume de référence

Pour calculer cette métrique, nous avons fixé trois billes FIMO [2] (Nuremberg, Allemagne) sur un support (voir figure 5.8) déposé dans un bac d'eau Nous avons acquis cinq volumes échographiques de ce support. Le test consiste à segmenter l'ensemble des billes et les exprimer dans le repère du localisateur $\Re_{Loc}$ après l'étape de calibrage. Une même bille, notée B_i, segmentée dans deux volumes différents, noté V_i, devrait être à la même position dans $\Re_{Loc}$ pour un calibrage parfait. Deux des cinq volumes acquis ont une profondeur de 6.5 cm. Les trois autres volumes ont une profondeur de 8.9 cm coïncidant avec la profondeur des volumes acquis dans le jeu de données Plan-Set1. Les erreurs présentées dans le tableau 5.2 montrent l'ensemble des erreurs calculées à l'aide de trois billes sur trois ou cinq volumes échographiques. Pour l'ensemble des billes exprimées dans $\Re_{Loc}$, une erreur en distance est calculée entre les segmentations d'une même bille dans les différents volumes. Pour le jeu de données Plan-Set1, seuls les trois volumes correspondants à la même profondeur d'acquisition sont utilisés pour le calcul de l'erreur. Au final, le nombre de valeurs utilisés pour le calcul consiste à un tirage avec permutation sans répétition. Pour trois volumes avec

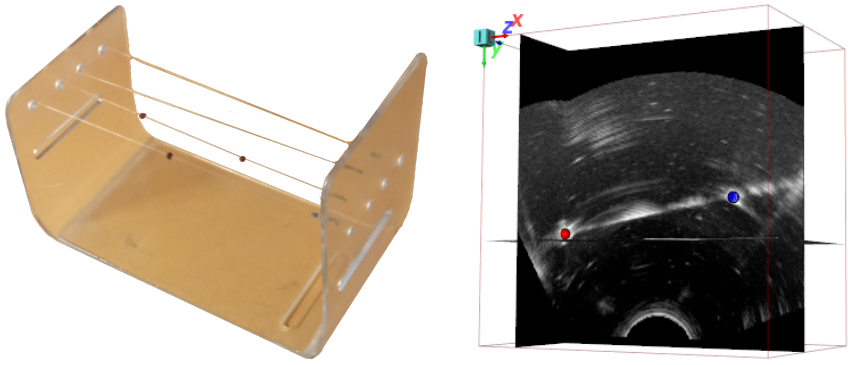
2. pâte à modeler fabriquée à partir de PVC.

trois billes, cela correspond à un ensemble de neuf valeurs. Avec cinq volumes,un total de 45 erreurs peut être calculé.

Erreurs distance	RMS (mm)	Maximum (mm)	Nombre de valeurs
Plan-Set1	1.47	1.92	9
Plan-Set2	1.67	2.43	45
Plan-Set3	1.69	2.50	45

Table 5.2 – Erreurs de calibrage calculées à partir de la projection de billes dans le repère $\Re_{Loc}$ pour trois calibrages.

Au final, les résultats ne montrent pas de différence importante entre les types de calibrage. Le peu de données empêche de montrer statistiquement une différence entre les séries. La tendance montre simplement qu'un calibrage fait sur le centre de sonde à l'aide de volumes de mêmes profondeurs semble produire une erreur plus petite lors de son utilisation avec des volumes post-calibrage. Il est à noter qu'à ces valeurs s'ajoutent une erreur de segmentation induite par la qualité des ultrasons et une erreur de segmentation manuelle faite par l'opérateur, voir figure 5.8.



(a) (b)

Figure 5.8 – Évaluation du calibrage plan via la segmentation de billes FIMO.
(a) représente le dispositif utilisé pour placer les billes (diamètre 3 mm) dans le bassin de calibrage. (b) montre une segmentation dans un volume échographique.

2.2.5 Discussion

Nous venons de montrer une méthode de calibrage de sondes échographiques, issue de la littérature, basée sur la localisation à la fois d'une sonde et d'un bac de calibrage contenant un plan d'équation connue. Au travers des premiers résultats obtenus, nous observons que cette méthode donne de très bons résultats en termes de robustesse et de précision. Afin de rendre cette méthode plus appropriée à nos besoins, nous avons ajouté une brique logicielle permettant de calculer un repère virtuel fixe. Ce repère nous permet d'être indépendant de certains paramètres de sonde tels que la profondeur. Nous avons également développé

cette méthode de sorte qu'elle s'adapte facilement à tout nouvel outil de localisation et/ou d'imagerie.

Cette méthode possède toutefois les désavantages de devoir utiliser des équipements externes encombrants. En effet, il est nécessaire d'utiliser un bac de calibrage rempli d'eau. Un localisateur et un corps rigide fixé sur la sonde sont également requis. Dans le cas de localisateurs optiques, des problèmes de zones aveugles dans l'espace de travail peuvent contraindre le geste du clinicien. De plus, le corps rigide fixé sur la sonde ne doit pas bouger tout au long du calibrage et de l'acte suivant celui-ci. Tout choc avec le corps rigide pourrait modifier la position et/ou l'orientation rendant obsolète le calibrage. L'ensemble de ces avantages et inconvénients sont résumés sous forme d'un diagramme en radar, figure 5.9. Pour chaque item du radar, une note qualitative allant de 1 à 5 est donnée (1 : Inadapté, 2 : Encourageant, 3 : Assez Bien, 4 : Bien, 5 : Parfait) et transcrite dans le diagramme (1 : centre, 5 : Extrémité).

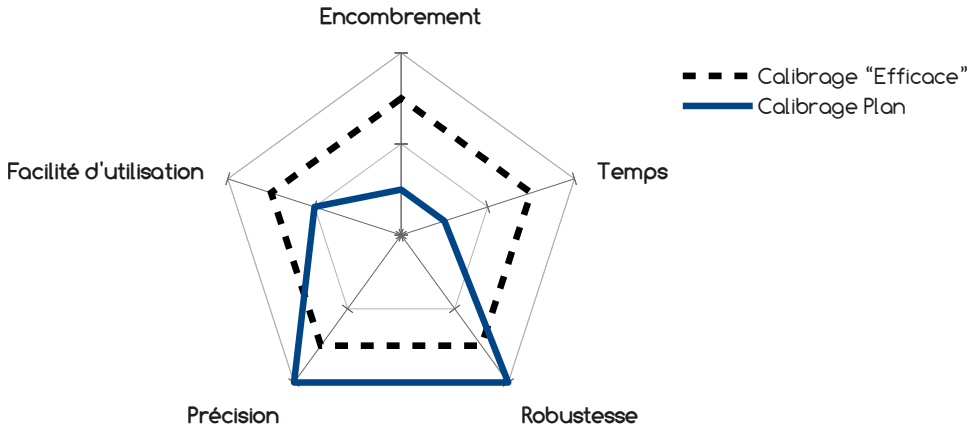


Figure 5.9 – Évaluation du calibrage plan selon les spécificités recherchées.
La légende calibrage "efficace" désigne un calibrage quasi-parfait alliant à la fois toutes les spécificités recherchées dans des critères d'exigences élevés. Dans ce diagramme, plus une extrémité est excentrée, plus le résultat est satisfaisant. Par conséquent plus la surface est grande, plus la méthode est efficace.

2.3 Méthode 2 : Calibrage à l'aide d'un robot porte-sonde

2.3.1 Introduction

Dans le cadre du projet ANR PROSBOT dans lequel s'inscrit cette thèse, mentionné dans le chapitre introductif, les acquisitions d'images écho-localisées dans de véritables conditions cliniques se sont faites lors de l'étude d'un robot porte-sonde aidant le geste du clinicien lors de biopsies de prostate. L'utilisation de la méthode du bac de calibrage n'était donc pas envisageable posant à la fois des **problèmes d'encombrement**, des **problèmes de sécurité** et des **problèmes logistiques** pour la manipulation d'un robot à côté d'une importante quantité d'eau. L'utilisation au jour le jour d'une telle méthode est donc peu envisageable. D'un point de vue clinique, l'utilisation de ce bac entraîne également un

risque sanitaire en cas de fuite du bassin dans la salle d'examen ou encore sur les ustensiles stérilisés.

Partant de ce postulat, nous nous sommes penchés sur le développement d'une méthode minimisant ces facteurs de risque. Nous avons donc développé une méthode de calibrage basée sur le recalage rigide d'images échographiques d'un fantôme couplé à des positions de sondes données par le modèle cinématique d'un robot porte-sonde. Ainsi, seuls les outils déjà existants dans la salle d'examen de l'urologue lors de biopsies de prostate sont utilisés à l'exception du fantôme de calibrage. Ce dernier, contrairement au bac d'eau, réduit les risques cités ci-dessus de par sa taille et sa composition. Nous éliminons également l'utilisation du localisateur 3D ainsi que des corps rigides permettant la localisation des outils.

Dans les sections suivantes, nous amenons, dans un premier temps, des éléments de compréhension de la méthode. Nous présentons, ensuite, une évaluation de sa robustesse. Cette étude est faite au travers de deux expérimentations visant à montrer l'impact du bruit de segmentation dans l'obtention de l'erreur de calibrage et l'impact des bruits de mesures induits par le comportement du robot porte sonde d'une part et par la qualité de la méthode de recalage de volumes échographiques d'autre part. Nous donnons, dans un dernier temps, les premières expérimentations de la méthode en conditions réelles.

2.3.2 La méthode

Généralités

Pour réaliser le calibrage d'une sonde 3D échographique tenue par un robot porte sonde, nous avons utilisé et adapté une méthode de calibrage dite "Main-Œil" issue de la littérature [Zhao 2011, Daniilidis 1999]. Le principe du calibrage Main-Œil est de trouver une transformation homogène reliant un outil d'acquisition (par exemple une caméra) tenu rigidement par un système permettant sa localisation (robot, localisateur ...). Initialement, le calibrage Main-Œil a été développé pour l'automatisation de tâches robotiques comme l'assemblage de pièces détachées. Relier mathématiquement la caméra à l'espace du robot permet de connaître exactement la position des objets vus dans l'espace caméra dans l'espace du robot et cela pour n'importe quelle position de caméra et de robot : on parle de "calibrage extrinsèque" de la caméra. Les premiers à formuler ce problème sont Tsai et Lenz [Tsai & Lenz 1989] ainsi que Shiu et Ahmad [Shiu & Ahmad 1989] de la manière suivante :

$$AX = XB \tag{5.3}$$

où X est une matrice géométrique (4x4, décrivant les déplacements et rotations) à déterminer et A et B sont des transformations rigides données respectivement par deux positions successives de l'outil d'acquisition et du système de suivi tel que :

$$A = A_2 A_1^{-1} \qquad et \qquad B = B_2^{-1} B_1 \tag{5.4}$$

où A_1 et A_2 sont des transformations permettant de passer du référentiel du robot au référentiel représentant la partie qui tient la caméra. B_1 et B_2 permettent, quant à elles, de passer du référentiel de la caméra au référentiel de l'objet vu dans l'image de cette caméra. Par la suite, nous utiliserons la notation A_i et B_i pour désigner des transformations

obtenues à la position i du système (outil d'acquisition + système de suivi). Dans notre cas, cela permet de suivre, grâce aux positions d'un robot, les positions de la sonde fixée sur ses effecteurs et donc des images échographiques produites par la sonde. On peut également faire du suivi de cibles dans les images puisque nous pouvons les repérer dans un repère de référence.

On trouve dans la littérature une grande quantité de publications traitant de ce sujet, à la fois pour la résolution du problème et des possibles améliorations faites en termes de précision ou encore de vitesse par l'optimisation des calculs. Pour de plus amples informations, il est possible de se référer à ce site internet [3] listant des publications sur le calibrage Main-Œil et les différents algorithmes utilisés. On pourra se référer également aux publications [Tsai & Lenz 1989, Shiu & Ahmad 1989, Horaud & Dornaika 1995, Daniilidis 1999] qui sont un bon point d'entrée pour la compréhension des principes de bases et des premières applications de ce type de calibrage.

Remplacement du système de localisation 3D

Les méthodes de calibrage Main-Œil de sondes échographiques trouvées dans la littérature utilisent principalement des localisateurs optiques ou magnétiques pour obtenir les positions de la sonde et la position du fantôme quand il est localisable [Bergmeir *et al.* 2009]. Dans les cas où le fantôme n'est pas localisable, un outil de recalage d'images est nécessaire [Bergmeir *et al.* 2009, Schlosser *et al.* 2013]. Comme nous l'avons dit dans l'introduction de cette section, l'utilisation des systèmes de localisation est un réel frein dans notre contexte de biopsie de la prostate. Pour s'affranchir de cet outil de localisation, nous avons utilisé **le modèle cinématique d'un robot porte sonde** d'une part, **une méthode de recalage volumique écho-écho 3D** d'autre part, ainsi qu'un fantôme spécifiquement créé pour ce calibrage. Une schématisation du système est présentée en figure 5.10.

Plus précisément, le modèle cinématique du robot est utilisé afin de remplacer le localisateur 3D et le corps rigide fixé sur la sonde pour l'obtention des matrices B_i. Pour cela, la sonde est rigidement fixée sur l'effecteur du robot. À chaque acquisition, le modèle cinématique nous permet de récupérer une position de l'effecteur (rotations et translations), par rapport à sa base. Par analogie, cela correspond à la récupération de la position du corps rigide fixé sur la sonde dans le repère du localisateur.

Comme certaines expérimentations trouvées dans la littérature [Bergmeir *et al.* 2009], une méthode de recalage de volumes échographiques est utilisée pour projeter toute nouvelle acquisition dans un même repère. Dans notre contexte, cette méthode nous permet de trouver les matrices A_i représentant le recalage entre un volume référence et les différentes acquisitions 3D. L'algorithme utilisé est fourni par l'Urostation (Koelis, La Tronche, France) et est le même utilisé pendant les biopsies de prostate. Une étude de cet algorithme a été réalisée par le passé et montre une précision de recalage élastique de 0.8 mm [Baumann *et al.* 2012]. Il est à noter que lors de l'étape de calibrage, nous utilisons l'étape de recalage rigide, et non élastique, donné par l'Urostation. Le soin pris lors des acquisitions pour la non-déformation du fantôme et la qualité du recalage rigide nous permet d'être dans le même ordre de grandeur.

3. http ://campar.in.tum.de/Chair/HandEyeCalibration

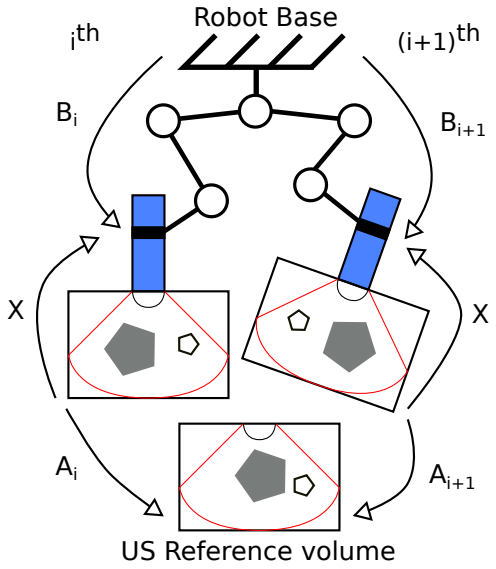


Figure 5.10 – Schéma d'une méthode de calibrage Main-Œil adaptée à un robot porte sonde. *Étant données différentes transformations rigides (B_i, B_{i+1}, etc) exprimant les positions du bras d'un robot porte-sonde dans le repère fixe du robot et les résultats de recalages échographiques (A_i, A_{i+1}, etc) donnés par l'Urostation entre un nouveau volume acquis et une référence, il est possible d'obtenir une matrice de calibrage X permettant d'exprimer les coordonnées du référentiel du volume échographique dans le référentiel robot et vice versa.*

Enfin, nous utilisons un fantôme fait de PVC (PolyVinyl Chloride) [Hungr *et al.* 2012] créé par nos soins pour réaliser les acquisitions nécessaires à notre calibrage, Fig.5.11. Sa taille est de 16 cm x 12 cm x 9 cm. Ce fantôme est composé d'une prostate (elle-même faite en PVC) moulée à partir de la segmentation d'images IRM d'un patient. Celle-ci est utilisée pour réaliser l'étape de recalage écho 3D-écho 3D fourni par l'Urostation. Cette prostate contient une série de billes ayant un diamètre inférieur à 2 mm faites en verre ou en pâte FIMO. Ces billes permettent le calcul d'une erreur de calibrage comme nous l'expliquons dans le paragraphe suivant. Le PVC utilisé à la fabrication du fantôme est de nature rigide afin d'éviter des déformations lors des acquisitions.

Mesure de l'erreur de calibrage

Afin de mesurer une erreur à la fin du processus de calibrage, nous utilisons les propriétés du fantôme en PVC. Les billes contenues dans ce fantôme sont segmentées manuellement dans chacun des volumes échographiques. Celles-ci sont ensuite projetées dans le repère mathématique du robot grâce aux matrices B_i obtenues lors des acquisitions ainsi que la matrice X issue de la résolution de l'équation 5.3. Dans le cas d'un calibrage parfait, une même bille segmentée dans deux volumes échographiques différents d'un objet non déformé doit se retrouver aux mêmes coordonnées dans le repère de base du robot. Pour évaluer la précision du calibrage, nous mesurons, tout d'abord, la dispersion d'une même bille segmentée dans plusieurs volumes dans le repère du robot. Une erreur quadratique moyenne de dispersion ($\varepsilon_{RMS-Disp}$) est calculée. Pour calculer cette erreur, nous exprimons

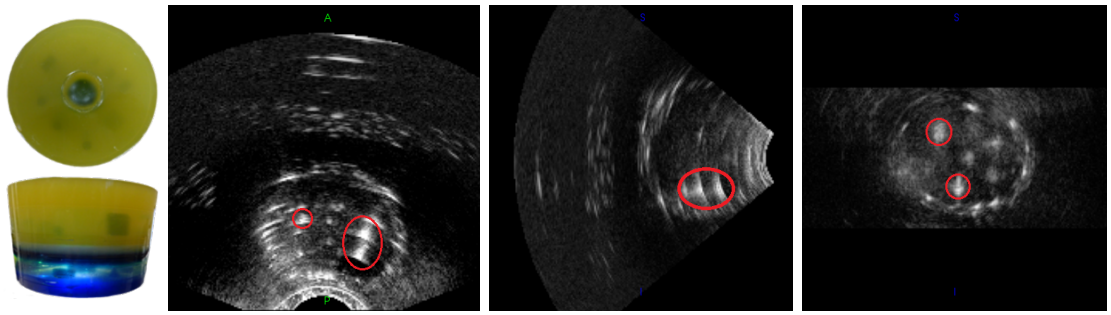


Figure 5.11 – Échographie d'un fantôme de calibrage réalisé au TIMC-IMAG. *Respectivement, de droite à gauche, on retrouve une photo, une coupe axiale, une coupe sagittale et une coupe coronale du fantôme de calibrage en PVC. Ce dernier est composé d'un fantôme de prostate en PVC parsemé de billes en verres d'un diamètre de 1 mm. À titre d'exemple, quelques billes sont encerclées en rouge.*

la position estimée $\hat{P}^j_{i\,us}$, position de la j^{ieme} bille segmentée manuellement dans le repère du volume échographique i, pour une position de bras du robot donné dans le référentiel fixe du robot à l'aide de la transformation homogène B_i et de la matrice de calibrage X calculée par :

$$\hat{P}^j_{i\,rob} = B_i.X^{-1}.\hat{P}^j_{i\,us} \tag{5.5}$$

où $\hat{P}^j_{i\,rob}$ représente la position segmentée manuellement (donc estimée) de la j^{ieme} bille dans le i^{ieme} volume échographique et transformée dans le repère du robot.

A priori, nous ne connaissons pas la position exacte de chaque bille dans le fantôme. L'erreur $\varepsilon_{RMS-Disp}$ est donc calculée comme la distance de chaque bille segmentée de chaque volume avec la position moyenne dans le repère robot :

$$\varepsilon_{RMS-Disp} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{m}(Q^j_{\,rob} - \hat{P}^j_{i\,rob})^2}{n.m}} \tag{5.6}$$

où $Q^j_{\,rob} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\hat{P}^j_{i\,rob}$ est la position moyenne de la j^{ieme} bille dans le système de coordonnées du robot. $\hat{P}^j_{i\,rob}$ représente la position segmentée manuellement (donc estimée) de la j^{ieme} bille dans le i^{ieme} volume échographique et transformée dans le repère du robot.

Une seconde mesure, calculée quand cela est possible, consiste à utiliser la segmentation de billes issues de volumes indépendants du calibrage. Pour cela, une erreur, appelée erreur indépendante ($\varepsilon_{RMS-Idpt}$) est calculée comme la distance entre chaque bille segmentée dans un volume non-utilisé pour le calibrage avec la bille correspondante dans chaque volume utilisé pour le calibrage. L'erreur est également une erreur RMS et se traduit mathématiquement par :

$$\varepsilon_{RMS-Idpt} = \sqrt{\frac{\sum_{k=1}^{g}\sum_{i=1,i\neq g}^{n}\sum_{j=1}^{m}(I^j_{gR} - \hat{P}^j_{iR})^2}{n.m}} \tag{5.7}$$

où I^j_{gR} correspond à la position segmentée manuellement de la j^{ieme} bille dans le volume g, n'appartenant pas aux volumes utilisés lors du calibrage.

Génération de données virtuelles

Pour étudier les performances de la méthode de calibrage, une bibliothèque C++ de génération de jeux de données virtuels a été créée et intégrée à la solution logicielle CamiTK. L'intérêt de cet outil est de pouvoir fournir une grande quantité de données simulant la réalité en termes de rotations, translations et de bruits afin d'analyser précisément notre méthode de calibrage. Pour cela nous exprimons deux repères orthonormés $\Re_{us}$ et $\Re_{rob}$ symbolisant respectivement le repère référence des volumes échographiques et le repère de la base du robot. Nous générons également une forme, constituée de deux repère orthonormés $\Re_{Aref}$ et $\Re_{Bref}$, connus dans $\Re_{rob}$, représentant l'objet à calibrer. Dans notre cas il s'agit donc d'un cylindre mimant la sonde tenue par le robot où $\Re_{Aref}$ modélise le repère du volume échographique à chaque acquisition et $\Re_{Bref}$ modélise le repère du bout du bras du robot donné par le modèle cinématique et cela pour chaque acquisition. La transformation permettant de passer du repère $\Re_{Bref}$ au repère $\Re_{Aref}$ est égale à la matrice de calibrage X. X est donc connue. Un schéma du modèle est présenté en figure 5.12.

Les matrices A_i et B_i sont générées aléatoirement à partir de la définition de la forme et des repères de référence. Chaque nouvelle acquisition consiste donc à calculer les matrices suivantes :

$$B_i = T_{\Re Bref2\Re Bi}.T_{\Re rob2\Re Bref} \tag{5.8}$$

où $T_{\Re robot2\Re Bref}$ est égale à la matrice générée initialement entre le repère du robot et celui de l'extrémité de la forme symbolisant le bout du bras du robot et $T_{\Re Bref2\Re Bi}$ la transformation entre l'extrémité de la forme et la position générée aléatoirement.

$$A_i = T_{\Re rob2\Re us}.B_i^{-1}.X^{-1} = T_{\Re Ai2\Re us} \tag{5.9}$$

où $T_{\Re rob2\Re us}$ est la transformation de l'espace du robot vers celui du volume échographique donné initialement. $T_{\Re Ai2\Re us}$ symbolise, finalement, la transformation réalisée lors du recalage de volumes échographiques. Pour un ensemble n d'acquisitions simulées, n matrices A et n matrices B sont générées et le résultat de l'algorithme de calibrage, dans le cas parfait, est la matrice X donnée en entrée de notre outil de génération. Un schéma récapitulatif est donné en figure 5.12.

Enfin, pour calculer une erreur de calibrage de manière similaire aux conditions réelles, neuf points virtuels ont été ajoutés dans le repère $\Re_{us}$. Ces points représentent les extrémités d'un cube et son centroïde de même grandeur qu'un volume échographique. Cela permet de simuler la segmentation des billes faite en conditions réelles.

Cet outil nous permet également de générer des jeux de données bruités en ajoutant un bruit gaussien variable choisi par l'utilisateur. Ce bruit est ajouté aux matrices A_i et B_i pour simuler le bruit généré par les instruments d'acquisitions. Il est également ajouté sur la position des points virtuels modélisant les billes pour reproduire l'erreur due à la segmentation manuelle. Pour ajouter un bruit dans les matrices de transformations, nous décomposons la matrice en une matrice de rotation et un vecteur de translation. Le bruit de translation est ajouté par une addition sur chaque composante (x, y, z) d'un Δ donné par la loi gaussienne. Le bruit de rotation est ajouté sur chacun des axes de rotation (x, y, z) :

$$Rot3\text{x}3 = Rot(X, \Delta_x).Rot(Y, \Delta_y).Rot(Z, \Delta_z) \tag{5.10}$$

où le triplet $(\Delta_x, \Delta_y, \Delta_z)$, exprimé en radians, est donné par la multiplication d'un triplet unitaire et d'un scalaire aléatoire tiré de la loi gaussienne. Le résultat de l'algorithme de calibrage donnera une matrice $\widetilde{X}$ s'approchant plus ou moins de la matrice X donnée en entrée selon le bruit ajouté dans les données.

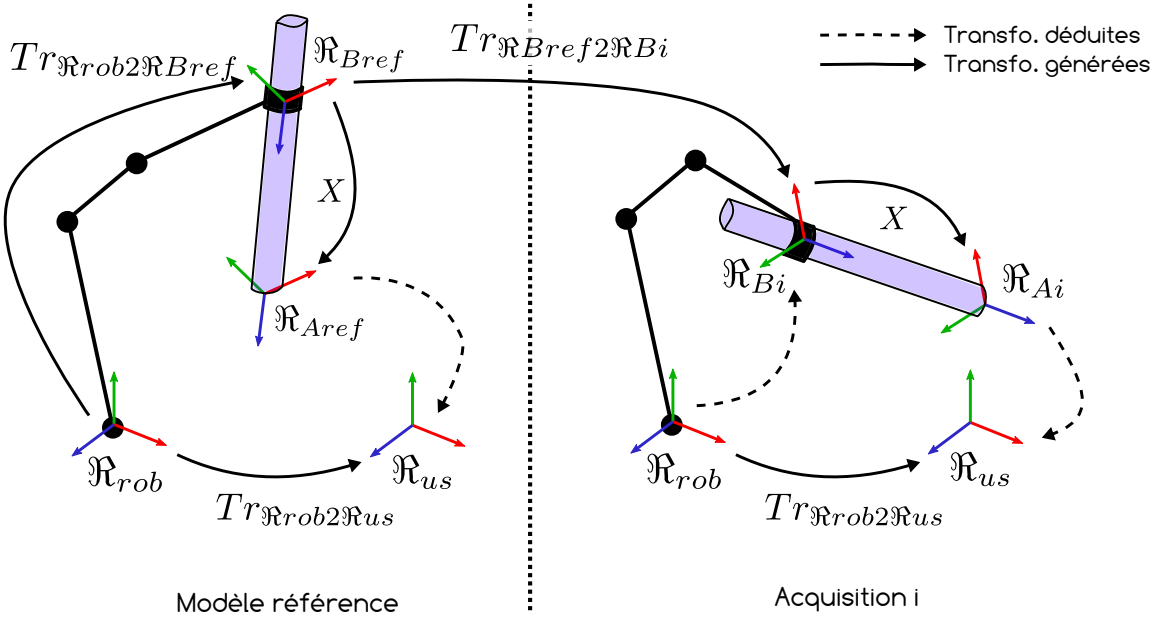


Figure 5.12 – Génération virtuelles de données de calibrage Main-Œil d'un robot porte-sonde.
Les traits pleins sont des transformations rigides générées aléatoirement via l'algorithme. Les traits pointillés sont des transformations rigides calculées suite à la génération des données.

2.3.3 Banc de tests : Essai de faisabilité

Dans une première approche, nous avons utilisé un localisateur optique NDI Polaris simulant le robot porte-sonde afin de tester cette méthode. Tous les mouvements de la sonde sont ainsi suivis par le localisateur. Un bras a été utilisé afin d'immobiliser la sonde pour simuler le blocage du bras du robot lors des acquisitions échographiques. Ce banc de test, présenté en figure 5.13, a pour premier objectif de valider la méthode de calibrage en amont des tests cliniques. Un deuxième objectif de ce banc de test est d'obtenir des jeux de test afin de comparer l'utilisation d'un robot porte-sonde en lieu et place d'un localisateur optique dans l'obtention de positions de sondes assez précises pour la création de simulations biomécaniques.

Expérimentations et résultats
Pour cette première expérience, nous avons acquis douze volumes échographiques et, par conséquent, douze positions dans le repère du localisateur à l'aide du corps rigide fixé sur la sonde. Le fantôme contenant des billes en verre a été utilisé, voir figure 5.11. Dans chacun des volumes, quatre billes on été segmentées. Le calibrage a été calculé à l'aide de douze

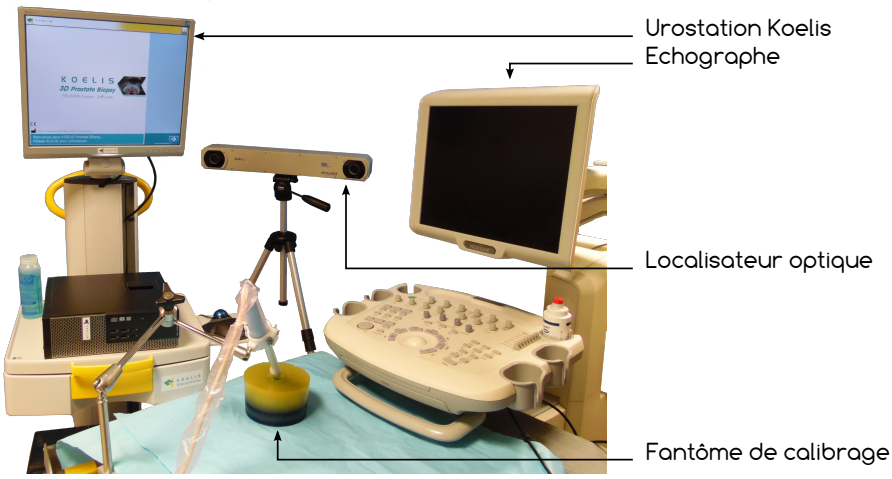


Figure 5.13 – Dispositif de calibrage utilisant un localisateur optique pour simuler le robot porte-sonde.

volumes et une erreur $\varepsilon_{RMS-Disp}$ de 2.7 mm a été obtenue. En retirant les volumes pouvant représenter des données aberrantes dues à une erreur de recalage, de localisation ou encore de segmentation, l'erreur de dispersion peut être réduite à 2.2 mm.

De cette première expérience, nous avons conclu que l'utilisation de billes en verre était à proscrire pour deux raisons majeures. Tout d'abord, les artefacts induits par les billes en verre provoquent une trop grande variabilité lors de la segmentation. Ensuite, ces artefacts ne permettent pas un recalage efficace car pour plusieurs acquisitions avec des positions de sondes différentes, les nuages provoqués la réflexion des billes en verre (illustrations en figure 5.11) sont déplacées et faussent l'algorithme de recalage. Faute de pouvoir acquérir un grand nombre de volumes utilisables, aucune erreur de billes issues de volumes indépendants $\varepsilon_{RMS-Idpt}$ n'a pu être calculée. La suppression des volumes donnant des résultats de segmentation aberrants permet de réduire $\varepsilon_{RMS-Disp}$ mais implique, en contrepartie, une plus grande sensibilité si l'on souhaite utiliser des volumes indépendants par la suite.

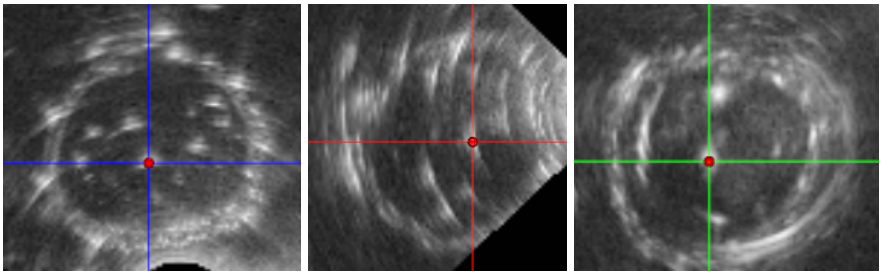
2.3.4 Tests de robustesse

Pour s'assurer de la robustesse de cette méthode, nous avons simulé des expériences en conditions normales et bruitées afin d'observer dans quelles mesures le calibrage que nous proposons est résistant aux erreurs issues de nos acquisitions. En effet, l'étude du système complet d'acquisition, suite à l'expérimentation expliquée dans la section 2.3.3, nous a permis de relever les sources d'erreurs potentielles suivantes :

- **la qualité du recalage :** de mauvais recalages peuvent induire de très grandes erreurs en faussant les calculs à cause du faible nombre d'acquisitions.
- **le qualité de segmentation :** la segmentation manuelle des billes dans le fantôme de calibrage induit une erreur non négligeable. Les images échographiques étant de qualité moyenne et les cibles de petites billes en verres ou en pâte FIMO, produisant des

artefacts lors des acquisitions volumiques, voir figure 5.11 et figure 5.14, leur segmentation est peu évidente et donne une erreur de l'ordre du voxel. Toutefois l'utilisation de billes en FIMO, semble donner de moins grands artefacts à l'échographie et donc peut potentiellement donner de meilleurs résultats.

- **le modèle du robot :** La connaissance de la position de l'outil fixé au bras du robot est imprécise du fait de son modèle cinématique et de ses paramètres mais aussi du fait d'éventuelles usures mécaniques et d'éventuelles contraintes physiques lors de son utilisation.



(a) (b) (c)

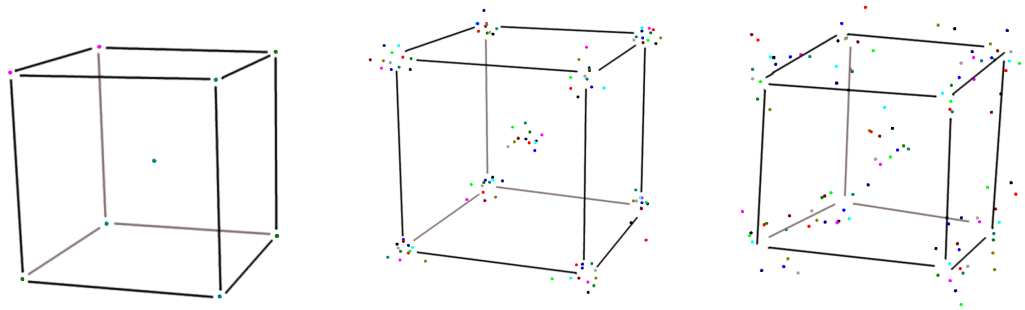
Figure 5.14 – Segmentation d'une bille en FIMO de 2mm de diamètre.
De gauche à droite, on observe la bille FIMO segmentée dans le plan axial (a) sagittal (b) et coronal (c). Les artefacts sont moins prononcés que pour les billes en verres de 1mm de diamètre.

Évaluation du bruit de segmentation

Dans un premier temps, l'erreur due à la segmentation manuelle des billes a été évaluée. L'étude de ce bruit de segmentation a été réalisée car ce sont ces segmentations qui permettent d'évaluer si le calibrage a été précis ou non. Le fait d'avoir une segmentation manuelle peut biaiser l'estimation de l'erreur du calibrage. Pour étudier cela, un bruit gaussien de moyenne nulle, donc centrée sur la bille, et d'écart-type allant de 0.1 mm à 1 mm a été ajouté à la position de chacune des billes. Une illustration de ce bruit est donné en figure 5.15. L'ajout de ce bruit nous permet de dégrader, au fur et à mesure qu'il est augmenté, la segmentation et, par conséquent, de voir dans quelle mesure l'erreur de calibrage est impactée.

Afin d'obtenir un nombre suffisant de données pour évaluer ce type d'erreur, nous avons généré 20 simulations de 21 acquisitions, soit 420 configurations, avec une gamme de translations de 0 cm à 10 cm et une gamme de rotations de 0 degrés à 70 degrés représentant approximativement l'espace de travail nécessaire lors d'une biopsie prostatique par abord transrectal à l'aide d'une sonde échographique endocavitaire. Les matrices A et B de ces données ont été générées sans aucun bruit (cf. section 2.3.2). Seuls les points virtuels ont été bruités. La figure 5.16 présente l'évolution des erreurs $\varepsilon_{RMS-Disp}$ et $\varepsilon_{RMS-Idpt}$ en fonction de l'intensité du bruit. Les courbes d'erreurs maximums (Max-Disp et Max-Idpt) sont également tracées.

Le graphique montre clairement que la qualité de la localisation des billes et donc la



(a) (b) (c)

Figure 5.15 – Simulation d'un bruit gaussien dans la localisation de billes virtuelles. *De gauche à droite, on retrouve le résultat de la projection de la segmentation de 9 billes dans 12 volumes d'un calibrage dans le repère virtuel du robot où un bruit gaussien a été ajouté successivement. Le jeu de données (a) est sans bruit, (b) a subi un bruit gaussien d'éart-type 0.5 mm centré en 0 et (c) a subi un bruit gaussien d'écart-type 1 mm également centré en 0.*

segmentation impacte le calibrage dans le calcul de $\varepsilon_{RMS-Disp}$ ou encore $\varepsilon_{RMS-Idpt}$ de manière linéaire. Très vite et cela même pour un calibrage réalisé avec un jeu de données parfait, l'erreur RMS finale peut atteindre 1 mm (bruit gaussien de 0.4 mm). Prenons comme exemple les résultats que nous avons trouvés lors des tests sur banc d'essais. Nous avons estimé que l'erreur de segmentation était de l'ordre de 1 à 1.5 voxels dans nos volumes échographiques. Ces voxels étant des cubes de 0.57 mm de côté, l'erreur maximale en termes de distance est donc de 0.99 mm à 1.48 mm. Si l'on se réfère au graphique 5.16, on constate qu'une telle erreur de segmentation représente un bruit gaussien centré en zéro avec un écart-type démarrant à 0.5 mm pour l'erreur de dispersion. Nous remarquons également que de grandes erreurs peuvent déjà être obtenues (erreurs maximums supérieures à 2 mm). Nous observons que l'erreur $\varepsilon_{RMS-Idpt}$ est légèrement plus sensible au bruit. Cela vient directement de la formulation de l'erreur. En effet, si la bille du volume indépendant est à l'extérieur du nuage de points représentés par les billes des volumes du calibrage, une plus grande erreur sera calculée.

Au final, ce graphique nous indique que même si l'on réalise un calibrage parfait, la précision de l'application clinique utilisant ce système sera dépendante de la qualité de la segmentation et donc de la qualité des volumes échographiques. Plus la segmentation sera difficile, plus l'erreur sera grande. L'erreur générée lors d'une segmentation manuelle a été simulée, ici, par un bruit gaussien et laisse envisager qu'il sera difficile d'obtenir des erreurs de calibrage inférieures à 1 mm. On peut s'attendre plutôt à des erreurs de l'ordre de 2 mm.

Évaluation du calibrage avec un bruit d'ensemble

Afin de simuler au plus près les conditions réelles, un bruit d'ensemble a également été ajouté aux simulations afin de mimer les imprécisions que peuvent engendrer à la fois le robot et le recalage des images. Pour cela, nous utilisons de nouveau les 20 jeux de données de 21 acquisitions générées précédemment et les bruitons avec un bruit gaussien graduel allant de

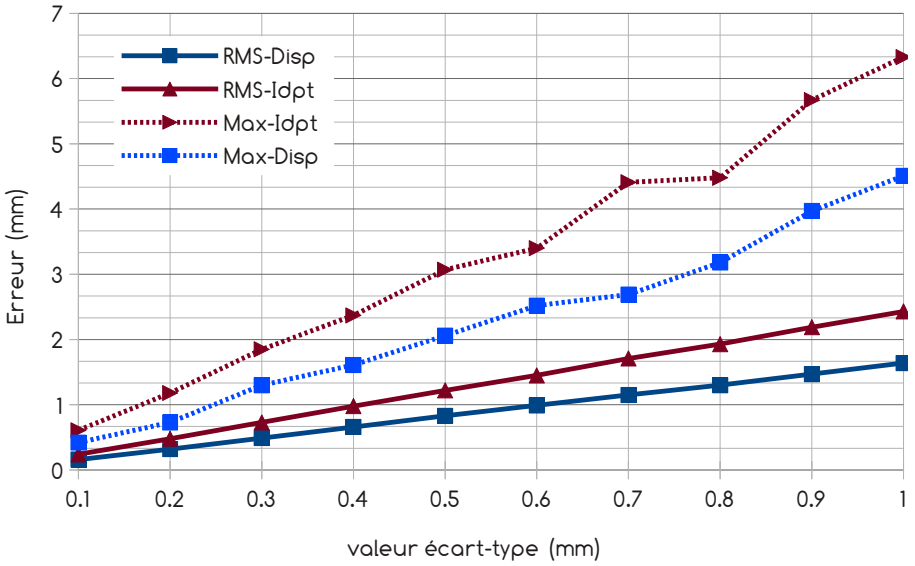


Figure 5.16 – Évolution de l'erreur RMS de calibrage due à la segmentation de billes auxquelles un bruit gaussien est ajouté graduellement.
Dans ce graphique, il est présenté, à la fois, l'erreur de dispersion (RMS-Disp) ainsi que l'erreur calculée à partir de positions virtuelles non-utilisées dans le processus de calibrage (RMS-Idpt).

0.1 mm à 1.0 mm d'écart-type (par pas de 0.1 mm) et centré en 0. Ensuite, nous calculons pour chacun des 220 jeux (4 200 acquisitions) l'$\varepsilon_{RMS-Disp}$ de calibrage en ne retenant que 4, 8, 12, 16 ou 20 acquisitions pour un jeu de billes virtuel non-bruité. La figure 5.17 présente l'évolution de $\varepsilon_{RMS-Disp}$ lorsque du bruit gaussien est ajouté graduellement aux matrices A_i et B_i lors du calcul du calibrage pour un nombre fixé d'acquisitions.

Nous constatons une augmentation importante de $\varepsilon_{RMS-Disp}$ lors de l'ajout d'un bruit graduel dans les matrices. De ce graphique on peut déduire que l'utilisation d'un calibrage avec au moins douze volumes est plus approprié. Cela permet en effet de réduire l'erreur mais également de diminuer sa dispersion comme l'indique l'écart-type. À partir de douze volumes, $\varepsilon_{RMS-Disp}$ varie très peu (inférieur à 0.2 mm) tandis que l'écart-type diminue de manière importante pour des données de plus en plus bruitées. L'utilisation de seulement huit acquisitions permet d'obtenir des résultats corrects mais semble beaucoup plus sensible au bruit (écart-type élevé).

La figure 5.18 présente les erreurs maximales trouvées pour la distance des billes à leur position moyenne suite au calibrage. L'utilisation de seulement quatre volumes et positions de robots montre une trop grande sensibilité au bruit, donnant parfois des erreurs pouvant dépasser le centimètre. À partir de huit volumes, les erreurs maximales évoluent quasi-linéairement avec l'ajout graduel d'un bruit dans les matrices.

Au final, les expériences menées ici montrent que :

- l'utilisation de seulement quatre jeux de positions est à exclure même s'il est suffisant théoriquement pour résoudre le système d'équations.

- à partir de huit volumes, nous nous approchons de résultats cohérents mais sensibles tout de même au bruit.
- plus le nombre de données est élevé plus la méthode donne un résultat robuste et moins elle est sujette au bruit.
- dans le cadre de nos objectifs cliniques, l'utilisation de douze volumes semble donc un bon compromis. L'acquisition d'un plus grand nombre de données est bénéfique mais ne doit pas augmenter le temps de mise en place et calcul de la matrice X.

2.3.5 Jeu de tests : conditions réelles

Nous avons réalisé des tests de la méthode en conditions cliniques. Ces acquisitions se sont déroulées à l'hôpital de la Pitié-Salpêtrière (Paris) dans le cadre du projet ANR PROSBOT avec l'aide conjointe de P. Mozer (PU-PH, ISIR), de M. A. Vitrani (Maître de conférences, ISIR) et D. Reversat (Ingénieur d'études, ISIR). Un protocole a été défini pour acquérir les données et est présenté en annexe A.

Au final, nous avons acquis trois jeux de données sur une période de huit mois. La figure 5.19 présente la mise en place du robot et du fantôme pour le premier jeu de données (session de mars 2015). Cette illustration présente le robot dans une configuration qui n'est pas celle utilisée en conditions cliniques. En effet, le patient étant en décubitus latéral, la sonde devrait être parallèle à la table et non perpendiculaire à celle-ci. Pour les jeux de données suivants (sessions de mars et octobre 2015), l'installation mimait le décubitus latéral du patient. Une illustration est présentée dans le chapitre 7 figure 7.2. Pour l'ensemble des jeux de données, une étape de correction de la vitesse du son a également été mise en place, le fantôme ayant une vitesse de 1385 m.s^{-1} alors que les tissus sont en moyenne à 1540 m.s^{-1}.

Expérimentations et résultats

Le tableau 5.3 présente les jeux de données utilisés pour nos expérimentations. Les rejets présentés dans le tableau correspondent soit à un recalage de moyenne qualité, soit à l'impossibilité de segmentation ou à un manque de données.

Date acquisition	Configuration	Nbre échos		Billes ség.	Nb. rejets
		Calib.	Indpt.		
mars 2015	figure 5.19	14	-	3	2
juin 2015	décubitus lat.	15	1	3	4
oct. 2015	décubitus lat.	14	-	3	5

Table 5.3 – Jeux de données réels acquis pour l'étude du calibrage Main-Œil développé au cours de cette thèse.
Abréviations utilisées : décubitus lat. pour décubitus latéral ; Calib. : Nombre de volumes utilisés pour le calibrage ; Indpt. : Nombre de volumes utilisés pour calculer $\varepsilon_{RMS-Idpt}$; Billes seg. : billes segmentées par volume ; Nb. rejets : Nombre d'acquisitions non utilisées pour le calibrage.

Le tableau 5.4 présente les $\varepsilon_{RMS-Disp}$ et $\varepsilon_{RMS-Idpt}$ à l'issue des calibrages faits sur le

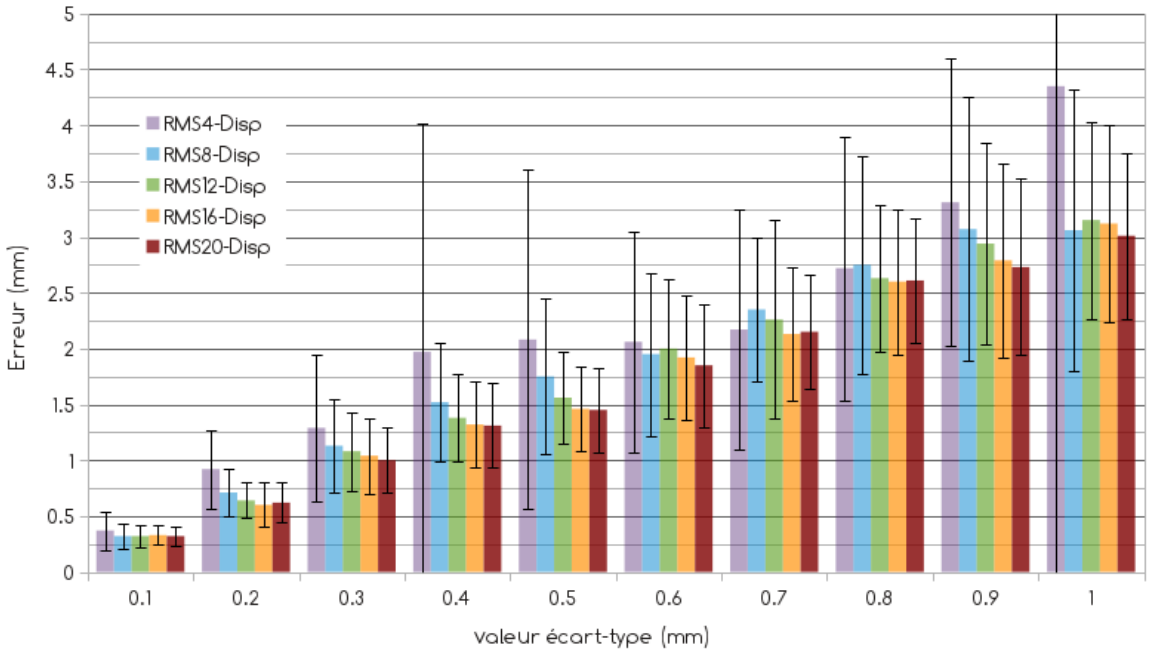


Figure 5.17 – Évolution de $\varepsilon_{RMS-Disp}$ à l'issue du calibrage lors de l'ajout d'un bruit gaussien graduel dans les matrices A_i et B_i pour un nombre d'acquisitions donné (4, 8, 12, 16, 20).

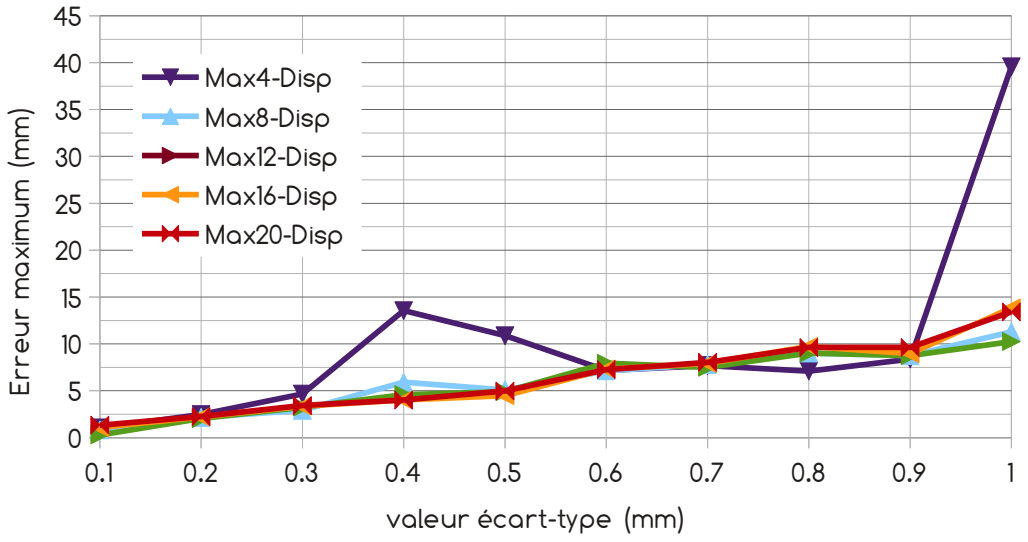
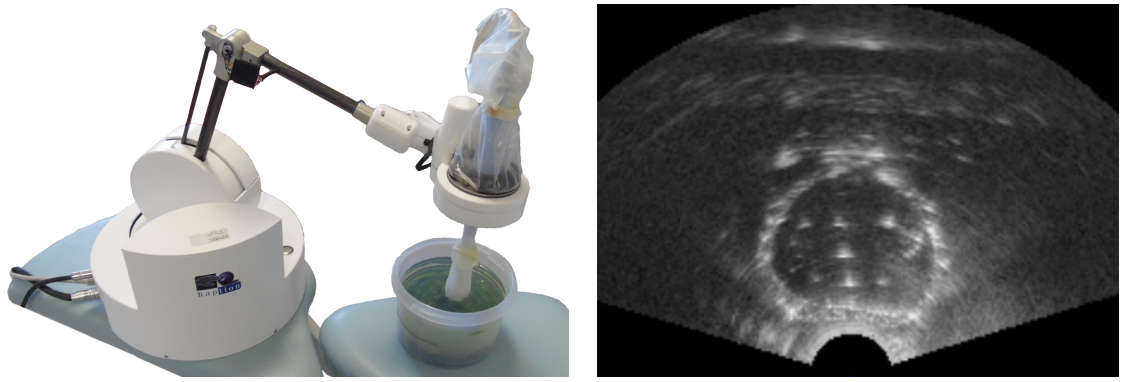


Figure 5.18 – Évolution de l'erreur maximum à l'issue du calibrage lors de l'ajout d'un bruit gaussien graduel dans les matrices A_i et B_i pour un nombre d'acquisitions donné.



(a) (b)

Figure 5.19 – Acquisition de volumes échographiques (b) avec un robot porte-sonde et un fantôme dédié (a) au calibrage Main-Œil.

repère mathématique du volume échographique et le repère virtuel de sonde. Le calibrage sur le repère des volumes échographiques a pu être calculé pour tous les jeux de données puisque pour chacun d'eux, les volumes ont les mêmes propriétés. Au final, nous observons un meilleur résultat pour le calibrage fait sur le référentiel invariant de la sonde (calibrage sonde) que sur le repère du volume échographique dans le cadre d'un calibrage image classique (calibrage image). Cela provient du fait que la segmentation est plus proche du repère virtuel que du repère du volume échographique tandis que l'erreur croît avec la distance. Une plus grande erreur est trouvée avec un positionnement de robot inadapté à son fonctionnement (premier jeu) laissant penser à un plus fort bruit dans la position du bras du robot. Le faible nombre de données ne permet pas de montrer une différence statistiquement significative. Nous constatons également une assez forte variabilité de l'erreur pouvant être décrite comme un mélange de bruits de segmentation, de recalage ou encore de bruit de mesure dans le robot comme nous avons pu le voir dans les sections précédentes. Toutefois, nous observons une tendance à la dégradation de la qualité du fantôme au cours du temps. Cela est visible au niveau des contours de la prostate incluse dans le fantôme où le produit permettant le contraste blanc (bleu de toluidine) diffuse dans les différentes couches de PVC composant ce fantôme. Cette dégradation a déjà été observée par [Hungr *et al.* 2012]. Cela peut induire un plus grand biais dans la segmentation et dans le recalage mais reste une observation qualitative.

Date Acquisition	Calibrage Image				Calibrage Sonde			
	ε_{Disp}	min	max	ε_{Idpt}	ε_{Disp}	min	max	ε_{Idpt}
mars 2015	2.53	0.29	4.90	-	2.47	0.51	4.74	-
juin 2015	1.76	0.32	3.67	2.39	1.67	0.35	3.42	2.17
oct. 2015	2.31	0.31	3.47	-	2.24	0.13	3.53	-

Table 5.4 – Résultats de calibrage Main-Œil en conditions réelles.

2.3.6 Discussion

Dans cette section, nous venons de présenter une nouvelle méthode pour calibrer une sonde échographique endocavitaire avec un robot porte-sonde grâce à l'adaptation d'un calibrage dit Main-Œil. Pour valider son utilisation, nous avons étudié la sensibilité de la méthode aux bruits pouvant intervenir lors des acquisitions. Ces résultats ont montré qu'un calibrage avec seulement 12 acquisitions était un bon compromis en termes de précision-temps. Comparativement à la littérature dont nous présentons les résultats dans le tableau 5.5, les premiers résultats que nous obtenons sont encourageants, et cela, avec un nombre réduit de volumes échographiques et l'utilisation du modèle cinématique d'un robot porte-sonde en lieu et place d'un localisateur optique ou magnétique. Le test de la méthode en conditions cliniques a été concluant puisqu'il a donné approximativement les mêmes grandeurs d'erreurs. Cela nous pousse à trouver des perspectives à ce travail afin de rendre la méthode plus robuste et précise.

Auteurs	Erreur (mm)	Nombre d'échographies	Localisation
[Bergmeir *et al.* 2009]	3.50	12 (2D)	optique 3D
[Huang *et al.* 2010]	2.37	36 (3D)	magnétique 3D
[Schlosser *et al.* 2013]	2.00	56 (3D)	optique 3D
Notre méthode	**[1.76 ; 2.57]**	**14-16 (3D)**	**cinématique robot**

Table 5.5 – Comparaison de l'ε_{RMS} trouvée avec notre méthode de calibrage avec des méthodes similaires de la littérature.
L'ε_{RMS} que nous calculons, voir section 2.3.2, correspond à l'erreur dite $\varepsilon_{RMS-Disp}$.

À ce travail, nous envisageons les améliorations suivantes :

- **La détection des outliers :** il peut être intéressant de détecter les possibles valeurs aberrantes données par le modèle cinématique du robot comme dans le cas où des acquisitions sont faites avec des positions avec une forte contrainte sur le robot. Ces détections seraient alors faites pendant le temps du calibrage grâce aux informations donnés par les capteurs installés sur le robot. Une autre méthode peut-être de garder seulement les n meilleures acquisitions permettant d'avoir un calibrage plus précis. Pour cela, l'utilisation d'un RANSAC [4] couplé à l'algorithme de calibrage pourrait être utilisé une fois les acquisitions réalisées [Andreff *et al.* 2001].
- **Un fantôme amélioré :** le fantôme utilisé pendant nos expérimentations est construit à base de PVC et constitue un bon moyen d'obtenir de bonnes acquisitions. Toutefois sa durée de vie est faible et sa fabrication reste compliquée et chronophage (plusieurs jours). Également, l'utilisation de billes en verre ou en FIMO provoque des artefacts dans les volumes échographiques. La création d'un fantôme résolvant ces problèmes et l'ajout d'une forme unique tel un détrompeur dans ce fantôme assurerait des recalages précis et faciliterait le calibrage. L'ergonomie du fantôme peut également être revue afin de faciliter l'acquisition de volumes avec de plus grandes rotations et translations pour rendre le calibrage plus robuste.

4. RANdom SAmple Consensus : méthode non-déterministe permettant la détection de valeurs aberrantes pour un modèle mathématique donné.

- **L'automatisation des tâches :** pour réduire le temps nécessaire à l'acquisition des données, la segmentation et le calcul de la matrice de calibrage, une automatisation des tâches pourrait être faite. Des outils de segmentation automatique peuvent être développés à la place ou en complément de la segmentation manuelle que nous effectuons aujourd'hui. De cette segmentation, une erreur de calibrage pourrait être calculée à chaque acquisition donnée (à partir de la troisième). En dessous d'une certaine marge, on considérerait le calibrage comme acceptable et l'étape de calibrage pourrait alors être terminée.

L'ensemble de ces avantages et inconvénients sont résumés sous forme d'un diagramme en radar, figure 5.20. Pour chaque item du radar, une note qualitative allant de 1 à 5 est donnée (1 : Inadapté, 2 : Encourageant, 3 : Assez Bien, 4 : Bien, 5 : Parfait) et transcrite dans le diagramme (1 : centre, 5 : Extrémité).

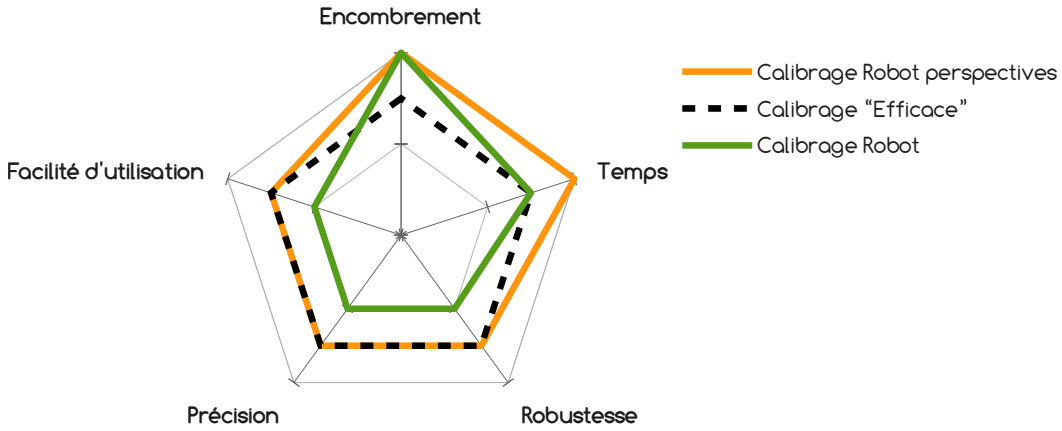


Figure 5.20 – Évaluation du calibrage d'un robot porte-sonde échographique.
La légende calibrage "efficace" désigne un calibrage quasi-parfait alliant à la fois toutes les spécificités recherchées dans des critères d'exigences élevés. Dans ce diagramme, plus une extrémité est excentrée, plus le résultat est satisfaisant. Par conséquent plus la surface est grande, plus la méthode est efficace.

3 Modélisation et Validation d'une Méthode de Collision

3.1 Modéliser la collision

Lors de simulations biomécaniques, il est indispensable de pouvoir modéliser les interactions physiques qu'il peut y avoir entre différents éléments d'une scène. Dans notre cas, il s'agit de modéliser l'interaction de la sonde endorectale avec la surface du rectum lors d'acquisitions de volumes échographiques. Avant de pouvoir simuler ce contact, il est nécessaire de détecter le lieu de collision. Cette thèse n'étant pas dédiée à la modélisation de la collision principalement, nous décrivons, ici, succinctement différentes méthodes de détections et de réponses à une interpénétration d'objets dans des simulations dynamiques. Les méthodes décrites seront majoritairement celles que nous utiliserons à des fins de comparatifs suite à

différents tests présentés dans les sections suivantes. Le but étant de mettre l'accent sur la possibilité d'une mise en œuvre simple, robuste et temps-réel de ces méthodes.

Naïvement, une méthode de détection d'interpénétration entre objets est de tester pour chaque élément de l'objet mou si celui-ci est compris dans le volume de l'objet rigide. Ce type de méthode n'est pas adapté à la simulation temps-réel car un trop grand nombre de tests est à effectuer lorsque les maillages sont conséquents. [Teschner *et al.* 2005] présente une revue de la littérature retraçant les différentes solutions de hiérarchisation de volumes à l'aide de boites englobantes (exemples : convex hull, sphère, parallélépipède, AABB, etc), voir figure 5.21. L'avantage de la hiérarchisation est de pouvoir subdiviser la détection en plusieurs

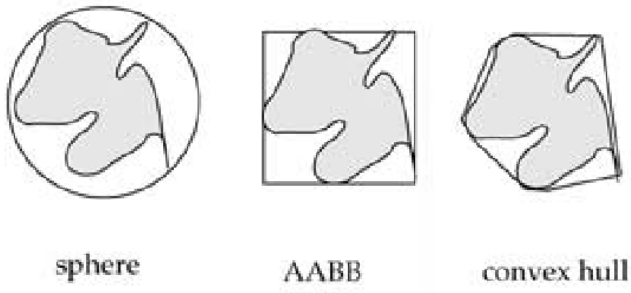


Figure 5.21 – Méthodes de détection de collision (tiré de [Teschner *et al.* 2005]).

zones du maillage et donc à accélérer le temps de calcul. Dans le cadre d'objets rigides, la hiérarchisation peut être faite une seule fois avant la simulation tandis que pour des objets déformables, il est nécessaire de mettre à jour les boîtes englobantes lors de changements de géométries. Cette étape peut être chronophage selon les types de maillages et de boîtes englobantes utilisés. Souvent, on retrouve une phase dite "large" testant l'intersection de ces boîtes englobantes. En bas de la hiérarchie de ces boîtes, une phase dite "proche" teste l'intersection des éléments (vertex, triangles, lignes) entre les différentes boîtes au niveau de granularité le plus bas. Les auteurs présentent également d'autres méthodes, appelées stochastiques ou "inexactes", basées sur des critères probabilistes permettant alors de chercher un bon compromis entre temps d'exécution des simulations et qualité de la détection. De par leur imprécision, nous ne les traiterons pas dans ce manuscrit.

[Kimmerle *et al.* 2004] ont étudié la combinaison de boîtes englobantes AABB avec une méthode stochastique. Ils observent une amélioration du temps de calcul mais également des instabilités pour quelques simulations. La parallélisation du code et de l'exploitation des processeurs graphiques permettent aujourd'hui d'accélérer l'ensemble de ces algorithmes.

Une fois les détections réalisées, l'étape de réponse peut être résolue. Dans le cadre de simulations réalisées à partir de méthodes à éléments finis, il est souvent utilisé des méthodes telles que celle des pénalités ou encore utilisant les multiplicateurs de Lagrange. Une bonne explication de ces méthodes est donné sur le site web suivant [5]. Ainsi, la méthode des pénalités consiste à créer des liens de force entre les vertices ou les éléments qui entrent en contact en leur ajoutant dans la matrice de raideur K (voir chapitre 3) des poids. Ce poids, de nature empirique, permet de simuler approximativement le comportement d'une

5. Chapitre 8 : http ://www.colorado.edu/engineering/CAS/courses.d/IFEM.d/

collision. Cependant, le choix de la valeur reste compliqué et de nombreux tests doivent souvent être réalisés pour trouver une solution s'approchant des attentes. L'avantage de cette méthode est la facilité d'implémentation : il suffit d'ajouter des poids dans les bons éléments de la matrice K et de résoudre l'équation d'équilibre, comme à l'accoutumé. La méthode du multiplicateur de Lagrange consiste, quant à elle, à créer de nouvelles équations pour résoudre exactement les contraintes induites par les collisions. Bien qu'elle permette d'obtenir des solutions exactes en théorie, elle a le désavantage d'introduire de nouvelles inconnues dans la résolution des éléments finis. De plus, la matrice K peut ne plus être définie positive éliminant l'utilisation de solveurs utilisant cette propriété pour accélérer la résolution. Au final, cette méthode donne une bonne précision mais semble généralement plus coûteuse en temps de calcul. Afin d'améliorer ce temps de calcul, [Courtecuisse *et al.* 2011] ont travaillé sur un développement GPU de cette méthode corrélée à l'établissement d'un pré-conditionneur permettant de diminuer le nombre d'itérations lors de la résolution du système. Ce pré-conditionneur est également mis à jour, à faible fréquence, au cours de la simulation afin de garder une bonne approximation des déformations au cours du temps.

3.2 Description générale de notre méthode

3.2.1 Contexte

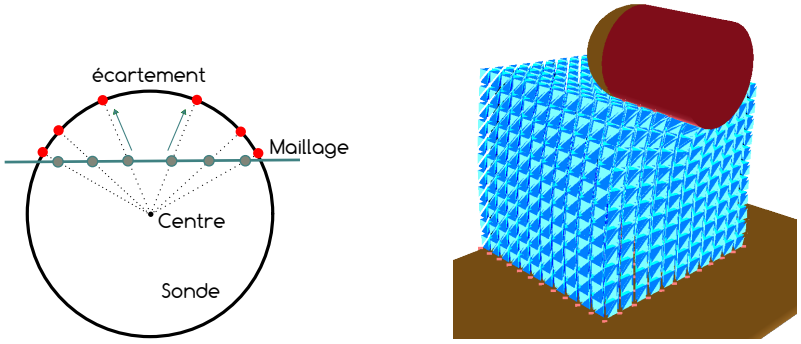
Dans notre contexte, nous cherchons à accélérer au maximum le temps de calcul par itération tout en gardant un niveau de précision appréciable afin de fournir aux cliniciens un outil utilisable pendant le temps de l'intervention. L'utilisation de solutions nécessitant beaucoup de calculs pour la détection et la réponse à une inter-pénétration est donc inadéquate. Des premiers tests, réalisés à l'aide des développements présents dans le logiciel Sofa[Faure *et al.* 2012], nous ont montrés que la méthode Lagrangienne ou encore celle des pénalités étaient assez coûteuses en temps de calcul. De plus, il est nécessaire d'exécuter plusieurs tests de paramètres (tels que la force de réponse, la distance de détection et de réponse ou encore les coefficients d'amortissement) pour trouver un jeu de données optimal. Nous avons donc exploré des méthodes originales basées sur la contrainte projective des points du maillage des objets.

3.2.2 La méthode

La méthode que nous proposons s'inspire de la contrainte de projection radiale classique des nœuds d'un maillage. Cela consiste à projeter tout point du maillage entré dans la sphère à la surface de celle-ci via le plus court chemin, c'est à dire le long du rayon de la sphère passant par le point concerné. Pour que cette méthode fonctionne, nous simplifions la sonde endocavitaire en deux sous-éléments simples, une demi-sphère et un cylindre de tailles définies. Nous considérons ces objets non-déformables et impénétrables. La détection des nœuds du maillage entrant dans la sonde se fait sur un sous-ensemble du maillage défini préalablement par l'utilisateur. Au cours des chapitres suivants, nous verrons que cette solution a la plus grande efficacité calculatoire. En effet, l'insertion de la sonde s'effectuant toujours au même niveau dans notre maillage, nous connaissons a priori la zone de contact.

La détection se fait alors sur un petit échantillon de nœuds favorisant l'accélération des simulations.

Un inconvénient de la méthode radiale est l'écartement des nœuds d'un élément lors de pas d'itérations trop grands pendant les simulations, ou lors de trop fortes contraintes entre les objets (voir figure 5.22).



(a) Problème d'écartement (b) Solution apportée

Figure 5.22 – Écartement dû à une projection radiale et exemple de la solution proposée. *(a) présente un maillage pénétrant dans une sphère. Les cercles rouges situés sur la sphère sont la réponse radiale classique apportée. On observe un agrandissement des distances entre certains nœuds d'éléments du maillage. (b) est une illustration de la solution que nous voulons apporter, à savoir, éviter que les éléments en contact avec la sonde soit excessivement distendus.*

Pour limiter cet effet, nous avons décidé de le compenser par l'ajout d'une contrainte empirique utilisant le principe de la réflexion pour la partie demi-sphère de la sonde. Afin de combiner ces deux méthodes, nous utilisons une fonction sigmoïde donnant un pourcentage α (compris entre 0 et 1) pour chacune des deux méthodes suivant l'angle calculé (à un $k.\Pi$ près) entre la direction de la sphère et la normale de surface au point entré en collision avec la sonde. Plus l'angle sera grand, plus le pourcentage appliqué à la méthode de pseudo-réflexion sera fort. Au contraire, plus l'angle sera faible plus la méthode radiale sera utilisée. Notre nouveau point P_i^f se décrit donc comme la composition de deux méthodes avec un poids attribué à chacune :

$$P_i^f = \alpha.P_i^{radial} \ + \ (1-\alpha).P_i^{refl.}$$

où P_i^{radial} désigne le résultat d'une projection radiale classique d'un point P_i. $P_i^{refl.}$ est le résultat du calcul de la réflexion du point P_i. P_i^f n'étant pas systématiquement à la surface de la sphère, nous appliquons une phase de correction qui consiste à calculer de nouveau une projection radiale. La méthode est donnée sous forme algorithmique ci-après (algorithme 1 et algorithme 2).

Nous avons également ajouté une valeur empirique pour le calcul de la réflexion. Dans des cas où la normale de surface issue du nœud entré en collision avec la sphère est presque tangente à celle-ci ou décrit un grand angle, le calcul de la réflexion est inadapté. L'ajout d'un seuil empirique pour l'angle formé par les vecteurs symbolisant la direction de la sphère

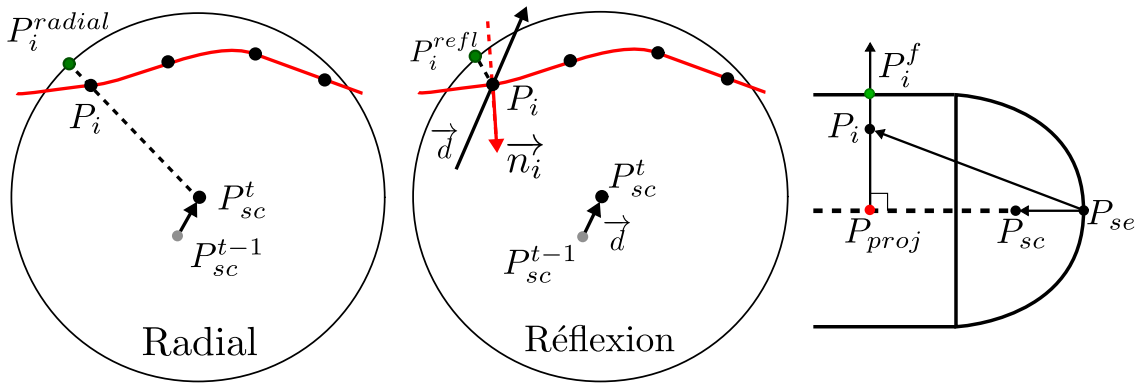
et la normale nous permet de contrôler ce phénomène (voir algorithme 2). En ce qui concerne la partie cylindrique de la sonde, la méthode radiale classique est utilisée (c.f figure 5.23(c)).

Algorithme 1 Pseudo-code pour la détection et la réponse de notre méthode de collision

procedure DetectionReponse
  Entrées : P_{sc} : centre sphère ; P_{se} : extrémité sphère
  for $i \leftarrow 1..n_{vertex}$ **do**
    if $isInHalfSphere(P_i)$ **then**
      $angle \leftarrow getAngle(\overrightarrow{P_{sc}^{t-1}P_{sc}^{t}}, \overrightarrow{P_{sc}^{t}P_i^t})$
      $\alpha \leftarrow sigmoïde(angle)$ ▷ Permet de trouver un pourcentage
      $P_i^{radial} \leftarrow radialProj(P_i)$ ▷ Illustration du radial fig. 5.23(a)
      $P_i^{refl.} \leftarrow pseudoReflexion(P_i, n_i)$ ▷ Illustration réflexion fig. 5.23(b)
      $P_i^f \leftarrow \alpha \cdot P_i^{radial} + (1-\alpha) \cdot P_i^{refl.}$
      $P_i^f \leftarrow radialProj(P_i^f)$
      return P_i^f
    else if $isInCylinder(P_i)$ **then**
      $\overrightarrow{d} \leftarrow \overrightarrow{P_{se}P_{sc}}$
      $dsq \leftarrow dot(\overrightarrow{d}, \overrightarrow{d})$
      $d_{proj} \leftarrow dot(\overrightarrow{P_{se}P_i}, \overrightarrow{d})/dsq$
      $P_{proj} \leftarrow P_{se} + d_{proj} \cdot \overrightarrow{d}$
      $P_i^f \leftarrow \overrightarrow{P_{proj}P_i} \cdot sqrt(dsq)$
      return P_i^f ▷ Illustration des calculs fig. 5.23(c)
    end if
  end for
end procedure

Algorithme 2 Pseudo-Réflexion appliquée à notre méthode

procedure pseudoReflexion(P_i, n_i) ▷ $\overrightarrow{n_i}$ est la normale de surface de P_i
  Entrées : P_{sc}^t : centre sphère au temps t ; P_{sc}^{t-1} : centre sphère au temps t-1
  $\overrightarrow{d} \leftarrow \overrightarrow{P_{sc}^{t-1}P_{sc}^{t}}$
  $angle \leftarrow getAngle(\overrightarrow{d}, \overrightarrow{n_i})$
  if $angle > \theta$ **then** ▷ θ : *angle restreint* (*valeur empirique*)
    //Application de la formule de Rodrigues
    $\overrightarrow{k} \leftarrow (\overrightarrow{n_i} \times \overrightarrow{d})/|\overrightarrow{n_i} \times \overrightarrow{d}|$
    $\overrightarrow{n_i} \leftarrow (\overrightarrow{n_i} \cdot cos\theta + (\overrightarrow{k} \times \overrightarrow{n_i}) \cdot sin\theta + \overrightarrow{k} \cdot (dot(\overrightarrow{k}, \overrightarrow{n_i})) \cdot (1 - cos\theta)$
  end if
  $\overrightarrow{newVec} \leftarrow calculVecteurReflexion(\overrightarrow{n_i}, \overrightarrow{d})$
  $P_{pseudo-refl.} \leftarrow getMinSolution(rayon, P_{sc}^t, \overrightarrow{newVec})$ ▷ 2 solutions possibles
  return $P_{pseudo-refl.}$
end procedure



(a) (b) (c)

Figure 5.23 – Schématisation des différentes étapes permettant de créer la projection à l'extérieure de la sonde des noeuds entrés dans celle-ci.

Ajout d'une force de répulsion

Pour intégrer une notion de force dans nos algorithmes, nous éliminons la dernière étape de notre procédure qui consiste à projeter le nœud en dehors de la sonde (ligne 10 et ligne 16 dans l'algorithme 1) et nous appliquons une force à la place. Cette force, appliquée sur le vertex P_i concerné, est ajoutée de la manière suivante :

$$F_{Pi} = -f \,.\, \overrightarrow{P_iC} \,.\, \frac{(\|P_i^f C\| - r)}{\|P_i^f C\|} + d \,.\, \dot{\overrightarrow{P_iC}}$$

où P_i est un nœud qui a pénétré dans la sonde et P_i^f la position résultante de notre méthode, C est la position du centre de sonde et r le rayon, f une force en Pascal et d un coefficient d'amortissement. Les deux derniers paramètres sont déterminés empiriquement. Dans le cas où la collision est détectée dans la partie cylindrique de la sonde, C représente alors la projection perpendiculaire du nœud impliqué dans la collision sur l'axe de la sonde.

3.3 Expérimentations

Afin de tester notre méthode de collision sur des données issues de déformations réelles, nous avons mis en place un banc de test utilisant l'acquisition de vidéos. Ce banc d'essai est modélisé dans des simulations et la comparaison entre des résultats de positions réelles et simulées est calculée. Les données nécessaires à la reproduction de la manipulation sont obtenues à l'aide d'un calibrage permettant le passage de vidéos 2D à des simulations d'objets 3D. Nous détaillons dans un premier temps l'espace de travail, les outils utilisés ainsi que la méthode utilisée pour calibrer l'environnement. Ensuite, nous expliquons le protocole mis en place afin d'obtenir les informations (positions, conditions aux limites) nécessaires à la création et à l'animation des simulations. Une dernière section sera dédiée à l'observation des résultats obtenus. Ces travaux sont inspirés des expériences trouvées dans la littérature pour la déformation d'un fantôme de prostate dans le cadre d'insertions d'aiguilles [Jahya *et al.* 2013, Moreira *et al.* 2013].

3.3.1 Espace de travail et calibrage caméra

La figure 5.24 présente l'espace de travail utilisé lors de nos expérimentations.

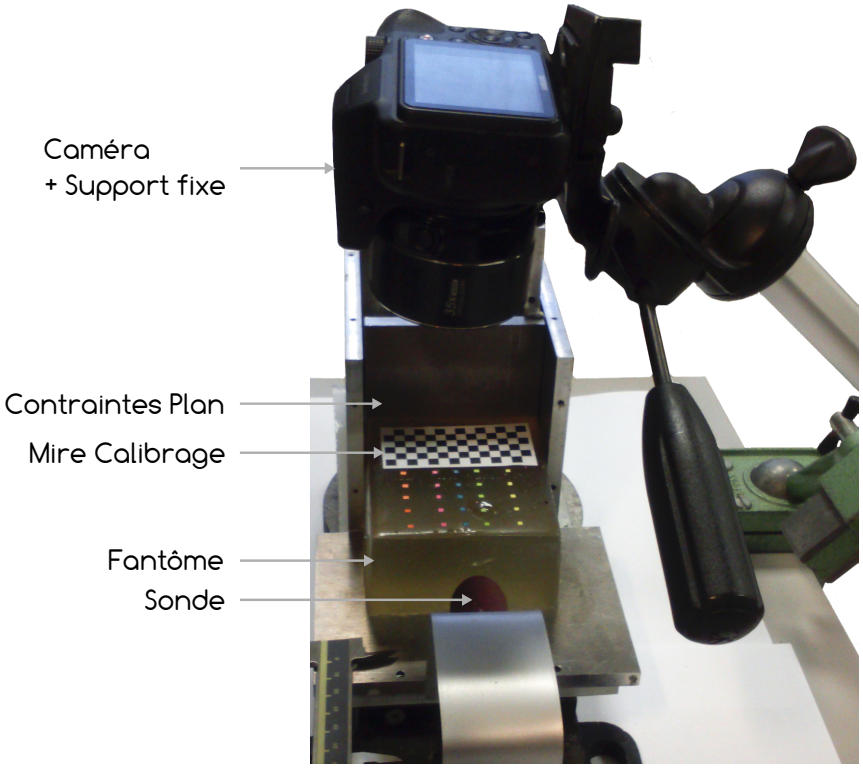


Figure 5.24 – Banc de test pour l'étude de méthodes de collisions.

Cet espace consiste en :

- un **fantôme**, fait de gélatine (Vahiné, Avignon, France), permettant de tester la déformation d'un matériau. Le fantôme a une taille de 86 mm de large, 98 mm de profondeur pour 45 mm de hauteur. Sur ce fantôme sont collés une mire de calibrage de type "chessboard" et des cibles, créées à l'aide de carrés de 2 mm de côtés. Ces dernières sont déposées à des positions connues les unes des autres à l'aide de règles et papiers millimétriques.
- un ensemble de **contraintes** exercées par un support métallique. Celui-ci permet d'obtenir une déformation du fantôme en évitant son déplacement vers l'arrière. Une fine couche d'huile est déposée entre le support métallique et le fantôme afin de favoriser le glissement et donc les déformations de celui-ci.
- une **extrémité de sonde** réalisée en pâtes polymères (FIMO-STAEDTLER, Nüremberg, Allemagne) est moulée à partir du négatif d'une sonde 3D endorectale utilisée en urologie lors de biopsies de la prostate. Ce moulage est fixé sur un support qui se déplace dans l'axe du fantôme afin de le déformer. Deux cibles sont déposées sur ce moulage afin de pouvoir récupérer la position et l'axe de la sonde tout au long du processus.

- une **caméra** ainsi qu'un **support rigide immobile** permettant d'acquérir des vidéos de la déformation. La caméra est fixée sur un support rigide et immobile pour permettre l'acquisition des données dans un repère unique que nous fixons. De plus, la caméra est installée de manière à être parallèle à la scène pour faciliter l'acquisition de certaines informations telle que la profondeur de champ.

Avec cet espace de travail, une étape de calibrage de la caméra est nécessaire pour lier mathématiquement la scène observée en 3D et les images 2D à un instant donné de la vidéo. Pour cela, nous calculons le modèle dit sténopé d'une caméra. Ce modèle décrit une image comme une projection perspective de la réalité comme le montre la figure 5.25.

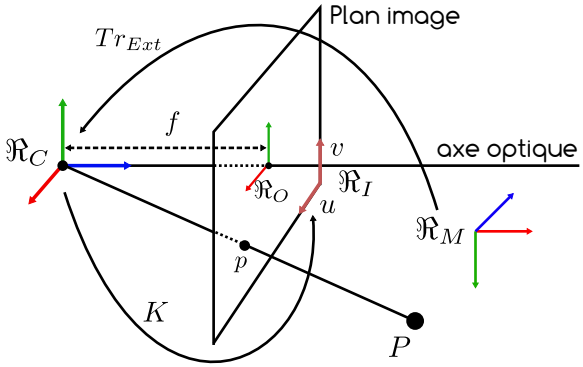


Figure 5.25 – Modèle sténopé d'une caméra.

Ainsi, on définit $\Re_C$, $\Re_O$ et $\Re_M$ comme respectivement les repères caméra, optique et monde dans notre modèle. Le repère $\Re_I$ désigne, quant à lui, le repère image en pixels (u, v). La relation entre $\Re_M$ et $\Re_C$ est donnée à l'aide d'une transformation homogène rigide et définit les paramètres extrinsèques de la caméra, notée Tr_{Ext}.

$$\begin{pmatrix} x_c \\ y_c \\ z_c \\ 1 \end{pmatrix} = \underbrace{\begin{pmatrix} r_{11} & r_{12} & r_{13} & t_x \\ r_{21} & r_{22} & r_{23} & t_y \\ r_{31} & r_{32} & r_{33} & t_z \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}}_{Tr_{Ext}} \begin{pmatrix} x_m \\ y_m \\ z_m \\ 1 \end{pmatrix}$$

La distance focale, notée f, de $\Re_C$ au plan image est égale à la distance entre l'origine de $\Re_C$ et celle de $\Re_O$ (l'intersection entre l'axe optique de la caméra et le plan image). En faisant l'hypothèse que l'axe optique est parallèle à et de même sens que l'axe z de $\Re_C$, la projection du point P (x, y, z), appartenant à $\Re_C$ dans le plan image et plus précisément dans $\Re_O$, est :

$$\begin{cases} x_o = fx_c/z_c \\ y_o = fy_c/z_c \\ z_o = f \end{cases}$$

Une image est composée de pixels de coordonnées (u, v) représentant une mise à l'échelle (k_u, k_v) des unités métriques en unités pixels. L'axe optique partant de l'origine de $\Re_C$ intersecte le plan image en son centre (u_c, v_c). De ces informations, un point en unité métrique

s'exprime dans le plan image, donc en pixel, de la manière suivante :

$$\begin{pmatrix} u \\ v \\ 1 \end{pmatrix} = \underbrace{\begin{pmatrix} k_u & 0 & 0 & u_c \\ 0 & k_v & 0 & v_c \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}}_{K} \begin{pmatrix} x_o \\ y_o \\ z_o \\ 1 \end{pmatrix}$$

La projection et la transformation affine K décrites ci-avant constituent les paramètres intrinsèques de la caméra à déterminer. L'étape de calibrage consiste à résoudre :

$$\begin{cases} u &= k_u f x_c/z_c + u_c \\ v &= k_v f y_c/z_c + v_c \end{cases}$$

Ce modèle décrit le cas parfait d'une projection perspective sans artefacts. La réalité montre que les capteurs optiques induisent principalement des distorsions aux bords des images, appelées distorsions radiales, prismatiques ou de décentrage. Pour tenir compte de ces modifications, un jeu de coefficients de distorsions est également calculé pendant la phase de calibrage. Pour résoudre ces équations, nous avons utilisé une méthode disponible dans la bibliothèque OpenCV et accessible en open-source [6]. Cet algorithme résout les problèmes de distorsions à l'aide d'une correction radiale, utilisant trois paramètres (k1,k2,k3), suivi d'une correction tangentielle, utilisant deux paramètres (p1,p2).

Le processus de calibrage consiste à acquérir une série d'images contenant une mire de calibrage où un nombre de positions sont connues dans le repère propre de cette mire. La segmentation de ces points dans le plan image permet de faire une correspondance entre les coordonnées monde et celles de l'image. Une fonction de minimisation permet alors de résoudre le système d'équations. Celle-ci minimise les distances entre la segmentation des points de chaque image et la projection de ceux-ci avec une estimée des paramètres. Pour plus d'informations sur le calibrage de caméra en général et l'algorithme utilisé ici, on pourra se référer à la littérature suivante [Zhang 2000, Horaud & Monga 1995], ainsi qu'à la librairie OpenCV [Bradski 2000].

3.3.2 Acquisition des données 2D/3D

L'acquisition des données pour la création des simulations suit un protocole défini par nos soins et donné en figure 5.26. Une fois le calibrage réalisé, nous définissons des zones de détection de cibles afin de les discriminer plus facilement et plus rapidement selon différents paramètres tel que la couleur ou encore la dimension, voir figure 5.26. Un algorithme d'appariement de formes est également utilisé afin de suivre au cours de la déformation l'axe et la position de la sonde à l'aide de 2 cibles. Celles-ci sont positionnées à des endroits connus préalablement par rapport aux dimensions de la sonde. Pour récupérer des positions 3D de ces éléments et notamment leur profondeur, il est indispensable de retrouver les paramètres extrinsèques de la caméra pour chaque instantané pris dans la vidéo. Pour cela, nous disposons une mire de calibrage sur le fantôme. La détection de celle-ci pour chaque image de

6. http://docs.opencv.org/doc/tutorials/calib3d/camera_calibration/camera_calibration.html

la vidéo permet de connaître la transformation homogène permettant de passer du repère caméra au repère monde et donc la distance de la mire au repère caméra, voir schéma 5.27. L'ensemble des cibles étant collées sur le même plan que cette mire, la distance de celles-ci correspond à celle de la mire. Cette assertion est vraie tant que le plan de la mire est parallèle au plan des cibles. Grâce à cette transformation nous estimons ensuite l'ensemble des positions 3D des éléments détectés et les trions de manière à pourvoir les suivre au cours du temps. Le suivi des cibles correspondant à l'axe de la sonde permettent de reproduire le mouvement de celle-ci au cours de nos simulations. Ce protocole a été développé en C++ dans le cadre de ces travaux.

3.3.3 Création des simulations 3D

La simulation de la déformation du fantôme par une sonde endorectale a été réalisée via la méthode des éléments finis. L'implémentation d'une méthode, présente dans le logiciel SOFA [Faure *et al.* 2012], prenant en compte les larges déformations à l'aide d'une formulation co-rotationnelle a été utilisée. Pour la conception du fantôme, un maillage tétraédrique composé de 18 360 éléments et de 2 692 triangles de surface a été fabriqué. Pour reproduire le fantôme dans les simulations, la taille du fantôme et la position des cibles sont mesurées à partir de règles et papier millimétrique.

Faute de pouvoir mesurer l'élasticité du matériau, nous avons utilisé plusieurs modules d'Young s'approchant de la consistance du matériau en comparaison d'autres matériaux d'élasticité connue. Ainsi, trois élasticités différentes ont été testées (30, 40 et 50 kPa). Le matériau étant quasi-incompressible, nous avons utilisé un coefficient de Poisson de 0.45. Pour rappel, un coefficient élevé de Poisson (valeur limite de 0.5) nous permet de décrire le phénomène de contraction d'une matière quasi-incompressible perpendiculairement aux contraintes d'efforts subies. Pour illustrer les contraintes subies par le fantôme, nous utilisons une loi de comportement linéaire appelée loi de Hooke. Nous faisons l'hypothèse que le matériau est linéaire isotrope. Cette hypothèse est faite à la fois de manière qualitative (le bloc de gélatine uniforme semble, a priori, avoir les mêmes propriétés dans toutes les directions) et au regard de la littérature trouvée [Jahya *et al.* 2013] pour l'utilisation de gélatine en biomécanique. L'ensemble des systèmes d'équations est résolu à l'aide de la méthode du gradient conjugué. Pour étudier le comportement de la déformation au cours du temps, il est nécessaire d'utiliser un schéma d'intégration temporelle. Dans notre cas, un schéma d'Euler implicite est utilisé. Le suivi de cibles se fait grâce à une interpolation barycentrique de celles-ci à l'aide des éléments tétraèdres les plus proches. Enfin les contraintes du support métallique sont modélisées à l'aide de contraintes de type "plan". Les mouvements de la sonde ont été suivis dans la vidéo et retranscrits dans les simulations.

Différentes méthodes de collisions ont été étudiées afin de trouver le meilleur compromis temps de calcul/précision pour tenter d'améliorer notre chaîne de validation et donc d'obtenir le meilleur compromis dans nos simulations biomécaniques de la prostate. L'interaction de la sonde avec le fantôme a, par conséquent, été modélisée avec notre méthode de collision, une méthode de collision projective radiale ainsi qu'une méthode de collision utilisant les pénalités. Pour cette dernière méthode, nous créons deux scènes différentes. La première consiste à modéliser la sonde juste par une sphère de diamètre équivalent à celui

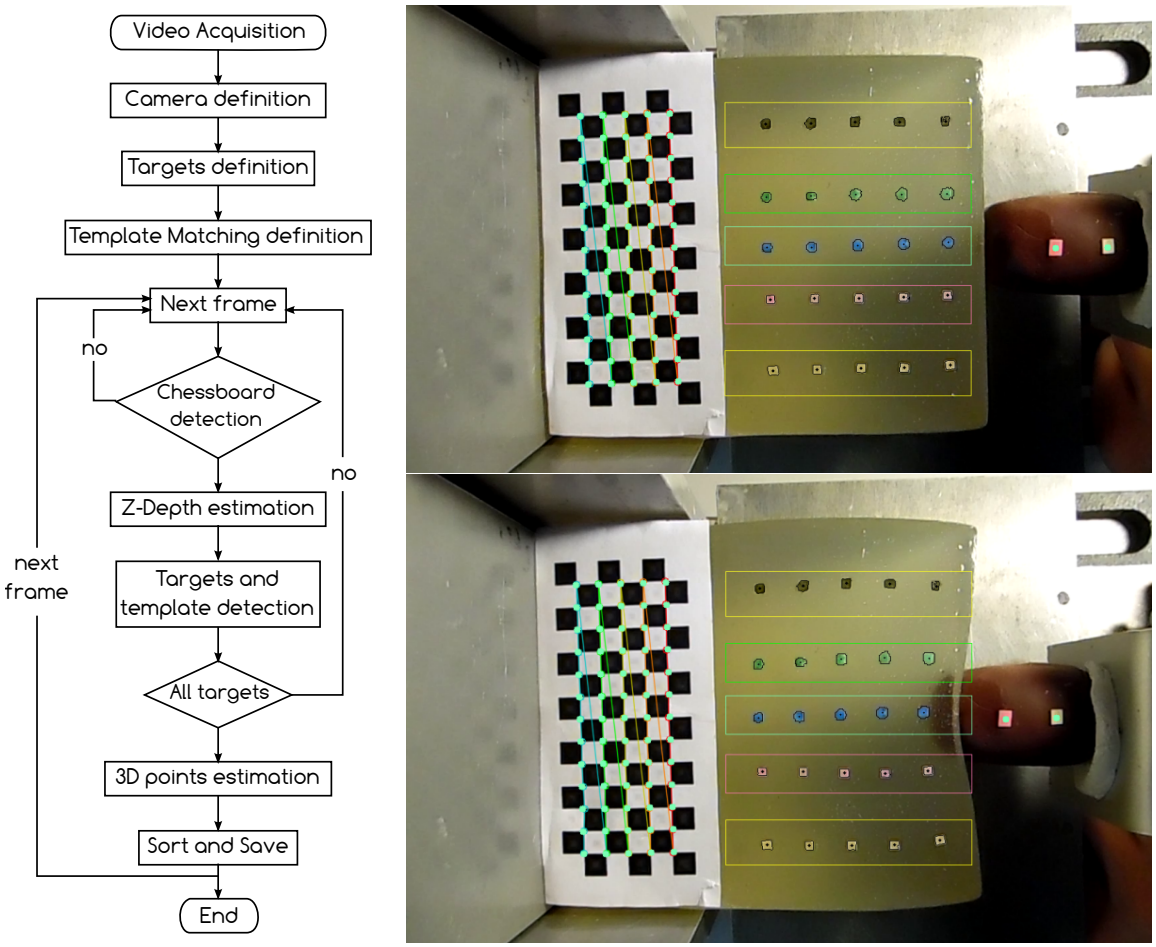


Figure 5.26 – Diagramme des tâches pour l'interprétation des données du banc de test et ses résultats à l'état initial et final.
Deux images à l'état inital puis final de la vidéo sont montrées. En surimpression sont projetés les résultats des différents traitements d'images réalisés pour acquérir les données. On remarque ainsi la projection de la mire de calibrage dans l'image, les centroïdes de chaque cible représentés par un point noir et le suivi des cibles collées sur le bout de sonde.

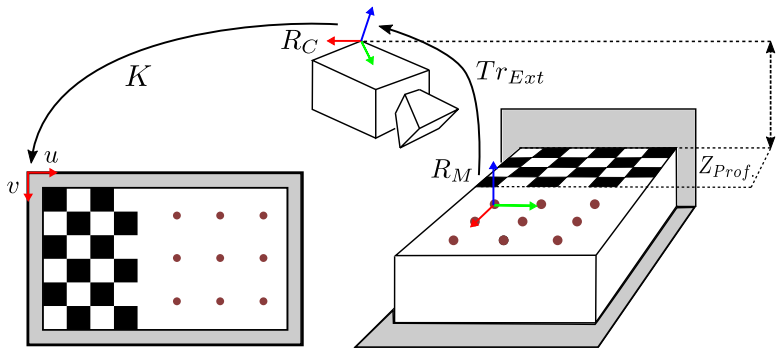


Figure 5.27 – Détection de la profondeur dans une image.
Le repère monde est défini comme la première cible à l'état initial du fantôme (non déformé) afin de faciliter sa construction dans les simulations.

du bout de sonde. Cette sphère permet de tester le contact avec les triangles, points et lignes du fantôme et d'adapter une réponse lors de collisions. Ce modèle fonctionne pour le type de test que nous faisons ici mais devient obsolète lorsque la partie tubulaire de la sonde entre en contact avec de la matière. Nous avons donc également créé une scène utilisant un maillage de la sonde où chacun des nœuds du maillage de la sonde est défini par une sphère pour avoir une réponse si la partie cylindrique de la sonde entre en contact avec le fantôme. Ces différentes méthodes sont illustrées dans la figure 5.28.

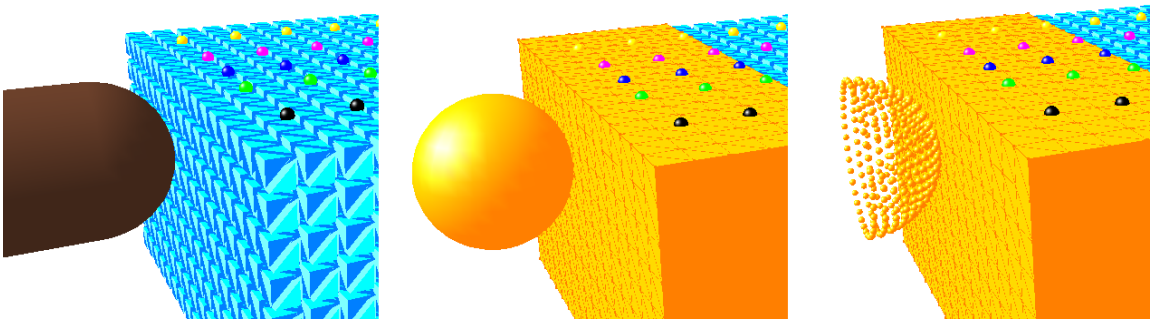


Figure 5.28 – Visualisation des différentes méthodes de collisions utilisées.
À gauche on retrouve notre méthode de collision prenant en compte l'ensemble de la sonde. Au milieu, une collision basée sur la méthode des pénalités et utilisant une seule sphère est présentée. À droite, la même méthode avec plus de sphères pouvant permettre de représenter la sonde dans son ensemble. Pour ces deux dernières des triangles utilisés pour la collision sont également identifiés sur le fantôme (couleur orange).

Une matrice de transformation permettant de passer des points 3D segmentés aux points de la simulation est également calculée. Cela nous permet de comparer à différents moments, la position réelle de nos cibles (vues à l'image) avec celles de la simulation. Nous utilisons pour cela un algorithme de recalage rigide de la littérature [Besl & McKay 1992] basé sur l'ICP [7].

3.4 Résultats

Deux vidéos sont présentées à l'adresse suivante

`http://www-timc.imag.fr/Johan.Sarrazin#Thesis`

dans le paragraphe "Evaluation of a probe constraint".

3.4.1 Mise en place du banc de test

L'étape de calibrage de la caméra nous donne une erreur de re-projection de 0.23 mm. Cette erreur correspond à la précision à laquelle on peut récupérer une position dans l'image à partir d'une position réelle 3D. Le parallélisme de la caméra avec la surface du fantôme a été évaluée en calculant sur les 24 premières images de la vidéo (sans déformations du fantôme) la position de 65 points de la mire en 3D. Une différence maximale de profondeur de

7. Iterative Closest Point

0.4 mm est calculée. Pour l'ensemble de ces 24 images, l'écart à la moyenne de la profondeur est inférieur à 10^{-2} mm.

La précision du modèle créé a également été évaluée en calculant une erreur de recalage entre la position des billes segmentées dans l'image puis exprimées en 3D dans le repère monde et les positions réelles de ces billes mesurées préalablement. Au final, nous obtenons une erreur de 0.34 mm à l'état initial du fantôme sans déformation. Cette erreur indique la précision avec laquelle on récupère des informations sur la position des cibles dans les images comparativement aux positions réelles de celles-ci (utilisées pour construire les simulations).

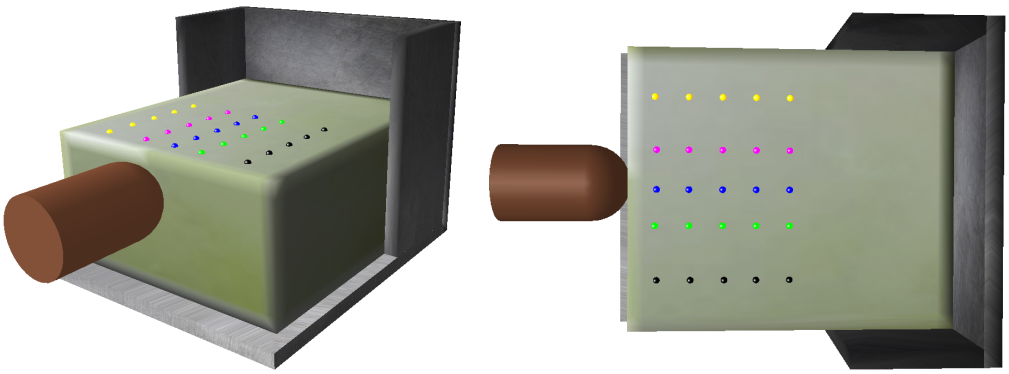
3.4.2 Simulation

La figure 5.29 présente différents états de la simulation au cours du temps pour notre méthode de collision. Préalablement aux résultats que nous présentons dans les sections ci-dessous, nous avons testé, dans une première approche, notre méthode de collision ainsi que la méthode de collision radiale en projetant les points, entrés en collision, en termes de position et de vitesse seulement. Le calcul par itération étant peu coûteux pour ce type de méthode, les résultats en temps par itération sont intéressants. Cependant, nous avons observé qu'une simple projection de position génère souvent des instabilités assez importantes au niveau des contacts des objets. Pour stopper les simulations après le déplacement de la sonde tout en laissant le temps au modèle de se stabiliser, nous définissons une métrique d'arrêt. On définit comme stable une simulation pour laquelle pour chaque itération, pendant 50 itérations, le déplacement moyen des cibles est inférieur à un seuil ici imposé à 0.004 mm. Cela signifie que le temps de stabilisation minimum sera obligatoirement de 50 itérations. Nous pouvons suite à cela calculer un temps de stabilisation qui correspondra au temps que met la simulations à se stabiliser après le déplacement de la sonde. Pour ces tests, le temps de stabilisation a varié entre 1.65 s et 2.53 s ce qui représente entre 56 et 84 itérations après l'arrêt des mouvements de sonde. De plus, les erreurs finales issues des simulations, comprises dans l'intervalle [1.02 ; 1.54] mm pour notre méthode et l'intervalle [1.07 ; 2.14] mm pour une projection radiale simple, sont assez élevées comparativement aux méthodes classiques des pénalités, comprises dans l'intervalle [0.66 ; 0.75] mm et présentées dans le tableau 5.6.

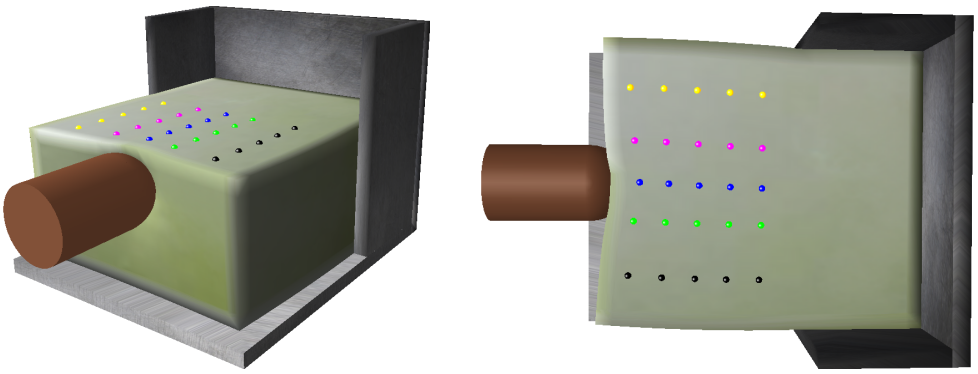
Matériau	Collision sphère			Collision sonde		
	RMS ± std (max)	t(s)	Nb. itér.	RMS ± std (max)	t(s)	Nb. itér.
Large-30kPa	0.71 ± 0.27 (1.21)	2.43	50	0.67 ± 0.35 (1.94)	3.16	54
Large-40kPa	0.72 ± 0.28 (1.24)	2.44	50	0.67 ± 0.35 (1.95)	3.26	54
Large-50kPa	0.71 ± 0.28 (1.22)	2.43	50	0.67 ± 0.35 (1.97)	3.10	54

Table 5.6 – Résultats de collisions obtenus en précision et en temps pour deux méthodes basées sur les pénalités.
Les mesures de temps représentent le temps de stabilisation après l'arrêt du déplacement de la sonde. La précision est donnée en mm.

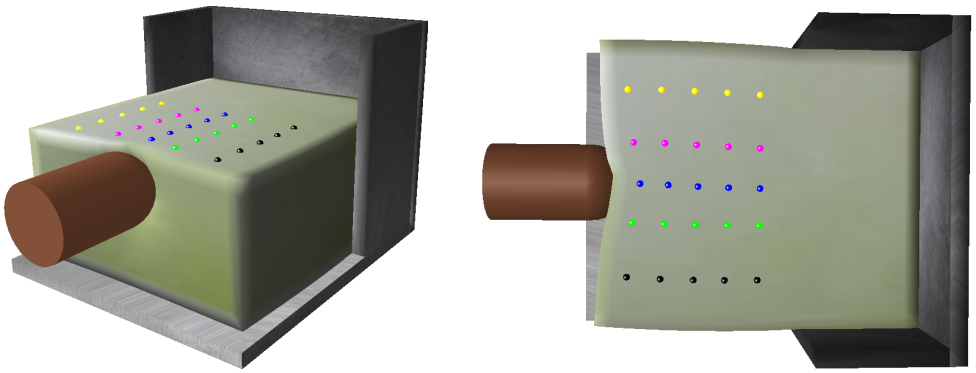
Dans un second temps, nous avons traduit la constante de non pénétration par une



(a) (b)



(c) (d)



(e) (f)

Figure 5.29 – Exemple d'une simulation de notre méthode de collision sur banc de test. *(a),(c) et (e) puis respectivement (b), (d) et (f) montre la collision à l'état initial, intermédiaire puis final pour un enfoncement de 1 cm du fantôme en gélatine. Les billes jaunes, roses, bleues, vertes et noires représentent les cibles collées sur le fantôme en gélatine. La mire de calibrage n'est pas représentée dans un souci de clarté. Le visuel gris proposé sur ces instantanés symbolisent les plans de contraintes du banc de tests qui sont modélisés par des contraintes de plan dans la simulation.*

force comme cela est décrit dans la section 3.2.2. Pour cela, la force de répulsion est calculée dans la dynamique des simulations des scènes que nous créons. Les résultats de ces nouvelles simulations sont présentées dans le tableau 5.7. Au final, nous obtenons des résultats très proches des méthodes des pénalités avec une différence d'erreur bornée à 0.15 mm. Sélectionner seulement une partie de la scène pour la détection de la collision nous permet de réduire le temps de calcul de détection des inter-pénétrations. De plus, dans notre méthode nous détectons exclusivement les nœuds du maillage tandis que pour les méthodes des pénalités, nous utilisons également les triangles et les lignes du maillage. Cela résulte en un gain net de presque 3 s pour un même nombre d'itérations nécessaires à la stabilisation des simulations.

Matériau	Notre méthode			Radial		
	RMS ± std (max)	t(s)	Nb. itér.	RMS ± std (max)	t(s)	Nb. itér.
Large-30kPa	0.79 ± 0.30 (1.37)	0.8	50	0.80 ± 0.30 (1.38)	0.65	50
Large-40kPa	0.79 ± 0.30 (1.38)	0.9	50	0.81 ± 0.30 (1.40)	0.67	50
Large-50kPa	0.80 ± 0.30 (1.38)	0.95	50	0.81 ± 0.30 (1.40)	0.69	50

Table 5.7 – Résultats de collisions obtenus en précision et en temps jusqu'à stabilisation pour notre méthode et la projection radiale.
Les mesures de temps représentent le temps de stabilisation après l'arrêt du déplacement de la sonde. La précision est donnée en mm.

Nous avons qualitativement étudié la différence en termes de valeur de contrainte mécanique entre notre méthode, la méthode radiale et la méthode des pénalités utilisant une seule sphère. Pour cela, nous avons affiché sur les éléments du maillage la contrainte équivalente de von Mises selon un gradient de couleur. Des illustrations sont données en figure 5.30.

De cette contrainte mécanique, les valeurs minimales et maximales pour l'ensemble du maillage ont été récupérées pour chaque méthode. Ces résultats sont présentés dans le tableau 5.8. Nous observons ainsi que la méthode des pénalités impose des contraintes sur un ensemble d'éléments plus importants que les deux autres méthodes que ce soit à la surface où à l'intérieur du matériau. Par ailleurs, un nombre plus important d'éléments subissent une forte contrainte. La méthode que nous proposons imposent des contraintes quasi-identiques à celles de la méthode radiale avec une concentration de la contrainte au niveau du bout de sonde. Bien que la méthode des pénalités impose plus de contraintes, les valeurs maximales pour la contrainte équivalente de von Mises sont obtenues avec les deux méthodes utilisant la projection des nœuds.

3.5 Discussion

Au travers de l'ensemble de ces tests, nous déduisons que notre méthode de collision est avantageuse en comparaison de la méthode des pénalités dans notre cas. En effet, celle-ci apporte un temps de calcul plus court par rapport aux pénalités et une meilleure stabilité par rapport à la méthode radiale classique. Cela peut être intéressant lorsque les modèles

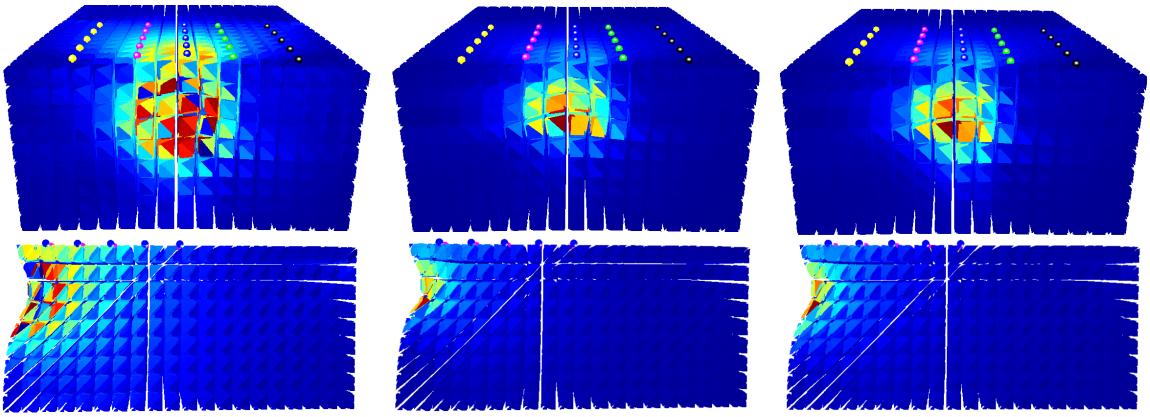


Figure 5.30 – Champ de contrainte équivalente de von Mises par élément après insertion de la sonde pour différentes méthodes de collision.
De gauche à droite, on observe la méthode de collision des pénalités avec une sphère, suivie de notre méthode de collision et enfin de la méthode radiale. De haut en bas, on a une vue de face suivie d'une vue de côté correspondant à une coupe centrée sur le milieu du fantôme. Le bleu correspond à une contrainte équivalente quasi-nulle et le rouge à la contrainte équivalente maximum.

Type collision	Minimum (Pa)	Maximum (Pa)
Collision sphère	[35 ; 45]	[23 000 ; 26 000]
Notre méthode	$\simeq$ 20	$\simeq$ 32 200
radial classique	$\simeq$ 19	$\simeq$ 32 300

Table 5.8 – Extremums de la contrainte équivalente de von Mises obtenus pour 3 tests de collision.

sont dédiés à un simulateur où seuls l'efficacité calculatoire ou encore le rendu visuel réaliste sont exigés.

Nous constatons que l'intégration de la force dans le calcul de la réponse à la collision nous permet d'obtenir des résultats très proches de la méthode des pénalités en termes de précision et avec une meilleure efficacité calculatoire. Aucune différence n'a été trouvée avec la méthode radiale classique. De plus amples essais peuvent être menés pour voir s'il existe une différence entre notre méthode et la méthode radiale classique en engendrant des contraintes plus fortes sur les modèles où la méthode radiale est moins performante que celle des pénalités. L'utilisation de modèles hyper-élastiques pour les objets de la scène serait alors nécessaire. Des tests pourraient également être faits pour tester notre méthode sur des lois de comportements basées sur les modèles discrets tels que les masses-ressorts. Dans ce genre de modèles, il est souvent exigé une efficacité calculatoire maximum d'où l'utilisation de méthodes de projections simples ou avec une intégration de la force.

Quant au banc d'essai, il est possible d'améliorer le processus d'acquisition de la profondeur dans cette méthode. Si l'hypothèse de parallélisme de la caméra et du fantôme ne peut pas être considérée, une solution serait de calculer l'équation du plan passant par le

plus grand nombre de points de la mire segmentée. La détermination du plan peut se réaliser à l'aide de la méthode des moindres carrés. Tout nouveau point segmenté sur le fantôme a alors une profondeur égale à la projection du point de l'image sur le plan de la mire.

4 Conclusion

Dans ce chapitre ont été présentés les principaux outils mis en place pendant cette thèse dans le but d'obtenir des acquisitions de données nécessaires à la mise en œuvre et à l'évaluation de modèles biomécaniques interactifs. Chacun des outils présentés a été évalué et validé dans l'optique d'être intégré dans notre chaîne de validation. Ainsi, deux méthodes de calibrage ont été déployées. La méthode d'étalonnage avec un plan et un localisateur (section 2.2) permet de réaliser des acquisitions de positions précises et robustes dans le cadre de banc d'essai expérimentaux. Un effort a été fait sur l'architecture logicielle afin de rendre l'algorithme utilisable simplement pour tout nouvel appareil échographique et de localisation. La méthode d'étalonnage Main-Œil d'un robot porte sonde (section 2.3) répond à une problématique d'acquisition clinique où des verrous à la fois scientifiques et ergonomiques ont été résolus. Une évaluation approfondie de la résistance au bruit de cette méthode de calibrage a été réalisée. Pour les deux méthodes de calibrage, une brique logicielle supplémentaire a été développée afin de rendre le calibrage indépendant des volumes échographiques acquis. Plusieurs acquisitions de différentes profondeurs pourront ainsi être faites sans toutefois étalonner de nouveau la sonde. Cela permet de rendre le calibrage plus robuste tant que la sonde n'est pas désolidarisée de la partie la situant dans l'espace comme le corps rigide pour un localisateur ou encore la fixation au bras d'un robot porte-sonde.

Une méthode de collision a également été développée et testée. Pour cela, un banc d'essai expérimental a été mis en place. Nous avons conclu que l'intégration de la force, pour notre méthode, dans la réponse à la collision était nécessaire pour obtenir des simulations précises, robustes et qui se stabilisent rapidement. Si la finalité du modèle est de créer des simulations où seuls l'efficacité calculatoire et le rendu visuel sont importants, la réponse à la collision peut être seulement faite par des contraintes projectives. Dans ce cas là, l'utilisation de notre méthode semble plus robuste que la méthode radiale classique dans des cas où les pas d'itérations sont grands.

Chapitre 6

Expérimentations sur des Données Réalistes

Sommaire

1 Introduction . . . 105
2 Description de la chaîne de validation . . . 106
2.1 Objet d'étude . . . 106
2.2 Calibrage . . . 108
2.3 Acquisitions . . . 108
2.4 Segmentation . . . 108
2.5 Construction des maillages . . . 109
2.6 Définition des modèles . . . 110
2.7 Simulations . . . 111
2.8 Métriques et Analyse . . . 113
3 Résultats . . . 115
3.1 Mouvements de la prostate . . . 115
3.2 Stabilité des simulations et temps de calcul . . . 115
3.3 Précision et robustesse des modèles biomécaniques . . . 117
3.3.1 Erreur d'ensemble . . . 118
3.3.2 Erreur par zone d'intérêt . . . 121
3.4 Erreurs de la chaîne de validation . . . 122
3.5 Pertinence du critère de stabilité . . . 123
3.6 Comparaison avec un modèle hyper-élastique . . . 124
4 Conclusion . . . 127

1 Introduction

Dans ce chapitre, nous allons utiliser la chaîne de validation présentée au chapitre 4 pour l'évaluation et la validation de modèles biomécaniques dédiés à la déformation et aux bougés de la prostate lors d'échographies transrectales. Comme nous allons le voir dans les sections qui suivent, cette chaîne de validation va nous permettre de comparer tout un panel de modèles biomécaniques en changeant à la fois leurs résolutions, leurs paramètres mécaniques tels que l'élasticité du tissu ou encore les algorithmes utilisés pour résoudre la méthode des éléments finis. Tous ces tests vont nous permettre de sélectionner des types de modèles qui conviennent le mieux aux exigences que nous nous sommes fixées en termes de précision et temps de calcul. Comme nous le disions en introduction de cette thèse, nous cherchons à créer des modèles biomécaniques assez précis pour nous permettre le suivi de

cibles dans les images échographiques tout en conservant un temps de calcul compatible avec une utilisation pendant l'intervention. Pour réaliser ces tests, un fantôme réaliste de prostate permettant de mimer au plus près le comportement de cet organe lors de sessions de biopsies prostatiques transrectales est créé et utilisé.

Pour expliciter ce travail, nous présentons pas à pas, au fil de la chaîne de validation, les outils utilisés pour générer et étudier les simulations. Dans un deuxième temps, nous détaillons les résultats obtenus pour l'ensemble des paramètres, maillages et modèles observés. Enfin, nous commentons les résultats obtenus au travers d'une conclusion.

2 Description de la chaîne de validation

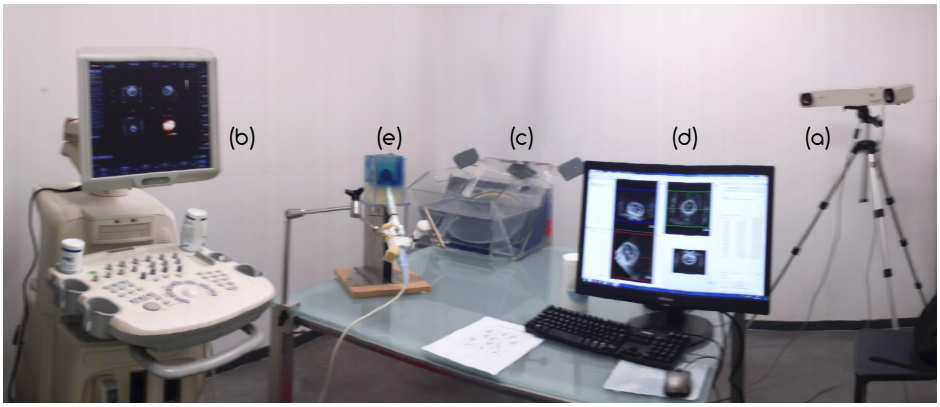


Figure 6.1 – Banc d'essai pour l'acquisition d'échographies sur fantôme réaliste. *Dans l'ordre, (a) désigne le localisateur permettant, en plus des acquisitions échographiques via l'échographe (b), l'acquisition des positions de la sonde et du bac de calibrage (c). Un PC de manipulation (d) est utilisé pour stocker les données et utiliser l'algorithme de calibrage. Enfin, un fantôme d'environnement pelvien contenant une prostate (e) est utilisé après le calibrage pour obtenir les images servant à l'évaluation des modèles.*

2.1 Objet d'étude

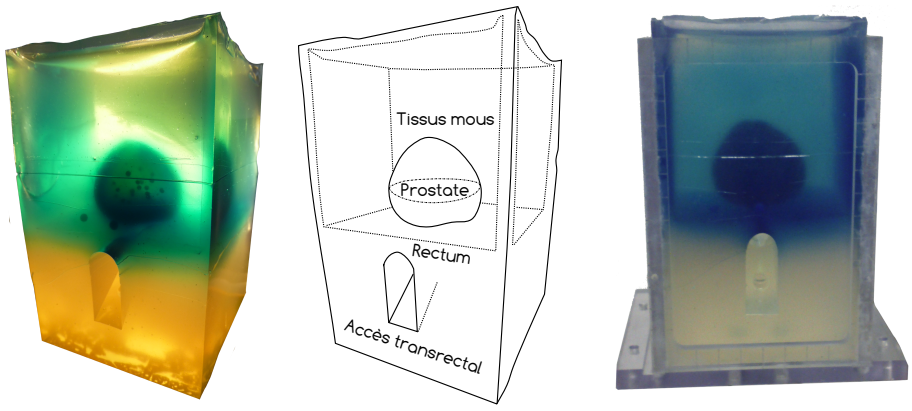
Pour ce banc de test, un fantôme de prostate et de son environnement a été réalisé en suivant le protocole proposé par [Hungr *et al.* 2012]. Ce fantôme est visible au scanner, en IRM et à l'échographie. Afin de mimer le comportement mécanique de la prostate dans son environnement, lorsqu'elle est soumise à des déplacements et des déformations, différentes parties ont été créées avec des propriétés élastiques différentes. Comme le montre la figure 6.2, ce fantôme est composé :

- d'une partie réalisée à l'aide d'un PVC dit "standard" permettant de modéliser à la fois **la zone du rectum et tout le pourtour du fantôme** pour qu'il puisse avoir une bonne tenue. La zone du rectum comporte une cavité permettant de simuler l'accès rectal que l'on rencontre lors d'une biopsie de prostate.
- de tout un bloc, fabriqué à l'aide d'un PVC plus mou, modélisant **les tissus entourant la prostate** tel que les muscles ou encore les tissus adipeux.

- d'une **prostate**. Celle-ci a été élaborée à partir de la segmentation d'un volume IRM acquis sur un patient. Cet organe étant plus rigide que les tissus l'entourant, une solution de PVC dit "standard" a également été utilisée. Comme nous le verrons par la suite, cette solution permet d'obtenir une raideur similaire à celle trouvée dans la littérature. Pour visualiser correctement la prostate dans son environnement, une surcouche de PVC, mélangé avec un colorant bleu, a été fabriquée autour de celle-ci.

- Afin de mesurer la qualité des simulations, des **billes de 2 mm de diamètre**, fabriquées à l'aide de pâte FIMO [1] (Staedtler Mars Gmbh & Co, Nüremberg, Allemagne), ont été insérées dans la prostate. Celles-ci remplacent les micro-kystes ou calcifications observables dans de vraies prostates et utilisées comme marqueurs lors de nos simulations. Le fantôme ayant été conçu spécialement pour pouvoir être échogène en certaines parties, il est possible de suivre au travers des différentes acquisitions, les marqueurs, les déplacements et les déformations de la prostate.

- Lors des acquisitions, ce fantôme est enfermé dans une **boîte en plexiglas** afin de modéliser les contraintes produites par les os pelviens. Cette boîte est ouverte sur les zones antérieure et postérieure du fantôme afin de pouvoir reproduire les mouvements de prostate observés lors de biopsies et de l'insertion d'une sonde endo-cavitaire. La construction de ce fantôme avec des parties de différentes raideurs permet également les déplacements latéraux et crânio-caudaux.



(a) (b) (c)

Figure 6.2 – Fantôme d'un environnement de prostate.
(a) présente une photo du fantôme de prostate réaliste en termes de déformations et déplacements. Les points que l'on observe au niveau de la prostate sont des billes utilisées comme marqueurs. (b) représente le schéma de ce fantôme. On observe ainsi l'accès transrectal facilitant l'insertion de sonde comme lors d'une réelle biopsie de prostate. L'image (c) montre le fantôme enfermé dans la boîte en plexiglas.

1. http ://www.staedtler.com/en/products/products-for-modelling-and-crafting/

2.2 Calibrage

Le calibrage du banc d'essais, nécessaire pour obtenir l'ensemble des données dans un espace commun, a été réalisé à l'aide de la méthode [Baumann *et al.* 2008] utilisant un bac de calibrage. Cette méthode a été présentée précédemment dans ce manuscrit (voir chapitre 5 section 2.2). Ainsi, un localisateur optique passif Polaris P4 (NDI, Waterloo, Ontario) a été utilisé pour obtenir les positions de la sonde échographique et du fantôme dans un repère mathématique commun. Un corps rigide avec des marqueurs passifs est associé à la sonde et au fantôme de calibrage. La littérature nous indique que ce type de localisateur a une erreur RMS de calibrage intrinsèque de 0.27 mm [Elfring *et al.* 2009]. En ce qui concerne la modalité d'imagerie, un Medison SonoAce X8 (Samsung, Seoul, Corée du Sud) nous a permis d'acquérir une batterie de volumes échographiques à l'aide d'une sonde 3D transrectale. Pour ce calibrage sonde-localisateur, nous avons acquis 12 volumes de même profondeur nous laissant le choix du type de calibrage selon le déroulement des acquisitions sur fantôme. En effet, dans le chapitre 5 section 2.2, nous présentons un développement, réalisé pendant cette thèse, permettant d'effectuer ce calibrage soit sur le repère mathématique de l'image (technique classique), soit sur un centre virtuel de sonde permettant de rendre le calibrage plus robuste aux changements de paramètres de la sonde. Ces volumes ont une profondeur de 8 cm pour une résolution de 0.43 mm par voxel le long de chaque direction (x,y,z). L'ensemble de la manipulation est montrée dans la figure 6.1.

2.3 Acquisitions

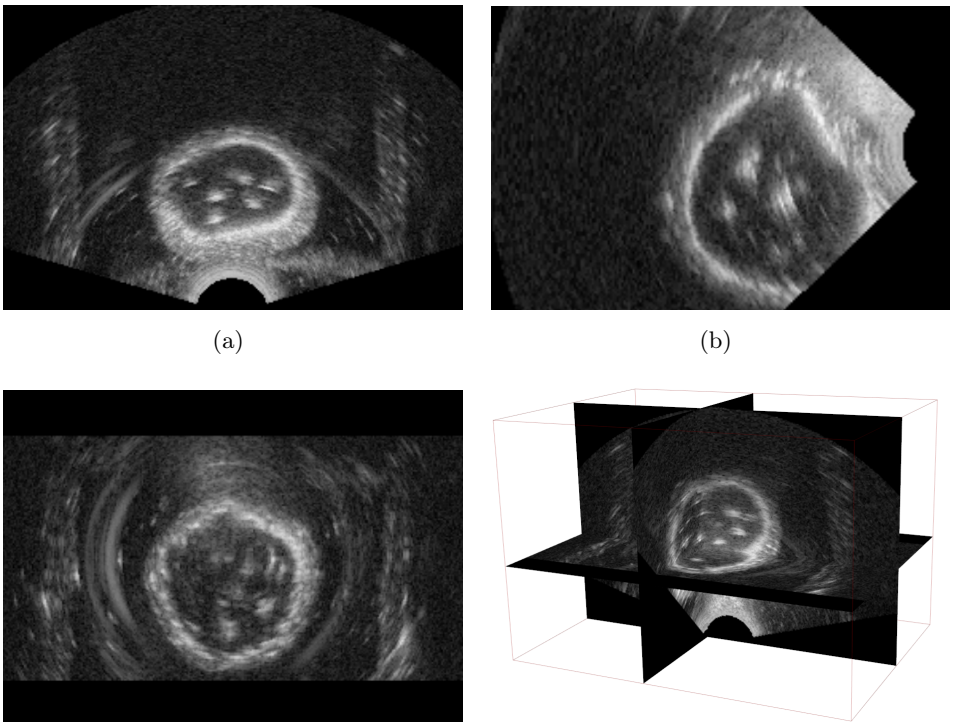
Pour étudier l'ensemble des modèles biomécaniques, nous avons acquis deux volumes échographiques du fantôme dans un état non déformé. Ces deux premiers volumes ont permis la segmentation et la construction du maillage du fantôme d'une part, et la segmentation dans leur position initiale de l'ensemble des 21 billes contenues dans le fantôme.

Ensuite, onze volumes mimant des mouvements de sondes typiques d'une session de biopsies classique induisant des bougés et déformations de la prostate ont été acquis. Un résultat d'acquisition est présenté en figure 6.3. Pour chacun de ces mouvements, le suivi via le localisateur nous a permis d'enregistrer l'orientation et la position de la sonde lors de l'acquisition des volumes afin de les reproduire dans nos simulations. Au final, un déplacement moyen de sonde de 10.0 ± 3.2 mm a été observé avec des valeurs comprises entre 4.4 mm et 16.4 mm.

2.4 Segmentation

Une segmentation manuelle faite par un seul opérateur a été réalisée afin de contourer la prostate et les frontières du fantôme. Le même principe a été utilisé pour segmenter l'ensemble des cibles pour chacun des volumes déformés (en moyenne 20 billes par volume). Pour vérifier la cohérence de la segmentation des cibles pour chacun des volumes, un test statistique Kolmogorov-Smirnov [2] a été utilisé en segmentant trois fois chacun des volumes

2. test d'hypothèse utilisé pour déterminer l'adéquation de deux échantillons. Ce test peut être non-paramétrique.



(a) (b)

(c) (d)

Figure 6.3 – Échographie volumique du fantôme réaliste de prostate
Respectivement (a), (b) et (c) montrent une coupe axiale, sagittale et coronale de l'échographie 3D (d). Le colorant ajouté au PVC produit différentes échogénicités permettant de visualiser les interfaces entre les différentes parties du fantôme.

à des périodes espacées. Cela nous permet de vérifier que malgré les artéfacts induits par les ultrasons, l'opérateur segmente avec peu de variabilité. Par ce test, nous avons testé l'hypothèse nulle que les deux échantillons utilisés viennent de populations de même distribution avec un niveau de rejet imposé à 1 %. Pour l'ensemble des 13 volumes segmentés trois fois, l'hypothèse nulle n'a jamais été rejetée.

2.5 Construction des maillages

L'algorithme Marching Cubes [Lorensen & Cline 1987] a été utilisé afin d'obtenir un maillage de surface triangulaire de la prostate à partir de sa segmentation. De nombreux traitements ont été appliqués sur le maillage afin de réduire le nombre de points et de triangles et également pour le lisser. Ces algorithmes sont le lissage de Taubin, un outil pour fusionner les points les plus proches, et d'autres outils de simplification. La génération du maillage volumique a été faite à l'aide du logiciel Gmsh permettant la construction de tétraèdres. Les maillages de la prostate, des tissus environnants et de la paroi rectale ont été générés indépendamment via Gmsh puis fusionnés a-posteriori grâce au framework CamiTK.

Pour évaluer le bon compromis entre le temps nécessaire au calcul des simulations et la précision de différents modèles, nous avons généré des maillages de différentes résolutions comme résumé dans le tableau 6.1. Au final, trois résolutions ont été utilisées. Une première, grossière, est composée de 7316 tétraèdres au total puis deux autres maillages sont construits avec les mêmes résolutions de prostate (3078 tétraèdres) et du tissu environnant (8523 tétraèdres) mais avec une paroi rectale lieu du contact avec la sonde, mieux définie pour l'un des modèles.

Résolutions	Prostate	Tissu environnant	Paroi rectale et Pourtour	**Total**
Haute	3078	8523	3569	**15170**
Moyenne	3078	8523	3255	**14856**
Basse	412	3649	3255	**7316**

Table 6.1 – Récapitulatif des résolutions utilisées pour le maillage du fantôme.
Les maillages sont constitués exclusivement de tétraèdres. Ne sont pas mentionnés les triangles de surface.

Il est à noter que les billes ne sont pas modélisées comme des objets physiques dans les simulations pour éviter la construction de maillage avec un sur-échantillonnage au niveau de celles-ci.

2.6 Définition des modèles

L'ensemble des simulations ont été calculées à l'aide de la méthode des éléments finis. Afin de reproduire le processus d'acquisition des volumes sur le fantôme, tout en gardant un maximum de fidélité avec la réalité, nous avons appliqué les conditions aux limites suivantes :

- L'effet de la boîte en plexiglas permettant de contenir le fantôme est simulé à l'aide de contraintes de plans. Aucun nœud du maillage ne peut franchir ces plans mais ceux-ci peuvent glisser comme lors de frottements observés dans la réalité au niveau de l'interface fantôme-boîte en plexiglas.
- Une contrainte projective, présentée dans le chapitre 5 section 3, a été développée et utilisée afin de modéliser l'interaction entre la sonde et le fantôme. Cette méthode nous a permis d'éviter les méthodes de collision classiques basées sur les pénalités ou encore les méthodes basées sur les lagrangiens qui peuvent devenir très coûteuses en temps de calcul.

Pour évaluer la sensibilité des paramètres utilisés dans les modèles à éléments finis différents jeux de données, où le coefficient de Poisson ou encore le module de Young varient, ont été créés. Un premier jeu de données est construit à partir des informations du fabricant de PVC. Un deuxième jeu a été établi à l'aide d'un appareil de mesure de l'élasticité fabriqué au TIMC-IMAG et appelé LASTIC [Schiavone *et al.* 2010]. En effet, en sachant que la raideur du PVC évolue avec le temps, nous avons voulu avoir une donnée "de terrain" quelques jours après la fabrication du fantôme afin de voir si ces paramètres variaient avec les données du fabricant. Finalement, nous avons également construit un jeu de données avec des valeurs de raideurs arbitraires plus faibles afin d'avoir une borne inférieure pour ces jeux de données

et observer l'intérêt de connaître plus ou moins précisément les vraies valeurs du module de Young. Nous appellerons respectivement ces jeux YMSet1, YMSet2 et YMSet3 dans les sections suivantes de ce manuscrit. Trois coefficients de Poisson allant de 0.4 à 0.49 ont également été testés. Les valeurs de chacun des jeux sont résumées dans le tableau 6.2.

Paramètres par tissu		Prostate	Tissu environnant	Paroi rectale et Pourtour
Module de Young (kPa)	YMSet1	60	30	60
	YMSet2	50	16	50
	YMSet3	40	10	40
Coefficient de Poisson		0,49 - 0,45 - 0,40		

Table 6.2 – Récapitulatif des jeux de paramètres utilisés lors de la définition des modèles. *Le module de Young est donné en kPa. YMSet1 : données du fabricant, YMSet2 : LASTIC, YMSet3 : données arbitraires.*

En ce qui concerne la nature du matériau employé, nous avons décidé d'utiliser un modèle élastique linéaire. Ce modèle suit la loi de Hooke pour un matériau d'élasticité isotrope. Le modèle linéaire permet d'évaluer le comportement du matériau subissant de faibles amplitudes de déformations. En faisant ces hypothèses, nous pouvons alors définir l'élasticité du matériau simplement avec le coefficient de Poisson et le module de Young décrit plus haut. Le choix de ce modèle est discuté dans la partie résultat après le test d'un modèle hyper-élastique Neo-Hookéen. Pendant cette expérimentation, seule la modélisation de l'impact de la sonde endorectale est modélisée. Volontairement nous ne modélisons pas l'insertion d'aiguilles. Lors de biopsies, il est utilisé un guide aiguille fixé rigidement à la sonde. Ce guide permet de visualiser l'aiguille dans la coupe axiale centrale du volume échographique. En plus de cet outil, un pistolet à biopsie permet de ponctionner très rapidement la zone ciblée. [Baumann *et al.* 2012, Xu *et al.* 2008] rapportent que l'utilisation d'une telle méthode amène très peu de déplacements et de déformations de la prostate.

2.7 Simulations

Le logiciel Sofa [Faure *et al.* 2012] a été utilisé pour effectuer les simulations. Le développement de ce logiciel nous permet à la fois d'effectuer une multitude de tests et de pouvoir développer des plugins tels que notre méthode de collision discutée dans le chapitre précédent. Trois différentes implémentations des méthodes à éléments finis ont été utilisées sur les maillages tétraédriques pour simuler les acquisitions réalisées sur le banc de test. Ces méthodes sont :

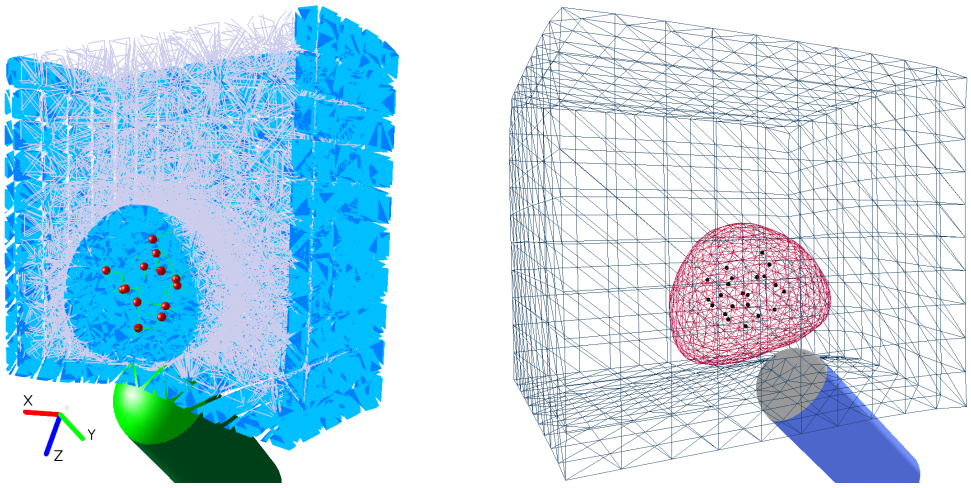
- FEM-Small : il s'agit de la méthode classique de résolution de la méthode des éléments finis pour de petits déplacements. Cette méthode provoque le gonflement des éléments lors de grandes rotations.
- FEM-Large : cette méthode permet de prendre en compte de plus grands déplacements grâce à une formulation co-rotationnelle avec une décomposition QR afin de trouver les valeurs propres du système [Nesme *et al.* 2005].
- FEM-SVD : également faite pour de plus grands déplacements grâce à la formulation

co-rotationnelle, cette méthode permet de trouver les valeurs propres à l'aide d'une décomposition SVD.

Pour ces deux dernières, le déplacement est décomposé en une rotation rigide combinée à une déformation. La méthode du gradient conjugué a été utilisée afin de résoudre les systèmes d'équations linéaires donnés par la méthode des éléments finis. Couplé à cela, un schéma d'Euler implicite a été utilisé pour résoudre l'ensemble des interactions et contraintes au cours du temps à partir de la solution mécanique calculée par les éléments finis. Dans un souci d'optimisation du temps, le seuil de convergence du gradient conjugué a été bloqué à un nombre de 15 itérations par pas de temps. Ainsi, à chaque pas de temps de la simulation, une solution aux équations des éléments finis est calculée à l'aide du gradient conjugué puis les contraintes (telles que notre méthode de collision) sont appliquées. Le schéma d'Euler permet de rendre la simulation dynamique.

En reprenant l'ensemble des paramètres testés et des acquisitions réalisées, un ensemble de 81 combinaisons de paramètres a été testé sur 11 déplacements de sonde ce qui donne un nombre total de 891 simulations. Pour toutes les simulations, la sonde est initialement positionnée au contact du maillage, au niveau du rectum dans le fantôme. Ensuite, elle est déplacée itérativement pendant 600 pas de temps alternant un temps de pause et un temps de déplacement pour arriver à la position finale enregistrée pour chaque acquisition à l'aide du localisateur optique et projetée dans le repère commun. Ces 600 pas ont duré entre 21 et 32 s dans l'ensemble. Ces temps ne reflètent pas forcément ce qui se passe dans la réalité puisque seule la position finale de la sonde, lors de l'acquisition, est acquise avec ce banc de test. Toutefois, un effort particulier a été réalisé lors des simulations pour reproduire le geste fait juste avant l'acquisition pour simuler à peu près les mêmes contraintes autour de la sonde. Pour cela, le protocole suivant a été adopté : pour chaque nouvelle acquisition, la sonde est retirée du fantôme. S'ensuit une étape d'insertion de la sonde dans le plan du rectum puis une étape de levier pour atteindre la position souhaitée. Lors des simulations, cet effet de levier est reproduit. Toutes les simulations ont été réalisées à l'aide d'un ordinateur possédant un processeur Intel Core i7-3770 CPU@3.40GHz et de 8Go de RAM. Un exemple de simulation est donné en figure 6.4.

Les billes sont intégrées à la simulation grâce au calcul des coordonnées barycentriques du centre des billes dans les tétraèdres les contenant. Ainsi, les billes peuvent être suivies lors des déformations et on peut donc déduire la position des billes à l'état final de la simulation. Pour considérer une simulation comme terminée, nous avons défini deux critères de stabilité basés à la fois sur le temps et les mouvements des billes. Ce critère de stabilité est différent de la notion de convergence d'une simulation. En effet, puisque nous travaillons avec des simulations dynamiques, le calcul de convergence est réalisé pour chaque itération. Dans notre cas, nous définissons un moyen de stopper une simulation, considérée comme stable, à partir du déplacement d'objets au cours du temps. Le premier critère, dit par-défaut, a été défini de manière empirique et est atteint lorsque la moyenne des déplacements des billes est inférieure à 0.004 mm pour chaque itération de la simulation et pendant 50 itérations. Un deuxième critère, dit plus restrictif, est destiné à étudier les tendances que nous observons avec le critère par-défaut. Il est établi de la même façon que le précédent mais la moyenne des déplacements des billes pour chaque itération doit être inférieure à 0.0025 mm. Finalement, si les simulations ne peuvent atteindre ces critères, celles-ci sont systématiquement stoppées



(a) (b)

Figure 6.4 – Déformation du fantôme de prostate avec une méthode à éléments finis. *(a) montre une coupe du fantôme pendant la simulation et (b) montre le fantôme dans son ensemble.*

après 9000 itérations et sont considérées comme des échecs. Ce système de critères a été développé pendant cette thèse et intégré au framework CamiTK/MML fournissant un moyen de monitorer des simulations [Deram *et al.* 2012].

2.8 Métriques et Analyse

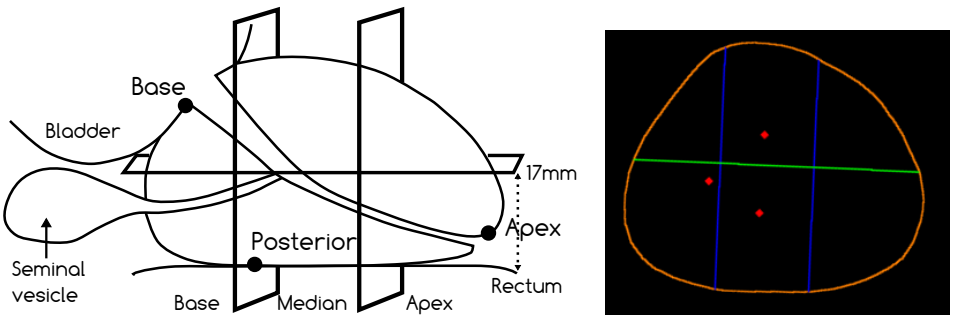
L'évaluation statistique de chacun des modèles biomécaniques a été faite à l'aide de la segmentation des billes réalisées dans onze volumes échographiques où la prostate a été déformée en mimant le geste de l'urologue. Il s'agit de comparer la position réelle des billes du fantôme déformé par déplacement de la sonde à la position issue de la simulation des déplacements de la sonde. Les erreurs ont été calculées dans le repère de référence, commun à tous les volumes depuis l'étape de calibrage. L'erreur RMS que nous calculons est donnée à partir de la distance euclidienne entre la position segmentée des billes dans les volumes déformés et les résultats de simulation, comme suit :

$$\varepsilon_{RMS} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{m}(\hat{Q}_{iR}^{j} - P_{iR}^{j})^2}{n.m}} \tag{6.1}$$

où $\hat{Q}_{iR}^{j}$ est la position segmentée de la j^{ieme} bille dans le i^{ieme} volume US et exprimée dans le repère de référence R. P_{R}^{j} est, quant à elle, la position à la fin de simulation de la j^{ieme} bille segmentée initialement dans le volume non-déformé exprimée dans le repère de référence. Une erreur RMS est également calculée pour chacune des directions du repère géométrique. Cette métrique est utilisée afin d'observer l'effet de la correction de la vitesse du son dû au PVC utilisé comme nous l'avons décrit dans le chapitre 5. L'étude sur chacun des axes permet également de voir si des conditions aux limites et des contraintes on été mal restituées dans les simulations.

Par ailleurs, la prostate a été découpée en régions en suivant le protocole de biopsies dit 12-cœurs (voir la section 3.2.3 du chapitre 2). Ainsi, nous avons pu étudier la précision des modèles pour chacune des parties anatomiques de la prostate représentée dans la figure 6.5. Au final, la prostate est divisée en trois parties axiales appelées respectivement Apex, Median et Base dans l'axe antéro-postérieur et en deux parties coronales. Cette dernière séparation est réalisée à 17 mm de la partie de la prostate en contact du rectum. Cette longueur a été choisie car elle représente la longueur d'une ponction au cours d'une biopsie conventionnelle. Une bibliothèque C++ a été développée afin de générer automatiquement ces découpes avec un ajustement possible par l'utilisateur via une interface graphique. Afin d'observer les mouvements de la prostate, trois points anatomiques sont également suivis pendant les simulations, à savoir, l'apex, la base et le point postérieur en contact avec le rectum comme le montre la figure 6.5. Le volume de la prostate est également monitoré. Pour calculer le volume, nous utilisons le théorème de la divergence de Green Ostrogradski qui montre l'égalité entre l'intégrale de surface et l'intégrale de la divergence d'un champ vectoriel sur un volume défini par cette surface [Schneider & Eberly 2002]. À partir des triangles de surface de la prostate, nous pouvons donc obtenir le volume de celle-ci. Ce moniteur nous permet de vérifier que le maillage ne subit pas de forts changements de formes pendant la simulation.

Enfin, le temps de calcul nécessaire à l'atteinte de la stabilisation des simulations a été suivi. Ce temps indique seulement la durée une fois la sonde déplacée et représente donc un temps de stabilisation établi selon les critères empiriques que nous avons définis préalablement.



(a) (b)

Figure 6.5 – Division de la prostate selon le protocole 12-cœurs.
(a) schématise la division de la prostate et (b) représente la coupe centrale sagittale du volume échographique contouré et non déformé du fantôme de prostate. Les couleurs orange, verte, bleue et rouge désignent respectivement le contour de prostate, la division coronale, les divisions axiales et la segmentation de billes retrouvées dans l'échographie 3D.

3 Résultats

3.1 Mouvements de la prostate

Avec un total de onze mouvements réalisés pendant cette expérience, les plus grands déplacements sont observés dans les directions caudo-craniale et antéro-postérieure. Les trois points anatomiques apex, postérieur et base ont un déplacement mesuré moyen de respectivement 4.4 mm, 2.3 mm et 3.8 mm. Nous obtenons également une rotation maximum de 4.4 degrés sur l'axe antéro-postérieur. L'ensemble de ces résultats, mis en corrélation avec les déplacements effectués et présentés dans les sections précédentes, montrent que le fantôme subit des déplacements en correspondance avec les mesures issues de la littérature et décrites dans l'introduction de ce manuscrit (chapitre 2 section 4). La figure 6.6 présente des exemples de ces mouvements et rotations mesurés pour le fantôme et plus précisément pour les 3 points anatomiques suivis sur la prostate.

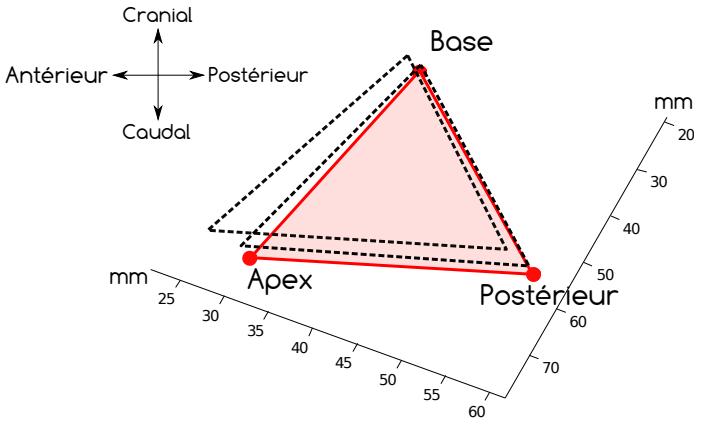


Figure 6.6 – Mouvements de prostate induits par 2 mouvements de sonde dans un fantôme PVC.
Seuls les 3 points anatomiques (Apex, Postérieur, Base) décrits précédemment sont présentés dans un souci de meilleure lisibilité. Le contour rouge représente la prostate à l'état initial de la simulation. Les contours en pointillés sont deux exemples de déplacements et rotations de la prostate.

3.2 Stabilité des simulations et temps de calcul

Avant l'évaluation des différentes simulations et des modèles utilisés en termes de précision, nous avons étudié leur temps de stabilisation. Pour rappel, nous considérons seulement comme temps de stabilisation, le temps réel (utilisateur) nécessaire aux simulations pour atteindre le critère de stabilité une fois tous les déplacements de la sonde terminés. Sur l'ensemble des 891 simulations nous observons que l'implémentation du calcul des éléments finis avec la méthode FEM-Large donne les meilleurs résultats en termes d'efficacité calculatoire pour les trois types de résolutions. En moyenne, le temps de stabilisation est de 3.3 s pour la haute résolution, 7.2 s pour la moyenne résolution et enfin 8.7 s pour la résolution la plus

faible, voir figure 6.7. Le graphique montre en effet que cette méthode permet d'atteindre plus rapidement à la stabilisation du système dynamique que ce soit en termes d'itérations ou de secondes. Il montre également qu'une plus haute résolution permet de stabiliser plus vite les simulations.

Pour étoffer ces constats, nous avons effectué une série de tests statistiques. Nous avons tout d'abord utilisé une analyse de la variance (ANOVA) à un facteur pour voir s'il existait des différences significatives entre les différents temps trouvés. Le seuil de significativité est fixé à 5%, valeur classique utilisée dans la littérature comme par exemple [van de Ven *et al.* 2015, Hu *et al.* 2011]. Cette étude permet d'affirmer que le temps de stabilisation est significativement impacté en fonction de la résolution des maillages. Le test alternatif HSD de Tukey indique que les maillages avec une haute résolution sont significativement différents des résultats avec un maillage de moyenne résolution (p-valeur < 0.0001) et de faible résolution (p-valeur < 0.0001). Le choix de l'implémentation des éléments finis joue également un rôle majeur dans le temps nécessaire à la stabilisation des simulations. Ainsi, le test alternatif HSD de Tukey montre une différence significative entre FEM-Large et FEM-SVD (p-valeur <0.0001), une différence marginale entre FEM-Large et FEM-Small (p-valeur $= 0.04$) et aucune différence constatée entre FEM-Small et FEM-SVD (p-valeur $= 0.12$). Les statistiques reflètent les tendances affichées par les graphiques présentés dans la figure 6.7.

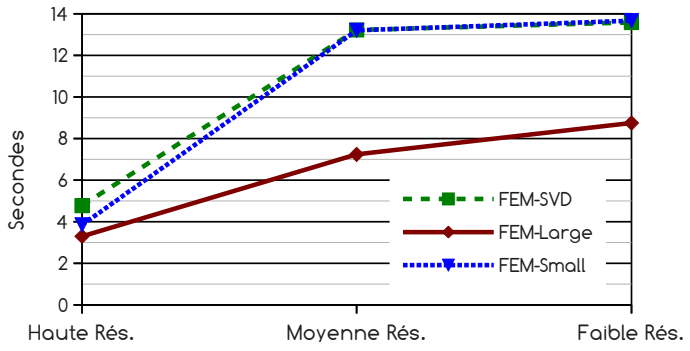
Le graphique présenté en figure 6.7 (b) montre le nombre d'itérations du schéma d'Euler permettant d'arriver à la stabilisation en fonction des différentes résolutions et cela pour les trois types d'implémentations FEM. Nous y observons ainsi que, pour la méthode FEM-Small, plus la résolution est faible plus il est nécessaire d'avoir d'itérations pour stabiliser les simulations et cela dans des proportions beaucoup plus importantes que les deux autres méthodes (deux fois plus). Ces dernières demandent, quant à elles, à peu près le même nombre d'itérations. La corrélation des résultats en secondes et itérations nous indique qu'une itération avec la méthode FEM-SVD demande un temps calculatoire beaucoup plus conséquent que les deux autres méthodes.

La différence dans le nombre d'itérations montre que les simulations avec une faible résolution ont plus de mal à se stabiliser. Nous nous sommes donc intéressés au nombre de simulations qui n'atteignent pas le critère de stabilité imposé. Au final, on observe que pour le critère de stabilité dit par-défaut [3], toutes les simulations avec un maillage de haute résolution convergent tandis que 15 simulations échouent pour la moyenne résolution et 27 pour la basse résolution. L'ensemble des ces données est résumé dans le tableau 6.3. Finalement, on constate que la méthode FEM-Small a le plus haut taux d'échec, suivi par la méthode FEM-SVD. FEM-Large donne le plus faible taux d'échec. Pour renforcer cette observation, les 891 simulations ont été relancées avec un critère de stabilité plus restrictif [4]. Les résultats sont également présentés dans le tableau 6.3 et confirment la tendance observée précédemment, à savoir :

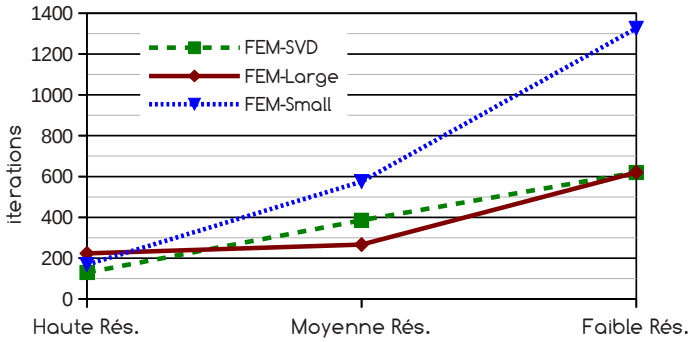
- plus la résolution est basse plus la stabilisation échoue ;

3. C'est à dire quand le mouvement moyen des billes pour chaque itération est inférieur à 0.004 mm à chaque itération pendant 50 itérations

4. C'est à dire quand le mouvement moyen des billes pour chaque itération est inférieur à 0.0025 mm à chaque itération pendant 50 itérations



(a)



(b)

Figure 6.7 – Temps de calcul nécessaires à la stabilisation des simulations.
(a) représente le temps de calcul en termes de secondes utilisateurs tandis que (b) représente le temps de calcul en termes d'itérations.

- l'implémentation FEM-Small a tendance à donner le plus fort taux d'échec ;
- pour de moyennes et hautes résolutions de maillages, les implémentations FEM-SVD et FEM-Large sont presque équivalentes en termes de succès de stabilisation ;

De ces observations, on déduit que l'utilisation de la méthode FEM-Large avec des maillages de moyennes et hautes résolutions est un bon compromis en termes de temps de stabilisation en comparaison du pourcentage d'échecs des simulations. Au contraire, on observe que l'implémentation FEM-Small prend plus de temps à se stabiliser et échoue de nombreuses fois, la stabilité étant non-atteinte. Les déplacements de sonde que nous effectuons semblent trop importants pour ce type de méthode et causent ces instabilités. Les méthodes prenant en compte les déformations plus importantes telle que FEM-Large et FEM-SVD semblent donc plus appropriées. Finalement, nous notons qu'il faut également prendre en compte le fait que le temps soit directement lié à l'implémentation de la méthode dans le logiciel Sofa.

3.3 Précision et robustesse des modèles biomécaniques

Le tableau 6.4 présente l'erreur RMS mesurée à la fin de la chaîne de validation pour 36 des 81 combinaisons réalisées pour nos simulations, soit un total de 396 simulations. Les

Type implémentation	FEM-SVD	FEM-Large	FEM-Small
Critère de stabilité par-défaut (≤ 0.004 mm)			
Haute Résolution	0	0	0
Moyenne Résolution	3	1	11
Basse Résolution	9	4	14
TOTAL	12 (4%)	5 (2%)	25 (8%)
Critère de stabilité plus restrictif (≤ 0.002 mm)			
Haute Résolution	3	2	3
Moyenne Résolution	11	14	35
Basse Résolution	48	36	48
TOTAL	62 (21%)	52 (18%)	86 (29%)

Table 6.3 – Nombre total de simulations qui n'atteignent pas le critère de stabilité imposé. *Chaque case du tableau est un sous-échantillon des 891 simulations, c'est à dire 99 simulations. Les pourcentages sont le total des simulations échouées par type d'implémentation et sont donc calculés pour un total de 297 simulations (3×99).*

modèles utilisant l'implémentation FEM-Small ou encore le maillage de basse résolution ont été enlevés puisque nous avons vu dans la section précédente qu'ils n'étaient pas appropriés à notre utilisation. Pour étudier l'influence des jeux de paramètres, nous avons calculé des statistiques pour trouver des différences significatives entre les modèles. Nous nous sommes également penchés sur la distribution de l'erreur dans la prostate pour les modèles donnant les meilleurs résultats. Enfin, nous reprenons l'ensemble de la chaîne de validation pour observer la contribution de chacune des étapes dans l'erreur finale. Les sections qui suivent traitent de ces démarches.

3.3.1 Erreur d'ensemble

Le meilleur résultat, 1.72 mm, a été trouvé à l'aide d'un modèle biomécanique constitué d'un maillage de résolution moyenne, une implémentation FEM-SVD, le module de Young donné par le fabricant et un coefficient de Poisson mis à son maximum. Le même jeu de paramètres avec une implémentation FEM-Large donne approximativement la même erreur RMS, 1.77 mm. Nous avons appliqué le test non paramétrique de Mann-Whitney Wilcoxon (MWW) sur ces deux jeux de données et aucune différence significative n'a été trouvée dans la distribution des erreurs (p-valeur = 0.77) à une niveau de confiance de 5 %. Dans l'ensemble, pour un même jeu de données avec une implémentation FEM différente, aucune différence significative n'est trouvée en termes de précision bien que la tendance semble montrer de meilleurs résultats avec la méthode FEM-SVD.

En étudiant les erreurs obtenues par rapport aux axes (x, y, z), voir figure 6.8, on constate que les plus grandes erreurs sont produites sur l'axe x correspondant aux mouvements latéraux (gauche-droite) dans les simulations. Les axes y et z représentent, quant à eux, une combinaison entre l'axe caudo-cranial et l'axe antéro-postérieur. Le fait que les erreurs soient plus faibles sur l'axe y que l'axe z nous indique principalement qu'une différence

Young (kPa)	Poisson	Haute Résolution	Moyenne Résolution	
FEM-Large method				
YMSet3 (40-10-40)	0.4	2.17 ± 0.88 [0.11 ; 4.64]	2.00 ± 0.86 [0.21 ; 4.66]	*
	0.45	1.99 ± 0.86 [7e-5 ; 4.75]	1.92 ± 0.81 [0.33 ; 4.73]	
	0.49	1.96 ± 0.79 [0.27 ; 5.14]	1.85 ± 0.73 [0.25 ; 5.42]	
YMSet2 (50-16-50)	0.4	2.13 ± 0.87 [0.21 ; 4.37]	1.94 ± 0.82 [0.20 ; 4.60]	
	0.45	1.99 ± 0.86 [0.10 ; 4.64]	1.88 ± 0.81 [0.19 ; 4.75]	
	0.49	1.94 ± 0.77 [0.24 ; 4.78]	1.80 ± 0.73 [0.28 ; 5.25]	
YMSet1 (60-30-60)	0.4	2.04 ± 0.86 [0.19 ; 4.48]	1.91 ± 0.82 [0.22 ; 4.55]	
	0.45	1.95 ± 0.83 [0.19 ; 4.60]	1.82 ± 0.79 [0.21 ; 4.70]	
	0.49	1.85 ± 0.77 [0.21 ; 5.01]	1.77 ± 0.72 [0.24 ; 5.28]	
FEM-SVD method				
YMSet3 (40-10-40)	0.4	2.10 ± 0.88 [0.18 ; 4.64]	2.06 ± 0.86 [0.14 ; 4.34]	
	0.45	1.98 ± 0.86 [0.17 ; 4.76]	1.88 ± 0.83 [0.19 ; 4.72]	
	0.49	1.97 ± 0.79 [0.23 ; 4.79]	1.82 ± 0.74 [0.25 ; 5.17]	
YMSet2 (50-16-50)	0.4	2.05 ± 0.85 [0.14 ; 4.60]	2.00 ± 0.86 [0.14 ; 4.46]	*
	0.45	1.95 ± 0.85 [0.16 ; 4.84]	1.91 ± 0.83 [0.13 ; 4.76]	
	0.49	1.93 ± 0.80 [0.23 ; 5.02]	1.78 ± 0.72 [0.29 ; 5.15]	
YMSet1 (60-30-60)	0.4	2.00 ± 0.85 [0.11 ; 4.61]	2.02 ± 0.86 [0.14 ; 4.28]	*
	0.45	1.95 ± 0.84 [0.17 ; 4.62]	1.87 ± 0.82 [0.12 ; 4.74]	*
	0.49	1.91 ± 0.78 [0.18 ; 4.88]	1.72 ± 0.72 [0.17 ; 5.01]	

Table 6.4 – Erreurs RMS obtenues pour 36 des 81 combinaisons de paramètres dans les simulations.
*Les résultats sont donnés en millimètres et représente : Erreur quadratique moyenne ± Ecart-type [min ;max]. * indique qu'une des simulations a échouée.*

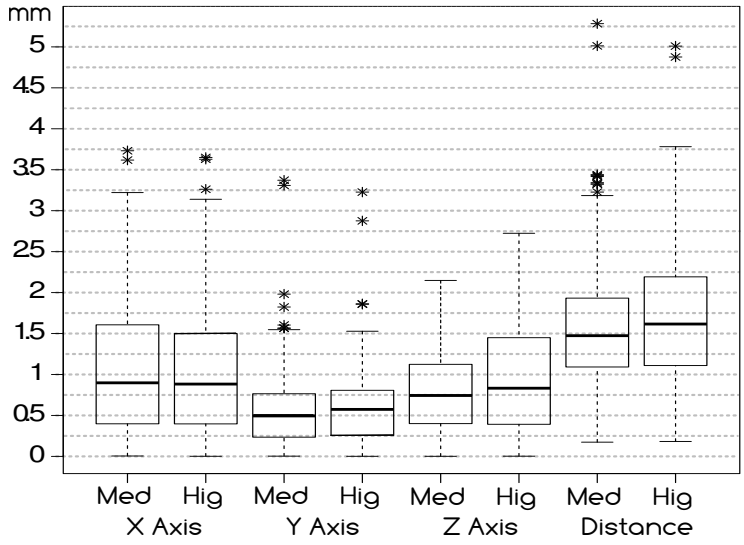


Figure 6.8 – Erreur RMS générale calculée pour l'ensemble de la prostate par axe et selon le type de maillage.
Les erreurs sont calculées pour les modèles FEM-SVD et FEM-Large avec un coefficient de Poisson de 0.49 et le jeu YMSet1 pour le module de Young. L'axe X montre les déplacements latéraux. Les axes Y et Z sont une combinaisons des déplacements antéro-postérieur et crânio-caudal.

de rotation de la prostate a lieu entre les simulations et le comportement réel du fantôme de prostate. La figure 6.8 montre également que l'erreur en distance entre les simulations et la segmentation est inférieure à 2 mm pour les maillages de résolution moyenne et 2.25 mm pour les maillages de haute résolution pour 75 % de l'échantillon.

On observe également que seulement 3 billes simulées ont dépassé 4.92 mm, rayon limite d'une tumeur dite significative dans la prostate (volume ≥ 0.5 cm^3) [Dickinson *et al.* 2011]. Par contre, on peut remarquer une différence entre les distributions des erreurs en distance pour les types de maillage de moyenne et haute résolution. Cette différence est engendrée par une plus grande distribution des erreurs sur l'axe z des maillages de haute résolution. De nouveau, le test MWW a été réalisé en ajoutant l'hypothèse alternative que la résolution moyenne possède une distribution des erreurs inférieure à celle de la résolution haute. On obtient alors une différence significative (p-valeur = 0.008). La résolution joue donc un rôle dans l'erreur finale pour les jeux de paramètres donnant les meilleurs résultats.

Nous avons appliqué le test MWW sur l'ensemble des simulations en faisant varier un seul paramètre à chaque fois. Au final, on remarque seulement une différence significative des échantillons lors de la modification du coefficient de Poisson de 0.49 à 0.4 pour les modèles utilisant, soit un maillage de haute résolution et une implémentation FEM-Large, soit un maillage de moyenne résolution et une implémentation FEM-SVD.

Maintenant, si l'on observe le tableau 6.4 dans son ensemble, on constate de meilleurs résultats pour des modèles utilisant des paramètres proches des valeurs données par le fabricant. Statistiquement, on observe des différences significatives (plus ou moins marginales) entre ces jeux de paramètres et les autres (pour un test MWW avec un niveau de confiance

de 5 %). À titre d'exemple, on obtient respectivement une p-valeur de 0.014 et 0.0001 pour les modèles utilisant YMSet1, un coefficient de Poisson de 0.49 et un maillage avec la plus haute résolution et, soit FEM-SVD, soit FEM-Large.

3.3.2 Erreur par zone d'intérêt

Nous avons également détaillé les erreurs par zone dans la prostate, voir figure 6.5. En divisant, à l'aide de l'outil de découpe automatique, la prostate en trois parties axiales à savoir la base, la zone médiane et l'apex, nous obtenons respectivement sept, onze et quatre billes permettant de calculer une erreur dans chacune des zones. Le peu de billes retrouvées dans la partie apicale de la prostate est compensé par les onze déformations faites pendant les acquisitions pour le calcul de statistiques pour un jeu de paramètres donné.

Bien que le déplacement de la prostate soit plus prononcé dans sa partie apicale, on constate, dans cette zone, les plus faibles erreurs, comme le montre la figure 6.9 et le tableau 6.5. Les plus grandes erreurs sont trouvées au niveau de la base de la prostate. À l'exception de l'apex de la prostate, on observe des différences statistiquement significatives selon le type de maillage utilisé pour une même zone dans la prostate (test de Wilcoxon avec α=5 %). On obtient également, pour une même résolution de maillage, des différences significatives entre les parties médianes et bases de la prostate (test de Wilcoxon avec α=5 %).

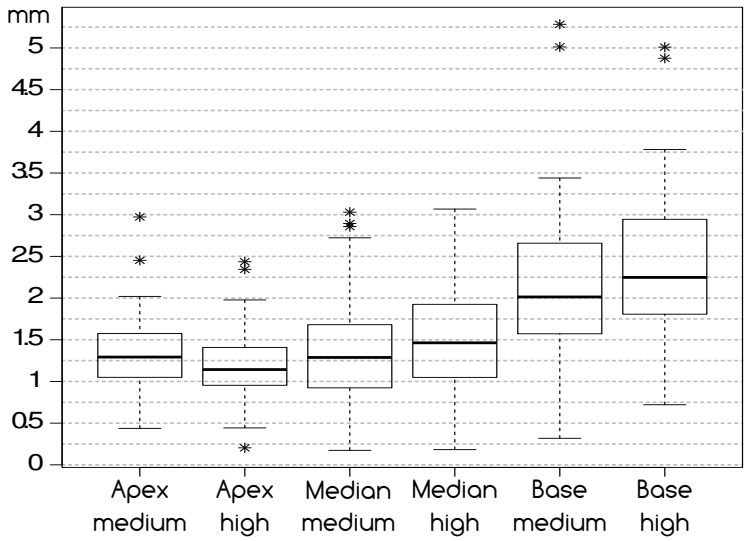


Figure 6.9 – Distribution de l'erreur RMS pour différentes zones axiales de la prostate et selon le type de maillage.
Les erreurs sont calculées pour les modèles FEM-SVD et FEM-Large avec un coefficient de Poisson de 0.49 et le jeu YMSet1 pour le module de Young.

Dans un second temps, nous avons étudié les erreurs obtenues en divisant la prostate en deux parties coronales. Cette division, supérieure et inférieure à 17 mm, nous a donné respectivement dix et douze billes par simulation. Les résultats sont présentés dans la figure 6.10. Pour les billes situées en dessous des 17 mm, on obtient une erreur RMS de 1.58 mm et 1.70 mm pour une résolution moyenne et haute du maillage. Pour celles situées

Erreur par Rés. (mm)	Zone Axiale-Apex	Zone Axiale-Median	Zone Axiale-Base
Haute résolution	1.21 ± 0.42	1.47 ± 0.60	2.30 ± 0.80
Moyenne résolution	1.33 ± 0.41	1.32 ± 0.55	2.08 ± 0.78
MWW p-valeur	0.1	0.006	0.01

Table 6.5 – Erreurs RMS moyennes obtenues pour les 3 zones axiales de la prostate selon le maillage.

au dessus de ce plan, l'erreur RMS est de 1.59 mm et 1.72 mm pour les mêmes types de résolution respectivement. Statistiquement, aucune différence majeure n'a été observée. Par contre, on constate la présence de valeurs aberrantes dans la zone supérieure au 17 mm. Ces valeurs correspondent aux erreurs calculées sur les billes situées dans la partie axiale-base et coronale-supérieure à 17 mm donc les plus éloignées de la sonde .

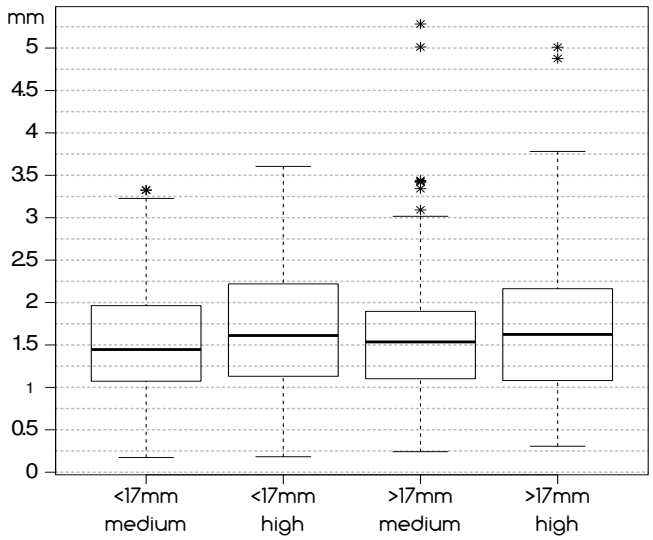


Figure 6.10 – Distribution de l'erreur RMS pour différentes zones coronales de la prostate et selon le type de maillage.
Les erreurs issues des modèles FEM-SVD et FEM-Large avec un coefficient de Poisson de 0.49 et le jeu YMSet1 pour le module de Young sont utilisées.

3.4 Erreurs de la chaîne de validation

Sur l'ensemble de la procédure, une erreur a été calculée pour chacune des étapes où une mesure quantitative de l'erreur est possible. Au final, nous obtenons les erreurs quantitatives suivantes :

- *Calibrage :* une erreur RMS en distance de 0.84 mm et angulaire de 0.78 degrés ont été calculées. Ces erreurs représentent les erreurs en positionnement du corps rigide permettant le suivi de la sonde dans le repère commun ainsi que les problèmes des bougés issus des acquisitions.

- *Segmentation :* une erreur de segmentation de l'ordre du voxel (0.43 mm dans chaque direction) est également trouvée. Elle est induite par la segmentation manuelle et la qualité médiocre des volumes échographiques acquis dû, à la fois, aux artefacts d'anisotropie d'une sonde non linéaire et de la perte d'intensité du signal des ultrasons avec la profondeur. Comme nous l'avons mentionné auparavant, nous avons vérifié la répétabilité de nos segmentations à l'aide d'un test de Kolmogorov-Smirnov.
- *Génération du maillage, définition du modèle et simulation :* une erreur peut être estimée après les simulations et par l'écart entre les différents résultats pour les différentes combinaisons utilisées dans la génération du maillage et la définition du modèle. Dans notre cas, les résultats varient entre 1.72 mm et 2.17 mm pour les simulations utilisant les implémentations FEM-Large et FEM-SVD. On observe donc qu'une moins bonne définition du maillage, du modèle et de ses paramètres peut augmenter l'erreur RMS finale jusqu'à 0.45 mm, comme le montre le tableau 6.4. Par type d'implémentation FEM ou encore par type de résolution de maillage, cet écart est d'environ 0.3 mm.
- *Critères de stabilité :* l'erreur finale RMS est dépendante des critères de stabilité choisis pour nos simulations. En réalisant les mêmes simulations avec le critère plus restrictif de stabilité, on observe une forte augmentation du nombre de simulations qui ne peuvent pas atteindre cet état stable (c.f table 6.3). Cela se voit nettement sur les simulations utilisant l'implémentation FEM-Small ainsi que sur les maillages avec la plus faible résolution. Pour celles qui arrivent à se stabiliser, nous observons une diminution de l'erreur RMS de seulement 0.1 mm en général. En comparaison du nombre d'échecs (ainsi que du temps de stabilisation plus long), on déduit facilement que la balance entre l'utilisation d'un critère de stabilité restrictif et une meilleure précision est défavorable à une utilisation temps réel.

En considérant l'ensemble des erreurs calculées sur la chaîne de validation et plus précisément des erreurs indépendantes issues du calibrage puis de la segmentation, on peut approximer une erreur RMS provoquée par celles-ci :

$$\varepsilon_{RMS} = \sqrt{\sum_{i=1}^{n} \varepsilon_i^2} = \sqrt{0.84^2 + 0.43^2} = 0.94\ mm$$

Au final, on déduit que ces deux erreurs provenant d'étapes antérieures à la simulation peuvent induire jusqu'à 50 % de l'erreur finale calculée dans les simulations.

3.5 Pertinence du critère de stabilité

Nous avons également vérifié dans quelle mesure notre critère de stabilité par-défaut est valable pour les simulations que nous effectuons. La figure 6.11(a) présente une simulation où le critère de stabilité a permis de stopper la simulation dès la stabilisation du système en fonction des billes contenues dans la prostate. Pour l'ensemble des billes, on observe une convergence rapide de l'erreur après l'arrêt des mouvements de la sonde à la 600^{eme} itération. Les paliers observés avant la 600^{eme} itération sur les deux graphiques correspondent aux phases de déplacement et d'arrêt de la sonde. Les périodes où l'erreur diminue indique un déplacement de la sonde tandis que les phases de repos indiquent une

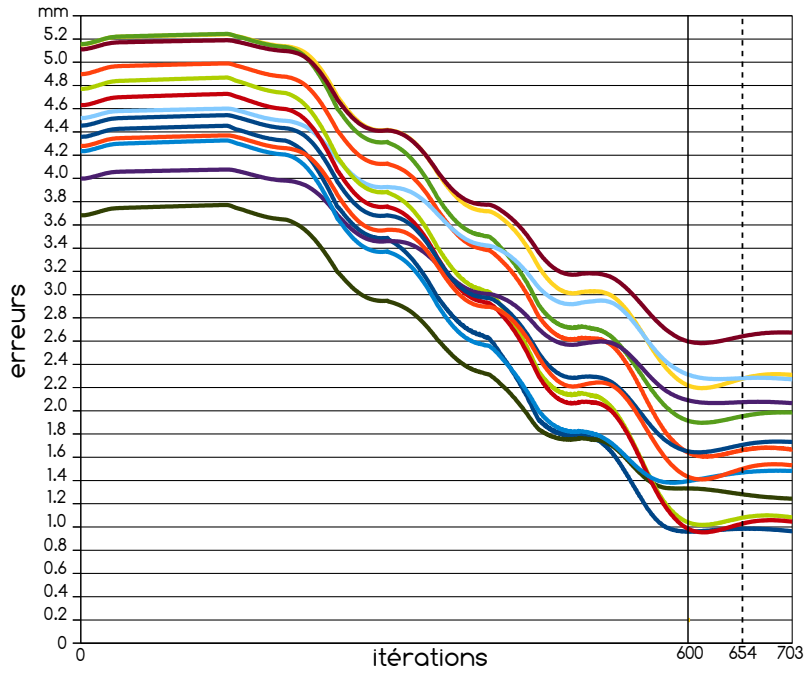
pause. Une première variation d'environ 0.1 mm est ensuite constatée pour l'ensemble des billes. Cette phase correspond à la stabilisation du système. On observe ensuite une phase de repos et notre critère d'arrêt permet de stopper la simulation rapidement. La figure 6.11 présente, quant à elle, un exemple de simulation où le critère de stabilité a également fonctionné mais seulement après un grand nombre d'itérations. On observe également une phase de stabilisation puis une phase de repos. Cependant, cette phase de repos ne respecte pas le critère d'arrêt par-défaut. Celui-ci semble donc moins approprié à cette simulation. Au final, on observe que l'attente après l'arrêt de la sonde et la fin de la simulation n'a pas amélioré significativement l'erreur. La variation est inférieure à 0.1 mm pendant une longue période. De plus, on observe une instabilité numérique vers la fin de la courbe. Celle-ci est provoquée par la méthode de collision, une contrainte projective (cf. chapitre 5 section 3), re-projetant les nœuds du maillage en dehors de la sonde sans l'ajout de forces ou de coefficients d'amortissement. Avoir un critère plus permissif permettrait d'arrêter cette simulation plus rapidement mais arrêterait également la première un peu plus tôt alors qu'elle ne serait pas tout à fait stable.

Au final, on déduit qu'il y a, une nouvelle fois, un compromis à effectuer entre un temps et une précision. Le choix d'un critère d'arrêt basé sur la vitesse peut également être fait mais donnerait a priori les mêmes résultats. Dans la littérature, on retrouve également l'énergie cinétique comme critère d'arrêt. Les billes n'appartenant pas au modèle biomécanique, il faudrait alors utiliser soit l'ensemble du maillage soit une partie de celui-ci. Au final, le temps de simulation global serait augmenté pour le calcul de l'énergie cinétique de chaque masse ponctuelle de l'ensemble des éléments pris en compte. De plus, le fonctionnement sera également basé sur un seuil ce qui aboutit également à l'établissement d'un compromis entre temps et précision. Nous validons l'utilisation des cibles comme moniteur de nos simulations. Considérer l'ensemble ou une partie du maillage peut également être fait mais nécessite alors plus de temps de calcul pour accéder à tous les nœuds et effectuer les calculs nécessaires aux critères d'arrêts.

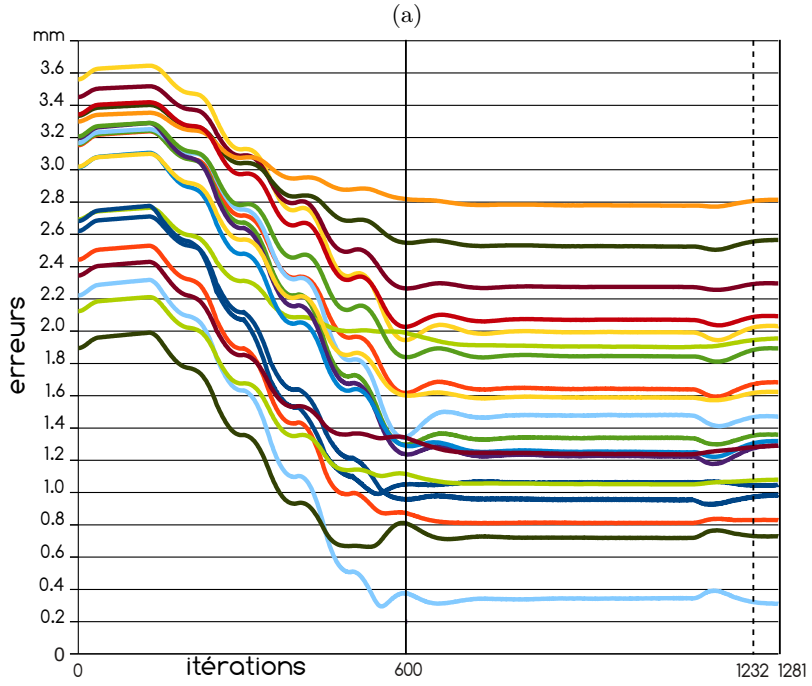
3.6 Comparaison avec un modèle hyper-élastique

Dans un deuxième temps, nous avons lancé des simulations utilisant un modèle hyper-élastique Néo-Hookéen afin de voir si le fait de mieux gérer les grandes déformations induit de grandes différences en termes de précision. Cette implémentation est issue du logiciel Sofa et, plus particulièrement, l'algorithme a été développé à partir de [Stomakhin *et al.* 2012]. Seules les simulations avec un maillage de moyenne résolution et avec les jeux de paramètres YMSet1 et YMSet2 pour le module de Young, ainsi que des coefficients de Poisson de 0.4 et 0.45 ont été réalisées. Le critère de stabilité par-défaut a été choisi et un coefficient d'amortissement sur la masse a été ajouté pour ces simulations hyper-élastiques. Ce coefficient d'amortissement a permis de mieux stabiliser les simulations. Les mêmes contraintes et déplacements ont été appliqués sur ces nouveaux modèles. Les résultats de ces simulations sont donnés dans le tableau 6.6.

Au final, nous constatons une tendance montrant de meilleurs résultats comparativement aux simulations précédentes faites avec des modèles linéaires. Toutefois, celles-ci ne sont pas statistiquement significatives. En regardant la figure 6.12, on observe que les simu-



(a)



(b)

Figure 6.11 – Évolution de l'erreur de simulation par bille pour un déplacement (a) important ($\simeq$ 2 cm) et (b) normal ($\simeq$ 1 cm) de sonde.
Chaque courbe correspond à l'évolution en mm de l'erreur pour une bille pour chaque itération pendant la simulation. Le trait vertical plein montre l'instant où la sonde est stoppée dans la simulation. Celui en pointillé montre l'itération à partir de laquelle les 50 dernières itérations ont eu lieu. Ces erreurs sont calculées à partir d'un modèle de moyenne résolution, une implémentation FEM-Large, YMSet1 et un coefficient de Poisson de 0.4.

Young (kPa)	Poisson	Moyenne Résolution	Stabilisation
méthode : Néo-Hookéen			
YMSet2 (50-16-50)	0.45	1.80 ± 0.75 [0.24 ; 4.96]	283.52
	0.49	1.74 ± 0.70 [0.21 ; 5.31]	119.85
YMSet1 (60-30-60)	0.45	1.78 ± 0.73 [0.16 ; 4.87]	761.21
	0.49	1.69 ± 0.69 [0.30 ; 5.23]	133.84
méthode : FEM-Large (Extrait de la table 6.4)			
YMSet2 (50-16-50)	0.45	1.88 ± 0.81 [0.19 ; 4.75]	< 10
	0.49	1.80 ± 0.73 [0.28 ; 5.25]	< 10
YMSet1 (60-30-60)	0.45	1.82 ± 0.79 [0.21 ; 4.70]	< 10
	0.49	1.77 ± 0.72 [0.24 ; 5.28]	< 10

Table 6.6 – Erreurs RMS et temps obtenus avec un modèle hyper-élastique Néo-Hookéen. *Les résultats sont donnés en millimètres et en secondes. Erreur quadratique moyenne ± Écart-type [min ;max].*

lations hyper-élastiques ont un écart à la moyenne plus petit mais donnent de plus fortes valeurs aberrantes par rapport aux simulations effectuées avec une méthode linéaire FEM-Large. Numériquement, la variation de l'erreur RMS finale est inférieure à 0.1 mm pour chacun des jeux de données.

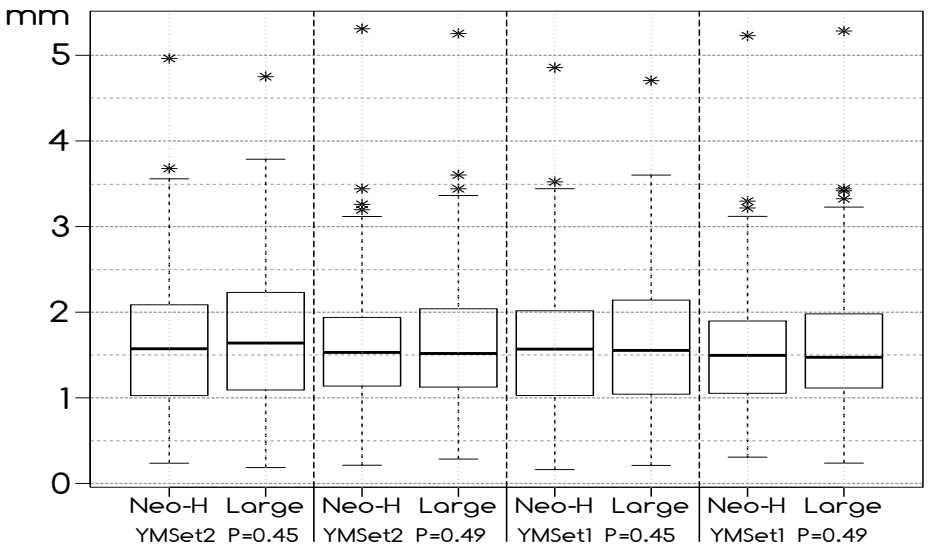


Figure 6.12 – Comparaison de l'erreur RMS entre un modèle Néo-Hookéen et linéaire FEM-Large pour des mêmes jeux de données.

Par contre, le temps de stabilisation a nettement augmenté. En effet, alors que le temps de stabilisation le plus long est en dessous de 14 s pour les simulations présentées précédemment ; il varie pour ces modèles hyper-élastiques entre 119.85 s et 133.84 s pour un coefficient de Poisson de 0.49 et entre 283.52 s et 761.21 s pour un coefficient de Poisson de 0.45 en moyenne pour les onze déplacements. Une simulation a échoué avec un coefficient de

Poisson de 0.45 et YMSet1. Au travers de ces résultats, on constate que le gain en précision ne compense pas suffisamment la perte en temps de calcul.

4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons évalué, à l'aide de la chaîne de validation et d'un fantôme réaliste de prostate, différents types de modèles biomécaniques. Au travers des résultats statistiques et des erreurs, nous avons observé qu'une bonne approximation des jeux de paramètres était suffisante. Nous avons également observé que l'erreur était plus influencée par le coefficient de Poisson et la résolution du maillage que par les autres paramètres. Dans ce chapitre, nous montrons également une différence significative de l'erreur finale en fonction des zones dans la prostate. L'apex donne de meilleurs résultats que la base de la prostate. Ces résultats peuvent être expliqués par l'approche transrectale de la sonde échographique faite au niveau median-apex de la prostate. Au niveau du contact sonde maillage, l'erreur est minimisée et augmente plus la profondeur est grande. Cette erreur est due à la fois à la correction de la vitesse du son faite pendant la segmentation et à la méthode d'interpolation pour reconstruire les volumes 3D. En termes d'efficacité calculatoire, la méthode FEM ainsi que la résolution du maillage peuvent changer nettement le résultat. Au final, on constate qu'il n'y a pas un modèle et un jeu de paramètres qui se distingue clairement des autres. L'erreur finale dans les simulations varie dans une faible plage qui peut être réduite à des erreurs inférieures à 2 mm en moyenne si l'on utilise des coefficients de Poisson supérieurs à 0.45. Cependant, de notre point de vue, l'utilisation d'une méthode FEM-large avec un maillage de haute résolution est le plus approprié : elle obtient le moins d'échecs et un temps de stabilisation plus court bien que l'erreur soit un peu plus élevée (mais de façon non-significative).

Pour ce qui concerne les modèles hyper-élastiques Néo-Hookéen, on déduit que même si leur utilisation serait préférée lors de fortes déformations, le compromis que nous devons faire entre temps de stabilisation et précision nous conduit à leur préférer des modèles linéaires. L'ajout de bonnes contraintes et de bons jeux de paramètres permet de se rapprocher des résultats donnés par ces modèles hyper-élastiques. Des tests avec des développements GPU sont à déployer. Si les modèles hyper-élastiques s'améliorent significativement en terme d'efficacité calculatoire, leur utilisation pourrait être reconsidérée.

Comparativement à la littérature citée dans le chapitre 3 section 4 de ce manuscrit, les résultats que nous obtenons sur fantôme sont très encourageants. En considérant une tumeur cliniquement significative à partir de 0.5 cm^3 [Dickinson *et al.* 2011][5], le pourcentage des erreurs de localisation des billes après les simulations restant en dessous de ce seuil est de 99,88 %. En effet, seules neuf billes ont excédé ce seuil sur un total de 7 794 billes. Ce fort pourcentage nous conforte dans l'idée que même si l'on ne connaît pas exactement les paramètres rhéologiques du tissu, la bonne définition des contraintes dans les simulations nous permet d'obtenir des résultats robustes en étant pratiquement d'être sûr en dessous d'un certain seuil "clinique". L'ensemble de ces bons résultats proviennent non seulement de la simulation elle-même mais aussi des étapes de la chaîne complète de validation. Le

5. Cela correspond à une sphère de 4.92 mm de rayon

développement de nouvelles simulations en changeant certaines étapes nous permettra de voir dans quelle mesure l'erreur finale peut être impactée par chacune de celles-ci.

Dans ce chapitre, nous avons vu que pour un fantôme de PVC la faible variation des paramètres rhéologiques ne provoquait pas de forts changements en termes d'erreurs. Une étude sur différents fantômes avec d'importantes différences de matériaux pourrait être menée afin de voir si l'erreur finale changeant significativement. Si des différences étaient observées, cela montrerait que la simulation doit être adaptée aux propriétés des tissus. Cette étude, mise en corrélation avec des informations à propos du patient, pourrait ainsi nous donner des plages de jeux de paramètres donnant de meilleurs résultats pour différents morphotypes de patients. Le développement GPU de la résolution des éléments finis est également une piste à explorer pour gagner en efficacité calculatoire [van de Ven *et al.* 2015].

Chapitre 7

Expérimentations sur des Données Patients

Sommaire

1 Introduction . . . 129
2 Description de la chaîne de validation . . . 130
2.1 Préambule . . . 130
2.2 Objet d'étude . . . 131
2.3 Calibrage . . . 132
2.4 Acquisition . . . 132
2.5 Segmentation . . . 133
2.6 Construction des maillages . . . 134
2.7 Définition du modèle . . . 136
2.8 Simulations . . . 138
2.9 Métriques et Analyse . . . 139
3 Prise en compte des bougés patient . . . 139
3.1 Conservation d'un seul repère de référence . . . 141
3.2 Modification du repère de référence . . . 142
3.3 Avantages et inconvénients . . . 145
4 Résultats . . . 145
4.1 Mouvements simulés de la prostate . . . 146
4.2 Temps de simulation . . . 148
4.3 Erreurs sur l'ensemble de la prostate . . . 149
4.4 Erreurs par zone . . . 151
5 Modélisation de la vessie . . . 152
6 Retour sur la chaîne de validation . . . 154
7 Conclusion . . . 156

1 Introduction

Après une étude de faisabilité sur fantôme de modèles biomécaniques permettant de simuler les déplacements et les déformations de la prostate engendrés par une sonde transrectale, nous avons effectué un test sur des données patient. En introduction de ce chapitre, nous rappelons que les objectifs sont de trouver un bon compromis entre le temps de calcul nécessaire à la simulation, que nous voulons utilisable dans un temps clinique, et la précision du modèle. Pour expliciter ces travaux, nous reprenons, dans un premier temps, chacune des étapes de la chaîne de validation (cf. chapitre 4). Dans un second temps, nous portons une attention particulière à la détection et à la prise en compte des bougés du patient qui

représentent une difficulté dans l'évaluation de nos travaux. Ensuite, les résultats de ces premières simulations sont décrits. Finalement, nous discutons de la procédure dans sa globalité et amenons quelques suggestions d'améliorations pour de prochaines expérimentations.

2 Description de la chaîne de validation

Dans cette section, nous décrivons dans un premier temps les outils qui nous ont permis de réaliser cette expérimentation. Puis nous présentons l'ensemble des étapes nécessaires à la simulation biomécanique en respectant les différentes phases de la chaîne de validation telle que nous la présentons dans le chapitre 4 de ce manuscrit (cf. figure 4.2 page 50).

2.1 Préambule

Dans ce chapitre, nous décrivons des simulations réalisées à l'aide de données acquises lors d'une session de biopsie sur un patient. Notre approche consiste à simuler le déplacement enregistré de la sonde dans nos modèles via les coordonnées robots et à évaluer la précision du modèle biomécanique déformé en utilisant les volumes échographiques montrant la déformation de la prostate. Ces simulations sont rendues possibles à l'aide :

- d'**Apollo**, une version robot adaptée par [Poquet 2014] au sein du laboratoire ISIR-UPMC de Paris. Il s'agit d'un robot porte-sonde permettant de maintenir la sonde dans une position stable lors des biopsies de prostate et l'acquisition échographique correspondante tout en permettant une certaine compliance à des bougés du patient. Le fichier journal du robot nous permet d'obtenir, à chaque instant, la position de l'effecteur du robot (où la sonde est rigidement fixée) dans le référentiel fixé du robot.
- d'une **Urostation** (Koelis, La Tronche, France) afin de recueillir les informations de recalage rigide 3D TRUS/TRUS pour le calibrage de la sonde échographique (cf. chapitre 5 section 2.3). L'Urostation permet également d'accéder aux informations de recalage rigide entre un volume échographique de référence, que l'on appelle Panorama, et l'ensemble des volumes acquis pendant l'examen. Dans la procédure "Urostation", il est possible d'acquérir des volumes pour des biopsies réelles ou des biopsies virtuelles. La différence réside dans le fait que ces dernières sont réalisées sans l'insertion de l'aiguille contrairement aux premières. Cette étape de biopsie virtuelle permet à l'urologue de s'assurer de l'endroit où il ponctionne.
- d'une **vidéo** de la session de biopsie pour détecter les bougés du patient.
- d'un **fantôme de calibrage** pour calculer la position de la sonde dans l'effecteur du robot.

Les acquisitions ont été recueillies suite à une étude clinique réalisée au cours du projet ANR Prosbot [1]. Le protocole clinique ne pouvant être modifié, nous avons pu récupérer quatre tests sur patient correspondant à des essais où il était possible de calibrer la sonde dans l'effecteur du robot tel qu'expliqué dans l'annexe A. Ces tests correspondent à la fin de chacune des quatre sessions qui ont eu lieu lors du protocole clinique. Sur ces quatre

1. Projet ANR TECSAN sous la référence : ANR-11-TECS-0017

patients, nous avons, pour l'heure, pu étudier seulement le patient où une vidéo de la session de biopsie a été réalisée afin de gérer les bougés du patient. L'ensemble des acquisitions ont été réalisées en conditions cliniques à l'hôpital de la Pitié-Salpétrière (Paris, France) par P. Mozer (PU-PH) et avec la collaboration de M.A. Vitrani et D. Reversat du laboratoire ISIR-UPMC de Paris et de M. Barbado du CIC-IT de Grenoble dans le cadre du projet ANR Prosbot. L'environnement du clinicien est présenté dans la figure 7.1.

Figure 7.1 – Mise en place des acquisitions cliniques sur patient.

2.2 Objet d'étude

En début de cette procédure, nous utilisons un fantôme de calibrage (cf. chapitre 5 section 2.3) afin d'acquérir un ensemble de volumes échographiques pour l'étape de calibrage. La connaissance de la position et des mouvements de la sonde sont indispensables à la simulation et à sa modélisation. Nous utilisons également l'ensemble des acquisitions d'un patient réalisées dans le cadre d'une session de biopsie de prostate. Dans le processus standard proposé par l'Urostation, l'urologue doit, préalablement aux biopsies, acquérir une première série de trois volumes échographiques où il déforme la prostate le moins possible. Cette série permet de construire par recalage le volume dit "Panorama" où l'ensemble de la prostate est observable. Dans notre expérience, c'est à partir de ce Panorama, où la prostate n'a subi qu'une déformation minimum, que le modèle biomécanique est construit. Enfin, les données du robot porte-sonde sont recueillies. Afin d'obtenir un retour visuel, nous avons également filmé la session de biopsie. À des fins de vérification (nous verrons cela dans les sections suivantes), nous recueillons le maillage surfacique de prostate réalisé par l'urologue à l'aide de la solution logicielle Promap (Koelis, France) incluse dans l'Urostation. À l'heure actuelle, une importante phase de synchronisation des informations recueillies doit avoir lieu pour faire correspondre l'ensemble des données provenant des différents appareils tels que

les logs robots avec les volumes échographiques.

2.3 Calibrage

Afin de ne pas allonger la séance de biopsie avec le patient et pour le respect du protocole clinique, l'étape de calibrage sonde/robot a été réalisée après la séance tout comme l'analyse des données. La méthode que nous utilisons est décrite dans le chapitre 5 section 2.3. Pour le modèle patient-spécifique que nous décrivons ici, nous obtenons une erreur RMS de calibrage de 2.34 mm pour un calibrage dit Image et de 2.24 mm pour un calibrage dit Sonde. Pour rappel, le calibrage Image consiste à trouver une matrice de calibrage liant le repère de l'effecteur du robot où la sonde est fixée et les repères des volumes échographiques acquis. Pour le calibrage Image, l'ensemble des volumes devront être acquis avec les mêmes paramètres de sonde que ce soit lors de l'étape de calibrage ou lors de la session de biopsie. Le calibrage Sonde consiste à lier le bras du robot avec un repère invariant situé au niveau du bout de sonde. Ce calibrage permet d'être moins restrictif car des paramètres tels que la profondeur de la sonde peuvent être modifiés. Une photo acquise lors des acquisitions pour le calibrage est donnée en figure 7.2. Il est à noter que l'environnement de travail lors des sessions de biopsie est mimé lors des acquisitions pour le calibrage. Le fantôme est disposé comme est installé le patient : en décubitus latéral.

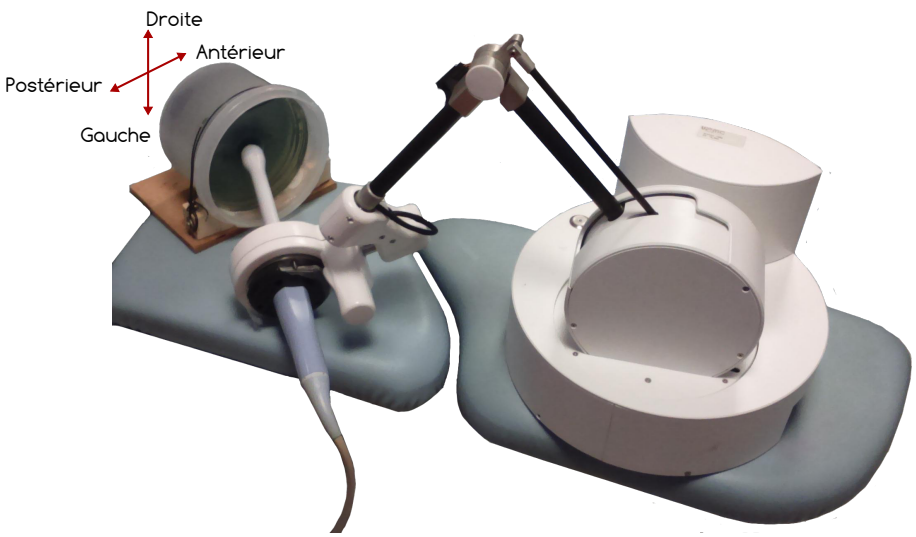


Figure 7.2 – Acquisition des données de calibrage sur fantôme en mimant la position du patient en décubitus latéral.

2.4 Acquisition

Nous avons à disposition un ensemble de volumes échographiques représentant à la fois des biopsies dites virtuelles et des biopsies réelles. Couplés à ces acquisitions, des fichiers logs sont enregistrés par le robot indiquant la position de l'effecteur du robot toutes les millisecondes. Au minimum, une session de biopsie aboutit à l'acquisition de douze volumes

échographiques de biopsies virtuelles et douze volumes représentant des acquisitions de biopsies réelles. Ajouté à cela, on peut également compter les volumes acquis pour atteindre des cibles indiquées sur un IRM pré-opératoire.

Au final, pour le test de notre modèle biomécanique, les douze volumes échographiques correspondant à des biopsies réelles ont été utilisés. Nous verrons par la suite que le premier volume nous a permis de prendre en compte les déplacements du patient et par conséquent n'a pas pu servir à réaliser une simulation biomécanique.

En figure 7.3, l'ordre des biopsies de prostate est présenté pour l'application du schéma appelé "12-cœurs". Ce schéma correspond à une vue coronale où trois plans sagittaux et deux plans axiaux découpent la prostate en douze zones quasi-équiréparties.

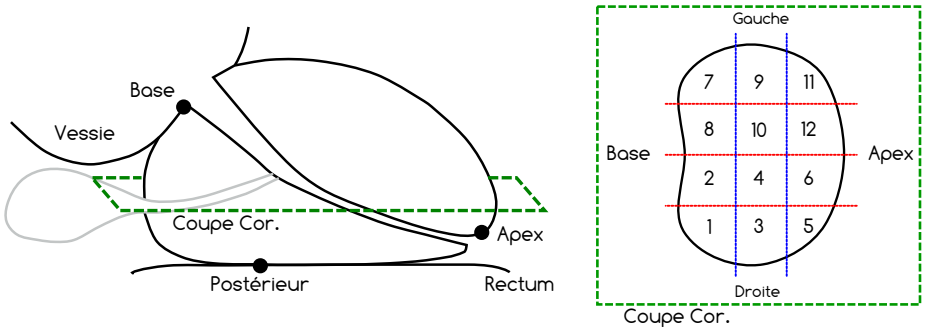
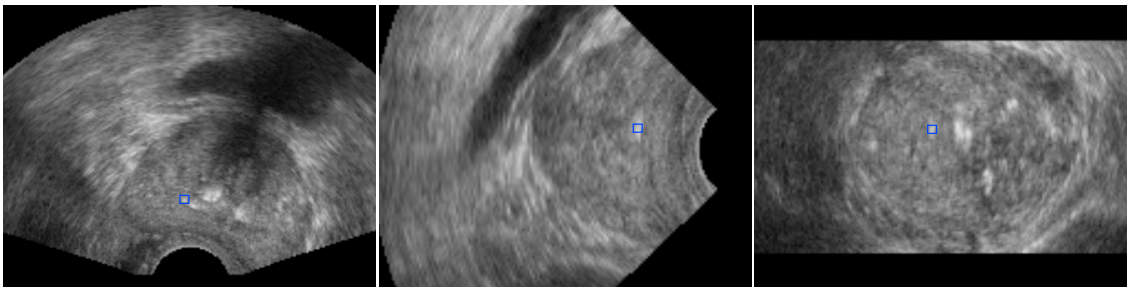


Figure 7.3 – Ordre des biopsies dans un schéma 12-cœurs visualisé dans le plan coronal.

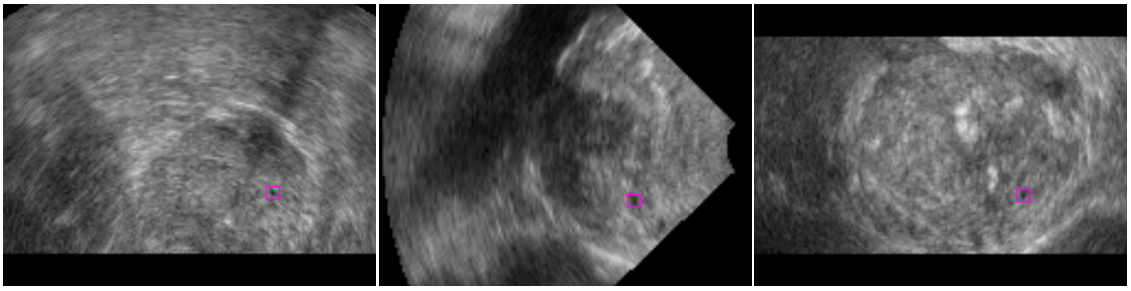
2.5 Segmentation

La segmentation de la prostate est réalisée par un seul opérateur à l'aide du logiciel ITK-Snap [Yushkevich *et al.* 2006]. L'organe a été segmenté dans le volume Panorama seulement. Cette segmentation est validée visuellement en la comparant à la segmentation faite par l'urologue dans l'Urostation. Dans un second temps, des points d'intérêt dans la prostate ont été segmentés manuellement à l'aide du framework CamiTK [Promayon *et al.* 2013]. Ces régions servent à l'évaluation de la précision des simulations et représentent des zones hypo-échogènes ou hyper-échogènes de la prostate. Cette opération a été réalisée par un seul opérateur et pour l'ensemble des volumes acquis correspondant à une biopsie dite "réelle". Deux exemples de sélection de points d'intérêt sont donnés dans la figure 7.4.

Cette étape est difficile. En effet, une attention particulière a été apportée afin de comparer l'ensemble des points d'intérêt segmentés au travers des différents volumes afin de trouver les correspondances et s'assurer que les segmentations sont réalisées de la même manière. Cette difficulté est augmentée lorsque la zone est de forme complexe (exemple figure 7.4 (a)). Une erreur approximative de segmentation est estimée jusqu'à 2 voxels ; ceux-ci ayant pour taille 0.505 mm de côté. Cette erreur est basée sur une appréciation visuelle du centre de la cible et de la distance maximum obtenue entre trois segmentations de 3 cibles avec un délai de quelques jours entre chaque segmentation. Dans le pire des cas, c'est à dire lorsque la distance entre les deux points correspond à la diagonale de deux voxels partageant un coin, l'erreur maximum est de 1.75 mm.



(a) type 1



(b) type 2

Figure 7.4 – Segmentation de points d'intérêt dans une prostate issue d'acquisitions échographiques patient.
Pour chaque type de segmentation, on observe, de gauche à droite, une coupe axiale, sagittale et coronale d'une acquisition échographique transrectale. Le type 1 désigne la segmentation de micro-calcifications. Le type 2 montre la segmentation de "points" noirs pouvant être associé à un kyste, une région d'inflammation ou à un vaisseau sanguin.

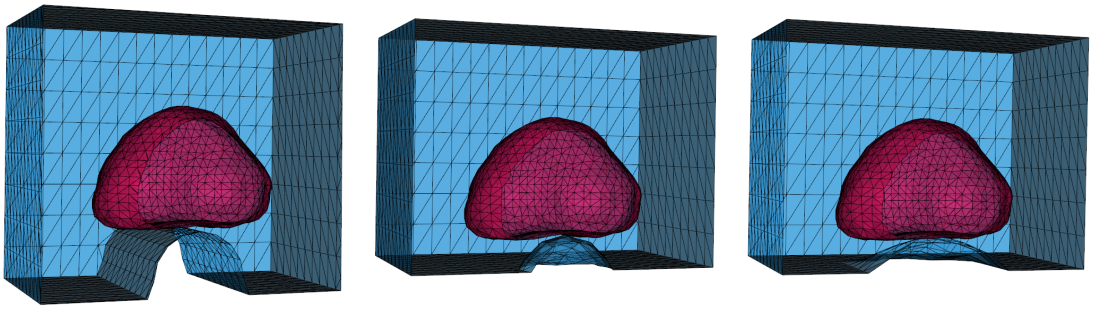
Au final, treize points d'intérêt ont été segmentés dans le volume de référence. Selon la position de la sonde lors de l'acquisition d'un volume échographique, c'est à dire à chaque biopsie, le nombre de points d'intérêt présents et segmentés dans chaque volume varie. En moyenne, nous avons pu segmenté de 8 à 9 points d'intérêt dans chaque volume.

2.6 Construction des maillages

Le choix a été fait de ne pas représenter l'ensemble des structures anatomiques de l'environnement pelvien pour deux raisons majeures. Dans notre cas, nous voulons utiliser les modèles biomécaniques dans un temps clinique. L'ajout de structures anatomiques implique l'augmentation du nombre d'éléments et par conséquent l'augmentation du temps de calcul de chaque itération dans une simulation. De plus, nous travaillons exclusivement avec l'échographie transrectale. Il est donc impossible de segmenter l'ensemble des structures anatomiques du pelvis car cela demanderait un temps considérable à l'urologue. Enfin, la taille et la qualité des échographies ne le permettent pas. Pour pallier à l'absence de modélisation de ces structures, nous avons défini des conditions aux limites simples favorisant à la fois un temps de calcul rapide (contraintes sphère, cylindres et plans ou encore la fixation de nœuds) et un degré de réalisme proche des conditions réelles. Ces conditions sont présentées

dans la section suivante.

Afin de modéliser au mieux le lieu d'insertion de la sonde, nous avons testé différents maillages de la zone d'interaction entre la sonde et le maillage MEF. Ces différents maillages ont donné lieu à plusieurs comportements en réponse à un contact sonde/maillage. Le fait que les tissus entourant la sonde échographique ne sont pas visibles dans les images nous a amenés à tester ces multiples maillages. La figure 7.5 présente ces trois différents maillages. Des tests préalables ont montré que les maillages type "Cylindre" et type "Demi-sphère" étaient inadaptés car il ne permettaient pas des interactions réalistes en termes de translations et de rotations du maillage. En effet, ces deux derniers types ont la particularité de modéliser du tissu fictif autour de la sonde et plus particulièrement de favoriser un contact au niveau de la partie cylindrique de cette sonde endorectale. Lors de rotations et de translations de la sonde, le tissu en contact avec la partie cylindrique de la sonde induit des déplacements de l'ensemble du maillage ainsi que de fortes contraintes provoquant des instabilités dans la simulation. Le maillage de type "Courbes" permet d'éviter cela, c'est pourquoi il a été utilisé dans nos simulations.



(a) Cylindre (b) Demi-sphère (c) Courbes

Figure 7.5 – Modélisation du rectum lors de la construction des maillages patients.

Pour générer le maillage de prostate, nous utilisons tout d'abord l'algorithme appelé "Marching Cubes" [Lorensen & Cline 1987] afin de construire un maillage de surface à partir de la segmentation. Suite à cela, nous appliquons deux algorithmes afin de lisser ce maillage : l'algorithme de "Taubin" [Taubin 1995] et l'algorithme de simplification appelé "MC Edge Collapse", tous deux implémentés dans le logiciel MeshLab [2].

Le maillage volumique est constitué d'éléments tétraèdres et a été construit à l'aide du logiciel Gmsh [3]. Un outil de fusion de maillages a été conçu et utilisé pour assembler la prostate et l'environnement en un seul maillage. Au final, l'ensemble du maillage possède 14 926 tétraèdres dont 3 747 pour définir la prostate. Le maillage comprend également des triangles de surface à la fois pour l'extérieur du modèle mais également pour la prostate. Les triangles à la surface de la prostate permettent à la fois de suivre les structures anatomiques définies dans les sections suivantes, de calculer le volume de l'organe et d'obtenir un rendu visuel. Au final, un volume de 53 cc a été mesuré pour la prostate de ce patient.

2. http ://meshlab.sourceforge.net/
3. http ://Gmsh.info/

2.7 Définition du modèle

Points d'intérêts

Les points d'intérêt sont ajoutées dans le modèle comme des points virtuels. Ils ne sont pas pris en compte dans le calcul de la méthode des éléments finis. Ces points sont interpolés dans les éléments tétraédriques auxquels ils appartiennent à l'aide du calcul du barycentre du point d'intérêt par rapport aux nœuds de l'élément.

Contraintes et conditions aux limites

L'interaction de la sonde avec le modèle est réalisée à l'aide de la méthode de collision présentée dans le chapitre 5 section 3. Cette sonde est constituée d'une partie cylindre et d'une demi-sphère.

À défaut de pouvoir visualiser précisément l'ensemble des structures anatomiques entourant la prostate, nous avons testé plusieurs types de contraintes pour imposer des conditions aux limites aux maillages représentant le tronc, les os du pelvis et la vessie. En effet, seule la partie antérieure du bassin est visible à l'échographie comme le montre la figure 7.6 (image de gauche). Pour modéliser cette condition aux bords du maillage, trois sphères, utilisant notre méthode de collision, ont été positionnées à l'endroit visible de cette partie du bassin pour modéliser la courbure (c.f figure 7.6 image droite).

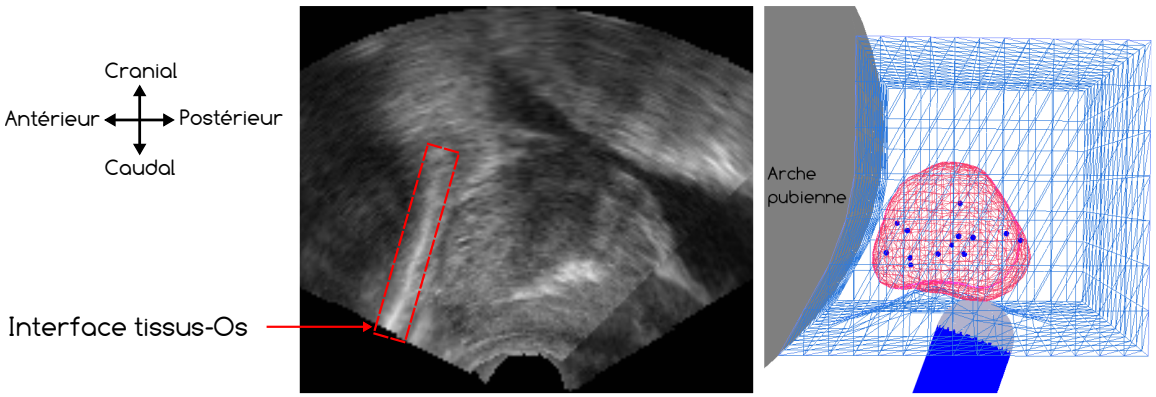
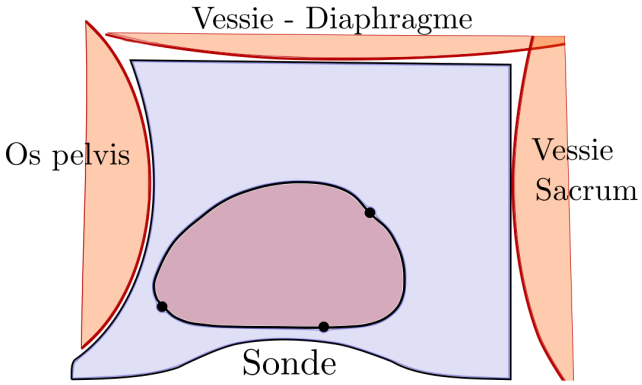


Figure 7.6 – Visualisation et modélisation de l'arche pubienne à l'échographie transrectale, à gauche, et dans le maillage, à droite.
Les points bleus observés dans la prostate maillée sont les points d'intérêt (segmentées dans le volume non-déformé appelé Panorama) que nous suivons au cours des simulations.

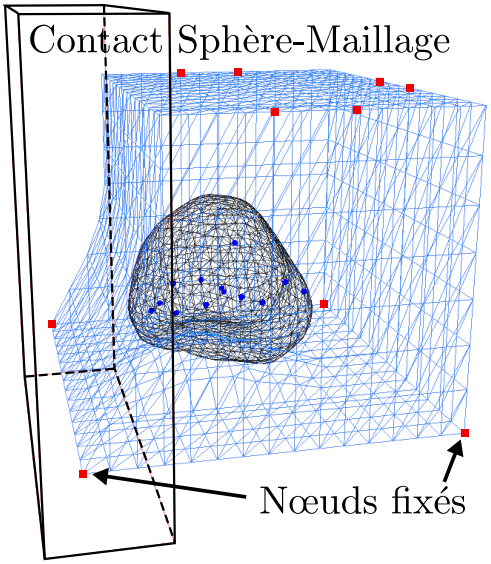
Deux essais ont été réalisés pour modéliser le reste des conditions aux limites. Dans un premier test, nous considérons que la prostate est dans un environnement cloisonné et à forte contrainte. Le maillage doit donc être contraint sur tous ses bords afin de modéliser les impacts des os pelviens et du poids venant du tronc (abdomen, vessie). Une première expérimentation a été de modéliser ces contraintes à l'aide de plans puisque la majeure partie de la surface de notre maillage est plane. Suite à des tests préliminaires, il a été constaté que ces contraintes sont inadaptées car elles bloquent les rotations du maillage. En effet, les conditions aux limites imposées au niveau des arêtes du maillage sont trop fortes. Nous avons finalement modélisé ces contraintes à l'aide de sphères ce qui a permis de libérer

les arêtes et de permettre la rotation. Lorsque des nœuds du maillage entrent en contact avec ces sphères, une force est ajoutée sur ces nœuds pour qu'ils restent à l'extérieur de celles-ci. Ces conditions aux limites sont présentées dans la figure 7.7 (a). Au final, quatre sphères sont ajoutées en plus de celles de la partie antérieure et bloquent les zones crâniales, postérieures et latérales.

Le second test vise quant à lui à favoriser les déplacements de la prostate en imposant un minimum de conditions aux limites sur le maillage. Pour ce faire, nous fixons seulement dix nœuds à la surface du modèle, en plus des trois sphères modélisant la partie antérieure du bassin (c.f figure 7.7 (b)).



(a) Sphères



(b) Nœuds fixés

Figure 7.7 – Deux tests de conditions aux limites.

Modèle et paramètres
Les simulations ont été réalisées à l'aide de la méthode des éléments finis. Nous faisons l'hypothèse d'un matériau linéaire isotrope pour l'ensemble des tissus du modèle. Ce choix, pour rappel, est fait pour obtenir un bon compromis entre le temps de simulation et la précision des résultats. Les paramètres rhéologiques de nos matériaux ont été définis dans des grandeurs similaires à celles trouvées dans la littérature (cf. chapitre 3 table 3.1). Ainsi, un coefficient de Poisson de 0.45 a été donné à la prostate et aux tissus environnants. L'élasticité de la prostate a été définie à 65 000 Pa contre 21 000 Pa pour les tissus environnants. Un récapitulatif des paramètres utilisés pour les simulations est donné dans la table 7.1.

Paramètres	**Valeur**	**Unités**
Masse	1	kg
Implémentation FEM	Large	-
Module de Young		
Prostate	65	kPa
Tissu environnant	21	kPa
Coefficient Poisson	0.45	-
Collision	Sphère et Cylindre	-
Conditions aux limites		
Apex	Sphères	-
Autres	Sphères ou points fixes	-

Table 7.1 – Récapitulatif des paramètres utilisés pour les simulations.

Comme dans le chapitre précédent, nous négligeons volontairement la modélisation de l'aiguille puisque la littérature rapporte que l'utilisation d'un pistolet de biopsie (ce qui est le cas ici) induit très peu de déplacements au niveau de la prostate [Xu *et al.* 2008].

2.8 Simulations

Avec le traitement des fichiers de logs donnés par le robot porte-sonde et l'étape de calibrage il est possible de reproduire les déplacements de la sonde dans les simulations toutes les millisecondes. Pour utiliser ces données, nous avons développé une brique logicielle permettant d'exprimer les positions du bras du robot dans n'importe quel référentiel correspondant à un volume échographique. Ce calcul est rendu possible grâce à l'étape de calibrage. Pour éviter le phénomène d'oscillation induit par les bruits de mesure des capteurs ou l'asservissement du robot, nous récupérons l'information toutes les 500 ms et interpolons linéairement le déplacement de la sonde entre chaque 500 ms. Le choix est donné à l'utilisateur pour la fréquence d'obtention des positions de la sonde avec une fréquence minimum égale à celle donnée par le robot. Les données générées sont stockées sous forme de fichiers CSV (bases de données très simplifiées) en permettant une utilisation simple lors des simulations. Pour conserver les déplacements et les déformations de la prostate au cours du temps, l'ensemble des mouvements de sonde précédant chaque nouvelle biopsie est utilisé lors de sa simulation. Les pas de temps utilisés dans les simulations sont synchronisés avec

les données issues du log du robot.

En ce qui concerne la résolution dynamique des éléments finis, nous optons pour un gradient conjugué et un schéma d'intégration temporel Euler implicite. Le gradient conjugué est imposé à 50 itérations maximum à chaque pas de temps du Euler implicite fixé à 0.01 s. Le gradient conjugué permet de résoudre l'équilibre des forces dans le calcul des éléments finis tandis que le schéma d'intégration d'Euler implicite permet de mettre à jour la position et la vitesse des nœuds du maillage à chaque pas de temps. Suite aux résultats obtenus lors des tests sur fantôme, nous utilisons l'implémentation dite "FEM-Large" des éléments finis présente dans le logiciel Sofa. Pour rappel, "FEM-Large" correspond à une implémentation linéaire des éléments finis où pour mieux gérer les grands déplacements (éviter les gonflements), une formulation co-rotationnelle est utilisée [Nesme *et al.* 2005]. Pour cela, le déplacement est décomposé en une rotation rigide et une déformation sur chaque élément du maillage. Une décomposition QR est utilisée pour trouver les valeurs propres du système obtenu pour chaque élément. Toutes les simulations ont été réalisées à l'aide d'un ordinateur possédant un processeur Intel Core i7-3770 CPU@3.40GHz et 8Go de RAM.

2.9 Métriques et Analyse

Nous reprenons l'ensemble des métriques utilisées dans le chapitre précédent. Ainsi, nous calculons une erreur de précision à l'aide des cibles segmentées dans le Panorama (volume de référence) et dans l'ensemble des volumes échographiques acquis lors de chaque biopsie. Cette erreur est donnée à la fois pour l'ensemble de la prostate et par zone. Le déplacement de la prostate a également été suivi dans chaque simulation. Pour cela, des points précis à la surface de la prostate ont été monitorés au cours des simulations, à savoir les points apex, base, postérieur ainsi que trois points représentant les extrémités gauche, droite et le dessus de la prostate.

Une métrique d'arrêt est définie pour stopper les simulations. Ces dernières sont considérées comme stables lorsque que pour chaque pas de temps le déplacement moyen des cibles est inférieur à 0.04 mm ; et cela pendant 50 pas de temps une fois le déplacement de la sonde effectué. Le temps de stabilisation des simulations correspond donc au temps nécessaire jusqu'à l'arrêt de la simulation une fois les mouvements de la sonde terminés. Au minimum, une simulation s'arrêtera après 50 itérations du schéma d'Euler implicite. Nous avons également monitoré le nombre moyen de pas de temps calculés par seconde. Ce dernier tient compte à la fois des itérations nécessaires au déplacement de la prostate et aux itérations effectuées lors du temps de stabilisation pendant les simulations.

3 Prise en compte des bougés patient

Une étape importante lors de la création de nos simulations a été de compenser les mouvements du patient pendant l'intervention. Dans l'idéal on souhaite observer les bougés et les déformations de la prostate exclusivement dus aux mouvements de la sonde échographique afin de valider nos modèles. En pratique, la session de biopsie étant réalisée en ambulatoire, avec une anesthésie locale seulement, le patient peut se contracter, bouger

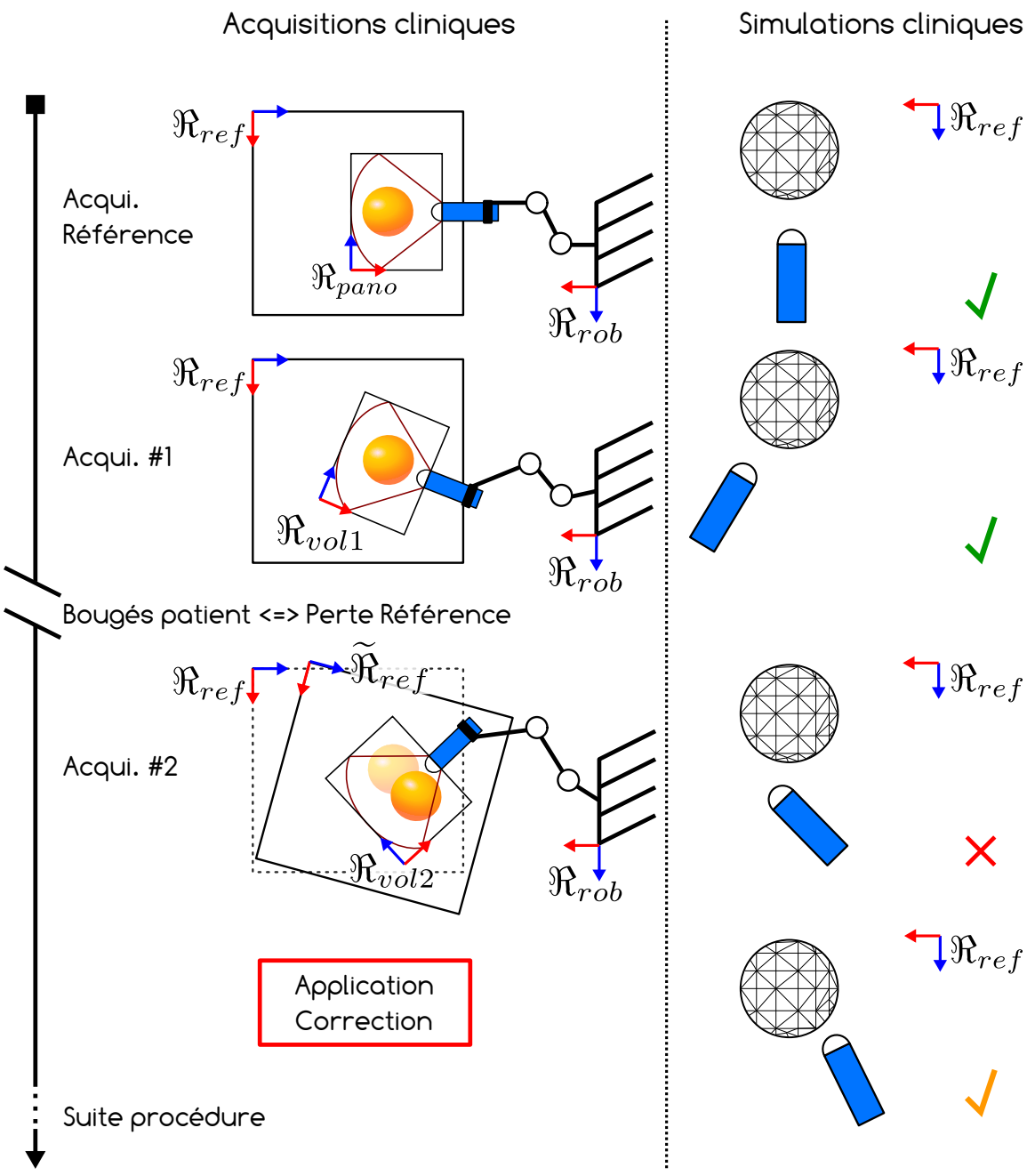


Figure 7.8 – Prise en compte des bougés du patient dans les simulations
Pour des soucis de lisibilité, nous présentons une schématisation 2D de la prise en compte des bougés du patient. Ce schéma est applicable à la 3D. $\Re_{ref}$ *est à la fois le référentiel référence pour nos acquisitions et celui utilisé pour nos simulations.* $\widetilde{\Re}_{ref}$ *fait suite à un bougé et représente le nouveau référentiel référence (inconnu dans notre cas). La correction appliquée lors des bougés du patient est expliquée dans la section 3.*

tout au long de l'intervention en raison notamment de l'inconfort de la situation. Lorsque l'on parle de bougés patient, on regroupe l'ensemble des déplacements et des déformations provoqués par un déplacement global du patient et par les mouvements produits par la

respiration ou des contractions musculaires. Au final, ces bougés posent un problème pour la réalisation de nos simulations dynamiques. La figure 7.8 présente ce problème.

Dans les paragraphes qui suivent, nous tentons de gérer ces bougés au travers de deux méthodes différentes que nous avons testés. Les avantages et les inconvénients de chacune seront discutés dans le dernier paragraphe de cette section.

3.1 Conservation d'un seul repère de référence

Principe

Dans le cadre de nos expérimentations, $\Re_{ref}$ et $\Re_{pano}$ sont les mêmes référentiels. En effet, nous utilisons le Panorama afin de construire le modèle biomécanique non-déformé. Le Panorama est directement lié à la position initiale du patient puisque ce volume échographique représente, à l'instant initial de la procédure, la conformation de la prostate dans l'environnement pelvien de l'individu. Ainsi, tant que le patient ne bouge pas ou très peu (à défaut de pouvoir suivre la respiration, les contractions des muscles et du diaphragme), nous pouvons exprimer les déplacements de la sonde dans le référentiel $\Re_{ref}$ à l'aide du calibrage et des données des capteurs du robot. De ce fait, nous pouvons simuler dynamiquement les déplacements et les déformations de la prostate vus dans le volume échographique courant (noté $\Re_{Voli}$ dans le schéma 7.8 où i est le i^e volume). Par contre, dans le cas où le patient bouge nous perdons toute information sur la position du référentiel donné par le Panorama car sa nouvelle position est inconnue ($\widetilde{\Re}_{ref}$). Tout déplacement de sonde intégré par le robot et reproduit dans la simulation est alors faux puisque le repère de référence a changé.

Il est donc nécessaire d'appliquer une correction à chaque modification de la position du référentiel de référence. Pour résoudre cette difficulté, nous utilisons les données issues des divers outils présents pendant la session de biopsie :

- $Tr_{Bi2Robot}$, la transformation géométrique permettant d'exprimer les coordonnées au niveau de l'effecteur du robot tenant la sonde dans le repère fixe du robot à la i^{eme} acquisition.
- X, la matrice de calibrage obtenue lors de l'étape d'étalonnage décrite en section 2.3.
- $Tr_{Voli2Pano}$, la transformation géométrique issue du recalage rigide 3D-3D donnée par l'Urostation pour exprimer les coordonnées de tout nouveau volume échographique dans le repère du Panorama.

Ces données sont expliquées dans le chapitre 5 section 2.3.

Dans un cas théorique parfait, où seule la sonde déforme la prostate, nous devrions obtenir :

$$Tr_{\Re voli2\Re pano} = X \,.\, Tr^{-1}_{\Re pano2\Re rob} \,.\, Tr_{\Re voli2\Re rob} \,.\, X^{-1} \tag{7.1}$$

Dans un cas pratique d'utilisation de l'équation 7.1, l'égalité n'est pas vérifiée ; ceci est dû aux bruits de mesure du robot, de l'étape de calibrage, de la méthode de recalage et aux possibles mouvements du patient. Dans la plupart des situations cette différence est négligée puisque seul un des termes de l'équation est connu en pratique, c'est à dire soit un recalage est réalisé, soit un robot permet de connaître la position des objets de l'environnement dans son référentiel. Cependant, dans le cas où le patient bouge, il est indispensable de compenser

cette erreur car celle-ci devient non-négligeable. Dans notre cas, le mouvement du patient transforme l'équation 7.1 en :

$$Tr_{\Re voli2\widetilde{\Re}pano} = Tr_{PatientMouvement} \,.\, X \,.\, Tr^{-1}_{\Re pano2\Re rob} \,.\, Tr_{\Re voli2\Re rob} \,.\, X^{-1} \tag{7.2}$$

où $Tr_{PatientMouvement}$ représente une transformation permettant de lier l'ancien référentiel Panorama à une estimation du nouveau référentiel Panorama suite aux mouvements du patient. $Tr_{\Re voli2\widetilde{\Re}pano}$ symbolise la transformation rigide issue du recalage. Cette transformation est identique que ce soit pour le référentiel Panorama (ou référence $\Re_{ref}$ puisque ce sont les mêmes) ou le référentiel Panorama une fois que le patient a bougé (ou référence $\widetilde{\Re}_{ref}$). Finalement, l'équation 7.2 revient à calculer une matrice d'erreur de transformation entre deux référentiels supposés égaux.

Puisque nous construisons toute notre simulation dans le premier référentiel Panorama ($\Re_{pano}$ ou $\Re_{ref}$), nous pouvons exprimer l'équation 7.2 en :

$$Tr_{PatientMouvement} = (X \,.\, Tr^{-1}_{\Re pano2\Re rob} \,.\, Tr_{\Re voli2\Re rob} \,.\, X^{-1}) \,.\, Tr^{-1}_{\Re voli2\widetilde{\Re}pano} \tag{7.3}$$

L'inverse de $Tr_{PatientMouvement}$ nous permet d'exprimer de nouveau l'ensemble des éléments de la simulation dans le repère de départ du Panorama. Il est à noter que nous utilisons un recalage rigide dans ce cas précis. Le résultat de l'équation 7.3 est donc une approximation de ce qui a pû se passer dans le pelvis car, en réalité, des déformations ont sans nul doute eu lieu et des changements de conditions aux limites ont dû se produire.

Application à nos simulations

Nous avons appliqué ce principe à nos simulations afin de corriger les déplacements du patient. En effet, l'analyse de la séquence vidéo enregistrée pendant la procédure montre un déplacement conséquent du patient avant la première biopsie (nommée B01). Par conséquent, une correction a été appliquée à l'aide du volume acquis pour la première biopsie. Le recalage entre ce volume et le Panorama est utilisé pour déterminer cette correction. Au final, nous obtenons la transformation homogène suivante :

$$Tr_{PatientMouvement} = \begin{bmatrix} 1.0000 & -0.0002 & -0.0049 & 4.7210 \\ 0.0004 & 0.9991 & 0.0419 & 7.9139 \\ 0.0049 & -0.0419 & 0.9991 & -8.3829 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \tag{7.4}$$

Une légère différence de rotation apparaît de même qu'une importante différence de translation. Cette transformation correspond au décalage observé sur la figure 7.9. Cette figure présente les contours du même volume échographique, la biopsie B01, dans le référentiel du Panorama à l'issue d'une étape de recalage rigide (contours bleus) et à l'issue du calibrage en passant par les positions robot (contours oranges). On observe bel et bien cette faible rotation et cette forte translation.

3.2 Modification du repère de référence

Principe

La deuxième méthode testée pour minimiser l'impact des bougés du patient sur les simula-

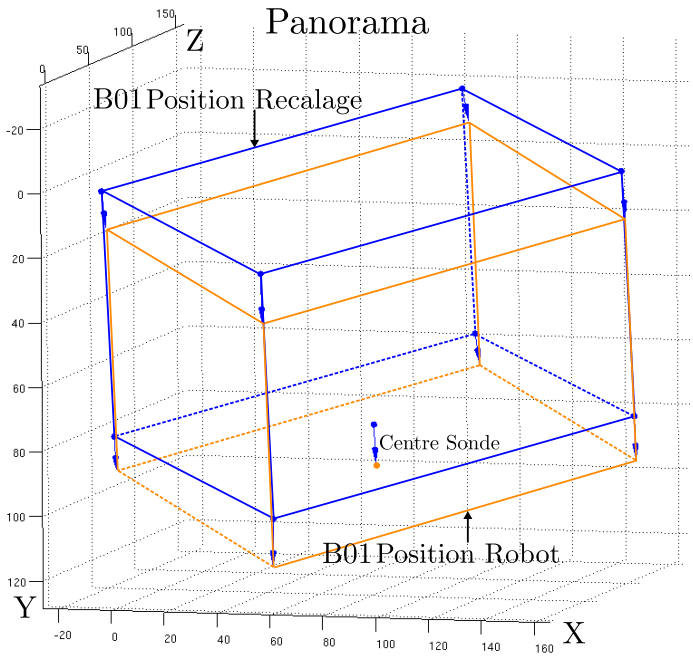


Figure 7.9 – Observation des bougés patients dans le Panorama.
Les deux parallélépipèdes correspondent aux volumes échographiques de la biopsie B01 exprimées dans le repère Panorama à l'aide des positions robots (contour orange) ou à l'aide du recalage rigide (contour bleu). L'effecteur du robot ayant été déplacé lors des bougés patients, on observe une différence de position du volume dans le Panorama correspondant à $Tr_{PatientMouvement}$.

tions consiste à modifier le repère de référence des simulations lorsqu'un bougé est détecté. Pour cela, nous utilisons directement les données issues de l'Urostation et plus précisément les transformations rigides données pour chaque biopsie avec le Panorama ($Tr_{\Re voli2\widetilde{\Re}pano}$ où i est l'identifiant de la biopsie). L'idée est de déplacer le modèle de façon cohérente avec les bougés du patient.Nous avons donc développé une brique logicielle permettant d'exprimer l'ensemble des positions du maillage et des conditions aux limites qui lui sont imposées dans un nouveau repère. Pour cela, il suffit de calculer l'ensemble des positions en utilisant la matrice de transformation rigide entre le Panorama et le volume échographique visé qui est fournie par l'algorithme de recalage rigide de l'Urostation.

Pour récupérer les positions de l'effecteur du robot dans cette nouvelle référence, nous utilisons les informations données par l'étape de calibrage ainsi que le log du robot à chaque instant de la session de biopsie. Si l'on reprend l'équation 7.1 pour calculer les positions de la sonde, au cours du temps, dans le repère du volume échographique de la biopsie B01, on a :

$$P^{B01}_{sonde} = X \,.\, Tr^{-1}_{\Re B01\ 2\Re rob} \,.\, Tr_{\Re voli2\Re rob} \,.\, X^{-1} \,.\, P^{voli}_{sonde} \tag{7.5}$$

où P^{B01}_{sonde} et P^{voli}_{sonde} désignent respectivement les positions de sonde dans le repère $B01$ et dans le repère *voli* (volume correspondant à un nouveau déplacement de sonde qui doit être simulé). $Tr^{-1}_{\Re B01\ 2\Re rob}$ permet d'exprimer des positions de $\Re_{rob}$ dans le repère $\Re_{B01}$ du volume de la biopsie B01.

Application à nos simulations

Nous avons appliqué cette méthode entre la biopsie B01 et le Panorama pour corriger les bougés du patient ayant lieu entre les deux acquisitions de données. Le fait de ne pas gérer le changement des conditions aux limites ayant eu lieu entre ces deux acquisitions provoque des problèmes de collisions. En effet, entre l'acquisition Panorama et B01, la sonde se déplace. Au final, lorsque que nous exprimons le maillage construit dans le repère du Panorama dans le repère de la biopsie B01, une partie importante de la sphère représentant la sonde se trouve déjà à l'intérieur du maillage. Cela met en échec l'algorithme de gestion des collisions.

Cette méthode n'est donc pas utilisable telle quelle. Pour contrer cet effet, nous appliquons des conditions aux limites inverses à celles que devraient produire la sonde lors du déplacement pour l'acquisition de la première biopsie. Une illustration est donnée en figure 7.10. Dans ce schéma (a) présente le modèle construit à partir du Panorama, (b) montre le résultat du recalage du modèle du Panorama dans le volume de biopsie B01. On observe le résultat de recalage entre les segmentations dans le volume B01 (vert) et le volume du Panorama (noir). On remarque également qu'une partie du maillage est déjà en contact avec le bout de sonde mettant en échec l'algorithme de collision. Pour éviter cela, la sonde est translatée en dehors du maillage (c). Par conséquent, nous appliquons des forces inverses (cf. figure 7.10 flèches rouges) à celles que la sonde provoquait. (d) schématise le résultat final. Ces conditions ont été trouvées empiriquement en observant le repositionnement des cibles par rapport à leur position initiale segmentée. Il est à noter que le repositionnement est réalisé empiriquement à l'aide des points d'intérêt visualisés dans le nouveau volume. Dans la figure 7.10, cela correspond aux points verts recalés sur les points noirs. Aucune hypothèse sur le bon positionnement des autres cibles ne peut être fait. Ces mêmes contraintes sont conservées pour le reste des simulations (B02, B03, etc).

Les premiers tests montrent des erreurs plus élevées que celles que nous présentons pour la première méthode. Pour la suite des résultats énoncés dans ce manuscrit, nous ne nous concentrerons donc que sur la première méthode.

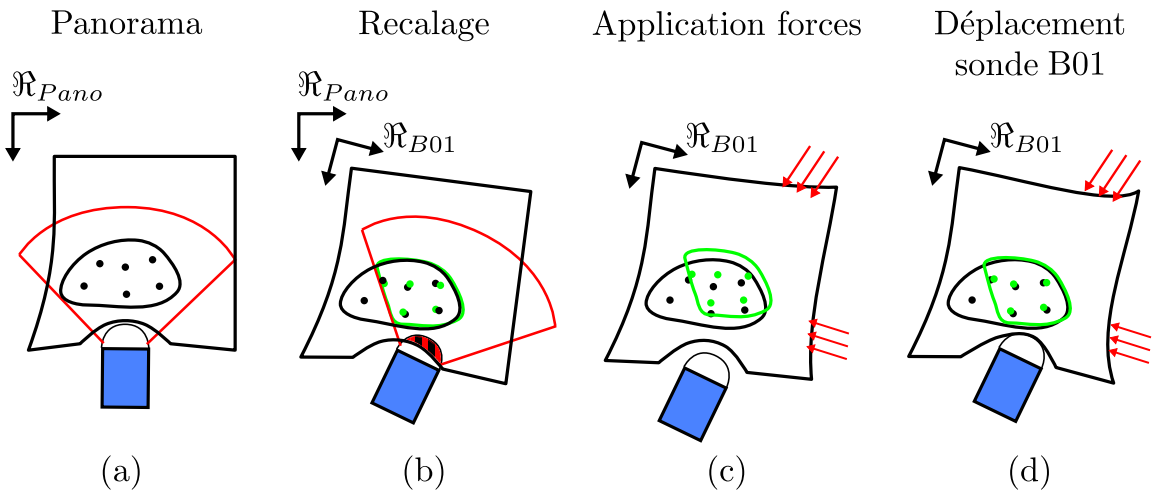


Figure 7.10 – Principes généraux lors du changement de repère de référence.

3.3 Avantages et inconvénients

Dans cette section, nous venons de voir deux méthodes pour approximer les bougés du patient dans nos simulations biomécaniques.

La première méthode a l'avantage de créer un seul repère de référence pour les simulations où ce sont les positions de la sonde et des cibles qui sont ajustées à l'aide d'une transformation rigide approximant les bougés du patients. La seconde méthode, quant à elle, nécessite de calculer l'ensemble des nouvelles positions du maillage et des conditions aux limites dans un nouveau repère. Dans la procédure Urostation réalisée aujourd'hui, ces corrections sont simples à mettre en place puisqu'elles nécessitent seulement de connaître à la fois les positions de la sonde intégrées au niveau du robot et les informations de recalage rigide entre les volumes échographiques et le Panorama.

Cependant, ces méthodes ne permettent pas de quantifier les effets des bougés sur la déformation qui a lieu au niveau du pelvis car seule une petite zone de cet ensemble est visible à l'échographie. Ceci implique que les conditions aux limites imposées au départ peuvent devenir obsolètes et fausser les simulations. L'utilisation d'outils de correction implique également l'ajout d'erreurs dues aux bruits de mesure. On peut citer les erreurs induites par le recalage rigide sur des données déformables. En effet, une partie seulement des cibles est visible à l'échographie. On suppose qu'après le recalage toutes les billes non visualisées sont également correctement recalées. Cette étape amène une erreur. Le jeu du robot et son calibrage ajoutent également une erreur dans l'approximation du bougé.

Il est important de noter que le premier volume de biopsie n'est pas utilisable pour la segmentation de l'environnement car seule la partie basale de la prostate est visible (zone de la première biopsie). De ce fait, il est impossible de créer de nouveau une simulation avec un repère de référence à partir de ce volume. Ainsi une amélioration à la première méthode consisterait à acquérir, dès la détection d'un bougé, un nouveau volume de référence, avec les nouvelles positions de la sonde, où très peu de déformations sont imposées sur la prostate. Ce nouveau Panorama, où la prostate serait visible dans sa globalité, représenterait également le nouveau référentiel pour les simulations.

Pour la seconde méthode, nous définissons les forces à appliquer pour trouver un état proche de ce que devrait subir le maillage dans un volume de biopsie particulier après l'application de la correction (c.f figure 7.10). Cette méthode, empirique, ne suffit pas à déterminer l'ensemble des conditions aux limites produites à l'issue de la biopsie considérée. Par conséquent, une erreur se propage dans le reste des simulations des acquisitions échographiques effectuées. Une perspective de ce travail est l'utilisation d'algorithmes permettant de trouver les positions initiales de repos à partir du pré-chargement en contraintes de la simulation suite au déplacement de la sonde pour la biopsie considérée. Cela pourrait être fait à l'aide de modèles inverses [Duriez 2013] ou par le développement d'algorithmes itératifs [Morin *et al.* 2015, Sellier 2011].

4 Résultats

Une vidéo d'exemple est présentée à l'adresse suivante :
`http://www-timc.imag.fr/Johan.Sarrazin#Thesis`.

4.1 Mouvements simulés de la prostate

Lors des simulations, nous monitorons le déplacement de la prostate à l'aide de six nœuds du maillage surfacique de la prostate (correspondant à l'apex, la base, le point postérieur et les extrémités gauche, droite et le point supérieur) représentant des repères anatomiques de l'organe. Ces six nœuds sont présentés dans la figure 7.11.

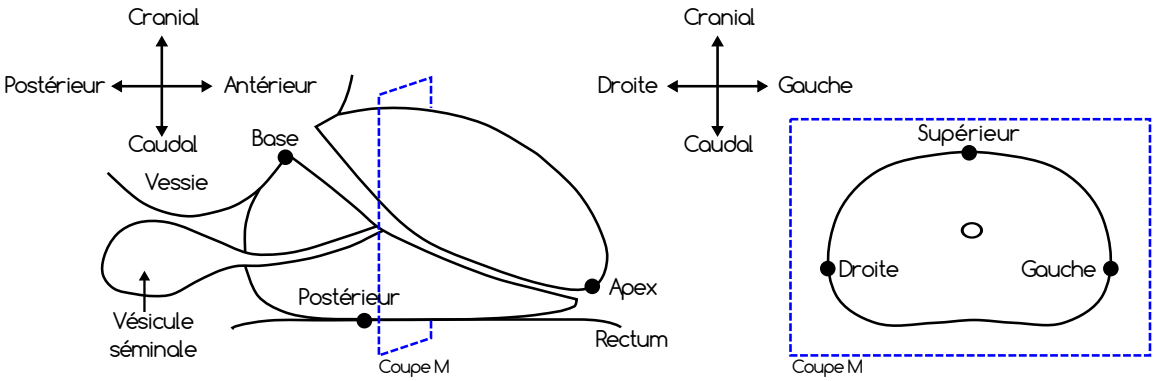


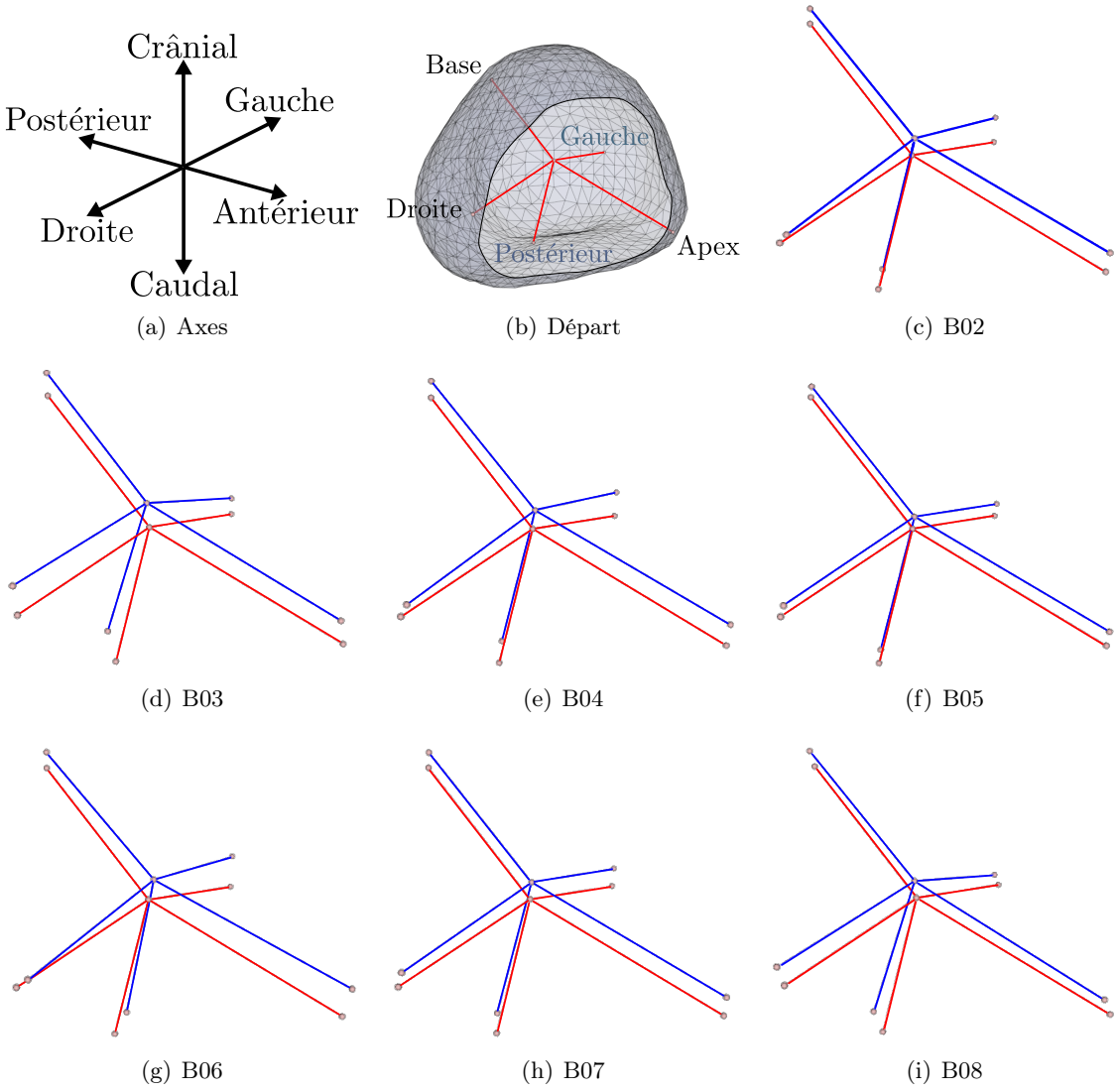
Figure 7.11 – Repères anatomiques pour l'étude du mouvement de la prostate.

Ces repères nous ont permis d'étudier à la fois les rotations et les déplacements de la prostate pour chaque biopsie par rapport à la position de départ. Pour les rotations, les plans suivants ont été suivis :

- Le plan **APB**. Il s'agit du plan passant par les repères anatomiques Apex, Postérieur et Base. Ce plan représente une coupe sagittale de la prostate située au milieu de l'organe.
- Le plan **DGD**. Il s'agit du plan passant par les repères anatomiques Droite, Gauche et Dessus. Ce plan représente une coupe axiale de l'organe.

Afin d'étudier le comportement en rotation de la prostate dans nos simulations, pour chaque biopsie, nous calculons les angles de ces plans par rapport aux plans axial, sagittal et coronal. On observe au travers de ces résultats et de la figure 7.12, que les rotations à l'issue des simulations sont faibles. En effet, elles sont comprises entre 0 et 3.5 degrés. Pour le plan APB, les plus fortes rotations ont lieu avec les plans sagittal et coronal indiquant que la prostate tourne sur l'axe antéro-postérieur ainsi que l'axe crânio-caudal. Ce phénomène peut être expliqué par l'effet de la sonde qui vient pousser la prostate sur un de ces côtés provoquant alors ces rotations. Il est également constaté que les plus fortes rotations sont trouvées lorsque les biopsies sont effectuées sur les parties centrales de la prostate (voir B02, B04, B06, figure 7.3). Les angles trouvés entre le plan DGD et les plans principaux axial sagittal et coronal indiquent de très faibles rotations, inférieures à 1 degré.

Pour étudier le déplacement de la prostate au cours de chaque biopsie, nous utilisons le barycentre des six repères anatomiques monitorés sur le maillage surfacique de la prostate. Le barycentre de ces six repères pour chaque biopsie est comparé au barycentre de départ. Sont mesurés à la fois la distance entre la position initiale et finale et le déplacement le long des axes antéro-postérieur, gauche-droite et crânio-caudal. Ces résultats sont donnés dans la table 7.2. Des illustrations, de ces mouvements, sont également fournies dans la figure 7.12.



(a) Axes (b) Départ (c) B02

(d) B03 (e) B04 (f) B05

(g) B06 (h) B07 (i) B08

Figure 7.12 – Mouvements de la prostate dans les simulations de la biopsie B02 à B08 engendrés par la sonde endorectale.
Les traits rouges correspondent à la position de départ des repères anatomiques reliés à leur barycentre. Les traits bleus correspondent à ces mêmes repères après le déplacement et la déformation de la prostate induits par un déplacement de sonde d'une biopsie, notée B01, B02, etc.

Les résultats, présentés pour les biopsies B02 à B08, montrent des déplacements oscillant autour de 2 mm. Les déplacements sont plus importants lorsque des biopsies centrales sont effectuées (B02, B04, B06, B08). L'axe majeur des déplacements est l'axe crânio-caudal correspondant à l'axe de poussée de la sonde. On remarque certaines différences entre les deux types de conditions aux limites testées (cf. section 2.7). Lorsque seulement quelques nœuds sont fixés, le déplacement latéral (axe gauche-droite) est favorisé ainsi que le déplacement postérieur de la prostate.

Conditions aux limites / Biopsies	Contraintes Sphères				Contraintes Nœuds fixés			
	Distance	Direction Axe			Distance	Direction Axe		
		A-P	G-D	Cr-Ca		A-P	G-D	Cr-Ca
B02	1.97	-0.06	0.70	-1.84	2.13	0.44	1.07	-2.00
B03	2.05	0.09	-0.45	-2.88	2.77	0.40	-0.57	-2.68
B04	2.14	-0.06	0.61	-2.05	2.04	0.22	0.80	-1.86
B05	1.40	-0.17	0.17	-1.38	1.23	-0.01	0.11	-1.23
B06	2.38	-0.37	0.77	-2.22	3.08	-0.12	1.58	-2.64
B07	1.94	-0.07	0.32	-1.91	1.93	0.19	0.40	-1.88
B08	2.08	-0.01	-0.48	-2.03	2.02	0.45	-0.55	-1.90

Table 7.2 – Déplacement simulé du barycentre de six repères anatomiques de la prostate pour sept biopsies en fonction des deux méthodes de conditions aux limites.
Les mouvements sont donnés à la fois en distance et selon les axes principaux Antéro-Postérieur (A-P), Gauche-Droite (G-D) et Crânio-Caudal (Cr-Ca). Un résultat positif selon un axe indique un déplacement dans le sens de lecture de l'axe et vice versa. Par exemple, A-P = -0.06 indique que le barycentre des six repères anatomiques s'est déplacé de 0.06 mm vers la partie antérieure (ici apex) de la prostate le long de l'axe Antéro-Postérieur.

4.2 Temps de simulation

Nous avons évalué à la fois le temps moyen requis tout au long de la simulation et le temps nécessaire à la stabilisation de la simulation dynamique une fois les mouvements de la sonde terminés et pour les différentes conditions aux limites testées. Les moyennes sont calculées sur la base des huit premières biopsies simulées. Au final, nous obtenons une moyenne de 15.15 pas de temps par seconde pour les conditions aux limites données à l'aide de sphères et de 16.72 pour les conditions aux limites données à l'aide de nœuds fixés. La table 7.3 présente ces résultats.

Dans l'ensemble on observe une faible variation par rapport à la moyenne des résultats. L'ensemble des simulations se stabilisent 50 pas de temps après l'arrêt du mouvement de sonde selon notre critère d'arrêt. De nouvelles recherches pourront être faite pour juger de la pertinence du critère de stabilité afin de diminuer ces 50 pas de temps si possible.

Bien que ces résultats soient très encourageants, il est possible d'améliorer ce temps de calcul en définissant plus précisément quels nœuds sont à considérer pour les conditions aux limites. En effet, pour l'heure nous utilisons des boîtes englobantes grossières répertoriant à la fois les nœuds de surfaces et tout un ensemble de nœuds du volume à tester pour les

conditions aux limites. Des méthodes codées sur GPU devraient également améliorer ce résultat.

Conditions aux limites	Simulations complètes Moyenne (FPS)	Stabilisation Moyenne (itérations)
Sphères	15.15 ± 0.28 [14.85 ; 15.57]	50 ± 0
Sphère + nœuds fixés	16.72 ± 0.53 [15.81 ; 17.58]	50 ± 0

Table 7.3 – Temps de simulations (FPS) et temps de stabilisation (en nombre de pas de temps) moyens observés pendant les simulations.
Les résultats sont présentés tel que : Moyenne ± écart-type [Minimum ; Maximum]. Le taux de FPS est calculé comme le nombre de pas de temps réalisés dans les simulations en 1 seconde réelle.

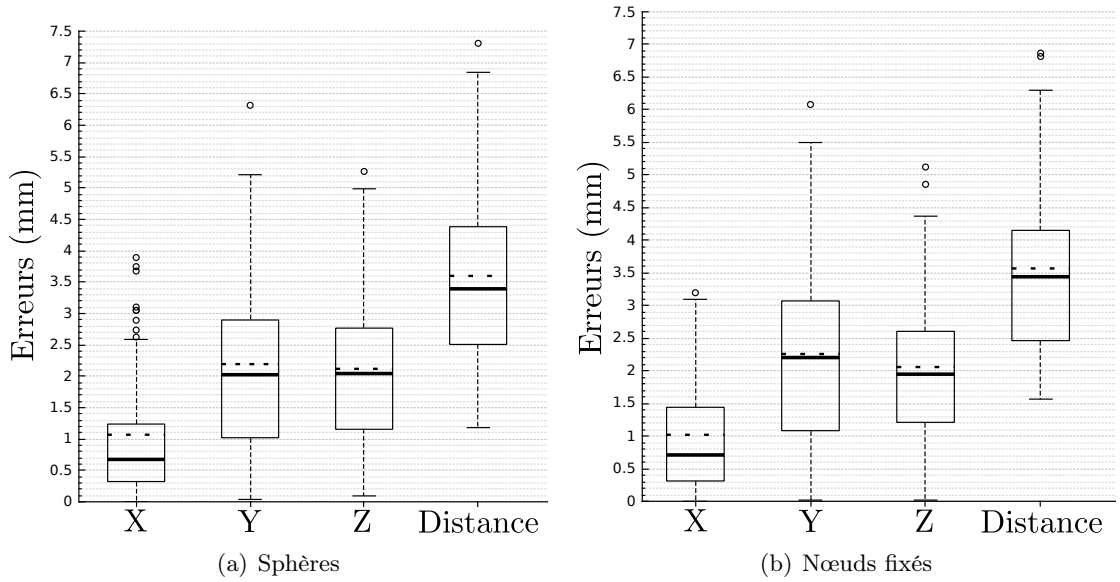
4.3 Erreurs sur l'ensemble de la prostate

La table 7.4 présente les erreurs obtenues à la fin de sept simulations correspondant aux déplacements et aux déformations induits par une sonde endorectale lors de biopsies de prostate. Ces biopsies sont numérotées de deux à huit en suivant le protocole "12-coeurs" (c.f figure 7.3). L'erreur est obtenue en calculant la distance entre les points d'intérêt segmentés dans chaque volume échographique et leur position simulée comme cela est expliqué dans le chapitre 6 dans la sous-section 2.8.

Biopsies	Sphères Moyenne ± std [Min ; Max]	Nœuds fixés Moyenne ± std [Min ; Max]	Nb. cibles
B02	2.31 ± 0.64 [1.18 ; 3.27]	2.82 ± 0.64 [1.67 ; 3.82]	8
B03	2.81 ± 0.65 [1.92 ; 3.73]	2.77 ± 0.63 [1.78 ; 3.49]	12
B04	3.78 ± 1.29 [2.35 ; 6.20]	3.64 ± 1.39 [2.09 ; 6.31]	10
B05	4.77 ± 1.03 [3.59 ; 6.85]	4.72 ± 1.05 [3.81 ; 6.87]	9
B06	5.05 ± 1.51 [3.19 ; 7.31]	4.30 ± 1.61 [2.29 ; 6.82]	7
B07	3.26 ± 1.03 [1.89 ; 4.73]	3.44 ± 1.00 [2.16 ; 4.87]	9
B08	3.69 ± 1.45 [1.56 ; 5.15]	3.68 ± 1.56 [1.56 ; 5.33]	7

Table 7.4 – Erreurs moyennes (mm) pour les simulations des biopsies B02 à B08.
Les résultats donnés ici sont obtenus suite à la prise en compte des bougés du patient à l'aide du recalage de la biopsie B01 tel qu'expliqué dans la section 3.1 de ce chapitre. Les résultats sont présentés tel que : Moyenne ± écart-type [Minimum ; Maximum].

Une erreur moyenne minimum de 2.31 mm est trouvée pour la biopsie B02 et une erreur moyenne maximum de 5.05 mm pour la biopsie B06. Dans l'ensemble, on constate une augmentation de l'erreur moyenne au fur et à mesure des biopsies. Cette tendance est vraie lorsque l'on considère seulement un côté de la prostate. En effet, nous remarquons que les biopsies B07 et B08 ont une erreur moyenne qui diminue par rapport aux précédentes. En reprenant le schéma "12-coeurs" précédemment présenté, on comprend que l'erreur est faible



(a) Sphères (b) Nœuds fixés

Figure 7.13 – Erreurs mesurées par axe pour les simulations B02 à B08.
X représente l'axe gauche-droite ; Y l'axe cranio-caudal ; Z l'axe antéro-postérieur. Dans le diagramme, le trait pointillé présente la médiane tandis que le trait plein présente la moyenne.

lorsque les biopsies sont faites au niveau de la base de la prostate. Deux raisons majeures peuvent aboutir à ces résultats. Une première raison est directement liée à notre méthode de gestion des bougés du patient. En effet, le recalage pour la correction des bougés du patient est réalisé avec un volume échographique d'une biopsie faite à la base de la prostate (biopsie B01). Par conséquent, dès que l'on s'éloigne de la prostate, l'erreur augmente. Une deuxième raison est que la partie en apex de la prostate est plus mobile et peut donc induire de plus grandes erreurs. Lorsque les volumes échographiques correspondent à des biopsies faites à l'opposée du volume utilisé pour le recalage, les erreurs sont alors supérieures à 6 mm (B09 à B11).

Dans l'ensemble, les résultats obtenus pour les deux types de conditions aux limites varient très peu. On remarque cependant, une diminution de l'erreur plus on arrive vers l'apex de la prostate lorsque seuls quelques nœuds du maillage sont fixés. Cette différence peut provenir du fait que l'on impose moins de contraintes pour le déplacement de la prostate en apex avec ce type de conditions aux limites.

Lorsque l'on regarde les erreurs par axe, voir figure 7.13, on observe que ce sont les axes cranio-caudal et antéro-postérieur qui contribuent le plus à l'erreur finale. Le passage des conditions "sphères" aux conditions "nœuds fixes" montre un changement d'axe de l'erreur, qui diminue sur l'axe antéro-postérieur mais augmente le long de l'axe crânio-caudal. Peu de différences sont observées le long de l'axe gauche-droite où les erreurs sont faibles.

En reprenant l'ensemble des étapes de la chaîne de validation et plus particulièrement les étapes où des erreurs indépendantes peuvent être calculées, comme le calibrage et la segmentation des cibles, on peut estimer une erreur RMS amenée par ces deux méthodes.

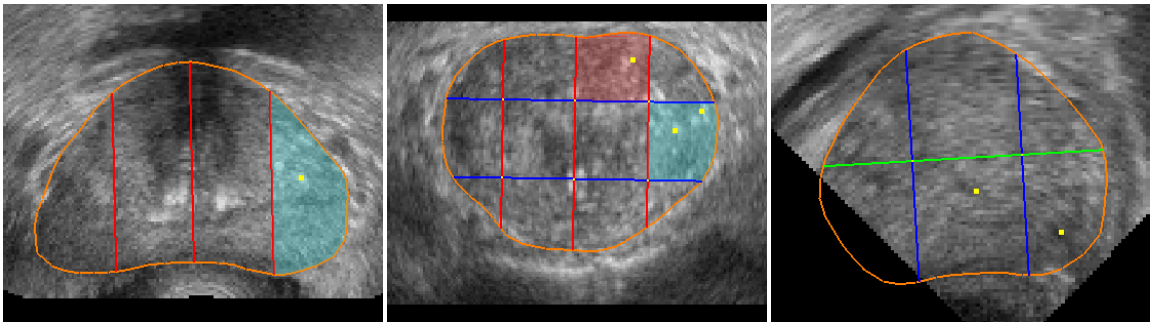
Au final, on obtient avec une erreur RMS de 2.24 mm pour le calibrage et de 1 mm pour la segmentation, soit :

$$\varepsilon_{RMS} = \sqrt{\sum_{i=1}^{n} \varepsilon_i^2} = \sqrt{2.24^2 + 1^2} = 2.45mm$$

Au regard des résultats obtenus à la fin des simulations, on se rend compte que les erreurs indépendantes trouvées en amont de la modélisation sont non-négligeables et plus particulièrement l'erreur à l'issue du calibrage. Cette dernière indique qu'il peut y avoir un certain décalage entre les positions réelles des cibles et des volumes échographiques comparativement à ce que les capteurs du robot intègrent. Pour obtenir une erreur inférieure à 2 mm, il faudra nécessairement passer par une amélioration de l'étape de calibrage.

4.4 Erreurs par zone

Pour observer la répartition des erreurs au sein de la prostate, nous catégorisons les cibles en suivant le schéma "12-cœurs" où chaque zone représente un lieu de ponction lors d'une session de biopsie classique. De plus, nous avons ajouté un plan coronal situé à 17 mm du contact rectum-prostate. Ce plan dépeint la longueur d'une ponction lors de biopsies de prostate. Une illustration du découpage effectué sur le volume échographique est présentée en figure 7.14.



(a) (b) (c)

Figure 7.14 – Découpage automatique "12-cœurs" de la prostate.
(a), (b), (c) montrent respectivement une vue axiale, coronale et sagittale de la prostate étudiée dans ce chapitre. La prostate est découpée en zones cliniques connues appelées "12 cœurs". Les traits bleus sont des plans axiaux et les traits rouges des plans sagittaux. Un trait vert supplémentaire représentant un plan coronal à 17 mm du contact prostate/rectum est également tracé. Les points jaunes correspondent à certains des points d'intérêts utilisés pour le calcul de précision.

Au final, nous avons séparé les cibles en trois parties distinctes sur l'axe antérieur-postérieur que nous appelons Apex, Médiane, Base de par leur position dans la prostate. Dans un second temps, nous séparons les cibles en deux parties coronales, inférieure ou supérieure à 17 mm. Le tableau 7.5 présente le nombre de billes par partie.

Parties		Axiales			Total Coronales
		Apex	Médiane	Base	
Coronales	>17 mm	1	3	2	6
	<17 mm	3	4	0	7
Total axiales		4	7	2	13

Table 7.5 – Répartition des cibles dans la prostate.

		Erreur moyenne (mm)											
Axes		Distance			Gauche-Droite			Crânio-caudal			Antéro-post.			Obs.
Base	B+	2.24	2.24		0.56	0.56		1.24	1.24		1.56	1.56		8
	B-		-			-			-			-		0
Median	M+	3.48	3.42		1.13	1.20		2.02	1.75		1.99	2.11		20
	M-		3.54			1.07			2.29			1.87		21
Apex	A+	4.84	5.22		1.16	1.27		3.29	3.03		2.91	3.63		4
	A-		2.98			0.59			2.39			1.55		9

Table 7.6 – Erreurs moyennes obtenues par zones et par axe dans la prostate pour les simulations avec des sphères pour conditions aux limites.
Dans cette table, les signes + et - désignent respectivement les cibles situées au-dessus du plan coronal de 17 mm (+) ou en-dessous (-). Le tableau montre à la fois l'erreur moyenne par zone Base, Median et Apex mais également par sous-catégorie dans chacune de ces zones suivant le plan coronal. Obs. présente le nombre d'observations (de points d'intérêt segmentés) sur le total des sept simulations.

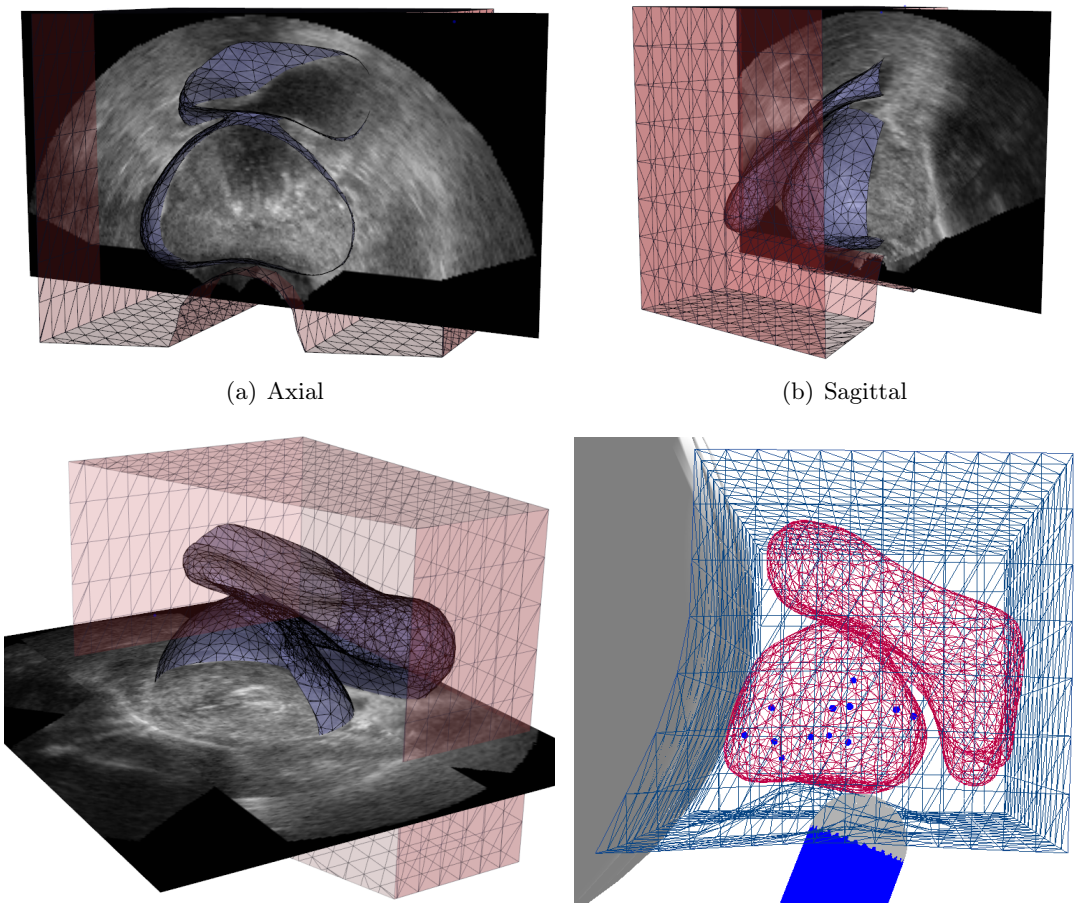
Le faible nombre de valeurs ne nous permet pas de calculer des statistiques. Cependant, à l'aide de la table 7.6 présentant les erreurs moyennes obtenues par zone et par axe, nous observons les tendances suivantes :

- Les erreurs augmentent plus on s'éloigne de la base de la prostate passant de 2.24 mm à 4.84 mm.
- L'axe crânio-caudal apporte majoritairement les plus grandes erreurs. L'axe Antéro-postérieure donne également de fortes erreurs contrairement à l'axe Gauche-droite où les erreurs sont assez faibles.
- Dans la majeure partie des cas, plus on s'éloigne de l'extrémité de la sonde plus l'erreur augmente. En effet mis à part pour la partie médiane, la différence semble importante et mériterait d'être corroborée à l'aide de statistiques.

5 Modélisation de la vessie

Pour étudier les sources d'erreurs possibles dans nos modèles, nous avons segmenté la vessie dans le volume Panorama puis l'avons maillée dans notre modèle. Au final, le maillage est composé de 19 580 tétraèdres, soit 4 674 tétraèdres de plus que le modèle précédent.

Une illustration du modèle est donnée en figure 7.15. Les simulations des positions de la sonde pour les biopsies B02 à B08 ont été relancées pour les deux types de conditions aux limites. L'élasticité de la vessie a été imposée à 65 kPa identique à celle la prostate. Cette valeur est empirique car la littérature montre une grande diversité d'élasticité concernant la vessie. Par exemple, [Li *et al.* 2014] rapportent des valeurs variant de 4 kPa à 206 kPa. Les résultats de précision sont donnés dans la table 7.7. En ce qui concerne le temps de calcul, les simulations ont respectivement pris en moyenne 10.57 FPS et 11.15 FPS pour les conditions aux limites sphères et nœuds fixés. L'ensemble des simulations se sont arrêtées 50 itérations après les mouvements de sonde en appliquant notre critère d'arrêt.



(a) Axial (b) Sagittal

(c) Coronal (d) Simulation

Figure 7.15 – Illustration de la segmentation de la vessie en plus de la prostate dans le modèle patient-spécifique.

Les résultats sont cohérents avec ceux obtenus précédemment lorsque seule la prostate est prise en compte. Le temps de simulation est plus long à cause du plus grand nombre d'éléments (+ 4 674). Le faible nombre de points d'intérêt ne permet pas de faire des calculs statistiques significatifs. La tendance montre cependant que l'erreur majeure faite dans le modèle ne vient pas de la non-modélisation de la vessie. Comme pour les résultats

Biopsies	Sphères Moyenne ± std [Min ; Max]	Nœuds fixés Moyenne ± std [Min ; Max]	Nb. cibles
B02	2.29 ± 0.66 [1.10 ; 3.23]	2.84 ± 0.65 [1.65 ; 3.85]	8
B03	2.92 ± 0.61 [2.08 ; 3.67]	2.72 ± 0.64 [1.78 ; 3.59]	12
B04	3.90 ± 1.31 [2.47 ; 6.38]	3.63 ± 1.35 [2.09 ; 6.21]	10
B05	4.92 ± 1.07 [3.74 ; 7.05]	4.87 ± 1.10 [3.85 ; 7.08]	9
B06	5.19 ± 1.60 [3.17 ; 7.60]	4.48 ± 1.70 [2.32 ; 7.16]	7
B07	3.40 ± 1.01 [1.98 ; 4.81]	3.58 ± 0.99 [2.23 ; 4.96]	9
B08	3.94 ± 1.46 [1.79 ; 5.43]	3.88 ± 1.59 [1.68 ; 5.59]	7

Table 7.7 – Erreurs moyennes (mm) pour les simulations des biopsies B02 à B08 où la vessie est également maillée.
Les résultats donnés ici sont obtenus suite à la prise en compte des bougés du patient à l'aide du recalage de la biopsies B01 tel qu'expliqué dans la section 3.1 de ce chapitre.

précédents, on constate que les plus faibles erreurs sont trouvées pour les biopsies réalisées au niveau de la base de la prostate, zone où le recalage rigide a été effectué pour la prise en compte des bougés du patient. L'ensemble de ces résultats est important car il nous pousse à investiguer sur d'autres sources potentielles d'erreurs dans la chaîne de validation telles que les erreurs indépendantes calculées dans la section 4.3 de ce chapitre.

6 Retour sur la chaîne de validation

Au travers de cette première modélisation patient, nous relevons, pour chaque étape de la chaîne de validation, les sources d'améliorations suivantes :

- **Calibrage**. Comme mentionné dans les perspectives du chapitre décrivant la méthode de calibrage Main-Oeil (Chapitre 5, section 2.3), il est possible d'améliorer le processus de calibrage. Un effort doit être fait pour rendre la méthode plus ergonomique, facile d'utilisation [4] et moins sensible au bruit dans le recalage des volumes. Un étalonnage du robot devrait être fait afin de connaître avec exactitude les performances de celui-ci lorsque le robot est mis dans des configurations d'utilisation d'une part, mais également lorsque les capteurs ou le modèle du robot peuvent être mis à défaut. L'utilisation de fantômes de calibrage possédant une vitesse moyenne du son proche de celle dans les tissus humains (1 540 $m{\cdot}s^{-1}$) permettrait de minimiser l'erreur de vitesse propagée dans le volume échographique.
- **Acquisitions données**. Le processus d'acquisition des volumes échographiques doit permettre, pour de prochaines expériences, d'acquérir des volumes de référence (où la prostate est peu déformée) au cours de la session de biopsie lorsqu'un mouvement est détecté par l'urologue. Également, il peut être intéressant de trouver un moyen de synchronisation des données robot et échographiques pour faciliter l'étape de création des déplacements de sonde dans les simulations.

4. "user-friendly"

- **Segmentation**. L'étape de segmentation de la prostate pourrait à l'avenir utiliser directement le maillage de prostate issu de l'Urostation. Pour la construction du maillage autour de l'organe, on peut imaginer posséder un maillage surfacique initial. L'urologue segmenterait alors quelques points stratégiques dans le volume Panorama pour ajuster le maillage au patient courant. Ces points sont, par exemple, l'interface os tissus présente au niveau de l'apex de la prostate et de la symphyse pubienne ou encore le contact rectum sonde. Cette segmentation ne demanderait pas un temps clinique important. Par ailleurs, aujourd'hui, nous testons la précision de nos modèles à l'aide du "centre" de points d'intérêt non-sphériques. Là encore, on peut imaginer utiliser d'autres types de métriques telles que la surface de la cible (souvent segmentée à l'IRM et importée dans l'échographie) pour tester les modèles au moyen du coefficient de DICE [Alterovitz *et al.* 2006].

- **Génération des maillages**. Aujourd'hui, nous utilisons seulement des tétraèdres pour modéliser notre environnement. Avec ce type d'élément, un phénomène appelé "locking" [5] peut se produire dans le cas de grandes déformations provoquant alors des erreurs dans les simulations. Dans le cadre des éléments finis, il peut être intéressant de tester des maillages hexaédriques ou composés d'une multitude d'éléments (prismes, pyramides, hexaèdres, etc) [Lobos & González 2015].

- **Paramètres du modèle**. Pour ce premier test sur des données patient, nous avons utilisé la rhéologie trouvée dans la littérature. Tout un ensemble de tests de paramètres pourra être mené (comme dans le chapitre 6 précédent) afin d'obtenir un ordre de grandeur des paramètres utilisables sans toutefois augmenter l'erreur significativement. Un autre point d'amélioration important est la définition de conditions aux limites plus précises. De nos premiers tests, on observe que ces dernières peuvent jouer un rôle prépondérant dans l'erreur finale. La chaîne de validation pourrait permettre de comparer une multitude de conditions aux limites testées sur plusieurs cas afin de trouver le jeu de conditions optimal. Une autre solution, trouvée dans la littérature [Hu *et al.* 2011], serait d'utiliser des modèles de pelvis moyen [Thompson *et al.* 2008] pouvant être recalés sur le modèle courant à l'aide de quelques marqueurs indiqués par l'urologue.

- **Simulation**. Dans le cadre de simulations issues de données d'un patient, nous avons conclu qu'il était indispensable de gérer les bougés du patient. Deux solutions ont été proposées mais peuvent être améliorées. En effet, nos solutions approximent les bougés survenant pendant la session de biopsie à l'aide du recalage 3D rigide d'une partie de la prostate seulement (ici la base). Les erreurs trouvées sont par conséquent plus faibles au niveau du lieu de recalage et plus fortes dans les zones non visualisées dans le nouveau volume échographique. C'est pourquoi nous pensons que l'acquisition d'un nouveau volume de référence lors des bougés du patient peut être une solution.

5. Phénomène arrivant dans le cas de grandes déformations (fléchissement important) avec des éléments quasi-incompressibles)

7 Conclusion

À notre connaissance, c'est la première fois qu'il est créé un modèle biomécanique patient-spécifique de prostate, basé exclusivement sur des volumes échographiques et déformé à l'aide de positions de sonde obtenues grâce à un robot porte-sonde. Cette méthode permet, de plus, de suivre le déplacements des cibles cliniques au cours du temps. Par ailleurs, les résultats montrent une efficacité calculatoire intéressante s'approchant d'une utilisation possible dans un temps clinique. Les premiers résultats de précision obtenus pour sept simulations de déformations issues d'un patient sont encourageants. Dans la littérature, la majeure partie des modèles biomécaniques de prostate sont utilisés pour le recalage entre deux volumes (IRM-TRUS ou TRUS-TRUS). Dans ces cas, les problèmes de temps réel se posent moins et la gestion des collisions n'est pas nécessaire puisque aucun retour visuel temps-réel n'est demandé. Récemment, [van de Ven *et al.* 2015] ont utilisé un modèle biomécanique de la prostate pour recaler des IRM avec des TRUS. Les points de surface sont recalés entre les deux images. Le modèle biomécanique hyper-élastique (néo-hookéen) permet de générer les comportements à l'intérieur de l'organe. Sur une cohorte de dix patients où deux à cinq cibles sont marquées, ils obtiennent une médiane moyenne de 3.62 ± 2.13 mm avec une erreur minimum de 2.37 mm et une maximum de 4.52. En reprenant nos résultats, nous obtenons des médianes variant respectivement de 2.48 mm à 4.76 mm et de 2.97 mm à 4.52 mm pour les conditions aux limites imposées avec des sphères ou des nœuds fixes sachant que nous utilisons seulement de l'échographie transrectale. Ces résultats portent cependant seulement sur les biopsies B02 à B08.

Aujourd'hui, l'ensemble des développements ont été réalisés sur CPU. Un développement GPU de cette méthode nous amènerait très probablement à une modélisation à éléments finis temps-réel. De là, vue la précision encourageante de la méthode, on peut imaginer utiliser ce type de modèle dans des simulateurs également. Les voxels des images seraient alors mappés sur les éléments du maillage (développement parallélisable) et permettraient un rendu visuel réaliste.

La modélisation biomécanique de ce patient à l'aide de la chaîne de validation nous a permis de relever un certain nombre de sources d'erreurs. En perspective de cette approche, il est primordial de trouver une méthode de correction aux bougés du patient prenant en compte également les nouvelles conditions aux limites qui peuvent être induites. Pour cela, dans une procédure clinique, on peut ajouter une étape de re-création du Panorama pour les simulations. Celle-ci interviendrait lors de bougés significatifs du patient. Cela peut être détecté à la fois par les personnes présentes pendant l'intervention mais également par des changements brusques dans les calculs de position de sonde dans le référentiel robot. Le log du robot permet également d'obtenir des retours sur les forces appliquées aux capteurs. Une variation brusque lorsque le robot est en mode fixe indiquerait la nécessité de créer la référence de nouveau. Afin de détecter d'autres sources majeures d'erreurs en plus de celles du bougé, un test sur patient sous anesthésie générale pourrait être mené en plus du développement des perspectives de la méthode de calibrage données dans le chapitre 5 section 2.3.6. En supposant qu'une différence de volume de prostate entraîne un comportement différent de l'organe sous l'effet d'une sonde endorectale, des expérimentations avec des prostates de différents volumes devront également être réalisées afin d'étudier cet impact sur le résultat

final.

Dans la figure 7.12, nous présentons les déplacements de la prostate induits par les mouvements de sonde pour chaque biopsie. Ces mouvements de sonde étant connus à l'aide du robot, on peut imaginer corréler ces informations avec celle du déplacement de la prostate afin de créer un atlas permettant de qualifier pour chaque biopsie le type de déplacements et de déformations qui prédominent. Sur la base d'une grande quantité de test sur patients (classés selon leur morphologie, volume de leur prostate), les solutions de modèles statistiques de prédiction proposés par [Hu *et al.* 2015] seraient alors applicables. Nous aurions dans ce cas des arbres de décision par biopsie et l'apprentissage du modèle se concentrerait exclusivement sur des mouvements de sonde bien connus puisque issus de vrais tests sur patients.

Dans ce chapitre, des résultats issus de modèles à éléments finis ont été présentés. Une alternative à ces modèles peut être l'utilisation de modèles discrets. Suite à la revue de littérature concernant les modèles biomécaniques de la prostate et plus particulièrement aux travaux de [Promayon *et al.* 1996] et [Marchal 2006], nous avons commencé à étudier le modèle à mémoire de forme appelé Phymul. L'efficacité calculatoire et le réalisme certain présenté par [Marchal 2006] nous ont poussé dans ce sens. En parallèle du travail présenté ici, nous nous sommes donc penchés sur l'amélioration de cette méthode suite aux perspectives vues par les auteurs. En figure 7.16 sont présentées les prémisses de ce travail. Nous étudions la possibilité de créer des maillages où nous gérons mieux le nombre de voisins afin de pouvoir paralléliser les calculs et obtenir une grande efficacité calculatoire.

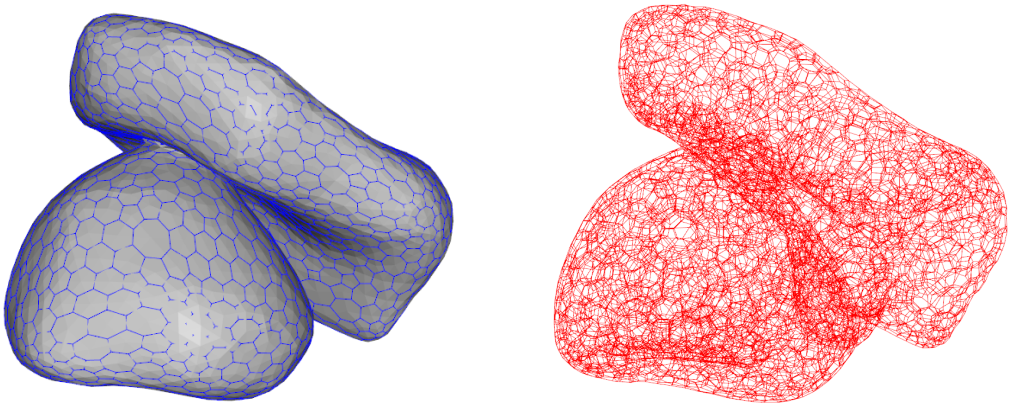


Figure 7.16 – La perspective Phymul.
Ces maillages représentent une prostate et une partie de la vessie segmentées à partir d'un volume échographique.

Chapitre 8

Postlude

Sommaire

1 Rappel des contributions 159
2 Perspectives 160
3 Publications 162

1 Rappel des contributions

Dans le cadre du management des déplacements et déformations de la prostate lors d'échographies transrectales, nous sommes partis sur la modélisation biomécanique de la prostate construite à partir de volumes échographiques 3D seulement. Pour étudier, évaluer et valider plusieurs modèles, nous avons pensé et déployé une chaîne de validation générique relatant non seulement les erreurs à la fin des simulations mais également les erreurs commises en amont pour la construction de ces simulations. Cette chaîne se veut à la fois générique, pour être appliquée à d'autres domaines et d'autres types d'imageries, et à la fois assez exhaustive afin de détecter au maximum les sources d'erreurs afin de les prendre en compte dans la validation des modèles. Cette chaîne de validation constitue une étude de faisabilité pour le déploiement de solutions biomécaniques dans un contexte clinique en permettant le prototypage, le test à grande échelle de paramètres sur des données issues de banc d'essais ou d'acquisitions expérimentales patients et la validation de l'ensemble de la méthodologie utilisée.

Suite à cette chaîne de validation, nous avons amélioré un calibrage de sonde échographique 3D afin qu'il soit plus robuste aux changements de paramètres au niveau de la sonde tels que la profondeur ou l'angle d'acquisition. Pour cela, nous créons un repère de référence virtuel situé au niveau du centre des capteurs ultrasons représentant un centre invariant quels que soient les paramètres de la sonde. Cette contribution nous aura permis de segmenter facilement la prostate dans les volumes échographiques en pouvant jouer sur la profondeur d'acquisition de ceux-ci.

Nous avons également adapté une méthode de calibrage Main-Œil pour le suivi de la position des volumes échographiques à l'aide d'un robot porte-sonde. Tout comme le développement précédent, nous avons ajouté à cette méthode une brique logicielle permettant de calibrer au niveau d'un centre invariant de sonde et non pas au niveau du référentiel image. Avec ce développement, chaque position de sonde, et donc de l'image, est connue dans le repère de l'effecteur du robot.

Afin d'éviter l'utilisation des méthodes de collisions classiques, généralement lourdes

en temps de calcul, nous avons développé une méthode de projection, en tenant compte de la force, basée sur un déplacement radial à partir du centre d'une sphère ou d'un cylindre. Cette méthode a été validée sur un banc d'essai nécessitant des développements logiciels pour l'étalonnage et le traitement des images vidéos.

En ce qui concerne la modélisation biomécanique de la prostate, nous avons réalisé une première étude de modèles biomécaniques (basée sur la méthode des éléments finis) avec un banc d'essai expérimental utilisant un fantôme réaliste de prostate. À l'aide de la chaîne de validation, nous avons lancé une multitude de simulations (plus de 800) afin d'évaluer l'impact de plusieurs paramètres (tels que la rhéologie, la granularité du maillage ou encore la méthode de résolution) sur l'erreur finale et sur l'efficacité calculatoire.

Dans un second temps, et à l'aide des outils précédemment présentés, nous avons également réalisé le test sur des acquisitions issues d'une vraie session de biopsie sur patient. Les premiers résultats obtenus sont encourageants et montre la possibilité d'obtenir des modèles utilisables en temps clinique.

En plus de ces contributions principales, une multitude de développements ont été faits pour automatiser au maximum le lancement des simulations biomécaniques ; pour ajouter des métriques et des critères d'arrêt dans nos simulations en plus de celles existantes dans l'environnement MML proposée par [Deram *et al.* 2012] permettant de comparer des modélisations biomécaniques provenant de différents simulateurs ; ou encore pour créer des entrées-sorties permettant l'utilisation de logiciels annexes tels que R ou MATLAB afin d'utiliser des méthodes statistiques existantes. La plupart de ces développements ont été réfléchis de manière à rendre ceux-ci utilisables pour d'autres applications ou à l'aide de nouveaux matériels.

2 Perspectives

Chaîne de validation et outils mis en place

Dans l'état des choses, la chaîne de validation nous permet de lancer un grand nombre de simulations pour tester un ensemble de paramètres différents. Cela est possible grâce à la création de scripts et l'utilisation de logiciels permettant des récupérer facilement des informations sur les modèles au cours des simulations. Cependant, la création de ces scripts, la définition des paramètres à changer, les métriques à utiliser pour l'étude du modèle sont encore des tâches coûteuses en temps puisqu'elles nécessitent une connaissance de toutes les possibilités de chacun des logiciels. Une perspective intéressante serait donc de réaliser un développement logiciel, propre à la chaîne de validation, répertoriant l'ensemble des solutions possibles et permettant la construction générique des scripts de lancement. De même, les sorties (résultats) étant générées sous forme de base de données simples (fichier csv), il est possible de réaliser un script de lancement automatique de statistiques sous le logiciel R. Encore une fois cette étape pourrait être générée automatiquement à l'aide d'une brique logicielle.

Une autre perspective à ce travail serait d'avoir le retour d'autres groupes de chercheurs pour chacune des étapes de la chaîne de validation voire pour un nouvel ensemble de tâches permettant la modélisation biomécanique de la prostate en temps-réel lors des

bougés et déformations de la prostate par échographie transrectale. Nous pensons, en effet, que cela permettrait de partager les connaissances de différents experts et ainsi permettre des avancées dans le domaine. La chaîne de validation servirait alors de nomenclature pour la comparaison efficace de modèles biomécaniques.

En ce qui concerne les outils développés pour utiliser cette chaîne de validation, nous proposons des perspectives au calibrage Main-Oeil créé au cours de cette thèse (chapitre 5 section 2.3). Pour ce calibrage, une automatisation des tâches est possible. Pour cela, il est nécessaire de construire un nouveau fantôme de meilleure consistance et possédant des géométries parfaitement connues dans son référentiel. À partir de là, il serait possible de réaliser des recalages rapides et des segmentations automatiques précises permettant la détection de mauvaises acquisitions. Au final, cela donnerait un calibrage plus rapide et plus robuste et l'utilisateur pourrait avoir un rendu de cette qualité au fur et à mesure des acquisitions de calibrage.

Modèles et simulations biomécaniques

Dans le chapitre 6, nous avons observé que le changement de paramètres tels que l'élasticité ou le coefficient de Poisson dans de moyennes proportions n'influait pas significativement sur l'erreur finale. Une perspective à ce travail serait, dans un premier temps, de réaliser de nouveaux fantômes avec différentes consistances. Si les résultats observés pour différentes valeurs de paramètres convergent également vers le fait qu'une connaissance seulement approximative de ceux-ci est suffisante, on peut imaginer, dans un deuxième temps, réaliser cette étude sur des données patients. En ajoutant dans les statistiques des variables tels que la taille, la morphologie (maigre, normal, surpoids, obésité, obésité morbide) ainsi que la taille de la prostate (dé-corrélée de la morphologie du patient), il serait peut être possible de déterminer des plages de valeurs par morphologie.

Dans le chapitre 7, nous avons constaté qu'une majeure partie de l'erreur dans le résultat final peut provenir des bougés du patient. Lors de cette thèse, nous avons disposé d'acquisitions patient issues de biopsies réalisées en ambulatoire. Un nouveau test pourrait être mené sur des acquisitions où le patient est sous anesthésie générale, comme en curiethérapie ou certaines sessions de biopsies, afin de limiter les erreurs de bougés du patient et de pouvoir étudier d'autres pistes d'améliorations.

En ce qui concerne la construction du modèle lui-même, une perspective peut être l'ajout d'un maillage de pelvis moyen comme [Thompson *et al.* 2008]. L'urologue devrait alors indiquer, par quelques points dans le volume TRUS, les lieux d'interface entre les tissus et les os de l'arche pubienne pour permettre un recalage de ce pelvis dans le modèle. Il peut être également intéressant d'étudier des solutions calculées sur GPU. Nos modèles étant proches du temps-réel, un développement GPU nous permettrait d'aboutir à une utilisation clinique de ces modèles voire d'utiliser des modèles hyper-élastiques. Cela permettrait également d'ajouter plus de conditions aux limites aux modèles voire d'utiliser des méthodes de collisions plus complexes que celle que nous utilisons comme le montre [Duriez 2013].

Dans le contexte de la détection et du traitement du cancer de la prostate, on constate que la simulation biomécanique de la prostate et/ou de l'environnement pelvien peut apporter une aide importante au clinicien. À l'aide des développements effectués ces trois dernières

années, on constate cependant qu'il reste certains verrous scientifiques tels que les bougés du patient ou encore le compromis temps-précision. L'amélioration des puissances de calcul et le développement d'outils de correction des bougés du patient sont, pour nous, deux axes majeurs à explorer pour rendre les modèles biomécaniques rapides, précis et robustes pour une utilisation clinique journalière.

3 Publications

2013

- Promayon, E., Fouard, C., Bailet, M., Deram, A., Fiard, G., Hungr, N., Luboz, V., Payan, Y., **Sarrazin, J.**, Saubat, N., Selmi, S.Y., Voros, S., Cinquin, P., Troccaz, J. *Using CamiTK for rapid prototyping of interactive Computer Assisted Medical Intervention applications.* In : Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2013 35th Annual International Conference of the IEEE. July 2013. p. 4933-4936.

2014

- Selmi, S.Y., Promayon, E., **Sarrazin, J.**, Troccaz, J. *3D interactive ultrasound image deformation for realistic prostate biopsy simulation.* In : Biomedical Simulation. Springer International Publishing, 2014. p. 122-130.
- **Sarrazin, J.**, Promayon, E., Baumann, M., Troccaz, J. *3D ultrasound probe calibration using robotic arm and image registration.* In : Proceedings of Surgetica. 2014.

2015

- **Sarrazin, J.**, Promayon, E., Baumann, M., Troccaz, J. *Hand-eye calibration of a robot UltraSound probe system without any 3D localizers.* In : Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2015 37th Annual International Conference of the IEEE. August 2015. p. 21-24.
- Vitrani, M.A., Troccaz, J., Silvent, A.S., Selmi, S.Y., **Sarrazin, J.**, Reversat, D., Promayon, E., Poquet, C., Mozer, P., Morel, G., Fiard, G., Moreau-Gaudry, A., Leroy, A., Janier, M., Baumann, M. *PROSBOT–Model and image controlled prostatic robot.* In : IRBM, 2015, vol. 36, no 2, p. 118-125.

Annexe A

Calibrage d'un robot porte-sonde : acquisitions cliniques

Sommaire

1 **Objectifs** 163
2 **Matériel** 163
3 **Protocole, acquisitions et traitements** 164

Dans cette annexe nous décrivons le protocole mis en place pour acquérir des données patients pour tester des modèles biomécaniques dans de vraies conditions. Pour être le plus exhaustif possible, nous présentons dans un premier temps le but de ces acquisitions. Dans un deuxième temps, nous décrivons le matériel utilisé. Nous détaillons, ensuite, le protocole d'acquisition et de traitement des données acquises. Ce protocole a été utilisé dans le cadre d'un projet ANR : PROSBOT [1] où une étude clinique a eu lieu (sous le numéro d'identification unique N°ID-RCB 2014-A00282-45).

1 Objectifs

L'objectif des manipulations est d'étalonner un robot porte-sonde [Poquet 2014] avec la sonde échographique 3D fixée dessus. Le calibrage nous permet, par la suite, de connaître dans un référentiel unique l'ensemble des mouvements effectués par la sonde tenue par le robot ainsi que la position de l'ensemble des volumes échographiques. À partir d'un volume de référence permettant la construction d'un modèle biomécanique et de ce calibrage nous tentons de reproduire les mouvements de la sonde et ainsi étudier les déformations induites par celle-ci au niveau de la prostate. Un exemple d'installation est donné dans le chapitre 7 figure 7.1.

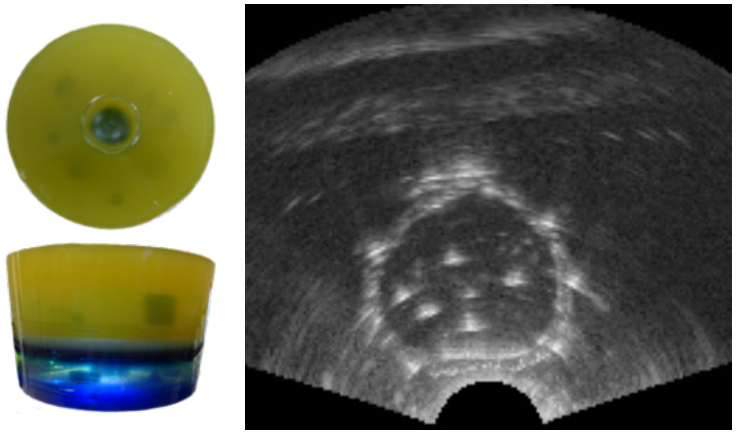
2 Matériel

Pour la réalisation du calibrage, le matériel suivant a été utilisé :

- L'**Urostation (Koelis)** pour l'acquisition à la fois des données patient et des acquisitions nécessaires au calibrage. L'Urostation permet également de calculer l'ensemble des recalages rigides de volumes échographiques lors de l'étape de calibrage.

1. Projet ANR TECSAN sous la référence : ANR-11-TECS-0017

- Un **échographe** Accuvix V20 (Medison-Samsung, Séoul, Corée du Sud) et une **sonde 3D** endorectale 3D4-9ES associée pour l'acquisition des données.
- Le **robot porte-sonde** développé par le laboratoire ISIR. La sonde est fixée rigidement à ce robot avant chaque session de biopsie. Il est à noter que pour deux fixations successives de la sonde, nous n'avons a priori aucune connaissances sur la reproductibilité de ce geste et donc sur la position exacte de la sonde dans le bras du robot. Il est donc indispensable de réaliser les acquisitions pour le calibrage avant ou après la session de biopsie patient pour que la sonde reste fixée de la même manière dans le bras du robot. Dans notre cas, les acquisitions n'ont pu être faites qu'après la session de biopsie afin de ne pas perturber le protocole initial défini dans l'étude clinique du projet PROSBOT.Un ordinateur permettant le stockage des données cinématiques du robot est également utilisé.
- Un **fantôme de calibrage** rigide permettant le recalage rigide de volumes échographiques acquis pendant l'étape de calibrage (voir figure A.1). Ce fantôme est composé de formes et de cibles pour un recalage rigide efficace et le calcul d'une erreur de précision. Il est important de mesurer la vitesse du son du fantôme. Si celle-ci est différente de 1540 $m.s^{-1}$ (vitesse du son moyenne dans les tissus humains), il est indispensable de réaliser une étape de correction des volumes échographiques du fantôme pour que le calibrage fonctionne correctement.



(a) Photo (b) Échographie

Figure A.1 – Fantôme de calibrage utilisé pour des acquisitions en conditions cliniques.

3 Protocole, acquisitions et traitements

Dans les paragraphes suivants, nous décrivons succinctement les différentes étapes d'une session de calibrage de la sonde avec le robot. Quand cela est possible, nous donnons le temps mis pour effectuer la tâche.

Mise en place ($\simeq$ 10 min)
L'installation du banc d'acquisition pour le calibrage nécessite seulement de fixer le fantôme de calibrage sur la table d'intervention en mimant le décubitus latéral du patient. Le fantôme doit en effet être positionné de sorte à pouvoir reproduire l'ensemble des gestes de l'urologue lors des acquisitions échographiques. La sonde, déjà fixée au robot lors des biopsies sur patient, est protégée à l'aide d'un préservatif pour éviter toute contamination. Un patient fantôme est créé dans l'Urostation pour l'acquisition des volumes échographiques.

Acquisitions ($\simeq$ 15 min)
L'étape d'acquisition consiste à reproduire les mouvements et les acquisitions faits par l'urologue pendant une vraie session de biopsies afin de couvrir l'ensemble des configurations possibles du robot et d'obtenir aussi un calibrage robuste. Durant chaque acquisition échographique, la configuration du robot est sauvegardée le temps de l'acquisition dans un fichier. Ce fichier nous permettra d'obtenir une transformation homogène moyenne permettant d'exprimer les coordonnées du bras du robot dans le référentiel du robot au moment de l'acquisition. Cette étape est calculée à l'aide des quaternions. Pour suivre l'ensemble des mouvements du robot, la configuration du robot est également sauvegardée dans un fichier de log. Nous avons indiqué un temps d'environ 15 min pour cette étape. Cela représente le temps d'acquérir un ensemble d'environ 20 volumes en prenant soin à chaque fois de vérifier précisément les recalages et de noter des informations pour la synchronisation a posteriori des volumes échographiques, des recalages associés et des fichiers robots. À ces 15 min doit être ajouté un temps de récupération des données, de nettoyage de la sonde et de rangement. Ce temps est variable.

Traitement ($\simeq$ 180 min)
À l'heure actuelle, tout se fait manuellement en post-traitement, que ce soit la synchronisation ou encore la segmentation de cibles. La synchronisation des données consiste à assembler les informations de recalages avec les informations robots. La segmentation de cibles (ici des billes) est longue, comme nous l'avons décrit dans ce manuscrit. Ce sont deux étapes très chronophages (175 min) mais celles-ci pourront être drastiquement réduites. Une fois ces deux tâches réalisées, le traitement est quasi-instantané puisqu'il s'agit de lancer l'algorithme de calibrage avec les données acquises. Une bibliothèque logicielle C++ a été développée pour cela.

Bibliographie

[Ahmed *et al.* 2009] Hashim Uddin Ahmed, Caroline Moore and Mark Emberton. *Minimally-invasive technologies in uro-oncology : The role of cryotherapy, HIFU and photodynamic therapy in whole gland and focal therapy of localised prostate cancer.* Surgical Oncology, vol. 18, no. 3, pages 219 – 232, 2009. Prostate Cancer : Clinical Outcomes in Clinical Practice. (Citation page 21.)

[Alterovitz *et al.* 2006] Ron Alterovitz, Ken Goldberg, Jean Pouliot, I-Chow Joe Hsu, Yongbok Kim, Susan Moyher Noworolski and John Kurhanewicz. *Registration of MR prostate images with biomechanical modeling and nonlinear parameter estimation.* Medical physics, vol. 33, no. 2, page 446, January 2006. (Citations pages 37, 44, 49 et 155.)

[Alterovitz 2003] Goldberg Ken. Alterovitz Ron. *Comparing Algorithms for Soft Tissue Deformation : Accuracy Metrics and Benchmarks.* Rapport technique, IEOR and EECS Department, UC Berkeley, Feb 2003. (Citations pages 48, 49 et 56.)

[Anderson *et al.* 2007] Andrew E Anderson, Benjamin J Ellis and Jeffrey A Weiss. *Verification, validation and sensitivity studies in computational biomechanics.* Computer methods in biomechanics and biomedical engineering, vol. 10, no. 3, pages 171–184, 2007. (Citation page 50.)

[Andreff *et al.* 2001] Nicolas Andreff, Radu Horaud and Bernard Espiau. *Robot hand-eye calibration using structure-from-motion.* The International Journal of Robotics Research, vol. 20, no. 3, pages 228–248, 2001. (Citation page 87.)

[ASME 2006] American Society of Mechanical Engineers ASME. *Guide for Verification and Validation in Computational Solid Mechanics*, March 2006. (Citations pages 48 et 52.)

[Azcona *et al.* 2013] Juan Diego Azcona, Ruijiang Li, Edward Mok, Steven Hancock and Lei Xing. *Automatic prostate tracking and motion assessment in volumetric modulated arc therapy with an electronic portal imaging device.* International journal of radiation oncology, biology, physics, vol. 86, no. 4, pages 762–768, July 2013. (Citation page 23.)

[Baco *et al.* 2015] Eduard Baco, Erik Rud, Lars Magne Eri, Gunnar Moen, Ljiljana Vlatkovic, Aud Svindland, Heidi B Eggesbø and Osamu Ukimura. *A Randomized Controlled Trial To Assess and Compare the Outcomes of Two-core Prostate Biopsy Guided by Fused Magnetic Resonance and Transrectal Ultrasound Images and Traditional 12-core Systematic Biopsy.* European urology, 2015. (Citation page 15.)

[Baumann *et al.* 2008] Michael Baumann, Vincent Daanen, Antoine Leroy and Jocelyne Troccaz. *3D-Ultrasound probe calibration for computer-guided diagnosis and therapy.* CoRR, vol. abs/0801.3711, 2008. (Citations pages 2, 53, 63, 65, 66, 70 et 108.)

[Baumann *et al.* 2012] Michael Baumann, Pierre Mozer, Vincent Daanen and Jocelyne Troccaz. *Prostate biopsy tracking with deformation estimation.* Med Image Anal, vol. 16, no. 3, pages 562–576, Apr 2012. (Citations pages 3, 62, 75 et 111.)

[Baumann 2008] Michael Baumann. *A 3-D Ultrasound Based Tracking System for Prostate Biopsy Distribution Quality Insurance and Guidance.* PhD thesis, MSTII Doctoral School, May 2008. (Citations pages 2, 51 et 66.)

[Bender *et al.* 2015] Jan Bender, Matthias Müller and Miles Macklin. *Position-based simulation methods in computer graphics.* EUROGRAPHICS Tutorial Notes, 2015. (Citation page 35.)

[Bergmeir *et al.* 2009] C. Bergmeir, M. Seitel, C. Frank, R.De Simone, H.-P. Meinzer and I. Wolf. *Comparing calibration approaches for 3D ultrasound probes.* International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery, vol. 4, no. 2, pages 203–213, 2009. (Citations pages 53, 75 et 87.)

[Besl & McKay 1992] Paul J Besl and Neil D McKay. *Method for registration of 3-D shapes.* In Robotics-DL tentative, pages 586–606. International Society for Optics and Photonics, 1992. (Citation page 99.)

[Bilaniuk & Wong 1993] Nykolai Bilaniuk and George SK Wong. *Speed of sound in pure water as a function of temperature.* The Journal of the Acoustical Society of America, vol. 93, no. 3, pages 1609–1612, 1993. (Citation page 65.)

[Bozzini *et al.* 2013] G. Bozzini, P. Colin, P. Nevoux, A. Villers, S. Mordon and N. Betrouni. *Focal therapy of prostate cancer : energies and procedures.* Urologic Oncology : Seminars and Original Investigations, vol. 31, no. 2, pages 155 – 167, 2013. (Citation page 21.)

[Bradski 2000] G. Bradski. *OpenCV.* Dr. Dobb's Journal of Software Tools, 2000. (Citations pages 41 et 96.)

[Brock K.K 2006] Hensel Jennifer Jaffray David A. Brock K.K Ménard Cynthia. *A multi-organ biomechanical model to analyze prostate deformation due to large deformation of the rectum.* Progress in biomedical opics and Imaging, March 2006. (Citation page 39.)

[Brunet 2011] Michel Brunet. Mécanique des matériaux et des structures - insa lyon. Michel Brunet, 2011. (Citation page 31.)

[Byrne 2005] Thomas E. Byrne. *A review of prostate motion with considerations for the treatment of prostate cancer.* Medical Dosimetry, vol. 30, no. 3, pages 155 – 161, 2005. (Citation page 24.)

[Castañeda & Cosio 2004] Miguel A.Padilla Castañeda and Fernando Arámbula Cosio. *Deformable model of the prostate for {TURP} surgery simulation.* Computers & Graphics, vol. 28, no. 5, pages 767 – 777, 2004. (Citation page 35.)

[Code_Aster 2012] Code_Aster. `http://code-aster.org/V2/spip.php?article282`, 2012. (Citation page 31.)

[Colin *et al.* 2011] P Colin, J-P Estevez, N Betrouni, A Ouzzane, P Puech, X Leroy, J Biserte, A Villers and S Mordon. *Thérapie photodynamique et cancer de la prostate.* Progrès en urologie, vol. 21, no. 2, pages 85–92, 2011. (Citation page 21.)

[Comas *et al.* 2008] Olivier Comas, ZeikeA. Taylor, Jérémie Allard, Sébastien Ourselin, Stéphane Cotin and Josh Passenger. *Efficient Nonlinear FEM for Soft Tissue Modelling*

and Its GPU Implementation within the Open Source Framework SOFA. In Fernando Bello and P.J.Eddie Edwards, editeurs, Biomedical Simulation, volume 5104 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 28–39. Springer Berlin Heidelberg, 2008. (Citation page 33.)

[Cosset *et al.* 2004] JM Cosset, L Pinillos-Ashton and F Mettler. *Recommandations de la Commission internationale de protection radiologique (CIPR) pour la curiethérapie de haut débit de dose et la curiethérapie de prostate.* Cancer radiothérapie, vol. 8, pages S50–S55, 2004. (Citations pages 19 et 20.)

[Cosset *et al.* 2013] J.-M. Cosset, J.-M. Hannoun-Lévi, D. Peiffert, M. Delannes, P. Pommier, N. Pierrat, P. Nickers, L. Thomas and L.Chauveinc. *Curiethérapie du cancer prostatique par implants permanents : le point en 2013.* Cancer/Radiothérapie, vol. 17, no. 2, pages 111–117, 2013. Curiethérapie Coordonné par Jean-Michel Hannoun-Lévi. (Citation page 20.)

[Courtecuisse *et al.* 2011] Hadrien Courtecuisse, Jérémie Allard, Christian Duriez and Stéphane Cotin. *Preconditioner-Based Contact Response and Application to Cataract Surgery.* In G. Fichtinger, A. Martel and T. Peters, editeurs, MICCAI - 14th International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention - 2011, volume 6891, pages 315–322, Toronto, Canada, September 2011. Springer. (Citation page 90.)

[Crouch *et al.* 2007] Jessica R Crouch, Stephen M Pizer, Edward L Chaney, Yu-Chi Hu, Gig S Mageras and Marco Zaider. *Automated finite-element analysis for deformable registration of prostate images.* IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 26, no. 10, pages 1379–1390, October 2007. (Citations pages 38, 44, 53 et 59.)

[Crouzet *et al.* 2014] Sebastien Crouzet, Jean Yves Chapelon, Olivier Rouvière, Florence Mege-Lechevallier, Marc Colombel, Hélène Tonoli-Catez, Xavier Martin and Albert Gelet. *Whole-gland ablation of localized prostate cancer with high-intensity focused ultrasound : oncologic outcomes and morbidity in 1002 patients.* European urology, vol. 65, no. 5, pages 907–914, 2014. (Citation page 21.)

[Daniilidis 1999] Konstantinos Daniilidis. *Hand-eye calibration using dual quaternions.* The International Journal of Robotics Research, vol. 18, no. 3, pages 286–298, 1999. (Citations pages 74 et 75.)

[Dawson *et al.* 2000] Laura A Dawson, Dale W Litzenberg, Kristy K Brock, Martin Sanda, Molly Sullivan, Howard M Sandler and James M Balter. *A comparison of ventilatory prostate movement in four treatment positions.* International Journal of Radiation Oncology* Biology* Physics, vol. 48, no. 2, pages 319–323, 2000. (Citation page 22.)

[Delingette 1999] Hervé Delingette. *General object reconstruction based on simplex meshes.* International Journal of Computer Vision, vol. 32, no. 2, pages 111–146, 1999. (Citation page 55.)

[Deram *et al.* 2012] A. Deram, Y. Payan and E. Promayon. *Towards a Generic Framework for Evaluation and Comparison of Soft Tissue Modeling.* In Proceedings of the 19th Medicine Meets Virtual Reality Conference, pages 116–122, Newport Beach, États-Unis, 2012. (Citations pages 48, 56, 57, 113 et 160.)

[Dickinson *et al.* 2011] Louise Dickinson, Hashim U. Ahmed, Clare Allen, Jelle O. Barentsz, Brendan Carey, Jurgen J. Futterer, Stijn W. Heijmink, Peter J. Hoskin, Alex Kirkham, Anwar R. Padhani, Raj Persad, Philippe Puech, Shonit Punwani, Aslam S. Sohaib, Bertrand Tombal, Arnauld Villers, Jan van der Meulen and Mark Emberton. *Magnetic Resonance Imaging for the Detection, Localisation, and Characterisation of Prostate Cancer : Recommendations from a European Consensus Meeting.* European Urology, vol. 59, no. 4, pages 477 – 494, 2011. (Citations pages 120 et 127.)

[Diziol *et al.* 2011] Raphael Diziol, Jan Bender and Daniel Bayer. *Robust real-time deformation of incompressible surface meshes.* In Proceedings of the 2011 ACM SIGGRAPH/Eurographics Symposium on Computer Animation, pages 237–246. ACM, 2011. (Citation page 33.)

[Drake *et al.* 2010] R. L. Drake, W. Vogl and A.W.M. Mitchell. Gray's anatomie pour les étudiants 2ème édition. Elsevier/Masson, 2010. (Citations pages vii, 8 et 10.)

[Dubuisson & Jain 1994] Marie-Pierre Dubuisson and Anil K Jain. *A modified Hausdorff distance for object matching.* In Pattern Recognition, 1994. Vol. 1-Conference A : Computer Vision &amp ; Image Processing., Proceedings of the 12th IAPR International Conference on, volume 1, pages 566–568. IEEE, 1994. (Citation page 49.)

[Duriez 2013] Christian Duriez. *Real-time haptic simulation of medical procedures involving deformations and device-tissue interactions.* Habilitation à diriger des recherches, Université des Sciences et Technologie de Lille - Lille I, February 2013. (Citations pages 145 et 161.)

[Elfring *et al.* 2009] R. Elfring, M. de la Fuente and K. Radermacher. *Accuracy of Optical Localizers for Computer Aided Surgery.* In Olaf Dössel and Wolfgang C. Schlegel, editeurs, World Congress on Medical Physics and Biomedical Engineering, September 7 - 12, 2009, Munich, Germany, volume 25/6 of *IFMBE Proceedings*, pages 328–330. Springer Berlin Heidelberg, 2009. (Citation page 108.)

[Faure *et al.* 2012] François Faure, Christian Duriez, Hervé Delingette, Jérémie Allard, Benjamin Gilles, Stéphanie Marchesseau, Hugo Talbot, Hadrien Courtecuisse, Guillaume Bousquet, Igor Peterlik and Stéphane Cotin. *SOFA : A Multi-Model Framework for Interactive Physical Simulation.* In Yohan Payan, editeur, Soft Tissue Biomechanical Modeling for Computer Assisted Surgery, volume 11 of *Studies in Mechanobiology, Tissue Engineering and Biomaterials*, pages 283–321. Springer Berlin Heidelberg, 2012. (Citations pages 41, 56, 90, 97 et 111.)

[Ferlay *et al.* 2012] J. Ferlay, I. Soerjomataram, M. Ervik, R. Dikshit, S. Eser, C. Mathers, M. Rebelo, DM. Parkin, D. Forman and F. Bray. *Cancer Incidence and Mortality Worldwide : IARC CancerBase No. 11 [Internet].* Rapport technique 11, GLOBOCAN 2012 v1.0, 2012. (Citation page 11.)

[Ferlay *et al.* 2013] J. Ferlay, E. Steliarova-Foucher, J. Lortet-Tieulent, S. Rosso, JWW. Coebergh, H. Comber, D. Forman and F. Bray. *Cancer incidence and mortality patterns in Europe : estimates for 40 countries in 2012.* European journal of cancer, vol. 49, no. 6, pages 1374–1403, 2013. (Citation page 11.)

[Fiard *et al.* 2014] Gaelle Fiard, Sonia-Yuki Selmi, Emmanuel Promayon, Lucile Vadcard, Jean-Luc Descotes and Jocelyne Troccaz. *Initial validation of a virtual-reality lear-*

ning environment for prostate biopsies : realism matters ! Journal of endourology, vol. 28, no. 4, pages 453–458, 2014. (Citation page 50.)

[Fortin & Garon 2011] A. Fortin and A. Garon. Les éléments finis : de la théorie à la pratique. 2011. (Citation page 31.)

[Gross 2011] E Gross. *Radiothérapie conformationelle du cancer de prostate.* Progrès en urologie, vol. 21, no. 11, pages 801–807, 2011. (Citation page 18.)

[Haker *et al.* 2004] Steven Haker, Simon K Warfield and Clare MC Tempany. *Landmark-guided surface matching and volumetric warping for improved prostate biopsy targeting and guidance.* In Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2004, pages 853–861. Springer, 2004. (Citation page 39.)

[Hammerich *et al.* 2009] Kai H Hammerich, Gustavo E Ayala and Thomas M Wheeler. *Anatomy of the prostate gland and surgical pathology of prostate cancer.* Cambridge University, Cambridge, pages 1–10, 2009. (Citation page 10.)

[HAS 2010] HAS. *La situation du cancer en France en 2010.* Rapport technique, Haute Autorité en Santé (HAS) - FRANCE, novembre 2010. (Citation page 12.)

[HAS 2013] HAS. *Détection précoce du cancer de la prostate.* Rapport technique, Haute Autorité en Santé (HAS) - FRANCE, Mai 2013. (Citations pages 11, 12, 13 et 17.)

[HAS 2014] HAS. *institut National du Cancer - Rapport Scientifique 2013-2014.* Rapport technique, Institu National du Cancer (INCa), October 2014. (Citations pages 12 et 17.)

[Heidenreich *et al.* 2008] Axel Heidenreich, Gunnar Aus, Michel Bolla, Steven Joniau, Vsevolod B Matveev, Hans Peter Schmid and Filliberto Zattoni. *EAU guidelines on prostate cancer.* European urology, vol. 53, no. 1, pages 68–80, 2008. (Citation page 14.)

[Heidenreich *et al.* 2011] Axel Heidenreich, Joaquim Bellmunt, Michel Bolla, Steven Joniau, Malcolm Mason, Vsevolod Matveev, Nicolas Mottet, Hans-Peter Schmid, Theo van der Kwast, Thomas Wiegel and Filliberto Zattoni. *{EAU} Guidelines on Prostate Cancer. Part 1 : Screening, Diagnosis, and Treatment of Clinically Localised Disease.* European Urology, vol. 59, no. 1, pages 61 – 71, 2011. (Citation page 13.)

[Henninger *et al.* 2010] Heath B Henninger, Shawn P Reese, Andrew E Anderson and Jeffrey A Weiss. *Validation of computational models in biomechanics.* Proceedings of the Institution of Mechanical Engineers, Part H : Journal of Engineering in Medicine, vol. 224, no. 7, pages 801–812, 2010. (Citations pages 48 et 50.)

[Hensel *et al.* 2007] Jennifer M Hensel, Cynthia Ménard, Peter WM Chung, Michael F Milosevic, Anna Kirilova, Joanne L Moseley, Masoom A Haider and Kristy K Brock. *Development of multiorgan finite element-based prostate deformation model enabling registration of endorectal coil magnetic resonance imaging for radiotherapy planning.* International Journal of Radiation Oncology* Biology* Physics, vol. 68, no. 5, pages 1522–1528, 2007. (Citations pages 38 et 44.)

[Hétet *et al.* 2013] J.-F. Hétet, P. Colls, P. Pocholle, P. Chauveau, C. Barré and P. Hallouin. *Cryothérapie focale pour cancer localisé de la prostate : principes, indications, résultats.* Progrès en Urologie - FMC, vol. 23, no. 4, pages F111 – F118, 2013. (Citation page 21.)

[Hong *et al.* 2006] Min Hong, S. Jung, Min-Hyung Choi and S.W.J. Welch. *Fast Volume Preservation for a Mass-Spring System.* Computer Graphics and Applications, IEEE, vol. 26, no. 5, pages 83–91, 2006. (Citation page 35.)

[Horaud & Dornaika 1995] Radu Horaud and Fadi Dornaika. *Hand-eye calibration.* The international journal of robotics research, vol. 14, no. 3, pages 195–210, 1995. (Citation page 75.)

[Horaud & Monga 1995] Radu Horaud and Olivier Monga. Vision par ordinateur : outils fondamentaux. Editions Hermès, 1995. (Citation page 96.)

[Hu *et al.* 2008] Yipeng Hu, Dominic Morgan, Hashim Uddin Ahmed, Doug Pendsé, Mahua Sahu, Clare Allen, Mark Emberton, David Hawkes and Dean Barratt. *A statistical motion model based on biomechanical simulations for data fusion during image-guided prostate interventions.* In Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2008, pages 737–744. Springer, 2008. (Citation page 40.)

[Hu *et al.* 2010] Yipeng Hu, Rieneke van den Boom, Timothy Carter, Zeike Taylor, David Hawkes, Hashim Uddin Ahmed, Mark Emberton, Clare Allen and Dean Barratt. *A comparison of the accuracy of statistical models of prostate motion trained using data from biomechanical simulations.* Progress in biophysics and molecular biology, vol. 103, no. 2, pages 262–272, 2010. (Citation page 40.)

[Hu *et al.* 2011] Yipeng Hu, Timothy J Carter, Hashim Uddin Ahmed, Mark Emberton, Clare Allen, David J Hawkes and Dean C Barratt. *Modelling prostate motion for data fusion during image-guided interventions.* Medical Imaging, IEEE Transactions on, vol. 30, no. 11, pages 1887–1900, 2011. (Citations pages 40, 116 et 155.)

[Hu *et al.* 2012] Yipeng Hu, Hashim Uddin Ahmed, Zeike Taylor, Clare Allen, Mark Emberton, David Hawkes and Dean Barratt. *{MR} to ultrasound registration for image-guided prostate interventions.* Medical Image Analysis, vol. 16, no. 3, pages 687 – 703, 2012. <ce :title>Computer Assisted Interventions</ce :title>. (Citations pages 40 et 44.)

[Hu *et al.* 2015] Yipeng Hu, Eli Gibson, Hashim Uddin Ahmed, Caroline M Moore, Mark Emberton and Dean C Barratt. *Population-based prediction of subject-specific prostate deformation for MR-to-ultrasound image registration.* Medical image analysis, vol. 26, no. 1, pages 332–344, 2015. (Citations pages 41 et 157.)

[Huang *et al.* 2010] Xishi Huang, Luis F Gutiérrez, Douglas Stanton, Peter CW Kim and Ameet Jain. *Image registration based 3D TEE-EM calibration.* In Biomedical Imaging : From Nano to Macro, 2010 IEEE International Symposium on, pages 1209–1212. IEEE, 2010. (Citation page 87.)

[Hungr *et al.* 2012] Nikolai Hungr, Jean-Alexandre Long, Vincent Beix and Jocelyne Troccaz. *A realistic deformable prostate phantom for multimodal imaging and needle-insertion procedures.* Med Phys, vol. 39, no. 4, pages 2031–2041, Apr 2012. (Citations pages 76, 86 et 106.)

[Huttenlocher *et al.* 1993] Daniel P Huttenlocher, Gregory Klanderman, William J Rucklidge*et al. Comparing images using the Hausdorff distance.* Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on, vol. 15, no. 9, pages 850–863, 1993. (Citation page 49.)

[INCA 2010] INCA. Les traitements du cancer de la prostate. 2010. (Citation page 17.)

[Irving *et al.* 2004] Geoffrey Irving, Joseph Teran and Ron Fedkiw. *Invertible finite elements for robust simulation of large deformation.* In Proceedings of the 2004 ACM SIGGRAPH/Eurographics symposium on Computer animation, pages 131–140. Eurographics Association, 2004. (Citation page 33.)

[Jahya *et al.* 2013] Alex Jahya, Mark Herink and Sarthak Misra. *A framework for predicting three-dimensional prostate deformation in real time.* The International Journal of Medical Robotics and Computer Assisted Surgery, 2013. (Citations pages 41, 44, 52, 93 et 97.)

[James & Pai 1999] Doug L James and Dinesh K Pai. *ArtDefo : accurate real time deformable objects.* In Proceedings of the 26th annual conference on Computer graphics and interactive techniques, pages 65–72. ACM Press/Addison-Wesley Publishing Co., 1999. (Citation page 33.)

[Kerdok *et al.* 2003] Amy E Kerdok, Stephane M Cotin, Mark P Ottensmeyer, Anna M Galea, Robert D Howe and Steven L Dawson. *Truth cube : Establishing physical standards for soft tissue simulation.* Medical Image Analysis, vol. 7, no. 3, pages 283–291, 2003. (Citations pages 52 et 53.)

[Keros *et al.* 2006] Laurent Keros, Valérie Bernier, Pierre Aletti, Vincent Marchesi, Didier Wolf and Alain Noel. *Qualitative estimation of pelvic organ interactions and their consequences on prostate motion : Study on a deceased person.* Medical Physics, vol. 33, no. 6, pages 1902–1910, 2006. (Citation page 23.)

[Kim *et al.* 2004] Y Kim, S Noworolski, J Pouliot, I Hsu and J Kurhanewicz. *Analysis of prostate deformation due to different MRI/MRS endorectal coils for image fusion and brachytherapy treatment planning.* In Medical Physics, volume 31, pages 1728–1728. AMER ASSOC PHYSICISTS MEDICINE AMER INST PHYSICS STE 1 NO 1, 2 HUNTINGTON QUADRANGLE, MELVILLE, NY 11747-4502 USA, 2004. (Citation page 24.)

[Kimmerle *et al.* 2004] Stephan Kimmerle, Matthieu Nesme and François Faure. *Hierarchy accelerated stochastic collision detection.* In 9th International Workshop on Vision, Modeling, and Visualization, VMV 2004, 2004. (Citation page 89.)

[Knupp *et al.* 2006] Patrick Michael Knupp, CD Ernst, David C Thompson, CJ Stimpson and Philippe Pierre Pebay. *The verdict geometric quality library.* Rapport technique, Sandia National Laboratories, 2006. (Citation page 54.)

[Lagerburg *et al.* 2005] Vera Lagerburg, Marinus A. Moerland, Jan J.W. Lagendijk and Jan J. Battermann. *Measurement of prostate rotation during insertion of needles for brachytherapy.* Radiotherapy and Oncology, vol. 77, no. 3, pages 318 – 323, 2005. (Citation page 24.)

[Lagerburg *et al.* 2006] Vera Lagerburg, Marinus A. Moerland, Marco van Vulpen and Jan J.W. Lagendijk. *A new robotic needle insertion method to minimise attendant prostate motion.* Radiotherapy and Oncology, vol. 80, no. 1, pages 73 – 77, 2006. (Citation page 24.)

[Lechevallier 1996] Eric Lechevallier. *La ponction biopsie de prostate.* Prog urol, vol. 6, no. 4, pages 507–18, 1996. (Citation page 14.)

[Leroy *et al.* 2004] Antoine Leroy, Pierre Mozer, Yohan Payan and Jocelyne Troccaz. *Rigid registration of freehand 3D ultrasound and CT-scan kidney images.* In Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2004, pages 837–844. Springer, 2004. (Citations pages 2 et 62.)

[Li *et al.* 2014] Chunhui Li, Guangying Guan, Fan Zhang, Shaozhen Song, Ruikang K Wang, Zhihong Huang and Ghulam Nabi. *Quantitative elasticity measurement of urinary bladder wall using laser-induced surface acoustic waves.* Biomedical optics express, vol. 5, no. 12, pages 4313–4328, 2014. (Citation page 153.)

[Lloyd *et al.* 2012] John E Lloyd, Ian Stavness and Sidney Fels. *ARTISYNTH : A fast interactive biomechanical modeling toolkit combining multibody and finite element simulation.* In Soft Tissue Biomechanical Modeling for Computer Assisted Surgery, pages 355–394. Springer, 2012. (Citation page 56.)

[Lobos & González 2015] Claudio Lobos and Eugenio González. *Mixed–element Octree : a meshing technique towards fast and real–time simulations in biomedical applications.* International journal for numerical methods in biomedical engineering, 2015. (Citations pages 54 et 155.)

[Long 2012] Jean-alexandre Long. *Développement et application préclinique du robot de curiethérapie PROSPER.* PhD thesis, Université de Grenoble, 2012. (Citation page 20.)

[Lorensen & Cline 1987] William E Lorensen and Harvey E Cline. *Marching cubes : A high resolution 3D surface construction algorithm.* In ACM siggraph computer graphics, volume 21, pages 163–169. ACM, 1987. (Citations pages 109 et 135.)

[Malone *et al.* 2000] Shawn Malone, Juanita M Crook, Wayne S Kendal*et al. Respiratory-induced prostate motion : quantification and characterization.* International Journal of Radiation Oncology* Biology* Physics, vol. 48, no. 1, pages 105–109, 2000. (Citation page 22.)

[Marchal *et al.* 2006] Maud Marchal, Emmanuel Promayon and Jocelyne Troccaz. *Simulating Prostate Surgical Procedures with a Discrete Soft Tissue Model.* In I. Navazo Ed. C. Mendoza, editeur, Proceedings of 3rd Workshop in Virtual Reality Interactions and Physical SImulation, pages pp. 109–118, Madrid, Espagne, November 2006. EG Eurographics digital library. (Citation page 44.)

[Marchal *et al.* 2008] Maud Marchal, Jérémie Allard, Christian Duriez and Stéphane Cotin. *Towards a framework for assessing deformable models in medical simulation.* In Biomedical Simulation, pages 176–184. Springer, 2008. (Citations pages 48 et 49.)

[Marchal 2006] Maud Marchal. *Modélisation des tissus mous dans leur environnement pour l'aide aux gestes médico-chirurgicaux.* PhD thesis, Université Joseph Fourier, December 2006. (Citations pages 2, 3, 22, 35, 36, 38, 51, 55 et 157.)

[McAnearney *et al.* 2011] Stephen McAnearney, Andriy Fedorov, Grand R Joldes, Nobuhiko Hata, Clare Tempany, Karol Miller and Adam Wittek. *The Effects of Young Modulus on Predicting Prostate Deformation for MRI-Guided Interventions.* In

Computational Biomechanics for Medicine, pages 39–49. Springer, 2011. (Citations pages 39 et 44.)

[McGinty 2012] B. McGinty. *Continuum Mechanics*. http://www.continuummechanics.org/cm/index.html, 2012. (Citation page 31.)

[McNeal 1981] John E McNeal. *The zonal anatomy of the prostate*. The Prostate, vol. 2, no. 1, pages 35–49, 1981. (Citation page 9.)

[Mohamed *et al.* 2002] Ashraf Mohamed, Christos Davatzikos and Russell Taylor. *A Combined Statistical and Biomechanical Model for Estimation of Intra-operative Prostate Deformation*. In Takeyoshi Dohi and Ron Kikinis, editeurs, Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention MICCAI 2002, volume 2489 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 452–460. Springer Berlin Heidelberg, 2002. (Citations pages 37 et 44.)

[Moreira *et al.* 2013] Pedro Moreira, Igor Peterlik, Mark Herink, Christian Duriez, Stephane Cotin and Sarthak Misra. *Modelling Prostate Deformation : SOFA versus Experiments*. Mechanical Engineering Research, vol. 3, no. 2, page p64, 2013. (Citations pages 41, 44, 52, 53 et 93.)

[Morin *et al.* 2015] Fanny Morin, Hadrien Courtecuisse, Matthieu Chabanas and Yohan Payan. *Rest shape computation for highly deformable model of brain*. Computer methods in biomechanics and biomedical engineering, vol. 18, no. sup1, pages 2006–2007, 2015. (Citation page 145.)

[Mottet *et al.* 2015] N. Mottet, J. Bellmunt, E. Briers, R.C.N Van den Bergh, N.J. Van Casteren, P. Cornford, S. Culine, S. Joniau, T. Lam, M. Mason, V. Matveev, H. van der Poel, T.H. van der Kast, O. Rouvière and T. Wiegel. *Guidelines on Prostate Cancer*. Rapport technique, EAU European Association of Urology, 2015. (Citations pages 17, 18 et 19.)

[Mousavi *et al.* 2013] SeyedReza Mousavi, Kaamran Raahemifar, Stephen Pautler and Abbas Samani. *Towards ultrasound probe positioning optimization during prostate needle biopsy using pressure feedback*. International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery, pages 1–9, 2013. (Citations pages 42 et 44.)

[Mozer *et al.* 2009] Pierre C Mozer, Alan W Partin and Dan Stoianovici. *Robotic image-guided needle interventions of the prostate*. Reviews in urology, vol. 11, no. 1, page 7, 2009. (Citation page 24.)

[Mozer *et al.* 2015] Pierre Mozer, Morgan Rouprêt, Chloé Le Cossec, Benjamin Granger, Eva Comperat, Arachk Gorski, Olivier Cussenot and Raphaële Renard-Penna. *First round of targeted biopsies using magnetic resonance imaging/ultrasonography fusion compared with conventional transrectal ultrasonography-guided biopsies for the diagnosis of localised prostate cancer*. BJU international, vol. 115, no. 1, pages 50–57, 2015. (Citation page 15.)

[Mozer 2007] Pierre Mozer. *Urologie et Gestes Médico-Chirurgicaux Assistés par Ordinateur*. PhD thesis, UJF, Juin 2007. (Citation page 51.)

[Nesme *et al.* 2005] Matthieu Nesme, Yohan Payan and François Faure. *Efficient, physically plausible finite elements*. In Eurographics, 2005. (Citations pages 33, 111 et 139.)

[Nguyen *et al.* 2013] Huy D Nguyen, Bryan J Allen and Julio M Pow-Sang. *Focal cryotherapy in the treatment of localized prostate cancer.* Cancer Control, vol. 20, no. 3, pages 177–80, 2013. (Citation page 21.)

[Nikolaev 2014] Sergei Nikolaev. *Non-linear mass-spring system for large soft tissue deformations modeling.* CoRR, vol. abs/1403.2294, 2014. (Citation page 33.)

[Ouzzane *et al.* 2011] A Ouzzane, P Coloby, J-P Mignard, J-P Allegre, M Soulie, X Rebillard, L Salomon and A Villers. *Recommandations pour la bonne pratique des biopsies prostatiques.* Progrès en urologie, vol. 21, no. 1, pages 18–28, 2011. (Citations pages vii, 13, 14 et 15.)

[Payan *et al.* 2012] Y. Payan*et al.* Soft tissue biomechanical modeling for computer assisted surgery, volume 11 of *Studies in Mechanobiology, Tissue Engineering and Biomaterials.* Springer, 2012. (Citation page 2.)

[Pinkawa *et al.* 2006] Michael Pinkawa, Branka Asadpour, Bernd Gagel, Marc D Piroth, Richard Holy and Michael J Eble. *Prostate position variability and dose-volume histograms in radiotherapy for prostate cancer with full and empty bladder.* International journal of radiation oncology, biology, physics, vol. 64, no. 3, pages 856–861, March 2006. (Citation page 23.)

[Pizer *et al.* 2005] Stephen M Pizer, P Thomas Fletcher, Sarang Joshi, A Graham Gash, Joshua Stough, Andrew Thall, Gregg Tracton and Edward L Chaney. *A method and software for segmentation of anatomic object ensembles by deformable m-reps.* Medical Physics, vol. 32, no. 5, pages 1335–1345, 2005. (Citation page 38.)

[Poquet *et al.* 2014] Cécile Poquet, Pierre Mozer, M Vitrani, Guillaume Morel*et al. An Endorectal Ultrasound Probe Comanipulator With Hybrid Actuation Combining Brakes and Motors.* 2014. (Citation page 3.)

[Poquet 2014] Cecile Poquet. *Conception et commande d'un robot de comanipulation pour l'assistance à la biopsie de prostate.* PhD thesis, Université Pierre et Marie Curie-Paris VI, 2014. (Citations pages 130 et 163.)

[Prager *et al.* 1998] R.W. Prager, R.N. Rohling, A.H. Gee and L. Berman. *Rapid calibration for 3-D freehand ultrasound.* Ultrasound in Medicine & Biology, vol. 24, no. 6, pages 855 – 869, 1998. (Citations pages 63 et 65.)

[Promayon *et al.* 1996] Emmanuel Promayon, Pierre Baconnier and Claude Puech. *Physically-Based Deformations Constrained in Displacements and Volume.* In Computer graphics forum, volume 15, pages 155–164. Wiley Online Library, 1996. (Citations pages 35, 36 et 157.)

[Promayon *et al.* 2013] Emmanuel Promayon, Céline Fouard, Mathieu Bailet, Aurélien Deram, Gaëlle Fiard, Nikolai Hungr, Vincent Luboz, Yohan Payan, Johan Sarrazin, Nicolas Saubat, Sonia Yuki-Selmi, Sandrine Voros, Philippe Cinquin and Jocelyne Troccaz. *Using CamiTK for rapid prototyping of interactive Computer Assisted Medical Intervention applications.* In IEEE Engineering in Medecine and Biology Conference (EMBC), volume 2013, page 4933. Inserm, 2013. (Citations pages 67 et 133.)

[Promayon 2008] Emmanuel Promayon. *Modèles physiques discrets pour le vivant.* Hdr, UJF, Décembre 2008. (Citations pages 2, 50 et 51.)

[R Core Team 2015] R Core Team. *R : A Language and Environment for Statistical Computing.* R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2015. (Citation page 57.)

[Salencon 2007] Jean Salencon. Mécanique des milieux continus, volume TOME 1. 2007. (Citation page 28.)

[Schiavone *et al.* 2010] Patrick Schiavone, Emmanuel Promayon and Yohan Payan. *LASTIC : a light aspiration device for in vivo soft tissue characterization.* In Biomedical simulation, pages 1–10. Springer, 2010. (Citation page 110.)

[Schlosser *et al.* 2013] Jeffrey Schlosser, Can Kirmizibayrak, Vijay Shamdasani, Steve Metz and Dimitre Hristov. *Automatic 3D ultrasound calibration for image guided therapy using intramodality image registration.* Physics in medicine and biology, vol. 58, no. 21, page 7481, 2013. (Citations pages 75 et 87.)

[Schneider & Eberly 2002] Philip Schneider and David H Eberly. Geometric tools for computer graphics. Morgan Kaufmann, 2002. (Citations pages 49 et 114.)

[Seisen *et al.* 2012] T Seisen, M Rouprêt, A Faix and S Droupy. *La prostate : une glande au carrefour uro-génital.* Progrès en urologie, vol. 22, pages S2–S6, 2012. (Citation page 9.)

[Sellier 2011] M Sellier. *An iterative method for the inverse elasto-static problem.* Journal of Fluids and Structures, vol. 27, no. 8, pages 1461–1470, 2011. (Citation page 145.)

[Selman 2011] Steven H. Selman. *The McNeal Prostate : A Review.* Urology, vol. 78, no. 6, pages 1224 – 1228, 2011. (Citation page 9.)

[Selmi *et al.* 2013] Sonia-Yuki Selmi, Gaelle Fiard, Emmanuel Promayon, Lucile Vadcard, Jocelyne Troccaz*et al. A virtual reality simulator combining a learning environment and clinical case database for image-guided prostate biopsy.* Proceedings of IEEE CBMS, 2013. (Citations pages 2 et 3.)

[Shah *et al.* 2011] Amish P. Shah, Patrick A. Kupelian, Twyla R. Willoughby, Katja M. Langen and Sanford L. Meeks. *An evaluation of intrafraction motion of the prostate in the prone and supine positions using electromagnetic tracking.* Radiotherapy and Oncology, vol. 99, no. 1, pages 37 – 43, 2011. (Citation page 23.)

[Shiu & Ahmad 1989] Yiu Cheung Shiu and Shaheen Ahmad. *Calibration of wrist-mounted robotic sensors by solving homogeneous transform equations of the form $AX = XB$.* Robotics and Automation, IEEE Transactions on, vol. 5, no. 1, pages 16–29, 1989. (Citations pages 74 et 75.)

[Sidoroff 2010] Francois Sidoroff. Mécanique des milieux continus. Ecole Centrale LYON, 2010. (Citation page 28.)

[Smeenk *et al.* 2012] Robert Jan Smeenk, Robert J.W. Louwe, Katja M. Langen, Amish P. Shah, Patrick A. Kupelian, Emile N.J.Th. van Lin and Johannes H.A.M. Kaanders. *An Endorectal Balloon Reduces Intrafraction Prostate Motion During Radiotherapy.* International Journal of Radiation Oncology*Biology*Physics, vol. 83, no. 2, pages 661 – 669, 2012. (Citation page 23.)

[Sofa] Sofa. https://www.sofa-framework.org/. (Citation page 34.)

[Spencer & Desbat 2014] Benjamin Spencer and Laurent Desbat. *On-line C-arm Intrinsic Calibation : Simulation Study.* In IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record, page (to appear), 2014. (Citation page 2.)

[Steiner *et al.* 2013] Elisabeth Steiner, Dietmar Georg, Gregor Goldner and Markus Stock. *Prostate and Patient Intrafraction Motion : Impact on Treatment Time-Dependent Planning Margins for Patients With Endorectal Balloon.* International Journal of Radiation Oncology*Biology*Physics, vol. 86, no. 4, pages 755 – 761, 2013. (Citation page 23.)

[Stomakhin *et al.* 2012] Alexey Stomakhin, Russell Howes, Craig Schroeder and Joseph M Teran. *Energetically consistent invertible elasticity.* In Proceedings of the ACM SIGGRAPH/Eurographics Symposium on Computer Animation, pages 25–32. Eurographics Association, 2012. (Citation page 124.)

[Tanner *et al.* 2006] Christine Tanner, Julia A. Schnabel, Derek L. G. Hill, David J. Hawkes, Martin O. Leach and D. Rodney Hose. *Factors influencing the accuracy of biomechanical breast models.* Medical Physics, vol. 33, no. 6, pages 1758–1769, 2006. (Citation page 59.)

[Taubin 1995] Gabriel Taubin. *Curve and surface smoothing without shrinkage.* In Computer Vision, 1995. Proceedings., Fifth International Conference on, pages 852–857. IEEE, 1995. (Citation page 135.)

[Terzopoulos *et al.* 1987] Demetri Terzopoulos, John Platt, Alan Barr and Kurt Fleischer. *Elastically deformable models.* In ACM Siggraph Computer Graphics, volume 21, pages 205–214. ACM, 1987. (Citation page 33.)

[Teschner *et al.* 2005] M. Teschner, S. Kimmerle, B. Heidelberger, G. Zachmann, L. Raghupathi, A. Fuhrmann, M.-P. Cani, F. Faure, N. Magnenat-Thalmann, W. Strasser and P. Volino. *Collision Detection for Deformable Objects.* Computer Graphics Forum, vol. 24, no. 1, pages 61–81, 2005. (Citations pages viii et 89.)

[Thompson *et al.* 2008] Stephen Thompson, Graeme Penney, Damien Buie, Prokar Dasgupta and Dave Hawkes. *Use of a CT statistical deformation model for multi-modal pelvic bone segmentation.* In Medical Imaging, pages 69141O–69141O. International Society for Optics and Photonics, 2008. (Citations pages 155 et 161.)

[Tsai & Lenz 1989] Roger Y Tsai and Reimar K Lenz. *A new technique for fully autonomous and efficient 3D robotics hand/eye calibration.* Robotics and Automation, IEEE Transactions on, vol. 5, no. 3, pages 345–358, 1989. (Citations pages 74 et 75.)

[Ukimura *et al.* 2015] Osamu Ukimura, Arnaud Marien, Suzanne Palmer, Arnauld Villers, Manju Aron, Andre Luis de Castro Abreu, Scott Leslie, Sunao Shoji, Toru Matsugasumi, Mitchell Gross*et al. Trans-rectal ultrasound visibility of prostate lesions identified by magnetic resonance imaging increases accuracy of image-fusion targeted biopsies.* World journal of urology, pages 1–8, 2015. (Citation page 15.)

[van de Ven *et al.* 2015] Wendy J. M. van de Ven, Yipeng Hu, Jelle O. Barentsz, Nico Karssemeijer, Dean Barratt and Henkjan J. Huisman. *Biomechanical modeling constrained surface-based image registration for prostate MR guided TRUS biopsy.* Medical

Physics, vol. 42, no. 5, pages 2470–2481, 2015. (Citations pages 42, 44, 116, 128 et 156.)

[Verdier *et al.* 2014] E. Verdier, B. Doré, G. Fromont, C. Pirès, B. Lecoq, J.-C. Dezael and J. Irani. *Prostatectomie radicale ouverte versus laparoscopique : expérience d'un centre français.* Progrès en Urologie, vol. 24, no. 3, pages 173 – 179, 2014. (Citation page 17.)

[Villers *et al.* 2003] Arnauld Villers, Xavier Rebillard, Michel Soulié, Jean-Louis Davin, Patrick Coloby, Jean-Luc Moreau, Arnaud Mejean, Jacques Irani, Christian Coulange and Philippe Mangin. *Dépistage du cancer de la prostate.* Prog Urol, vol. 13, no. 2, pages 209–14, 2003. (Citation page 12.)

[Xu *et al.* 2008] Sheng Xu, Jochen Kruecker, Baris Turkbey, Neil Glossop, Anurag K Singh, Peter Choyke, Peter Pinto and Bradford J Wood. *Real-time MRI-TRUS fusion for guidance of targeted prostate biopsies.* Computer Aided Surgery, vol. 13, no. 5, pages 255–264, 2008. (Citations pages 111 et 138.)

[Yushkevich *et al.* 2006] Paul A. Yushkevich, Joseph Piven, Heather Cody Hazlett, Rachel Gimpel Smith, Sean Ho, James C. Gee and Guido Gerig. *User-Guided 3D Active Contour Segmentation of Anatomical Structures : Significantly Improved Efficiency and Reliability.* Neuroimage, vol. 31, no. 3, pages 1116–1128, 2006. (Citation page 133.)

[Zhang 2000] Zhengyou Zhang. *A flexible new technique for camera calibration.* Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on, vol. 22, no. 11, pages 1330–1334, 2000. (Citation page 96.)

[Zhao 2011] Zijian Zhao. *Hand-eye calibration using convex optimization.* In Robotics and Automation (ICRA), 2011 IEEE International Conference on, pages 2947–2952. IEEE, 2011. (Citation page 74.)

Modélisation Biomécanique pour l'Imagerie de Prostate

Résumé : Le cancer de prostate était, en France en 2012, le premier cancer masculin avec plus de 53 465 nouveaux cas par an et 8 876 décès. La biopsie transrectale de prostate est la méthode utilisée afin de déterminer de manière histopathologique la présence ou non du cancer. Le plus souvent, l'urologue ponctionne la prostate en douze positions, équiréparties sur l'ensemble la prostate ainsi que des zones cibles. Ceci se fait classiquement sous guidage échographique endorectal. La difficulté pour l'urologue est de pouvoir réaliser cette cartographie de prostate de manière précise alors qu'il ne dispose, le plus souvent, que d'une imagerie 2D et que l'acquisition des images elle-même contribue à déplacer et déformer la prostate.

C'est dans ce cadre que nous proposons le développement d'un modèle biomécanique de prostate patient-spécifique, utilisable en temps clinique, basé uniquement sur l'acquisition d'échographies transrectales. Ce modèle apporte un moyen de prendre en compte les déplacements et déformations de la prostate ainsi que des zones cibles. Pour cela, nous nous sommes intéressés à la construction d'une chaîne de validation permettant le prototypage et le test à grande échelle de paramètres sur des données issues de bancs expérimentaux ou cliniques afin d'évaluer l'impact de chaque étape jusqu'à la simulation biomécanique. Au cours de cette thèse, une première phase de test a été réalisée sur un fantôme réaliste de prostate afin d'étudier l'impact des paramètres de nos modèles au travers d'une étude statistique basée sur plus de 800 simulations. Des conclusions de ce premier essai, nous avons développé et validé des outils permettant l'acquisition de données cliniques tels que le calibrage d'un robot porte-sonde ou le développement d'une méthode de collision basée sur des contraintes projectives. Un premier test patient a pu être réalisé au cours de cette thèse et montre des résultats encourageants pour la poursuite de ces travaux.

Mots clés : Modélisation Biomécanique de la Prostate ; Chaîne de Validation Générique ; Calibrage Hand-Eye ; Échographie TransRectale (TRUS) ; Biopsies de Prostate ;

Biomechanical Modeling Applied to Prostate Imaging

Abstract : In 2012 in France, prostate cancer was the most frequent cancer with 53 465 new cases estimated and 8 876 deaths. Transrectal prostate biopsy is the only method used to prove the presence of cancer with a histopathologic study. Twelve biopsies are evenly punctured all around the prostate by the urologist as well as targeted areas. This is generally done with the guidance of endorectal ultrasound images. The difficulties for the urologist are to perform this 3D task precisely and accurately based on 2D imaging. Moreover image acquisition itself contributes to prostate motion and deformation.

It is within this framework that we proposed the development of patient-specific biomechanical model of prostate. This model can be used in a clinical time and is based only on 3D ultrasonographic volumes. The model allows the urologist to monitor the deformations and the displacements of the prostate and to follow targeted areas. Firstly, we were interested in building a validation workflow for prototyping and conducting a large-scale test to evaluate the impact of each necessary step before the dynamic simulation. An initial test was conducted with a realistic deformable prostate phantom. This experiment is based on more than 800 simulations allowing us to complete a statistical survey. We then developed and validated tools, such as the calibration of a robot probe-holder to improve the workflow and to perform real patient data acquisitions. An evaluation of the impact of each parameter of the biomechanical model was achieved on a realistic deformable prostate phantom. Finally, we had the opportunity to apply our workflow on one patient biopsy session acquisition. Results are encouraging and shows good perspectives to our work.

Keywords : Biomechanical Modeling of Prostate ; General Validation Workflow ; Hand-Eye Calibration ; TransRectal UltraSonography (TRUS) ; Prostate Biopsy Session ;