



Détection d'aiguilles et de grains dans les images ultrasonores pour la curiethérapie dynamique

Hatem Younes

► To cite this version:

Hatem Younes. Détection d'aiguilles et de grains dans les images ultrasonores pour la curiethérapie dynamique. Imagerie médicale. Université Grenoble Alpes [2020-..], 2020. Français. NNT : 2020GRALM020 . tel-03009135

HAL Id: tel-03009135

<https://theses.hal.science/tel-03009135>

Submitted on 17 Nov 2020

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

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

THÈSE

Pour obtenir le grade de

DOCTEUR DE L'UNIVERSITE GRENOBLE ALPES

Spécialité : **Informatique**

Arrêté ministériel : 25 mai 2016

Présentée par

Hatem YOUNES

Thèse dirigée par **Jocelyne TROCCAZ** et **Sandrine VOROS**

préparée au sein du **Laboratoire Techniques de l'Ingénierie Médicale et de la Complexité - Informatique, Mathématiques et Applications**

dans l'**École Doctorale Mathématiques, Sciences et Technologies de l'Information, Informatique**

Détection d'aiguilles et de grains dans les images ultrasonores pour la curiethérapie dynamique

Thèse soutenue publiquement le **11 Juin 2020**,
devant le jury composé de :

Monsieur Julien BERT

Ingénieur de recherche, HDR, Université de Brest, LATIM, Rapporteur

Madame Ingerid REINERTSEN

Chercheuse scientifique sénior, SINTEF, Norvège, Rapporteuse

Monsieur Renaud CREVOISIER

PU - PH, CHU de Rennes, LTSI, Examineur

Monsieur David SARRUT

DR, CNRS, CREATIS Lyon, Président du jury

Madame Sandrine VOROS

CR, INSERM, TIMC, Directrice de thèse

Madame Jocelyne TROCCAZ

DR, CNRS, TIMC, Directrice de thèse



« Il me semble très difficile de remercier tout le monde car c'est grâce à l'aide de nombreuses personnes que j'ai pu mener cette thèse à son terme. Tout d'abord, je voudrais remercier chaleureusement mes directrices de thèse Madame Jocelyne TROCCAZ et Madame Sandrine VOROS. Je suis vraiment ravi d'avoir travaillé en leur compagnie car en plus de leur appui scientifique, elles ont toujours été là pour me soutenir, me conseiller et m'aider au cours de l'élaboration de cette thèse. J'aimerais les remercier aussi pour leur gentillesse, leur qualité humaine et leur bonne humeur.

Je tiens à remercier les membres du jury de leur participation scientifique ainsi que le temps qu'ils ont consacré pour la relecture et la synthèse du manuscrit : Monsieur Julien Bert et Madame Ingerid Reinertsen, mes deux rapporteurs, ainsi que Monsieur Renaud Crevoisier et Monsieur David Sarrut en tant qu'examineurs.

Mes remerciements sont également adressés à nos partenaires du projet FOCUS, particulièrement à Monsieur Julien Bert et au laboratoire LaTIM de nous avoir accordé l'accès aux données cliniques et à l'Agence Nationale de la Recherche -ANR- qui a financé la thèse.

Je remercie tous les anciens et actuels membres du GMCAO pour la bonne ambiance de travail et pour les nombreux bons moments passés ensemble.

Tous mes remerciements sont aussi accordés à ma famille et mes proches qui, avec leur soutien inconditionnel, m'ont permis de ne jamais dévier de mon objectif. Merci à mon père, ma mère, mon frère et ma sœur et leurs petites familles.

Mes remerciements vont aussi à ma chérie pour son soutien quotidien indéfectible et son enthousiasme contagieux à l'égard de mes travaux comme de la vie en général. Notre couple a grandi en même temps que mon projet scientifique, le premier servant de socle solide à l'épanouissement du second. »

Hatem Younes

Table des matières

1	Introduction	11
1.1	Contexte Clinique	12
1.1.1	Cancer de la prostate	12
1.1.2	La curiethérapie de la prostate	14
	Protocole de la curiethérapie	15
	Vers une curiethérapie dynamique	17
1.2	Contexte scientifique	18
1.2.1	CT Scanner	18
1.2.2	IRM	19
1.2.3	Échographie	19
1.3	Contexte collaboratif	20
1.4	Contribution et organisation de la thèse	21
2	État de l'art	23
2.1	Introduction	24
2.2	Les artefacts	24
2.2.1	Les artefacts liés aux aiguilles flexibles	25
2.2.2	Les artefacts liés aux grains radioactifs	25
2.3	Localisation d'aiguilles dans les images échographiques	26
2.3.1	Localisation d'aiguilles à partir des images échographiques	26
2.3.2	Localisation d'aiguilles sans imagerie	31
2.4	Bilan synthétique des méthodes de localisation d'aiguilles	33
2.5	Localisation de grains dans les images IRM, scanner et radiographiques	34
2.6	Localisation de grains dans les images échographiques	35
2.7	Bilan synthétique des méthodes de localisation de grains	41
I	Description des méthodes	44
3	Localisation d'aiguilles dans les images échographiques 3D	47
3.1	Introduction	48
3.2	Binarisation	48
3.2.1	Classification Bayésienne	49
3.2.2	Prédiction des paramètres	51
3.3	Détection d'aiguille	54
3.3.1	Algorithme d'approximation d'aiguille	54
3.4	Détection de pointe	61
3.5	Conclusion	63

4	Localisation de grains dans les images échographiques 3D	64
4.1	Introduction	65
4.2	Binarisation	65
4.2.1	Classification Bayésienne	65
4.2.2	Prédiction de paramètres	67
4.3	Suppression de voxels faux positifs	68
4.3.1	Discrimination par SVM	68
4.3.2	Choix des descripteurs	69
4.3.3	SMO	72
4.4	Localisation globale du train de grain	75
4.4.1	Recalage rigide par ICP	78
4.5	Amélioration de la localisation grain par grain	81
4.5.1	Métrie de similarité	81
	Rapport de corrélation	82
	SSD	83
4.5.2	Modèle d'apparence d'un grain	84
4.6	Synthèse	84
II	Expérimentations, résultats et discussions	87
5	Localisation d'aiguilles dans les images échographiques 3D	89
5.1	Expérimentations	90
5.2	Binarisation par une classification Bayésienne binaire	90
5.2.1	EM	90
5.2.2	Résultats de binarisation	92
5.3	Détection d'aiguille par une approximation optimisée	94
5.4	Détection de pointe	96
5.5	Résultat sur image de fantôme en Agar-agar	97
5.6	Résultats sur images cliniques	99
6	Localisation de train de grains dans les images échographiques 3D	103
6.1	Expérimentations	104
6.1.1	Acquisition d'images	104
6.1.2	Planification préopératoire pour les expérimentations sur fantôme	104
6.2	Binarisation par une classification Bayésienne binaire	104
6.2.1	EM	105
6.2.2	Résultats de binarisation	106
6.3	Suppression de faux positifs	106
6.4	Localisation globale du train de grains	108
6.5	Raffinement de la localisation grain par grain	108
6.6	Résultats sur image de fantôme en Agar-agar	109
6.6.1	Localisation globale	111
6.6.2	Raffinement de la localisation	111
6.7	Résultats sur images cliniques	115
6.8	Prise en compte des orientations avec une méthode incrémentale	120

7	Discussion et conclusion générale	123
7.1	Synthèse et contributions	124
7.1.1	Localisation d'aiguilles	124
7.1.2	Localisation de grains	124
7.2	Conclusion et perspectives	126
7.2.1	Les limites	126
7.2.2	Amélioration à court terme	127
7.2.3	Amélioration à moyen terme	128
7.2.4	Faisabilité clinique	128
Annexe		129
A	Les artefacts dans les images échographiques	130
A.1	Les artefacts d'instruments métalliques	130
A.1.1	Les artefacts de réverbération	130
A.1.2	Les artefacts de lobes secondaires	132
A.2	Les artefacts dans les tissus mous	134
B	Calculs mathématiques	136
B.1	Algorithme EM	136
B.2	Optimisation quadratique	138
	Séparation imparfaite	140
	Les conditions de KKT	141
C	Configuration matérielle et logicielle, interface graphique et framework	142
C.1	Configuration matérielle	142
C.2	Développements logiciels	142

Liste des tableaux

2.1	<i>Tableau synthétique des méthodes de segmentation de grains</i>	42
5.1	<i>Nombre d'aiguilles par patient</i>	100
5.2	<i>Résultat de la localisation d'aiguilles</i>	101
5.3	<i>Valeurs des paramètres utilisés dans les différentes étapes de la localisation d'aiguille</i>	102
6.1	<i>Les compositions des trains de grains injectés à travers les aiguilles $A_i, i = \{1, \dots, 8\}$</i>	104
6.2	<i>Erreurs de localisation automatique de grains dans l'image échographique de fantôme 3D après raffinement</i>	114
6.3	<i>Résultats de localisation de grains dans deux images échographiques 3D des patients anonymes</i>	117
6.4	<i>Valeurs des paramètres utilisés dans les différentes étapes de la localisation de grains</i>	120

Chapitre 1

Introduction

Sommaire

1.1 Contexte Clinique	12
1.1.1 Cancer de la prostate	12
1.1.2 La curiethérapie de la prostate	14
1.2 Contexte scientifique	18
1.2.1 CT Scanner	18
1.2.2 IRM	19
1.2.3 Échographie	19
1.3 Contexte collaboratif	20
1.4 Contribution et organisation de la thèse	21

1.1 Contexte Clinique

Nombreux sont les problèmes cliniques qui nécessitent des interventions médicales. Ces interventions peuvent être chirurgicales ou non chirurgicales. Une intervention chirurgicale consiste à traiter le patient par une incision en milieu stérile. Une intervention non chirurgicale consiste à traiter le patient sans incision, mais par des gestes médicaux. Certaines interventions peuvent être assistées par ordinateur. Cette thèse s'inscrit dans le cadre d'une méthode d'intervention non chirurgicale assistée par ordinateur pour traiter le cancer de la prostate, appelée la curiethérapie dynamique.

1.1.1 Cancer de la prostate

La prostate est une glande qui fait partie de l'appareil reproducteur masculin. Elle est capable de produire un liquide prostatique qui rentre dans la composition du sperme en se mélangeant avec les spermatozoïdes. Elle se situe sous la vessie, en avant du rectum et entoure l'urètre ainsi que le canal éjaculateur (figure 1.1). Chez un jeune homme, la prostate est en moyenne de la taille d'une prune soit un volume estimé à 20 cm^3 environ.

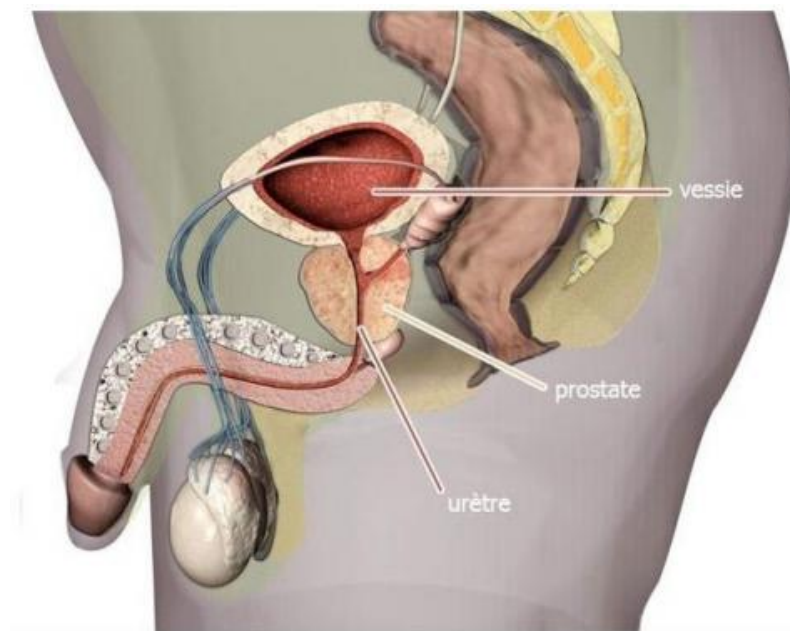


FIGURE 1.1 – Schéma du système reproducteur masculin en section sagittale (www.e-cancer.fr)

La prostate peut être le siège de trois affections principales :

- le cancer
- l'adénome ou l'hypertrophie bénigne de la prostate
- la prostatite : infection aiguë ou chronique de la prostate

L'hypertrophie bénigne de la prostate se développe plutôt à partir du tissu glandulaire entourant l'urètre alors que le cancer de la prostate se développe surtout dans la zone périphérique postérieure de la glande (figure 1.2). Le cancer de la prostate se développe à

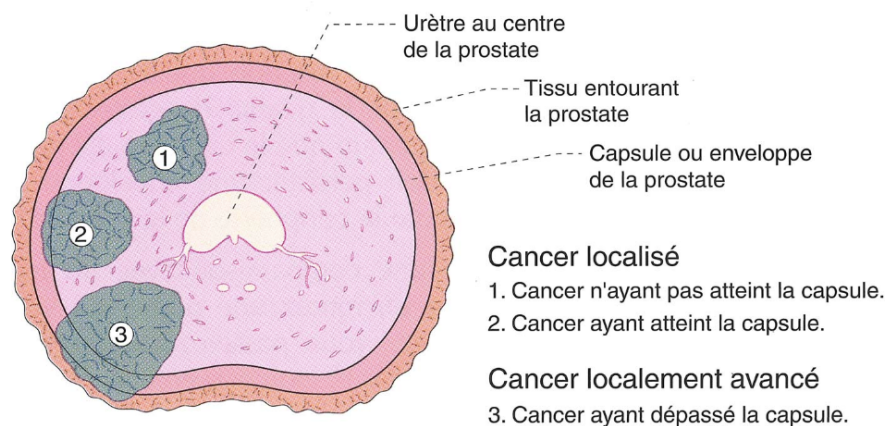


FIGURE 1.2 – Schéma illustratif d'une coupe transversale de la prostate montre les stades de développement de la tumeur (www.cancer-de-la-prostate.fr)

partir des cellules prostatiques qui bordent les petites glandes situées au sein de la prostate. Cette maladie passe le plus souvent complètement inaperçue pendant plusieurs années, puis des symptômes apparaissent progressivement pendant que la tumeur grandit. Parmi ces symptômes on peut citer :

- une irritation du rectum,
- des douleurs dans le bas-ventre ou le bas du dos,
- des troubles érectiles.

Cependant la plupart des cas restent asymptomatiques. Le cancer peut être détecté par dépistage : soit par vérification du taux de PSA "prostate-specific antigen" par une analyse sanguine, soit par toucher rectal. Le diagnostic est confirmé grâce à une série de biopsies.

La biopsie consiste à prélever un fragment de tissu ou d'organe (souvent appelé carotte) grâce à une aiguille spécifique, pour pouvoir l'analyser au microscope en histopathologie. Cette analyse permet de connaître la géométrie des cellules cancéreuses (forme, taille), et ainsi d'évaluer leur nature, leur étendue et leur degré d'agressivité. Ce geste est le plus souvent guidé par l'imagerie ultrasonore. Pour cela, les cliniciens disposent d'un retour visuel échographique 2D.

Le cancer de la prostate est parmi les cancers les plus diagnostiqués chez les hommes dans le monde, avec 1,27 million de nouveaux cas en 2018 [1]. En Europe, le cancer de la prostate est le premier type de cancer en termes de nouveaux cas et la troisième cause de décès par cancer chez les hommes [2]. En 2018, les taux d'incidence les plus élevés ont été estimés dans les pays d'Europe du Nord et de l'Ouest tels que l'Irlande (189.3 pour 100000), l'Estonie (162.4 pour 100000) et la France (187 pour 100000) [2]. Les taux d'incidence et de mortalité par type de cancer chez les hommes sont présentés dans la figure 1.3. Le cancer de la prostate peut être traité de plusieurs façons, dont le choix dépend du patient, son âge, ses réactions face aux éventuels précédents traitements similaires, et principalement du degré de développement du cancer dans l'organe déterminé grâce à l'examen histopathologique des biopsies. Parmi ces traitements, on trouve le

1. La chirurgie par prostatectomie radicale qui consiste à enlever la prostate.

2. La radiothérapie externe qui consiste à irradier localement une région anatomique afin de détruire les cellules cancéreuses dans cette région.
3. Les ultrasons focalisés de haute intensité (également appelée HIFU pour High Intensity Ultrasound Focalized en anglais), un traitement localisé pour détruire les cellules cancéreuses par échauffement grâce aux ondes acoustiques.
4. La curiethérapie pour installer des substances radioactives en contact direct avec les zones cancéreuses dans la prostate.

Toutes les techniques sont susceptibles de provoquer des effets secondaires plus ou moins importants.

Estimated number of deaths in 2018, worldwide, all cancers, males, all ages Estimated number of new cases in 2018, worldwide, all cancers, males, all ages

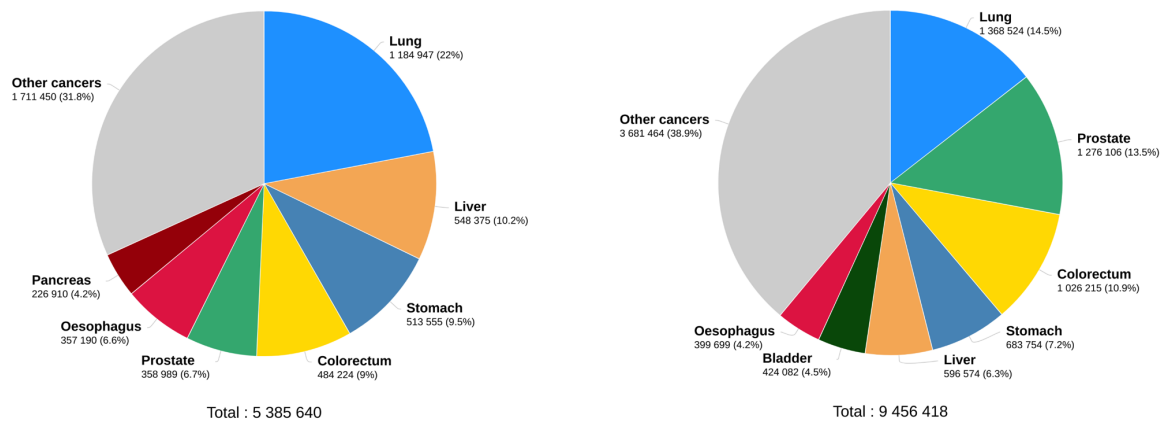


FIGURE 1.3 – Les pourcentages mondiales d’incidences et de mortalités par type de cancer chez les hommes en 2018 (<http://gco.iarc.fr>)

1.1.2 La curiethérapie de la prostate

La curiethérapie de la prostate est une intervention non chirurgicale, effectuée sous anesthésie générale ou de la moitié inférieure du corps. Elle est utilisée pour traiter les cas de cancer localisé à faible risque. Elle consiste à placer des sources radioactives à proximité immédiate de la tumeur, capables d’éliminer les cellules cancéreuses par irradiation locale. Il existe deux formes de curiethérapie prostatique :

- la curiethérapie à haut débit de dose [3] : dans ce cas, les sources radioactives sont laissées plusieurs minutes à plusieurs heures, en fonction du débit utilisé, puis elles sont retirées.
- la curiethérapie à bas débit de dose [4] : dans ce cas, les sources radioactives injectées via des aiguilles restent définitivement implantées dans la prostate (voir figure 1.4).

Le travail effectué pendant cette thèse concerne la curiethérapie à bas débit de dose réalisée avec des sources d’Iode¹²⁵. Ce sont des grains cylindriques pouvant être de diamètre 0.8 mm et de longueur de 4.5 mm.

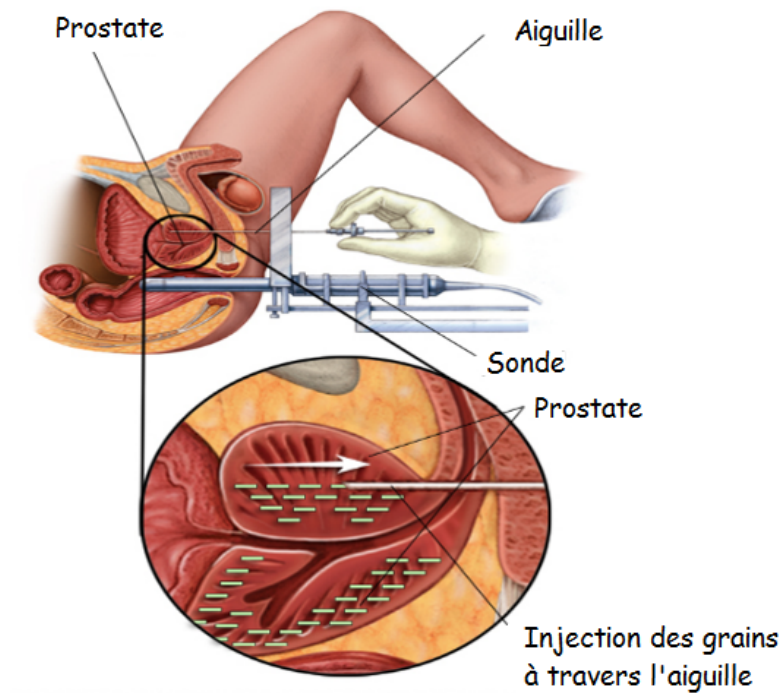


FIGURE 1.4 – Curiethérapie prostatique à bas débit de dose

©MAYO foundation for medical education and research

Protocole de la curiethérapie

La curiethérapie se déroule en trois étapes consécutives (figure 1.5). En général, un examen préopératoire guidée par l'imagerie échographique, accompagné le plus souvent d'un examen IRM, est effectué une dizaine de jours avant l'intervention de curiethérapie. Cet examen sert préparer la planification en déterminant le volume de la prostate et en calculant le nombre de grains radioactifs à mettre en place pour produire la dose souhaitée. Ceci est la première étape de planification.

La deuxième étape, per-opératoire, est effectuée le jour de l'intervention. Ce jour on doit disposer, entre autres, d'une sonde échographique pour le guidage du geste et d'une grille de repérage appelée "template" comportant une matrice d'orifices disposés tous les 5 mm pour effectuer l'insertion des aiguilles. Tout d'abord, le patient est mis sous anesthésie générale et une acquisition échographique est effectuée pour réaliser la planification en précisant les positions de grains respectant les contraintes de dose sur la prostate et les organes à risque (prostate, urètre et rectum). Ensuite, des aiguilles creuses sont insérées une par une sur la périphérie de la prostate (figure 1.6) à travers la grille. Chaque aiguille suit alors forcément une trajectoire théorique horizontale, laissant peu de marge de manœuvre lorsqu'elle rencontre un obstacle, par exemple l'os pubien, si elle dévie de sa trajectoire. En cas de blocage, le chirurgien peut bouger l'aiguille et modifier sa trajectoire en appliquant des mouvements sur la base de l'aiguille. Cette technique nécessite un certain savoir-faire de la part du praticien. Lorsque toutes les aiguilles sont

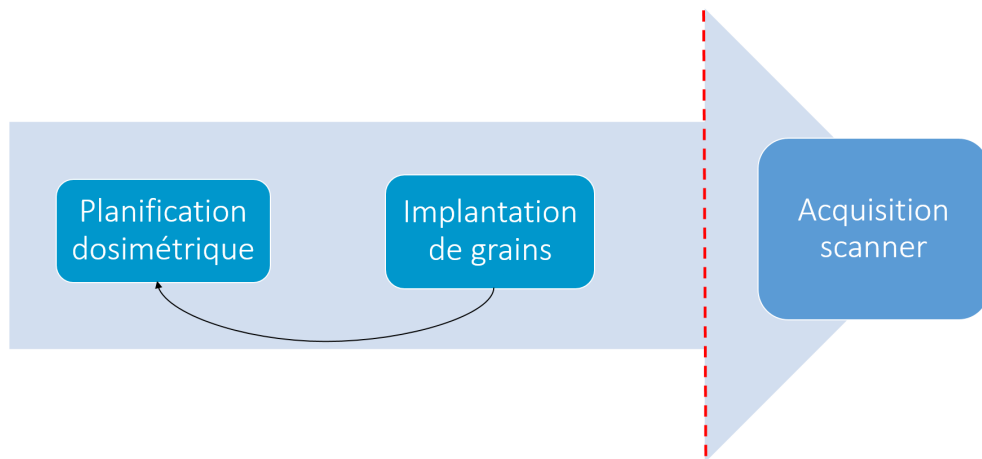


FIGURE 1.5 – Processus linéaire qui représente les trois étapes consécutives de la curiethérapie linéaire

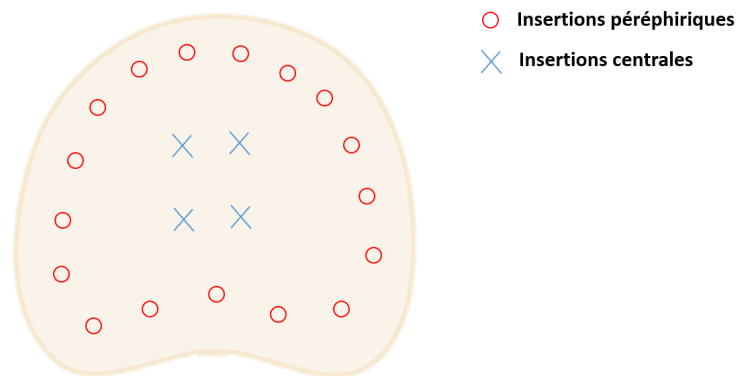


FIGURE 1.6 – Les positions des insertions d'aiguilles dans la prostate

bien placées, on les charge avec les grains radioactifs, puis on les injecte à l'aide d'un applicateur en retirant les aiguilles de la prostate l'une après l'autre. Ensuite, les positions de grains dans la prostate sont vérifiées manuellement avec l'image échographique. Suite à ce contrôle, on met à jour les positions des grains dans le logiciel de calcul de dose. Un deuxième tour d'implantation de grains est effectué, en se basant sur la dose actualisée. Cette fois, il concerne les aiguilles à insérer dans les positions centrales de la prostate (voir figure 1.6). Lorsque toutes les aiguilles sont bien positionnées, l'injection des grains se fait de la même façon. À la fin de la deuxième étape, une acquisition radio au bloc opératoire est effectuée pour visualiser tous les grains implantés. On ne voit cependant pas la prostate sur ces clichés.

La troisième étape permet de localiser l'emplacement définitif des grains implantés, après résorption de l'œdème lié à la procédure, par une acquisition scanner un mois plus tard. Il s'agit d'une étape de surveillance qui permet de documenter le déroulement de la curiethérapie. Cependant aucune intervention corrective n'est plus possible à ce stade.

Chaque aiguille délivre entre 2 à 6 grains. Ces grains peuvent être libres ou bien connectés. On parle alors d'un train de grains. Il est composé de grains connectés par des connecteurs et espacés par des espaceurs non métalliques. L'injection des grains libres se fait un par un. Ceci rend la procédure d'injection plus lourde, et peut engendrer des imprécisions d'implantation liées à la migration des grains. L'utilisation de train de grains minimise les imprécisions d'implantation en effectuant une seule injection par aiguille. Par contre, elle laisse moins de liberté en termes de position des grains. Nous présentons dans la figure 1.7 deux exemples de trains de grains de différentes compositions.

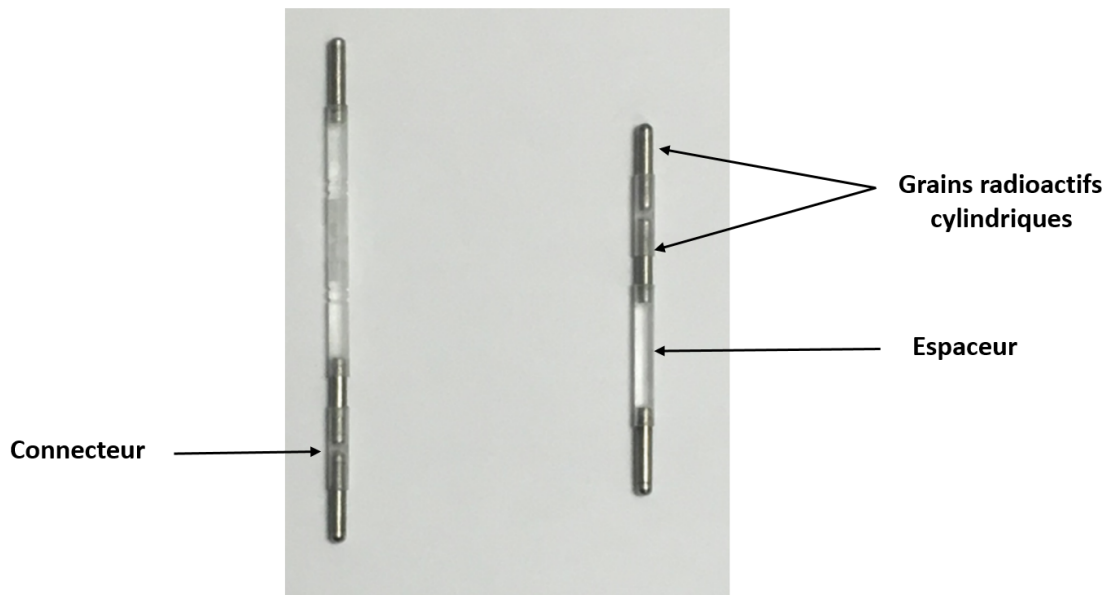


FIGURE 1.7 – Exemples de trains de grains de différentes compositions

Vers une curiethérapie dynamique

La précision d'implantation de grains est limitée par plusieurs facteurs : le facteur humain et l'imagerie de guidage (images échographiques). De plus, tout au long d'une séance de curiethérapie, la prostate est susceptible d'être déformée ou déplacée, en raison des nouvelles insertions (aiguilles et sources radioactives). Par ailleurs, ces aiguilles sont flexibles. À cause de ces imprécisions est apparue l'idée de réaliser une curiethérapie "dynamique" appelée aussi adaptative. Dans une curiethérapie dynamique, le calcul de dosimétrie ainsi que la mise à jour de la planification sont faits en temps réel suite à chaque implantation des sources radioactives, en se basant sur la position réelle de l'implantation précédente. La curiethérapie dynamique assure une compensation d'erreur plus fine et répétitive qu'un simple deuxième tour d'implantation centrale de grains lors d'une curiethérapie standard. Le déroulement itératif de la curiethérapie dynamique, présenté par la figure 1.8, requiert la localisation automatique de sources radioactives dans les images échographiques. *L'objectif de cette thèse est de concevoir et de développer une solution logicielle pour effectuer la localisation automatique de grains radioactifs dans des images échographiques.*

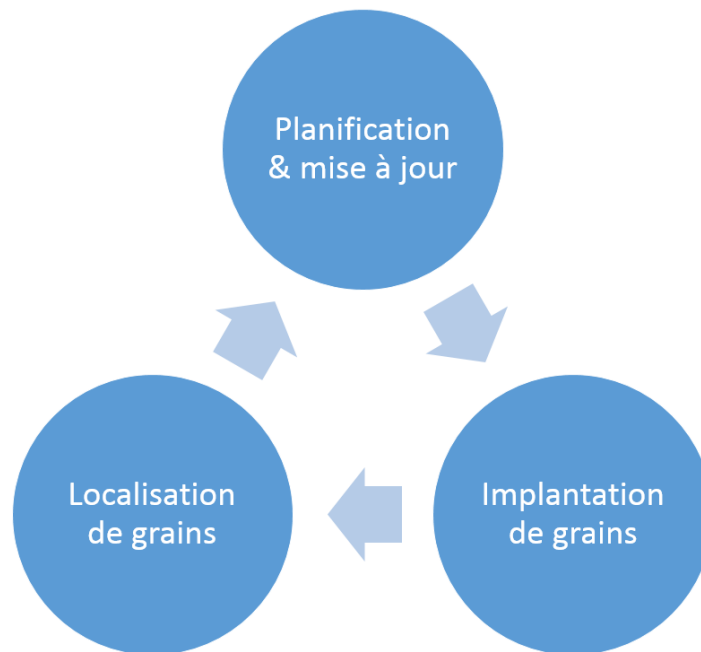


FIGURE 1.8 – Processus itératif qui représente les trois étapes répétées d'une curiethérapie dynamique

1.2 Contexte scientifique

Le traitement de l'image est un processus qui s'applique dans plusieurs secteurs d'activités tels que l'imagerie médicale, biologique ou satellitaire. Les systèmes d'imagerie sont de plus en plus performants, de plus en plus miniaturisés, de moins en moins chers et l'on constate les progrès qu'ils induisent dans les différents domaines. Dans notre contexte, l'imagerie médicale a été parmi les révolutions les plus importantes en santé. Effectivement, le fait de pouvoir visualiser l'intérieur du corps sans avoir besoin de passer par la voie chirurgicale permettait de changer le paradigme du diagnostic médical. Dans ce qui suit, nous abordons les modalités d'imagerie souvent utilisées dans le contexte clinique et en rapport avec la curiethérapie. Ces dispositifs d'imagerie permettent d'effectuer les diagnostics, les planifications et d'avoir un retour visuel en temps réel des actes effectués.

1.2.1 CT Scanner

Connu en Anglais sous le nom de "Computed tomography scan". Cette modalité utilise des rayons X pour réaliser des images en coupes fines du corps. Son principe consiste à mesurer l'absorption des rayons X par les tissus. Le tube qui génère les rayons X tourne autour du corps pour acquérir les images sous différents angles à partir desquelles le volume 3D est construit. Les images obtenues sont bien contrastées par rapport aux autres modalités d'imagerie. Cependant l'utilisation des rayons X reste un inconvénient majeur d'une telle modalité puisque l'exposition répétée aux rayons X peut être nocive pour l'organisme. La prostate n'est pas très visible en utilisant cette modalité d'imagerie. De plus, l'utilisation du scanner dans la routine clinique est souvent coûteuse. Le scanner est habituellement utilisé dans le cadre d'une curiethérapie prostatique pour réaliser un

diagnostic post-implantation (environ un mois après l'intervention) permettant la vérification de la dosimétrie en se basant sur la position réelle des grains implantés.

1.2.2 IRM

L'imagerie par résonance magnétique est une technique radiologique qui repose sur la résonance magnétique nucléaire (RMN) des protons de l'eau contenue dans l'organisme (le corps humain est majoritairement composé d'eau). Donc, contrairement à l'imagerie par rayon X, le fonctionnement de l'IRM se base sur des propriétés quantiques de l'hydrogène et des dispositifs de diffusion de champs magnétiques. Lors du fonctionnement, le patient se place dans un champs magnétique suffisamment puissant pour que les noyaux des atomes Hydrogène H s'orientent tous dans le même sens. Ensuite, pour détourner les atomes H déjà alignés, on émet des impulsions magnétiques transversales au champ principal. ce qui peut produire un signal électrique transformé finalement en image 2D ou 3D. Les images IRM sont principalement adaptées à l'observation des "tissus mous".

De plus en plus utilisé pour le diagnostic du cancer, l'examen IRM n'intervient pas systématiquement dans la prise en charge des patients candidats à une curiethérapie. Cependant, vu son excellent contraste des tissus mous, l'IRM pourrait être utilisé en postopératoire pour la localisation de grains. Les études cliniques ont démontré qu'un traitement local de la tumeur est plus efficace que de délivrer une dose augmentée [5]. La curiethérapie focale [6] consiste à focaliser les irradiations que sur les zones cancéreuses dans la prostate, si celles-ci peuvent être identifiées et localisées précisément. L'IRM multi-paramétrique permet de détecter en pré-opératoire les zones tumorales qui seront candidates à l'irradiation. Cependant, son utilisation est toujours limitée en raison de son coût d'achat et d'installation élevé.

1.2.3 Échographie

L'échographie est une technique d'imagerie médicale qui se base sur l'utilisation des ondes sonores inaudibles. L'oreille humaine ne peut pas entendre au dessus de 20 000 Hz. Les fréquences supérieures à 20 000 Hz sont appelées ultrasons. En traversant un organe, les ondes ultrasonores émises reflètent des ondes échos de différentes amplitudes lors du franchissement des interfaces tissus-aies. Les amplitudes des échos retournés définissent les régions sombres et lumineuses dans l'image produite. Pour produire une image échographique, on a besoin d'avoir un émetteur d'ondes ultrasonores et un récepteur de leurs échos. Le cristal piézoélectrique est un matériau qui se déforme lors de l'application d'une tension électrique. Lorsqu'une tension est appliquée il se dilate. Lorsque la tension est supprimée, il se contracte. Si la tension est rapidement appliquée et supprimée à plusieurs reprises, le cristal piézoélectrique se dilate et se détend rapidement, créant des ondes ultrasonores.

Les cristaux piézoélectriques ont une autre propriété très utile qui leur permet d'être également utilisés pour recevoir des ondes ultrasonores. Lorsqu'un cristal piézoélectrique est comprimé, il génère une tension. Cette propriété est utilisée pour écouter les ondes ultrasonores qui se reflètent après avoir heurté des objets. Lors du retour des ondes sonores frappant le cristal piézoélectrique, celui-ci est comprimé. Le cristal génère alors une tension qui correspond à l'amplitude de l'onde ultrasonore retournée.

L'imagerie per-opératoire la plus courante lors d'une session de curiethérapie est l'échographie : elle est facile à employer et donne un retour visuel en temps réel. Parmi les systèmes d'imagerie médicale cités, l'échographie est la plus pratique, économique et la moins nuisible pour le patient. Ce qui fait que l'échographie est l'instrument de prédilection en clinique. En contre-partie, les images échographiques se révèlent être de moins bonne qualité en présence de facteurs suivants :

- Faible rapport signal/bruit,
- Atténuation en profondeur du faisceau émis,
- Échogénicité variable par rapport au patient,
- Nombreux artefacts.

Les deux catégories de sonde transrectales (voir figure 1.9) utilisées dans le cadre du cancer de la prostate diffèrent par la position du transducteur :

- **End-fire (capteurs en bout de sonde)** pour ce qui concerne les biopsies.
- **Side-fire (capteurs sur les côtés de la sonde)** essentiellement utilisée pour le guidage de gestes thérapeutiques comme la curiethérapie.

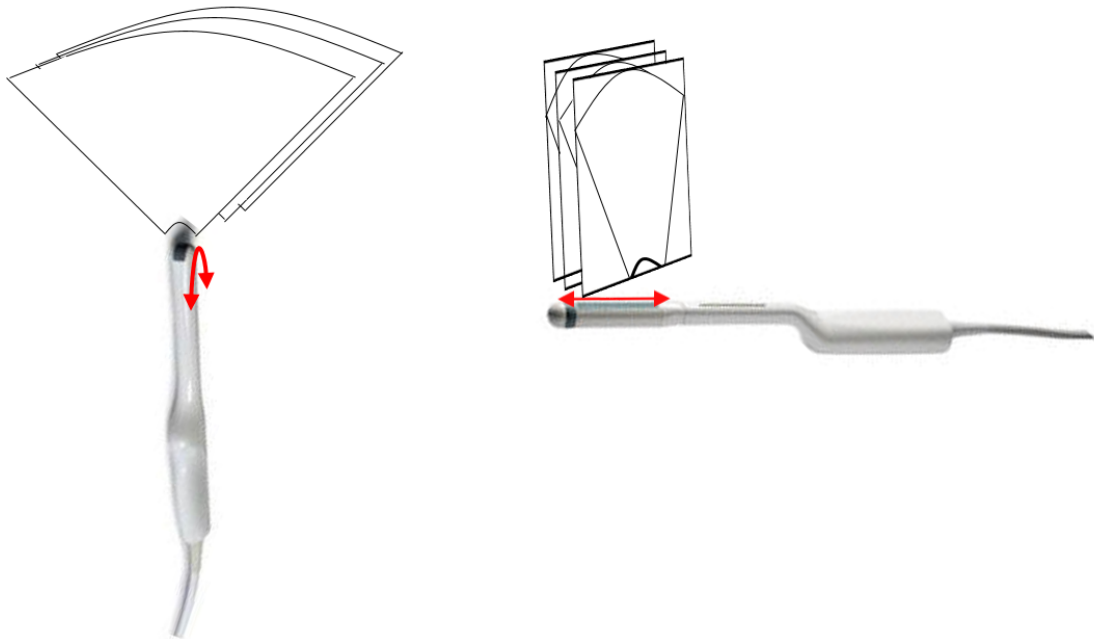


FIGURE 1.9 – Les sondes échographiques 3D end-fire (à gauche) et side-fire (à droite)

1.3 Contexte collaboratif

La thèse s'inscrit dans le cadre du projet ANR "**Système de planification et de guidage innovant pour la curiethérapie focale de la prostate – FOCUS**" débuté en Novembre 2016. Le projet FOCUS, présenté par la figure 1.10, est un projet de recherche

d'aiguilles et de grains à partir des images échographiques 3D nécessaire à la réalisation d'une curiethérapie dynamique.

Dans le deuxième chapitre, nous présentons les travaux de recherche de la littérature portant sur la localisation d'aiguilles et de grains dans les volumes échographiques.

La première partie contenant le troisième et le quatrième chapitre décrit les méthodes développées au cours de la thèse pour mener à bien les travaux.

Les développements majeurs ainsi que les contributions principales de cette thèse sont décrits comme suit :

— Dans le chapitre 3 relatif à la localisation d'aiguilles :

1. Le développement d'une méthode de binarisation automatique basée sur une classification non supervisée.
2. La détection d'aiguille par approximation d'un modèle de l'aiguille à l'image binarisée en effectuant des optimisations locales.
3. La recherche additionnelle de la pointe de l'aiguille pour une meilleure définition de la région d'intérêt contenant les grains.

— Dans le chapitre 4 relatif à la localisation de grains :

1. L'utilisation de la classification Bayésienne pour la binarisation du volume de grains.
2. La suppression de voxels faux positifs en utilisant le "Support Vector Machine".
3. La localisation du train de grains par recalage d'un modèle géométrique au nuage de voxels du train de grains.
4. L'amélioration des estimations des orientations des grains par recalage grain à grain.

Ces méthodes sont conçues pour répondre aux objectifs et surmonter les défis cliniques :

- Méthodes automatiques limitant au maximum le réglage manuel de paramètres
- Capables de s'adapter à la faible qualité des images et à la variabilité intrinsèque (dans l'image, selon les paramètres).
- Testées sur des données aussi réalistes que possible (y compris des images cliniques)

La deuxième partie (chapitre 5 et 6) est consacrée principalement à la présentation des expérimentations et des résultats obtenus en appliquant les méthodes développées sur des exemples d'images échographiques 3D contenant des aiguilles flexibles et des trains de grains liés. Une discussion sur les développements et les résultats est faite en fin du manuscrit.

Chapitre 2

État de l'art

Sommaire

2.1 Introduction	24
2.2 Les artefacts	24
2.2.1 Les artefacts liés aux aiguilles flexibles	25
2.2.2 Les artefacts liés aux grains radioactifs	25
2.3 Localisation d'aiguilles dans les images échographiques	26
2.3.1 Localisation d'aiguilles à partir des images échographiques	26
2.3.2 Localisation d'aiguilles sans imagerie	31
2.4 Bilan synthétique des méthodes de localisation d'aiguilles	33
2.5 Localisation de grains dans les images IRM, scanner et radiographiques	34
2.6 Localisation de grains dans les images échographiques	35
2.7 Bilan synthétique des méthodes de localisation de grains	41

2.1 Introduction

La localisation de grains dans un volume échographique se présente comme une tâche complexe pour deux raisons principales. La première est intrinsèque à la modalité d'acquisition. Les images échographiques contiennent régulièrement des bruits et des artefacts. Ces derniers se manifestent sous forme de zones d'hyper-signal, de régions d'ombre ou sous d'autres formes. Nous détaillons dans l'annexe A ces différents artefacts échographiques, leur génération ainsi que leurs lieux d'apparition. La qualité dégradée des images échographiques rend difficile d'y identifier les instruments. La taille des instruments, quant à elle, contribue également à compliquer la procédure de la localisation. Les grains radioactifs utilisés pour la curiethérapie, par exemple I^{135} , sont de petits cylindres dont le diamètre est de 0.8 mm et la longueur ne dépasse pas 5 mm. Il faut souligner que vue leur composition métallique, les grains apparaissent dans les images comme des petites tâches hyper lumineuses, et que certains artefacts lumineux de même forme apparaissent à proximité. Du fait de leur faible taille, il est difficile de les isoler dans le volume échographique et notamment de les différencier des autres objets lumineux (dont les artefacts). La forme cylindrique de grains est aussi un facteur à effet perturbant. En effet, la réflexion des faisceaux ultrasonores incidents sur la surface cylindrique n'est pas régulière. Les difficultés de la localisation sont donc liées à la forme cylindrique, à la composition métallique et à la petite taille du grain radioactif.

Afin de réduire la difficulté de la localisation de grains, la plupart des méthodes proposées commencent par définir une région d'intérêt réduite, où on focalise la recherche de grains. La définition de cette nouvelle région se base sur la position prévue d'implantation de grains. On peut se servir de la planification dosimétrique pour se renseigner sur la région d'implantation. Mais, pour une meilleure précision la plupart des méthodes commencent par localiser les aiguilles, à travers lesquelles on injecte les grains, et localiser leur pointe. Les grains seront situés dans les trajectoires des aiguilles puisqu'ils sont injectés en retirant les aiguilles de la prostate. Les aiguilles creuses utilisées pour la curiethérapie ont aussi une forme de tube cylindrique ($\varnothing \sim 1.02\text{mm}$ et $L \sim 150\text{mm}$). Généralement, la profondeur d'insertion des aiguilles dans la prostate varie entre 20 mm et 80 mm.

Dans ce chapitre, nous présentons un état de l'art des techniques de localisation d'aiguilles et de grains dans des images échographiques. En premier lieu, on introduit les sources des artefacts qui pourraient apparaître dans les images échographiques et qui sont liés non seulement au processus d'imagerie, mais aussi à la réponse des instruments utilisés au signal échographique. Les méthodes proposées dans l'état de l'art pour localiser les aiguilles et les grains à partir des images échographiques (2D ou 3D) sont décrites respectivement dans la section 2.3 et la section 2.6. Également, nous évoquons brièvement les méthodes relatives à d'autres modalités dans la section 2.5.

2.2 Les artefacts

Les artefacts sont des formes de bruit qui apparaissent lorsque les hypothèses pour le traitement du signal émis par le système d'imagerie par ultrasons sont mises en défaut. Dans ce qui suit, on se limite à évoquer les artefacts qui peuvent potentiellement

apparaître dans un contexte de curiethérapie. Pour plus de détails sur les autres types d'artefacts, une étude détaillée a été proposée par Jinlan Huang et al [7] (voir annexe A).

2.2.1 Les artefacts liés aux aiguilles flexibles

Artefacts de réverbération sonde-instrument :

Parmi les hypothèses sur le traitement de signal considérées lors du calcul de l'image échographique "*chaque interface génère une seule réflexion*". Les réflexions multiples du faisceau entre l'aiguille creuse et la sonde mettent en défaut cette hypothèse produisant des artefacts de réverbération qui sont les images fantômes de l'aiguille. Nous présentons dans la figure 2.1 un exemple d'une image échographique 3D contenant une aiguille avec les artefacts de réverbérations.

Artefacts d'ombre :

C'est une région sombre qui correspond aux atténuations brutales des intensités des signaux transmis à travers les surfaces de l'aiguille lorsqu'elle se situe à proximité d'autres objets ou lorsqu'elle est acquise avec du tissu. La figure 2.1 montre l'impact du passage d'une aiguille flexible par une région d'ombre.

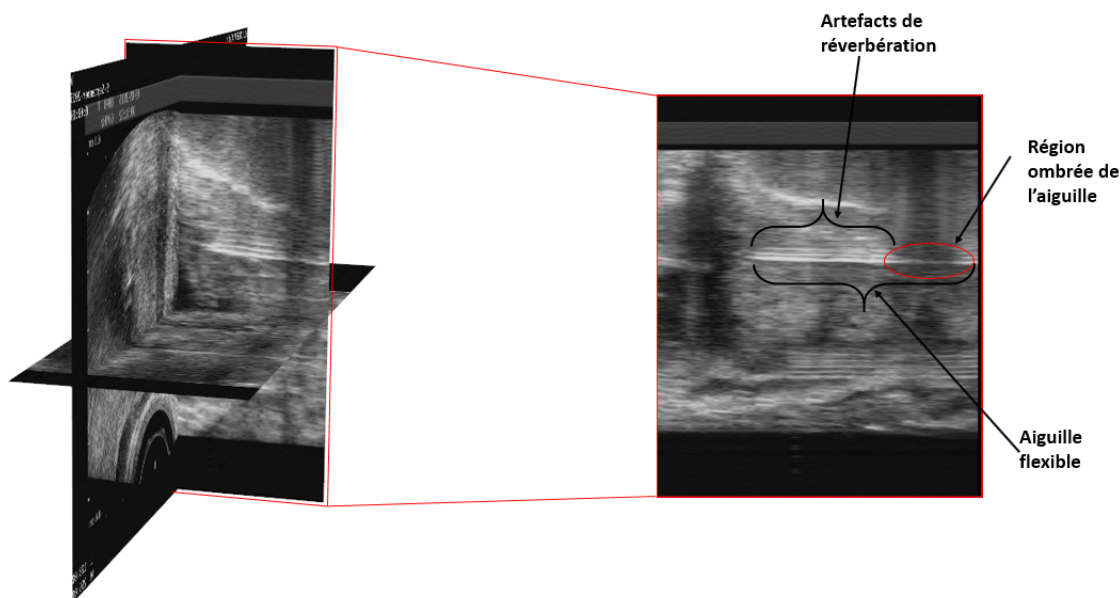


FIGURE 2.1 – Image échographique 3D d'une aiguille flexible

2.2.2 Les artefacts liés aux grains radioactifs

Artefact "Queue de Comète" ou "Comet Tail" :

C'est un type d'artefact de réverbération dont les orientations suivent les directions de propagations des ondes ultrasons. Nous présentons dans la figure 2.2 les artefacts dits "Queue de Comète" des grains radioactifs.

Artefact latéral :

Le grain cylindrique se trouve immergé dans les artefacts latéraux (voir figure 2.2). Leur étendue latérale est variable en fonction de la position de grain par rapport à la sonde, de la disposition radiale de l'émission des ultrasons et de la profondeur de la sonde. En moyenne la largeur est de 3 à 5 fois le diamètre du grain.

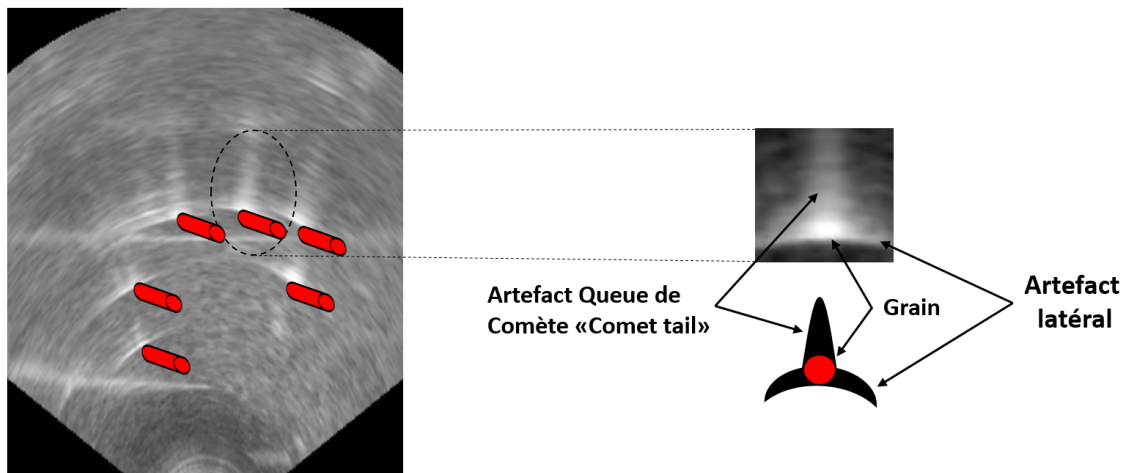


FIGURE 2.2 – Artefacts de réverbérations de grains radioactifs

2.3 Localisation d'aiguilles dans les images échographiques

Les aiguilles flexibles sont utilisées non seulement dans le contexte de la curiethérapie, mais aussi pour d'autres gestes dont la biopsie de la prostate. La segmentation et la localisation d'aiguilles est donc utile pour le guidage d'aiguille par échographie. On présente ici les techniques employées pour segmenter les aiguilles dans ses différents cas d'utilisation.

2.3.1 Localisation d'aiguilles à partir des images échographiques

Certains auteurs considèrent l'aiguille comme un instrument cylindrique de petit diamètre. Novotny P. et al [8] utilisent l'ACP (Analyse en Composantes Principales) pour trouver la direction principale d'une classe de voxels voisins rassemblés après seuillage du volume. Pour trouver la position de la "barre cylindrique" représentant l'aiguille, les voxels candidats sélectionnés sont projetés sur le plan perpendiculaire à son axe (déjà trouvé par l'ACP). Le centre est calculé à partir d'un ajustement linéaire aux moindres carrés des voxels projetés sur un cercle de rayon connu.

D'autres travaux se basent sur la transformée de Hough (HT) [9] comme un outil de reconnaissance de formes. Cela consiste à considérer le corps de l'aiguille comme une ligne droite et de la représenter par les coefficients de la droite (a et b pour la droite $y = ax + b$). Zhou et al [10] ont proposé deux améliorations de la transformée de Hough classique. D'abord ils ont utilisé le 3D HT qui est une extension du 2D HT classique. Lors du calcul, ils supposent que la position et l'orientation approximatives de l'aiguille sont

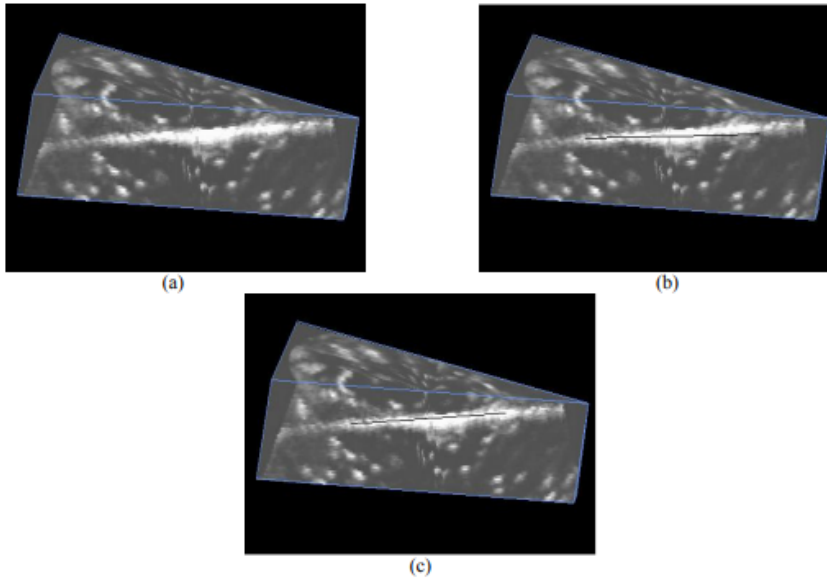


FIGURE 2.3 – Résultat de la segmentation d'aiguille dans une image échographique 3D. (a) l'image 3D originale; (b) résultat de la segmentation en utilisant le 3DHT, (c) résultat de la segmentation en utilisant le 3DRHT. L'aiguille est représentée par la ligne noire[10]

connues en se référant à la position d'insertion. Ensuite, pour accélérer le calcul, ils ont proposé un 3DHT randomisée : 3DRHT, qui est potentiellement plus rapide. Un exemple de résultat est présenté dans la figure 2.3.

Dans une autre communication [11], une nouvelle amélioration basée sur une stratégie de recherche "grossière-fine" (en anglais par "coarse-fine search strategy") a été proposée [12]. L'idée se base sur la baisse de la résolution de l'image 3D originale $f(x, y, z)$ ayant comme dimensions : $M \times N \times K$. Cette diminution se fait comme suit :

$$g(x, y, z) = f(\lambda x, \lambda y, \lambda z) \quad (2.1)$$

$$0 \leq x \leq M_\lambda, 0 \leq y \leq N_\lambda, 0 \leq z \leq K_\lambda$$

Où $g(x, y, z)$ est l'image de faible résolution produite, λ est un facteur grossissant et $M_\lambda \times N_\lambda \times K_\lambda$ sont les dimensions de g déterminées par :

$$M_\lambda = \frac{M}{\lambda}, N_\lambda = \frac{N}{\lambda}, K_\lambda = \frac{K}{\lambda}. \quad (2.2)$$

Dans l'image de faible résolution produite, l'aiguille pourrait être segmentée plus vite puisque l'image devient plus petite, en utilisant la méthode 3DHT avec aucune information a priori de l'aiguille. Donc après l'étape à basse résolution, l'orientation approximative ainsi que la position de l'aiguille sont trouvées. Elles sont utilisées dans l'étape suivante "fine" comme une approximation, pour détecter l'aiguille définitivement dans l'image originale $f(x, y, z)$ en appliquant de nouveau le 3DHT. La figure 2.4 présente un exemple de résultat en utilisant $3DH_{ough}T_{ransform}$, $3DI_{mproved}HT$ et $3DR_{andomized}HT$. D'après cette figure la segmentation en utilisant la méthode de 3DRHT a échoué.

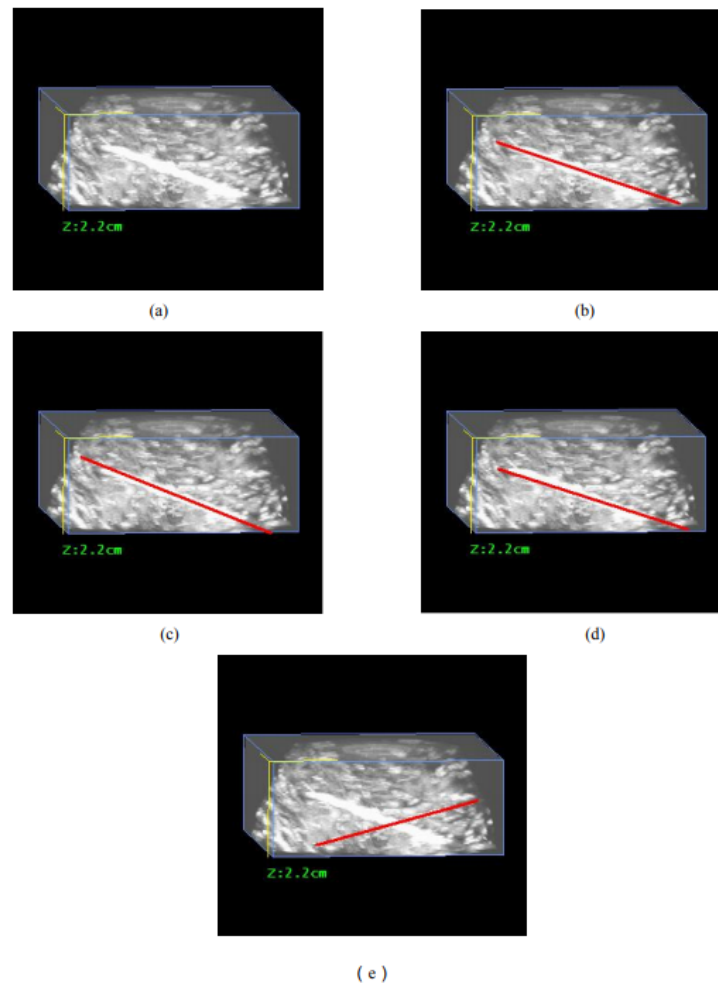


FIGURE 2.4 – Résultat de la segmentation d’aiguille dans une image échographique 3D. (a) l’image 3D originale; (b) résultat de la segmentation en utilisant le 3DIHT, (c) résultat de la segmentation en utilisant le 3DHT, (d) résultat de la segmentation en utilisant le 3DRHT, (e) segmentation randomisée incorrecte en utilisant le 3DRHT. [11]

Il est important de bien souligner que : malgré le fait que les aiguilles soient initialement droites, elles peuvent se courber lors de l’insertion dans le tissu vivant. Les méthodes de segmentation d’aiguille courbée sont plus réalistes que celles qui négligent sa courbure. Une nouvelle idée proposée par M.Aboofazli [13] transforme le problème de segmentation d’aiguille dans une image 3D en plusieurs problèmes de segmentation 2D. Les projections bidimensionnelles permettent de redéfinir le volume sur deux plans ou plus et revenir aux méthodes de segmentation classiques en deux dimensions qui sont plus basiques mais plus robustes. D’abord ils ont commencé par améliorer le contraste par un traitement temporel sur plusieurs volumes pour atténuer le bruit de speckle*. Le volume bruité est filtré par une diffusion anisotrope. Les tâches de speckle restant ont ensuite été réduites en appliquant sur l’image 3D un filtre de rehaussement de contraste

*. Un bruit d’interférence associé aux réflexions sur les interfaces.

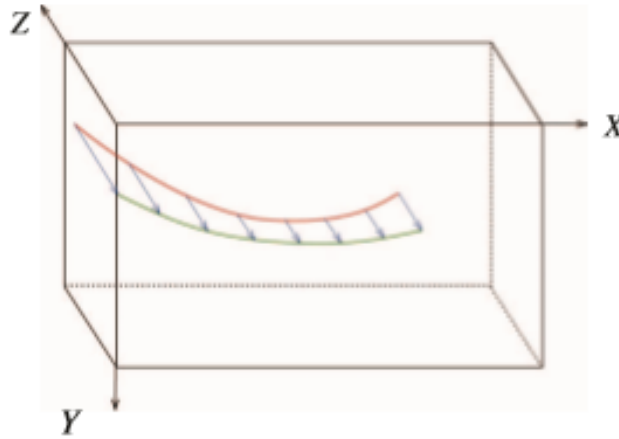


FIGURE 2.5 – Illustration de la projection planaire d'une aiguille dans une image 3D (courbe rouge) sur le plan xy (courbe verte) en utilisant le "ray casting" [13]

dont la fonction de transfert est définie par :

$$T(I(x, y, z)) = \exp\left\{-\frac{1}{2}\left(\frac{I(x, y, z) - \mu}{\sigma}\right)^2\right\} \quad (2.3)$$

Où $I(x, y, z)$ est l'intensité du voxel situé à (x, y, z) , et μ et σ sont respectivement la moyenne et la variance des valeurs d'intensité d'une aiguille dans une image 3D typique. Finalement, une opération d'ouverture morphologique élimine les petits bruits restants. L'image filtrée obtenue est projetée sur des plans d'image 2D par un processus de "lancer de rayons" [14]. Ce processus est illustré dans la figure 2.5. Là, une aiguille dans une image 3D (courbe rouge) est projetée dans le plan XY (voir axes sur la figure 2.5). L'image projetée de l'aiguille est indiquée en vert. [13] utilise ensuite plusieurs transformées de Hough pour reconstruire entièrement l'aiguille courbée en utilisant les segments retrouvés. Cette méthode commence par un processus de filtrage 3D accompagné par un réglage manuel de certains paramètres. Ceci demande une grande puissance de calcul qui n'est pas toujours à la portée d'une utilisation en routine clinique.

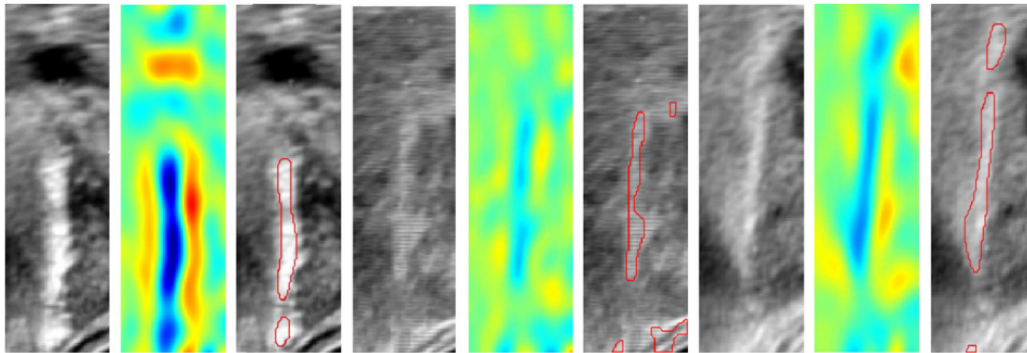


FIGURE 2.6 – Trois exemples différents de segmentation d'aiguilles. Chaque ensemble de trois images montrent successivement l'image d'entrée, la réponse du filtre et la segmentation de l'aiguille. [15]

Dans un contexte de biopsie, Ayvaci et al. [15] ont proposé une segmentation d'aiguille basée sur une minimisation du coût d'une fonction énergétique par fusion IRM/US. Ce coût atteint sa valeur minimale sur les pixels qui définissent l'aiguille (figure 2.6). Parfois, l'aiguille est visualisée en plusieurs fragments séparés. La deuxième étape vise à classer ces segments pour rassembler ceux qui définissent la même aiguille. Cette proposition ne peut pas s'appliquer dans un contexte de curiethérapie puisque l'IRM n'est pas utilisé en standard pendant la procédure de la curiethérapie.

L'amélioration du contraste de l'aiguille facilite sa segmentation. C'est pourquoi, Parmida Beigi et al [16] ont développé une méthode de segmentation basée sur une analyse dynamique des images acquises en donnant un mouvement oscillant à un stylet dans une canule. Ceci génère des changements élevés d'intensités entre les images produites. La soustraction des images successives met en évidence l'aiguille avec un meilleur contraste. Ensuite, un processus de traitement, basé sur la projection d'image 3D sur des vues 2D, est utilisé pour segmenter l'axe de l'aiguille et identifier sa pointe. Un exemple type de résultat est montré dans la figure 2.7.

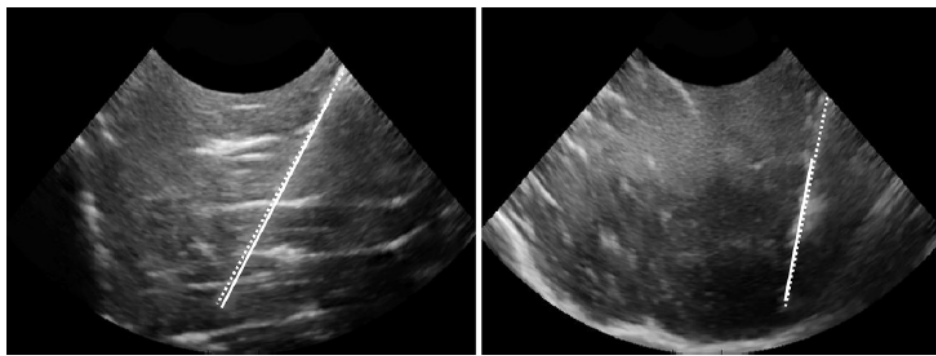


FIGURE 2.7 – Deux exemples de résultat de la méthode [16]

Introduit pour la première fois par M. A. Fisher et R. C. Bolles, le RANSAC «RANDOM Sample Consensus» [17], est un algorithme qui permet d'extraire un modèle mathématique prédominant -qui pourrait être la courbe tridimensionnelle de l'aiguille-, en rejetant les perturbations -les voxels qui n'appartiennent pas à l'aiguille-. Le RANSAC définit un modèle mathématique par rapport à une sélection aléatoire d'un échantillon de variables. En se basant sur un critère défini, il calcule le nombre de variables qui pourraient appartenir au modèle sélectionné. Il itère ces étapes autant de fois que nécessaire jusqu'à tomber sur le modèle qui réunit le plus grand nombre de variables. Ces dernières sont appelées "inliers" et les autres, les variables rejetées, sont appelées "outliers". La convergence de l'algorithme est liée au nombre d'itérations effectuées. Il pourrait être figé manuellement ou encore être défini automatiquement par une loi statistique basée sur le rapport d'"inliers" sur le nombre total de variables ("inliers"+"outliers").

M.Uhercik et al [18] ont utilisé le RANSAC pour segmenter l'axe de l'aiguille. Une première étape consiste à binariser le volume échographique afin d'éliminer la plupart des voxels non lumineux. Le choix du seuil est basé sur l'hypothèse disant que l'aiguille est décrite par les 5% de voxels ayant les plus grandes valeurs de niveaux de gris. Le

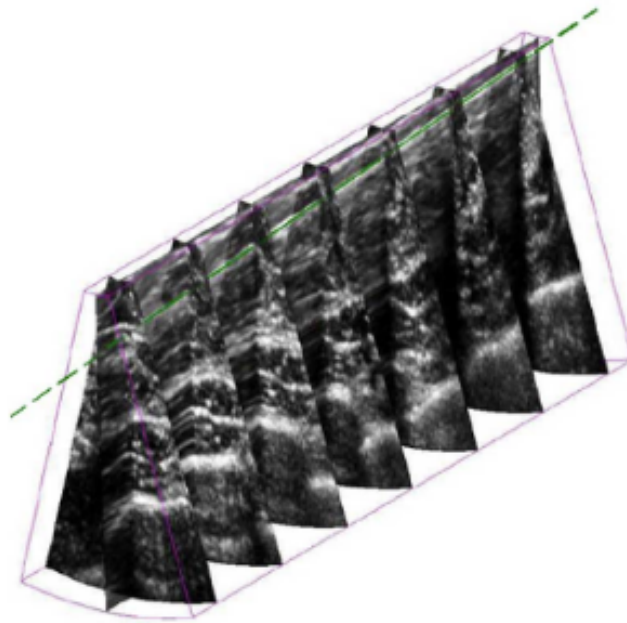


FIGURE 2.8 – Résultat d'une segmentation d'aiguille. La ligne pointillée indique le corps de l'aiguille retrouvé.[18]

RANSAC est ensuite appliqué sur le nuage de points trouvés pour approximer l'aiguille comme une courbe polynomiale (figure 2.8). Après avoir segmenté le corps de l'aiguille, une recherche supplémentaire est effectuée pour localiser précisément la pointe de l'aiguille. Celle-ci est identifiée comme la chute significative d'intensités de voxels sur le corps de l'aiguille et parfois sur son extension.

Pour améliorer la visualisation de l'aiguille dans l'image échographique, P. Mignon et al. [19] ont développé une méthode basée sur le "Color-Doppler". Il est principalement utilisé pour visualiser les flux sanguins. Dans ces travaux, il permet aussi de visualiser les vibrations échographiques d'une aiguille en rotation dans les tissus lors d'une insertion robotisée, améliorant par conséquent sa visualisation. Dans un second temps, l'aiguille est localisée en appliquant l'algorithme RANSAC sur l'image érodée (figure 2.9).

N. Orlando et al [20] ont aussi utilisé le "color-Doppler" pour développer leur méthode d'identification de la pointe de l'aiguille durant une session de curiethérapie de la prostate. Ils ont utilisé un oscillateur mécanique pour générer des vibrations sur l'aiguille. Zhao et al [21] ont proposé en 2017 une étude comparative de quatre méthodes de localisation d'aiguilles pour la biopsie. L'étude comporte une évaluation des méthodes sur des données cliniques et conclut que certains algorithmes, comme ACP et RHT, sont non robustes sur des données cliniques.

2.3.2 Localisation d'aiguilles sans imagerie

Sans avoir recours à un dispositif d'imagerie (échographique ou autre), certaines approches ont été développées pour retourner une information sur la déformation de l'aiguille lors de son insertion. Ces approches se basent généralement sur des informations

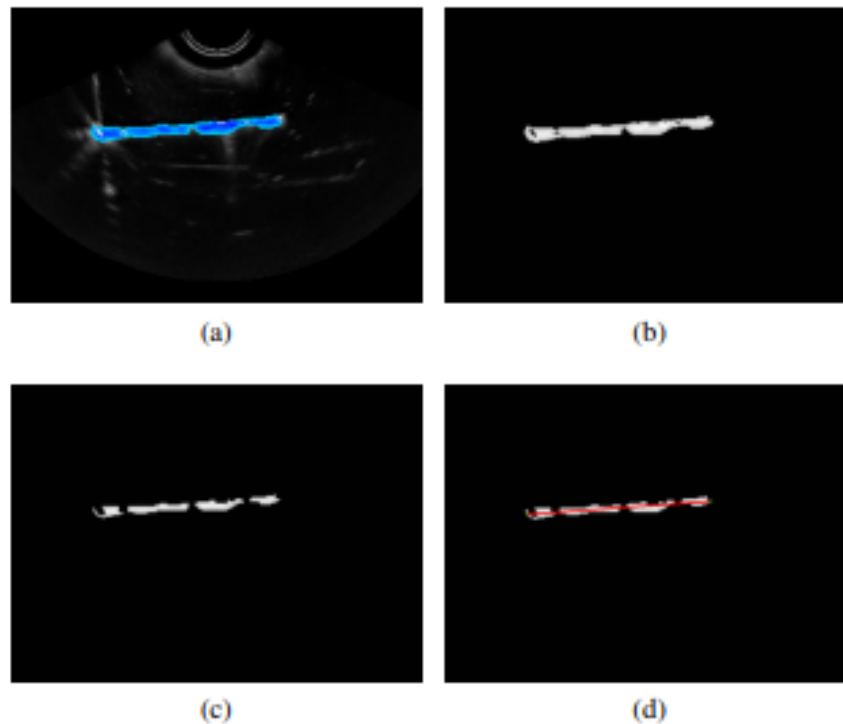


FIGURE 2.9 – Les étapes de la segmentation par "color-Doppler" dans une image 2D : (a) l'image initiale, (b) extraction du canal de teinte, (c) érosion morphologique, (d) résultat de la localisation de l'aiguille par un RAN-SAC[19]

collectées par un ou plusieurs capteurs installés sur le corps de l'aiguille.

P-L. Schaefer et al. [22] reconstruisent la déformation de l'aiguille en 3D grâce à des mesures issues de jauges de contrainte placées à certains points de l'aiguille. Ces positions ont été déterminées de façon à minimiser les erreurs de localisation de la pointe. La précision de cette méthode dépend principalement du nombre de jauges employées. Toutefois, il est difficile d'équiper un support cylindrique métallique d'un grand nombre de jauges. Les problèmes de bio-compatibilité sont aussi un obstacle majeur quant à l'utilisation dans un contexte clinique. Les capteurs électromagnétiques sont aussi utilisés pour la localisation d'aiguilles. Ils sont positionnés sur le corps de l'aiguille (principalement sur la base et le bout) pour se renseigner sur la position temporelle du bout de l'aiguille, qui à son tour décrit sa trajectoire. Sadjadi et al. [23] ont utilisé deux capteurs électromagnétiques associés à un modèle cinématique pour reconstruire fidèlement la position de la pointe de l'aiguille.

L'aiguille pourrait être aussi instrumentée par des capteurs optiques, appelés aussi capteurs de Bragg [24]. Ces capteurs mesurent la réflexion d'une onde électromagnétique dans une fibre optique flexible pour acquérir une information de contrainte locale. Cette information est exploitée afin de reconstruire les déformations subies par l'aiguille en appliquant la théorie des poutres. On obtient la trajectoire de l'aiguille modélisée par les déformations mesurées.

2.4 Bilan synthétique des méthodes de localisation d'aiguilles

Dans cette section nous proposons une étude synthétique et comparative des différentes méthodes proposées pour segmenter et localiser les aiguilles flexibles dans les différents cas d'utilisation (biopsie, guidage d'aiguille et curiethérapie).

Pour ce qui concerne les méthodes de segmentation qui ne reposent pas sur les images échographiques comme [22], mais utilisant différents capteurs sur l'aiguille (voir § 2.3.2), malgré des résultats prometteurs, leur utilisation reste problématique essentiellement pour deux raisons. Leur intégration sur les aiguilles reste un défi technologique majeur vues leur taille et celle de l'aiguille. Par ailleurs, les questions de bio-compatibilité et potentiellement leur coût posent des problèmes quant à leur utilisation dans des conditions cliniques.

Les autres travaux, qui reposent sur un traitement d'images échographiques, semblent plus adaptées au contexte clinique. Ils se subdivisent en deux catégories.

1. Les méthodes qui combinent le traitement d'images échographiques avec d'autres moyens
2. Les méthodes qui n'utilisent que les images échographiques

Parmi les méthodes de la première catégorie, on trouve celles qui comptent sur l'amélioration du contraste de l'aiguille et de sa visualisation dans le volume échographique, [20] et [19]. Ceci pourrait simplifier la procédure de segmentation. Cette amélioration est assurée par le "Color-Doppler" qui visualise des vibrations appliquées sur le corps de l'aiguille par un oscillateur mécanique. Bien que le traitement logiciel appliqué sur l'image échographique ne soit pas compliqué, les vibrations générées sur l'aiguille lors de sa visualisation présentent un point de faiblesse. Elles sont générées par un oscillateur mécanique, qu'on ne peut pas utiliser facilement dans certains cas d'utilisation comme la curiethérapie. Il est en de même pour [15] pour laquelle des images IRM sont demandées lors du calcul de la "fonction énergie" à minimiser. Ceci aussi est un point de faiblesse qui ne la rend applicable que dans des cadres particuliers. En effet, en général, on ne peut pas disposer du retour IRM lors d'une séance de curiethérapie.

La deuxième catégorie de méthodes est plus simple à mettre en œuvre. Ces méthodes, comme [11] et [18], n'utilisent que les images échographiques pour segmenter les aiguilles. La difficulté majeure est la mauvaise qualité de la source. Pour la surmonter, on se tourne vers l'utilisation des filtres de lissage des artefacts et d'amélioration du contraste [13]. En contrepartie, ce qu'on perd en appliquant ceci, est la rapidité. En effet, le temps de calcul lors d'un filtrage 3D n'est pas négligeable, essentiellement lorsqu'il est suivi d'un "lancer de rayons" utilisé pour projeter l'image 3D sur des plans 2D [13]. Les autres méthodes consistent à approximer l'aiguille sur le nuage de voxels retourné en binarisant le volume par un seuillage [8], [18] ou par la soustraction des volumes acquis avant et lors de l'insertion d'aiguille [16]. La soustraction n'est pas une méthode pratique puisqu'elle demande des acquisitions successives. Elle suppose aussi que le reste de l'image n'est pas été modifié entre deux acquisitions ce qui est le plus souvent inexact. Quant à la qualité de la binarisation par seuillage, le choix du seuil est déterminant. En effet la grande variabilité qu'on trouve dans les images échographiques 2D ou 3D, due à l'échogénicité spécifique du patient, rend très difficile de choisir un seuil générique pour toutes les segmentations. L'atténuation même au sein d'une image unique peut rendre le choix de ce seuil très délicat et peu robuste. La précision de l'approximation nécessaire à la

modélisation de l'aiguille dépend directement de cette étape puisqu'elle utilise ce qui est retourné. Le "RANSAC" est ainsi utilisé pour sélectionner l'aiguille parmi un nuage de voxels [18]. Le temps de calcul et le non déterminisme sont ses deux points de faiblesse principaux.

2.5 Localisation de grains dans les images IRM, scanner et radiographiques

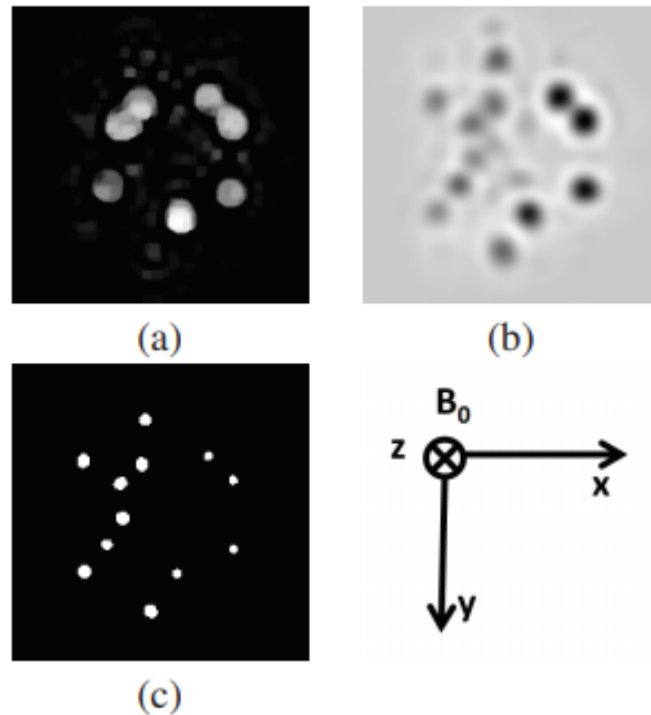


FIGURE 2.10 – Localisation de grains dans un volume IRM. (a) Coupe 2D après filtrage morphologique "chapeau haut de forme" par reconstruction. (b) Coupe 2D après "LoG". (c) Coupe 2D après binarisation du volume [25]

Il s'agit d'étudier ici les méthodes de la littérature pour la localisation de grains dans des images pouvant être impliquées dans la procédure de la curiethérapie dynamique. Pour ce qui concerne la recherche de grains dans une image IRM post-opératoire, Kuo et al [25] ont développé un algorithme basé sur la technique de détection de blob en utilisant le Laplacien de Gaussien connue sous l'acronyme LoG [26]. Pour pouvoir appliquer le LoG, un prétraitement morphologique est appliqué lors de la première étape de l'algorithme pour que les grains soient plus semblables aux blobs. Ensuite, le volume est filtré par un LoG pour affiner les emplacements de grains. Finalement, le volume est binarisé à travers un seuillage statique (figure 2.10).

Généralement, les images CT sont utilisées pour effectuer une dosimétrie post-opératoire un mois après l'implantation des grains. Nguyen et al [27] ont proposé une nouvelle approche pour localiser les grains par une classification par k-moyennes (connue en anglais

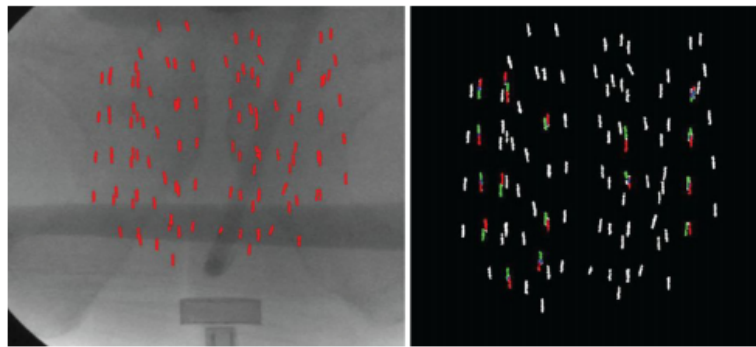


FIGURE 2.11 – Localisation de grains dans un volume radiographique.
Avant (gauche) et après (droite) détection de chevauchement

sous le nom de "K-means") et déterminer leurs orientations par une analyse en composantes principales ACP. L'algorithme s'intéresse particulièrement à la reconnaissance et à la séparation de groupes de grains qui apparaissent souvent en curiethérapie avec grains libres.

Bien que le scanner et l'IRM puissent être utilisés pour la planification pré-opératoire ou l'évaluation post-opératoire, ils ne peuvent pas être sélectionnés pour le contrôle per-opératoire de la position de grains. Une solution per-opératoire consiste à chercher les positions réelles de grains à partir des images radiographiques acquises en utilisant un amplificateur de brillance (ou C-arm).

Une méthode de localisation de grains dans les images radiographiques a été proposée par di San Filippo et al [28]. Elle est basée sur la détection par contour actif dans une région d'intérêt réduite définie manuellement. Ceci retourne un nuage de points surfaciques du grain qui sera identifié par la suite par une mise en correspondance avec un modèle d'un grain artificiel, qui est un nuage rectangulaire de points. Enfin, une procédure de détection des groupes de grains est appliquée pour différencier entre un grain libre et un ensemble de grains en chevauchement. Un exemple de résultat est montré dans la figure 2.11. Cependant, la prostate n'est pas visible dans les images radiographiques ce qui ne permet pas de connaître la position des grains par rapport à la planification. Ceci empêche le calcul de la dosimétrie et par conséquent le déroulement dynamique de la curiethérapie n'est plus possible. En plus, pour pouvoir manipuler une image radiographiques 3D, il est nécessaire d'avoir plusieurs images 2D et de les mettre en correspondance.

2.6 Localisation de grains dans les images échographiques

L'imagerie échographique est la modalité efficace pour guider la curiethérapie. En effet, elle acquiert des images en temps réel des tissus mous en mouvement. Toutefois, la localisation de grains dans les images échographique est plus difficile.

Les dimensions des grains radioactifs utilisés sont plus beaucoup petites que celles des aiguilles. Les artefacts de réverbérations produits sont aussi clairs et lumineux que les

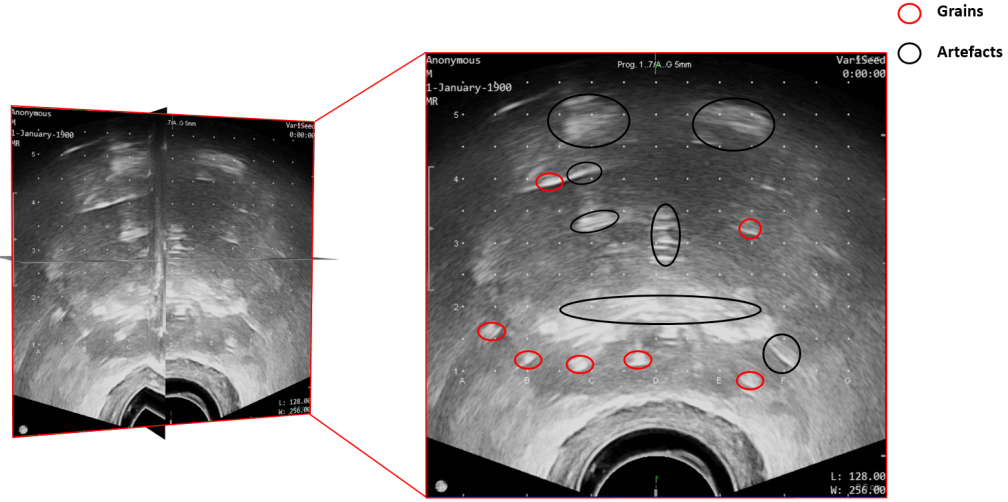


FIGURE 2.12 – Image échographique clinique 3D illustrant des grains (encadrés en rouge) et des artefacts (encadrés en noir)

grains. De plus, leur taille dépasse[†] les dimensions des grains (exemple illustré dans figure 2.12 où la distinction entre grains et artefacts a été effectuée à l'aide de la planification pré-opératoire). Par conséquent leur localisation dans des images échographiques 3D est complexe. Nous proposons dans cette section une étude bibliographique des méthodes proposées pour résoudre ce problème. La plupart des méthodes utilisent la position d'aiguille comme une information a priori sur la position approximative des grains.

Zhouping Wei et al [29] ont développé une méthode composée de 6 étapes itératives. Elle s'applique sur un volume réduit autour de la trajectoire de l'aiguille. En effet, la première étape vise à identifier l'aiguille. Aussi dans la première étape, une carte de différence 3D est calculée par la soustraction de deux volumes V_1 et V_2 . le premier volume V_1 est acquis avant l'insertion d'aiguille et le deuxième volume V_2 , celui qui contient les grains, est acquis après le retrait d'aiguille :

$$GLC = V_2 - V_1. \quad (2.4)$$

Où GLC est le 'Gray Level Change' qui sont les valeurs de la carte de différence 3D. L'utilisation de la carte de différence est utile pour segmenter les grains. En effet, celle là permet de réduire l'encombrement dans le volume et de supprimer les traces d'aiguilles et d'autres grains déjà identifiés. Mais, cela suppose que rien ne bouge par ailleurs, ce qui n'est pas toujours le cas. Dans la deuxième étape, le volume de recherche de grains est réduit comme un cylindre autour de l'aiguille. Dans la troisième étape, un seuillage est appliqué sur la carte de de différence 3D générée au cours de la première étape. On dit qu'un bon seuillage est réalisé lorsqu'on arrive à garder la plupart des voxels de grains et à supprimer les autres. Ceci dépend principalement de la valeur du seuil choisi. Au lieu de choisir un seuil figé, la valeur optimale du seuil T estimé d'une façon semi automatique en se basant sur l'histogramme du petit volume de recherche qui contient les grains.

[†]. La longueur d'artefact de réverbération ainsi que sa direction dépendent de sa position par rapport à la sonde.

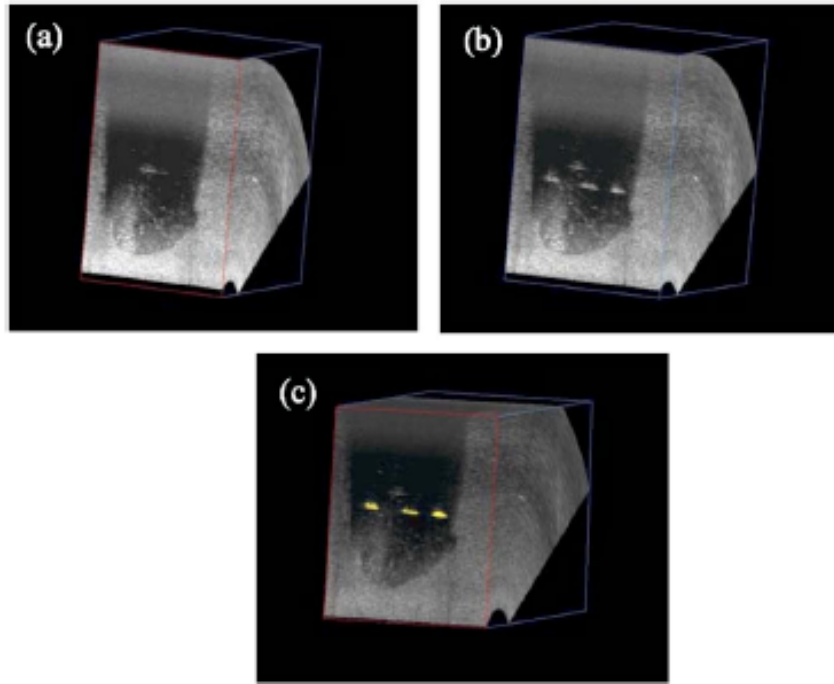


FIGURE 2.13 – Exemple de trois volumes échographiques d'un fantôme, (a) avant l'insertion de l'aiguille, (b) après l'implantation des grains, (c) après la segmentation des grains. Extrait de [29]

$$T = \text{moyenne}(GLC) + c * [\max(GLC) - \text{moyenne}(GLC)]. \quad (2.5)$$

Où c est une constante à fixer. À la fin de cette étape on retrouve le nuage de points qui sont les voxels candidats de grains. Dans la quatrième étape, chaque groupe de voxels voisins est mis dans une classe séparée. On considère que les classes retrouvées représentent les grains. On calcule dans la cinquième étape les coordonnées de leurs centres et on estime leurs directions par l'ACP. Dans la sixième étape on considère que toute classe de dimensions plus grandes que celles du grain ($\varnothing = 0.8\text{mm}$; $L \simeq 4.5\text{mm}$) est un faux positif. Les six étapes sont répétées jusqu'à ce qu'on trouve tous les grains implantés. Ce nombre est donné par la planification pré-opératoire. Pour mesurer la précision de la segmentation, les auteurs la testent dans des expérimentations sur des fantômes en Agar-agar et sur la viande blanche du poulet. Les résultats sont comparés avec les images scanners 3D. Cette étape de comparaison commence par recaler les images échographiques sur celles de la vérité terrain. En se basant sur l'erreur du recalage, les auteurs ont défini un intervalle d'incertitude lié à la vérité terrain. La figure 2.13 illustre le résultat obtenu avec cette méthode. D'après la figure 2.13 extraite de [29], la bonne qualité des images échographiques sur lesquelles les tests ont été effectués est loin d'être réaliste.

Xu Wen et al. [30] ont proposé un algorithme itératif composé de dix étapes très similaires à [29]. Cela commence également par la réduction du volume de recherche. Dans la première étape on construit un cylindre de rayon $= 3.5\text{mm}$ autour du point d'insertion d'aiguille qu'on considère le volume d'intérêt où se retrouve les grains. Dans la deuxième étape, on applique un seuillage semi-automatique sur le volume d'intérêt. Le seuil est calculé de la manière suivante :

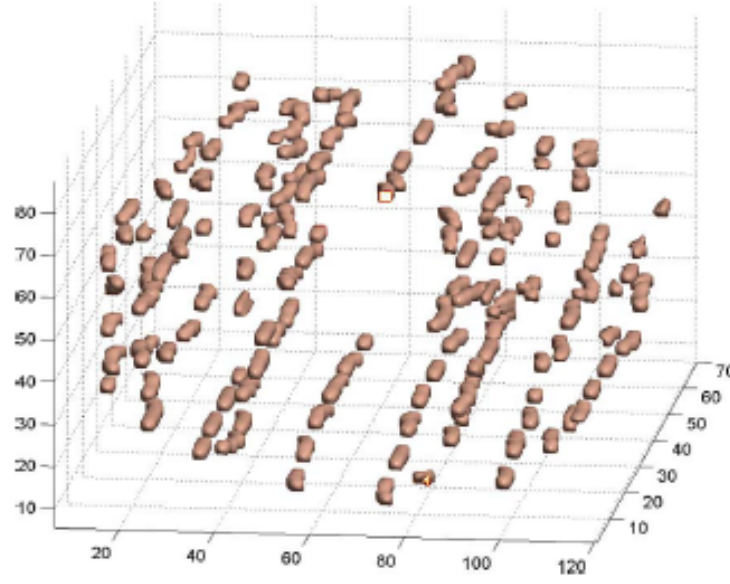


FIGURE 2.14 – Résultat de la détection après suppression des faux positifs et identification des grains manquants. Extrait de [30]

$$T = \alpha T_{Otsu}. \quad (2.6)$$

Où T_{Otsu} représente le seuil calculé par la méthode d'Otsu [31] et α un facteur d'échelle initialisé manuellement allant de 0.4 à 1. Dans la quatrième étape, les voxels candidats sont regroupés dans des classes séparées. Chacune d'elles est considérée comme un grain potentiel. Pour normaliser le profil du grain[‡], les dimensions des voxels sont comprimées autour du centre de la classe correspondante. Ceci est la quatrième étape. La normalisation de profils de grains segmentés est important ici pour comparer ses dimensions avec les dimensions standard. En effet, les dimensions de certaines classes dépassent celles des grains, ce sont des faux positifs à supprimer dans la cinquième étape. Pour déterminer le nombre et les positions des grains injectés par une aiguille, sa trajectoire est localisée par une transformé de Hough[9] dans la sixième étape. Dans la septième étape, on cherche la correspondance entre les grains trouvés et leurs positions prévues qui se situent dans la trajectoire d'aiguille. Au cours de la huitième étape, on compare le nombre de grains trouvés (GT) avec celui de grains injectés (GI). Il y a trois circonstances possibles :

1. Si tout est bien (GT = GI) alors le processus est terminé avec succès.
2. Si (GT > GI) alors on conclut que certains faux positifs sont présents et la valeur du paramètre α est ajustée en soustrayant 0,1.
3. Sinon (GT < GI) alors certains grains manquants seront identifiés approximativement en se référant à leurs positions prévues (planifiées) et la valeur du paramètre α est ajustée en ajoutant 0,1.

Les deux derniers cas correspondent à la neuvième étape. Finalement, dans la dernière étape, les centres des grains sont identifiés en calculant le centre de gravité des voxels dans chaque classe, on itère l'algorithme pour toutes les aiguilles. Un exemple de résultat est montré dans la figure 2.14, après suppression des faux positifs et identification des

[‡]. Les dimensions d'un grain dans l'image échographique dépendent de sa position par rapport à la sonde.

grains manquants.

Toujours dans le cadre des méthodes qui se basent sur la minimisation du volume de recherche autour de l'aiguille. Dehghan et al [32] ont utilisé les capteurs électromagnétiques (EM) pour suivre l'aiguille et préciser la position de sa pointe à l'instant de l'injection de grains. Ceci permet de construire un volume réduit de recherche et aussi de définir les positions potentielles des grains. Leur proposition commence par localiser les grains dans les images échographiques 3D. Après, il s'agit de fusionner les résultats obtenus avec ceux de suivi d'aiguilles par les capteurs EM pour éliminer les grains faux positifs et estimer les positions de grains faux négatifs manquants. La détection de grains dans les images échographiques se fait d'abord en calculant une image de différence en soustrayant des volumes successifs recalés. Dans un second temps, une "signature" spécifique est utilisée pour détecter les grains candidats dans l'image de différence. Cette signature n'est autre que le "comet tail artefact" qui apparaît comme la région lumineuse dans la direction radiale. Son intensité augmente dans l'image de différence générée là où l'arrière-plan est supprimé. Si le nombre de grains candidats, trouvés dans la trajectoire de l'aiguille, est supérieur à celui de grains implantés, un algorithme de suppression de faux positifs est appliqué pour éliminer les grains candidats supplémentaires. Cet algorithme est testé sur des images échographiques 3D de fantôme 'Yezitronix'. Les résultats sont comparés avec la localisation manuelle des grains dans l'image CT correspondante.

Jaouen et al ont proposé une solution semi-automatique [33] pour localiser les grains. Ils ont reformulé le problème comme un recalage rigide entre une surface triangulée, qui représente un modèle synthétique du grain, et l'image contenant le grain en question. D'abord, avec chaque implantation de grain s_i , un volume de recherche réduit est défini au voisinage de la position d'implantation prévue. Après, la surface modèle évolue itérativement sous un champ de force externe associé avec s_i jusqu'à ce qu'elle atteigne un état stable autour de la position réelle du grain. La validation montrée dans la publica-

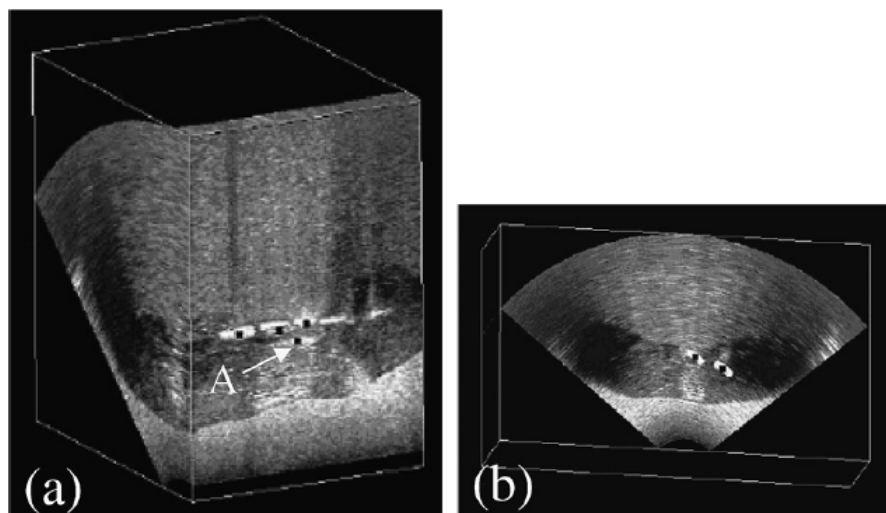


FIGURE 2.15 – Localisation de grains dans un fantôme de poulet [34]. Les tâches noires sont les grains segmentés. Quatre grains sont trouvés dans (a), celui indiqué par une flèche est un faux positif. Dans l'image (b), deux grains sont segmentés correctement

tion est dans son état précoce. La proposition a été testée sur des images synthétiques 3D contenant un pseudo-grain et du bruit avec des différentes orientations. Aussi, des tests sur des fantômes ont été faites, mais sans résultats quantifiés.

La trajectoire de l'aiguille a été aussi utilisée par Mingyue Ding et al [34] pour réduire le volume de recherche de grains. Leur méthode de localisation d'aiguille se base sur la construction de sa trajectoire dans les images 3D à partir de sa détection dans les images de projections orthogonales 2D. Cette méthode de détection d'aiguille est semblable à celle de M. Aboofazeli [11]. Un algorithme, composé de 5 étapes, a été développé pour segmenter et localiser les grains. La première étape est celle de la détection d'aiguille. Dans la deuxième étape, un volume de recherche rectangulaire autour de l'aiguille est construit. Certains points lumineux pourraient être trouvés dans le volume de recherche. Ce sont les grains et quelques faux positifs qui se manifestent sous forme de calcifications. Dans la troisième étape, certains faux positifs sont supprimés en comparant les structures de leur projection sur trois plans à celles du grain [35]. Les grains candidats sont reconnus dans la quatrième étape comme suit : dans les images échographiques B-mode, un grain apparaît comme deux surfaces parallèles. Dans l'image de différence 3D, celle de la soustraction entre deux acquisitions successives, chaque surface produit deux lignes parallèles. Le grain candidat est détecté en comptant le nombre des segments 3D. Il s'agit d'un grain candidat lorsque le nombre des segments 3D est supérieur à un seuil donné. Dans la dernière étape, on localise le centre du grain par un algorithme de détection de pic expliqué dans [12]. L'algorithme a été testé sur un fantôme en Agar-agar et un autre en viande de poulet. Les résultats sont comparés avec ceux des segmentations manuelles dans les volumes échographiques (figure 2.15).

Un autre type d'approche, basé sur l'apprentissage automatique d'un réseau de neurones, a été utilisé dans le contexte de détection de grains en curiethérapie pour la première fois par Holupka et al [36]. Les images échographiques utilisées pour l'apprentissage ainsi que pour la validation sont des images cliniques anonymisées de patients. "DetectNet" est le réseau de neurones profond utilisé avec une base de 950 images 2D annotées et validé par 90 images de test 2D. L'apprentissage du réseau s'est déroulé sur plus de 10 000 époques. La précision annoncée (par rapport à la validation) est de 81.07%. Les

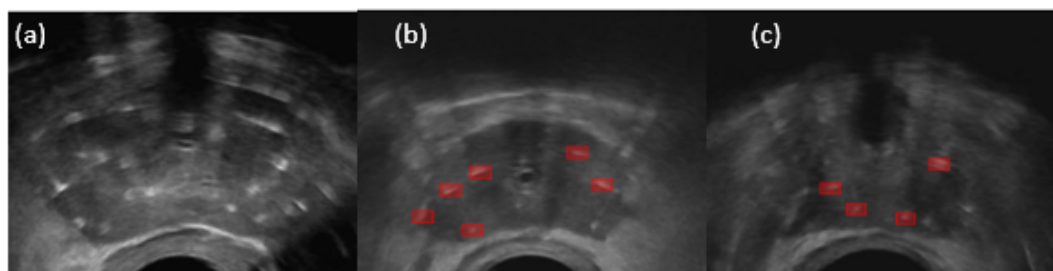


FIGURE 2.16 – La détection de grains par le réseau de neurones extrait du [36]. (a) image de la prostate avec les grains, (b,c) l'inférence des positions de grains prédits sur les images de validation.

résultats obtenus sur 10 patients sont comparés avec ceux de la segmentation automatique de grains dans les images CT correspondantes. Pour cela, un logiciel commercial a été utilisé. Les images CT correspondantes sont acquises entre un et trois mois plus tard. Bien évidemment, durant cette période les positions de grains ne restent pas les mêmes. En effet des changements peuvent survenir sur la forme et la taille de la prostate. Les auteurs ont proposé une compensation d'erreur sous forme d'une transformation à base de coefficient "empirique" et appliquée sur les positions de grains trouvés dans l'image échographique. Les chiffres sont donc considérés avec prudence. Par ailleurs, tandis que l'apprentissage du réseau de neurones a été effectué en utilisant des données cliniques acquises avec la même sonde échographique, la robustesse de l'apprentissage n'a pas été évaluée en employant des données acquises par une deuxième sonde échographique. La figure 2.16 présente l'identification de grains sur quelques images échographiques 2D.

L'apprentissage automatique par un réseau de neurones a également été utilisé par Golshan et al [37]. La méthode consiste à entraîner un modèle de CNN à détecter des sub-régions cubiques des volumes 3D échographiques RF (ou "patches") contenant des trains de grains. Elle suit une approche "coarse-to-fine" : dans une première étape, il s'agit de détecter, dans une fenêtre glissante grossière la trajectoire des aiguilles, à l'aide d'un CNN entraîné. Dans une seconde étape, une fenêtre glissante plus petite permet de détecter individuellement les grains dans cette trajectoire, à partir du même modèle de CNN que les aiguilles mais entraîné avec des patches différents. Les patches utilisés pour entraîner le détecteur grossier sont des régions d'intérêt allongées le long de la trajectoire de l'aiguille qui peuvent contenir des grains, des espaceurs ou du tissu (exemples positifs), et des zones de background (exemples négatifs). Les patches utilisés pour entraîner le détecteur fin sont des régions d'intérêt qui délimitent le grain (exemples positifs) et des zones de background (espaces inter-grains le long de la trajectoire de l'aiguille). La phase d'apprentissage des deux réseaux de neurones est basée sur un nombre assez limité d'images 3D de patients anonymes : 13 images contenant 238 grains. Les résultats de localisation ont été comparés à une localisation manuelle d'un expert sur des images échographiques donnant un score $F1 = 0.7$ (grain considéré comme vrai positif lorsque son erreur de localisation est inférieure à 2.5 mm). Si cette preuve de concept est intéressante, seule la position des grains (pas leur orientation) peut être déterminée. Enfin, sa précision reste relativement faible pour une application en curiethérapie, et il serait intéressant de voir si la méthode est plus précise avec un nombre plus important de données.

2.7 Bilan synthétique des méthodes de localisation de grains

Nous résumons dans le tableau 2.1 les différentes méthodes citées dans la section précédente. Généralement, l'imagerie scanner (CT) est utilisée comme la vérité terrain avec laquelle les résultats des méthodes proposées sont comparés. Il est beaucoup plus facile d'y segmenter les grains. En effet, ils apparaissent très clairement dans les images CT avec très peu d'artefacts. Cette segmentation se fait manuellement, sauf pour [36] où les auteurs ont utilisé un logiciel commercial "Variseed" (Varian Medical Systems, Palo Alto, Ca) dédié à l'identification de grains à partir des images CT. Le type des images échographiques utilisées est aussi un point commun. Dans la plupart des cas, ce sont des images 3D de fantômes en Agar-agar, de poulet ou fantôme de commerce. Pour pouvoir comparer les segmentations, un recalage rigide entre les images CT et US est indispensable. Ce recalage génère à son tour une erreur supplémentaire qui devrait être prise en compte

TABLE 2.1 – Tableau synthétique des méthodes de segmentation de grains

	Problème d'estimation		Méthodes	Images échographiques		Vérité terrain	Erreur moyenne
	Positions	Orientations		Clinique ou fantôme	2D ou 3D		
[29]	Grains libres	Grains libres	Seuillage semi automatique sur une carte de différence 3D	- Fantôme en agar-agar - Fantôme de poulet	3D	CT	- 0.98 mm - 1.02 mm
[30]	Grains libres	Non estimées	Otsu [31]	Fantôme modèle 053, équivalent aux tissus de la prostate	3D	- CT - Fluoroscopie	- 1.29 mm - 1.00 mm
[32]	Grains libres	Non estimées	Fusionner la détection par les capteurs EM et la détection par la soustraction des volumes successifs	Fantôme 'Yezitronix'	3D	CT	1.8 mm
[36]	Grains libres	Non estimées	Deep learning	Images cliniques	2D	CT	2.29 mm
[37]	Trains de grains	Non estimées	Deep learning	Images cliniques	3D	US	$F1_score = 0.7$
[33]	Grains libres	Grains libres	Recalage rigide entre une surface modèle synthétique et l'image du grain	- Images synthétiques - Fantôme	3D	Images synthétiques	Non mentionnée
[34]	Grains libres	Grains libres	Tri-bar et Soustraction des volumes successifs	- Fantôme en agar-agar - Fantôme de poulet	3D	US	- 1.03 mm - 1.66 mm

lors du calcul de la précision. Wei et al [29] ont calculé un intervalle d'incertitude basé sur l'erreur de recalage CT/US. Par contre, la méthode de réseau de neurones [36] est assez particulière. En effet, les images échographiques utilisées pour l'apprentissage ainsi que pour la validation sont des images cliniques 2D. Au lieu de faire la segmentation manuellement, un logiciel commercial a été utilisé pour extraire les grains dans l'image CT. Cependant, aucune preuve quantifiée pour montrer son efficacité par rapport à une segmentation manuelle n'est donnée.

L'estimation de l'orientation de grains libres et l'estimation de l'orientation de grains liés sont deux questions distinctes. Puisque toutes les méthodes mentionnées dans le tableau 2.1, sauf [37], résolvent le problème de la localisation de grains libres, le sujet de l'estimation des orientations de grains liés n'a pas été évoqué. Pour les grains libres, les orientations ne sont estimées que dans le travail de Wei et al [29]. Là, une analyse en composante principale est employée pour estimer les centres des classes de voxels déjà obtenus après binarisation et retourner leurs directions principales. Aucune méthode de binarisation totalement automatique et générique n'est proposée. En effet, toutes les méthodes, sauf celles de réseaux de neurones, commencent par une binarisation par un seuillage semi-automatique, ou par une soustraction des volumes successifs. La première approche nécessite une intervention d'utilisateur pour initialiser certains paramètres qui varient en fonction de l'image et aussi au sein d'une même image. La binarisation par soustraction est fonctionnelle lorsque l'unique différence entre les volumes est la présence d'instrument récemment inséré (aiguille ou grain). Cette hypothèse n'est pas très réaliste. Par exemple, la prostate bouge en insérant l'aiguille et les grains et son volume peut se gonfler. Aussi, des artefacts et/ou des zones d'ombres peuvent apparaître en leur présence.

L'utilisation de grains libres engendre potentiellement des migrations de grains produisant un problème de surdose. Aucune des méthodes citées n'a été faite pour identifier les grains d'un éventuel regroupement.

Au cours de cette thèse, nous avons l'intérêt de développer une méthode de localisation des positions et d'estimation des orientations des grains liés aussi automatique que possible et qui sera testée sur des données réalistes.

Première partie

Description des méthodes

Introduction générale

Cette partie est consacrée à la description des approches proposées pour localiser les aiguilles et les grains dans les images échographiques 3D. La méthodologie suivie est résumée dans la figure 2.17. La détection d'aiguille nous aide principalement pour définir une nouvelle région d'intérêt, là où le grain ou train de grains est supposé être libéré. La recherche de grains sera ensuite focalisée sur cette région réduite. Cette partie se compose de deux chapitres concernant :

1. La détection du corps de l'aiguille et de sa pointe.
2. La localisation de grains.

Le premier chapitre se compose de quatre sections. Les trois premières représentent les éléments principaux de la solution proposée. Sans avoir recours à un pré-traitement de lissage de bruit, on commence par une classification Bayésienne binaire pour sélectionner les voxels hyper-intenses censés définir l'aiguille en question dans l'image échographique. Cette classification se base sur un modèle probabiliste qui affecte chaque voxel dans le groupe approprié en tenant compte de sa valeur de niveau de gris. Les paramètres nécessaires à la classification sont calculés de façon adaptative pour chaque aiguille en utilisant l'algorithme "Expectation-Maximization" de prédiction des paramètres d'un mélange de Gaussiennes. Ensuite, on définit le corps de l'aiguille comme la courbe polynomiale qui minimise une fonction de coût relative au nuage de voxels sélectionnés. Finalement, on identifie la pointe de l'aiguille comme la décroissance brutale d'intensités des voxels le long de son corps. La valeur de la chute est aussi estimée d'une manière

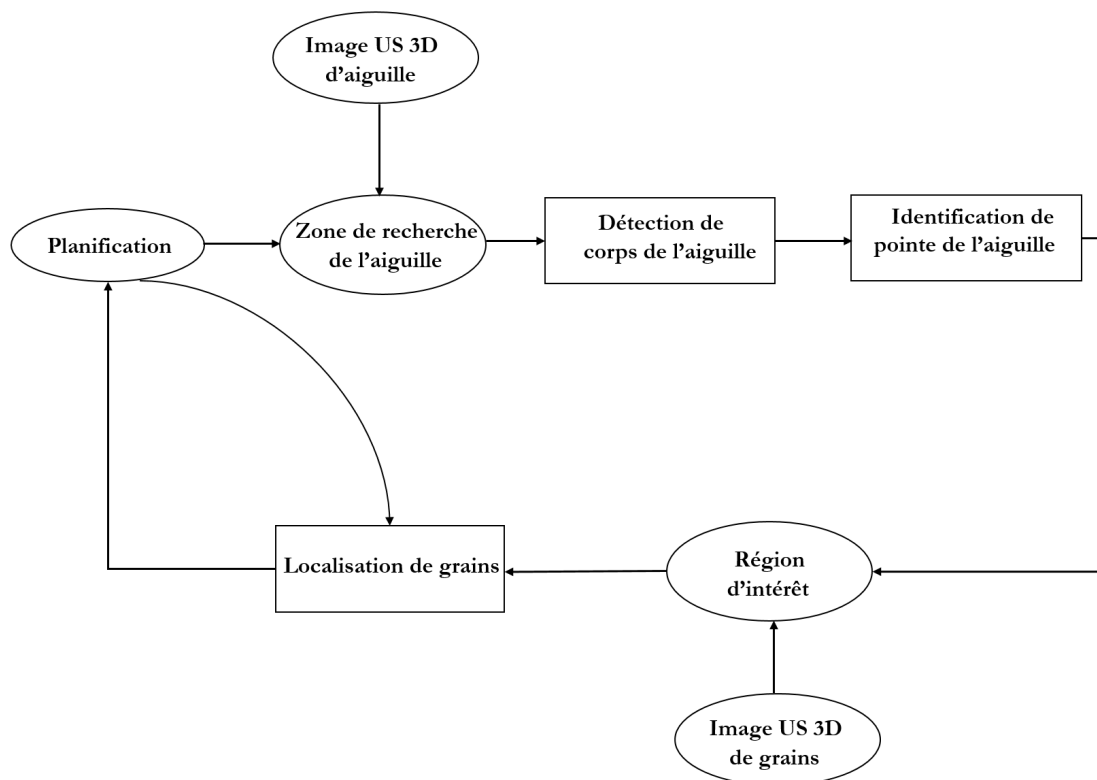


FIGURE 2.17 – Méthode de la localisation de grains pour une curiethérapie dynamique

adaptative pour chaque aiguille.

Le deuxième chapitre porte sur la localisation de grains. La recherche de grains se déroule dans un volume d'intérêt que l'on construit autour de l'aiguille déjà détectée. La solution proposée retourne les 5 degrés de liberté de chaque grain $\{x, y, z, \theta_x, \theta_y\}$. Elle se compose de quatre étapes :

1. Binarisation par une classification binaire.
2. Suppression de voxels faux positifs.
3. Localisation globale du train de grains.
4. Raffinement du résultat grain par grain.

La binarisation des images de grains suit une approche similaire à celle des aiguilles. Ensuite, on s'intéresse à raffiner le résultat en supprimant les faux positifs. Ce sont les voxels lumineux sélectionnés par la classification Bayésienne mais qui n'appartiennent pas réellement aux grains. Les grains et les espaceurs qui constituent le train de grains sont ensuite identifiés par l'intermédiaire d'un recalage rigide qui concerne tout le bloc en utilisant l'algorithme "ICP". Finalement, on raffine la localisation par un deuxième recalage qui concerne cette fois chaque grain séparément par recalage iconique.

Chapitre 3

Localisation d'aiguilles dans les images échographiques 3D

Sommaire

3.1 Introduction	48
3.2 Binarisation	48
3.2.1 Classification Bayésienne	49
3.2.2 Prédiction des paramètres	51
3.3 Détection d'aiguille	54
3.3.1 Algorithme d'approximation d'aiguille	54
3.4 Détection de pointe	61
3.5 Conclusion	63

3.1 Introduction

Ce chapitre, explicite les méthodes élaborées dans la thèse pour la segmentation et la localisation d'aiguilles sous imagerie échographique. Le contexte particulier est celui de la détection d'aiguilles courbées en trois dimensions. Dans un premier temps, pour réduire au minimum le nombre de voxels n'appartenant pas à l'aiguille, on focalise le traitement sur une zone de recherche contenant l'aiguille en question. Cette zone peut être sélectionnée par l'utilisateur à l'aide d'une segmentation manuelle approximative. Elle peut aussi être calculée à partir de la position d'insertion de l'aiguille connue via la planification dosimétrique. Cependant, il est toujours important de choisir une zone d'intérêt assez grande pour prendre en compte les déformations de l'aiguille. En effet, l'aiguille peut être amenée à se déformer ou à se plier de façon importante lors de son insertion dans les tissus peu ou non mous ou à cause du franchissement d'interfaces entre ces différents tissus anatomiques. Ensuite, on sélectionne les voxels de l'aiguille en binarisant le volume par une classification Bayésienne binaire (voir § 3.2.1). Comme présenté de façon plus détaillée dans la section 3.3, une méthode d'optimisation permet de modéliser le corps de l'aiguille à partir des voxels sélectionnés. Enfin, on relance une recherche pour trouver la pointe de l'aiguille dans l'image.

La première étape pour segmenter un objet dans n'importe quelle image 2D ou 3D est la binarisation. Cela consiste à séparer les pixels/voxels de l'objet à sélectionner du reste de l'image. Ceci se fait classiquement par seuillage, et la valeur du seuil se fixe manuellement ou bien se calcule d'une manière entièrement ou semi-dynamique [31]. Dans le contexte de la curiethérapie, une méthode simple qui consisterait à faire de la soustraction d'images n'est pas envisageable à cause des variations liées aux changements sur le volume de la prostate et des tissus traversés.

La suite de ce chapitre explicite notre méthode de binarisation automatique basée sur une classification Bayésienne binaire. Les paramètres nécessaires à la classification sont calculés par l'application de l'algorithme de prédiction "Expectation, Maximization" sur l'image concernée.

3.2 Binarisation

La binarisation par seuillage se fait par classification des voxels dans deux ensembles de la manière suivante :

$$Aiguille = \{x : I(x) \geq \tau\} \quad (3.1)$$

$$Non aiguille = \{x : I(x) \leq \tau\}$$

Où τ est la valeur du seuil, x est le voxel en question et $I(x)$ son intensité qui représente la valeur du niveau de gris. L'estimation du τ reste le problème majeur du seuillage. La valeur à estimer, où à fixer manuellement, est spécifique à chaque exercice. Elle dépend principalement de l'image contenant l'objet à segmenter ainsi que de l'objet en question. Elle doit être une valeur générique et robuste aux bruits et aux petites variabilités de l'objet et de l'image le contenant. Bien évidemment, une valeur figée du seuil ne pourrait pas résoudre le problème de la variabilité. En effet, dans la plupart des cas, on actualise le calcul de τ à chaque binarisation, on parle donc d'un seuillage adaptatif. Cela pourrait être fait en gardant un petit pourcentage des voxels les plus lumineux, ou aussi par la

méthode d'Otsu [31] en utilisant l'histogramme du volume. Les images échographiques contiennent régulièrement des artefacts sous forme de tâches lumineuses et de régions d'ombres (voir Annexe A). Les voxels des artefacts hyperéchogènes dont les intensités peuvent être supérieures à celle de l'aiguille entraînent une binarisation erronée de ces voxels. Pour résoudre ce problème, certains auteurs ont utilisé des techniques de réduction des tâches [16], qui sont de haute complexité algorithmique et donc lourdes en termes de temps d'exécution.

C'est pourquoi nous proposons une binarisation automatique, qui se base sur une classification binaire ne nécessitant aucun prétraitement. Le calcul des paramètres demandés s'effectue d'une manière automatique et adaptative pour chaque détection d'aiguille.

3.2.1 Classification Bayésienne

Un classifieur est une fonction qui assigne une étiquette de classe à un exemple. Cette méthode de classification réunit une famille d'algorithmes basés sur le théorème de Bayes. Il s'agit d'un type de classifieur fondé sur un modèle probabiliste [38], [39] appartenant à la famille des classifieurs linéaires*.

On choisit d'utiliser la classification Bayésienne pour réaliser une binarisation automatique sans avoir recours à calculer la valeur du seuil τ . Les voxels de l'image 3D sont les éléments à affecter aux classes appropriées. La fonction de classification utilise leurs valeurs de niveaux de gris dans le calcul de décision. Ces valeurs des niveaux de gris sont arrangées comme ce qui est présenté dans la figure 3.1. Il s'agit d'un histogramme d'un volume échographique contenant une aiguille, qui représente la distribution des niveaux de gris des voxels. On y trouve principalement deux pics séparés, de différentes amplitudes. Ils représentent une classe de voxels lumineux qui modélise l'aiguille (ainsi qu'un nombre réduit de voxels des artefacts représentant les faux positifs) et une autre classe de voxels moins lumineux qui modélisent le fond (y compris les artefacts moins lumineux). Cet histogramme pourrait être modélisé par un modèle de mélange de Gaussiennes connu en anglais sous le nom de "Gaussian mixture model" ou **GMM** :

$$P(y) = \sum_{i=1}^M \pi_{X_i} p_{X_i}(y) \quad (3.2)$$

Où

- $y = I(x)$ est l'intensité du voxel x .
- M est le nombre de composants du GMM.
- π_{X_i} est le coefficient du $i^{\text{ème}}$ composant.
- $p_{X_i}(y) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma_i} e^{-\frac{(y-\mu_i)^2}{2\sigma_i^2}}$ est la densité qui définit le $i^{\text{ème}}$ composant.
- X_i est la classe du $i^{\text{ème}}$ composant.

Pour ce qui nous concerne, le nombre de composants du modèle est connu. Ce sont les pics qui se présentent dans l'histogramme qui est le nombre de classes qu'on manipule. On parle d'une classification Bayésienne binaire si $M = 2$. Soit $V = (y_1, \dots, y_n)$ le vecteur d'observations, qui contient les niveaux de gris des voxels présents dans le volume échographique. Chaque élément prend une valeur de son domaine $D_j, j \in [1, n]$ avec $n = 255$ pour une image échographique 3D en niveau de gris. L'ensemble de tous les vecteurs

*. Un classifieur linéaire est un type particulier de classifieur qui représente une famille d'algorithmes de classification statistique, là où la décision est calculée par combinaison linéaire des échantillons

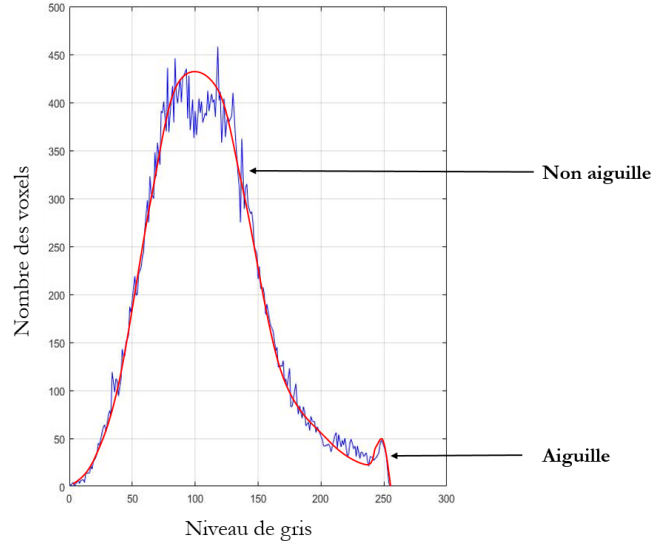


FIGURE 3.1 – Exemple typique d'histogramme d'un volume échographique clinique contenant une aiguille

d'observations est noté par : $\omega = D_1 \times \dots \times D_n$. En plus de variables observées, le classifieur manipule aussi des variables non observées. Ce sont les classes d'un exemple notées par $C = \{X_1, \dots, X_M\}$. La fonction linéaire discriminante qui modélise notre classifieur est la suivante :

$$g : \omega \rightarrow \{X_1, \dots, X_M\} \quad (3.3)$$

Où $g(y_j) = X_i$, $j \in [1, n]$ et $i \in [1, M]$. Cette fonction affecte chaque voxel à la classe qui maximise sa probabilité d'appartenance f^* définie dans 3.5. Par conséquent, la fonction du classifieur Bayésien pourrait être écrite comme suit :

$$g(y_j) = \underset{X_i}{\operatorname{argmax}} f_i^*(y_j) \quad (3.4)$$

$$f_i^*(y_j) = P(C = X_i | V = y_j) \quad (3.5)$$

La classification Bayésienne est fondée sur le théorème de Bayes (équation 3.6). On peut désormais, en l'appliquant, calculer la décision à partir de l'observation des événements connus, qui sont les intensités des voxels. Pour que le théorème de Bayes soit applicable, il faut que les composants du GMM soient indépendants. On parle alors d'une classification Bayésienne naïve :

$$P(C = X_i | V = y_j) = \frac{P(C = X_i) P(V = y_j | C = X_i)}{P(V = y_j)} \quad (3.6)$$

Où $P(C = X_i) = \pi_{X_i}$.

Le terme $P(V = y_j)$ est indépendant du composant, il est identique pour toutes les classes. Par conséquent on peut l'ignorer dans le calcul. Soit :

$$f_i^*(y_j) = \pi_{X_i} P(V = y_j | C = X_i) \quad (3.7)$$

Soit $C = \{X_A, X_B\}$, où X_A est la classe qui représente l'aiguille et X_B la classe de background qui représente tous les voxels "non aiguille" (artefacts, background, zones d'ombres, ...). La fonction du classifieur s'écrit comme suit :

$$g(y_j) = \underset{X_i}{\operatorname{argmax}} \{ \pi_{X_A} P(V = y_j | C = X_A), \pi_{X_B} P(V = y_j | C = X_B) \} \quad (3.8)$$

Finalement, la classification bayésienne naïve est résumée par les inégalités suivantes :

$$\pi_{X_A} P(V = y_j | C = X_A) \underset{X_B}{\geq} \pi_{X_B} P(V = y_j | C = X_B) \quad (3.9)$$

Un Voxel x_j ayant une intensité y_j est classé dans X_A s'il rend la probabilité a posteriori d'appartenance à X_A supérieure à celle d'appartenance à X_B .

L'application de ce modèle probabiliste nécessite la connaissance de plusieurs paramètres. Ce sont les paramètres de la fonction gaussienne de chaque composant $(\pi_{X_i}, \mu_i, \sigma_i)$, $i = \{A, B\}$. Les paramètres de chaque gaussienne varient d'une image échographique à une autre et même d'une région à l'autre de l'image. Le contraste de l'aiguille dans l'image ainsi que la présence des artefacts dans des régions différentes sont les deux facteurs variables qui modifient les valeurs des paramètres. Pour les calculer, on utilise une optimisation selon le critère du maximum de vraisemblance pour s'approcher le plus possible de la distribution recherchée. Cette procédure est souvent effectuée de manière itérative en appliquant l'algorithme de prédiction des paramètres [40] expliquée dans ce qui suit.

3.2.2 Prédiction des paramètres

Le problème de l'estimation des paramètres de densité d'un mélange Gaussien est l'une des applications les plus utilisées de l'algorithme de maximisation de l'espérance connu en anglais sous le nom de 'Expectation-Maximization' ou EM [40],[41]. On suppose le mode probabiliste suivant :

$$p(y|\Theta) = \sum_{i=1}^M \pi_i p(y_i|\theta_i).$$

Où les paramètres sont $\Theta = (\pi_1, \dots, \pi_M, \theta_1, \dots, \theta_M)$ tel que $\sum_{i=1}^M \pi_i = 1$ et chaque p_i est la fonction de densité paramétrée par $\theta_i = (\mu_i, \sigma_i)^T$. On définit la fonction de vraisemblance des paramètres, étant données les observations $V = (y_1, \dots, y_n)$, comme suit :

$$L(\Theta|V) = p(V|\Theta) = \prod_{j=1}^n p(y_j|\Theta)$$

La vraisemblance est estimée en fonction des paramètres Θ pour chaque observation V . Dans le problème du maximum de vraisemblance, l'objectif est de trouver ce qui maximise la fonction L . C'est-à-dire que nous souhaitons trouver Θ^* où :

$$\Theta^* = \underset{\Theta}{\operatorname{argmax}} L(\Theta|V)$$

Souvent, au lieu d'utiliser l'expression du $L(\Theta|V)$, on maximise plutôt le terme $\log(L(\Theta|V))$, car il est analytiquement plus facile. Pour une distribution Gaussienne où $\Theta_i = (\pi_i, \mu_i, \sigma_i)$,

le problème se résout en mettant la dérivée du $\log(L(\Theta|V))$ à zéro. Ceci aboutit aux formules d'une moyenne μ_i , une variance σ_i et un coefficient du $i^{\text{ème}}$ composant π_i d'une observation donnée. L'expression du $\log(\text{vraisemblance})$ s'écrit comme suit :

$$\log(L(\Theta|V)) = \log \prod_{j=1}^n p(y_j|\Theta) = \sum_{j=1}^n \log \left(\sum_{i=1}^M \pi_i p(y_j|\theta_i) \right) \quad (3.10)$$

Le log de la somme dans cette expression rend son optimisation difficile. Si on considère V comme une donnée incomplète, et on suppose que l'ensemble de données complètes est $Z = (V, R)$, et encore la fonction de densité conjointe :

$$p(Z|\Theta) = p(y, r|\Theta) = p(r|y, \Theta)p(y|\Theta)$$

Où $R = \{r_i\}_{i=1}^n$ dont les valeurs représentent les composants auxquels chaque élément y_j appartient ($r_j \in [1, M]$). Avec la fonction de densité conjointe, on peut définir la nouvelle fonction de vraisemblance, $L(\Theta|Z) = L(\Theta|V, R) = p(V, R|\Theta)$. Son log définit selon l'équation 3.10 peut se réécrire comme suit :

$$\begin{aligned} \log(L(\Theta|V, R)) &= \log(P(V, R|\Theta)) \\ &= \sum_{j=1}^n \log(P(y_j|r_j)P(r_j)) \\ &= \sum_{j=1}^n \log(\pi_{r_j} p_{r_j}(y_j|\theta_{r_j})) \end{aligned} \quad (3.11)$$

Avec cette expression, le log de vraisemblance pourra être optimisé par diverses techniques. L'algorithme EM débute par la recherche de la valeur de la donnée complète du $\log P(V, R|\Theta)$. On définit :

$$Q(\Theta, \Theta^{k-1}) = E[\log P(V, R|\Theta) | V, \Theta^{k-1}] \quad (3.12)$$

Où Θ^{k-1} le vecteur qui contient les estimations des paramètres actuels qu'on utilise pour évaluer l'expectation et Θ contient les nouveaux paramètres qu'on optimise pour maximiser Q .

$$\Theta^k = \underset{\Theta}{\operatorname{argmax}} Q(\Theta, \Theta^{k-1})$$

Pour calculer le vecteur des paramètres Θ il suffit d'annuler les dérivées partielles de $Q(\Theta^k, \Theta^{k-1})$. Le calcul est détaillé dans l'annexe B.1. EM est donc un algorithme itératif qui se déroule en trois grandes étapes dont les deux dernières sont répétées jusqu'à la convergence :

- Initialisation des paramètres $\Theta^0 = (\pi_\ell^0, \mu_\ell^0, \sigma_\ell^0)$
- Expectation de Θ
- Maximisation de Q

En résumant, les estimations des valeurs des paramètres $\Theta^k = (\pi_\ell^k, \mu_\ell^k, \Sigma_\ell^k)$ sont calculées en fonction des anciennes valeurs $\Theta^{k-1} = (\pi_\ell^{k-1}, \mu_\ell^{k-1}, \Sigma_\ell^{k-1})$ comme suit :

$$\begin{aligned}\pi_\ell^k &= \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) \\ \mu_\ell^k &= \frac{\sum_{j=1}^n y_j p(\ell|y_j, \Theta^{k-1})}{\sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1})} \\ \Sigma_\ell^k &= \frac{\sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) (y_j - \mu_\ell^k)(y_j - \mu_\ell^k)^T}{\sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1})}\end{aligned}\tag{3.13}$$

Notez que les équations ci-dessus modélisent les étapes d'expectation et de maximisation simultanément. Ensuite l'algorithme utilise les nouveaux paramètres dérivés pour réaliser l'itération suivante. Les deux étapes sont répétées autant de fois que nécessaire jusqu'à la convergence. La convergence est atteinte lorsque les paramètres se stabilisent :

$$|\Theta^k - \Theta^{k+1}| \leq \epsilon \tag{3.14}$$

Dans certaines autres applications, elle pourrait être aussi considérée atteinte après un certain nombre d'itérations. La convergence est aussi liée à l'initialisation qui est l'étape la plus importante. Une bonne initialisation des paramètres garantit l'optimalité de la convergence et du temps de calcul. Les valeurs initiales des moyennes (μ_{X_A}, μ_{X_B}) devraient pousser leurs convergences vers les pics correspondants aux classes existantes $\{Aiguille\{X_A\}, Background\{X_B\}\}$. L'histogramme de la figure 3.1 montre que la classe "background" est très dominante, alors n'importe quelle initialisation des μ_{X_i} entre les valeurs des pics amène vers la moyenne de la classe X_B . Ceci est résumé dans la figure 3.2. On y voit aussi que la moyenne μ_{X_A} ne converge pas vers la bonne valeur lorsqu'on l'initialise entre les pics du GMM. En conséquence, pour garantir l'atteinte du pic de la classe aiguille X_A , la meilleure initialisation du μ_{X_A} pourrait être 255. De plus, on choisit les valeurs initiales des variances ($\sigma_{X_A}, \sigma_{X_B}$) proches des celles des Gaussiennes pour garantir que EM reste capable de converger vers les valeurs des pics des deux classes. Ces valeurs peuvent être choisies à la base des valeurs des variances observées sur des histogrammes de quelques volumes échographiques contenant chacun une aiguille. Enfin, la probabilité a priori de la classe aiguille est choisie sur la base du nombre de voxels qui définissent l'aiguille dans un volume.

Une fois la convergence atteinte, on obtient les valeurs des paramètres à utiliser dans l'application du classifieur Bayésien. Cela nous permet de binariser la région d'intérêt du volume échographique en sélectionnant les voxels lumineux censés appartenir à l'aiguille (voir inégalités 3.9).

Pour conclure, nous avons présenté une méthode pour binariser le volume échographique sans avoir recours à la définition ou au calcul d'un seuil. Cependant, quelques faux positifs seront aussi sélectionnés. Ce sont principalement les voxels hyper-intenses du background. La figure 3.3 illustre l'étape de binarisation, et la présence de faux positifs qu'elle entraîne, sur deux volumes d'aiguilles. Dans l'étape suivante, on s'intéresse à définir la courbe polynomiale 3D qui représente l'aiguille le plus fidèlement possible, en minimisant une fonction coût.

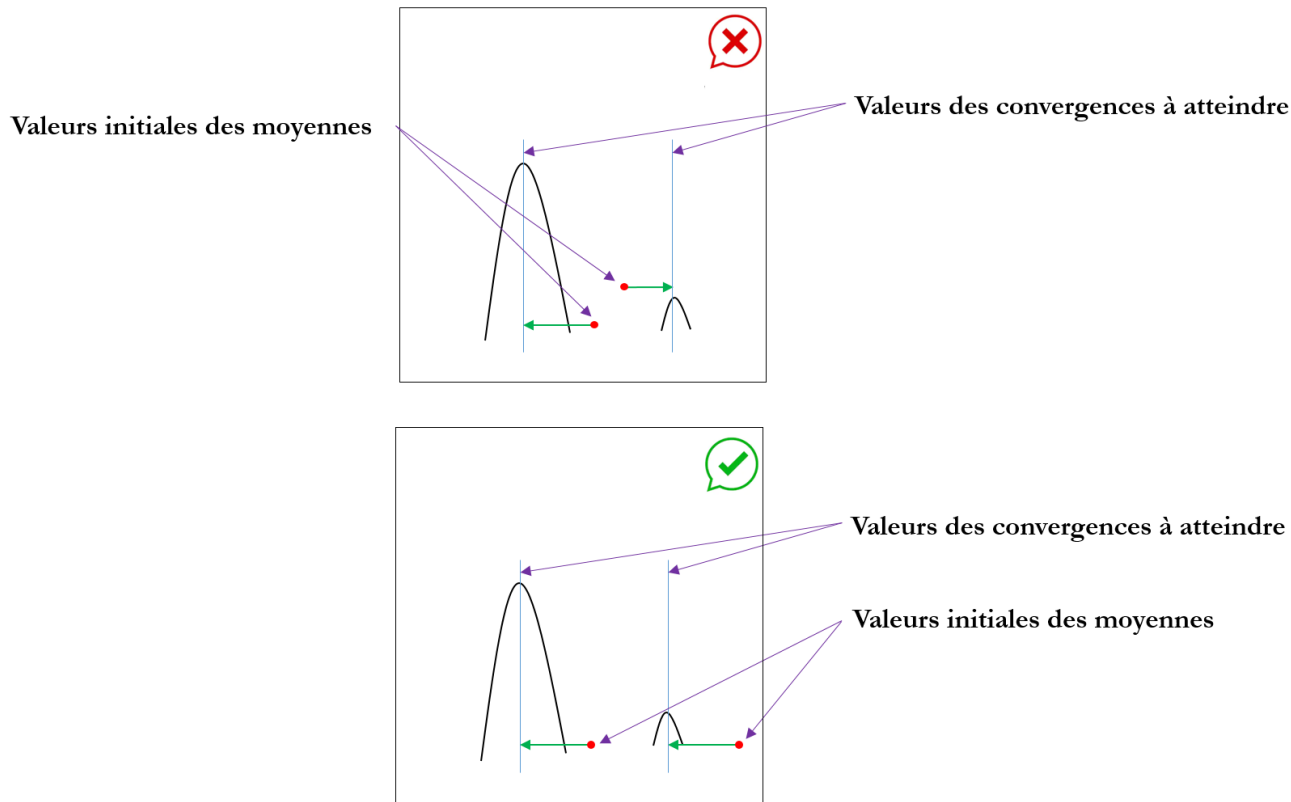


FIGURE 3.2 – Impact de l'initialisation des moyennes sur leurs convergences

3.3 Détection d'aiguille

La deuxième étape consiste à localiser l'aiguille parmi les voxels sélectionnés à l'aide d'une approximation polynomiale. Le temps de calcul de l'approximation dépend principalement du nombre de voxels en entrée. La binarisation par la classification Bayésienne réduit le nombre voxels en réduisant le nombre de faux positifs et optimise le temps de calcul de l'algorithme d'approximation.

3.3.1 Algorithme d'approximation d'aiguille

Un algorithme fréquemment utilisé pour ce type de problème est le RANSAC [17]. Il permet de traiter la forme de l'aiguille par un modèle mathématique connu tout en ignorant la partie du bruit manifestée par les faux positifs. Le RANSAC est un algorithme fondé sur la notion d'aléa. A partir d'un ensemble de voxels, l'algorithme sélectionne aléatoirement un certain nombre de voxels au sein de l'image et approxime le modèle mathématique choisi sur ceux-ci. Ensuite, en se basant sur un critère d'évaluation, on détermine si chacun des voxels de l'ensemble appartient au modèle approximé. Par conséquent, les voxels sont divisés en deux groupes :

- Les "inliers" qui sont les voxels supposés appartenir au modèle.
- Les "outliers" qui sont les voxels supposés être aberrants, dus aux perturbations.

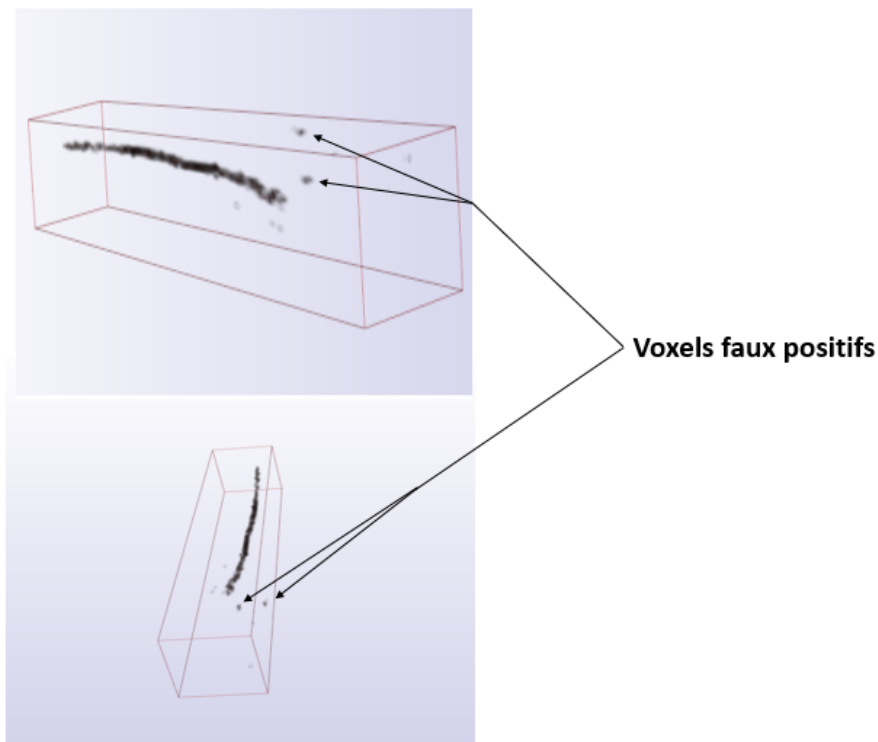


FIGURE 3.3 – Illustration de l'existence de faux positifs sélectionnés par la classification Bayésienne

Ensuite, l'algorithme procède à une nouvelle itération en sélectionnant à nouveau quelques voxels aléatoirement. Il itère ainsi les mêmes instructions jusqu'à atteindre le critère d'arrêt. Ce critère peut être un nombre maximal d'itérations ou encore une loi de probabilité sur le pourcentage d'inliers par rapport au nombre total de voxels. Au lieu de diviser l'ensemble en deux groupes inliers et outliers, nous avons choisi d'utiliser une fonction coût et de considérer sa minimisation pour définir le critère d'arrêt. Cette fonction calcule la distance euclidienne qui sépare tous les voxels au modèle approximé. La structure de l'algorithme d'approximation est présentée dans la figure 3.4.

Cet algorithme est inspiré du RANSAC qui a été utilisé pour la segmentation d'une aiguille courbée dans un volume échographique par [42]. La courbe polynomiale qui devra approximer l'aiguille est modélisée par une courbe de Bézier qui est le modèle mathématique de l'algorithme. Les voxels sont représentés par leurs coordonnées. La fonction coût est la somme des distances euclidiennes entre les voxels et la courbe de Bézier.

Approximation du modèle sur les voxels

D'abord, il est important de pouvoir approximer une courbe polynomiale sur un nuage

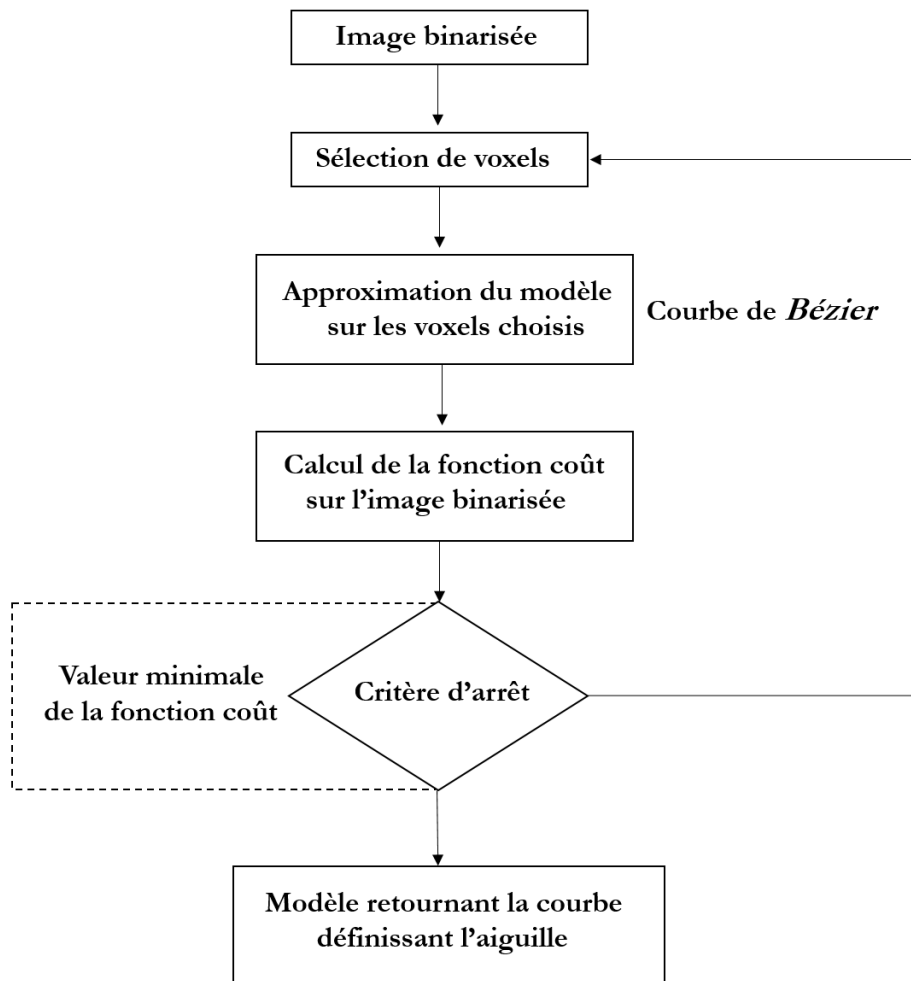


FIGURE 3.4 – Algorithme d'approximation pour définir la courbe de l'aiguille dans une image échographique inspiré du RANSAC.

de voxels. D'après [42], une courbe polynomiale est définie comme suit :

$$C(t, H) = \begin{pmatrix} C_X(t) \\ C_Y(t) \\ C_Z(t) \end{pmatrix} = H.T = \begin{pmatrix} H_{11} & H_{12} & H_{13} & \cdots & H_{1n} \\ H_{21} & H_{22} & H_{23} & \cdots & H_{2n} \\ H_{31} & H_{32} & H_{33} & \cdots & H_{3n} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} 1 \\ t \\ t^2 \\ \vdots \\ t^{n-1} \end{pmatrix} \quad (3.15)$$

Où H est la matrice contenant les coefficients polynomiaux, T est le vecteur des puissances du paramètre t qui est un scalaire équivalent à l'abscisse curviligne de la courbe polynomiale compris entre les valeurs de t_{min} et de t_{max} , et n l'ordre de la courbe polynomiale.

Pour déterminer les coefficients optimaux de la courbe polynomiale au sens des moindres carrés, on se ramène à résoudre le système linéaire suivant :

$$\begin{pmatrix} M & \sum_{i=1}^M t_i & \cdots & \sum_{i=1}^M t_i^{n-1} \\ \sum_{i=1}^M t_i & \sum_{i=1}^M t_i^2 & \cdots & \sum_{i=1}^M t_i^n \\ \sum_{i=1}^M t_i^2 & \sum_{i=1}^M t_i^3 & \cdots & \sum_{i=1}^M t_i^{n+1} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \sum_{i=1}^M t_i^{n-1} & \sum_{i=1}^M t_i^n & \cdots & \sum_{i=1}^M t_i^{2n-2} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} H_{11} & H_{21} & H_{31} \\ H_{12} & H_{22} & H_{32} \\ H_{13} & H_{23} & H_{33} \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ H_{1n} & H_{2n} & H_{3n} \end{pmatrix} \\ = \begin{pmatrix} \sum_{i=1}^M p_{i_x} & \sum_{i=1}^M p_{i_y} & \sum_{i=1}^M p_{i_z} \\ \sum_{i=1}^M t_i p_{i_x} & \sum_{i=1}^M t_i p_{i_y} & \sum_{i=1}^M t_i p_{i_z} \\ \sum_{i=1}^M t_i^2 p_{i_x} & \sum_{i=1}^M t_i^2 p_{i_y} & \sum_{i=1}^M t_i^2 p_{i_z} \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ \sum_{i=1}^M t_i^{n-1} p_{i_x} & \sum_{i=1}^M t_i^{n-1} p_{i_y} & \sum_{i=1}^M t_i^{n-1} p_{i_z} \end{pmatrix} \\ \Rightarrow S_t.H^T = S_p$$

La matrice des coefficients H peut être donc déduite des coordonnées p_i et des paramètres t_i de chacun de voxels comme suit :

$$H = (S_t^{-1}.S_p)^T$$

Pour pouvoir approximer une telle courbe sur M points $P = (p_1, p_2, \dots, p_M)$ dans l'espace, et calculer la fonction coût, il est nécessaire de connaître la distance qui sépare chaque point de l'ensemble à la courbe de Bézier. Pour cela, en s'inspirant de [42] et [19], on considère la courbe de Bézier comme peu courbée ce qui est acceptable par notre problème et on approxime la projection d'un point sur un nuage comme suit :

$$t_i = \frac{(p_i - p_0).k_0}{||k_0||} \quad (3.16)$$

Cette valeur pourrait correspondre à une approximation de l'abscisse curviligne du point p_i sur la courbe de Bézier. k_0 est la direction principale du nuage de points calculée par une régression linéaire avec la méthode des moindres carrés. Dans un contexte de curie-thérapie, cette direction principale de l'aiguille est connue a priori puisque son insertion se fait parallèlement à l'axe de la sonde. p_0 est le point qui représente le barycentre du nuage de points. Il sert donc d'origine à l'approximation. La courbe de Bézier est représentée par l'équation suivante :

$$B_n(t) = \sum_{i=0}^n b_i^n(t) \cdot q_i = Q \cdot \begin{pmatrix} b_0^n(t) \\ b_1^n(t) \\ \vdots \\ b_n^n(t) \end{pmatrix} \quad (3.17)$$

$$= Q \cdot B$$

Où n l'ordre de la courbe, B le vecteur contenant les polynômes de Bernstein :

$$b_i^n = \binom{n}{i} t^i (1-t)^{n-i} \quad (3.18)$$

$Q = (q_0 \cdots q_{n-1})$ contient les points de contrôle de la courbe et l'abscisse curviligne t (un paramètre qui se déplace le long de la courbe en prenant des valeurs entre 0 et 1) soit $t \in [0, 1]$.

Après avoir approximé la courbe polynomiale à partir de quelques voxels, on procède au calcul de la fonction coût, en calculant les distances de tous les voxels par rapport à la courbe. La minimisation de cette fonction coût servira de critère d'arrêt. Pour cela, on utilise les valeurs t_i comme les projections des voxels sur la courbe approximée. Utiliser la fonction coût au lieu d'utiliser le taux d'inliers nous dispense de choisir la valeur du seuil nécessaire pour séparer entre les inliers et les outliers.

En fait, la valeur du paramètre t est comprise entre deux valeurs t_{min} et t_{max} . Elle dépend de la position du voxel. Pour que la valeur soit entre 0 et 1, les coefficients polynomiaux doivent être recalculés et la courbe sera décrite par un paramètre $t' \in [0, 1]$. Ceci nous amène à normaliser la matrice de coefficient H . En terme d'équation, cela nous donne ce qui suit :

$$H \begin{pmatrix} t \\ 1 \\ t \\ t^2 \\ \vdots \\ t^{n-1} \end{pmatrix} \text{ avec } t \in [t_{min}, t_{max}] \sim N \begin{pmatrix} t' \\ 1 \\ t' \\ t'^2 \\ \vdots \\ t'^{n-1} \end{pmatrix} \text{ avec } t' \in [0, 1]$$

Où N représente la forme normalisée de H et t' peut être écrite comme suit :

$$t = (t_{max} - t_{min})t' + t_{min} = at' + b$$

Avec $a = t_{max} - t_{min}$ et $b = t_{min}$.

Ainsi, on peut réécrire le vecteur T suivant T' :

$$T = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & \cdots \\ b & a & 0 & \cdots \\ b^2 & 2ab & a^2 & \cdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots \end{pmatrix} T' = \begin{pmatrix} \ddots & 0 & 0 \\ \cdots & \binom{i}{j} a^i b^{j-i} & 0 \\ \ddots & \vdots & \ddots \end{pmatrix} T'$$

Où i et j représentent respectivement les indices des colonnes et des lignes de la matrice. En effet, on peut désormais déduire l'expression de la matrice de coefficients polynomiaux normalisée N . Elle s'écrit comme suit :

$$N = H. \begin{pmatrix} \ddots & 0 & 0 \\ \cdots & \binom{i}{j} a^i b^{j-i} & 0 \\ \ddots & \vdots & \ddots \end{pmatrix}$$

Aussi, le vecteur des polynômes de Bernstein peut être exprimé en fonction de T' comme suit :

$$B = \begin{pmatrix} \ddots & \vdots & \ddots \\ 0 & (-1)^{i+j} \binom{n}{i} \binom{j}{i} & \cdots \\ 0 & 0 & \ddots \end{pmatrix} T' = C_n T'$$

À chaque itération, on procède au calcul de la matrice de coefficients N et de la fonction coût f_C associée. Le calcul de f_C se fait comme suit :

$$f_C(N) = \sum_{x \in X_n} d(x; N)^2$$

Où $d(x; N)$ est la distance entre le voxel x et la courbe. La courbe qui minimise $f_C(N)$ est sélectionnée comme le modèle qui approxime le mieux l'aiguille.

$$N^* = \underset{N}{\operatorname{argmin}} f_C(N)$$

Puisque il est basé sur la notion d'aléa, l'algorithme RANSAC est non-déterministe. Ainsi, on peut trouver des résultats différents en répétant la segmentation sur la même image deux ou plusieurs fois. Dans notre cas, on travaille sur la minimisation d'une fonction coût. Le parcours du nuage de voxels est exhaustif, et la fonction coût est calculée pour toutes les combinaisons. Ceci est clairement coûteux en temps de calcul. Mais, en contre partie, d'une manière générale, une recherche exhaustive pourrait garantir un meilleur résultat qu'une recherche randomisée.

Si on arrive à minimiser le nombre de voxels sur lesquels la recherche sera menée, le problème de temps de calcul lié à la recherche exhaustive sera résolu. Dans le cas qui est le nôtre, ceci est rendu possible grâce à deux éléments de notre approche :

En premier lieu, Le nombre de voxels candidats est relativement limité puisque l'aiguille représente peu de voxels par rapport au background et que la classification Bayésienne génère peu de faux positifs (comme illustré par la figure 3.3).

En second lieu, grâce à la forme parabolique de l'aiguille après insertion, qui peut être modélisée par un polynôme de degré 2, la recherche de 3 points de contrôle (deux extrémités et un point central) va pouvoir se faire en structurant les voxels candidats en 3 ensembles distincts explorés systématiquement. Cette structuration évite une recherche exhaustive dans tout le nuage de points. La définition de ces trois ensembles est présentée dans ce qui suit.

Optimisation locale

Dans le contexte de la curiethérapie, l'insertion d'aiguille se fait par un point d'entrée

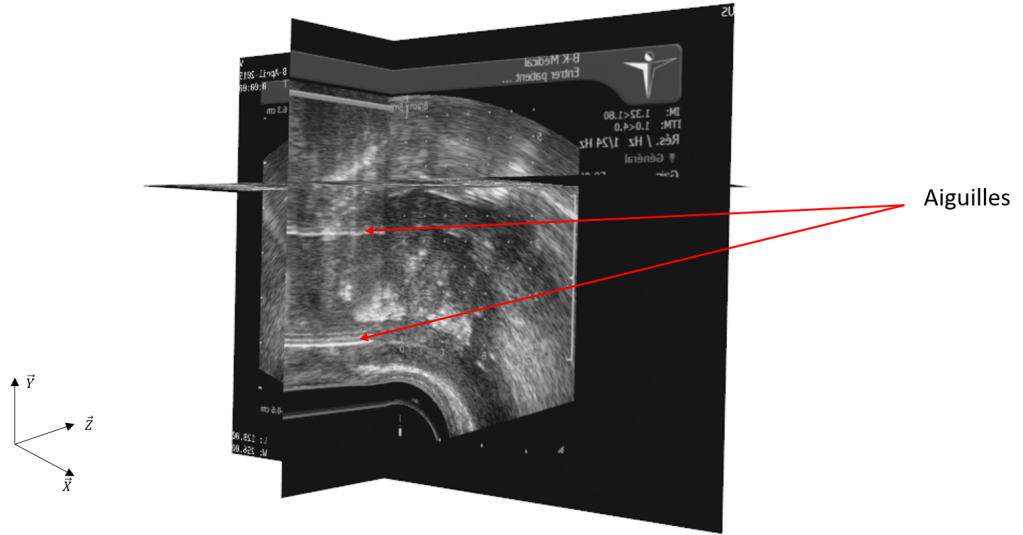


FIGURE 3.5 – La direction principale des aiguilles dans une image échographique 3D

connu et selon une direction connue. C'est celle qui est parallèle à la sonde échographique. Bien qu'elle puisse se courber légèrement lors de son insertion dans les tissus vivants, elle paraît plutôt portée par l'axe \vec{z} dans l'image échographique (figure 3.5). En se basant sur ce fait, on peut diviser les voxels de l'aiguille X_A en trois groupes X_{A0} , X_{A1} et X_{A2} où $X_{A0} \cup X_{A1} \cup X_{A2} \subset X_A$ garantissant $\{q_0 \in X_{A0}, q_1 \in X_{A1}, q_2 \in X_{A2}\}$ (figure 3.6). Au lieu de tenter toutes les combinaisons pour trouver le triplet (q_0, q_1, q_2) minimisant la fonction coût f_c , à chaque itération on se limite à choisir q_0 à partir de X_{A0} et calculer f_c pour tous les $q_1 \in X_{A1}$ et $q_2 \in X_{A2}$.

Bien évidemment, les dimensions des sous ensembles ne sont pas égaux. X_{A1} , est le sous ensemble le plus grand (contenant les $\frac{2}{3}$ des voxels retournés par le classifieur Bayésien)

car c'est lui qui influe en grande partie sur la définition de la courbure de l'aiguille. Et par conséquent on essaye d'augmenter le nombre de combinaisons en augmentant le nombre de voxels qui lui appartiennent. Puisque le point d'insertion de l'aiguille est connu, on peut réduire le premier sous ensemble à $X_{A0} = \{q_0\}$. La pointe de l'aiguille, supposée être q_2 , est un élément du sous ensemble X_{A2} . La dimension de celui-ci doit être à la fois non assez réduite pour garantir la possibilité de contenir q_2 , mais aussi pas très grande pour exclure quelques voxels aberrants capables de perturber le calcul ($\frac{1}{3}$ des voxels).

D'autres contraintes liées à la forme de l'aiguille peuvent être considérées dans le calcul permettant d'exclure quelques courbes candidates à représenter la forme de celle-ci. D'abord il faut re-signalier que l'aiguille s'est courbée lors de son insertion et qu'elle a pris une courbure parabolique. Cependant, dans le contexte de la curiethérapie, la courbure est faible. Sa valeur ne pourra pas dépasser un certain seuil. La courbure d'une courbe paramétrée $C(t)$ au point de paramètre t vaut :

$$k(t) = \frac{\|C'(t) \wedge C''(t)\|}{\|C'(t)\|^3}$$

La profondeur de l'insertion d'aiguille est un autre paramètre de vérification. Elle se situe généralement entre 15 et 60mm. Sa valeur est connue grâce à la planification et on peut ainsi l'inclure dans le calcul. On considère les courbes candidates ayant une longueur différente de la profondeur de l'insertion comme des faux positifs. Par conséquent, on les ignore même si elles ont vérifié le critère d'arrêt.

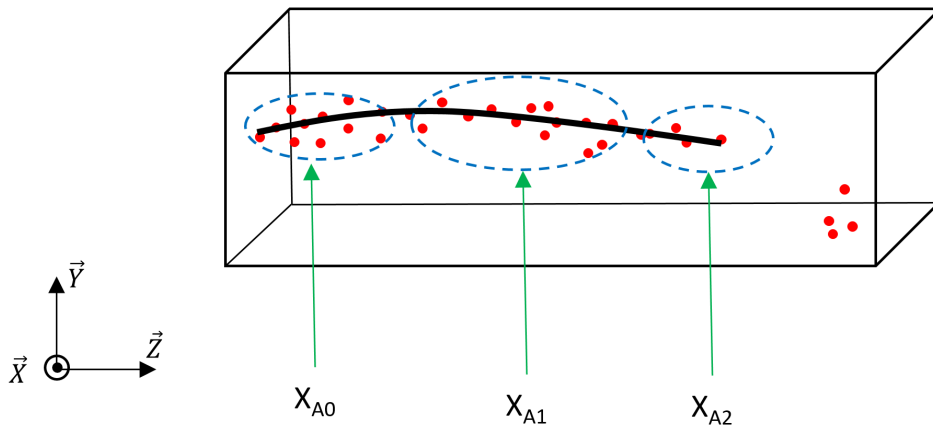


FIGURE 3.6 – Les régions (X_{A0}, X_{A1}, X_{A2}) utilisées pour sélectionner le triplet (q_0, q_1, q_2)

3.4 Détection de pointe

La localisation d'aiguille nous aide principalement à définir la région d'intérêt contenant les grains injectés. Ils se situent précisément à proximité de la pointe de l'aiguille. Dans certains cas, notamment lorsque l'aiguille est impactée par une région d'ombre, l'identification de sa pointe s'avère difficile. Pour cela, on s'intéresse à relancer la recherche de la pointe de l'aiguille en se basant sur la détection précédente de son corps.

On considère que la "vraie" pointe se situe sur le corps de l'aiguille ou sur son extension proche. Concrètement, elle correspond à une décroissance importante d'intensité des voxels le long du corps de l'aiguille.

Tous les voxels appartenant à l'aiguille vérifient la condition d'appartenance représentée dans les inégalités 3.9, plus précisément la condition à satisfaire est :

$$\pi_{X_A} P(y_j | C = X_A) > \pi_{X_B} P(y_j | C = X_B) \quad (3.19)$$

Cela veut dire qu'un voxel appartient à l'aiguille lorsque sa probabilité d'appartenance à celle-ci est plus grande que celle d'appartenance à la classe background. C'est pourquoi, pour détecter la pointe, on identifie le tout premier voxel qui ne vérifie pas la condition d'appartenance (inégalité 3.19) le long de la fin de l'aiguille et de son extension proche. Ceci est le tout premier voxel du background, et par conséquent, on déduit la pointe comme le voxel précédant ce dernier. La valeur du premier voxel du "background" correspond à la décroissance importante d'intensité liée au premier voxel succédant à l'aiguille. On utilise cette information, comme dans la figure 3.7, pour vérifier l'identification de la pointe détectée par le modèle probabiliste.

Cette stratégie se heurte malgré tout à la présence d'ombres acoustiques[†]. Les aiguilles impactées par les régions d'ombres ne sont pas totalement visibles dans les volumes échographiques, et la partie de l'aiguille traversant ce cône d'ombre est beaucoup moins lumineuse que les autres parties. Par conséquent, ses voxels ne sont pas entièrement sélectionnés par le classifieur Bayésien. Dans ce mauvais cas, l'approximation de la courbe définissant l'aiguille peut être erronée ainsi que la pointe de l'extrémité de l'aiguille. Alors, on se retourne vers les contraintes liées à la forme et à la taille de l'aiguille pour exclure quelques mauvaises approximations. Et pour ce qui concerne la pointe, on relance la recherche qui nous permet de gagner quelques millimètres de précision, significative

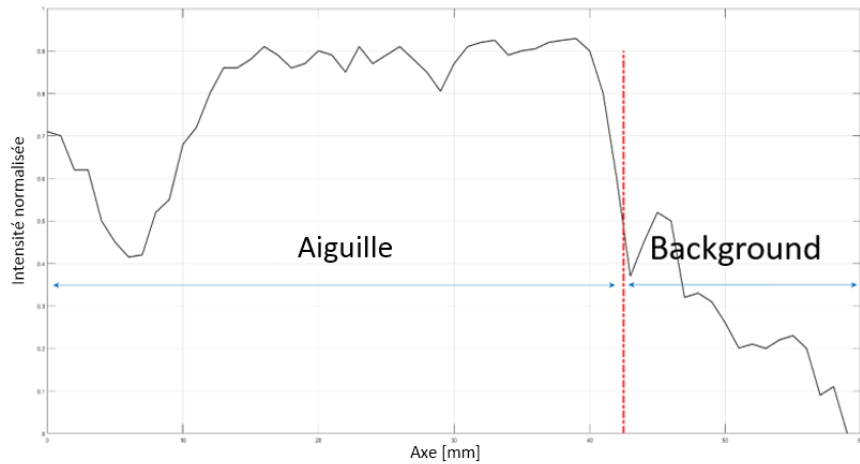


FIGURE 3.7 – Exemple de localisation de pointe de l'aiguille par la recherche du premier pixel de background (via l'étude de la probabilité d'appartenance aux classes (X_A, X_B)). Ce premier pixel correspond à la grosse chute de valeurs des niveaux de gris

[†]. Une région d'ombre est un type d'artefact dû aux atténuations des intensités des signaux transmis. Une explication plus détaillée est élaborée dans l'annexe A

dans ce contexte.

3.5 Conclusion

Ce chapitre a abordé la détection d'aiguilles à partir des images échographiques 3D. Elle est indispensable pour la localisation de grains qui est le sujet du chapitre suivant. On a expliqué à travers les différentes sections les méthodes employées pour mener à bien la localisation d'aiguilles courbées dans les volumes échographiques bruités.

On s'est basé sur une binarisation automatique, robuste et précise fondée sur une classification Bayésienne binaire du volume échographique pour une sélection ciblée de voxels décrivant l'aiguille en question. La classification Bayésienne, qui est basée sur un modèle probabiliste, est modélisée par les inégalités 3.9. Le classifieur requiert la connaissance des valeurs des paramètres de chaque composant du GMM modélisant l'histogramme du volume échographique. Pour cela, on a recours à l'algorithme EM[40],[41]. En lui donnant les initialisations des vecteurs de paramètres des deux classes, il consiste à répéter les deux instructions (Expectation ; Maximisation) jusqu'à la convergence. Elle est considérée atteinte lorsque les valeurs des paramètres se stabilisent (équation 3.14). On a ainsi obtenu le nuage de voxels appartenant à l'aiguille.

L'étape suivante a été de chercher la meilleure courbe polynomiale définissant l'aiguille. Elle a été sélectionnée à partir du nuage de voxels retourné en appliquant l'algorithme d'approximation. Le critère d'arrêt employé est porté sur la minimisation d'une fonction coût qui calcule la distance euclidienne entre une courbe candidate et le nuage de voxels. Des connaissances a priori sont introduites pour pouvoir faire une recherche exhaustive en parcourant tous les voxels structurés en trois ensembles et tester toutes les combinaisons possibles.

Pour terminer, nous avons présenté de la détection de la pointe de l'aiguille. Concrètement, cela a consisté à identifier la plus grande décroissance d'intensités des voxels le long du corps de l'aiguille et son extension proche (inégalité 3.19).

Chapitre 4

Localisation de grains dans les images échographiques 3D

Sommaire

4.1 Introduction	65
4.2 Binarisation	65
4.2.1 Classification Bayésienne	65
4.2.2 Prédiction de paramètres	67
4.3 Suppression de voxels faux positifs	68
4.3.1 Discrimination par SVM	68
4.3.2 Choix des descripteurs	69
4.3.3 SMO	72
4.4 Localisation globale du train de grain	75
4.4.1 Recalage rigide par ICP	78
4.5 Amélioration de la localisation grain par grain	81
4.5.1 Métrique de similarité	81
4.5.2 Modèle d'apparence d'un grain	84
4.6 Synthèse	84

4.1 Introduction

Ce chapitre porte sur la solution proposée pour résoudre le problème de localisation de grains liés sous imagerie échographique. L'approche illustrée dans la figure 4.1.

— Les données sont :

1. Le volume de recherche (ROI) contenant les grains issu de la localisation d'aiguille.
2. La planification contenant les compositions des trains de grains.
3. Un modèle représentatif de l'image échographique 3D d'un grain.

— Les inconnues sont :

1. La position géométrique de chaque grain $\{x, y, z\}$.
2. Ses orientations $\{\theta_x, \theta_y\}$. *

L'approche est composée de quatre étapes :

1. La binarisation du volume de recherche en utilisant la classification Bayésienne binaire développée précédemment.
2. La suppression de faux positifs.
3. La localisation du train de grains en superposant un modèle géométrique représentant ce qu'on cherche sur le nuage de voxels obtenu.
4. L'amélioration de la localisation grain par grain.

Ces étapes sont expliquées une par une dans les sections suivantes. La première est celle de la binarisation, là où on s'intéresse à expliquer la réutilisation de la méthode de classification développée pour la localisation d'aiguilles. Ceci est appliqué sur le volume de recherche correspondant au volume d'intérêt construit autour de l'aiguille.

4.2 Binarisation

Comme nous l'avons déjà mentionné en 3.2, les approches de binarisation par seuillage, même adaptatif, ne sont pas adaptées à notre problématique.

La variabilité gênant la binarisation par seuillage adaptatif n'est pas due uniquement à la mauvaise qualité de l'image échographique. La composition des trains de grains est variable. Ceci signifie la non maîtrise des dimensions (principalement la longueur) de la partie lumineuse dans l'image censée être sélectionnée par seuillage adaptatif.

C'est pourquoi, pour un résultat beaucoup plus précis, et puisqu'il s'agit d'un problème de classification, on se retourne vers la classification Bayésienne développée dans le chapitre précédent. Puisque l'initialisation de l'algorithme est spécifique à chaque problème, on va proposer des valeurs initiales des paramètres amenant vers la bonne convergence.

4.2.1 Classification Bayésienne

La classification Bayésienne binaire se base sur le fait que l'histogramme du volume contenant les grains est un mélange de Gaussienne pouvant être modélisé par un GMM. On présente dans la figure 4.2 un exemple type d'histogramme d'un volume d'intérêt

*. θ_z n'est pas déterminé puisque le grain est cylindrique.

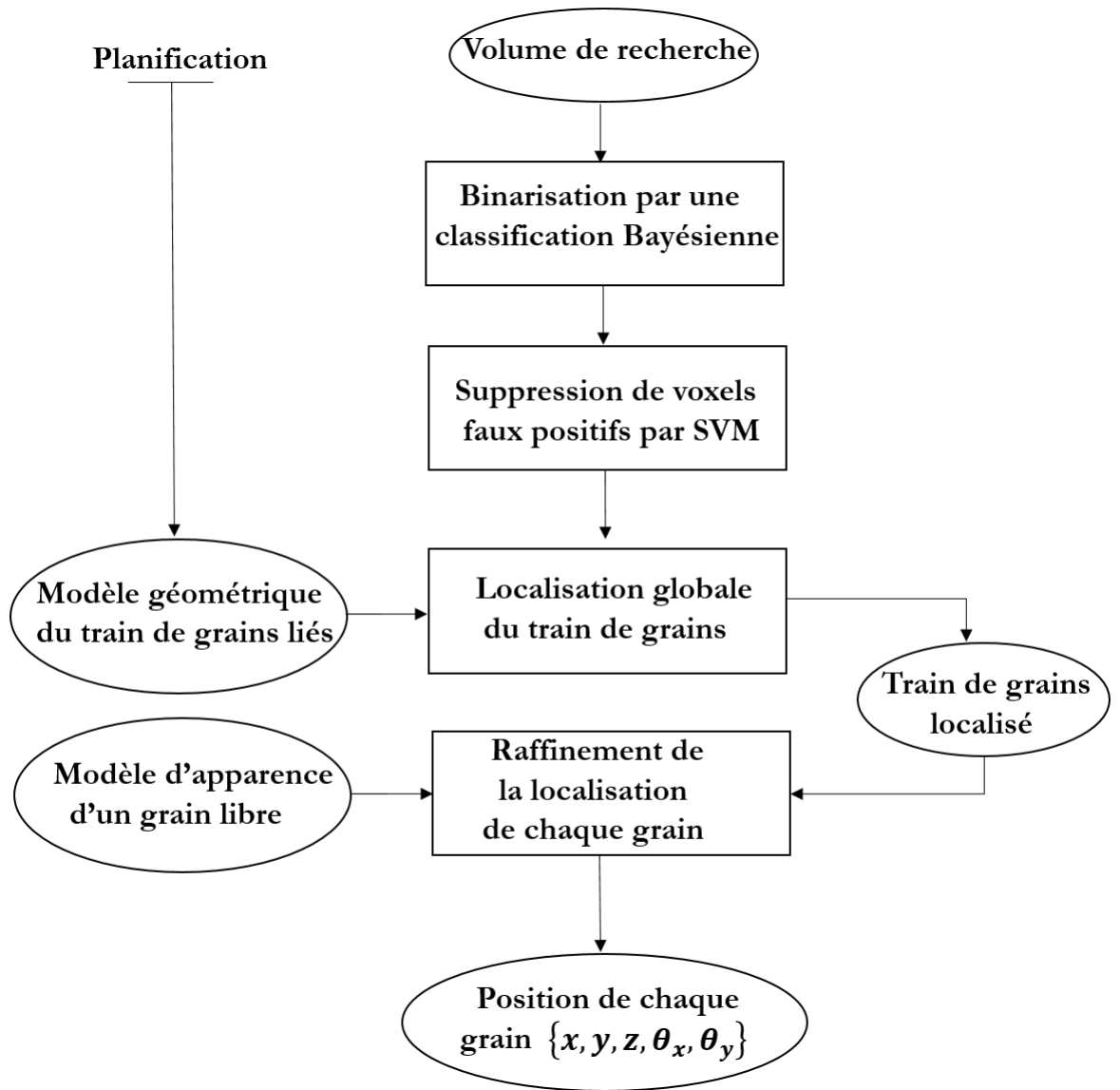


FIGURE 4.1 – Approche développée pour la localisation de train de grains liés

contenant un train composé par trois grains et un seul espaceur. Les grains et les espaceurs, représentés par les voxels les plus lumineux, apparaissent sur l'histogramme comme le pic ayant la petite amplitude. Les autres voxels, modélisé par le grande gaussienne ayant la plus grande amplitude, représentent les artefacts et la prostate. Le problème est donc encore de séparer entre les deux classes $C = \{X_{TG}, X_B\}$ modélisées par un GMM (équation 3.2). Comme nous l'évoquerons plus précisément en 4.4, les grains et les espaceurs ont une apparence proche dans les images échographiques. C'est pourquoi le train de grain est considéré comme une classe unique X_{TG} .

D'après § 3.2.1 du chapitre précédent, la classification Bayésienne binaire est modélisée

par les inégalités suivantes :

$$\pi_{X_{TG}} P(y_j | C = X_{TG}) \stackrel{X_{TG}}{\underset{X_B}{\geq}} \pi_{X_B} P(y_j | C = X_B) \quad (4.1)$$

où

- π_{X_i} sont les probabilités a priori des classes $\{X_{TG}, X_B\}$.
- y_j est le niveau de gris du voxel x_j . Soit $I(x_j) = y_j$.
- P est la probabilité gaussienne définie par μ et σ .

Le voxel x_j ayant $I(x_j) = y_j$ appartient aux trains de grains si la probabilité de son appartenance à X_{TG} est plus grande que celle d'appartenance à X_B . Pour pouvoir établir cette comparaison, on doit commencer par estimer les valeurs des paramètres impliqués. On se retourne alors vers l'algorithme EM [40],[41] détaillé dans §3.2.2.

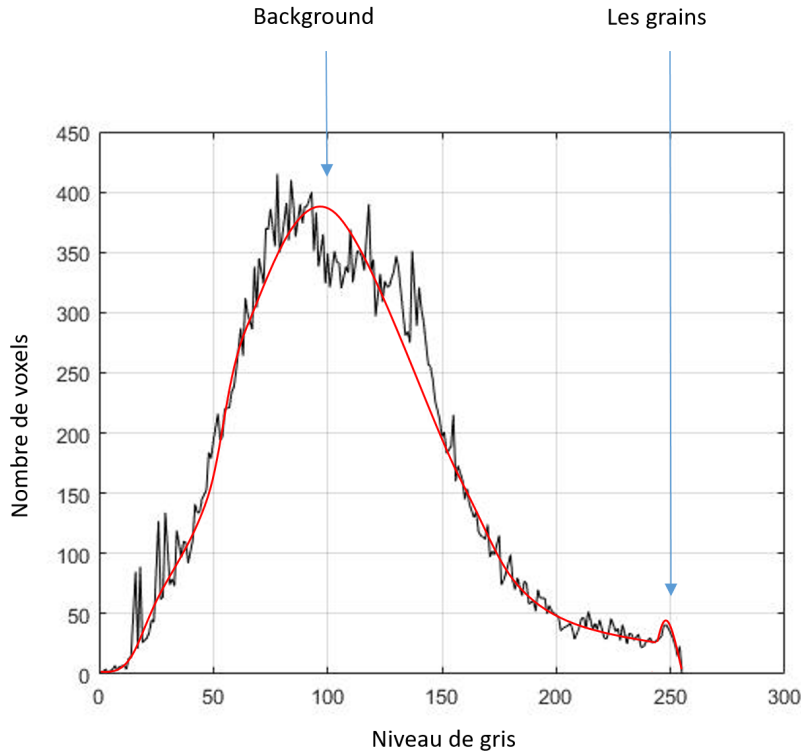


FIGURE 4.2 – Histogramme d'un volume d'intérêt contenant trois grains

4.2.2 Prédiction de paramètres

EM est utilisé pour estimer les paramètres de chaque Gaussienne $\Theta = (\pi, \mu, \sigma)$. Il s'agit d'un algorithme répétitif composé par trois étapes dont les deux dernières s'itérent jusqu'à la convergence :

- Initialisation des paramètres $\Theta^0 = (\pi_\ell^0, \mu_\ell^0, \sigma_\ell^0)$
- Expectation de Θ
- Maximisation de Q

Les estimations des valeurs des paramètres $\Theta^k = (\pi_\ell^k, \mu_\ell^k, \sigma_\ell^k)$ sont calculées en fonction des anciennes valeurs $\Theta^{k-1} = (\pi_\ell^{k-1}, \mu_\ell^{k-1}, \sigma_\ell^{k-1})$ comme on a montré dans les équations

3.13. Nous avons détaillé le calcul donnant ces équations dans §3.2.1. Les conditions d'arrêt sont les mêmes que pour les aiguilles.

La convergence est aussi liée à l'initialisation. Une bonne initialisation des paramètres garantit une bonne convergence en un temps de calcul optimal. On propose d'utiliser la même approche d'initialisation des paramètres que celle expliquée dans §3.2.1. Les valeurs initiales des moyennes ($\mu_{X_{TG}}, \mu_{X_B}$) contribuent à pousser la convergence vers les pics correspondants aux classes $\{TraindeGrains\{X_{TG}\}, Background\{X_B\}\}$. L'allure du GMM est très similaire à celui du volume d'une aiguille 3.2 où la classe dominante est celle du background. Ceci implique que n'importe quelle initialisation du $\mu_{X_{TG}}$ entre les valeurs des pics amène la convergence vers le mauvais pic. Le choix des initialisations des variances est fait sur la base des valeurs observées sur des histogrammes de quelques images échographiques 3D contenant des trains de grains de différentes combinaisons. Enfin, pour ($\pi_{X_{TG}}, \pi_{X_B}$) les valeurs initiales sont choisies sur la base du nombre de voxels définissant les grains dans le volume échographique. Ce sont les mêmes valeurs initiales utilisées dans tous les cas d'exécution, quelle que soit la composition du train de grains.

On établit la classification Bayésienne en utilisant les valeurs des paramètres une fois que la convergence est atteinte. Ainsi, on obtient un nuage de voxels du train de grains contenant quelques faux positifs. Ce sont les voxels du background ayant des niveaux de gris suffisamment élevés pour être sélectionnés comme étant des voxels du train de grains. La prochaine étape vise à éliminer ces faux positifs avant l'étape de localisation de grains

4.3 Suppression de voxels faux positifs

La discrimination par une classification Bayésienne permet de sélectionner les voxels candidats pour être ceux du train de grains. Cependant, des artefacts de niveau de luminosité similaire peuvent être présents à sa proximité immédiate dans le volume d'intérêt, ce qui génère des faux positifs (voir figure 4.3). La classe qui représente le train de grains X_{TG} peut être décrite comme l'union des deux sous classes :

$$X_{TG} = X_{TG}^1 \cup X_{TG}^2$$

Où X_{TG}^1 représente les vrais positifs et X_{TG}^2 pour les faux positifs. Pour pouvoir bien caractériser les voxels du train de grains on s'intéresse à trouver un moyen pour séparer ces deux sous classes. Parmi les techniques qu'on peut appliquer sur les images échographiques, notre choix s'est porté sur "Support Vector Machines" (SVM).

4.3.1 Discrimination par SVM

Les machines à vecteurs de support ou séparateurs à vaste marge connues en anglais sous le nom de SVM [43], [44] sont des algorithmes d'apprentissage supervisé dédiés à la résolution des problèmes de discrimination et de classification. Il leur faut affecter chaque échantillon à la classe appropriée. Les SVM appartiennent à la famille des classifieurs linéaires.

SVM est un classifieur hyperplan qui cherche la séparabilité maximale entre les échantillons des différentes classes. Étant donné :

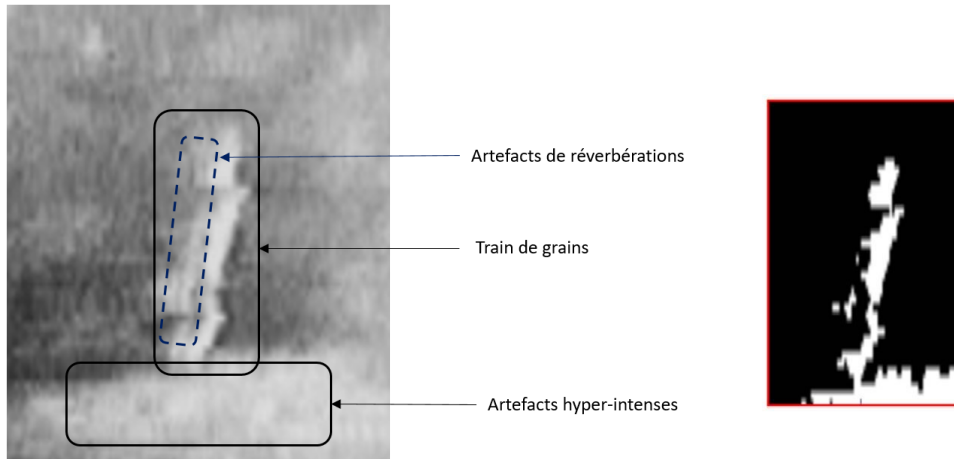


FIGURE 4.3 – Deux Coupes sagittales du même volume échographique. À droite : image brute contenant (en haut) un train de grains et (en bas) des artefacts lumineux pouvant être des faux positifs. À gauche : le résultat de la binarisation illustrant la sélection de faux positifs

- $X_{TG} = X_{TG}^1 \cup X_{TG}^2 = (x^1, x^2, \dots, x^N)$ une nouvelle description des voxels sélectionnés par la classification Bayésienne composés par les vrais et les faux positifs.
- $x^i \in \mathbb{R}^d$ le vecteur contenant les descripteurs du voxel correspondant.
- $\{(x^1, y^1), (x^2, y^2), \dots, (x^N, y^N)\}$ les données d'apprentissage.
- $y^i = \{-1 \text{ si } x^i \in X_G^1, 1 \text{ si } x^i \in X_G^2\}$.

Dans le cas linéaire[†] l'équation principale pour établir l'hyperplan est la suivante :

$$h(x^i) = w^T x^i - w_0 \quad (4.2)$$

Où w est le vecteur normal à l'hyperplan et w_0 représente le décalage de l'hyperplan par rapport à l'origine le long du vecteur normal w . Ainsi, les deux derniers paramètres (w^T et w_0) déterminent le classifieur comme suit :

$$x^i \mapsto \text{signe}(w^T x^i - w_0)$$

Le vecteur descripteur x^i est affecté à la classe appropriée en fonction du signe de $w^T x^i - w_0$. Ceci représente la position du x^i par rapport à l'hyperplan.

4.3.2 Choix des descripteurs

Le choix des descripteurs influe sur l'efficacité de la discrimination. Les bons descripteurs nous permettent d'avoir une nouvelle distribution des voxels facilitant la distinction comme celle montrée dans la figure 4.4. Pour proposer les bons descripteurs, on commence par étudier les différences majeures entre les vrais et les faux positifs pour pouvoir extraire les caractéristiques distinctives. Bien évidemment, ni les niveaux de gris ni la position des voxels ne pourront jouer ce rôle. En effet, les artefacts peuvent se situer n'importe où dans l'image et les niveaux de gris ont été déjà sélectionnés par la classification Bayésienne (voir figure 4.5).

[†]. On parle du SVM linéaire lorsque l'hyperplan séparant les deux classes est linéaire.

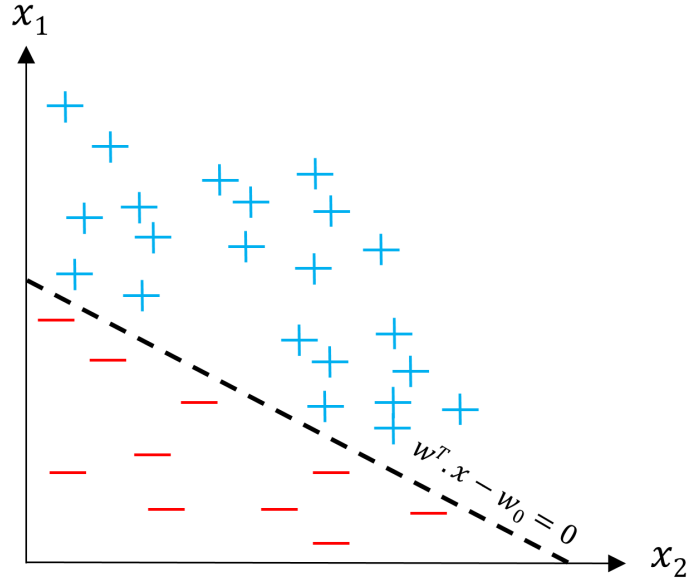


FIGURE 4.4 – Exemple typique d’une représentation distinctive entre deux classes (les traits rouges et les croix bleus) classées par SVM

En étudiant les formes géométriques décrites par chaque groupe, on remarque que les faux positifs sont des zones n’ayant en général aucune direction principale. En contrepartie, les vrais positifs qui représentent le train de grains se représentent sous la forme de cylindres. Ils sont portés par la direction de l’injection correspondant à l’axe \vec{Z} du repère de l’image échographique (figure 4.5). Ceci peut nous aider à extraire les bons descripteurs. En effet, on peut calculer les normes des valeurs du gradient dans les deux directions \vec{X} et \vec{Y} pour trouver des petites et des grandes valeurs (le long des deux directions) correspondant aux vrais et faux positifs. Le calcul du gradient sur une image [45] retourne les valeurs représentant les changements d’intensités le long d’une direction. Le changement d’intensités de voxels le long de \vec{X} et \vec{Y} est inversement proportionnel à ses étendues sagittale (\vec{X}) et latérale (\vec{Y}) dans l’image 3D. Elles sont assez petites pour les grains, qui sont portés par \vec{Z} ($\varnothing = 0.8mm$), et variantes entre moyennes et grandes pour les faux positifs. Les valeurs sont petites pour les vrais positifs comme le gradient est porté long de \vec{Z} . Le calcul de gradient se fait selon l’équation 4.3.

$$\begin{aligned} \left| \frac{\partial I(x, y, z)}{\partial x} \right| &= \left| \frac{I(x-1, y, z) - I(x+1, y, z)}{2} \right| \\ \left| \frac{\partial I(x, y, z)}{\partial y} \right| &= \left| \frac{I(x, y-1, z) - I(x, y+1, z)}{2} \right| \end{aligned} \quad (4.3)$$

où $I(x, y, z)$ est le niveau de gris du voxels de coordonnées (x, y, z) dans le repère image. D’après les équations 4.3, les voxels non surfaciques, ayant des niveaux de gris proches, retournent de petites valeurs. Par conséquent, seuls les voxels surfaciques du train de grains sont sélectionnés et tous les autres sont éliminés en les affectant à la deuxième classe, celle des faux positifs. Enfin, on peut désormais calculer le vecteur contenant les descripteurs des voxels :

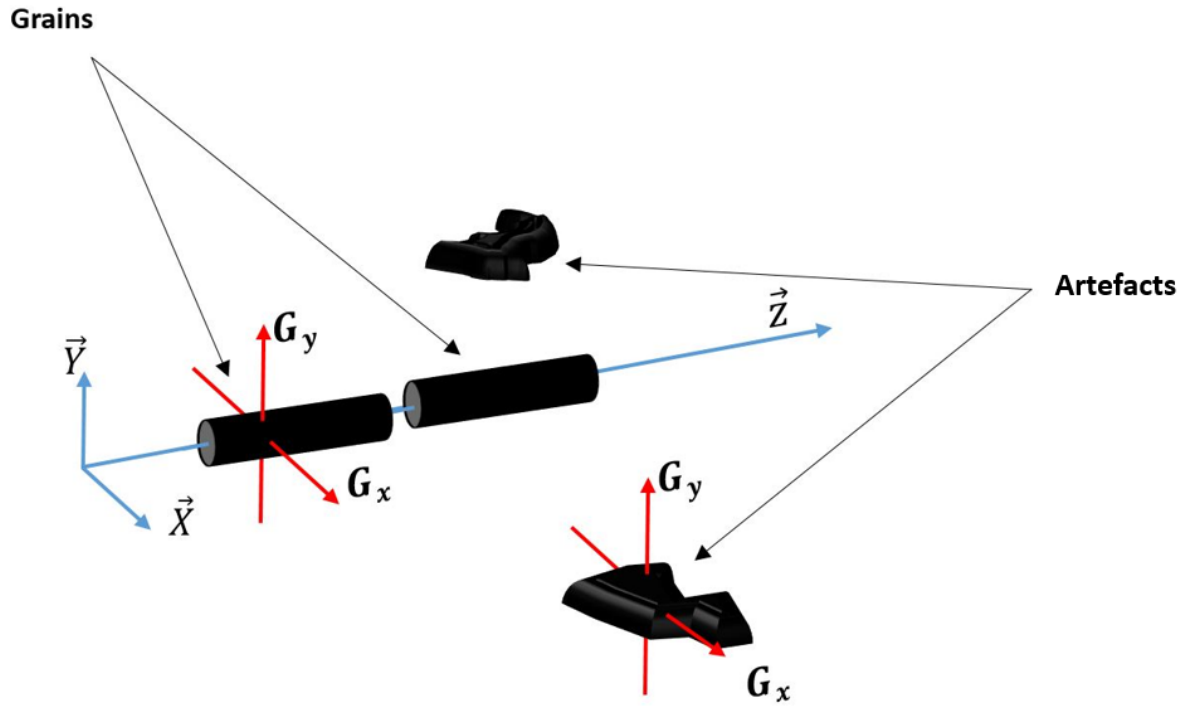


FIGURE 4.5 – Schématisation de formes par les voxels les vrais (cylindres) et les faux (artefacts) positifs.

$x^i = (x_1^i, x_2^i)$ où

- $G_x = x_1^i = \left| \frac{\partial f(x,y,z)}{\partial x} \right|$ la norme du gradient le long de \vec{X} .
- $G_y = x_2^i = \left| \frac{\partial f(x,y,z)}{\partial y} \right|$ la norme du gradient le long de \vec{Y} .

La distribution des descripteurs est très similaire à celle de la figure 4.4 où G_x et G_y sont respectivement les valeurs des gradients le long de \vec{X} et de \vec{Y} . En effet, on y trouve deux groupes représentant les vrais et les faux positifs distribués de manière à ce qu'on peut les séparer. La séparation est assurée par l'hyperplan (une droite dans le cas 2D) défini par w^T et w_0 (équation 4.2). Les paramètres w^T et w_0 sont à estimer en utilisant les données d'apprentissage $\{(x^1, y^1), (x^2, y^2), \dots, (x^N, y^N)\}$.

L'apprentissage du SVM est supervisé. En effet, nous intervenons pour labelliser les échantillons d'apprentissage en remplissant le vecteur des labels $y = (y^1, y^2, \dots, y^N)$. Pour chaque élément $x^i = (x_1^i, x_2^i)$, on précise son appartenance en affectant -1 ou $+1$ à y^i . Nous avons choisi trois ROI ayant différentes compositions de trains de grains et différents emplacements d'artefacts pour lesquelles nous avons calculé et labellisé les descripteurs. L'apprentissage a été fait en fusionnant les trois ensembles de données.

Pour un ensemble de points d'apprentissage, il existe plusieurs courbes distinctives qui peuvent séparer les deux classes (figure 4.6). La plupart du temps, il y en a une infinité. SVM va placer la frontière aussi loin que possible des croix bleues, mais également aussi loin que possible des traits rouges. Comme il est montré dans la figure 4.4, c'est bien la courbe la plus éloignée de tous les points d'apprentissage qui est optimale. Ainsi, le

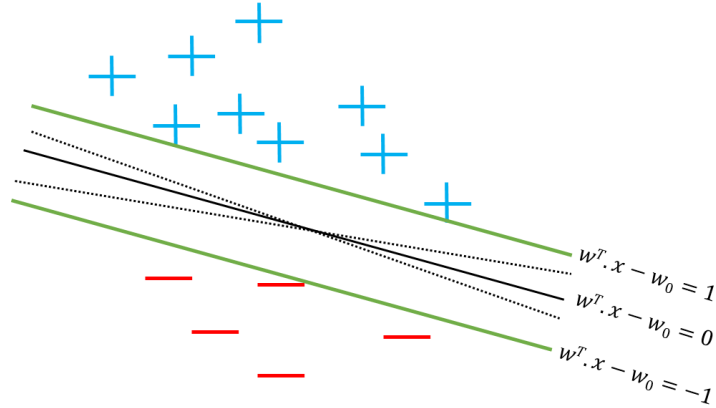


FIGURE 4.6 – Courbes séparatrices potentielles pour un échantillon de points

but d'un SVM est de trouver cette séparatrice optimale, en maximisant la distance entre l'échantillon d'apprentissage et la frontière. Plusieurs algorithmes d'apprentissage sont proposés dans la littérature [46], [47], [48]. Ils consistent à résoudre le problème d'optimisation quadratique[‡] connu en anglais par "Quadratic Problem" ou "QP". Ce problème d'optimisation quadratique consiste à trouver la courbe séparatrice optimale en l'estimant via des multiplicateurs de Lagrange α_i (voir annexe B.2 pour plus de détails).

Pour résoudre le problème d'optimisation quadratique, on peut utiliser plusieurs méthodes proposées dans la littérature. Les méthodes de "Chunking" [47], d'Osumi [48] et la SMO [46], sont les plus utilisées pour résoudre l'optimisation quadratique du SVM. D'après Yu H.B et al [49], "Chunking" [47] est un algorithme répétitif qui, à chaque itération, optimise un certain nombre de α_i (voir l'annexe B.2). Ce nombre augmente régulièrement avec les itérations. Des problèmes liés au débordement de mémoire apparaîtraient. La méthode d'Osumi [48] est aussi un algorithme itératif qui travaille à chaque étape pour optimiser un nombre fixe de multiplicateurs. Ce nombre (> 2) est toujours le même, donc pas de risque quant au débordement de mémoire. Enfin, SMO [46] semble plus efficace car, à chaque itération, seulement deux multiplicateurs choisis aléatoirement sont optimisés (appelés α_i et α_j). Par conséquent, on est loin de parler du débordement de mémoire et le temps de calcul nécessaire à chaque itération est très bref. La figure 4.7 résume la comparaison entre les différents algorithmes. Notre choix s'est porté sur l'algorithme SMO qui garantit la convergence en minimisant l'utilisation des ressources.

4.3.3 SMO

L'optimisation séquentielle minimale est la traduction du "Sequential Minimal Optimization" connu par "SMO". Cet algorithme représente une résolution rapide du problème d'optimisation quadratique sans avoir recours à un stockage supplémentaire des paramètres. Il consiste à décomposer le problème complexe en des sous problèmes ayant

[‡]. C'est un problème d'optimisation (minimisation ou maximisation) d'une fonction quadratique en respectant des contraintes décrites par des fonctions linéaires.

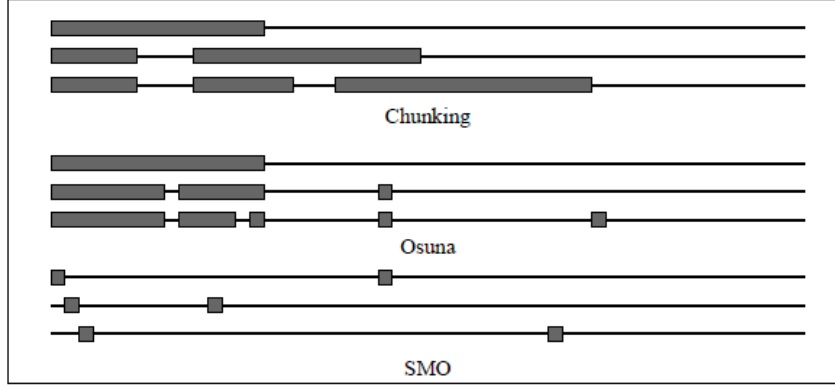


FIGURE 4.7 – Comparaison des trois méthodes utilisées ([46], [47], [48]) pour résoudre l'optimisation quadratique du SVM. Les lignes horizontales représentent les données d'apprentissage à chaque itération. Les boîtes (rectangles et carrés) représentent les multiplicateurs de Lagrange manipulés à chaque itération.

une faible complexité algorithmique. À chaque itération, il sélectionne aléatoirement deux multiplicateurs α_i et α_j , trouve les valeurs optimales pour ces multiplicateurs et met à jour "SVM". Puisqu'il n'y a que deux multiplicateurs, les contraintes peuvent être déployées en deux dimensions (figure 4.8).

$$0 \leq \alpha_i \leq C \quad (4.4)$$

$$\sum_i \alpha_i y^i = 0 \quad (4.5)$$

Les équations 4.4 et 4.5, dérivant du calcul détaillé de l'annexe B.2, modélisent respectivement les contraintes qui font que les multiplicateurs se trouvent à l'intérieur du carré et qu'ils se situent dans des lignes diagonales. Pour optimiser α_1, α_2 à partir des anciennes valeurs $\alpha_1^{old}, \alpha_2^{old}, \alpha_3, \dots, \alpha_N$ (issues de l'itération précédente), on a $\sum_{i=1}^N y^i \alpha_i = 0$ donc $y^1 \alpha_1 + y^2 \alpha_2 = y^1 \alpha_1^{old} + y^2 \alpha_2^{old} = k$ (figure 4.8).

D'abord, on cherche les bords L et H vérifiant $L \leq \alpha_j \leq H$ pour que α_j satisfasse la condition B.13. Selon les signes de y^i et de y^j on peut écrire :

$$\text{Si } y^i \neq y^j, \quad L = \max(0, \alpha_j - \alpha_i), \quad H = \min(C, C + \alpha_j - \alpha_i) \quad (4.6)$$

$$\text{Si } y^i = y^j, \quad L = \max(0, \alpha_j + \alpha_i - C), \quad H = \min(C, \alpha_j + \alpha_i) \quad (4.7)$$

L'étape suivante consiste à calculer la valeur optimale du α_j suivant B.12 en utilisant l'ancienne valeur α_j^{old} .

$$\alpha_j = \alpha_j^{old} - \frac{y^j (E_i - E_j)}{\lambda} \quad (4.8)$$

Où

$$E_k = h(x^k) - y^k \quad (4.9)$$

$$\lambda = 2(x^i \cdot x^j) - (x^i \cdot x^i) - (x^j \cdot x^j) \quad (4.10)$$

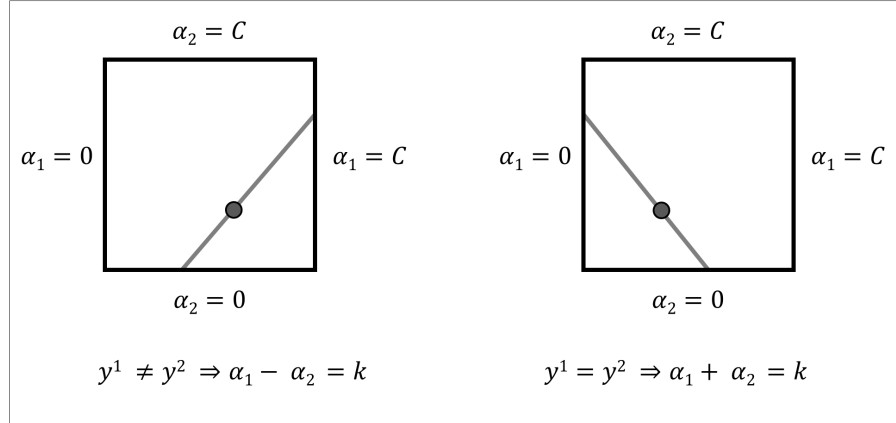


FIGURE 4.8 – Modélisation graphique des contraintes (équations B.13; B.14).

Les détails des calculs se trouvent dans le tutoriel [46]. E_k est l'erreur entre ce que donne SVM en regard du x^k et son label y^k . L'étape suivante consiste à affecter une nouvelle valeur à α_j pour qu'il reste situé dans l'intervalle $[L, H]$:

$$\alpha_j = \begin{cases} H & \text{si } \alpha_j > H \\ \alpha_j & \text{si } L \leq \alpha_j \leq H \\ L & \text{si } \alpha_j < L \end{cases} \quad (4.11)$$

Enfin, après avoir récupéré la valeur optimale du α_j , il est nécessaire de calculer α_i . Ceci est donné par :

$$\alpha_i = \alpha_i + y^i y^j (\alpha_j^{old} - \alpha_j) \quad (4.12)$$

On peut désormais calculer $w = \sum_{i=1}^N \alpha_i y^i x^i$.

Pour calculer w_0 , on doit satisfaire les conditions de KKT, explicité dans l'annexe B.17, pour les i^{me} et j^{me} exemples. En substituant $\alpha_{i,j}$ par son expression 4.12 dans w , et réécrivant la condition de KKT, on obtient :

$$0 < \alpha_i < C \Rightarrow w_1 = w_0 - E_i - y^i (\alpha_i - \alpha_i^{old}) (x^i \cdot x^i) - y^j (\alpha_j - \alpha_j^{old}) (x^i \cdot x^j) \quad (4.13)$$

$$0 < \alpha_j < C \Rightarrow w_2 = w_0 - E_j - y^j (\alpha_j - \alpha_j^{old}) (x^j \cdot x^j) - y^i (\alpha_i - \alpha_i^{old}) (x^j \cdot x^i) \quad (4.14)$$

Si $0 < \alpha_{i,j} < C$ alors les deux valeurs w_1 et w_2 sont valides pour w_0 et elles sont égales. Si non, si $\alpha_{i,j}$ se situent aux limites ($\alpha_i = 0$ ou $\alpha_i = C$ et $\alpha_j = 0$ ou $\alpha_j = C$) alors n'importe quelle valeur entre w_1 et w_2 satisfait les conditions de KKT; on admet $w_0 = \frac{w_1 + w_2}{2}$. Ceci donne l'équation complète pour w_0 :

$$w_0 = \begin{cases} w_1 & \text{si } 0 < \alpha_i < C \\ w_2 & \text{si } 0 < \alpha_j < C \\ \frac{w_1 + w_2}{2} & \text{sinon} \end{cases} \quad (4.15)$$

Pour optimiser le temps de calcul, habituellement on se retourne vers les méthodes heuristiques permettant de choisir les indices i et j . Pour les grandes ensembles de données, ceci est essentiel pour la rapidité de convergence car il y a $N(N-1)$ choix possibles pour i et j et certains entraînent une moindre amélioration que d'autres. Cependant, pour une version simplifiée du SMO manipulant un nombre de données raisonnable, on utilise plutôt un moyen plus simple. Donc, on s'intéresse simplement à itérer sur tous les $\alpha_i, i = 1, \dots, N$. Si la valeur de α_i ne satisfait pas KKT, alors on sélectionne aléatoirement α_j parmi les autres valeurs possibles. L'algorithme converge lorsque les valeurs des multiplicateurs deviennent stationnaires avec les itérations. On propose dans ce qui suit un pseudo-algorithme résumant le déroulement du SMO ainsi que ses entrées (Require) et ses sorties (Ensure). L'initialisation des paramètres C et tol s'avère plus simple que l'initialisation des paramètres de l'algorithme EM. En effet, il s'agit des paramètres à valeurs figées non changeables au cours de déroulement de l'algorithme. La valeur de C , qui définit la marge de l'hyperplan, est inversement proportionnelle à la précision voulue. Sa valeur a été fixé à 0.15. tol est le paramètre de tolérance qui définit la précision de la classification. Sa valeur a été fixée à $1.0e-3$. Ces valeurs ont assuré la convergence de l'algorithme pour toutes les expérimentations mentionnées dans le chapitre 6.

La suppression des faux positifs réalisée grâce au SVM permet de filtrer les voxels candidats pour ne garder que ceux qui représentent le train de grains. Elle ne sert donc pas à différencier entre les grains et les connecteurs. L'étape suivante, montrée dans la figure 4.1, va utiliser un modèle géométrique issu de la planification pour différencier entre les grains et les espaceurs et réaliser la localisation globale des grains.

4.4 Localisation globale du train de grain

L'algorithme de localisation se trouve au point de segmentation du train de grains. Les voxels décrivant le train de grains dans l'image échographique ont été identifiés par une classification Bayésienne suivie par une discrimination par SVM. Dans cette étape on s'intéresse à caractériser le nuage de voxels ainsi obtenus et distinguer parmi ceux-ci qui représentent les grains de ceux qui correspondent aux espaceurs. Comme nous l'avons déjà évoqué, la curiethérapie commence par la planification (voir figure 1.8). Ceci est une étape de préparation au cours de laquelle on planifie les positions optimales de grains pour réaliser une dosimétrie qui respecte les contraintes de dose. La composition des trains de grains diffère en terme de nombre et d'emplacement de grains/d'espaceurs (figure 4.9). La planification contient cette information et va être utilisée pour construire un modèle de l'objet à localiser à partir de l'image extraite. Nous avons choisi de construire un modèle géométrique sous forme d'un nuage de points surfacique correspondant au train de grains. Celui-ci est un ensemble de cylindres connectés ayant des dimensions bien définies :

- Un grain : $\varnothing = 0.8mm$; $L \simeq 4.5mm$.
- Un espaceur : $\varnothing = 0.8mm$; L varie en fonction du type. Il y a quatre :
 1. Long (Femelle-Femelle) $L = 5.5mm$: tient à ses extrémités deux éléments (grains ou espaceurs Femelle/Mâle-Mâle) (S2 de la figure 1.8).
 2. Petit (Femelle-Femelle) $L = 0.5mm$: pareil que Long (Femelle-Femelle) (S1 de la figure 1.8).
 3. Femelle-Mâle $L = 5.0mm$.

Algorithm 1 SMO

Require: $\{C; tol; max_passes; (x^1, y^1), \dots, (x^N, y^N)\}$
Ensure: $\{\alpha \in \mathbb{R}; w_0 \in \mathbb{R}\}$

Initialiser $\alpha_i = 0 \forall i$.
Initialiser $w_0 = 0$.
Initialiser $passes = 0$.
while $passes < max_passes$ **do**
 $num_changed_alphas = 0$.
 for $i = 1, \dots, m$ **do**
 Calculer $E_i = h(x^i) - y^i$
 if $(y^i E_i < -tol \ \&\& \ \alpha_i < C) || ((y^i E_i > tol \ \&\& \ \alpha_i > 0))$ **then**
 Choisir aléatoirement $j \neq i$
 Calculer $E_j = h(x^j) - y^j$
 Garder les anciennes valeurs de α : $\alpha_i^{(old)} = \alpha_i, \alpha_j^{(old)} = \alpha_j$
 Calculer L et H par 4.6 ou 4.7
 if $L \neq H$ **then**
 Calculer λ en utilisant 4.10
 else
 Exécuter l'itération suivante
 end if
 if $\lambda < 0$ **then**
 Calculer et affecter une nouvelle valeur à α_j en utilisant 4.8 et 4.11
 else
 Exécuter l'itération suivante
 end if
 if $|\alpha_j - \alpha_j^{(old)}| \geq 10^{-5}$ **then**
 Déterminer une valeur pour α_i en utilisant 4.12
 Calculer w_1 et w_2 en utilisant respectivement 4.13 et 4.14
 Calculer w_0 en utilisant 4.15
 $num_changed_alphas = num_changed_alphas + 1$.
 else
 Exécuter l'itération suivante
 end if
 end if
 end for
 if $num_changed_alphas = 0$ **then**
 $passes = passes + 1$
 else
 $passes = 0$
 end if
end while

4. Mâle-Mâle $L = 0.5mm$: principalement utilisé avec Long (Femelle-Femelle) ou Femelle-Mâle pour réaliser une distance particulière.

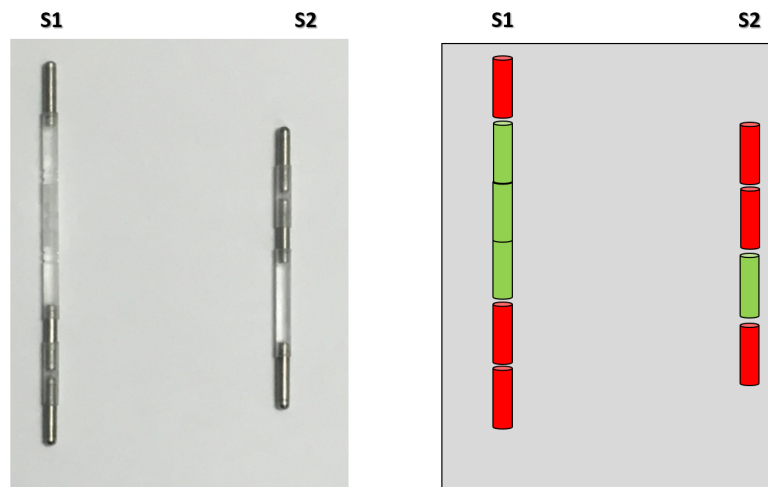


FIGURE 4.9 – Deux trains de grains de différentes compositions et les modèles artificiels correspondants

Les petits connecteurs ayant une longueur de $0.5mm$ ne sont pas modélisés. En effet, leur petite longueur les rend indétectables entre les éléments (grains ou espaceurs) qu'ils connectent.

Le modèle est défini dans le repère *ROI* déduit de la localisation de l'aiguille. Comme nous l'avons évoqué rapidement dans 4.2.1, les grains et les espaceurs sont assez similaires dans les images échographiques. Nous avons fait une expérience sur un fantôme d'agar agar pour le vérifier afin de définir le modèle le plus approprié. En utilisant une aiguille creuse, nous avons injecté un train de grains composé par deux grains connectés, un espaceur de type Long (Femelle-Femelle) et un autre grain. L'image échographique 3D produite est bien celle de la figure 4.10. L'espaceur "long (Femelle-Femelle)" y est aussi clair et visible que les grains métalliques. Même les "comet tail artefacts" générés par cet espaceur sont très similaires à ceux générés par les grains. C'est pourquoi le modèle géométrique du train de grains tient compte des espaceurs contenus dans le train de grains.

La localisation du train de grains va être faite par recalage rigide du modèle représentant chaque train de grains, et des voxels sélectionnés. Pour ce faire, les voxels de dimensions $\approx 0.126 \times 0.126 \times 0.126mm$ sont transformés en des points qui se situent aux centres des voxels. Ce qui fait que la distance entre deux points représentant deux voxels voisins selon une direction est de $0.126mm$. Pour avoir une distance comparable dans les deux nuages de points à recaler, les points 3D représentant le modèle sont espacés de $0.126mm$ dans toutes les directions. Pour le modèle géométrique, on a choisi de générer un nuage de points surfacique afin d'être cohérent avec les voxels sélectionnés. En effet, la suppression des faux positifs par la discrimination SVM retourne le nuage surfacique de voxels du train de grains. On détaille dans ce qui suit l'algorithme de recalage de nuages de points.

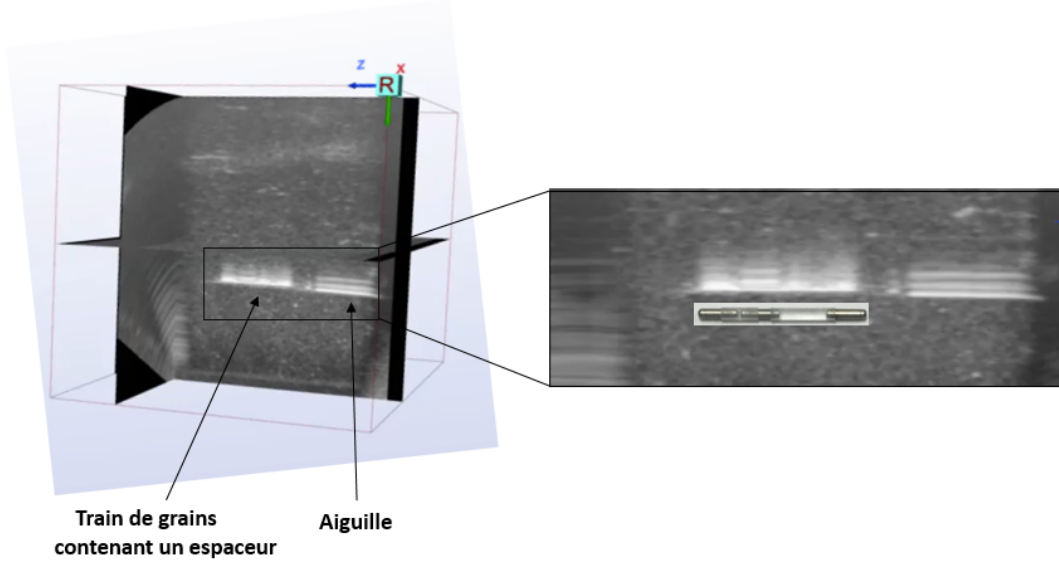


FIGURE 4.10 – Train de grains et une aiguille figurant dans une image échographique 3D d'un fantôme en Agar-agar. Le modèle a été superposé au dessous du train de grains

4.4.1 Recalage rigide par ICP

Il s'agit d'un algorithme de recalage de données 3D connu en anglais par "Iterative Closest Point" ou "ICP"[50],[51]. Les données 3D peuvent être des courbes gauches de n'importe quelles formes, des surfaces 3D ou autres. Dans notre cas, on s'intéresse donc au recalage de deux nuages de points 3D p^1 et p^2 (voir figure 4.11). Il s'agit de minimiser itérativement la distance entre ces deux nuages de points pour converger vers la transformation qui minimise la distance entre deux nuages de points. À chaque itération, l'étape clé consiste à apparier les points p_i^1 d'un nuage de points représentant les voxels avec des points p_i^2 du modèle géométrique. p_i^2 est le point de p^2 le plus proche de p_i^1 . Après apparier, on calcule la transformation $T_k = [R_k, t_k]$ minimisant les distances aux moindres carrés des (p_i^1, p_i^2) . Après application de la transformation T_k au nuage de points p^2 , on peut calculer l'erreur résiduelle selon l'équation 4.16. Ceci est répété autant de fois que nécessaire jusqu'à la convergence.

$$\epsilon_{icp} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N ||p_i^1 - R \cdot p_i^2 - t||^2 \quad (4.16)$$

L'algorithme converge lorsque cette erreur résiduelle atteint un certain seuil choisi en fonction de la résolution géométrique. L'ICP est une méthode qui est connue comme sensible aux outliers (dans notre cas, les quelques points aberrants qui ont réussi à échapper à la suppression de faux positifs). Cependant, une bonne initialisation permet de surmonter ce problème. Or dans notre cas, une bonne initialisation est possible, grâce à la phase précédente de détection de la pointe de l'aiguille : on sait en effet que les grains sont éjectés de l'aiguille à proximité de sa pointe. La convergence de l'ICP a été établie pour tous les exemples de trains de grains testés dans la partie expérimentale (voir § 6). Dans le cas de notre application, on initialise le nuage de points du modèle de train de grains à proximité immédiate de la pointe de l'aiguille typiquement comme il est montré

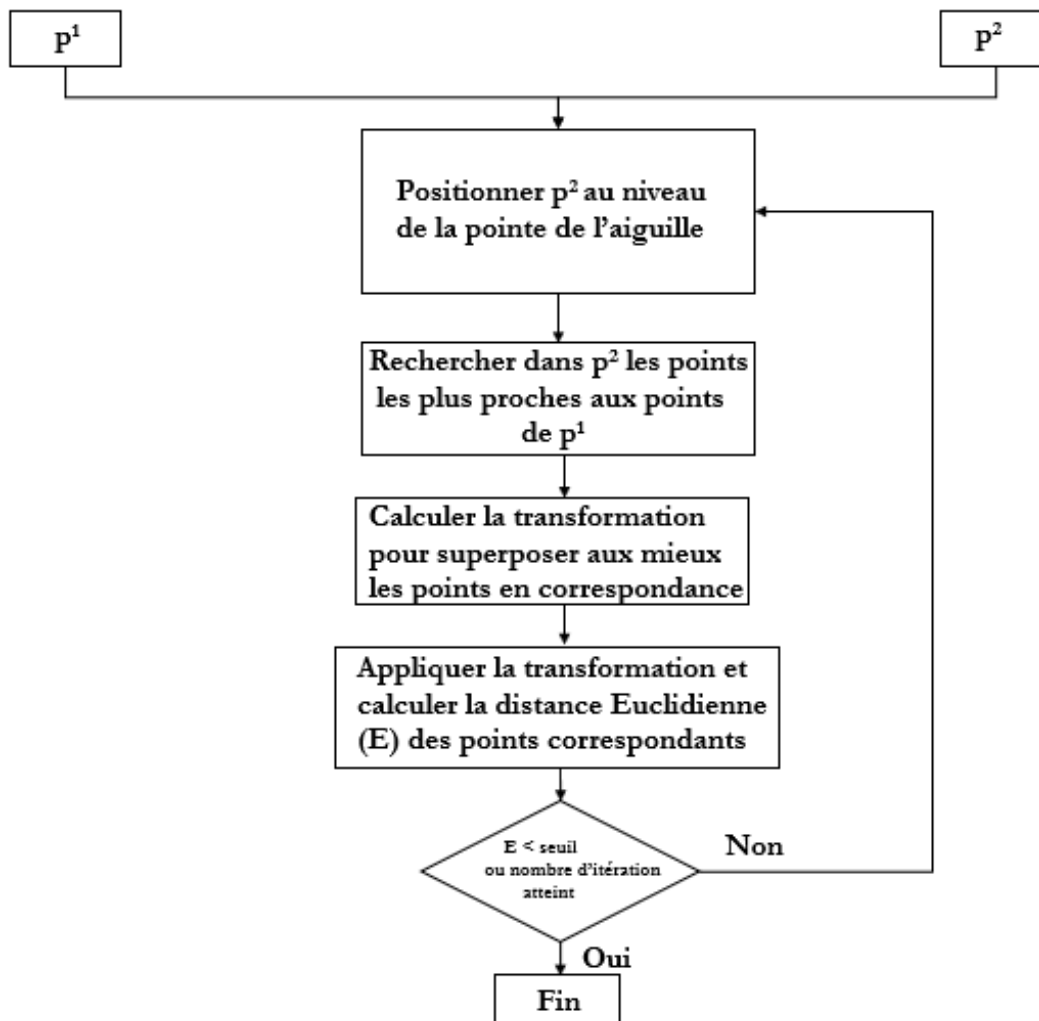


FIGURE 4.11 – Algorithme de recalage des nuages de points "ICP"

dans la figure 4.13.

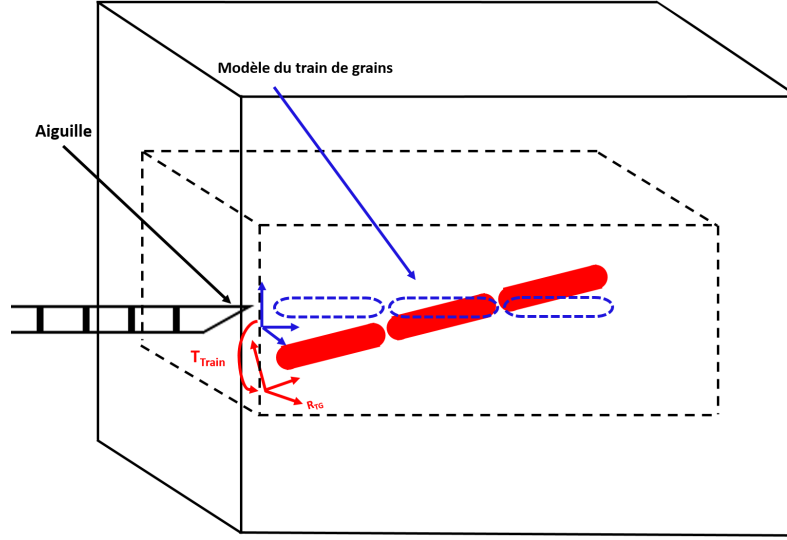


FIGURE 4.12 – Les repères utilisés lors du calcul des transformations T_{Train} . Repère d'image US 3D (X, Y, Z) , Repère du train de grains $R_{TG} = (X_{Train}, Y_{Train}, Z_{Train})$.

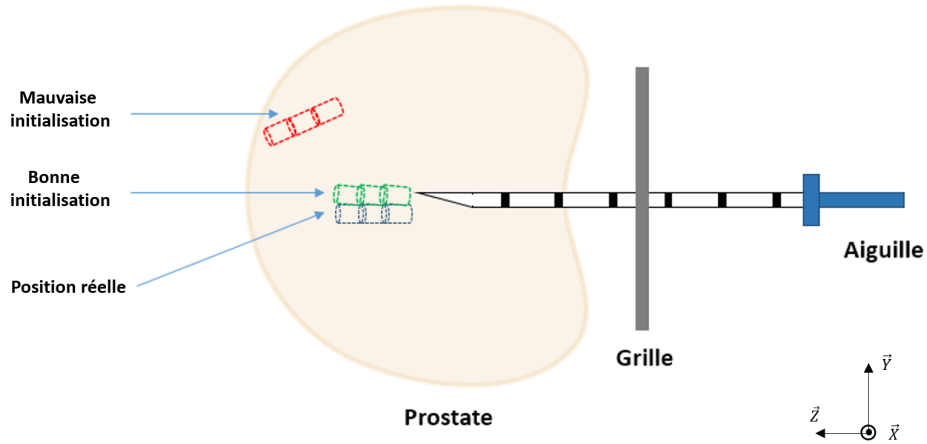


FIGURE 4.13 – Impact de la position initiale du modèle géométrique du train de grains pour ICP

Après avoir aligné les deux nuages de points, la transformation T_{Train} obtenue par le train de grains, présentée dans la figure 4.12, permet de prédire la position de chaque grain/espaceur, et on peut désormais caractériser le train de grains en identifiant les grains et les espaceurs. Concrètement, à travers ce recalage on récupère les coordonnées des centres des grains $(x^{Train}, y^{Train}, z^{Train})$ et l'orientation du train de grains $(\theta_x^{Train}, \theta_y^{Train})$ par rapport à \vec{X} et \vec{Y} du repère image présenté dans la figure 4.12. À cette phase, il est

supposé que tous les grains du train détecté sont alignés. En pratique, les trains de grains peuvent se briser ou se tordre et les grains peuvent subir certaines déviations sous forme de rotations autour de \vec{X} et autour de \vec{Y} du repère image de la figure 4.12. Par conséquent il est nécessaire d'affiner les recherches de positions de chaque grain individuellement. On se base sur le résultat du recalage rigide par l'ICP pour prédire les positions de grains, puis raffiner pour chacun l'estimation de sa position.

4.5 Amélioration de la localisation grain par grain

Nous avons vu qu'un train de grains est un instrument formé par des éléments connectés. Les espaceurs, notamment de type Longue/Petite(Femelle-Femelle) et celles de type Femelle-Mâle, jouent le rôle de connecteurs. En effet, le bout femelle d'espaceur est un cylindre creux ($\emptyset = 0.8$) pouvant contenir un bout mâle d'un autre espaceur ou d'un grain. Bien que le train de grains soit initialement droit et les grains contenus soient bien alignés, lors d'une insertion, des forces engendrent une flexion sur le train de grains, qui dépassent parfois sa flexibilité. Par conséquent, des petites torsions peuvent survenir sur les connecteurs engendrant des déviations sur les grains. Un exemple type est illustré par la figure 4.15.

Généralement, les orientations des grains sont ignorées dans le calcul de la dosimétrie. En effet, le grain est souvent assimilé à un point situé au centre de cylindre et son rayonnement est modélisé par une sphère centrée sur ce point. Ce qui fait que quelles soient les orientations, le rayonnement ainsi que sa contribution à la dosimétrie sont toujours les mêmes. Dans ce cadre, Corbett, J. F. et al [52] ont prouvé qu'une déviation d'orientation n'a qu'une petite influence sur l'histogramme de dose volume. De même, d'après Collins, C. A. et al [53] la variation des orientations des grains n'entraînent pas une différence significative sur la dose.

Cependant, le calcul de dose pour une curiethérapie dynamique et/ou focale est plus exigeant de celui d'une curiethérapie standard. En effet, on ne s'intéresse pas qu'à la dosimétrie globale, mais on doit préciser la contribution et l'impact exact de chaque source radioactive. La forme cylindrique du grain doit être utilisée pour mieux modéliser son rayonnement qui n'est plus invariant aux rotations. Et par conséquent, les déviations des orientations, dues aux torsions des connecteurs lors d'insertion, doivent être quantifiées.

Soit Z_{Train}^{\rightarrow} l'axe d'alignement du train de grains qui a été identifié par le recalage rigide ICP. Le grain peut subir des rotations et de petites translations. La rotation autour de l'axe de grains est non significative et la translation le long de son axe est non détectable. Donc on s'intéresse qu'à chercher $(\theta_X^{Grain}, \theta_Y^{Grain}, t_x^{Grain}, t_y^{Grain})$. Et pour cela, on utilise un modèle de l'image d'un grain.

4.5.1 Métrique de similarité

Si le recalage global du train de grains est guidé par le modèle géométrique, la recherche précise d'un grain doit prendre en compte les artefacts inhérents aux réflexions sur le grain qui contiennent une partie importante de l'information sur l'emplacement et la direction du grain. C'est pourquoi nous avons opté pour un recalage iconique opérant

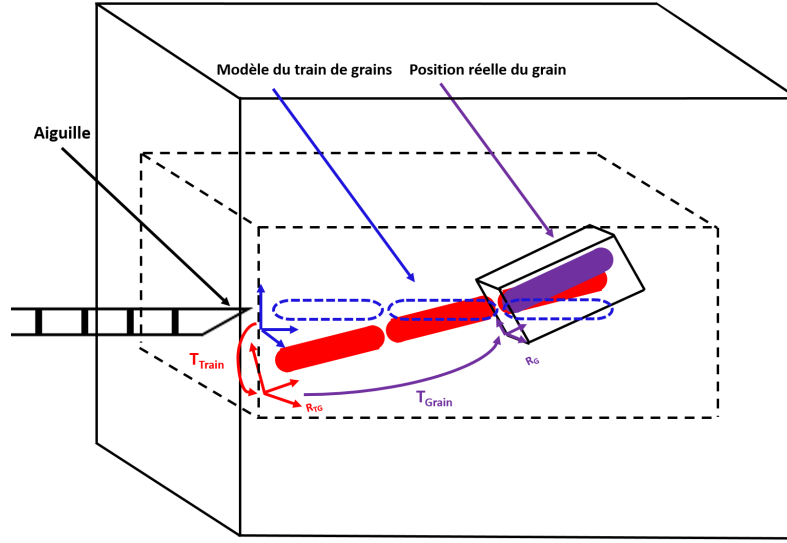


FIGURE 4.14 – Les repères utilisés lors du calcul des transformations $\{T_{Train}, T_{Grain}\}$. Repère d'image US 3D + ROI (X, Y, Z) , Repère du train de grains $R_{TG} = (X_{Train}, Y_{Train}, Z_{Train})$ et repère du grain modèle $R_G = (X_{Grain}, Y_{Grain}, Z_{Grain})$.

non plus sur l'image binarisée mais sur l'image brute et comparant l'image du grain recherché à une image type de grain. Étant dans un cas mono-modal simple, nous avons choisi deux métriques classiques et les avons comparées expérimentalement (voir § 6.6). La première est le rapport de corrélation connu en anglais par "Correlation ratio" ou "CR". La deuxième est la somme des carrés des différences connu en anglais sous le nom de "Sum of Squares Difference" ou "SSD". Dans ce qui suit, on s'intéresse à expliquer le déroulement d'algorithme de l'estimation des orientations en utilisant chaque métrique.

Rapport de corrélation

Le rapport de correction est une mesure de la relation entre la dispersion statistique au sein de catégories individuelles d'un élément donné et la dispersion dans l'élément entier [54]. Concrètement, les catégories individuelles sont les intensités de voxels allant de 0 à 255 et l'élément entier est le volume échographique contenant le grain.

$$\mu^T = 1 - \frac{1}{N\sigma^2} \sum_i N_i \sigma_i^2 \quad (4.17)$$

où

$$\sigma^2 = \frac{1}{N} \sum_x V_g(T(x))^2 - m^2, \quad m = \frac{1}{N} \sum_x V_g(T(x))$$

$$\sigma_i^2 = \frac{1}{N_i} \sum_{x:V_m(x)=i} V_g(T(x))^2 - m_i^2, \quad m_i = \frac{1}{N_i} \sum_{x:V_m(x)=i} V_g(T(x))$$

où

- N : nombre de voxels.
- $V_m(x)$: l'intensité du voxel x dans le premier volume échographique correspondant au grain modèle (comparé).

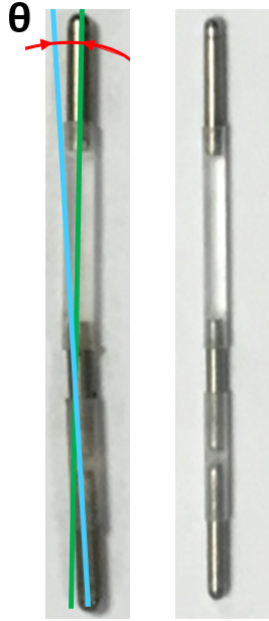


FIGURE 4.15 – Exemple d'un train de grains non droit contenant des grains non alignés

- $V_g(x)$: l'intensité du voxel x dans le deuxième volume échographique du grain (comparant).
- T : La transformation rigide.

Le rapport de corrélation μ^T (équation 4.17) varie entre 0 et 1. La limite $\mu = 0$ représente le cas particulier où il n'y a aucune similarité entre les deux volumes. Alors que, $\mu = 1$ traduit qu'aucune dispersion n'est retrouvée dans les volumes. Donc, la similarité est maximale en se rapprochant à 1. La transformation optimale T_{Grain} est celle qui maximise le rapport (équation 4.18).

$$T_{Grain} = \max_T(\mu^T) \quad (4.18)$$

SSD

La somme des différences carrées est une métrique de similarité très sensible aux variations d'intensité [55]. Selon l'équation 4.19, les valeurs retournées varient entre 0 et $255 \times N$. Le 0 est obtenu en comparant un volume à lui-même. La meilleure transformation, celle qui garantit la meilleure correspondance entre les volumes, est la transformation qui minimise la valeur du SSD (équation 4.20).

$$SSD^T = \frac{1}{N} \sum_x (V_m(x) - V_g(T(x)))^2 \quad (4.19)$$

$$T_{Grain} = \min_T(SSD^T) \quad (4.20)$$

Pour mener à bien la comparaison, le deuxième volume contenant le grain test V_g doit avoir les mêmes dimensions que celles du V_m . Dans ce qui suit, on explique le choix du

grain modèle, les dimensions du volume contenant et aussi l'expression de la transformation T_{Grain} .

Grâce à la localisation globale assurée par ICP permettant d'identifier grossièrement le train de grains et approcher l'estimation de la position de chaque élément, nous pouvons élaborer une recherche exhaustive locale sur chaque grain afin de trouver la transformation optimale T_{Grain} .

4.5.2 Modèle d'apparence d'un grain

Le grain modèle est le grain de référence avec lequel la comparaison sera menée. Deux facteurs principaux doivent intervenir lors de son choix. Le premier est relatif à la l'emplacement et aux directions et le deuxième concerne la clarté et la visibilité dans le volume contenant. Le grain modèle, extrait à partir d'une image échographique 3D, a été choisi de manière à ce qu'il soit bien centré et droit dans le volume qui le contenant ($\theta_X = \theta_Y = 0$). Concernant le deuxième facteur, on a essayé de choisir un grain plutôt clair et visible n'ayant pas d'artefacts lumineux autres que ceux qu'il produit à sa proximité immédiate car ceux-ci pourraient gêner la comparaison. La figure 4.16 contient un volume d'un grain modèle.

D'autres contraintes sur les dimensions du volume contenant doivent être respectées. D'abord, tous les volumes contenant les grains tests doivent être de mêmes dimensions que celui du grain modèle. Aussi, le fait que la comparaison se fait grain par grain exige que chaque volume ne contiennent qu'un seul grain. D'après le protocole du déroulement de la curiethérapie dynamique § 1.1.2, les aiguilles d'injection de trains de grains sont insérées à travers une grille de repérage ayant des trous régulièrement distants dans les deux directions horizontale et verticale. La distance selon chaque direction entre deux trous est de 5mm. Appelons cette distance Δ . Donc, en tenant compte de l'emplacement centré du grain dans le volume, on peut conclure qu'au delà de 2Δ , on trouve potentiellement plus qu'un seul grain dans le même volume. Pour respecter cette contrainte, les dimensions des volumes échographiques (selon x,y et z) doivent être de l'ordre de $(\Delta, 2\Delta, L)$ où L est la longueur du grain. On propose une explication schématique dans la figure 4.17.

Le but de cette étape est de résoudre le problème de déviation des orientations des grains connectés en cherchant T_{Grain} . Comme nous l'avons montré dans la figure 4.10, les espaces et les connecteurs ont la même réponse dans l'image échographique et apparaissent le long de Z_{Train}^{\rightarrow} comme un ensemble homogène. Ceci rend le raffinement de t_z^{Grain} le plus souvent impossible. Comme le grain a une forme cylindrique, la rotation autour de son axe principal est indéterminée. C'est pourquoi le raffinement de $\{t_z^{Grain}, \theta_z^{Grain}\}$ ne peut pas être effectué à ce stade. Ceci dit la solution proposée retourne les positions géométriques des grains (x, y, z) ainsi que leurs orientations (θ_X, θ_Y) grâce à l'étape précédente.

4.6 Synthèse

Ce chapitre termine la première partie qui a porté sur la présentation des méthodes proposées. Nous avons abordé dans ce chapitre la localisation de trains de grains à partir

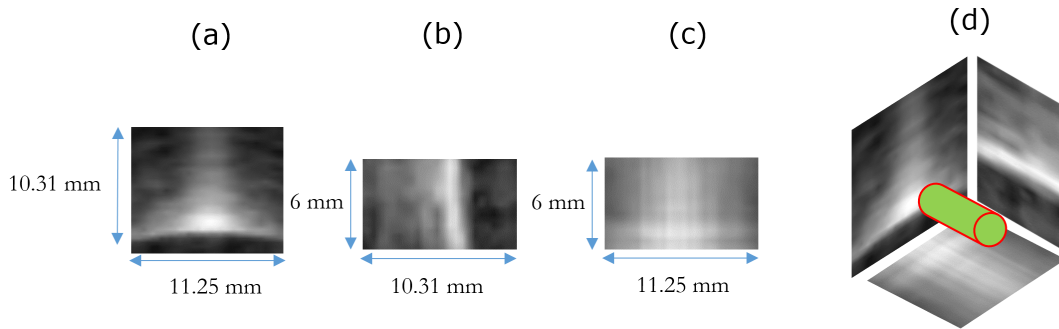


FIGURE 4.16 – Volume échographique d'un grain radioactif (d) et les trois coupes (a) axiale, (b) sagittale et (c) transversale passant par ce grain.

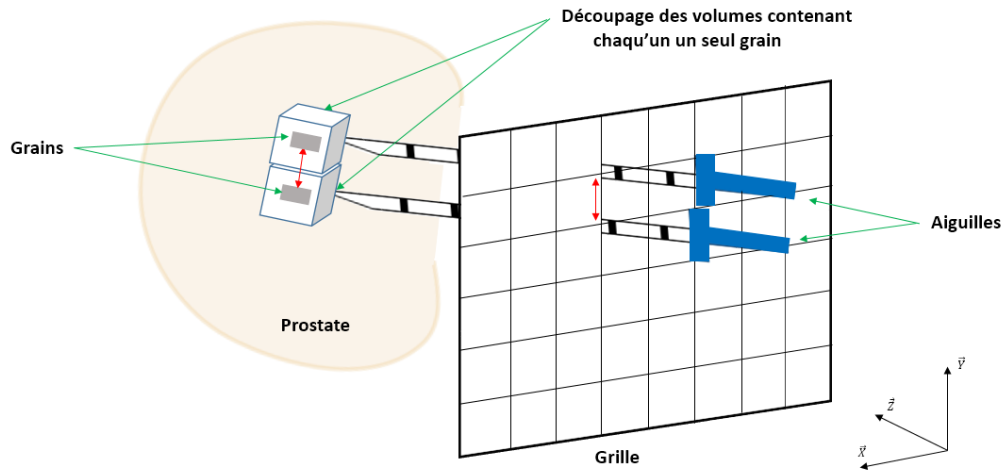


FIGURE 4.17 – Illustration de la contrainte sur les dimensions des volumes contenant liée à l'injection de grains à travers des aiguilles voisines

des images échographiques 3D. Nous avons commencé par montrer l'utilité de la localisation d'aiguille pour délimiter le volume de recherche. Ensuite, nous avons exposé une modélisation de l'approche proposée, qui se compose de quatre étapes consécutives, trois entrées et deux sorties.

Le travail est mené sur le volume de recherche qui englobe l'aiguille, ceci est la première entrée. Afin d'assurer une binarisation adaptative, on a employé la méthode développée pour la localisation d'aiguille en ajustant les paramètres d'initialisation pour prendre en compte les spécificités du train de grains, notamment celles relatives aux dimensions. On a présenté notre méthode basée sur la classification Bayésienne (§ 4.2.1) et sur la façon de bien choisir les paramètres d'initialisation de l'algorithme EM (§ 4.2.2). La deuxième étape visant à éliminer les faux positifs. En effet quelques voxels $\in X_B$, ayant des luminosités de mêmes ordres que celles des voxels $\in X_{TG}$, ont été sélectionnés à l'étape de la classification Bayésienne. La classe contenant les voxels du train de grains se divise en deux groupes : $X_{TG} = X_{TG}^1 \cup X_{TG}^2$. Pour pouvoir les séparer, on a calculé les normes de gradient selon les directions \vec{X} et \vec{Y} du repère image et on les a utilisés comme des descripteurs permettant d'avoir une nouvelle représentation discriminante (figure 4.4).

On a utilisé SMO pour entraîner SVM en estimant la droite séparatrice.

Au cours de la troisième étape, on s'est servi d'un modèle géométrique du train de grains, représenté par un nuage surfacique de points, pour caractériser le nuage de voxels déjà obtenus. Le modèle géométrique est la deuxième entrée de l'algorithme présenté dans la figure 4.1. La caractérisation de voxels du train de grains vise à localiser et à identifier les grains parmi les éléments connectés. On a utilisé l'algorithme de recalage rigide ICP pour aligner les deux nuages de points, celui du modèle géométrique décrivant la composition du train de grains injecté sur celui sélectionné par une classification Bayésienne suivie d'une discrimination par SVM. Ceci a retourné les coordonnées du centre du chaque grain $(x^{Train}, y^{Train}, z^{Train})$ dans le repère image, ainsi que la direction du train de grains décrite par les angles $(\theta_X^{Train}, \theta_Y^{Train})$.

Les transformations retournées décrivent le train de grains comme un bloc. Cependant, des petites cassures peuvent survenir sur les connecteurs engendrant des grains/espaceurs non alignés. C'est pourquoi, dans la quatrième étape, on s'est intéressé à estimer les bonnes orientations de chaque grain séparément à travers une comparaison avec un volume réduit contenant un grain modèle. En plus des orientations $(\theta_X^{Grain}, \theta_Y^{Grain})$, la transformation retournée contient aussi de translations de quelques millimètres $(t_x^{Grain}, t_y^{Grain})$ qui représentent des petites déviations en translation. Finalement, les sorties, qui sont les positions et les orientations de chaque grain, ont été obtenues en combinant les résultats des deux dernières étapes.

Deuxième partie

Expérimentations, résultats et discussions

Introduction générale

Après la présentation du contexte, de la problématique et des propositions de méthodes dans la première partie, la deuxième partie présente la méthodologie expérimentale et les résultats obtenus ainsi qu’une discussion des travaux réalisés. Cette partie se compose de trois chapitres qui sont :

- Chapitre 5 : Localisation d’aiguille, son corps et sa pointe.
- Chapitre 6 : Localisation de grains.
- Chapitre 7 : Discussion et conclusion générale.

Le cinquième chapitre présente les résultats de binarisation, de détection d’aiguille par une approximation polynomiale optimisée, de détection de pointe et les résultats les images échographiques employées.

Le sixième chapitre est consacré à la présentation des résultats de binarisation, de suppression de faux positifs et de la localisation globale et individuelle de grains.

Le septième chapitre de discussion contient notamment la comparaison des résultats de notre méthode aux méthodes de l’état de l’art.

Chapitre 5

Localisation d'aiguilles dans les images échographiques 3D

Sommaire

5.1	Expérimentations	90
5.2	Binarisation par une classification Bayésienne binaire	90
5.2.1	EM	90
5.2.2	Résultats de binarisation	92
5.3	Détection d'aiguille par une approximation optimisée	94
5.4	Détection de pointe	96
5.5	Résultat sur image de fantôme en Agar-agar	97
5.6	Résultats sur images cliniques	99

5.1 Expérimentations

On commence dans ce chapitre par décrire la procédure d'acquisition des images échographiques 3D sur lesquelles la méthode de localisation d'aiguille a été testée. D'abord, deux types d'image échographique 3D sont utilisés. Le premier type est celui des images de fantôme en Agar-agar. Ces expérimentations sur fantôme nous ont permis de réaliser les premiers tests et la mise au point de nos méthodes dans un contexte simplifié avant l'obtention des images cliniques dans le cours de la thèse. Le fantôme est construit avec une concentration de 2.8% d'agar. Nous n'avons pas mesuré précisément les caractéristiques mécaniques de ce fantôme, mais des travaux au laboratoire ont mesuré un module d'Young de 110 kPa pour un fantôme en Agar-agar de dimensions proches, dosé à 2.5% [56], [57]. À titre de comparaison, l'élasticité d'une prostate normale est de l'ordre de 35 kPa et cette élasticité semble tripler pour des tissus cancéreux. Nous sommes dans des ordres de grandeur comparables. Des images échographiques 3D sont acquises en utilisant la sonde TRINITY® (Koelis, Meylan, France) (figure 5.1). La sonde comporte un moteur interne pour faire tourner une barrette de transducteurs de 170° autour l'axe principal de la sonde. La fréquence centrale du transducteur a été réglée à 7 MHz, et la profondeur de capture a été réglée à 80 mm. La taille d'une image générée est de 95x95x80 mm, avec une taille de voxel de 0.3125x0.3125x0.3125 mm.

Le deuxième type concerne les images échographiques 3D anonymisées acquises en bloc opératoire de la CHU de Brest sur neuf patients grâce au protocole clinique FOCUS NCT03160365 "Innovative planning and guidance system for focal prostate brachytherapy". Les acquisitions ont été faites en utilisant une sonde échographique de type "BK". Son transducteur biplan acquiert 75 images axiales de capture écran de taille 600x580. Une image 3D est générée, à partir des images axiales, avec une taille de voxel de 0.26x0.26x1 mm.

Chaque aiguille est insérée à une certaine profondeur pour atteindre la position qui a été définie dans la planification qu'on dispose. On commence par présenter les résultats obtenus de chaque étape intermédiaire de la méthode. Puis, à la fin du chapitre, on va détailler les résultats de la localisation d'aiguille sur chaque type d'image échographique.

5.2 Binarisation par une classification Bayésienne binaire

Le problème de binarisation du volume échographique est résolu par la classification Bayésienne. Le calcul des paramètres demandés s'effectue d'une manière automatique, adaptative et autonome sans intervention de l'utilisateur. Ceci est assuré par l'algorithme EM § 3.2.2.

5.2.1 EM

On a employé l'algorithme de prédiction des paramètres d'un mélange de gaussienne "Expectation-Maximisation" pour prédire les valeurs des paramètres impliqués $\Theta_i = (\pi_i, \mu_i, \sigma_i)$, où i est l'indice de parcours des classes. Les classes présentes $\{Aiguilles\{X_A\}, Background\{X_B\}\}$ ne sont pas équiprobables. En effet, l'aiguille est un objet mince qui correspond à un nombre limité de voxels. La classe "background" domine la classe aiguille qui a une faible probabilité d'existence. Le plus grand défi à relever a

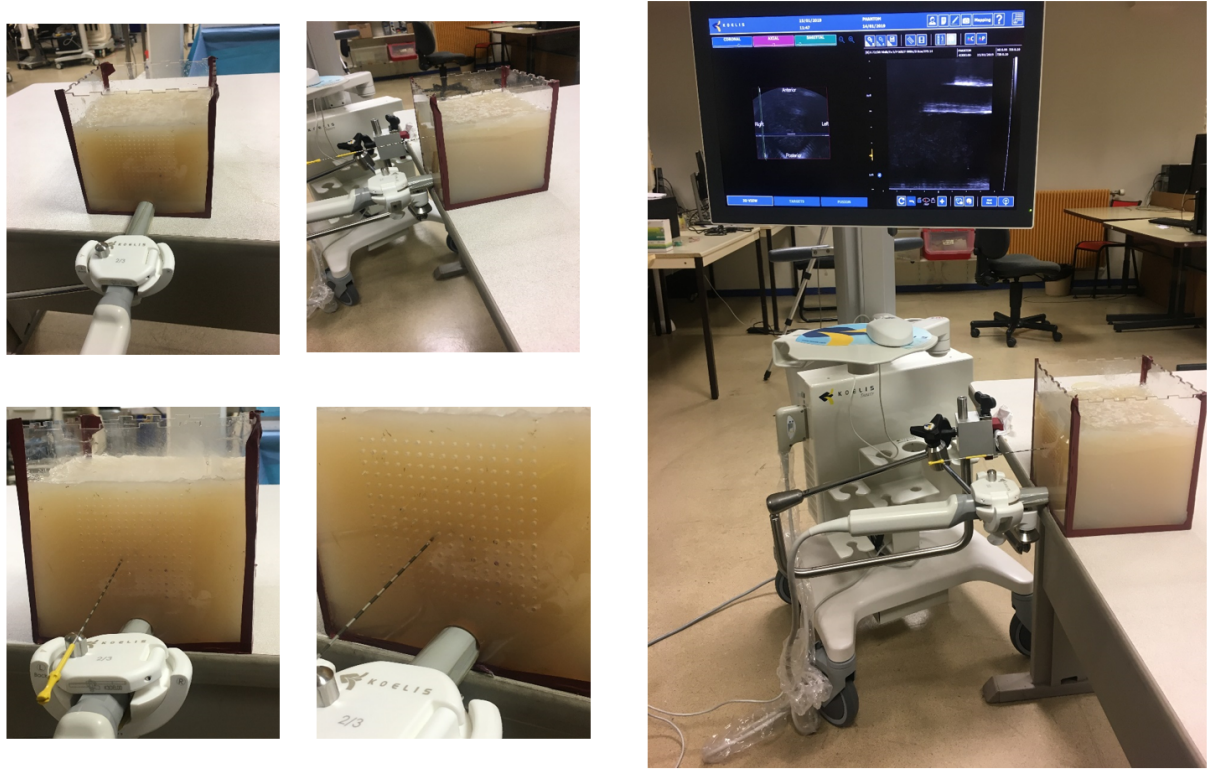


FIGURE 5.1 – Acquisition des images échographiques 3D sur un fantôme en agar-agar en utilisant la sonde TRINITY ® (Koelis, Meylan, France) pour la localisation d’aiguilles

été de garantir la convergence des paramètres de la classe dominée X_A . Pour cela, on a ajusté l’initialisation de façon que la moyenne de la classe dominée μ_{X_A} atteigne le pic de la gaussienne correspondante. L’explication détaillée de la logique d’initialisation est présentée à la fin de § 3.2.2. Bien que cette logique ait été toujours respectée, les valeurs d’initialisation pour les images cliniques que nous avons sélectionnés empiriquement sont différentes des valeurs choisies pour les images de fantôme.

$$\begin{aligned}
 \text{— Pour les images de fantôme} \quad & \begin{pmatrix} \mu_{X_A} & \mu_{X_B} \\ \sigma_{X_A} & \sigma_{X_B} \\ \pi_{X_A} & \pi_{X_B} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 255 & 100 \\ 3 & 60 \\ 0.05 & 0.95 \end{pmatrix} \\
 \text{— Pour les images cliniques} \quad & \begin{pmatrix} \mu_{X_A} & \mu_{X_B} \\ \sigma_{X_A} & \sigma_{X_B} \\ \pi_{X_A} & \pi_{X_B} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 255 & 150 \\ 7 & 60 \\ 0.03 & 0.97 \end{pmatrix}
 \end{aligned}$$

L’automatisation du choix de ces valeurs sera discutée en § 7.1.1.

Sur 9 volumes échographiques d’aiguilles, sélectionnés aléatoirement à partir des 9 images cliniques, on a comparé les valeurs des moyennes retournées avec celles des moyennes observées sur les histogrammes correspondants (voir figure 5.2). Cette comparaison illustre

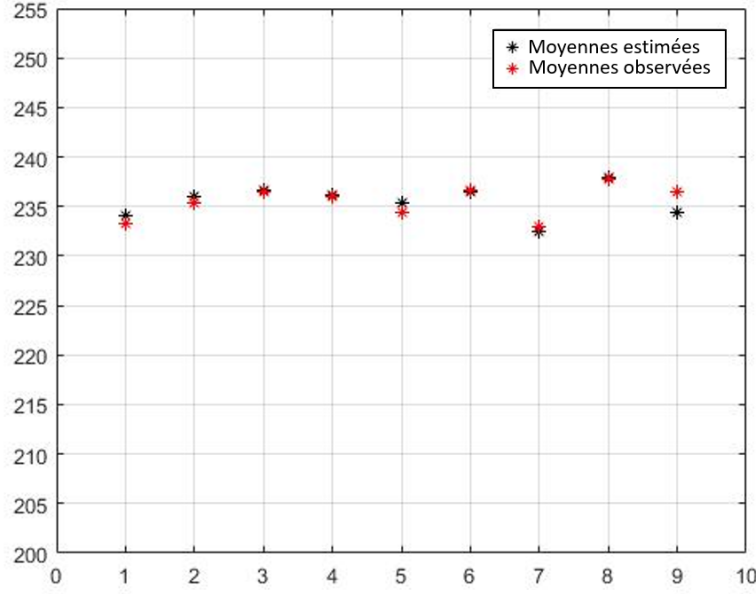


FIGURE 5.2 – Valeurs des moyennes μ_{X_A} estimées par EM pour 9 aiguilles de 9 images cliniques comparées avec celles des moyennes observées.

la rigueur de l'estimation des moyennes qui représente la bonne convergence des paramètres de la classe ayant la plus faible probabilité d'existence. La convergence est effectuée après une dizaine d'itérations. Même si au bout de 15 itérations la différence des valeurs des paramètres entre deux itérations successives n'est toujours pas inférieure à ϵ , la convergence est considérée établie. Dans ces cas, on trouve que la différence atteint une valeur légèrement supérieure à ϵ au bout d'une itération entre 13 et 17. La moyenne d'erreur est inférieure à l'unité de niveau de gris ($= 0.62$). Sur les 9 exemples montrés dans la figure 5.2, la valeur de la moyenne d'erreur est nettement inférieure à la variabilité de la valeur du μ_{X_A} qui est égale à 2.54.

5.2.2 Résultats de binarisation

Toujours dans le cadre du calcul probabiliste, il est nécessaire de calculer la carte de probabilité d'appartenance de chaque voxel à la classe aiguille X_A comme on peut le voir dans la figure 5.3. Une couleur allant du jaune au bleu est attribuée à chaque probabilité. Lorsqu'un voxel x appartient à la classe aiguille X_A alors la couleur bleue lui est attribuée. Sinon, lorsqu'un voxel x n'appartient pas à la classe aiguille X_A alors la couleur jaune lui est attribuée. Les autres voxels ayant des probabilités d'appartenance entre 0 et 1 sont affectés aux couleurs entre le jaune et le bleu en cohérences avec les valeurs des probabilités. On montre dans la figure 5.3 un exemple d'une carte de probabilité d'un volume échographique contenant une aiguille. L'aiguille est représentée par des voxels bleus entourés par des voxels verts. D'autres voxels verts, ayant des probabilités d'appartenance non nulles, sont situés tout au bout du volume. Par ailleurs, certains voxels n'appartenant pas à l'aiguille, peuvent être sélectionnés parmi la classe X_A (les faux positifs). Aussi, on remarque que certains voxels au milieu de l'aiguille ne sont pas colorés en bleu, ce sont les couleurs jaunes et vertes qui leur ont été affectées (les faux négatifs). Il

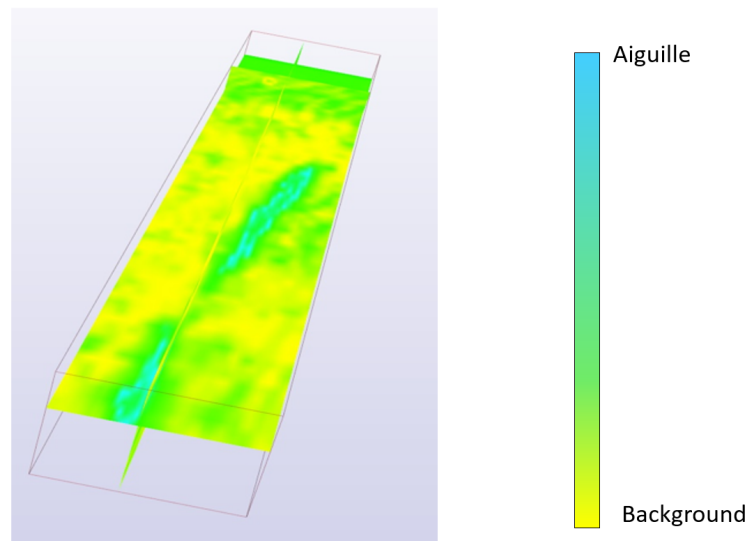


FIGURE 5.3 – Carte de probabilité d’un volume échographique, extrait d’une image 3D clinique, contenant une aiguille impactée par une région d’ombre

s’agit d’une aiguille impactée par une région d’ombre. On distingue les aiguilles passant par une ou des zones d’ombre et les autres non ombrées. Pour calculer les taux de faux positifs (FP) et de faux négatifs (FN), on a estimé grossièrement le nombre de voxels FP et FN que l’on a divisé par le nombre total de voxels sélectionnés.

1. Quatre exemples d’aiguilles ombrées
 - Taux moyen de FP $\simeq 0.13$
 - Taux moyen de FN $\simeq 0.21$
2. Dix exemples d’aiguilles non ombrées
 - Taux moyen de FP $\simeq 0.04$
 - Taux moyen de FN ≤ 0.01

Cette section illustre quelques résultats de binarisation par classification Bayésienne binaire. Cinq volumes extraits à partir de différentes images échographiques 3D sont présentés dans la figure 5.4. Le premier en haut est une image d’aiguille dans un volume échographique. Les 4 autres résultats illustrent que la binarisation n’est pas parfaite, avec des faux positifs et des faux négatifs.

Ces exemples permettent de faire deux remarques qui sont vraies pour les autres tests effectués :

- Les voxels sélectionnés décrivent l’allure courbée de l’aiguille.
- Les faux positifs sont éparpillés dans les volumes.

L’épaisseur de l’aiguille sélectionnée traduit par le nombre de voxels retournés par la classification Bayésienne dépend directement du contraste de l’aiguilles dans le volume initial. Par exemple, le passage à travers une région de faible luminosité, comme une zone d’ombre, minimise le nombre de voxels sélectionnés des régions concernées ou, parfois,

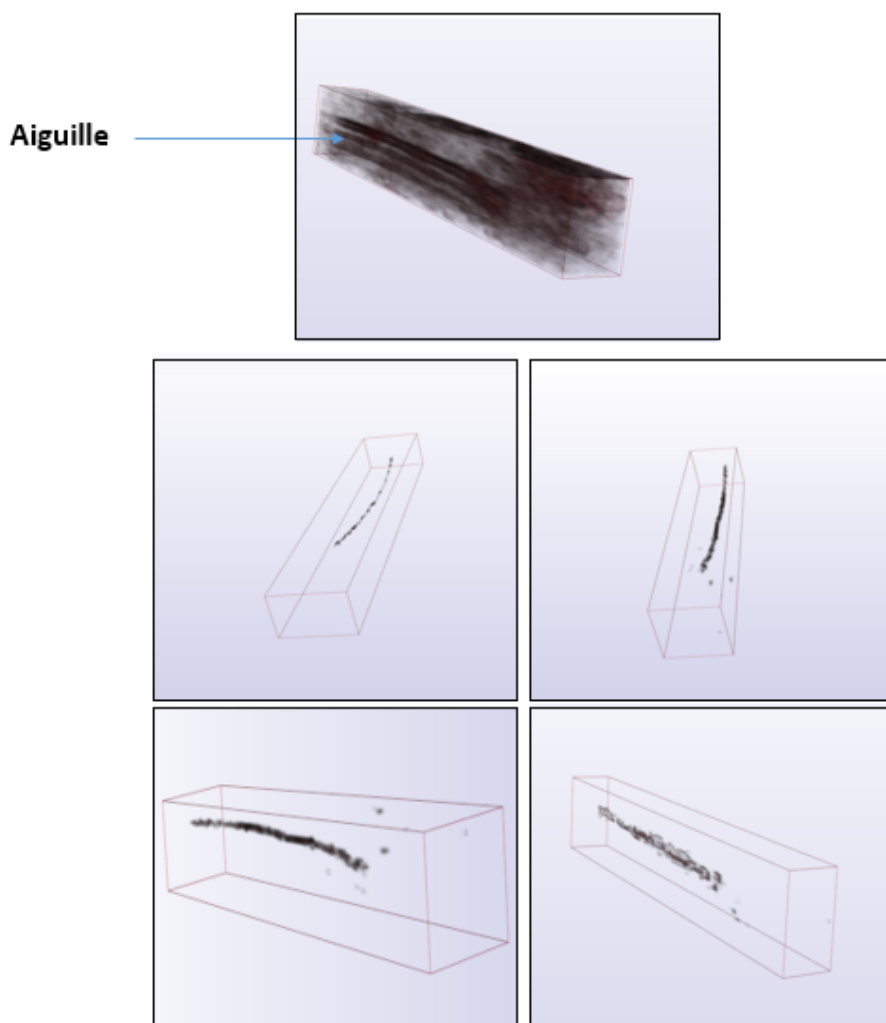


FIGURE 5.4 – Résultats de binarisation de quelques volumes échographiques, extraits des images 3D cliniques, par une classification Bayésienne où les dimensions des volumes est de l'ordre de 30x30x70 mm

les supprime carrément (figure 5.5). On s'intéresse à montrer ci après, que l'approximation optimisée employée pour déterminer la courbe définissant l'aiguille est capable de compenser ces erreurs.

5.3 Détection d'aiguille par une approximation optimisée

Cette section se base sur la figure 5.5 où le nuage de points définissant l'aiguille est coloré en rouge. Celle-ci montre trois exemples de détection d'aiguille à partir du nuage de points sélectionné par une classification Bayésienne, en utilisant l'approximation optimisée (§3.3.1). Pour les deux premiers exemples, l'allure parabolique de l'aiguille est déduite à partir de celle du nuage de points. Ils s'agit de deux exemples d'aiguille non impactée par une zone d'ombre, et par conséquent entièrement visible dans l'image échographique. Les taux de FN et de FP sont relativement faibles (respectivement $<.01$; ≈ 0.02).

Le troisième exemple, celui du bas, montre une aiguille impactée par une zone d'ombre. Il illustre la discontinuité qu'on retrouve sur le nuage de points rouges et les taux de FN et de FP relativement élevés (respectivement $\simeq 0.2$; 0.25). Bien que l'allure de l'aiguille suive fidèlement l'allure parabolique du nuage de points, sa pointe semble être mal identifiée. En effet, toujours d'après le troisième exemple de la figure 5.5, le grand nombre de faux positifs influe sur la fonction coût (voir § 3.3.1) de manière que la pointe de l'aiguille ne corresponde pas au dernier point du nuage. Cet exemple démontre l'intérêt d'effectuer un post-traitement pour détecter la vraie pointe.

Comme nous l'avons vu en § 3.3.1, la recherche de la meilleure courbe s'est faite par des optimisations relatives aux choix des points de contrôle. Elles nous permettent à la

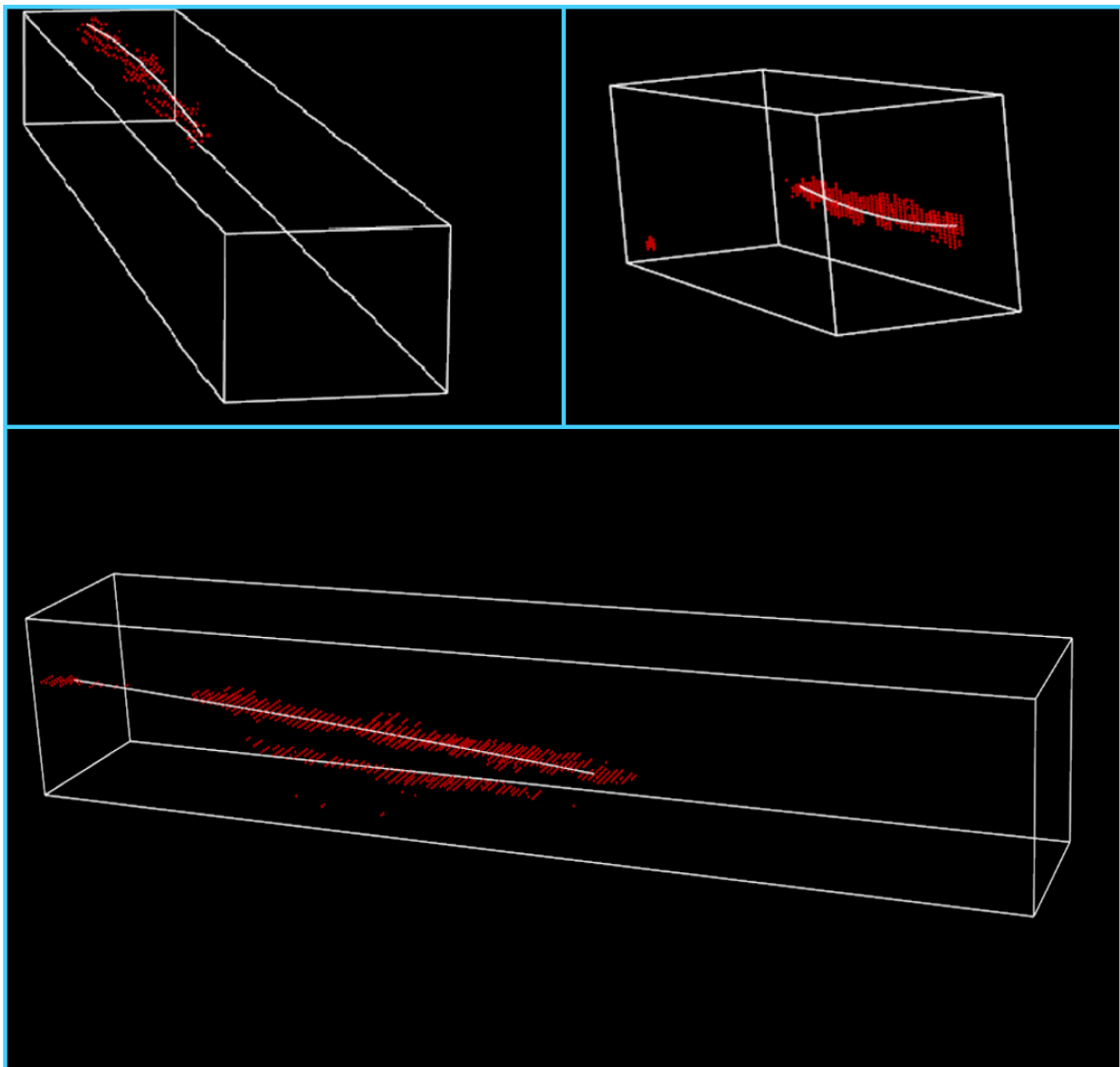


FIGURE 5.5 – Quelques résultats de détection d'aiguille dans des images cliniques

fois de limiter le temps de calcul et d'élaborer une recherche exhaustive pour garantir le meilleur choix du triplet de points. Pour détecter une aiguille à partir du nuage de points, le temps d'exécution ne dépasse pas 1 seconde. En moyenne, l'approximation optimisée met environ 700 milliseconde.

5.4 Détection de pointe

Principalement lorsque une aiguille est impactée par une région d'ombre, sa pointe détectée est déviée de quelques millimètres par rapport à sa position réelle. On utilise une seconde recherche pour identifier le bon voxel décrivant la vraie pointe de l'aiguille. Les figures 5.6 et 5.7 illustrent deux exemples de résultats. Le premier concerne une aiguille quasiment entièrement visible, alors que le deuxième est l'exemple d'une aiguille ombrée. L'amélioration de la détection de pointe est évidente sur l'aiguille ombrée. En effet, d'après la figure 5.7, la grosse chute d'intensité (droite bleue) ne correspond pas à la pointe initiale (droite passant l'étoile rouge). Pour cet exemple, on a pu améliorer la détection de pointe d'environ 3.9mm. Pour ce qui concerne l'aiguille non ombrée, la distance entre les deux pointes n'est pas énorme. Elle est de l'ordre de 1.8mm. En effet,

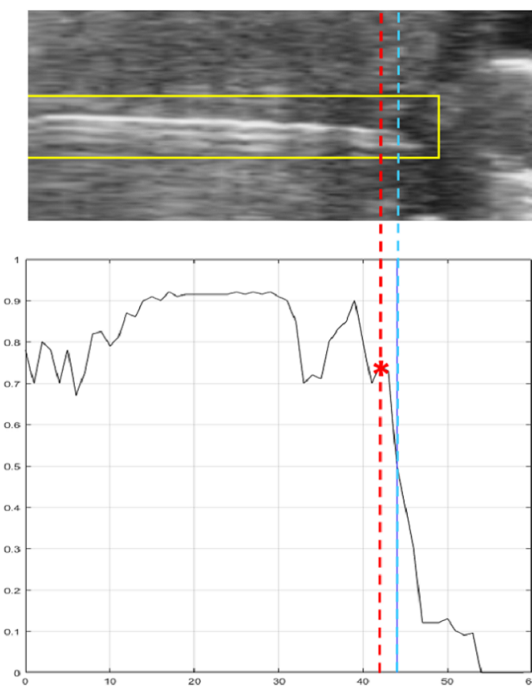


FIGURE 5.6 – Détection de la vraie pointe d'une aiguille non ombrée correspondant à la grosse chute d'intensité (droite bleue). L'ancienne pointe correspond à la droite interrompue passant par l'étoile rouge

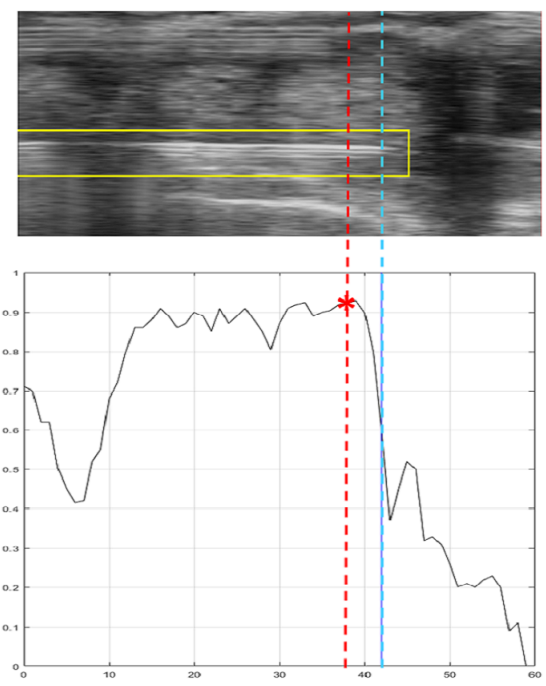


FIGURE 5.7 – Détection de la vraie pointe d'une aiguille ombrée correspondant. La droite bleue correspond à la grosse chute d'intensité. La pointe initialement détectée correspond à la droite interrompue passant par l'étoile rouge.

d'après l'exemple de la figure 5.6, la grosse chute d'intensité (droite bleue) est très proche à la pointe initialement détectée (droite passant l'étoile rouge).

5.5 Résultat sur image de fantôme en Agar-agar

Nous avons évalué les résultats de l'algorithme à l'aide d'une segmentation manuelle de l'aiguille. On s'intéresse principalement à la pointe de l'aiguille. En effet, elle représente l'information la plus pertinente pour récupérer la ROI. Nous avons d'abord mesuré l'objectivité de notre segmentation manuelle en segmentant de façon répétée deux aiguilles arbitraires contenues dans deux images différentes, à des temps éloignés. L'écart-type obtenu pour la localisation de pointe est de l'ordre de 0.4mm. La segmentation manuelle de la pointe d'une aiguille est effectuée simplement en identifiant son tout dernier voxel.

8 aiguilles ont été insérées dans le fantôme avec des différentes profondeurs. Une acquisition d'une image échographique est effectuée suite à chaque insertion. Ce qui nous fait 8 images 3D de test à partir desquelles la localisation des aiguilles a été réalisée et évaluée. Nous présentons dans la figure 5.8 la distribution des insertions sur la grille de repérage. Par rapport aux images cliniques, les images échographiques de fantôme sont moins bruitées et comportent moins d'artefacts. En effet, aucune région d'ombre n'ap-

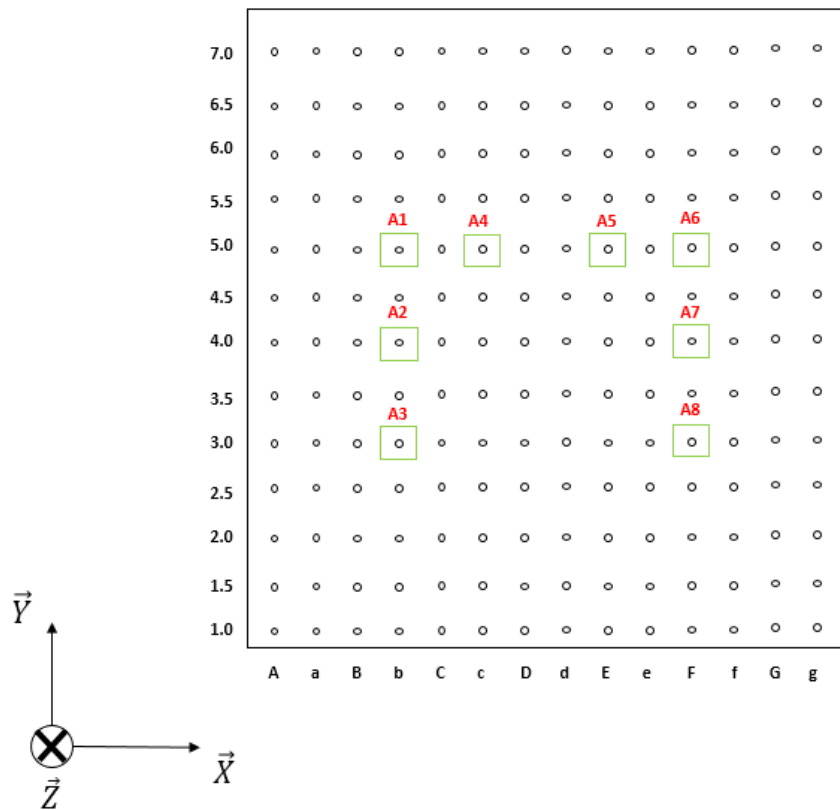


FIGURE 5.8 – Positions des aiguilles dans le plan de dosimétrie préopératoire. Les index des aiguilles sont marqués en haut des cases; $A_i, i = \{1, \dots, 8\}$

paraissait dans les images produites, contrairement à ce qui est trouvé dans les images cliniques. L'erreur de localisation de pointe est comprise entre 0.9 et 2.6 mm avec une moyenne de 1.4 mm et un écart-type de 0.29 mm. Après la relance de la recherche de pointe, la valeur maximale, la valeur moyenne et l'écart-type de l'erreur baissent à 1.25 mm, 0.61 mm et 0.096 mm respectivement. Ces chiffres sont résumés dans le schéma de la figure 5.9. Les aiguilles localisées sont de différentes profondeurs d'insertion. La valeur moyenne de la profondeur d'insertion est égale à 45 mm. Ceci donne une erreur moyenne de localisation de pointe de l'ordre de 1.38% de la profondeur moyenne d'insertion.

Pour calculer l'erreur de déviation directionnelle globale de l'aiguille, on ignore la courbure parabolique de l'aiguille et on l'approxime par le segment formé par son origine et son extrémité. De la même manière on approxime le segment de la segmentation manuelle et on mesure l'angle entre la localisation automatique et la segmentation manuelle (voir figure 5.10). L'erreur trouvée est comprise entre 0.8° et 2.9° avec une moyenne de 1.83° . La figure 5.11 montre la localisation des 8 aiguilles insérées dans le fantôme.

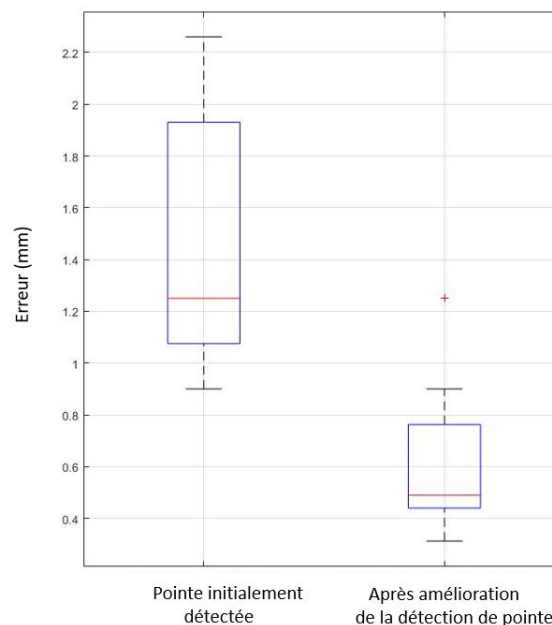


FIGURE 5.9 – Les diagrammes en boîte d'erreur de localisation de la pointe des aiguilles dans des images de fantôme

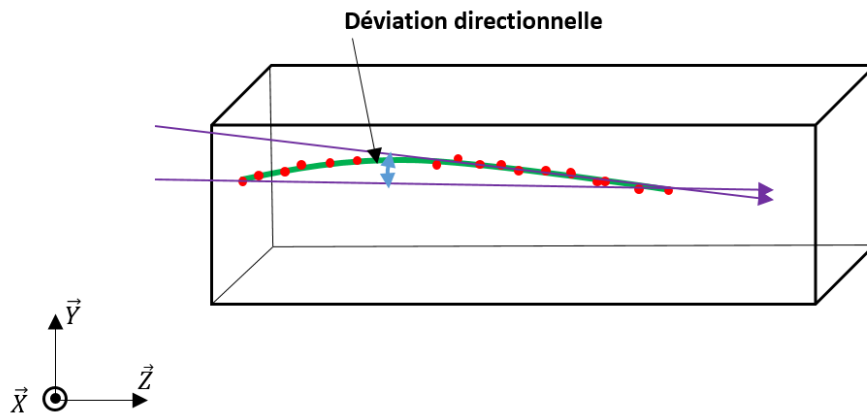


FIGURE 5.10 – Déviation directionnelle pour une aiguille courbée

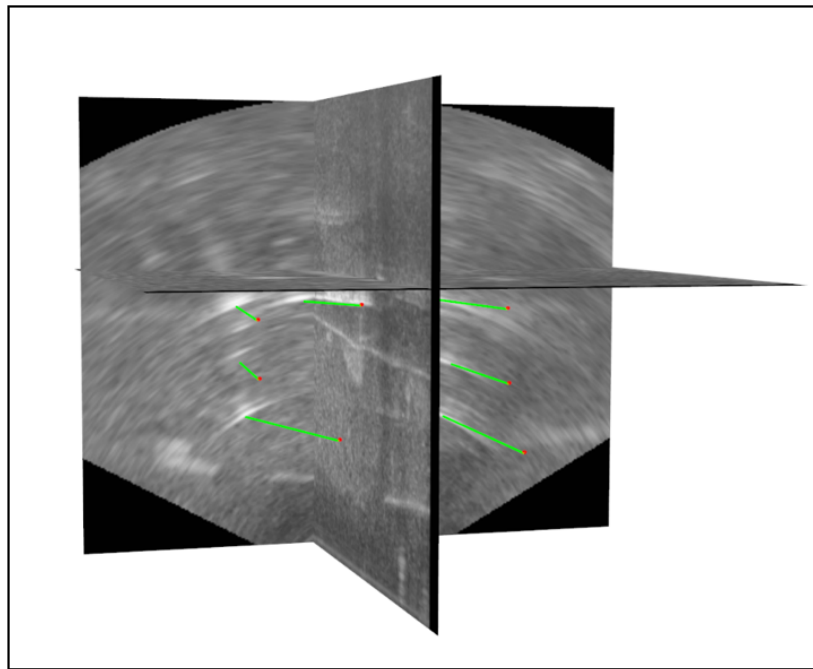


FIGURE 5.11 – Localisation d'aiguilles dans une image de fantôme en agar-agar

5.6 Résultats sur images cliniques

L'évaluation des résultats sur les données cliniques s'est déroulée comme pour les images de fantôme c'est à dire par comparaison à une segmentation manuelle de l'aiguille. Pour cela, on a mesuré l'objectivité de notre segmentation manuelle de la même manière qu'expliqué précédemment (voir §5.5). L'écart-type obtenu pour la localisation

de pointe est de l'ordre de 0.5 mm. Les images de vrais patients anonymes peuvent contenir des aiguilles non entièrement visibles, par exemple, lorsqu'elles traversent une région ombrée. Le tableau 5.1 indique le nombre d'aiguilles par catégorie (entièrement/partiellement visible) dans chaque image. L'erreur de localisation de pointe pour les aiguilles non ombrées est comprise entre 0.6 et 2.7 mm avec une moyenne de 1.4 mm. Pour les aiguilles ombrées, l'erreur de localisation de pointe est comprise entre 2 et 8 mm et la moyenne d'erreur s'élève à 4.2 mm. Après la relance de la recherche de pointe, en détectant la grosse chute d'intensités de voxels, la moyenne d'erreur baisse jusqu'à 1.48 mm pour les aiguilles ombrées et jusqu'à 0.9 mm pour les aiguilles non ombrées. Les diagrammes en boîte correspondants sont tous présentés dans la figure 5.12. La profondeur d'insertion moyenne de l'aiguille est de 45 mm. L'erreur de localisation de pointe est de l'ordre de 2% de la profondeur d'insertion pour les aiguilles non ombrées et de 3.3% pour les celles qui sont ombrées.

TABLE 5.1 – Nombre d'aiguilles par patient

Patient	Nombre d'aiguilles non impactées par une ombre	Nombre d'aiguilles impactées par une ombre
1 à 7	11	3
8	5	9
9	7	7

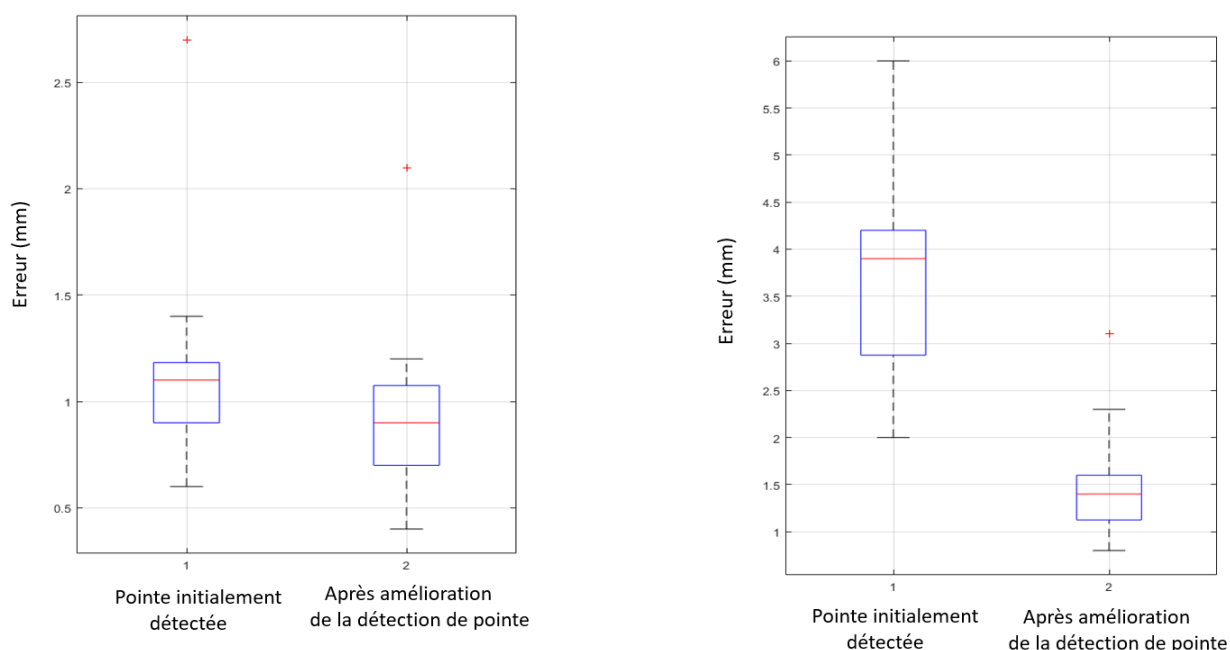


FIGURE 5.12 – Les diagrammes en boîte d'erreur de localisation de pointe dans des images cliniques. À gauche : aiguilles totalement visibles. À droite : aiguilles partiellement ombrées

Pour calculer l'erreur de déviation directionnelle, nous avons utilisé la même méthode qu'expliquée précédemment (voir § 5.5). L'erreur en degré pour les aiguilles non ombrées est comprise entre 0.5° et 3.5° avec une moyenne de 1.5° . Pour les aiguilles ombrées, l'erreur est comprise entre 2° et 7° avec une moyenne de 6° .

Nous présentons dans la figure 5.13 un exemple concret de résultat sur une image clinique où la localisation d'aiguilles est modélisée par les courbes vertes. Le tableau 5.2 contient le récapitulatif des résultats pour la localisation d'aiguille dans chaque type d'image échographique 2D.

Le temps moyen pour l'exécution du processus de la localisation d'une aiguille est de

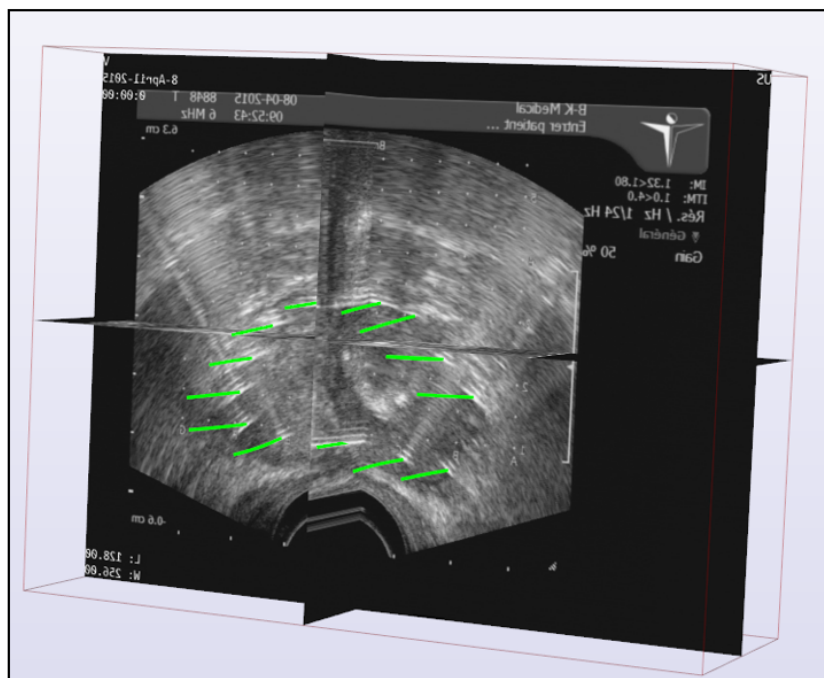


FIGURE 5.13 – Localisation d'aiguilles dans une image clinique

TABLE 5.2 – Résultat de la localisation d'aiguilles

		Erreur moyenne de localisation de pointe en mm		Erreur moyenne de déviation directionnelle
		Avant la relance de la recherche de pointe	Après la relance de la recherche de pointe	
Images de fantôme		1.4 mm	0.61 mm	1.83°
Images cliniques	Aiguilles ombrées	4.2 mm	1.48 mm	6°
	Aiguilles non ombrées	1.4 mm	0.9 mm	1.5°

0.93s sur les images de fantôme et 1.2s sur les données cliniques *. La localisation d'une aiguille, testée sur 2 types d'image échographique 3D, donc a été effectuée en temps d'exécution raisonnable pour être appliquée dans le contexte clinique et avec une bonne précision.

Les valeurs des paramètres utilisés dans les différentes étapes de la localisation d'aiguille sont résumées dans le tableau 5.3.

TABLE 5.3 – Valeurs des paramètres utilisés dans les différentes étapes de la localisation d'aiguille

	Initialisation de EM							Approximation polynomiale		
	μ_{X_A}	μ_{X_B}	σ_{X_A}	σ_{X_B}	π_{X_A}	π_{X_B}	ϵ	seuil $K(t)$	Dim(X_{A1})	Dim(X_{A2})
Images de fantôme	255	100	3	60	0.05	0.95	0.08	0.23	2/3 Dim(X_A)	1/3 Dim(X_A)
Images clinique	255	150	7	60	0.03	0.97	0.08	0.23	2/3 Dim(X_A)	1/3 Dim(X_A)

*. Les performances matérielles sont détaillées dans l'annexe C.1

Chapitre 6

Localisation de train de grains dans les images échographiques 3D

Sommaire

6.1 Expérimentations	104
6.1.1 Acquisition d'images	104
6.1.2 Planification préopératoire pour les expérimentations sur fantôme	104
6.2 Binarisation par une classification Bayésienne binaire	104
6.2.1 EM	105
6.2.2 Résultats de binarisation	106
6.3 Suppression de faux positifs	106
6.4 Localisation globale du train de grains	108
6.5 Raffinement de la localisation grain par grain	108
6.6 Résultats sur image de fantôme en Agar-agar	109
6.6.1 Localisation globale	111
6.6.2 Raffinement de la localisation	111
6.7 Résultats sur images cliniques	115
6.8 Prise en compte des orientations avec une méthode incrémentale	120

6.1 Expérimentations

6.1.1 Acquisition d'images

De façon similaire à ce qui concerne la méthode de localisation d'aiguilles, deux types d'images échographiques 3D sont utilisées :

1. Images de fantômes en Agar-agar.
2. Images cliniques.

Les conditions d'acquisition sont identiques à celles décrites précédemment (voir §5.1).

Pour simuler un milieu similaire à celui de la prostate, on a utilisé l'Agar-agar pour construire un fantôme dans lequel on va implanter les trains de grains. Avec une concentration de 2.8%, le fantôme est suffisamment rigide pour maintenir les trains de grains.

6.1.2 Planification préopératoire pour les expérimentations sur fantôme

Pour bien simuler le déroulement de la curiethérapie dynamique, on réalise la planification pré-expérimentale définissant les positions d'implantation des trains de grains et leur composition correspondant à une dosimétrie préopératoire. Nous avons imaginé une dosimétrie virtuelle réalisée en utilisant 8 trains de grains implantés par l'intermédiaire de 8 aiguilles distribuées selon ce qui est montré dans la figure 5.8. Le tableau 6.1 contient les compositions des trains de grains. Cette information sera utile dans la quatrième étape § 4.4 pour construire les modèles géométriques permettant de caractériser les trains de grains. Toute composition doit commencer et se terminer par un grain. Nous avons essayé d'imaginer des combinaisons diverses pour évaluer la fiabilité de la solution.

TABLE 6.1 – Les compositions des trains de grains injectés à travers les aiguilles $A_i, i = \{1, \dots, 8\}$

Aiguille	Composition du train de grains libéré
A_1	Grain + Espaceur + Grain
A_2	2x Grain + Espaceur + Grain
A_3	Grain + 2x Espaceur + Grain
A_4	Grain
A_5	2x Grain + Espaceur + 2x Grain
A_6	2x (Grain + Espaceur) + Grain
A_7	3x Grain
A_8	2x Grain + Espaceur + Grain + 2x Espaceur + Grain

6.2 Binarisation par une classification Bayésienne binaire

Pour mener à bien la binarisation, on a utilisé la méthode développée pour la localisation d'aiguille. En effet, l'histogramme d'un volume contenant un train de grains est aussi modélisé par un GMM de deux classes (figure 4.2). Et par conséquent, une classification Bayésienne binaire est encore une fois la solution choisie pour sélectionner le nuage de

voxels qui représente le train de grains. Pour calculer les paramètres requis d'une façon adaptative, on a utilisé l'algorithme EM (§ 4.2.2) et on l'a initialisé en respectant les contraintes du problème.

6.2.1 EM

Comme pour l'aiguille (§ 5.2.1), la classe de voxels décrivant le train de grains est la classe dominée ayant la faible probabilité d'existence. Par conséquent, on doit ajuster l'initialisation (§ 4.2.2) pour garantir la convergence des paramètres de la classe dominée X_G .

$$\begin{aligned} \text{— Pour les images de fantôme} \quad & \begin{pmatrix} \mu_{X_{TG}} & \mu_{X_B} \\ \sigma_{X_{TG}} & \sigma_{X_B} \\ \pi_{X_{TG}} & \pi_{X_B} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 235 & 100 \\ 3 & 40 \\ 0.05 & 0.95 \end{pmatrix} \\ \text{— Pour les images cliniques} \quad & \begin{pmatrix} \mu_{X_{TG}} & \mu_{X_B} \\ \sigma_{X_{TG}} & \sigma_{X_B} \\ \pi_{X_{TG}} & \pi_{X_B} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 255 & 80 \\ 8 & 40 \\ 0.2 & 0.8 \end{pmatrix} \end{aligned}$$

On doit aussi vérifier la convergence de la moyenne μ_{X_G} en comparant avec le pic de la gaussienne correspondante. On a comparé les valeurs des moyennes retournées avec celles des moyennes observées sur les histogrammes de 5 volumes échographiques contenant chacun un train de grains (voir figure 6.1). Il s'agit de volumes échographiques extraits aléatoirement de différentes images cliniques 3D. Avec une moyenne d'erreur = 0.94 (inférieur à un niveau de gris), cette comparaison montre la rigueur de l'estimation des moyennes qui représente la justesse de convergence des paramètres de la classe dominée.

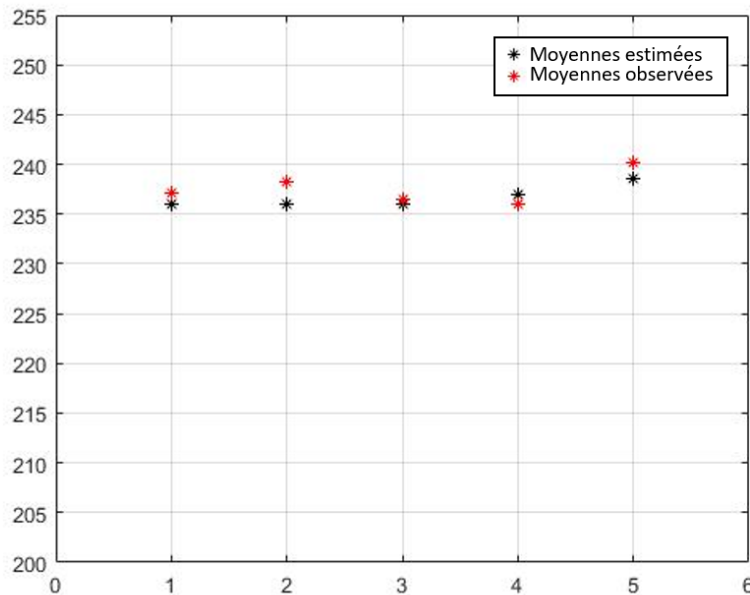


FIGURE 6.1 – Valeurs des moyennes μ_{X_G} estimées par EM pour 5 trains de grains comparées avec celles des moyennes observées

6.2.2 Résultats de binarisation

On se base sur l'exemple montré dans la figure 6.2 pour analyser le résultat de binarisation par classification Bayésienne binaire. Après binarisation, on retrouve quelques voxels faux positifs dans le volume. En effet, les artefacts lumineux qui se trouvent dans la même région ont des voxels de même niveaux de gris que ceux du train de grains. Ceci est traité grâce à une discrimination supplémentaire assurant la distinction entre les vrais et les faux positifs, et par conséquent la suppression de faux positifs.

Tous les composants du train de grains sont sélectionnés. En effet, les espaceurs non métalliques sont aussi lumineux dans le volume échographique que les grains. D'après l'exemple de la figure 6.2, la binarisation d'espaceur (apparaissant en bleu) est très similaire à celle des grains (apparaissant en vert).

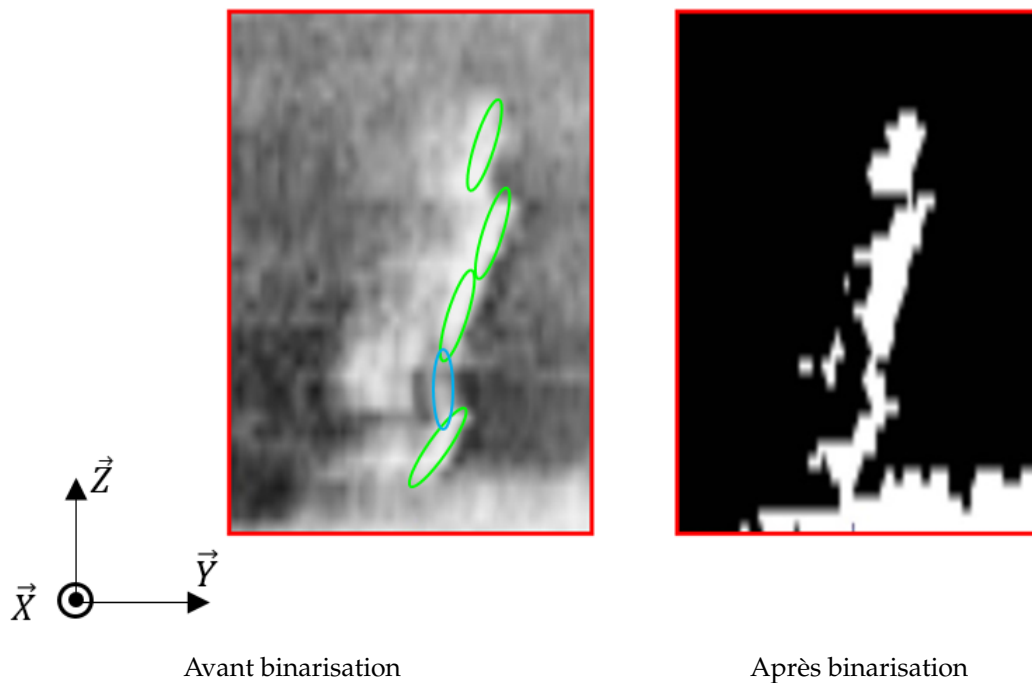


FIGURE 6.2 – Les coupes sagittales des images cliniques 3D contenant un train de grains avant et après la binarisation. Dans l'image de gauche, les grains à détecter sont présentés par des ellipses vertes et l'espaceur apparaît en bleu

6.3 Suppression de faux positifs

Nous nous sommes basé sur les propriétés géométriques pour extraire des descripteurs distinctives assurant la discrimination entre les vrais et les faux positifs. Concrètement, on a utilisé les valeurs des normes de gradients G_x et G_y . Nous présentons dans la figure 6.3 la nouvelle distribution des groupes X_G^1 et X_G^2 retournée par $|G_x|$ et $|G_y|$. Systématiquement, on obtient un résultat similaire à ce qui est présenté dans la figure 6.4

qui montre un nuage de voxels définissant le train de grains. Cette procédure a permis de réduire la moyenne du pourcentage de faux positifs sur tous les exemples de tests.

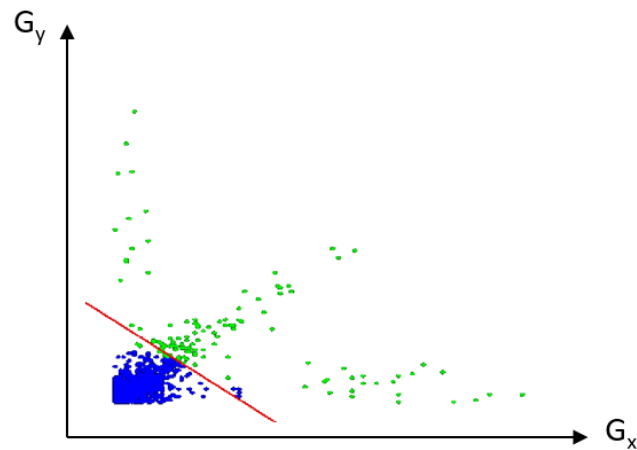


FIGURE 6.3 – Exemple de discrimination entre les vrais (points verts) et les faux positifs (points bleus) par la séparatrice (courbe en rouge)

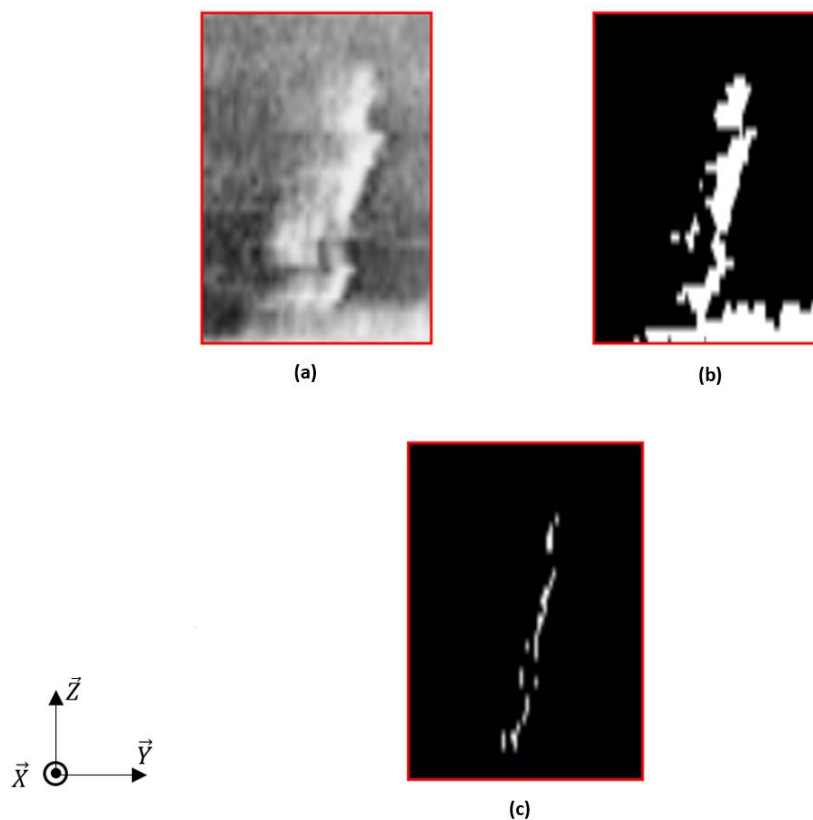


FIGURE 6.4 – Les coupes sagittales des images cliniques 3D contenant un train de grains avant (a), après (b) binarisation et après suppression des faux positifs (c)

6.4 Localisation globale du train de grains

Nous montrons dans la figure 6.5 un récapitulatif de la procédure d'identification de grains. Les positions des grains retournées ne sont que les positions des grains du modèle dans le repère du train de grains après la convergence de l'algorithme de recalage.

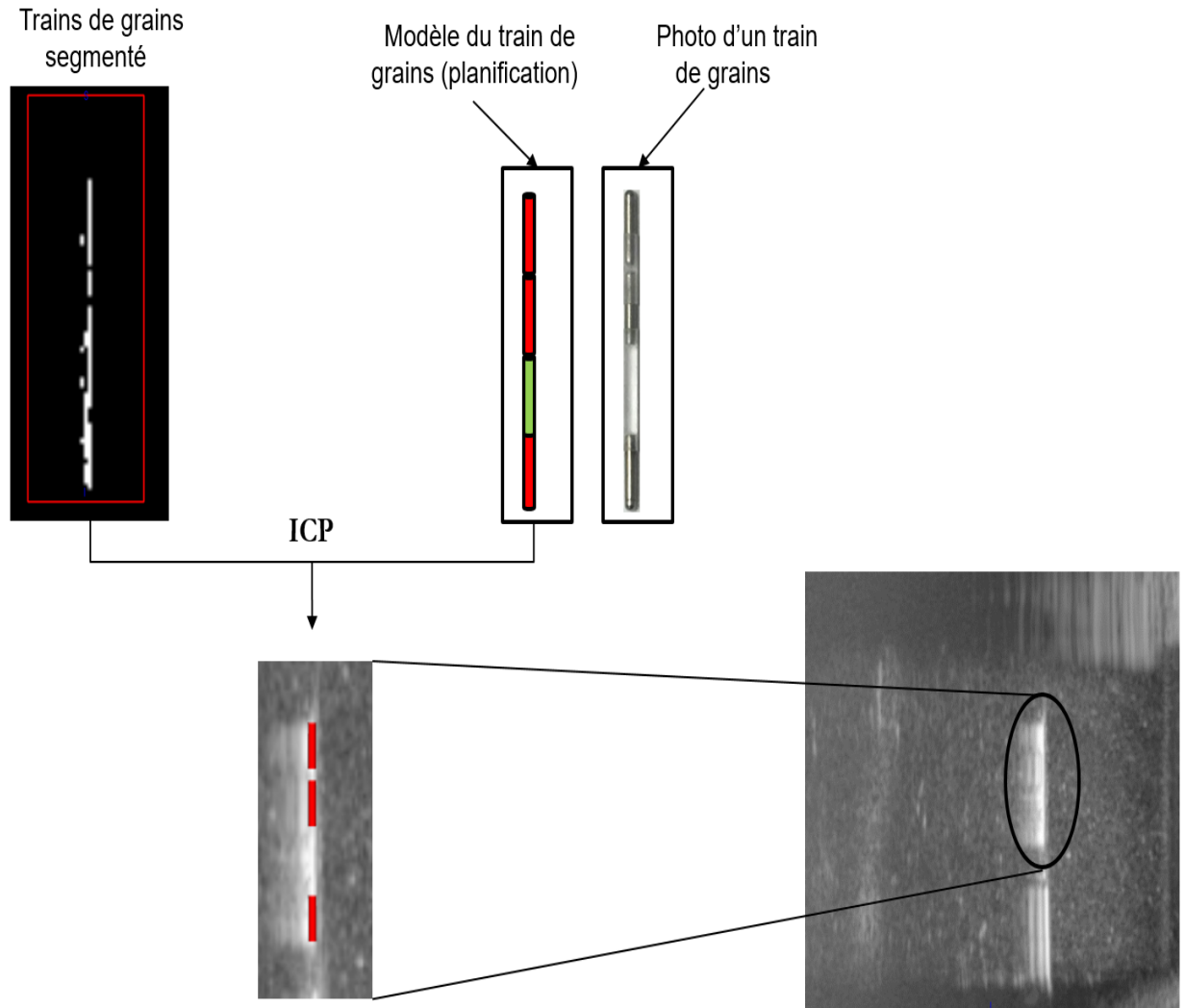


FIGURE 6.5 – Caractérisation de train de grains d'une image de fantôme par un recalage rigide entre le modèle géométrique et le nuage de voxels du train de grains

6.5 Raffinement de la localisation grain par grain

Puisque la transformation T_{Grain} est calculée à travers un recalage rigide de deux petites images 3D V_g et V_m , l'alignement des artefacts "queue de comète" des grains est une étape préliminaire indispensable. Nous avons mentionné précédemment que leurs directions dépendent des positions des grains par rapport à la sonde (voir § 2.2.2). Pour les aligner avec celui du grain modèle (montré dans la figure 4.16), nous n'avons qu'à calculer l'angle de rotation, entre l'onde sonore incidente sur le grain et la normale, en utilisant

la position du grain déjà calculée (voir figure 6.6).

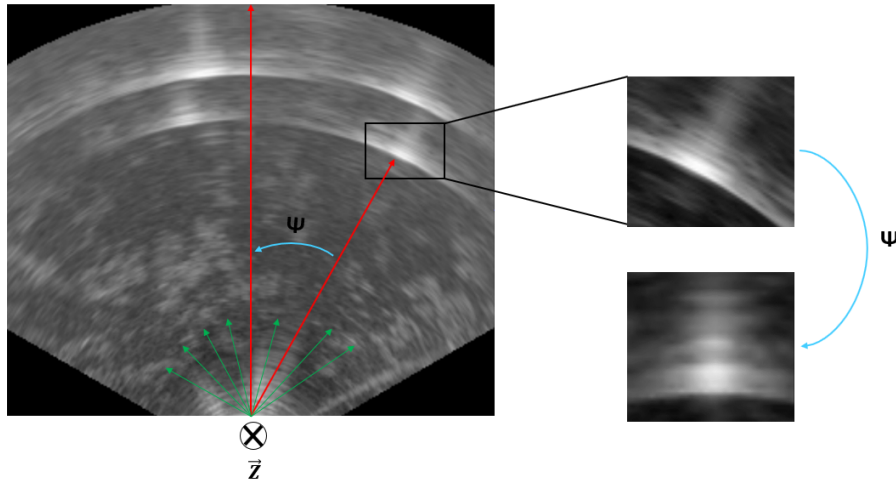


FIGURE 6.6 – Normalisation de profil du volume de grain Vg d'une image de fantôme

Entre autres, la transformation T_{Grain} contient les orientations de grains θ_X^{Grain} et θ_Y^{Grain} . Nous avons testé le recalage "grain à grain" en utilisant les deux métriques de similarité (RC et SSD) mentionnées dans § 4.5.1. Les allures des métriques de similarité, présentées dans la figure 6.7, sont équivalentes. Elles ont été obtenues de la façon suivante : nous avons sélectionné arbitrairement, un grain de test sur lequel nous avons appliqué des rotations entre -20° et $+20^\circ$ avec un pas de 5° . Nous avons tracé les valeurs retournées par RC et SSD entre le grain test à chaque orientation et le grain modèle. La bonne estimation de θ_X^{Grain} est retournée par les deux métriques, elle correspond aux extremas globaux des allures. Par contre, pour la valeur de θ_Y^{Grain} , les deux métriques retournent des mesures erronées. Ceci est traduit par l'absence d'extremas globaux dans les courbes des rotations autour de Y_{Train} . Ceci sera rediscuté dans § 6.6.2.

Après la vérification de la fiabilité des métriques de similarité et la conformité des résultats retournés, nous avons sélectionné arbitrairement SSD pour effectuer le raffinement de la localisation. Un exemple de résultat est montré dans la figure 6.8.

6.6 Résultats sur image de fantôme en Agar-agar

Une acquisition d'une image échographique est effectuée suite à chaque implantation de train de grains. Au total, nous avons réalisé 8 images échographiques contenant chacune le train de grains qu'on vient d'implanter. Pour mesurer la précision de la méthode de localisation de grains, le fantôme a été imagé à l'aide d'un scanner à rayons X du service de radiologie du CHU de Grenoble Alpes. La localisation automatique de grains a été évaluée par rapport aux positions de grains dans l'image CT. Une telle évaluation est considérée comme précise et fiable puisque l'identification de grains dans les images CT est beaucoup plus fine que dans les images échographiques. L'indice et l'épaisseur de la tranche CT est de 0,5 mm. La taille de l'image CT obtenue est de 512x512 pixels avec

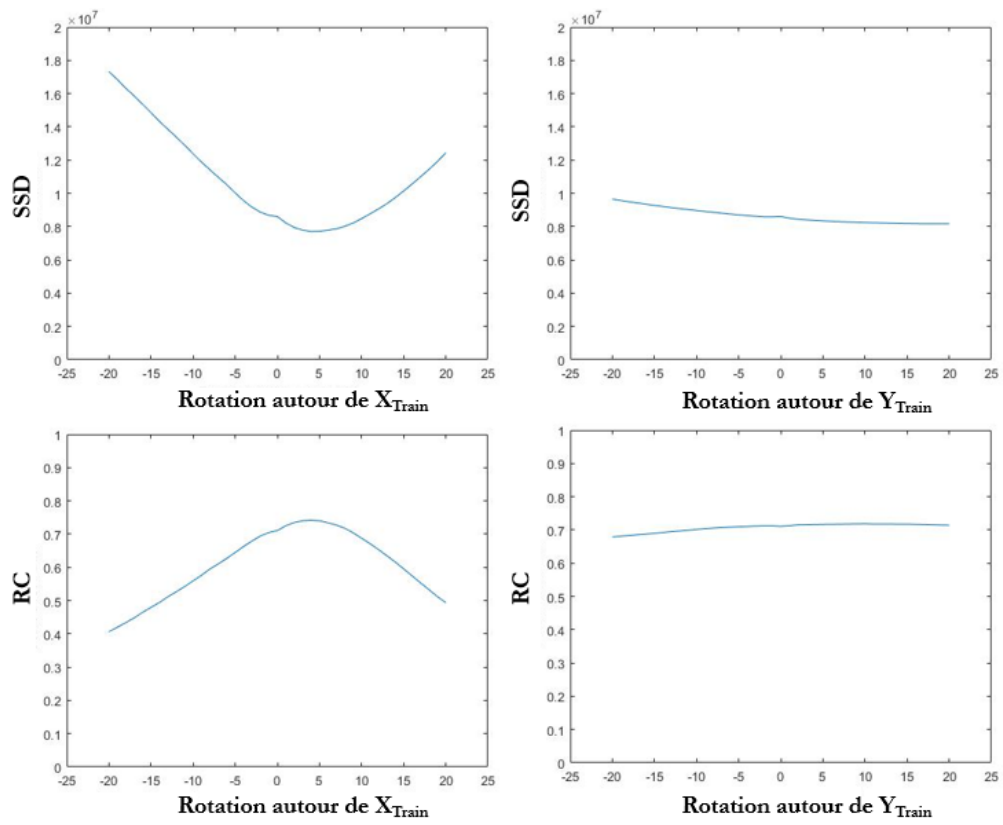


FIGURE 6.7 – Allures des métriques de similarité (SSD et RC) pour l'estimation de orientations autour de X_{Train} et Y_{Train}

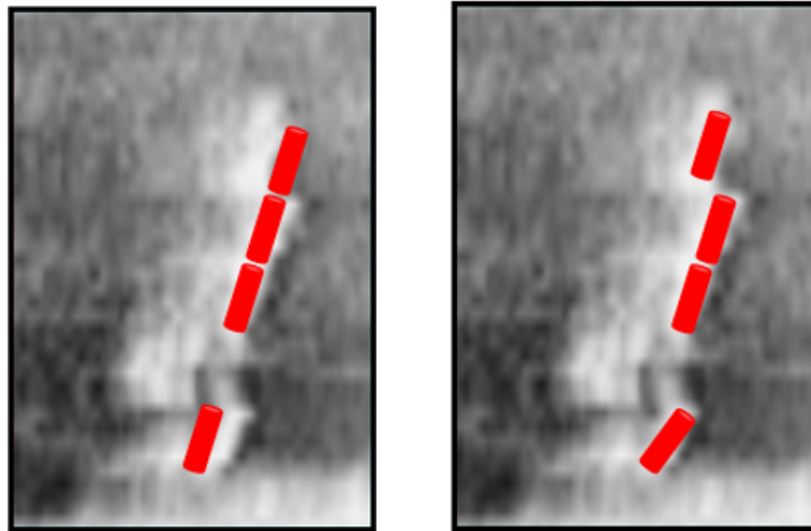


FIGURE 6.8 – Exemple de correction des orientations de grains d'une image clinique autour de X_{Train} .

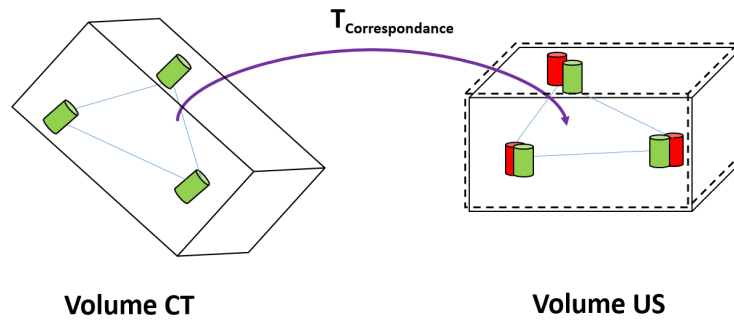


FIGURE 6.9 – Recalage CT;US par la correspondance de 3 points

une résolution spatiale de 0,285x0,285 mm pour chaque pixel. Le volume CT a été utilisé comme étant la vérité terrain. Tous les grains ont été segmentés manuellement dans l'image CT. Nous avons évalué la précision de la segmentation manuelle en la répétant plusieurs fois, et nous avons obtenu un écart type de 0,625 mm. Pendant la courte période entre les acquisitions échographique et scanner, nous supposons que les déformations subies par le fantôme sont négligeables grâce à la faible déformabilité du fantôme. Pour calculer la matrice de transformation entre les données CT et US, nécessaire pour comparer la segmentation automatique à la référence CT, le recalage a été mené sur 3 grains clairement visibles (voir figure 6.9). Les centres des trois grains (P_1, P_2, P_3) sont localisés manuellement dans les images CT et US. La transformation est calculée suivant l'équation de minimisation suivante :

$$T_{\text{correspondance}} = \min_T [(P_1^{\text{US}}, P_2^{\text{US}}, P_3^{\text{US}}) - T(P_1^{\text{CT}}, P_2^{\text{CT}}, P_3^{\text{CT}})]^2$$

L'erreur moyenne quadratique de cette correspondance de points était 0,99 mm.

6.6.1 Localisation globale

Nous avons évalué les résultats de la localisation en les comparant avec les positions de grains dans le volume CT recalé. Les valeurs obtenues sont présentées dans le tableau 6.2 contenant les erreurs de la localisation et dans la figure 6.10 représentant le diagramme à moustaches (connu en Anglais par boxplot) de chaque étape de localisation. Les erreurs sont calculées comme les distances Euclidiennes entre les centres des grains localisés par notre méthode et les centres de grains dans le volume CT calculés grâce à $T_{\text{correspondance}}$. Nous présentons dans la figure 6.10 les statistiques liées aux erreurs avant (6.10a) et après (6.10b) la localisation globale de trains de grains où les paramètres inconnus sont $(t_x^{\text{Train}}, t_{xy}^{\text{Train}}, t_z^{\text{Train}}, \theta_x^{\text{Train}}, \theta_y^{\text{Train}})$. Les erreurs avant la localisation globale des trains de grains ne sont que les distances mesurées après les initialisations des modèles géométriques sur la pointe de l'aiguille et les positions réelles des trains de grains.

6.6.2 Raffinement de la localisation

Nous présentons dans la figure 6.10 les statistiques correspondant aux erreurs de localisation avant (6.10b) et après (6.10c) le raffinement où $T_{\text{Grain}} = (t_x^{\text{Grain}}, t_y^{\text{Grain}})$. Nous

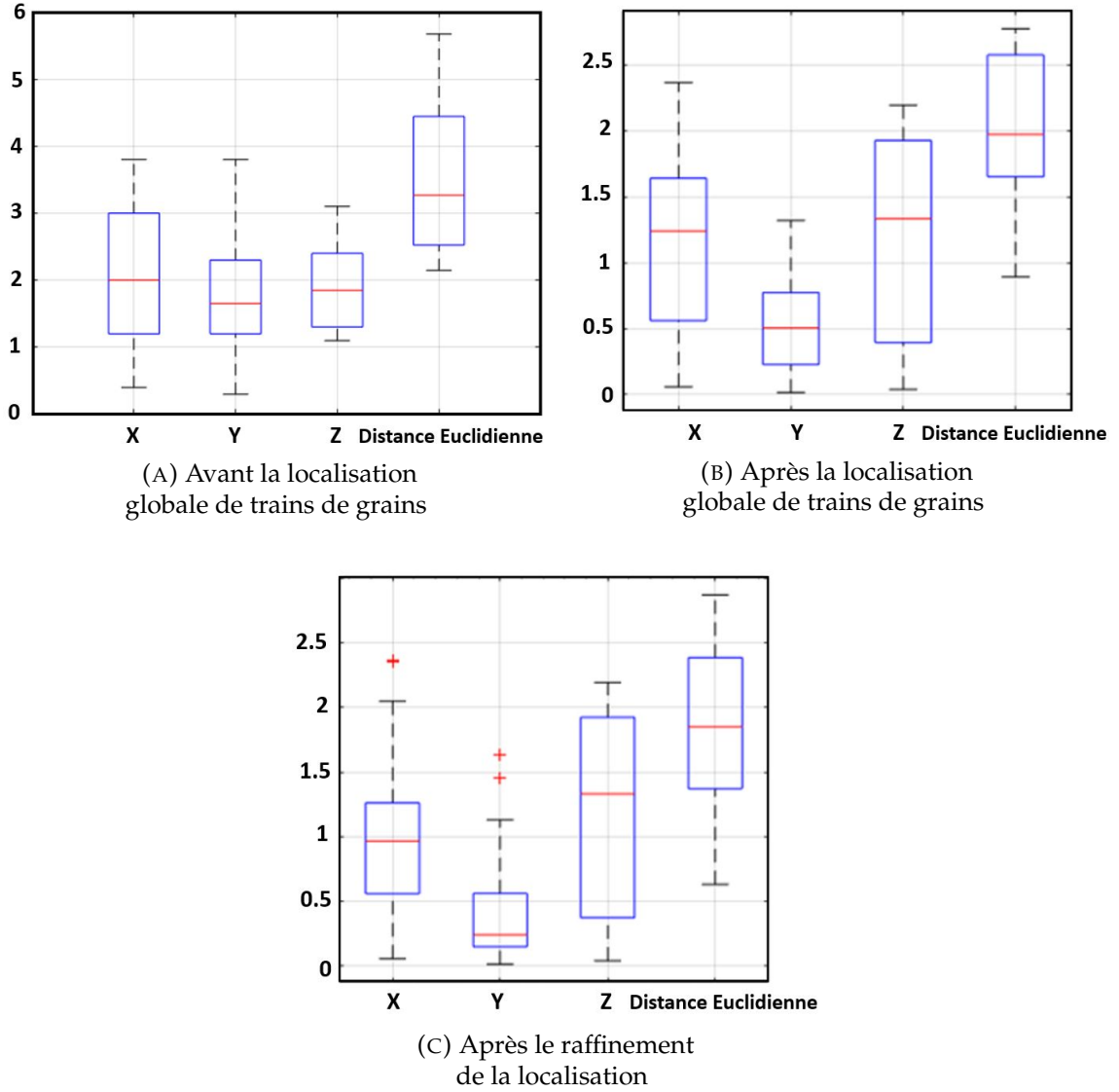


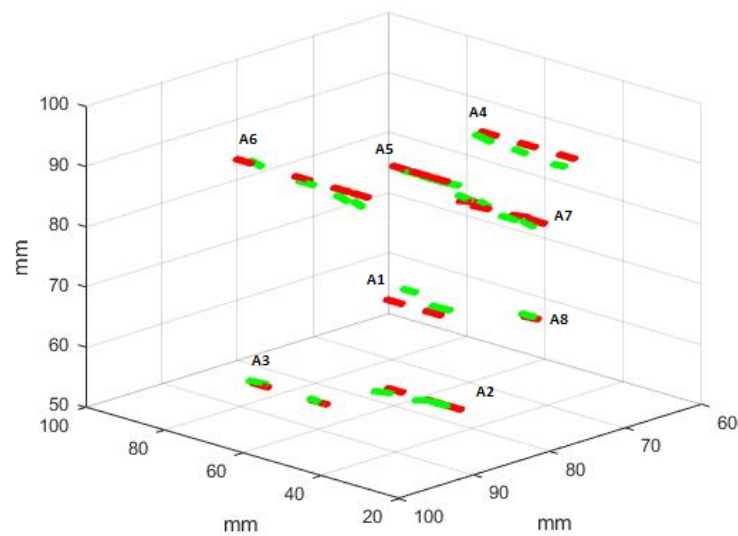
FIGURE 6.10 – Box-plots des localisations de grains dans une image de fantôme

avons calculé l'erreur le long de chaque direction \vec{X} , \vec{Y} et \vec{Z} comme la somme de différences entre les coordonnées des centres des 22 grains.

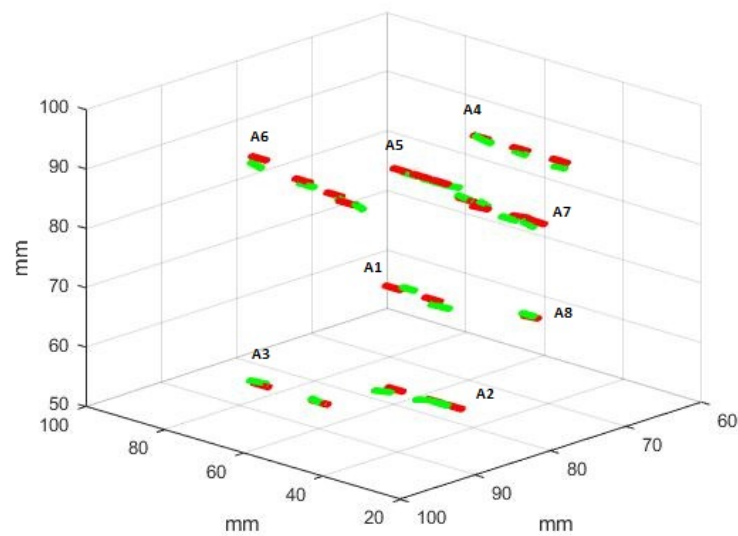
$$Erreur = \frac{\sum_{i=1}^{22} |G_{i,x|y|z}^{US} - T_{correspondance}(G_{i,x|y|z}^{CT})|}{22}$$

Où $G_{i,x}$, $G_{i,y}$ et $G_{i,z}$ sont les coordonnées du grain d'indice i . Nous avons aussi calculé l'erreur globale comme la distance Euclidienne entre les centres.

$$Erreur_globale = \frac{\sum_{i=1}^{22} \sqrt{(G_i^{US} - T_{correspondance}(G_i^{CT}))^2}}{22}$$



Après la localisation globale



Après le raffinement

FIGURE 6.11 – Résultats de localisation de grains comparée avec leurs positions dans le volume scanner de référence. Les cylindres rouges correspondent à la localisation échographique de grains et les cylindres verts aux emplacements des grains dans le volume CT recalé aux données échographiques

Malheureusement, comme les trains de grains ne se cassaient pas lors de l'insertion dans le fantôme, l'effet sur l'orientation était limité. Par conséquent, nous avons testé le raffinement de pose sur l'image de fantôme uniquement pour $(t_x^{Grain}, t_y^{Grain})$ (voir figure 6.10c). La figure 6.11 contient les distributions des positions des grains automatiquement

TABLE 6.2 – Erreurs de localisation automatique de grains dans l'image échographique de fantôme 3D après raffinement

	Erreur moyenne	Écart-type des erreurs	Erreur absolue maximale
Le long de X	1.04 mm	0.63 mm	2.34 mm
Le long de Y	0.42 mm	0.45 mm	1.45 mm
Le long de Z	1.16 mm	0.79 mm	2.19 mm
Globale	1.86 mm	0.62 mm	2.87 mm

localisés dans l'image échographique par rapport à la vérité terrain avant et après le raffinement. Les valeurs des erreurs : moyenne, écart-type, minimale et maximale de la localisation sont respectivement 1.86 mm, 0.62 mm, 0.85 mm et 2.87 mm. Le résultat de la localisation de trains de grains dans une image de fantôme est illustré dans la figure 6.12.

Afin de tester tout de même le comportement pour les rotations, nous avons simulé des erreurs d'orientation en faisant tourner le volume de grain modèle V_m en étudiant dans quelle mesure les paramètres de transformation pourraient être retrouvés. Les tests sont effectués entre $[-20^\circ; +20^\circ]$ par rapport à chaque direction avec un pas de 5° . L'intervalle de variation choisi pour l'orientation est réaliste par rapport à ce que l'on pourrait rencontrer dans des conditions réelles [58]. Nous avons donné précédemment (voir § 4.5.2 et figure 4.16) les dimensions des volumes $V_{m/g}$ et les raisons pour lesquelles le choix a été fait. Les résultats obtenus sur deux volumes de grains sont présentés dans la figure 6.13. Chaque colonne correspond à un grain où la courbe rouge représente les angles appliqués et la courbe bleue contient les valeurs des angles calculés. La première et la deuxième ligne contiennent respectivement les rotations autour de \vec{X}_{Train} et \vec{Y}_{Train} . En comparant la visibilité du grain dans les deux plans transversal et sagittal (voir figure 4.16), on remarque que le grain est clairement visible dans le plan sagittal. Cependant, le grain et le signal d'artefact sont fusionnés dans le plan transversal. Les rotations autour de \vec{Y}_{Train} correspondent aux mouvements dans le plan transversal. À cause des artefacts, toute rotation autour de \vec{Y}_{Train} est inaperçue et par conséquent non détectable. Ceci explique le fait que l'estimation de l'orientation autour de \vec{Y}_{Train} a échoué comme illustré dans la deuxième ligne de la figure 6.13. Avec les dimensions choisies de $V_{m/g}$, l'estimation des orientations des grains autour de \vec{Y}_{Train} échoue malgré que l'information semble exister. En effet, ces dimensions affectent l'estimation des orientations lorsqu'elles sont du même ordre de grandeur que celles des artefacts. Pour confirmer ceci, nous avons refait le même test en étendant les dimensions de $V_{m/g}$ pour qu'elles soient plus grandes que les artefacts latéraux (18.75x10.31x9 mm au lieu de 11.25x10.31x6 mm). Les résultats concernant l'estimation des orientations autour de \vec{Y}_{Train} appliquées sur les mêmes grains sont présentés dans la figure 6.14. Les erreurs moyennes diminuent de 7.4° et 19° à 2.55° et 2.44° . On peut donc conclure que les petites dimensions de $V_{m/g}$ sont problématiques en raison de l'artefact qui s'étend latéralement sur les volumes. Ceci sera discuté dans le paragraphe § 6.8.

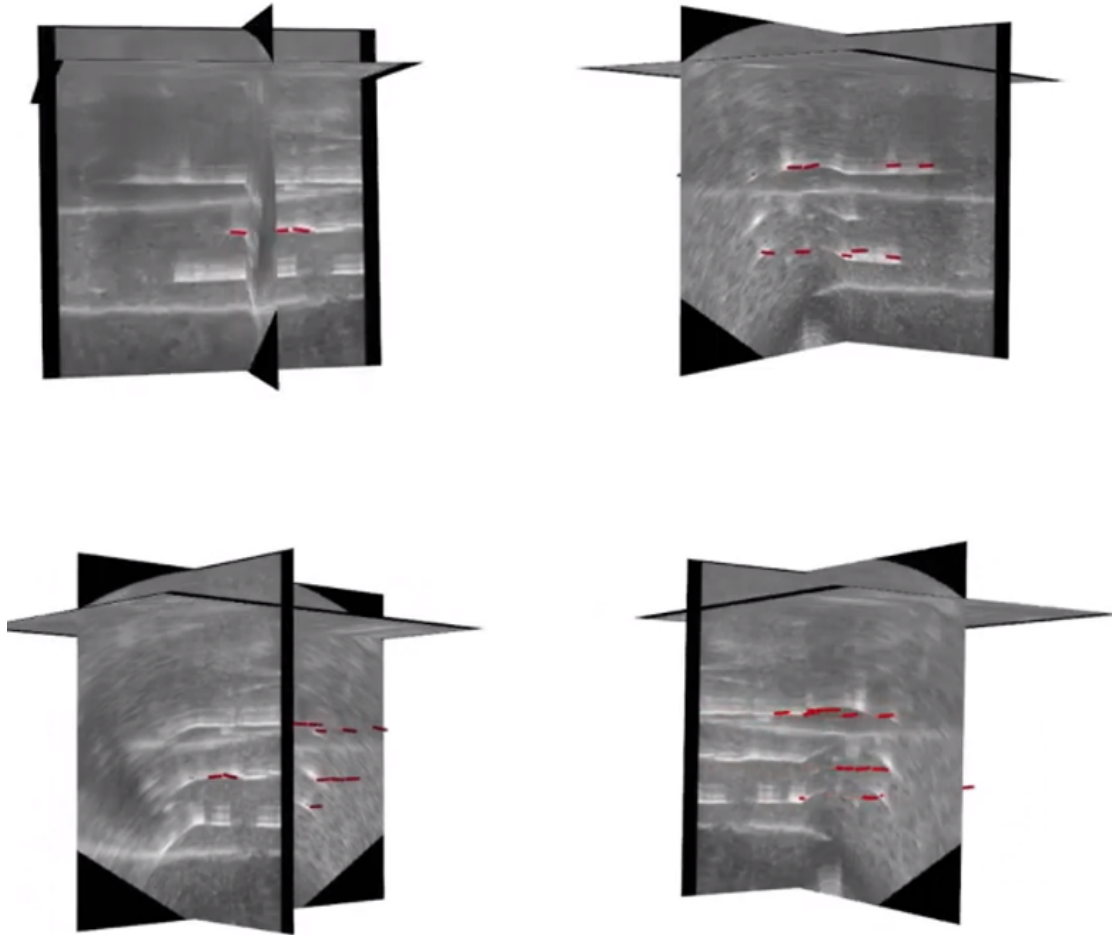


FIGURE 6.12 – Résultat de la localisation de grains dans une image échographique 3D de fantôme sous différentes vues

6.7 Résultats sur images cliniques

Les données cliniques récupérées contenant les trains de grains ne sont pas les implantations d'aiguilles de 9 images de patients précédemment utilisées pour tester la localisation d'aiguille. Sur les images cliniques, il n'a pas été possible d'obtenir autant d'images de patients, et les images étaient réalisées à la fin de l'implantation des grains. Nous avons évalué les résultats sur deux images cliniques en utilisant la segmentation manuelle comme étant la vérité terrain. Il n'était pas possible d'utiliser la même approche que pour le fantôme en raison de la très faible qualité des images (voir figure 2.12). Nous avons dû sélectionner quelques trains de grains sur lesquels une segmentation manuelle pouvait être effectuée de manière fiable et constituer une "vérité terrain" servant de référence de comparaison. Pour l'image du premier patient, nous avons sélectionné quatre

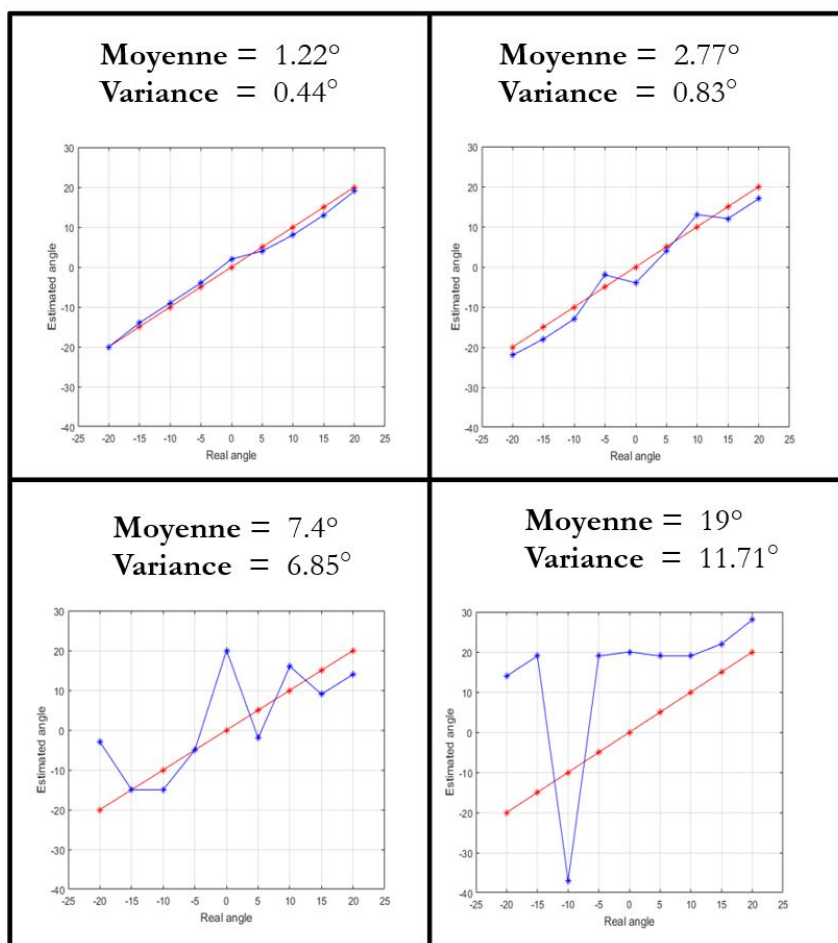


FIGURE 6.13 – Estimation des orientations de deux grains. $\{1^{er}, 2^{me}\}$ lignes correspondent aux orientations autour $\{X_{Train}, Y_{Train}\}$. Les points $\{Rouge, Bleu\}$ sont respectivement les angles $\{appliqués, estimés\}$

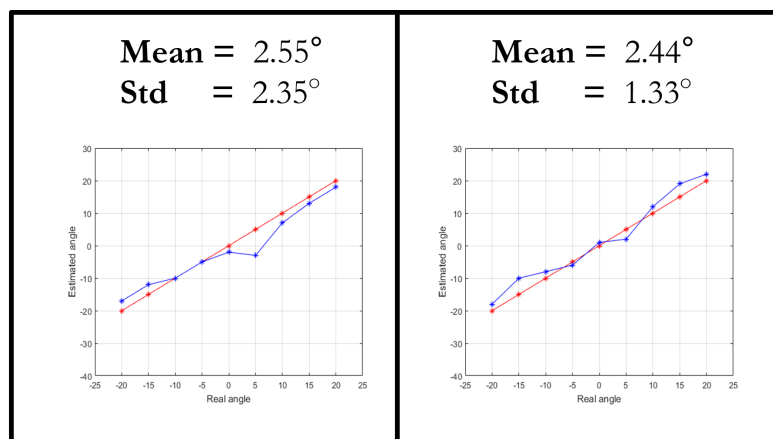


FIGURE 6.14 – Estimation des orientations autour de Y_{Train} appliquées sur les mêmes grains mentionnés dans la figure 6.13 où les dimensions de $V_{m/g}$ sont étendues à $18,75 \times 10,31 \times 9$ mm

trains de grains contenant en totalité 11 grains. Trois trains de grains composés d'un total de six grains sont choisis dans l'image du deuxième patient. Les compositions détaillées des trains de grains sont présentées dans le tableau 6.3. Nous avons d'abord mesuré l'objectivité de la segmentation manuelle en segmentant à plusieurs reprises les centres de trois grains dans les deux images. L'écart type obtenu est de 0,7 mm. Comme il est expliqué dans § 6.6.2, il est impossible de gérer la rotation autour de l'axe \vec{Y}_{Train} . Ici, les données cliniques ont été acquises en post-opératoire avec tous les trains de grains implantés. Il n'est pas donc possible d'étendre les dimensions des volumes $V_{m/g}$. Nous présentons sur la figure 6.15 l'erreur avant la localisation globale (6.15a), avant (6.15b) et après (6.15c) le raffinement individuel de grains. Le tableau 6.3 contient le raffinement de l'estimation des orientations de grains comparé avec l'estimation manuelle des orientations où les paramètres inconnus sont $(t_x^{Grain}, t_y^{Grain}, \theta_x^{Grain})$. Les figures 6.16 représentent les distributions des positions des grains automatiquement localisés dans l'image échographique par rapport à la vérité terrain après le raffinement. Les valeurs des erreurs : moyenne, écart-type, minimale et maximale de la localisation sont respectivement 1.52 mm, 0.41 mm, 0.91 mm et 2.64 mm pour le premier patient et 1.36 mm, 0.05 mm, 1.2 mm et 1.82 mm pour le deuxième patient. Les erreurs de l'estimation des orientations autour de \vec{X}_{Train} mentionnées dans le tableau 6.3 sont plutôt satisfaisantes, sauf la valeur 'Max' du premier train de grains S1 du premier patient (37°). On rappelle que l'image échographique 3D a été produite à partir des captures d'écran formant des coupes axiales 2D. Comme on le voit sur la figure 6.17, des points blancs sont superposés à l'image échographique pour matérialiser les positions d'insertion de la grille. La reconstruction 3D transforme chacun de ces points en une ligne blanche porté par l'axe \vec{Z} de l'image échographique (voir figure 6.18). Nous avons atténué la valeur des voxels concernés par un prétraitement. La localisation globale du train de grains n'est pas gênée par cet artefact mais la localisation individuelle d'un des grains superposé avec l'artefact est mise en défaut. Ceci peut être vu comme un "outlier" lié au mode de capture dégradé de l'image. Les sondes 3D telles que celles utilisées pour les expérimentations sur fantôme ne posent aucun de ces problèmes.

Le temps moyen d'exécution de trois premières étapes (Bianrisation + Suppression de

TABLE 6.3 – Résultats de localisation de grains dans deux images échographiques 3D des patients anonymes

		Composition	Erreur d'estimation de l'orientation autour de \vec{X} en °				Erreur de localisation en mm			
			Moy	Var	Min	Max	Moy	Var	Min	Max
Patient 1	S1	Grain+Espaceur +3x Grain	12.5	17.03	1	37	1.52	0.41	0.91	2.64
	S2	2x Grain	0.5	0.5	0	1				
	S3	Grain+2x Espaceur Grain	1.5	4.5	0	3				
	S4	2x Grain+ 3x Espaceur+Grain	4.33	2.33	3	6				
Patient 2	S1	Grain	2	0	2	2	1.36	0.05	1.2	1.82
	S2	2x Grain+ 3x Espaceur+2x Grain	1.75	2.25	0	3				
	S3	Grain+ 2x Espaceur+Grain	1.5	0.5	1	2				

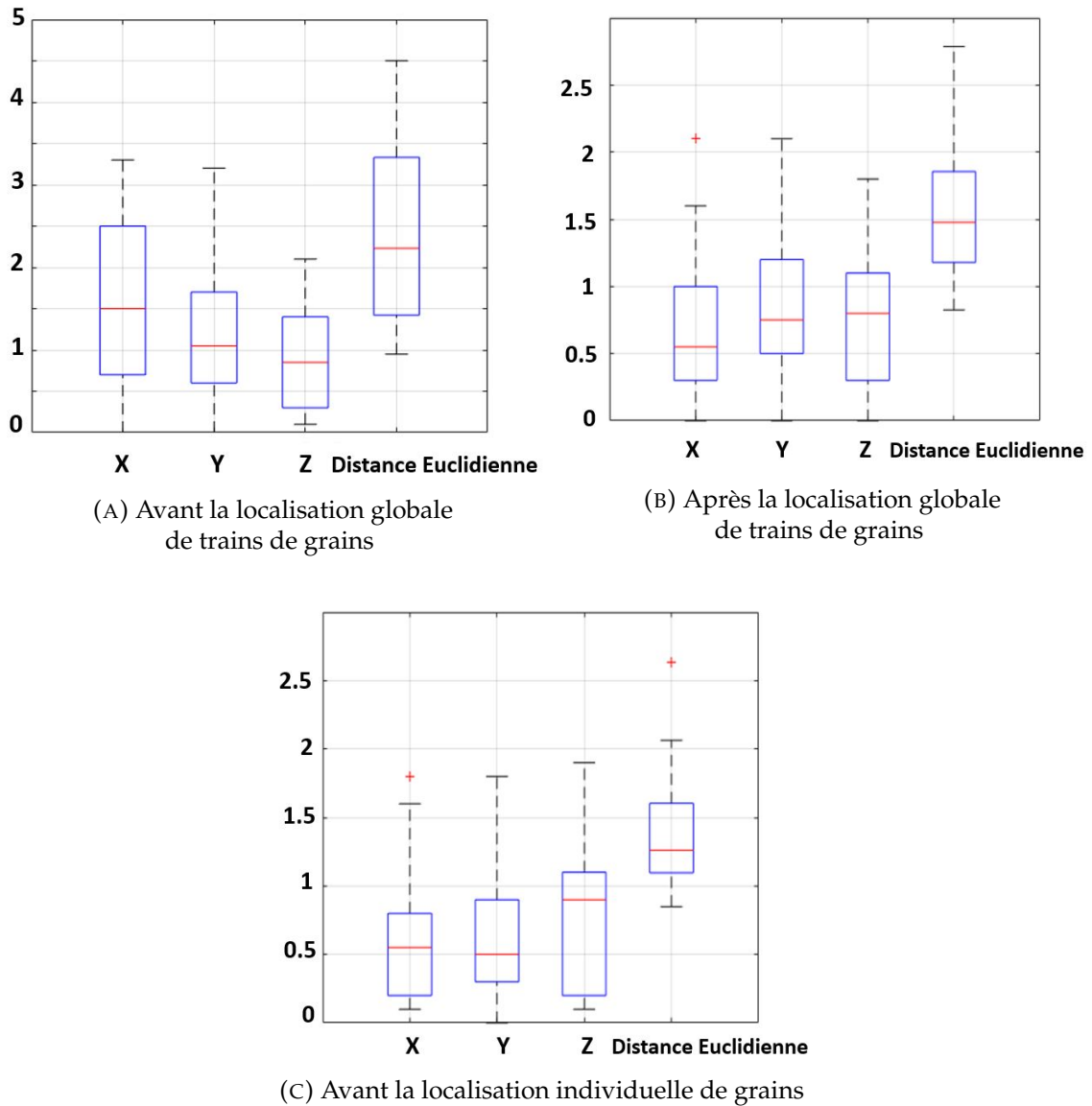


FIGURE 6.15 – Box-plot des localisations de grains dans des données cliniques

faux positifs + Localisation globale) est de 848 ms pour les images de fantôme et 783 ms pour les images cliniques*. Par contre, puisque le raffinement individuel de grains a été effectué en utilisant une recherche exhaustive, le temps d'exécution pour trouver la transformation $T_{Grain} = (t_x^{Grain}, t_y^{Grain}, \theta_x^{Grain}, \theta_y^{Grain})$ relative à un seul grain est de l'ordre de 86 secondes. Ce temps d'exécution pourrait être optimisé en employant une minimisation par descente de gradient au lieu de faire une recherche exhaustive.

La localisation de grains a été testée sur deux types d'image échographique 3D. Elle s'est effectuée en temps d'exécution raisonnable par rapport aux conditions cliniques et

*. La configuration matérielle est détaillée dans l'annexe C.1

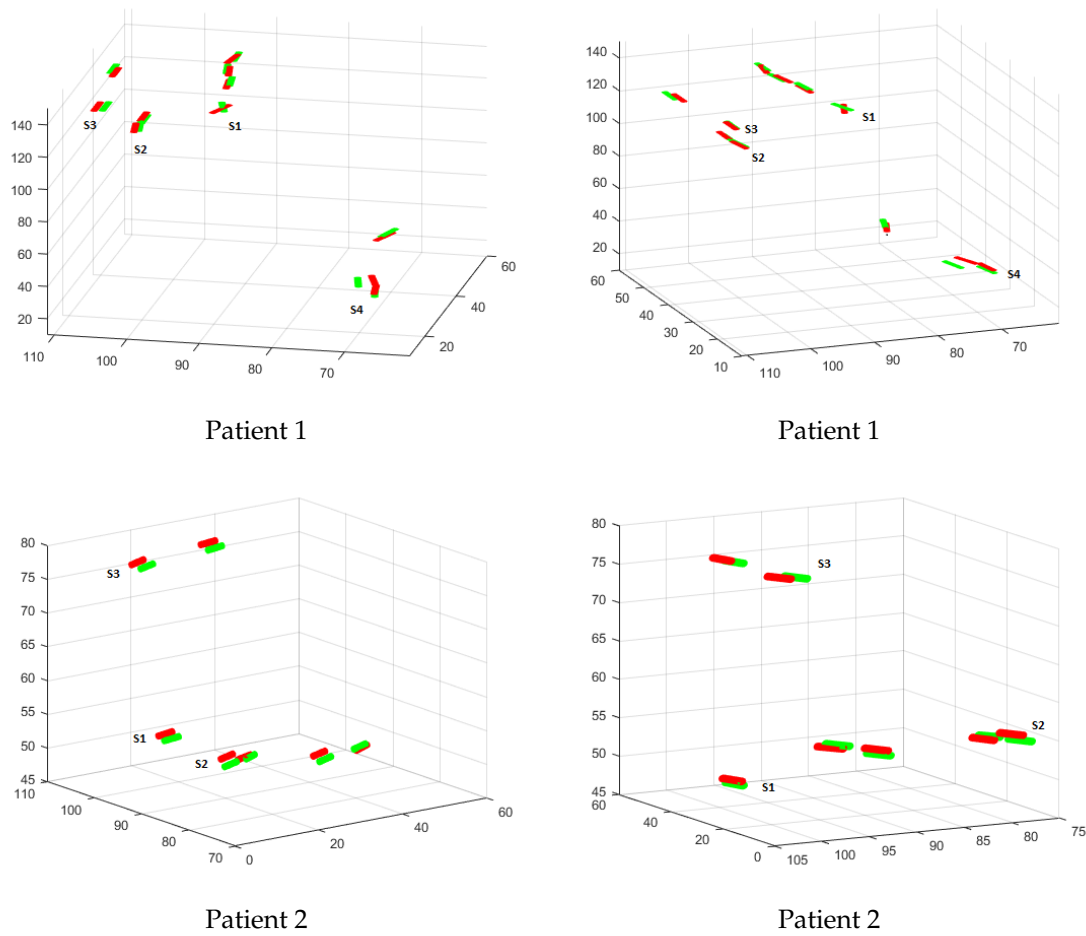


FIGURE 6.16 – Résultats de localisation automatique de grains dans les images cliniques (cylindres rouges) comparée avec leurs positions identifiées manuellement (cylindres verts) avec deux points de vue.



FIGURE 6.17 – Points blancs de la grille sur une coupe axiale

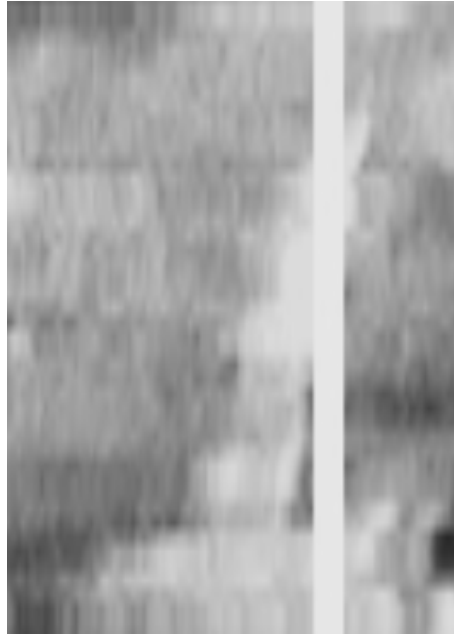


FIGURE 6.18 – Illustration d'un chevauchement d'artefact 'ligne blanche' avec un train de grains

avec une bonne précision en comparaison des méthodes de l'état de l'art. Cependant, on constate que les résultats sur les données cliques sont légèrement précis par rapport aux images de fantôme, ce qui peut demander une explication. Ces points seront discutés et justifiés dans le chapitre 7.

Les valeurs des paramètres utilisés dans les différentes étapes de la localisation de grains sont résumées dans le tableau 6.4.

TABLE 6.4 – Valeurs des paramètres utilisés dans les différentes étapes de la localisation de grains

	Initialisation de EM						SVM		ICP
	$\mu_{X_{TG}}$	μ_{X_B}	$\sigma_{X_{TG}}$	σ_{X_B}	$\pi_{X_{TG}}$	π_{X_B}	C	tol	seuil ϵ_{ICP}
Images de fantôme	235	100	3	40	0.05	0.95	0.15	10 e-3	0.01
Images cliniques	255	80	8	40	0.2	0.8	0.15	10 e-3	0.01

6.8 Prise en compte des orientations avec une méthode incrémentale

Le calcul des orientations des grains a été effectué par un recalage basé sur les niveaux de gris. Nous avons évoqué le point de faiblesse de cette étape qui nous a empêché d'estimer les orientations autour de \vec{Y}_{Train} (voir § 6.6.2). Nous avons montré que cela est dû aux artefacts des grains et aux petites dimensions des volumes $V_{g/m}$. Bien que les dimensions choisies garantissent l'inclusion d'un seul grain dans chaque volume, les artefacts latéraux s'étendent le long des largeurs. Par conséquent, le grain se trouve immergé dans le signal d'artefact dans le plan transversal. Sachant que toute rotation autour de \vec{Y}_{Train} du

grain est traduite par le mouvement observé dans le plan transversal contenant le grain, celle-ci est inaperçue et par conséquent l'algorithme ne peut pas converger pour trouver la rotation autour de \vec{Y}_{Train} (voir figure 6.7).

Pour pouvoir élargir les dimensions des volumes $V_{g/m}$ sans inclure des morceaux d'images de grains voisins, une stratégie d'implantation permettant de limiter la superposition de signal pourrait être une solution potentielle. Pour les grains du premier train, l'estimation des orientations serait effectuée sans chevauchements. Ensuite, la prise en compte des grains voisins déjà détectés permettrait d'agrandir V_g . Par exemple, au lieu d'inclure le grain entier, on peut imaginer V_g contenant qu'une seule moitié du grain, celle qui n'a pas eu de voisin correspondant à une ancienne implantation (voir figure 6.19). On peut ainsi agrandir le volume pour qu'il dépasse la longueur d'artefact latéral mais le long d'un seul côté. On doit alors créer deux modèles de grain V_m , dont chacun présente une moitié du volume agrandi V_m . Pour évaluer cette alternative, nous avons effectué des tests sur un second fantôme ayant les mêmes caractéristiques de concentration (2.8% d'Agar-agar). Les images échographiques sont acquises avec la même sonde (voir § 5.1).

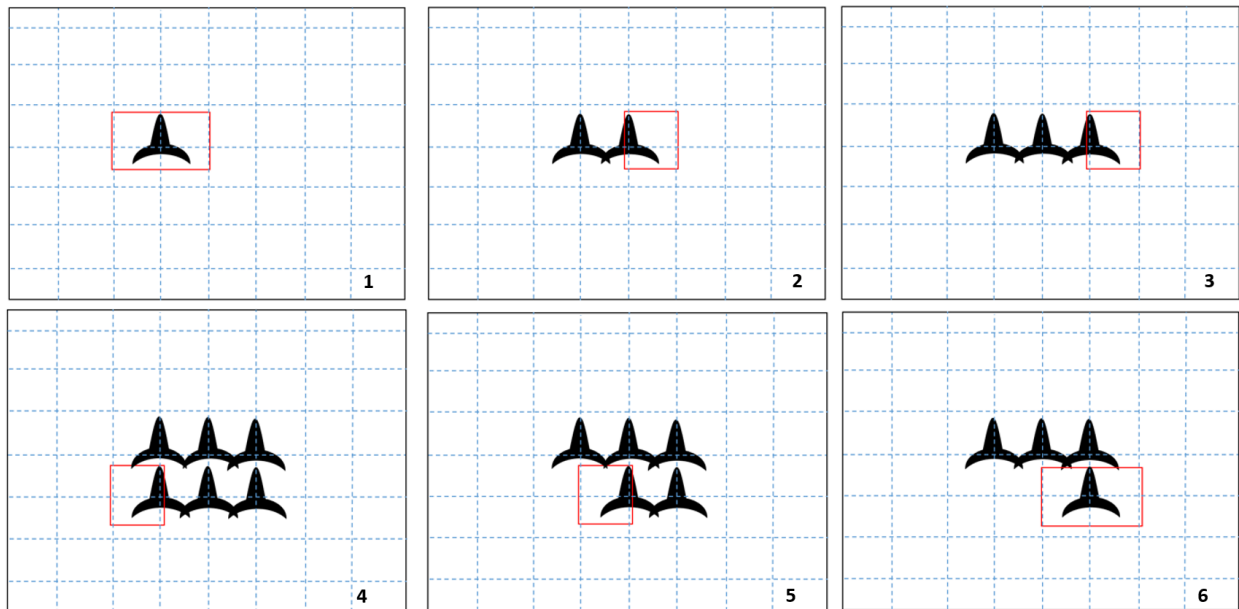


FIGURE 6.19 – Illustration d'une implantation incrémentale pour une curiethérapie dynamique

Sur 3 volumes de grains voisins implantés selon la stratégie d'implantation incrémentale, nous avons employé le même test effectué dans § 6.6.2 qui consiste à tourner le volume de grain modèle autour de \vec{Y}_{Train} entre -20° et $+20^\circ$ avec un pas de 5° et évaluer les valeurs retournées. Les résultats de la figure 6.20 présentent une similitude entre les rotations appliquées (valeurs de la courbe rouge) et les rotations estimées (valeurs de la courbe bleue) avec une erreur moyenne de 3.55 mm et une variance de 1.67 mm.

Bien qu'elle semble efficace, nous n'avons pas pu tester cette alternative sur les données cliniques, car elles ont été récupérées en post-opératoire où tous les grains sont déjà implantés. Un test approfondi nécessiterait la mise en place d'un protocole clinique spécifique qui n'était pas réalisable dans le temps de cette thèse.

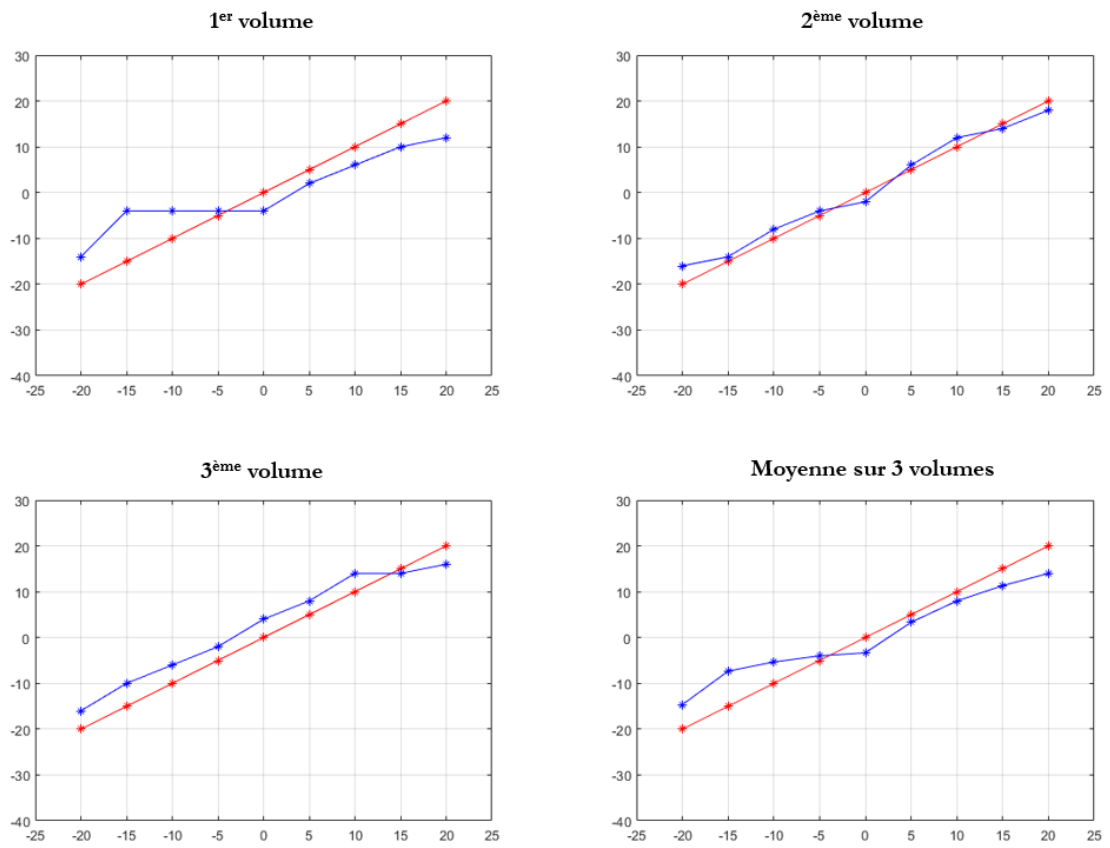


FIGURE 6.20 – Estimation des orientations de trois grains autour Y_{Train} . Les points {Rouge,Bleu} sont respectivement les angles {appliqués,estimés}

Chapitre 7

Discussion et conclusion générale

Sommaire

7.1 Synthèse et contributions	124
7.1.1 Localisation d'aiguilles	124
7.1.2 Localisation de grains	124
7.2 Conclusion et perspectives	126
7.2.1 Les limites	126
7.2.2 Amélioration à court terme	127
7.2.3 Amélioration à moyen terme	128
7.2.4 Faisabilité clinique	128

Au cours de ce chapitre, nous allons mener une discussion sur les contributions majeures de ce manuscrit et sur les limitations et les problématiques quelques fois déjà évoquées tout au long des chapitres précédents. Ce chapitre permet aussi de replacer, par rapport à l'état de l'art, les différentes contributions et résultats obtenus. Enfin, une dernière section conclusive incarne le bilan des travaux engagés dans ce manuscrit et met en lumière certaines perspectives pour le futur.

7.1 Synthèse et contributions

7.1.1 Localisation d'aiguilles

La localisation d'aiguille dans les images échographiques 3D présentée dans le troisième chapitre est fondée sur la classification Bayésienne non supervisée. Elle a été aussi utilisée pour la binarisation du volume d'intérêt contenant un train de grains. Elle nous a permis de surmonter les difficultés du calcul des seuils lors de la binarisation liées à la grande variabilités dans images échographiques. En effet, à l'aide de l'algorithme EM, le calcul des paramètres demandés est assuré, pour chaque aiguille, d'une manière adaptative et sans intervention de l'utilisateur. La courbe de l'aiguille est ainsi calculée à partir du nuage de voxels retrouvés par une approximation polynomiale optimisée. Enfin, pour mieux ajuster l'estimation de la pointe, une procédure de recherche basée sur l'identification de la grande décroissance d'intensités de voxels le long de l'aiguille a été lancée.

Dans le chapitre 5, nous avons présenté à travers le tableau 5.2 les résultats sur chaque type d'image échographique 3D. Sur les images de fantôme, l'erreur moyenne de la localisation de pointe égale à 1.38% de la longueur de l'aiguille dans les images. Dans les images cliniques, cette valeur est égale à 2% pour les aiguilles non ombrées et 3.3% pour les aiguilles ombrées. Le temps d'exécution de la méthode de localisation d'aiguille est très adéquat au contexte clinique (0.93s sur les image de fantôme et 1.2s sur les images cliniques). La petite différence dans temps de calcul pourrait être justifiée par la petite variabilité dans les caractéristiques des éléments unitaires (voxels) dans chaque type d'image. Celles-ci sont manifestées notamment par les tailles des voxels (0.3125x0.3125x0.3125 mm pour les images de fantôme et 0.26x0.26x1 mm pour les images cliniques).

La méthode de la localisation d'aiguille a été le sujet d'une communication dans une conférence internationale [59]. Elle a aussi fait preuve d'un bon fonctionnement dans le contexte de guidage d'aiguille flexible, et a été présentée dans une autre conférence internationale [60].

7.1.2 Localisation de grains

L'algorithme de localisation de grains repose sur le résultat de la localisation d'aiguille. La région d'intérêt, dans la quelle les grains sont libérés, est déduite à partir de la position de pointe de l'aiguille. Ceci permet de focaliser le traitement de recherche dans un volume réduit. Le quatrième chapitre présente l'approche de la localisation de grains radioactifs dans les images échographiques 3D en utilisant des algorithmes de classification non supervisée pour la sélection de voxels du trains de grains et de recalages rigides pour l'identification de grains. Tout comme pour les aiguilles, la localisation de grains a d'abord été testée sur une image de fantôme en Agar-agar puis sur deux images cliniques de patients anonymes acquises en post-opératoire. Ceci donne à la solution développée

un différentiel par rapport à ce qui est déjà proposé dans l'état de l'art puisqu'elle est testée sur des données cliniques 3D. Les défis de la localisation de grains à partir d'image échographique 3D sont essentiellement dus à la faible qualité de la modalité d'imagerie, au petit volume de grains et leur nature (forme, matière). Ainsi, certaines structures échogènes peuvent imiter l'apparence et la luminosité de certains grains, par exemple lorsqu'elles se trouvent dans une zone d'ombre. Nous avons travaillé à surmonter ces difficultés en introduisant une localisation de grains basée sur des algorithmes d'apprentissage automatique.

Le calcul dosimétrique pré-opératoire pour une curiethérapie adaptative est différent de celui pour une curiethérapie standard. Il repose sur des modèles de dose plus complexes [61], nécessitant la détermination exacte de la contribution et l'impact de chaque source radioactive. Le rayonnement d'une source est ainsi modélisé par le cylindre concentrique avec le grain. C'est pourquoi, une localisation complète de grains cylindriques déterminant les 5 paramètres doit être précisée. Notre solution développée calcule les positions et les directions de chaque grain. Ceci est effectué en deux étapes complémentaires commençant par la localisation globale du train de grains et finissant par le raffinement des positions et des orientations de chaque grain séparément.

Les trains de grains servent à connecter les sources radioactives qui sont injectées par la même aiguille en un seul bloc. Leur utilisation permet de minimiser considérablement les erreurs d'implantation lors de l'injection. En effet, au lieu d'injecter chaque grain séparément, une seule injection par aiguille doit être effectuée. Les volumes de doses extrêmement élevés à l'intérieur de la prostate, pouvant être nuisibles aux organes à risque (urètre, rectum et vessie), sont associés aux regroupements de grains [62]. Malgré les petites cassures qui peuvent survenir sur les connecteurs, aucune incidence de migration des grains ne pourra avoir lieu en utilisant des trains de grains connectés, éliminant en conséquence le risque de regroupement. Cependant, toutes les méthodes de l'état de l'art (tableau 2.1), sauf [37], sont destinées à déterminer les positions des grains libres et aucune n'est adéquate pour localiser les trains de grains. Ceci peut être justifié simplement par le fait que les méthodes utilisent pour la classification et la reconnaissance la géométrie et les dimensions connues du grain libre (cylindre $\varnothing = 0.8$ mm ; $L \simeq 4.5$ mm) et que les dimensions des trains de grains varient en fonction de la composition. Nous avons surmonté cette contrainte en utilisant la planification pré-opératoire pour se renseigner sur la composition des trains de grains. Nous avons montré à travers les tableaux 6.3 et 6.1 la variété des compositions des trains de grains implantés dans les images échographiques 3D de test. Parmi les différentes compositions, l'algorithme a été testé sur des grains libres : cas A_4 du tableau 6.1 et S_1 du deuxième patient du tableau 6.3. Cela prouve que notre méthode, contrairement aux méthodes de l'état de l'art, pourrait être une solution à la fois pour la localisation de grains libres et de trains de grains connectés. Cependant, si les grains libres sont regroupés, la méthode ne pourrait pas aboutir. C'est aussi le cas pour les autres méthodes présentées dans le tableau 2.7.

Certains facteurs, notamment ceux qui sont liés aux qualités d'images et aux conditions de manipulation, nous poussent à attendre une moyenne d'erreur de la localisation de grains dans les images de fantôme légèrement inférieure à la moyenne d'erreur de la localisation de grains dans les données cliniques. Cependant, c'est le contraire que nous

avons obtenu. Ceci peut s'expliquer par la manière dont nous avons réalisé nos évaluations sur chaque type d'images (fantôme vs. patients). Sur les données cliniques, l'évaluation a été effectuée par rapport à une seule segmentation manuelle (écart-type d'erreur = 0.7 mm) faite directement sur les images échographiques. Mais, sur les images de fantôme, l'évaluation a été effectuée par rapport à une segmentation manuelle (écart-type d'erreur = 0.62 mm) sur une acquisition CT après le recalage avec l'image de fantôme (RMS de recalage = 0.99 mm). Donc, il est possible que l'évaluation sur fantôme, moins directe mais supposée plus fiable car se référant à des données scanner, accumule en fait davantage d'erreurs à cause du recalage nécessaire. Pour vérifier cette hypothèse, une évaluation par rapport à une segmentation manuelle effectuée directement sur les images de fantôme (écart-type d'objectivité est égale à 0.66 mm) a été menée. Cette évaluation donne une erreur moyenne de 1.09 mm, soit une valeur légèrement inférieure aux erreurs moyennes des images de deux patients. Le second facteur, limitant la comparaison directe entre résultats sur fantômes et sur images cliniques, peut être lié au fait que nous ayons été obligés de ne sélectionner que quelques trains de grains dans les données des patients pour lesquels une segmentation manuelle pouvait être faite de façon raisonnablement fiable.

Malgré les conditions expérimentales différentes, telles que les types de sondes et d'images échographiques, nous allons essayer de comparer notre solution avec l'état de l'art et ses nouveaux apports. Les méthodes citées s'inscrivent dans le cadre d'une curiethérapie standard où le calcul dosimétrique repose sur un modèle 1D très simple [63]. Ceci explique bien pourquoi certaines de celles-ci se limitent à déterminer les positions de grains (3 paramètres) et n'engagent aucun traitement supplémentaire pour l'estimation des orientations. Les erreurs de la localisation des méthodes de l'état de l'art sont mesurées, la plupart du temps, à partir des images échographiques 3D de fantôme (Agar agar, 'Yezitronix' ou celui du modèle 053 équivalent aux tissus de la prostate) ou de tissus biologiques (poulet). Les moyennes d'erreurs ainsi calculées varient (entre 1 mm et 1.8 mm). La seule méthode qui a été validée sur des données cliniques est celle qui a utilisé le réseau de neurones [36]. Toutefois, l'apprentissage et les tests ont été effectués sur des coupes axiales 2D. L'erreur retournée était 2,29 mm.

Notre méthode a été testée sur deux types d'images échographiques 3D. Par rapport à l'état de l'art, notre méthode est la première qui a été testée sur des images 3D acquises en bloc opératoire, et aussi sur une image échographique 3D de fantôme en Agar-agar. Sur les deux types d'image, les résultats obtenus sont très prometteurs. Les moyennes d'erreur sur les données cliniques varient entre 1,36 mm et 1,52 mm. La moyenne d'erreur sur l'image de fantôme est 1,86 mm.

7.2 Conclusion et perspectives

7.2.1 Les limites

Malgré les nouvelles contributions que nos méthodes de localisation ont porté, nous pouvons citer quelques limitations qui pourraient être le sujet d'une amélioration à court ou à moyen terme.

L'estimation de l'orientation autour de Y_{Train}^{\rightarrow} n'est pas été résolue sur les images acquises

en post-opératoire. Le signal du grain se trouve immergé dans les artefacts latéraux, ce qui empêche la différenciation entre le grain et les artefacts qui lui entourent.

EM est un algorithme itératif nécessitant une bonne initialisation des paramètres. Ceci est effectué une seule fois et est valable pour toutes les localisations. Bien que la même logique expliquée dans § 3.2.2 ait été respectée pour l'initialisation des paramètres pour chaque type d'image échographique (clinique ou de fantôme), on se trouve dans l'obligation d'attribuer des différentes valeurs à chacun (notamment les valeurs des variances σ et des probabilités d'apparence π). Ceci étant lié à la sonde échographique et aux différents réglages possibles.

Les valeurs des paramètres de convergence, par exemple celle de ϵ (voir équation 3.14), sont choisies d'une manière empirique. Ces paramètres servent à vérifier la convergence des algorithmes itératifs. Il suffit qu'ils soient dans une certaine plage de valeurs suffisamment petites pour garantir une bonne exactitude de la convergence. Bien que nous n'ayons pas prouvé le choix de ces valeurs, leur effet reste mineur lorsqu'elles sont dans la plage de petites valeurs.

Bien que sur l'image de fantôme l'évaluation de la localisation de grains ait été effectuée en utilisant une image CT comme une vérité terrain, l'évaluation de la localisation sur les données cliniques a été effectuée en comparant les résultats de positions des grains avec une localisation manuelle à partir des mêmes images échographiques 3D. En effet, nous n'avons pas pu récupérer des images CT correspondant. Même s'il était possible de la faire, les images sont réellement acquises en post-opératoire un mois plus tard, ce qui génère potentiellement un déplacement de grains, lié à la résorption de l'œdème, pouvant fausser l'évaluation. Bien que nous ayons respecté un critère de choix objectif basé sur la possibilité d'effectuer une segmentation manuelle fiable et la correspondance avec la planification pré-opératoire, nous avons dû sélectionner parmi les données cliniques disponibles, quelques trains de grains sur lesquels nous avons testé notre méthode de localisation de grains.

7.2.2 Amélioration à court terme

Nous avons proposé dans la section § 6.8 une solution pour l'estimation des orientations autour de \vec{Y}_{Train} en employant un protocole incrémental pour l'acquisition et la localisation de grains dans les images échographiques 3D. Ceci permettrait d'agrandir les dimensions des volumes $V_{s/m}$ et d'empêcher les chevauchements potentiels en prenant que les moitiés des volumes V_g n'ayant pas de voisins correspondant aux anciennes implantations. Le protocole incrémental, peut engendrer des cas d'insertion de nouvelle aiguille à proximité de grains déjà implantés. Puisque les grains sont localisés en temps réel, on peut envisager une solution de prise en compte ou de suppression de grains pour ne pas être gênés par les grains précédemment implantés pour la phase de localisation d'aiguille. Cela devrait être testé sur des images acquises incrémentalement lors d'une curiethérapie.

L'automatisation de l'initialisation pourrait être envisageable. En effet, il suffit de tester plusieurs valeurs de $\{\sigma_{X_A}, \sigma_{X_B}\}$ et de $\{\pi_{X_A}, \pi_{X_B}\}$ respectant la logique de l'initialisation. Les valeurs des moyennes $\{\mu_A, \mu_B\}$ initiales ne sont pas difficiles à initialiser. Pour μ_B , il faudrait choisir une valeur entre les deux pics de l'histogramme et une valeur supérieure

à celle du pic de la classe aiguille pour μ_B (par exemple 255). Puisque tous les paramètres de chaque gaussienne $\{\sigma_{X_i}, \sigma_{X_i}, \pi_{X_i}\}$ sont liés (voir les équations 3.13), la vérification de la convergence vers les bonnes valeurs pourrait être effectuée par le contrôle d'un seul paramètre. On pourrait se limiter à vérifier la convergence de la moyenne de la classe dominée μ_A puisqu'elle est la plus dure à établir. Les mauvaises valeurs initiales de variances et de probabilités d'apparence engendrent le dépassement de la petite Gaussienne de la classe dominée et se stabilisent à la Gaussienne de la classe du background. Seule la bonne combinaison des valeurs initiales qui pourrait établir une stabilisation des paramètres autour des valeurs de la classe dominée. Donc, la vérification de la convergence pourrait être effectuée par la vérification de l'intervalle de valeurs dans lequel μ_{X_A} a convergé. Finalement, les paramètres devraient être initialisés avec les valeurs de la combinaison qui avait produit une convergence exacte. Le temps de calcul serait l'inconvénient majeur de l'automatisation de l'initialisation des paramètres. Tout cela pourrait aussi avoir lieu lors de la binarisation du volume réduit contenant le train de grains.

En second lieu, on pourrait envisager des expérimentations sur cadavre. Ceci permettrait d'avoir un environnement réaliste sur lequel on pourrait non seulement d'employer le protocole incrémental, mais aussi effectuer une acquisition CT considérée comme étant la vérité terrain, juste après l'implantation de grains, avec laquelle la méthode de localisation automatique serait comparée. Une telle alternative pourrait résoudre le problème de l'évaluation basée sur la segmentation manuelle dans les images cliniques et garantir une évaluation réaliste.

7.2.3 Amélioration à moyen terme

Par rapport à la sonde "BK" ayant produit les images cliniques de test, l'utilisation de la sonde Perrine ® (Koelis, Meylan, France), produit des images échographiques 3D ayant un meilleur contraste et contenant moins de bruit et d'artefacts de réverbération. Des acquisitions sur patients en utilisant la sonde Perrine sont en cours. On pourrait utiliser ces données cliniques potentielles pour effectuer des tests exhaustifs en localisant tous les grains/train de grains qui sont y implantés et de ne pas être obligés de ne sélectionner que quelques trains de grains sur lesquels on teste l'algorithme.

Avec une base de données suffisamment grande, il serait intéressant de tester le "deep learning" pour compléter ou remplacer notre méthode de localisation de grains basée sur les algorithmes de "machine learning". La nécessité d'avoir un grand nombre d'exemples annotés reste cependant un obstacle.

7.2.4 Faisabilité clinique

Selon Su et al [64], une erreur de localisation de grains inférieure à 2 mm est généralement considérée comme acceptable. En effet, une étude sur les impacts d'une localisation erronée de grains sur la précision de la dosimétrie a été effectuée. Celle ci a montré qu'une erreur de 2 mm représente moins de 5% de distorsion de dose délivrée à 90% du volume de la prostate. Notre méthode respecte les contraintes et pourraient contribuer à l'amélioration de la localisation des grains dans un contexte clinique. Ceci est aussi appuyé par le temps de calcul réduit qui, en moyenne, ne dépasse pas 1.2 s pour la localisation d'aiguilles et 0.84 s pour la localisation de grains sans raffinement. La méthode de raffinement, ayant un temps de calcul de l'ordre de 86 secondes par grain, pourrait être aussi

optimisée par un calcul basé sur la descente de gradient.

En conclusion générale, ces travaux montrent une première faisabilité pour la localisation de grains indispensable à la curiethérapie dynamique.

Annexe A

Les artefacts dans les images échographiques

Nous proposons une étude synthétique des artefacts échographiques qui s'apparaissent dans les images ultrasonores. Ces artefacts apparaissent lorsque les hypothèses sur le traitement de signal émis par le système d'imagerie par ultrasons sont mises en défaut. Les hypothèses principales sont les suivantes :

1. Les ondes acoustiques se déplacent selon des lignes droites.
2. Les ondes sont infiniment minces dans leur étendue latérale.
3. Chaque interface génère une seule réflexion.
4. La vitesse et l'atténuation du son sont homogènes et connues a priori.
5. Tout écho détecté correspond à la dernière impulsion transmise.
6. L'intensité des échos retournés est directement liée à la force de dispersion des objets en question.

Certaines hypothèses sont violées dans les tissus mous. Ces violations sont aussi produites lorsque des instruments métalliques sont utilisés.

Cette annexe reprend de nombreux éléments extraits de [7].

A.1 Les artefacts d'instruments métalliques

D'après Jinlan Huang et al [7], la plupart des artefacts d'instruments se divisent en deux catégories : certains proviennent de la réverbération du son dans l'instrument, et d'autres proviennent des échos générés dans les lobes secondaires du faisceau ultrasonore.

A.1.1 Les artefacts de réverbération

La réverbération fait référence aux multiples échos qui se produisent lorsque le son est réfléchi d'une manière répétée à l'intérieur d'un objet ou entre deux objets, dont l'un peut être la sonde. Par conséquent, le transducteur reçoit des multiples échos correspondant à une seule impulsion transmise. Dans ce qui suit, les différents types d'artefacts de réverbération sont présentés.

Artefact Queue de Comète "Comet Tail" : Dans la figure A.1 un exemple de "Comet Tail artefact" pour des grains radioactifs ($\varnothing = 0.8$ mm) est présenté. Les grains sont placés perpendiculairement au plan axial de la figure. Les orientations des artefacts ainsi que leur

dimensions dépendent de positions de grains par rapport à la sonde \otimes .

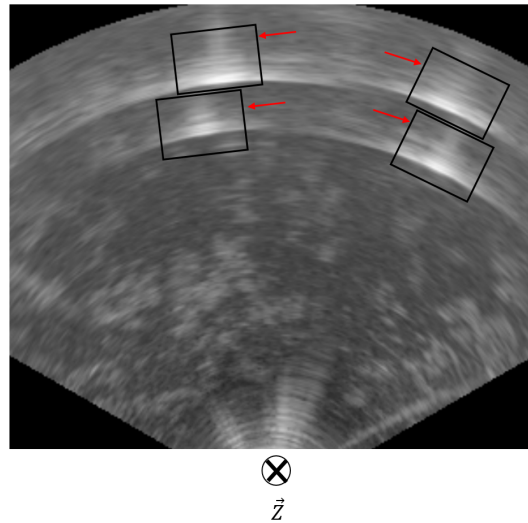


FIGURE A.1 – Artefacts Queue de Comète des grains radioactifs ($\varnothing=0.8\text{mm}$; $L \simeq 4.5\text{mm}$) injectés perpendiculairement à ce plan axial.

Artefact d'ondes guidées : Cet artefact de réverbération est spécifique à l'homogénéité d'instrument scanné. Il s'est produit lorsque les signaux qui se déplacent le long de la tige se reflètent par les discontinuités trouvées le long de sa longueur. En plus d'artefact "Queue de Comète", la figure A.2 montre un exemple d'artefact d'ondes guidées comme 3 doigts sortis de la pointe de la tige horizontale. Cette pointe représente l'unique discontinuité trouvée par les faisceaux émergeant le long de cette tige.

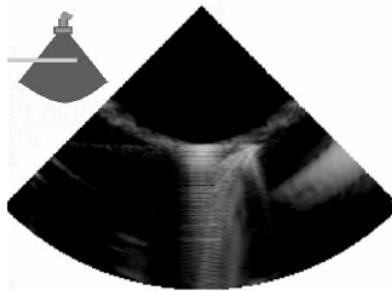


FIGURE A.2 – Artefact d'ondes guidées avec 3 doigts émanant de la pointe.
[7]

Artefact de réverbération sur la pointe : Les pointes des tiges cylindriques produisent un artefact de réverbération particulier et puissant. Sa périodicité ainsi que sa longueur sont directement liées au diamètre de la tige. Comme il est montré dans la figure A.3, les artefacts de réverbération sur la pointe générés par des tiges de diamètres 1.6, 3.2 et 6.4 mm ont des longueurs respectives de 1.2, 2.4 et 4.8 mm. La géométrie de la pointe, quant à elle aussi, affecte l'amplitude de cet artefact.

Artefacts de réverbération sonde-instrument : Les artefacts de réverbération décrits ci-dessus

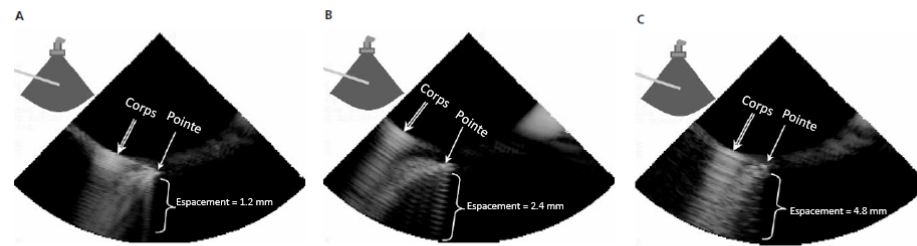


FIGURE A.3 – Les artefacts de réverbération sur les pointes de quelques tiges de différents diamètres. **A** $\varnothing=1.6$ -mm. **B** $\varnothing=3.2$ -mm. **C** $\varnothing=6.4$ -mm. Extrait du [7]

sont dus à la réflexion du faisceau dans l'instrument. Ils peuvent se produire aussi par des réflexions entre l'instrument et la sonde. Ce qui résulte des images fantômes de l'instrument. Elles se situent à des multiples entiers de la distance entre la sonde et l'instrument (figure A.4).

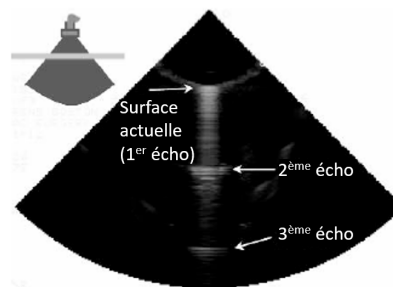


FIGURE A.4 – Artefacts de réverbération sonde-instrument pour une tige en acier inoxydable de $\varnothing=3.2$ mm. Extrait du [7]

A.1.2 Les artefacts de lobes secondaires

Parmi les hypothèses utilisées par les systèmes d'imagerie par ultrasons l'une d'elles considère que la largeur latérale du faisceau ultrason est infiniment mince (deuxième hypothèse citée au début de la section A). Cependant, sur le plan pratique cette hypothèse est violée lorsque le faisceau subit une ou plusieurs diffractions. Jinlan Huang et al. ont considéré dans leur étude [7] que le terme "lobe secondaire" décrit toute énergie acoustique en dehors du faisceau principal générée par des effets de diffraction.

Artefacts de lobe secondaire diffractif : Les arêtes des instruments, ayant des rayons de courbure de même ordre que la longueur d'onde acoustique, diffusent les ondes incidentes sur une large plage d'angles. La différence d'impédance entre l'instrument et le tissu suffira pour produire des échos détectables, même si l'énergie incidente est dispersée dans

tous les sens. La figure A.5 montre une extension de la pointe d'instrument, sous forme d'une zone lumineuse, dû à l'effet du lobe secondaire.

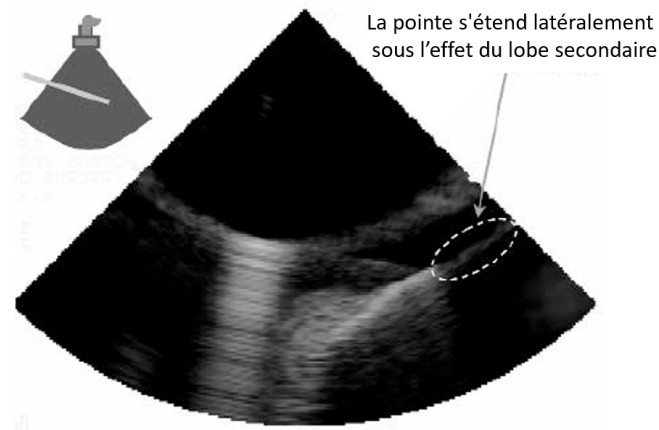


FIGURE A.5 – Artefact de lobe secondaire diffractif pour une tige en acier inoxydable de $\varnothing=3,2$ mm . L'artefact apparaît sous forme de segments curvilignes émanant de la pointe. [7]

Artefacts de lobe secondaire Spéculaire : Les instruments ayant des surfaces très réfléchis-

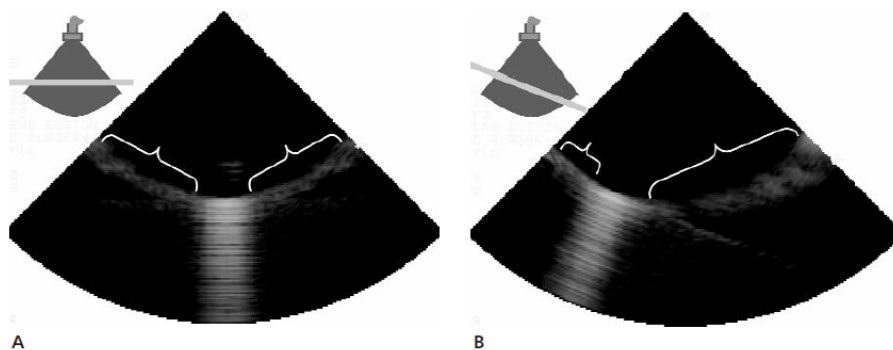


FIGURE A.6 – Artefacts de lobes secondaires spéculaires d'une tige en acier inoxydable de $\varnothing=3,2$ mm. **A** Tige horizontale. **B** Tige orientée à 20° . [7]

santes peuvent produire des artefacts de lobes secondaires. Les surfaces lisses jouent un rôle de réflecteur spéculaire. Elles produisent des signaux échos lorsqu'elles sont orientées à ce qu'un lobe secondaire soit normalement incident.

On peut trouver aussi d'autres types d'artefacts dans les images échographiques comme les *Artefacts d'ombre* : Les instruments en métal créent des zones d'ombre dans les images échographiques lorsqu'ils se situent à proximité d'autres objets ou lorsqu'ils sont acquis avec du tissu. Celui ci est dû aux atténuations des intensités des signaux transmis à travers les surfaces d'instrument. Lorsqu'ils seront réfléchis par les tissus, il sera difficile

pour eux l'atteinte de la sonde. Ce qui engendre des régions noires dans l'image produite. La figure A.7 montre un ombre prononcé créé par une tige en acier inoxydable sur une surface plane du tissu.

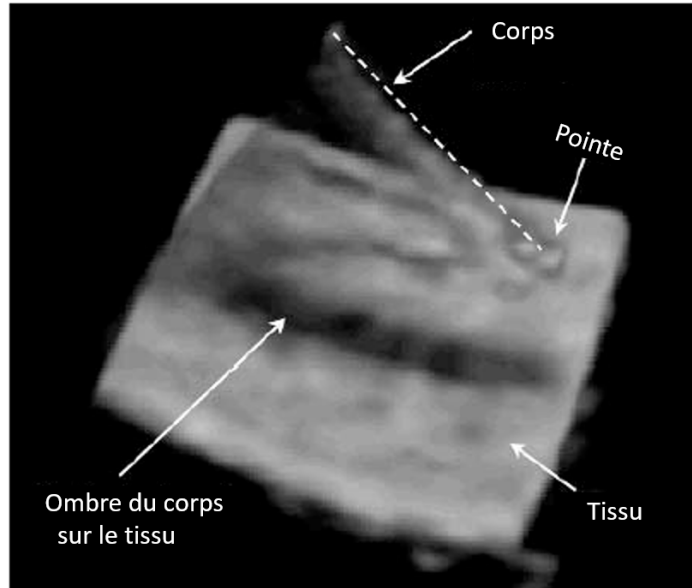


FIGURE A.7 – Ombre d'une tige en acier inoxydable sur une surface du tissu. Extrait du [7]

A.2 Les artefacts dans les tissus mous

Parmi les hypothèses citées au début de cette section, certaines pourraient être violées lorsque les faisceaux ultrasonores se propagent dans les tissus mous. D'après [65] et [66], les artefacts de réverbérations ne se produisent qu'en présence des instruments métalliques. Les tissus mous peuvent aussi générer des réflexions multiples du faisceau avec la sonde ou aussi avec d'autres interfaces du tissu mou. La figure A.8 schématise le phénomène de réverbération tissu-transducteur et tissu-tissu.

Les zones d'ombres peuvent aussi se produire par la réflexion complète ou l'atténuation du faisceau sonore immergeant à travers les interfaces du tissu. Cependant, des échos de réverbération légers peuvent apparaître dans la zone ombrée.

La vitesse du son dans les tissus est un paramètre intervenant lors du calcul de l'image produite par la réflexion des faisceaux. La vitesse de propagation des faisceaux dans les matériaux et dans les tissus dépendent de leurs densités ainsi que de leurs propriétés élastiques. Malgré ça, la vitesse est considérée constante lors du calcul. Par exemple, la valeur considérée dans les tissus humains est 1540 m/sec. Quand les faisceaux se propagent dans des matériaux ou dans des tissus ayant des différentes vitesses, les échos vont prendre plus/moins du temps pour atteindre le transducteur. Par conséquent, les échos ne se situent pas à leur position réelle dans l'image produite (figure A.9).

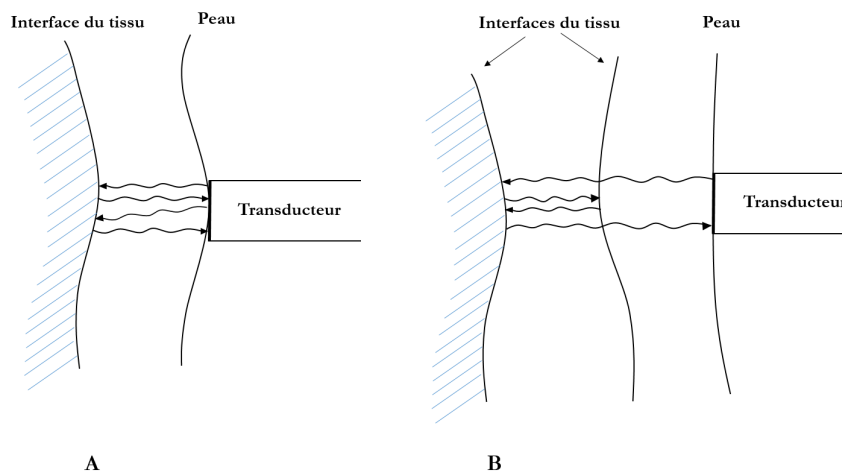


FIGURE A.8 – Les échos de réverbération. **A** Réverbération tissu-transducteur. **B** Réverbération tissu-tissu.

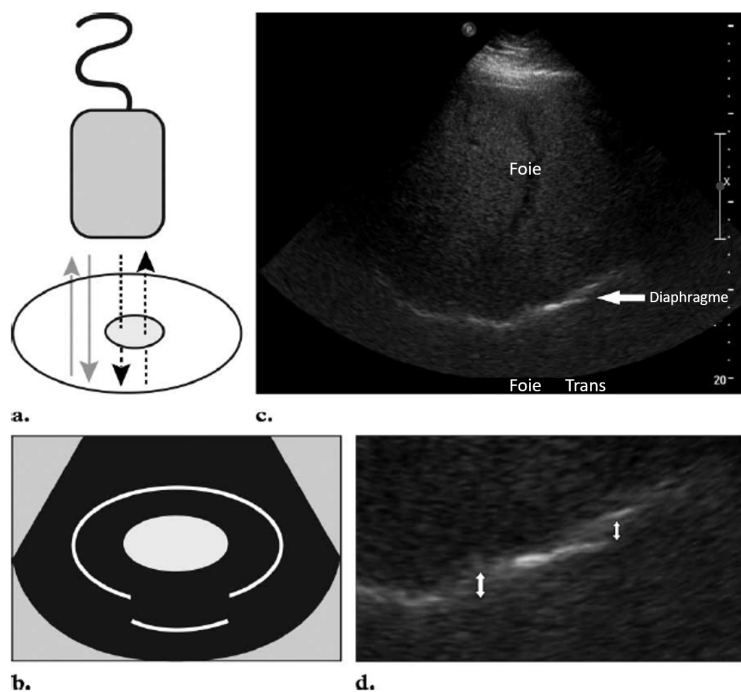


FIGURE A.9 – Impact du changement de vitesse de propagation. (a) les flèches pointillées indiquent les faisceaux qui se propagent plus lentement dans la graisse focale que dans les tissus entourant. (b) Par conséquent, la région lumineuse correspondante est mal placée dans l'image calculée. (c,d) L'interface entre le foie et le diaphragme est discontinue et localement mal placée (c). Extrait du [67]

Annexe B

Calculs mathématiques

Dans cette annexe, on s'intéresse à détailler les démarches mathématiques permettant d'appliquer les algorithmes de classification non supervisée (binarisation par classification bayésienne et suppression de faux positifs par SVM). Les calculs mathématiques concerne l'algorithme EM (voir [B.1](#)) et l'optimisation quadratique (voir [B.2](#)).

B.1 Algorithme EM

Les paramètres nécessaires pour la classification Bayésienne sont déduits à partir de l'expression du log de vraisemblance de l'équation [3.12](#) :

$$\begin{aligned}
 Q(\Theta^k, \Theta^{k-1}) &= \sum_r \log(L(\Theta|V, r_i)) p(r_i|V, \Theta^{k-1}) \\
 &= \sum_r \sum_{j=1}^n \log(\pi_{r_j} p_{r_j}(y_j|\theta_{r_j})) \prod_{u=1}^n p(r_u|y_u, \Theta^{k-1}) \\
 &= \sum_{r_1=1}^M \sum_{r_2=1}^M \dots \sum_{r_n=1}^M \sum_{j=1}^n \log(\pi_{r_j} p_{r_j}(y_j|\theta_{r_j})) \prod_{u=1}^n p(r_u|y_u, \Theta^{k-1}) \\
 &= \sum_{r_1=1}^M \sum_{r_2=1}^M \dots \sum_{r_n=1}^M \sum_{j=1}^n \sum_{\ell=1}^M \delta_{\ell, r_j} \log(\pi_{\ell} p_{\ell}(y_j|\theta_{\ell})) \prod_{u=1}^n p(r_u|y_u, \Theta^{k-1}) \\
 &= \sum_{\ell=1}^M \sum_{j=1}^n \log(\pi_{\ell} p_{\ell}(y_j|\theta_{\ell})) \sum_{r_1=1}^M \sum_{r_2=1}^M \dots \sum_{r_n=1}^M \delta_{\ell, r_j} \prod_{u=1}^n p(r_u|y_u, \Theta^{k-1})
 \end{aligned} \tag{B.1}$$

On remarque que pour $\ell \in 1, \dots, M$:

$$\begin{aligned}
 &\sum_{r_1=1}^M \sum_{r_2=1}^M \dots \sum_{r_n=1}^M \delta_{\ell, r_j} \prod_{u=1}^n p(r_u|y_u, \Theta^{k-1}) \\
 &= \left[\sum_{r_1=1}^M \dots \sum_{r_{j-1}=1}^M \sum_{r_{j+1}=1}^M \dots \sum_{r_n=1}^M \prod_{u=1, u \neq j}^n p(r_u|y_u, \Theta^{k-1}) \right] p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) \\
 &= \prod_{u=1, u \neq j}^n \left(\sum_{r_u=1}^M p(r_u|y_u, \Theta^{k-1}) \right) p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) \\
 &= p(\ell|y_j, \Theta^{k-1})
 \end{aligned} \tag{B.2}$$

Et ceci parce que $\sum_{r_u=1}^M p(r_u|y_u, \Theta^{k-1}) = 1$. En utilisant l'équation B.2 on peut écrire l'équation B.1 comme suit :

$$\begin{aligned} Q(\Theta^k, \Theta^{k-1}) &= \sum_{\ell=1}^M \sum_{j=1}^n \log(\pi_\ell p_\ell(y_j|\theta_\ell)) p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) \\ &= \sum_{\ell=1}^M \sum_{j=1}^n \log(\pi_\ell) p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) + \sum_{\ell=1}^M \sum_{j=1}^n \log(p_\ell(y_j|\theta_\ell)) p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) \end{aligned} \quad (\text{B.3})$$

Pour maximiser cette expression, on peut maximiser le terme contenant π_ℓ et le terme contenant θ_ℓ indépendamment puisqu'ils sont non liés. Pour trouver l'expression de π_ℓ , on introduit le multiplicateur de Lagrange λ avec la contrainte $\sum_\ell \pi_\ell = 1$, et on résout l'équation suivante :

$$\frac{\partial}{\partial \pi_\ell} \left[\sum_{\ell=1}^M \sum_{j=1}^n \log(\pi_\ell) p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) + \lambda \left(\sum_\ell \pi_\ell - 1 \right) \right] = 0$$

or

$$\sum_{j=1}^n \frac{1}{\pi_\ell} p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) + \lambda = 0$$

On obtient ainsi $\lambda = -n$ résultant en :

$$\pi_\ell = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) \quad (\text{B.4})$$

Pour des distributions Gaussiennes, on peut trouver les expressions analytiques de $\theta_\ell = (\mu_\ell, \Sigma_\ell)$ là où :

$$p_\ell(y|\mu_\ell, \Sigma_\ell) = \frac{1}{\sqrt{2\pi|\Sigma_\ell|}} e^{-\frac{1}{2}(y-\mu_\ell)^T \Sigma_\ell^{-1} (y-\mu_\ell)} \quad (\text{B.5})$$

Avec Σ est la matrice de covariance. En prenant le log de l'équation B.5, en ignorant tous les termes constant qui se disparaissent après avoir pris des dérivées et en remplaçant dans le coté droit de l'équation B.3, on obtient :

$$\begin{aligned} \sum_{\ell=1}^M \sum_{j=1}^n \log(p_\ell(y_j|\mu_\ell, \Sigma_\ell)) p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) &= \\ \sum_{\ell=1}^M \sum_{j=1}^n \left[-\frac{1}{2} \log(|\Sigma_\ell|) - \frac{1}{2} (y_j - \mu_\ell)^T \Sigma_\ell^{-1} (y_j - \mu_\ell) \right] p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) \end{aligned} \quad (\text{B.6})$$

En prenant la dérivée de l'équation B.6 par rapport à μ_ℓ et en la mettant à zéro, on obtient :

$$\sum_{j=1}^n \Sigma_\ell^{-1} (y_j - \mu_\ell) p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) = 0$$

Avec cela, on peut facilement obtenir l'expression du μ_ℓ :

$$\mu_\ell = \frac{\sum_{j=1}^n y_j p(\ell|y_j, \Theta^{k-1})}{\sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1})} \quad (\text{B.7})$$

Pour trouver Σ_ℓ , on note qu'on peut écrire l'équation B.6 comme suit :

$$\begin{aligned} & \sum_{\ell=1}^M \left[\frac{1}{2} \log(|\Sigma_\ell^{-1}|) \sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) - \frac{1}{2} \sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) \text{tr}(\Sigma_\ell^{-1} (y_j - \mu_\ell)(y_j - \mu_\ell)^T) \right] \\ &= \sum_{\ell=1}^M \left[\frac{1}{2} \log(|\Sigma_\ell^{-1}|) \sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) - \frac{1}{2} \sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) \text{tr}(\Sigma_\ell^{-1} N_{\ell,j}) \right] \end{aligned}$$

Où $N_{\ell,j} = (y_j - \mu_\ell)(y_j - \mu_\ell)^T$.

En prenant la dérivée par rapport à Σ_ℓ^{-1} , on obtient :

$$\begin{aligned} & \frac{1}{2} \sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) (2\Sigma_\ell - \text{diag}(\Sigma_\ell)) - \frac{1}{2} \sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) (2N_{\ell,j} - \text{diag}(N_{\ell,j})) \\ &= \frac{1}{2} \sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) (2M_{\ell,j} - \text{diag}(M_{\ell,j})) \\ &= 2S - \text{diag}(S) \end{aligned}$$

Où $M_{\ell,j} = \Sigma_\ell - N_{\ell,j}$ et $S = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) M_{\ell,j}$. La mise à zéro de la dérivée nous donne $2S - \text{diag}(S) = 0$, ce qui implique $S = 0$. Ceci donne :

$$\sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) (\Sigma_\ell - N_{\ell,j}) = 0$$

Or

$$\begin{aligned} \Sigma_\ell &= \frac{\sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) N_{\ell,j}}{\sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1})} \\ &= \frac{\sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1}) (y_j - \mu_\ell)(y_j - \mu_\ell)^T}{\sum_{j=1}^n p(\ell|y_j, \Theta^{k-1})} \end{aligned}$$

B.2 Optimisation quadratique

Dans le cadre de la suppression de faux positifs, on applique SVM comme un algorithme de classification nécessitant une étape d'apprentissage pour l'estimation de la droite séparatrice de deux classes (faux et vrais positifs). On s'intéresse à maximiser la marge de séparation entre les classes. Plus précisément, on veut trouver l'hyperplan $H : y = w.x - w_0 = 0$ ainsi que les deux hyperplans parallèles et équidistants à lui décrits dans figure 4.6 :

- $H_1 : y = w.x - w_0 = +1$
- $H_2 : y = w.x - w_0 = -1$

Où H_1 et H_2 sont respectivement les courbes les plus proches à la séparatrice H en passant par un élément de la première classe et un élément de la deuxième classe ayant

$y = +1$ et $y = -1$. En 2D, la distance entre un point de H_1 et $H : w.x - w_0 = 0$ est $\frac{|w.x - w_0|}{\|w\|} = \frac{1}{\|w\|}$. Ainsi, la distance entre H_1 et H_2 est :

$$d(H_1, H_2) = \frac{2}{\|w\|} \quad (\text{B.8})$$

Pour maximiser la distance $d(H_1, H_2)$, on doit minimiser $\|w\| = w^T w$ en respectant qu'il n'y a aucun point entre H_1 et H_2 :

- $w.x - w_0 \geq +1$, pour les exemples positifs $y^i = +1$,
- $w.x - w_0 \leq -1$, pour les exemples négatifs $y^i = -1$,

Ces deux conditions peuvent être combinées en $y^i(w.x - w_0) \geq +1$. Donc, on peut reformuler le problème comme suit :

$$\min_{w, w_0} \frac{1}{2} w^T w \quad (\text{B.9})$$

sous réserve de $y^i(w.x - w_0) \geq +1$. Ceci est un problème d'optimisation quadratique. Introduisons les multiplicateurs de Lagrange $\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_N \geq 0$, on a la fonction Lagrangienne suivante :

$$\mathcal{L}(w, w_0, \alpha) \equiv \frac{1}{2} w^T w - \sum_{i=1}^N \alpha_i y^i (w.x^i - w_0) + \sum_{i=1}^N \alpha_i$$

Ainsi, on peut résoudre le problème d'optimisation quadratique en utilisant la méthode de Wolfe [68] : maximiser $\mathcal{L}(w, w_0, \alpha)$ par rapport à α , sous réserve des contraintes que le gradient du $\mathcal{L}(w, w_0, \alpha)$ par rapport aux variables w et w_0 s'annule :

$$\frac{\partial \mathcal{L}}{\partial w} = 0 \quad (\text{B.10})$$

$$\frac{\partial \mathcal{L}}{\partial w_0} = 0 \quad (\text{B.11})$$

où $\alpha \geq 0$.

À partir des équations B.10, B.11, on obtient :

$$w = \sum_{i=1}^N \alpha_i y^i x^i$$

$$\sum_{i=1}^N \alpha_i y^i = 0$$

En les substituant dans $\mathcal{L}(w, w_0, \alpha)$, on obtient :

$$\mathcal{L}(w, w_0, \alpha) \equiv \sum_{i=1}^N \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j} \alpha_i \alpha_j y^i y^j x^i . x^j$$

On ne trouve plus les variables w, w_0 dans la nouvelle expression du $\mathcal{L}(w, w_0, \alpha)$. Ainsi, lorsqu'on résout α_i , on aboutit à $w = \sum_{i=1}^N \alpha_i y^i x^i$ et on l'utilisera pour calculer w_0 . Alors,

on peut classer un nouvel élément $x = (G_x, G_y)$ avec :

$$\begin{aligned} h(x) &= \text{signe}(w^T \cdot x - w_0) \\ &= \text{signe}\left(\left(\sum_{i=1}^N \alpha_i y^i x^i\right) \cdot x - w_0\right) \\ &= \text{signe}\left(\sum_{i=1}^N \alpha_i y^i (x^i \cdot x) - w_0\right) \end{aligned}$$

Séparation imparfaite

En réalité, il faut tenir compte des imprécisions. En effet, on peut ne pas se retrouver dans le cas idéal ou il n'y a rien entre H_1 et H_2 . Pour cela on va reformuler le problème en introduisant une nouvelle variable de très petite valeur :

$$\begin{aligned} w \cdot x^i - w_0 &\geq +1 - \epsilon_i \\ w \cdot x^i - w_0 &\leq -1 + \epsilon_i \\ \epsilon_i &\geq 0 \forall i \end{aligned}$$

On doit pénaliser les points qui dépassent les frontières H_1 et H_2 par un coefficient $C < \infty$. L'équation B.9 se réécrit comme suit :

$$\min_{w, w_0, \epsilon} \frac{1}{2} w^T w + C \left(\sum_{i=1}^N \epsilon_i \right)$$

sous réserve de :

$$\begin{aligned} y^i (w^T x^i - w_0) + \epsilon_i - 1 &\geq 0, & 1 \leq i \leq N \\ \epsilon_i &\geq 0, & 1 \leq i \leq N \end{aligned}$$

En introduisant α et β comme des multiplicateurs de Lagrange, la fonction Lagrangienne devient :

$$\begin{aligned} \mathcal{L}(w, w_0, \epsilon_i; \alpha, \beta) &= \frac{1}{2} W^T w + C \sum_{i=1}^N \epsilon_i \\ &\quad - \sum_{i=1}^N \alpha_i [y^i (w^T x^i - w_0) + \epsilon_i - 1] - \sum_{i=1}^N \beta_i \epsilon_i \\ &= \frac{1}{2} W^T w + \sum_{i=1}^N (C - \alpha_i - \beta_i) \epsilon_i \\ &\quad - \left(\sum_{i=1}^N \alpha_i y^i x^i \right) w - \left(\sum_{i=1}^N \alpha_i y^i \right) w_0 + \sum_{i=1}^N \alpha_i \end{aligned}$$

Ni ϵ_i , ni ses multiplicateurs de Lagrange s'apparassent dans le problème dual (les équations B.10 et B.11). En effet, on a :

$$\max_{\alpha} \mathcal{L} \equiv \sum_i \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j} \alpha_i \alpha_j y_i y_j x_i \cdot x_j \quad (\text{B.12})$$

Sous réserve que

$$0 \leq \alpha_i \leq C \quad (\text{B.13})$$

$$\sum_i \alpha_i y^i = 0 \quad (\text{B.14})$$

La seule différence par rapport au cas de la séparation parfaite est le fait que les multiplicateurs α_i deviennent délimités par C au lieu de ∞ . La solution est toujours la même :

$$w = \sum_{i=1}^N \alpha_i y^i x^i$$

Pour l'apprentissage du SVM, on doit vérifier les valeurs des multiplicateurs de Lagrange en utilisant les conditions de Karush-Kuhn-Tucker (KKT) [69].

Les conditions de KKT

Les conditions de KKT sont satisfaites lorsque le gradient du $\mathcal{L}(w, w_0, \alpha, \beta)$ par rapport à w, w_0, ϵ s'annule. Ce qui donne :

$$\alpha_i (y^i (w^T x^i - b) + \epsilon_i - 1) = 0 \quad (\text{B.15})$$

$$\beta_i \epsilon_i = 0 \quad (\text{B.16})$$

pour $0 \leq i \leq N$. Selon la valeur du α_i , on a trois alternatives :

1. Si $\alpha_i = 0$, alors $\beta_i = C - \alpha_i = C > 0$. D'après l'équation B.16 $\epsilon_i = 0$. Alors on a :

$$y^i (w^T x^i - w_0) \geq 1$$

2. Si $0 < \alpha_i < C$, d'après l'équation B.15 on a :

$$y^i (w^T x^i - w_0) + \epsilon_i = 1$$

Sachant que $\beta_i = C - \alpha_i > 0$, alors $\epsilon_i = 0$ (équation B.16). En substituant dans 2 on obtient

$$y^i (w^T x^i - w_0) = 1$$

3. Si $\alpha_i = C$, alors d'après l'équation B.15 on a $y^i (w^T x^i - w_0) + \epsilon_i = 1$. Sachant que $\beta_i = C - \alpha_i = 0$, on a $\epsilon_i \geq 0$. Donc :

$$y^i (w^T x^i - w_0) \leq 1$$

Les conditions de KKT sont utilisées pour vérifier la convergence vers les valeurs optimales :

$$\begin{aligned} \alpha_i = 0 &\implies y^i (w^T x^i - w_0) \geq 1 \\ \alpha_i = C &\implies y^i (w^T x^i - w_0) \leq 1 \\ 0 < \alpha_i < C &\implies y^i (w^T x^i - w_0) = 1 \end{aligned} \quad (\text{B.17})$$

Les multiplicateurs de Lagrange α_i qui vérifient ces équations quelle que soit i , représentent la solution optimale pour l'optimisation quadratique.

Annexe C

Configuration matérielle et logicielle, interface graphique et framework

C.1 Configuration matérielle

Le PC sur lequel les tests ont été effectués possède un processeur Intel Core i7 cadencé à 3.50 GHz, 32 Go de RAM et une carte graphique NVidia Quadra K420 configuré sous Windows 10.

C.2 Développements logiciels

Une interface graphique a été conçue pour permettre à l'utilisateur d'enchaîner les solutions commençant par une localisation d'aiguille, construction du volume d'intérêt et finissant avec une localisation de grains (figure 1). Elle permet également de saisir les paramètres d'entrée à chaque fonctionnalité :

1. La localisation d'aiguille : le volume de recherche de l'aiguille, le type d'image échographique (de fantôme ou image clinique) et le point d'insertion.
2. La localisation des grains : le type d'image échographique (de fantôme ou image clinique) et la composition du train de grains.

Les méthodes de localisation d'aiguilles et de grains ont été développées en C++ sur le framework Camitk [70] et en utilisant les bibliothèques openCV pour le calcul matriciel et VTK pour l'utilisation de l'algorithme ICP. Si non, les autres algorithmes (la classification bayésienne, EM, SVM, SMO, et SSD) ont été entièrement re-développés. L'interface graphique montrée dans la figure 1, a été développée sur QT et intégrée par la suite dans camiTK.

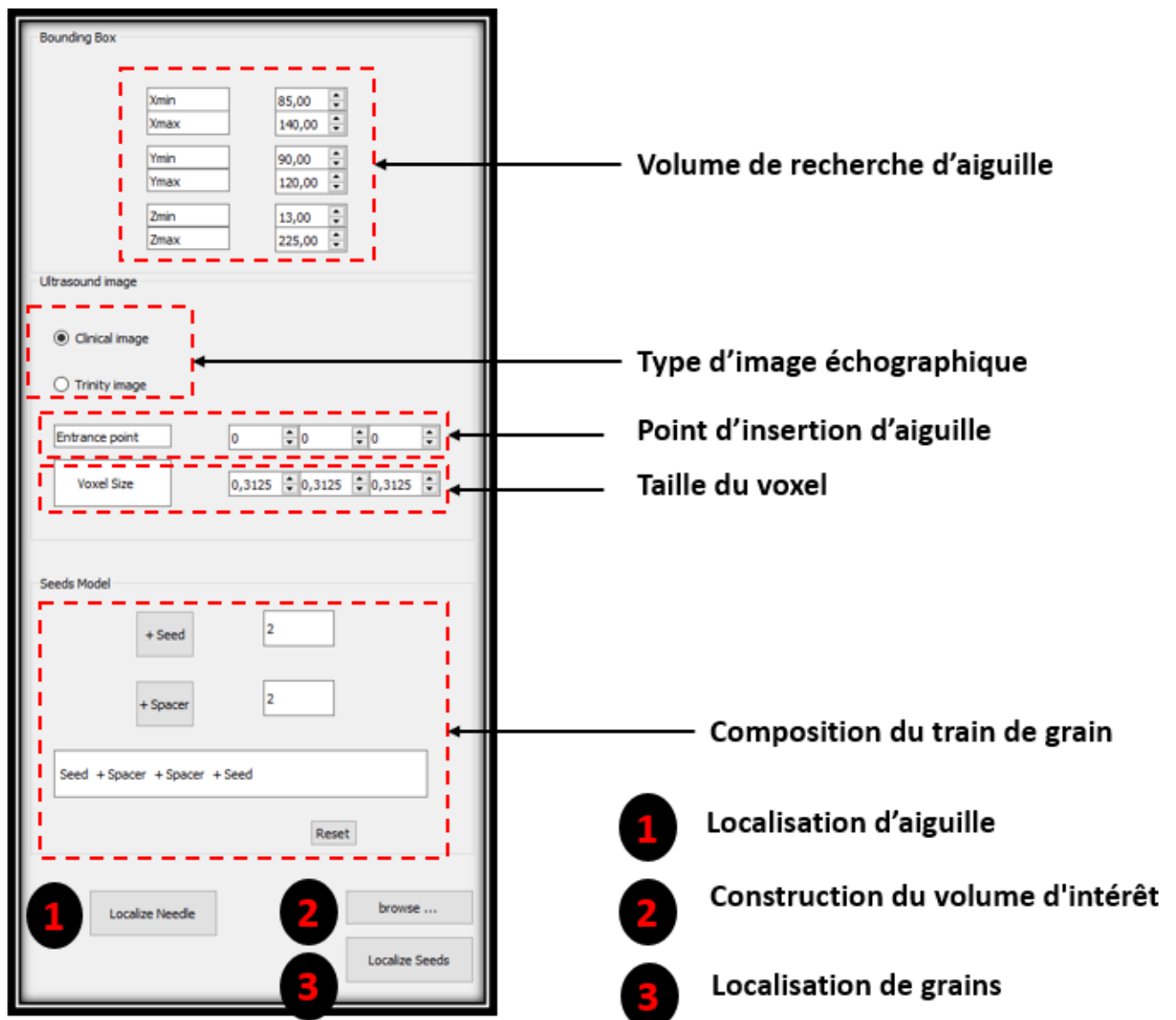


FIGURE 1 – Interface graphique de localisations d'aiguilles et de trains de grains

Bibliographie

- ¹F. BRAY, J. FERLAY, I. SOERJOMATARAM, R. L. SIEGEL, L. A. TORRE et A. JEMAL, « Global cancer statistics 2018 : globocan estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries », *CA : a cancer journal for clinicians* **68**, 394–424 (2018).
- ²J. FERLAY, M. COLOMBET, I. SOERJOMATARAM, T. DYBA, G. RANDI, M. BETTIO, A. GAVIN, O. VISSER et F. BRAY, « Cancer incidence and mortality patterns in europe : estimates for 40 countries and 25 major cancers in 2018 », *European Journal of Cancer* **103**, 356–387 (2018).
- ³T. P. MATE, J. E. GOTTESMAN, J. HATTON, M. GRIBBLE et L. VAN HOLLEBEKE, « High dose-rate afterloading 192iridium prostate brachytherapy : feasibility report », *International Journal of Radiation Oncology* Biology* Physics* **41**, 525–533 (1998).
- ⁴Z. ZHOU, W. YAN, Y. ZHOU, F. ZHANG, H. LI et Z. JI, « 125i low-dose-rate prostate brachytherapy and radical prostatectomy in patients with prostate cancer », *Oncology letters* **18**, 72–80 (2019).
- ⁵B. CAREY et S. SWIFT, « The current role of imaging for prostate brachytherapy », *Cancer Imaging* **7**, 27 (2007).
- ⁶O. ROUVIÈRE, « Curiethérapie du cancer de prostate : quel rôle pour l'irm ? », *Progrès en Urologie-FMC* **22**, F21–F27 (2012).
- ⁷J. HUANG, J. K. TRIEDMAN, N. V. VASILYEV, Y. SUEMATSU, R. O. CLEVELAND et P. E. DUPONT, « Imaging artifacts of medical instruments in ultrasound-guided interventions », *Journal of Ultrasound in Medicine* **26**, 1303–1322 (2007).
- ⁸P. M. NOVOTNY, J. W. CANNON et R. D. HOWE, « Tool localization in 3d ultrasound images », in *International conference on medical image computing and computer-assisted intervention* (Springer, 2003), p. 969–970.
- ⁹R. O. DUDA et P. E. HART, « Use of the hough transformation to detect lines and curves in pictures », *Communications of the ACM* **15**, 11–15 (1972).
- ¹⁰H. ZHOU, W. QIU, M. DING et S. ZHANG, « Automatic needle segmentation in 3d ultrasound images using 3d hough transform », in *Mippr 2007 : medical imaging, parallel processing of images, and optimization techniques*, t. 6789 (International Society for Optics et Photonics, 2007), 67890R.
- ¹¹H. ZHOU, W. QIU, M. DING et S. ZHANG, « Automatic needle segmentation in 3d ultrasound images using 3d improved hough transform », in *Medical imaging 2008 : visualization, image-guided procedures, and modeling*, t. 6918 (International Society for Optics et Photonics, 2008), p. 691821.
- ¹²M. DING et A. FENSTER, « A real-time biopsy needle segmentation technique using hough transform », *Medical physics* **30**, 2222–2233 (2003).

- ¹³M. ABOOFAZELI, P. ABOLMAESUMI, P. MOUSAVI et G. FICHTINGER, « A new scheme for curved needle segmentation in three-dimensional ultrasound images », in 2009 IEEE international symposium on biomedical imaging : from nano to macro (IEEE, 2009), p. 1067–1070.
- ¹⁴B. LICHTENBELT, Crane, and s. naqvi. 1998. introduction to volume rendering.
- ¹⁵A. AYVACI, P. YAN, S. XU, S. SOATTO et J. KRUECKER, « Biopsy needle detection in trans-rectal ultrasound », *Computerized Medical Imaging and Graphics* **35**, 653–659 (2011).
- ¹⁶P. BEIGI, R. ROHLING, T. SALCUDEAN, V. A. LESSOWAY et G. C. NG, « Needle trajectory and tip localization in real-time 3-d ultrasound using a moving stylus », *Ultrasound in medicine & biology* **41**, 2057–2070 (2015).
- ¹⁷M. A. FISCHLER et R. C. BOLLES, « Random sample consensus : a paradigm for model fitting with applications to image analysis and automated cartography », *Communications of the ACM* **24**, 381–395 (1981).
- ¹⁸M. UHERČÍK, J. KYBIC, H. LIEBGOTT et C. CACHARD, « Model fitting using ransac for surgical tool localization in 3-d ultrasound images », *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* **57**, 1907–1916 (2010).
- ¹⁹P. MIGNON, P. POIGNET et J. TROCCAZ, « Using rotation for steerable needle detection in 3d color-doppler ultrasound images », in 2015 37th annual international conference of the IEEE engineering in medicine and biology society (embc) (IEEE, 2015), p. 1544–1547.
- ²⁰N. ORLANDO, J. SNIR, K. BARKER, D. HOOVER et A. FENSTER, « Power doppler ultrasound imaging with mechanical perturbation for improved intraoperative needle tip identification during prostate brachytherapy : a phantom study », in *Medical imaging 2019 : image-guided procedures, robotic interventions, and modeling*, t. 10951 (International Society for Optics et Photonics, 2019), p. 1095131.
- ²¹Y. ZHAO, Y. SHEN, A. BERNARD, C. CACHARD et H. LIEBGOTT, « Evaluation and comparison of current biopsy needle localization and tracking methods using 3d ultrasound », *Ultrasonics* **73**, 206–220 (2017).
- ²²P.-L. SCHAEFER, G. CHAGNON et A. MOREAU-GAUDRY, « Advanced sensors placement for accurate 3d needle shape reconstruction », in 2016 38th annual international conference of the IEEE engineering in medicine and biology society (embc) (IEEE, 2016), p. 5132–5135.
- ²³H. SADJADI, K. HASHTRUDI-ZAAD et G. FICHTINGER, « Fusion of electromagnetic trackers to improve needle deflection estimation : simulation study », *IEEE transactions on Biomedical Engineering* **60**, 2706–2715 (2013).
- ²⁴M. ABAYAZID, M. KEMP et S. MISRA, « 3d flexible needle steering in soft-tissue phantoms using fiber bragg grating sensors », in 2013 IEEE international conference on robotics and automation (IEEE, 2013), p. 5843–5849.
- ²⁵N. KUO, J. LEE, C. TEMPANY, M. STUBER et J. PRINCE, « Mri-based prostate brachytherapy seed localization », in 2010 IEEE international symposium on biomedical imaging : from nano to macro (IEEE, 2010), p. 1397–1400.
- ²⁶T. LINDBERG, « Feature detection with automatic scale selection », *International journal of computer vision* **30**, 79–116 (1998).

- ²⁷H.-G. NGUYEN, C. FOUARD et J. TROCCAZ, « Segmentation, separation and pose estimation of prostate brachytherapy seeds in ct images », *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* **62**, 2012–2024 (2015).
- ²⁸C. A. di SAN FILIPPO, G. FICHTINGER, W. J. MORRIS, S. E. SALCUDEAN, E. DEHGHAN et P. FALLAVOLLITA, « Intraoperative segmentation of iodine and palladium radioactive sources in c-arm images », *International journal of computer assisted radiology and surgery* **9**, 769–776 (2014).
- ²⁹Z. WEI, L. GARDI, D. B. DOWNEY et A. FENSTER, « Automated localization of implanted seeds in 3d trus images used for prostate brachytherapy », *Medical physics* **33**, 2404–2417 (2006).
- ³⁰X. WEN, S. E. SALCUDEAN et P. D. LAWRENCE, « Detection of brachytherapy seeds using 3-d transrectal ultrasound », *IEEE transactions on biomedical engineering* **57**, 2467–2477 (2010).
- ³¹N. OTSU, « A threshold selection method from gray-level histograms », *IEEE transactions on systems, man, and cybernetics* **9**, 62–66 (1979).
- ³²E. DEHGHAN, S. BHARAT, C. KUNG, A. BONILLAS, L. BEAULIEU, J. POULIOT et J. KRUECKER, « Em-enhanced us-based seed detection for prostate brachytherapy », *Medical physics* **45**, 2357–2368 (2018).
- ³³V. JAOUEN, J. BERT, A. VALERI et D. VISVIKIS, « Localization of brachytherapy seeds in trus images using rigid priors and medial forces », in *Surgetica 2019* (2019).
- ³⁴M. DING, Z. WEI, L. GARDI, D. B. DOWNEY et A. FENSTER, « Needle and seed segmentation in intra-operative 3d ultrasound-guided prostate brachytherapy », *Ultrasonics* **44**, e331–e336 (2006).
- ³⁵M. DING, Z. WEI, D. B. DOWNEY et A. FENSTER, « Automated seed localization for intraoperative prostate brachytherapy based on 3d line segment patterns », in *Medical imaging 2005 : visualization, image-guided procedures, and display*, t. 5744 (International Society for Optics et Photonics, 2005), p. 417–424.
- ³⁶E. J. HOLUPKA, J. ROSSMAN, T. MORANCY, J. ARONOVITZ, I. D. KAPLAN et al., « The detection of implanted radioactive seeds on ultrasound images using convolution neural networks », (2018).
- ³⁷M. GOLSHAN, D. KARIMI, S. MAHDAVI, J. LOBO, M. PEACOCK, S. E. SALCUDEAN et I. SPADINGER, « Automatic detection of brachytherapy seeds in 3d ultrasound images using a convolutional neural network », *Physics in Medicine & Biology* (2019).
- ³⁸H. ZHANG, « The optimality of naive bayes », *AA* **1**, 3 (2004).
- ³⁹I. RISH et al., « An empirical study of the naive bayes classifier », in *Ijcai 2001 workshop on empirical methods in artificial intelligence*, t. 3, 22 (2001), p. 41–46.
- ⁴⁰A. P. DEMPSTER, N. M. LAIRD et D. B. RUBIN, « Maximum likelihood from incomplete data via the em algorithm », *Journal of the Royal Statistical Society : Series B (Methodological)* **39**, 1–22 (1977).
- ⁴¹J. A. BILMES et al., « A gentle tutorial of the em algorithm and its application to parameter estimation for gaussian mixture and hidden markov models », *International Computer Science Institute* **4**, 126 (1998).
- ⁴²M UHERČÍK, H LIEBGOTT, J KYBIC et C CACHARD, « Needle localization methods in 3d ultrasound data », in *International congress on ultrasonics* (2009), p. 11–17.

- ⁴³A. J. SMOLA et B. SCHÖLKOPF, « A tutorial on support vector regression », *Statistics and computing* **14**, 199–222 (2004).
- ⁴⁴S. TONG et E. CHANG, « Support vector machine active learning for image retrieval », in *Proceedings of the ninth acm international conference on multimedia* (2001), p. 107–118.
- ⁴⁵D. JACOBS, « Image gradients », *Class Notes for CMSC* **426** (2005).
- ⁴⁶J. PLATT, « Sequential minimal optimization : a fast algorithm for training support vector machines », (1998).
- ⁴⁷V. VAPNIK, *Estimation of dependences based on empirical data* (Springer Science & Business Media, 2006).
- ⁴⁸E. OSUNA, R. FREUND et F. GIROSI, « An improved training algorithm for support vector machines », in *Neural networks for signal processing vii. proceedings of the 1997 ieee signal processing society workshop* (IEEE, 1997), p. 276–285.
- ⁴⁹Z.-Q. ZENG, H.-B. YU, H.-R. XU, Y.-Q. XIE et J. GAO, « Fast training support vector machines using parallel sequential minimal optimization », in *2008 3rd international conference on intelligent system and knowledge engineering*, t. 1 (IEEE, 2008), p. 997–1001.
- ⁵⁰P. J. BESL et N. D. MCKAY, « Method for registration of 3-d shapes », in *Sensor fusion iv : control paradigms and data structures*, t. 1611 (International Society for Optics et Photonics, 1992), p. 586–606.
- ⁵¹Y. CHEN et G. G. MEDIONI, « Object modeling by registration of multiple range images. », *Image Vision Comput.* **10**, 145–155 (1992).
- ⁵²J. CORBETT, J. JEZIORANSKI, J CROOK, T TRAN et I. YEUNG, « The effect of seed orientation deviations on the quality of 125i prostate implants », *Physics in Medicine & Biology* **46**, 2785 (2001).
- ⁵³C.-A. COLLINS FEKETE, M. PLAMONDON, A.-G. MARTIN, É. VIGNEAULT, F. VERHAEGEN et L. BEAULIEU, « Quantifying the effect of seed orientation in postplanning dosimetry of low-dose-rate prostate brachytherapy », *Medical physics* **41**, 101704 (2014).
- ⁵⁴A. ROCHE, G. MALANDAIN, X. PENNEC et N. AYACHE, « The correlation ratio as a new similarity measure for multimodal image registration », in *International conference on medical image computing and computer-assisted intervention* (Springer, 1998), p. 1115–1124.
- ⁵⁵M. HISHAM, S. N. YAAKOB, R. A. RAO, A. A. NAZREN et N. W. EMBEDDED, « Template matching using sum of squared difference and normalized cross correlation », in *2015 ieee student conference on research and development (scored)* (IEEE, 2015), p. 100–104.
- ⁵⁶J.-M. CORREAS, A.-M. TISSIER, A KHAIROUNE, G KHOURY, D EISS et O HÉLÉNON, « Ultrasound elastography of the prostate : state of the art », *Diagnostic and interventional imaging* **94**, 551–560 (2013).
- ⁵⁷G. LAPOUGE, J. TROCCAZ et P. POIGNET, « Multi-rate unscented kalman filtering for pose and curvature estimation in 3d ultrasound-guided needle steering », *Control Engineering Practice* **80**, 116–124 (2018).
- ⁵⁸J. CORBETT, J. JEZIORANSKI, J CROOK, T TRAN et I. YEUNG, « The effect of seed orientation deviations on the quality of 125i prostate implants », *Physics in Medicine & Biology* **46**, 2785 (2001).

- ⁵⁹H. YOUNES, S. VOROS et J. TROCCAZ, « Automatic needle localization in 3d ultrasound images for brachytherapy », in 2018 IEEE 15th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI 2018) (IEEE, 2018), p. 1203–1207.
- ⁶⁰G. LAPOUGE, H. YOUNES, P. POIGNET, S. VOROS et J. TROCCAZ, « Needle segmentation in 3d ultrasound volumes based on machine learning for needle steering », in (2019).
- ⁶¹K. A. MOUNTRIS, D. VISVIKIS et J. BERT, « Dvh-based inverse planning using monte carlo dosimetry for ldr prostate brachytherapy », *International Journal of Radiation Oncology* Biology* Physics* **103**, 503–510 (2019).
- ⁶²S. AWAN, W. S. CLAIR, R. ROWLAND et A. MEIGOONI, « Post-implant dosimetric evaluation of stranded vs. non-stranded (loose) brachytherapy seeds in prostate cancer patient », *International Journal of Radiation Oncology• Biology• Physics* **63**, S530–S531 (2005).
- ⁶³M. J. RIVARD, S.-T. CHIU-TSAO, P. T. FINGER, A. S. MEIGOONI, C. S. MELHUS, F. MOURTADA, M. E. NAPOLITANO, D. ROGERS, R. M. THOMSON et R. NATH, « Comparison of dose calculation methods for brachytherapy of intraocular tumors », *Medical physics* **38**, 306–316 (2011).
- ⁶⁴Y. SU, B. J. DAVIS, K. M. FURUTANI, M. G. HERMAN et R. A. ROBB, « Dosimetry accuracy as a function of seed localization uncertainty in permanent prostate brachytherapy : increased seed number correlates with less variability in prostate dosimetry », *Physics in Medicine & Biology* **52**, 3105 (2007).
- ⁶⁵T. NELSON, D. PRETORIUS, A. HULL, M. RICCABONA, M. SKLANSKY et G. JAMES, « Sources and impact of artifacts on clinical three-dimensional ultrasound imaging », *Ultrasound in Obstetrics and Gynecology : The Official Journal of the International Society of Ultrasound in Obstetrics and Gynecology* **16**, 374–383 (2000).
- ⁶⁶R. PARK, T. NYLAND, J. LATTIMER, C. MILLER et J. LEBEL, « B-mode gray-scale ultrasound : imaging artifacts and interpretation principles », *Veterinary Radiology* **22**, 204–210 (1981).
- ⁶⁷M. K. FELDMAN, S. KATYAL et M. S. BLACKWOOD, « Us artifacts », *Radiographics* **29**, 1179–1189 (2009).
- ⁶⁸H. SUPRAJITNO et al., « Extension of wolfe method for solving quadratic programming with interval coefficients », *Journal of Applied Mathematics* **2017** (2017).
- ⁶⁹W. KARUSH, « Minima of functions of several variables with inequalities as side constraints », M. Sc. Dissertation. Dept. of Mathematics, Univ. of Chicago (1939).
- ⁷⁰C. FOUARD, A. DERAM, Y. KERAVAL et E. PROMAYON, « Camitk : a modular framework integrating visualization, image processing and biomechanical modeling », *Soft tissue biomechanical modeling for computer assisted surgery*, 323–354 (2012).

Table des figures

1.1	Schéma du système reproducteur masculin en section sagittale (www.e-cancer.fr)	12
1.2	Schéma illustratif d'une coupe transversale de la prostate montre les stades de développement de la tumeur (www.cancer-de-la-prostate.fr)	13
1.3	Les pourcentages mondiales d'incidences et de mortalités par type de cancer chez les hommes en 2018 (http://gco.iarc.fr)	14
1.4	Curiethérapie prostatique à bas débit de dose ©MAYO foundation for medical education and research	15
1.5	Processus linéaire qui représente les trois étapes consécutives de la curiethérapie linéaire	16
1.6	Les positions des insertions d'aiguilles dans la prostate	16
1.7	Exemples de trains de grains de différentes compositions	17
1.8	Processus itératif qui représente les trois étapes répétées d'une curiethérapie dynamique	18
1.9	Les sondes échographiques 3D end-fire (à gauche) et side-fire (à droite)	20
1.10	organigramme du projet FOCUS. La thèse est présentée par la contribution encadrée en rouge.	21
2.1	Image échographique 3D d'une aiguille flexible	25
2.2	Artefacts de réverbérations de grains radioactifs	26
2.3	Résultat de la segmentation d'aiguille dans une image échographique 3D. (a) l'image 3D originale; (b) résultat de la segmentation en utilisant le 3DHT, (c) résultat de la segmentation en utilisant le 3DRHT. L'aiguille est représentée par la ligne noire[10]	27
2.4	Résultat de la segmentation d'aiguille dans une image échographique 3D. (a) l'image 3D originale; (b) résultat de la segmentation en utilisant le 3DIHT, (c) résultat de la segmentation en utilisant le 3DHT, (d) résultat de la segmentation en utilisant le 3DRHT, (e) segmentation randomisée incorrecte en utilisant le 3DRHT. [11]	28
2.5	Illustration de la projection planaire d'une aiguille dans une image 3D (courbe rouge) sur le plan xy (courbe verte) en utilisant le "ray casting" [13]	29
2.6	Trois exemples différents de segmentation d'aiguilles. Chaque ensemble de trois images montrent successivement l'image d'entrée, la réponse du filtre et la segmentation de l'aiguille. [15]	29
2.7	Deux exemples de résultat de la méthode [16]	30
2.8	Résultat d'une segmentation d'aiguille. La ligne pointillée indique le corps de l'aiguille retrouvé.[18]	31

2.9	Les étapes de la segmentation par "color-Doppler" dans une image 2D : (a) l'image initiale, (b) extraction du canal de teinte, (c) érosion morphologique, (d) résultat de la localisation de l'aiguille par un RANSAC[19]	32
2.10	Localisation de grains dans un volume IRM. (a) Coupe 2D après filtrage morphologique "chapeau haut de forme" par reconstruction. (b) Coupe 2D après "LoG". (c) Coupe 2D après binarisation du volume [25]	34
2.11	Localisation de grains dans un volume radiographique. Avant (gauche) et après (droite) détection de chevauchement	35
2.12	Image échographique clinique 3D illustrant des grains (encerclés en rouge) et des artefacts (encerclés en noir)	36
2.13	Exemple de trois volumes échographiques d'un fantôme, (a) avant l'insertion de l'aiguille, (b) après l'implantation des grains, (c) après la segmentation des grains. Extrait de [29]	37
2.14	Résultat de la détection après suppression des faux positifs et identification des grains manquants. Extrait de [30]	38
2.15	Localisation de grains dans un fantôme de poulet [34]. Les tâches noires sont les grains segmentés. Quatre grains sont trouvés dans (a), celui indiqué par une flèche est un faux positif. Dans l'image (b), deux grains sont segmentés correctement	39
2.16	La détection de grains par le réseau de neurones extrait du [36]. (a) image de la prostate avec les grains, (b,c) l'inférence des positions de grains prédits sur les images de validation.	40
2.17	Méthode de la localisation de grains pour une curiethérapie dynamique	45
3.1	Exemple typique d'histogramme d'un volume échographique clinique contenant une aiguille	50
3.2	Impact de l'initialisation des moyennes sur leurs convergences	54
3.3	Illustration de l'existence de faux positifs sélectionnés par la classification Bayésienne	55
3.4	Algorithme d'approximation pour définir la courbe de l'aiguille dans une image échographique inspiré du RANSAC.	56
3.5	La direction principale des aiguilles dans une image échographique 3D	60
3.6	Les régions (X_{A0} , X_{A1} , X_{A2}) utilisées pour sélectionner le triplet (q_0 , q_1 , q_2)	61
3.7	Exemple de localisation de pointe de l'aiguille par la recherche du premier pixel de background (via l'étude de la probabilité d'appartenance aux classes (X_A , X_B)). Ce premier pixel correspond à la grosse chute de valeurs des niveaux de gris	62
4.1	Approche développée pour la localisation de train de grains liés	66
4.2	Histogramme d'un volume d'intérêt contenant trois grains	67
4.3	Deux Coupes sagittales du même volume échographique. À droite : image brute contenant (en haut) un train de grains et (en bas) des artefacts lumineux pouvant être des faux positifs. À gauche : le résultat de la binarisation illustrant la sélection de faux positifs	69
4.4	Exemple typique d'une représentation distinctive entre deux classes (les traits rouges et les croix bleus) classées par SVM	70
4.5	Schématisation de formes par les voxels les vrais (cylindres) et les faux (artefacts) positifs.	71
4.6	Courbes séparatrices potentielles pour un échantillon de points	72

4.7	Comparaison des trois méthodes utilisées ([46], [47], [48]) pour résoudre l'optimisation quadratique du SVM. Les lignes horizontales représentent les données d'apprentissage à chaque itération. Les boîtes (rectangles et carrés) représentent les multiplicateurs de Lagrange manipulés à chaque itération.	73
4.8	Modélisation graphique des contraintes (équations B.13; B.14).	74
4.9	Deux trains de grains de différentes compositions et les modèles artificiels correspondants	77
4.10	Train de grains et une aiguille figurant dans une image échographique 3D d'un fantôme en Agar-agar. Le modèle a été superposé au dessous du train de grains	78
4.11	Algorithme de recalage des nuages de points "ICP"	79
4.12	Les repères utilisés lors du calcul des transformations T_{Train} . Repère d'image US 3D (X, Y, Z) , Repère du train de grains $R_{TG} = (X_{Train}, Y_{Train}, Z_{Train})$. . .	80
4.13	Impact de la position initiale du modèle géométrique du train de grains pour ICP	80
4.14	Les repères utilisés lors du calcul des transformations $\{T_{Train}, T_{Grain}\}$. Repère d'image US 3D + ROI (X, Y, Z) , Repère du train de grains $R_{TG} = (X_{Train}, Y_{Train}, Z_{Train})$ et repère du grain modèle $R_G = (X_{Grain}, Y_{Grain}, Z_{Grain})$. .	82
4.15	Exemple d'un train de grains non droit contenant des grains non alignés . .	83
4.16	Volume échographique d'un grain radioactif (d) et les trois coupes (a) axiale, (b) sagittale et (c) transversale passant par ce grain.	85
4.17	Illustration de la contrainte sur les dimensions des volumes contenant liée à l'injection de grains à travers des aiguilles voisines	85
5.1	Acquisition des images échographiques 3D sur un fantôme en agar-agar en utilisant la sonde TRINITY ® (Koelis, Meylan, France) pour la localisation d'aiguilles	91
5.2	Valeurs des moyennes μ_{X_A} estimées par EM pour 9 aiguilles de 9 images cliniques comparées avec celles des moyennes observées.	92
5.3	Carte de probabilité d'un volume échographique, extrait d'une image 3D clinique, contenant une aiguille impactées par une région d'ombre	93
5.4	Résultats de binarisation de quelques volumes échographiques, extraits des images 3D cliniques, par une classification Bayésienne où les dimensions des volumes est de l'ordre de 30x30x70 mm	94
5.5	Quelques résultats de détection d'aiguille dans des images cliniques . . .	95
5.6	Détection de la vraie pointe d'une aiguille non ombrée correspondant à la grosse chute d'intensité (droite bleue). L'ancienne pointe correspond à la droite interrompue passant par l'étoile rouge	96
5.7	Détection de la vraie pointe d'une aiguille ombrée correspondant. La droite bleue correspond à la grosse chute d'intensité. La pointe initialement détectée correspond à la droite interrompue passant par l'étoile rouge. . . .	96
5.8	Positions des aiguilles dans le plan de dosimétrie préopératoire. Les index des aiguilles sont marqués en haut des cases; $A_i, i = \{1, \dots, 8\}$	97
5.9	Les diagrammes en boîte d'erreur de localisation de la pointe des aiguilles dans des images de fantôme	98
5.10	Déviation directionnelle pour une aiguille courbée	99
5.11	Localisation d'aiguilles dans une image de fantôme en agar-agar	99

5.12	Les diagrammes en boîte d'erreur de localisation de pointe dans des images cliniques. À gauche : aiguilles totalement visibles. À droite : aiguilles partiellement ombrées	100
5.13	Localisation d'aiguilles dans une image clinique	101
6.1	Valeurs des moyennes μ_{X_G} estimées par EM pour 5 trains de grains comparées avec celles des moyennes observées	105
6.2	Les coupes sagittales des images cliniques 3D contenant un train de grains avant et après la binarisation. Dans l'image de gauche, les grains à détecter sont présentés par des ellipses vertes et l'espaceur apparaît en bleu	106
6.3	Exemple de discrimination entre les vrais (points verts) et les faux positifs (points bleus) par la séparatrice (courbe en rouge)	107
6.4	Les coupes sagittales des images cliniques 3D contenant un train de grains avant (a), après (b) binarisation et après suppression des faux positifs (c)	107
6.5	Caractérisation de train de grains d'une image de fantôme par un recalage rigide entre le modèle géométrique et le nuage de voxels du train de grains	108
6.6	Normalisation de profil du volume de grain V_g d'une image de fantôme	109
6.7	Allures des métriques de similarité (SSD et RC) pour l'estimation de orientations autour de X_{Train} et Y_{Train}	110
6.8	Exemple de correction des orientations de grains d'une image clinique autour de X_{Train}	110
6.9	Recalage CT;US par la correspondance de 3 points	111
6.10	Box-plots des localisations de grains dans une image de fantôme	112
6.11	Résultats de localisation de grains comparée avec leurs positions dans le volume scanner de référence. Les cylindres rouges correspondent à la localisation échographique de grains et les cylindres verts aux emplacements des grains dans le volume CT recalé aux données échographiques	113
6.12	Résultat de la localisation de grains dans une image échographique 3D de fantôme sous différentes vues	115
6.13	Estimation des orientations de deux grains. $\{1^{er}, 2^{me}\}$ lignes correspondent aux orientations autour $\{X_{Train}, Y_{Train}\}$. Les points {Rouge,Bleu} sont respectivement les angles {appliqués,estimés}	116
6.14	Estimation des orientations autour de Y_{Train} appliquées sur les mêmes grains mentionnés dans la figure 6.13 où les dimensions de $V_{m/g}$ sont étendues à 18,75x10,31x9 mm	116
6.15	Box-plot des localisations de grains dans des données cliniques	118
6.16	Résultats de localisation automatique de grains dans les images cliniques (cylindres rouges) comparée avec leurs positions identifiées manuellement (cylindres verts) avec deux points de vue.	119
6.17	Points blancs de la grille sur une coupe axiale	119
6.18	Illustration d'un chevauchement d'artefact 'ligne blanche' avec un train de grains	120
6.19	Illustration d'une implantation incrémentale pour une curiethérapie dynamique	121
6.20	Estimation des orientations de trois grains autour Y_{Train} . Les points {Rouge,Bleu} sont respectivement les angles {appliqués,estimés}	122
A.1	Artefacts Queue de Comète des grains radioactifs ($\varnothing=0.8mm$; $L \simeq 4.5mm$) injectés perpendiculairement à ce plan axial.	131

A.2	Artefact d'ondes guidées avec 3 doigts émanant de la pointe. [7]	131
A.3	Les artefacts de réverbération sur les pointes de quelques tiges de différents diamètres. A Ø=1.6-mm. B Ø=3.2-mm. C Ø=6.4-mm. Extrait du [7] .	132
A.4	Artefacts de réverbération sonde-instrument pour une tige en acier inoxydable de Ø= 3.2 mm . Extrait du [7]	132
A.5	Artefact de lobe secondaire diffractif pour une tige en acier inoxydable de Ø=3,2 mm . L'artefact apparaît sous forme de segments curvilignes émanant de la pointe. [7]	133
A.6	Artefacts de lobes secondaires spéculaires d'une tige en acier inoxydable de Ø=3,2 mm. A Tige horizontale. B Tige orientée à 20°. [7]	133
A.7	Ombre d'une tige en acier inoxydable sur une surface du tissu. Extrait du [7]	134
A.8	Les échos de réverbération. A Réverbération tissu-transducteur. B Réverbération tissu-tissu.	135
A.9	Impact du changement de vitesse de propagation. (a) les flèches pointillées indiquent les faisceaux qui se propagent plus lentement dans la graisse focale que dans les tissus entourant. (b) Par conséquent, la région lumineuse correspondante est mal placée dans l'image calculée. (c,d) L'interface entre le foie et le diaphragme est discontinue et localement mal placée (c). Extrait du [67]	135
1	Interface graphique de localisations d'aiguilles et de trains de grains . . .	143