

TABLE DES MATIÈRES

| | Page |
|---|------|
| INTRODUCTION | 1 |
| CHAPITRE 1 REVUE DE LITTÉRATURE | 7 |
| 1.1 Anatomie des artères coronaires..... | 7 |
| 1.1.1 Anatomie | 7 |
| 1.1.2 Physiologie des artères coronaires | 9 |
| 1.1.3 Traitement des cardiopathies des artères coronaires | 10 |
| 1.2 Imagerie interventionnelle des artères coronaires | 11 |
| 1.3 Reconstruction des artères à partir de vues 2D | 14 |
| 1.3.1 Segmentation des structures tubulaires | 14 |
| 1.3.2 Géométrie projective | 17 |
| 1.3.3 Reconstruction 3D | 17 |
| 1.4 Compensation du mouvement cardiaque et respiratoire | 22 |
| 1.4.1 Géométrie épipolaire à contrainte souple | 23 |
| 1.4.2 Champ de mouvement..... | 23 |
| 1.4.3 Modélisation mathématique du mouvement | 26 |
| 1.5 Autres méthodes de reconstruction 3D+t | 26 |
| 1.6 Optimisation non linéaire | 28 |
| 1.7 Sommaire de la revue de la littérature | 31 |
| CHAPITRE 2 MÉTHODOLOGIE | 35 |
| 2.1 Segmentation des artères coronaires par classification | 38 |
| 2.1.1 Filtre hessien multi-échelles de vascularité..... | 38 |
| 2.1.2 Séparation des images en régions..... | 38 |
| 2.1.3 Sélection des caractéristiques par la méthode de profil | 39 |
| 2.1.4 SVM et optimisation des paramètres..... | 41 |
| 2.1.5 Génération des données d'entraînement | 42 |
| 2.1.6 Méthode multi-échelles par composants connectés | 43 |
| 2.1.7 Prétraitements | 46 |
| 2.2 Reconstruction 3D+t des séquences rotationnelles | 48 |
| 2.2.1 Géométrie épipolaire d'une séquence rotationnelle..... | 48 |
| 2.2.1.1 Matrice fondamentale..... | 50 |
| 2.2.1.2 Droites épipolaires et point 3D | 50 |
| 2.2.2 Compensation du mouvement cardiaque | 51 |
| 2.2.3 Compensation du mouvement respiratoire..... | 52 |
| 2.2.4 Sélection des vues | 54 |
| 2.2.5 Correspondances des bifurcations | 57 |
| 2.2.6 Correspondance des branches | 60 |
| 2.2.7 Correspondance point par point | 63 |
| 2.2.8 Estimation des sections | 67 |
| 2.2.9 Recalage 3D/3D | 68 |
| 2.2.9.1 Transformation rigide et affine | 68 |

| | | |
|---|--|-----|
| 2.2.9.2 | Optimisation des paramètres de transformation..... | 69 |
| 2.3 | Validation de la technique proposée | 71 |
| 2.3.1 | Ensembles de données..... | 71 |
| 2.3.2 | Métriques de validation..... | 72 |
| 2.3.3 | Plans d'expérience | 73 |
| CHAPITRE 3 RÉSULTATS ET DISCUSSION..... | | 75 |
| 3.1 | Segmentation multi-échelles par classification de régions..... | 75 |
| 3.2 | Compensation de mouvement respiratoire | 79 |
| 3.3 | Reconstruction 3D+t | 82 |
| CONCLUSION..... | | 99 |
| ANNEXE I FILTRE HESSIEN MULTI-ÉCHELLES..... | | 103 |
| ANNEXE II RÉSULTATS 3D+T | | 105 |
| ANNEXE III PUBLICATION | | 107 |
| BIBLIOGRAPHIE..... | | 115 |

LISTE DES TABLEAUX

| | Page |
|-------------|---|
| Tableau 1.1 | Résumé des principales méthodes de reconstruction 3D et 3D+t.....33 |
| Tableau 3.1 | Métriques de qualité Q_{3D} et Q_{4D} des méthodes testées avec l'ensemble de données sans mouvement respiratoire de la plateforme <i>CAVAREV</i>96 |
| Tableau 3.2 | Métriques de qualité Q_{3D} et Q_{4D} des méthodes testées avec l'ensemble de données avec mouvement respiratoire de la plateforme <i>CAVAREV</i>97 |
| Tableau 3.3 | Temps de traitement moyen pour une vue angiographique98 |

LISTE DES FIGURES

| | | Page |
|-------------|--|------|
| Figure 1.1 | Anatomie des artères coronaires adaptée de <i>http://en.wikipedia.org/wiki/File:Coronary_arteries.svg</i> , libre de droits..... | 8 |
| Figure 1.2 | Anatomie du cœur adaptée de <i>http://en.wikipedia.org/wiki/File:Diagram_of_the_human_heart.svg</i> , libre de droits | 10 |
| Figure 1.3 | Angiographies acquises par un système biplan | 12 |
| Figure 1.4 | Système d'acquisition <i>C-arm</i> pour l'angiographie rotationnelle | 13 |
| Figure 2.1 | Différentes étapes de la méthode proposée..... | 35 |
| Figure 2.2 | Séparation d'une image en régions d'échelles diverses..... | 39 |
| Figure 2.3 | Sélection de caractéristiques par profilage des contours | 40 |
| Figure 2.4 | Segmentation manuelle d'une image filtrée | 42 |
| Figure 2.5 | Classification préliminaire avec régions de 2^n par 2^n pixels..... | 43 |
| Figure 2.6 | Classification préliminaire avec régions de 2^1 par 2^1 pixels..... | 44 |
| Figure 2.7 | a) Méthode multi-échelles additive. b) Méthode multi-échelles soustractive. | 45 |
| Figure 2.8 | Algorithme de jonction de lignes..... | 47 |
| Figure 2.9 | Géométrie épipolaire entre deux vues adaptée de <i>http://en.wikipedia.org/wiki/File:Epipolar_geometry.svg</i> , libre de droits ... | 49 |
| Figure 2.10 | Sélection des vues dans le signal ECG | 52 |
| Figure 2.11 | Triangle formé de la droite épipolaire est des axes O_LX et O_RX | 55 |
| Figure 2.12 | Graphique de la fonction $d/h = 1/\sin(\theta)$ | 56 |
| Figure 2.13 | Droite épipolaire d'une bifurcation de l'ensemble b_R et ses correspondances..... | 58 |
| Figure 2.14 | Différents types de segments | 61 |
| Figure 2.15 | Graphe des correspondances entre les points | 66 |

| | | |
|-------------|--|----|
| Figure 3.1 | Erreur de classification des régions en fonction de l'échelle utilisée..... | 78 |
| Figure 3.2 | Temps de classification des régions en fonction de l'échelle utilisée..... | 78 |
| Figure 3.3 | a) Classification à échelle 16. b) Classification aux échelles 16,8,4,2..... | 78 |
| Figure 3.4 | a) Image angiographique originale. b) Image résultante de la classification multi-échelles..... | 79 |
| Figure 3.5 | Décalage moyen dû au mouvement respiratoire selon l'axe cranio-caudal .. | 81 |
| Figure 3.6 | Décalage moyen dû au mouvement respiratoire selon l'axe dorso-ventral...81 | |
| Figure 3.7 | Décalage millimétrique total moyen selon la distance euclidienne..... | 81 |
| Figure 3.8 | Correspondance des bifurcations sur deux images à angle différent au même instant du signal ECG | 85 |
| Figure 3.9 | Distribution de l'erreur 2D des correspondances des pixels de la reconstruction 3D+t des lignes centrales | 85 |
| Figure 3.10 | Distribution de l'erreur 2D de la reconstruction des lignes centrales selon le type de correspondance..... | 86 |
| Figure 3.11 | Distribution cumulative de l'erreur 2D des correspondances. Abscisses: distance entre la correspondance déterminée par la méthode et celle du volume de référence. Ordonnée: Pourcentage des correspondances dont la distance est inférieure ou égale à la valeur de l'axe des abscisses. | 86 |
| Figure 3.12 | a) Image originale de <i>CAVAREV</i> . b) Exemple de résultat de correspondance 2D. Vert: pixels bien appariés. Rouge: pixels mal appariés. | 87 |
| Figure 3.13 | a) Reconstruction 3D sans mouvement respiratoire. b) Reconstruction de référence (bleu) et reconstruction 3D (rouge)..... | 89 |
| Figure 3.14 | a) Reconstruction 3D+t. b) Reconstruction de référence (bleu) et reconstruction 3D+t (rouge). | 89 |
| Figure 3.15 | Reconstruction 3D (vert) et 3D+t (rouge) | 90 |
| Figure 3.16 | Décalage millimétrique moyen en fonction de l'instant du signal ECG..... | 91 |
| Figure 3.17 | a) Exemple de mauvaise reconstruction 3D+t. b) Reconstruction de référence (bleu) et mauvaise reconstruction (rouge). | 93 |

| | | |
|-------------|---|----|
| Figure 3.18 | a) Reconstruction avec optimisation BFGS. b) Reconstruction de référence (bleu) et reconstruction avec optimisation BFGS (rouge)..... | 93 |
| Figure 3.19 | Q_{3D} en fonction de l'instant du signal ECG | 95 |
| Figure 3.20 | Q_{4D} en fonction de l'image..... | 95 |

Rapport-Gratuit.com

LISTE DES ABRÉVIATIONS, SIGLES ET ACRONYMES

| | |
|--------------------|---|
| 2D | Deux dimensions |
| 3D | Trois dimensions |
| 3D+t | Trois dimensions avec contrainte temporelle |
| BFGS | Méthode d'optimisation non linéaire <i>Broyden–Fletcher–Goldfarb–Shanno</i> |
| C-arm | Système d'acquisition angiographique rotationnel |
| CAVAREV | <i>C</i> ardiac <i>V</i> asculature <i>R</i> econstruction <i>E</i> valuation. Plateforme en ligne d'évaluation de reconstructions 3D et 3D+t |
| CHU Sainte-Justine | Centre hospitalier universitaire de Sainte-Justine |
| ECG | Électrocardiographie ou électrocardiogramme |
| FDK | Méthode de reconstruction 3D <i>Feldkamp-Kress-Davis</i> |
| Q _{3D} | Métrique de qualité utilisée par <i>CAVAREV</i> pour l'évaluation des reconstructions 3D |
| Q _{4D} | Métrique de qualité utilisée par <i>CAVAREV</i> pour l'évaluation des reconstructions 3D+t |
| Recalage 3D/3D | Mise en correspondance d'une image 3D vers une autre image 3D |
| SVM | Technique d'apprentissage supervisé de séparateurs à vaste marge |
| XCAT | <i>Extended cardiac-torso</i> |

INTRODUCTION

Les maladies cardiaques représentent la première cause de mortalité chez les adultes selon l'Organisation mondiale de la santé (Mendis *et coll.*, 2011). Ces pathologies infligent la mort chez 17,3 millions de personnes à chaque année. Il est estimé que plus d'un tiers des Américains souffre d'une maladie cardiovasculaire (Roger *et coll.*, 2011). De ce nombre, au-delà de la moitié est âgée de 60 ans ou moins. Plus précisément, les maladies coronariennes causent environ un sixième des décès aux États-Unis. Toujours du côté américain, on estime qu'un événement coronaire survient à chaque 25 secondes, et qu'un décès s'en suit à chaque minute. Les cardiopathies coronaires représentent donc une importante proportion de tous les décès survenant à la suite d'un accident. Depuis plusieurs décennies, une diminution des cas des maladies coronaires est observée, et il est estimé que 47% de la diminution est occasionnée par les traitements (Ford *et coll.*, 2007). Ainsi, les efforts en recherche résultent en un effet distinct sur les personnes à risque. Il est donc nécessaire de poursuivre les avancées en matière de traitement des artères coronaires pour offrir de meilleurs soins et une qualité de vie améliorée aux patients souffrant de ces pathologies.

Depuis plusieurs années, les cardiopathies coronariennes sont traitées de manière non invasive, sans nécessiter de thoracotomie. En contexte opératoire, une intervention coronaire percutanée est effectuée en insérant un cathéter par l'artère fémorale pour le diriger vers la région atteinte du cœur. Comme l'intervention est peu invasive, le chirurgien doit recourir à des moyens d'imagerie pour visualiser les artères coronaires. En contexte interventionnel, la modalité d'imagerie préconisée est le rayon X, qui consiste en un rayonnement électromagnétique à haute fréquence. Ce rayon a la propriété de pénétrer la matière molle et d'être absorbé par la matière dure, notamment les os (Moore et Daley, 2006). Pour visualiser les artères lors de la radiographie, un produit de contraste iodé hydrosoluble est injecté. Ce processus se nomme l'angiographie et permet d'étudier les vaisseaux sanguins invisibles aux radiographies. Le chirurgien peut ainsi guider le cathéter vers la zone affectée des artères coronaires. L'angiographie coronaire peut être effectuée à plusieurs reprises durant une intervention, nécessitant souvent une grande injection d'agent de contraste, ainsi qu'une

exposition prolongée aux rayons X. L'angiographie rotationnelle permet de réduire la quantité d'agent de contraste employée en acquérant plusieurs images à intervalle angulaire fixe pour former une séquence complète (Empen *et coll.*, 2010).

Plusieurs difficultés sont présentes lors de la navigation intra-artérielle. En premier lieu, la modalité d'imagerie employée offre des projections 2D du système coronaire du patient. Comme le réseau coronaire est formé de plusieurs branches et bifurcations, une représentation 2D occasionne une perte d'information sur la profondeur. De plus, la projection d'un volume 3D à une dimension inférieure occasionne un chevauchement dans les images résultantes, rendant la navigation intra opératoire difficile. Une seconde difficulté présente est la grande quantité d'agent de contraste employé, qui s'avère toxique lorsqu'utilisé en grandes doses. L'agent iodé peut entre autres causer des problèmes graves au niveau des reins ainsi qu'à la glande thyroïde (van der Molen *et coll.*, 2004). L'utilisation répétée de l'angiographie durant l'intervention provoque ainsi un risque aggravé de contracter des problèmes dus à la toxicité du produit.

Les recherches récentes proposent différentes méthodes pour mitiger l'impact de ces deux problèmes en contexte interventionnel. Entre autres, une reconstruction 3D des artères coronaires permet de modéliser l'arbre coronaire entier pour faciliter la navigation. Le chirurgien peut ainsi guider le cathéter à l'aide des angiographies, ainsi qu'avec le volume 3D reconstruit pour déterminer plus facilement et plus rapidement le chemin optimal à employer. De plus, une reconstruction 3D permet de limiter l'utilisation d'agent de contraste en offrant une représentation intuitive des artères. La navigation est plus rapide, limitant l'exposition à l'agent iodé toxique. Malgré l'utilité potentielle d'une telle reconstruction, plusieurs problèmes s'imposent en contexte interventionnel. D'abord, le temps pour effectuer la reconstruction est limité, ce qui peut avoir un impact sur la qualité du modèle reconstruit. Comme la reconstruction est faite durant l'intervention, la méthode ne peut tolérer un délai supérieur à quelques minutes. En second lieu, plusieurs vues synchronisées sont nécessaires pour effectuer une reconstruction 3D parfaite. Malgré que la plupart des modalités d'acquisition d'angiographies sont au minimum biplans, les artères ne sont pas synchronisées

dans le temps. Comme le cœur est en constant battement, une déformation et un mouvement prononcé des artères sont observés (Dagum *et coll.*, 1999). De plus, la respiration du patient occasionne également un décalage spatial important (Shechter *et coll.*, 2006). Les artères ne sont donc pas synchronisées d'une vue à l'autre dans la séquence acquise, complexifiant le problème d'appariement des branches pour la reconstruction. Le problème devient donc celui d'une reconstruction 3D qui évolue dans le temps, que l'on nomme 3D+t. Le squelette coronaire est également très variable d'un patient à l'autre, ce qui empêche l'utilisation d'un modèle statique d'artères pour la reconstruction (Marieb, 2005).

Plusieurs méthodes actuelles proposent des reconstructions 3D et 3D+t du squelette coronaire selon plusieurs modalités d'acquisition d'angiographies. Certaines d'entre elles offrent des résultats robustes, mais n'ont pas comme objectif l'utilisation en contexte interventionnel. L'un des problèmes principaux des reconstructions de la littérature est donc le temps de traitement qui est généralement trop long pour l'exécution en temps réel. Un grand nombre de méthodes nécessite également des vues alignées et synchronisées, éliminant ainsi la contrainte temporelle du problème. Par contre, ces méthodes ne sont pas applicables au contexte opératoire courant. Finalement, les méthodes plus robustes et rapides d'exécution requièrent un apport manuel pour la reconstruction, comme la segmentation manuelle des artères, où l'appariement des bifurcations d'une vue à l'autre. Le temps nécessaire à ces opérations étant rigoureux, ces reconstructions sont limitées à un usage hors ligne. Certaines méthodes offrent également des reconstructions basées une combinaison de modalités d'imagerie, comme la tomodynamométrie et l'angiographie monoplan coronaire. Les volumes reconstruits sont généralement très précis, mais nécessitent une procédure d'acquisition longue qui se déroule de façon pré opération. Les modalités autres que l'angiographie sont plus précises, mais nécessitent des appareils encombrants ainsi qu'un temps d'acquisition élevé. Ces modalités sont donc limitées à une utilisation hors ligne. Les méthodes offrant des solutions 3D+t qui évoluent dans le temps sont quant à elles généralement exigeantes en temps d'exécution à cause de l'étape supplémentaire de compensation de mouvement respiratoire et cardiaque. Les méthodes plus rapides sacrifient quant à elle la qualité du résultat qui contient en général beaucoup de bruit non filtré.

L'objectif de la recherche courante est donc le développement **d'une méthode de reconstruction 3D+t des artères coronaires** pouvant être utilisée en contexte interventionnel. Cette méthode doit employer des séquences angiographiques rotationnelles pour limiter l'usage de produit de contraste ainsi que réduire l'exposition aux rayons X. Tel que mentionné précédemment, la méthode doit être exécutée en contexte interventionnel, limitant ainsi le temps de traitement de la reconstruction 3D+t. En entrée, la méthode nécessite une séquence angiographique rotationnelle, pour fournir en sortie une reconstruction 3D qui évolue dans le temps selon le cycle cardiaque et le mouvement respiratoire.

L'objectif se divise en quatre étapes distinctes, dont la première est la segmentation des artères coronaires. Les images en entrée étant angiographiques, il est nécessaire d'en identifier les artères et d'en retirer le bruit contenu dans l'arrière-plan. Le principal défi est l'identification des structures tubulaires qui font partie de l'arbre coronaire avec précision, sans inclure de faux positifs. En effet, les images contiennent non seulement les artères, mais également du bruit et des artefacts d'arrière-plan. De plus, l'intensité des artères est très variable à cause de l'hétérogénéité de l'agent de contraste et de la diffusion du produit, ce qui ajoute un niveau de difficulté à la segmentation. La segmentation doit également être très précise pour éviter d'inclure des erreurs afférentes dans la reconstruction finale.

La seconde étape constitue la reconstruction 3D de l'arbre coronaire. À partir de la segmentation des lignes centrales des artères, l'objectif est d'apparier des pixels des artères d'une vue à l'autre de la séquence coronaire en utilisant la géométrie projective. L'un des défis est la correspondance des pixels malgré les segmentations qui peuvent contenir des erreurs. De plus, le chevauchement potentiel des artères dans certaines vues rend difficile l'appariement des points. Une estimation des sections doit également être employée pour définir le diamètre variable des différentes sections artères qui sont majoritairement elliptiques. En sortie, la reconstruction 3D offre un modèle tridimensionnel de référence de la séquence rotationnelle.

La troisième étape est la compensation de mouvement cardiaque et respiratoire. Pour offrir une reconstruction temporellement valable, il est nécessaire de compenser le mouvement respiratoire et cardiaque pour avoir un modèle fluide. Le mouvement cardiaque générant des contractions des artères et du mouvement, la méthode doit offrir un mécanisme de mitigation pour obtenir une reconstruction 3D fiable. De plus, le mouvement respiratoire ajoute de la complexité en offrant un décalage important des artères, rendant ainsi la géométrie projective inefficace. La sortie de cette étape consiste en des vues synchronisées dans la séquence angiographique malgré l'acquisition en temps réel.

La dernière étape est une déformation du modèle coronaire généré pour assurer une fluidité temporelle. Ainsi, à partir d'un modèle de référence, la méthode le déforme de façon affine pour s'adapter aux autres modèles 3D des autres instants du signal ECG. Ce recalage 3D/3D permet au final d'obtenir une reconstruction fluide dû à l'utilisation d'un même modèle. De plus, l'impact d'une mauvaise reconstruction est mitigé puisque la déformation affine est favorisée par les segments continus et correspondants à ceux de la reconstruction de référence. Au final, la méthode entière résulte en un volume 3D des artères coronaires qui évolue dans le temps selon les vues de la séquence rotationnelle.

Le contenu de ce mémoire est présenté en trois chapitres distincts. Le premier offre une revue des différentes méthodes présentes dans la littérature. On y présente les forces et faiblesses de chacune pour permettre une compréhension initiale du domaine de l'étude. Une brève présentation de l'anatomie des artères coronaires y est également incluse pour mettre en contexte les méthodes de la littérature. Au second chapitre est présentée la méthodologie adoptée pour la reconstruction 3D+t des artères coronaires à l'aide d'une séquence angiographique rotationnelle. On y propose les algorithmes développés ainsi que les plans d'expérience nécessaires à la génération des résultats et leur évaluation. Finalement, le dernier chapitre présente et discute des résultats offerts par la méthode proposée. En conclusion, les avantages et inconvénients de la méthode sont présentés, ainsi que des améliorations potentielles.

CHAPITRE 1

REVUE DE LITTÉRATURE

Ce chapitre présente la revue de littérature pour bien cadrer le sujet de recherche. Les différentes étapes communes à chaque approche sont proposées, et sont divisées en plusieurs sous-sections distinctes. L'anatomie est d'abord abordée. Ensuite est brièvement couvert le sujet de l'acquisition des différentes images angiographiques. Le thème de la reconstruction 3D est ensuite proposé, qui représente une étape essentielle avant le traitement du mouvement respiratoire et cardiaque. Finalement est abordée la reconstruction 3D+t à proprement dite, en proposant les diverses techniques de compensation de mouvement présentes dans la littérature. On termine avec un tour d'horizon des méthodes d'optimisation non linéaires qui permettent le recalage 3D/3D des modèles reconstruits. Ce chapitre se veut donc un survol et une critique de la littérature du domaine.

1.1 Anatomie des artères coronaires

Les artères coronaires sont les vaisseaux sanguins qui couvrent la surface du cœur. Leur fonction principale est d'offrir un apport sanguin au myocarde, qui est le tissu musculaire du cœur. Il est nécessaire de connaître l'anatomie et les pathologies associées à ces artères avant d'étudier la littérature.

1.1.1 Anatomie

Comme le myocarde est trop épais, le sang qui circule dans les atriums et les ventricules n'est pas diffusé au muscle cardiaque pour répondre à ses besoins en nutriments. Ainsi, c'est la circulation coronarienne, la moins étendue des circulations de l'organisme qui irrigue les tissus cardiaques (Marieb, 2005). Le système coronaire est composé de deux artères principales, soit la gauche et la droite. D'abord, l'artère coronaire gauche débute au sinus aortique gauche, et son trajet emprunte l'arrière de l'artère pulmonaire. Mesurant

habituellement autour de 3,5 centimètres, cette branche se divise en deux rameaux distincts. Le premier est une artère interventriculaire antérieure. Ce rameau suit le sillon interventriculaire antérieur pour terminer dans le supérieur. Dans son trajet, il contourne entre autres l'apex du cœur, et irrigue les deux ventricules. Il se subdivise à son tour en trois types différents d'artères, soit des artères ventriculaires, septales, et diagonales. Le second rameau de l'artère coronaire gauche est une artère circonflexe. Son trajet inclut le parcours du sillon atrio-ventriculaire gauche. Entre son point d'origine et les marginales principales, on considère que le rameau circonflexe est dans son segment proximal, alors que dans le sillon atrio-ventriculaire gauche, il est dans son segment distal. Ce rameau se subdivise en plusieurs collatérales qui peuvent être ascendantes ou descendantes. Il dessert également l'atrium gauche ainsi que la paroi postérieure du ventricule gauche.

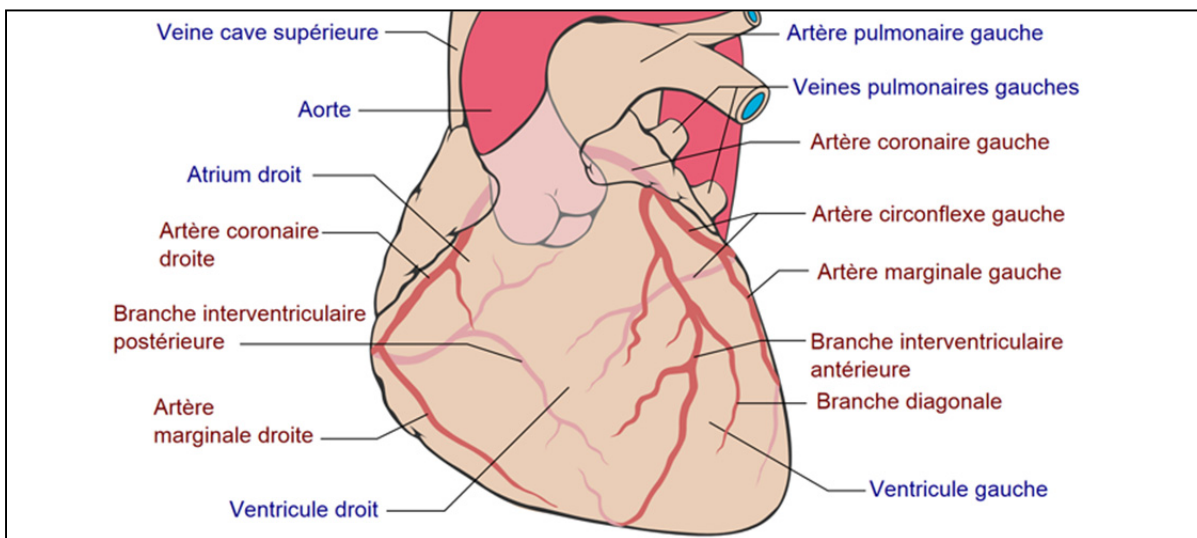


Figure 1.1 Anatomie des artères coronaires
adaptée de http://en.wikipedia.org/wiki/File:Coronary_arteries.svg, libre de droits.

Contrairement à la gauche, l'artère coronaire droite trouve son origine au sinus aortique droit. Cette artère se présente sous la forme d'un C discrétisé, tel que démontré à gauche de la figure 1.1. Elle s'étend du côté droit et contient deux ramifications. La première constitue la branche marginale droite, qui irrigue la partie latérale du côté droit du cœur. Le second rameau, celui interventriculaire postérieur, est plus important et atteint l'apex du cœur pour

nourrir les parois postérieures des ventricules. Les embranchements de ce rameau rejoignent ceux de la branche interventriculaire antérieure à l'apex du cœur. Les vaisseaux issus de l'artère coronaire droite irriguent l'atrium droit et la majeure partie du ventricule droit.

Le réseau artériel coronaire est également différent et variable pour chaque individu. On observe entre autres deux branches interventriculaires sur l'artère coronaire gauche chez 15% des gens. De plus, une seule artère coronaire irrigue le cœur chez 4% des patients. En plus des ramifications principales, les branches forment plusieurs voies supplémentaires pour l'irrigation du cœur, que l'on nomme les collatérales. Les collatérales sont la raison pourquoi une obstruction partielle d'une artère coronaire n'est pas suffisante à arrêter la circulation du sang dans le myocarde. De plus, les artères principales et leurs ramifications sont situées sur l'épicaarde, qui constitue la couche externe du tissu cardiaque. Les branches des ramifications pénètrent quant à eux le myocarde pour lui fournir un apport sanguin intermittent et rythmique.

1.1.2 Physiologie des artères coronaires

En plus de la circulation coronaire, la circulation sanguine durant le cycle cardiaque a un impact important sur le mouvement des coronaires (Marieb, 2005). Tel que présenté à la figure 1.2, le sang provenant de l'organisme, pauvre en oxygène et riche en gaz carbonique, entre dans l'oreillette droite pour circuler vers le ventricule droit. Le côté droit du cœur est la pompe de la circulation pulmonaire, puisque le sang circule ensuite au travers des artères pulmonaires pour se rendre aux poumons. Le côté gauche est quant à lui la pompe de la circulation systémique. Le sang oxygéné quittant les poumons entre par l'atrium gauche pour poursuivre vers le ventricule gauche. Il est ensuite expulsé vers l'aorte, d'où les petites artères systémiques le transportent aux tissus du corps. Le sang plein en gaz carbonique retourne ensuite au cœur par les veines caves. Cette circulation du sang est régie par les battements rythmiques du cœur, qui sont des suites de contractions et relâchements des muscles. L'ensemble des événements se produisant entre le début d'un battement jusqu'au début du suivant se nomme un cycle cardiaque.

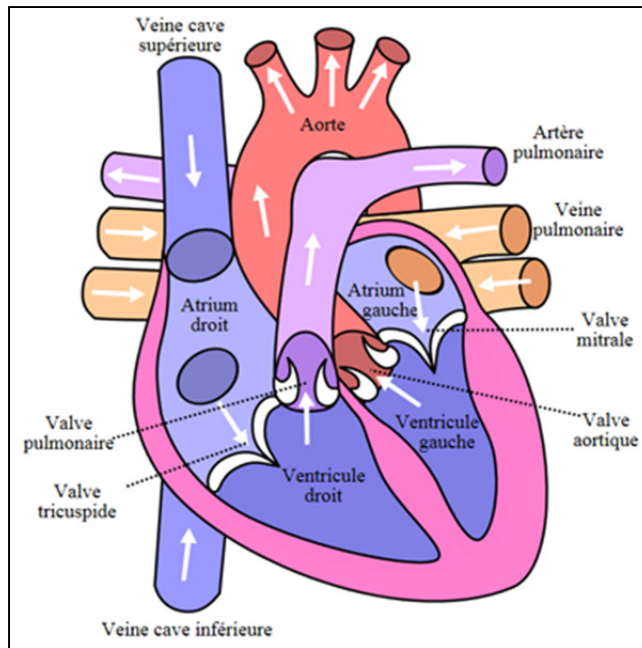


Figure 1.2 Anatomie du cœur adaptée de http://en.wikipedia.org/wiki/File:Diagram_of_the_human_heart.svg, libre de droits.

Le cycle est composé de deux phases, soit la diastole, et la systole. La diastole est la phase de relâchement, laquelle est divisible en deux sous phases. D'abord on retrouve la diastole ventriculaire, période dans laquelle les ventricules sont au repos. Il y a également la diastole auriculaire qui se produit lorsque les atriums se relâchent. La seconde phase du cycle cardiaque, la systole, est la phase de contraction du cœur. De la même manière que lors de la diastole, l'onde de relaxation part des atriums et continue aux ventricules. Des valves permettent de contrôler le flux sanguin circulant dans les quatre cavités musculaires. Ces valves s'ouvrent et se ferment selon la pression contenue dans les atriums et les ventricules.

1.1.3 Traitement des cardiopathies des artères coronaires

Un très grand nombre de conditions et maladies couvrent les artères coronaires. À cause de leur rôle primordial dans la circulation du sang, chacune des pathologies peut s'avérer très grave, voire mortelle. D'ailleurs, les maladies des artères coronaires sont la principale cause de mortalité dans les pays développés (Ashley et Niebauer, 2004). L'une de celles-ci est la

sténose d'une artère coronaire, qui est un rétrécissement partiel de l'artère. Chez un patient, cette pathologie s'accompagne habituellement d'une douleur thoracique caractéristique. Sans être traitée, la sténose diminue considérablement le débit sanguin de l'artère, et peut provoquer une angine de la poitrine. L'un des traitements de ce problème est l'angioplastie, qui consiste en la modification d'un vaisseau sanguin. Un guide dirige un petit ballonnet gonflable pour dilater l'artère où il y a rétrécissement. L'installation d'une endoprothèse, ou stent, est également fréquente pour éviter la récurrence, puisque les ballons occasionnent un taux de sténose de 30% après 6 mois, ainsi qu'un haut risque de dissection artérielle. Dans le cas des angioplasties coronaires, la sonde est introduite via l'artère fémorale ou l'artère radiale.

Une seconde pathologie très fréquente est l'occlusion de l'artère coronaire, généralement due à une accumulation segmentaire de lipides, glucides, tissus adipeux et autres. Sans traitement, elle peut entraîner l'infarctus du myocarde, ou crise cardiaque, lorsque l'artère s'obstrue complètement. Deux traitements classiques sont employés pour revasculariser une artère. Le premier est l'angioplastie présentée précédemment, qui est une technique instrumentale. Le second traitement est médical, et emploie des produits pour dissoudre le caillot qui bloque l'artère. On injecte donc un médicament par intraveineuse qui vise à dissoudre le thrombus. Cette méthode offre un taux de succès inférieur à l'angioplastie.

Pour établir un diagnostic pour ces différentes pathologies, on utilise entre autres l'angiographie coronaire, ou coronarographie. Cette technique permet d'utiliser la radiographie avec l'injection d'un agent de contraste iodé pour obtenir des images 2D des artères coronaires. Les méthodes d'acquisition de ces images sont proposées dans la section suivante.

1.2 Imagerie interventionnelle des artères coronaires

Plusieurs techniques d'acquisition des séquences angiographiques sont utilisées dans la littérature, et permettent d'obtenir des images cardiaques les plus précises possible en

contexte interventionnel. Trois d'entre elles sont proposées dans cette section. Dans l'ordre, ce sont l'acquisition angiographique monoplan, biplan, puis rotationnelle. Il est également important de mentionner que l'injection d'un agent de contraste est nécessaire pour rendre visible aux rayons ionisants les artères coronaires.

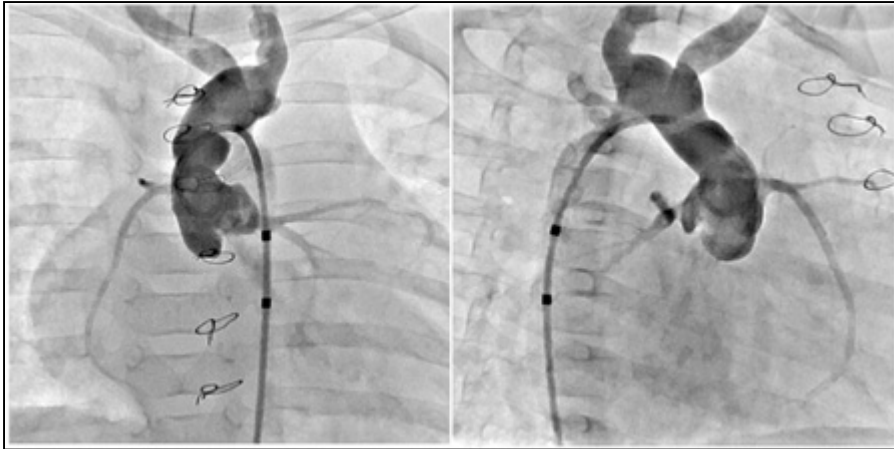


Figure 1.3 Angiographies acquises par un système biplan.

La première méthode souvent utilisée pour l'acquisition d'une séquence angiographique est le monoplan. Comme son nom l'indique, une séquence monoplan est acquise à l'aide d'une seule caméra fixée sur place à un angle prédéterminé. Pour effectuer l'acquisition, l'agent de contraste est injecté pendant une durée établie et l'appareil capture les images angiographiques. Pour la reconstruction 3D, cette méthode n'est pas suffisante puisqu'au moins deux vues du même objet sont nécessaires pour établir la stéréo correspondance.

La seconde méthode, le biplan, utilise la même modalité mais à l'aide de deux caméras synchronisées. L'appareil employé permet donc une acquisition simultanée de deux vues à angles différents. En sortie, on retrouve donc deux vues angiographiques parfaitement simultanées qui représentent l'arbre coronaire du patient. La figure 1.3 présente un exemple d'acquisition d'angiographie biplan. L'un des avantages est que la géométrie projective est connue, évitant ainsi à estimer les paramètres à l'aide des diverses méthodes. De plus, la saisie des deux vues est faite de façon simultanée, ce qui fait qu'une correspondance idéale est observée entre elles. Par contre, comme on possède uniquement deux vues, la probabilité

que certains vaisseaux soient obstrués ou invisibles est très grande, ce qui diminue la qualité d'une reconstruction tridimensionnelle. Un autre inconvénient du monoplan et du biplan est qu'une plus grande quantité d'agent de contraste est nécessaire lors de l'acquisition. Une étude récente (Empen *et coll.*, 2010) quantifie la différence dans la quantité et stipule que l'acquisition biplan et monoplan utilise environ 63,4% plus d'agent de contraste. Par contre, comme son utilisation est plus encombrante et que les appareils rotationnels sont plus récents, le biplan est encore très utilisé.

La dernière méthode d'acquisition angiographique est celle qui permet une séquence rotationnelle complète. Il s'agit de l'acquisition par système d'imagerie *C-arm* (Fig. 1.4). Comme son nom l'indique, cet appareil a la forme de la lettre *C*, et permet donc la rotation complète autour du patient. Il peut ainsi, à intervalle régulier, saisir des images angiographiques de la cage thoracique du patient. Le principal avantage de cette méthode est qu'une séquence rotationnelle à grand angle est acquise. De plus, comme le positionnement de la caméra est connu, les paramètres intrinsèques et extrinsèques sont connus, et aucune calibration n'est nécessaire. Grâce aux paramètres extrinsèques connus, aucune estimation ou approximation de la géométrie de l'espace n'est requise.



Figure 1.4 Système d'acquisition *C-arm* pour l'angiographie rotationnelle.

Au niveau clinique, l'angiographie rotationnelle offre l'avantage d'employer moins d'agent de contraste en offrant une précision similaire aux méthodes habituelles (Grech *et coll.*, 2012). L'étude démontre également que l'angiographie rotationnelle complète nécessite moins de temps d'acquisition que le monoplan et le biplan. L'inconvénient principal de cette méthode est que les vues ne sont pas synchronisées. Comme une seule caméra est en rotation autour du patient, le battement cardiaque et le mouvement respiratoire font varier la position et l'orientation des vaisseaux en fonction du temps à laquelle l'image est acquise. Les différentes images ne sont donc pas complètement correspondantes entre elles.

1.3 Reconstruction des artères à partir de vues 2D

La reconstruction 3D est une technique relativement nouvelle dans le domaine de l'imagerie médicale. Concrètement, dans le domaine de l'angiographie des artères coronaires, elle permet d'assister le médecin en proposant un modèle tridimensionnel de l'arbre coronaire à partir de séquences 2D. Plusieurs avantages résultent de cette technique. D'abord, l'aspect subjectif de l'évaluation des séquences angiographiques est diminué. De plus, une moins grande quantité d'agent de contraste est nécessaire, puisque les méthodes automatiques et semi-automatiques sont généralement plus précises que l'œil humain. Grâce à la troisième dimension, certains détails sont plus faciles à détecter, comme les sténoses qui peuvent être cachées par une superposition des vaisseaux dans les vues 2D. Ainsi, dans les prochaines sous-sections sont proposées les différentes étapes classiques à la reconstruction 3D. On y présente également les techniques existantes, en faisant ressortir les avantages et inconvénients de chacune.

1.3.1 Segmentation des structures tubulaires

Comme les images angiographiques sont sujettes au bruit radiologique et que l'agent de contraste est largement hétérogène, il devient difficile d'identifier les artères par rapport à l'arrière-plan. Ce dernier est composé d'une superposition du diaphragme, des poumons, des côtes, de la colonne vertébrale, nuisant ainsi à la visibilité sur les images angiographiques.

Un prétraitement est donc nécessaire pour extraire les artères coronaires en éliminant les artefacts contenus à l'arrière-plan.

Le filtre principal appliqué à cette étape permet de faire ressortir les différentes structures tubulaires des images de l'arrière-plan qui contiennent de l'information nuisible et du bruit. Pour ce faire, deux algorithmes sont couramment utilisés dans la littérature. D'abord, la première technique à émerger dans la littérature est le filtre linéaire multi-échelles 3D (Sato *et coll.*, 1997). Elle a pour but principal de mettre en évidence les vaisseaux et autres structures tubulaires qui permettraient éventuellement la segmentation 2D. Concrètement, la matrice hessienne et les valeurs et vecteurs propres sont employés pour déterminer si un pixel appartient à un vaisseau. En combinant une convolution gaussienne avec la matrice hessienne, il est possible d'obtenir des images filtrées à différentes échelles simplement en modifiant l'écart type de la fonction gaussienne. La méthode permet donc d'offrir un bon compromis entre le renchérissement des vaisseaux et l'augmentation du bruit.

La seconde méthode est très fortement inspirée de la précédente, et consiste également en un filtre multi-échelles pour le rehaussement des structures tubulaires (Frangi *et coll.*, 1998). De la même manière que dans l'algorithme précédent, on stipule que l'utilisation de plusieurs échelles est nécessaire parce que les vaisseaux sont de dimension très variable. Par contre, contrairement à l'autre technique, celle-ci utilise l'ensemble des valeurs propres pour le calcul du résultat. De plus, on représente le résultat comme une valeur géométrique et intuitive qui indique si le point fait partie d'un vaisseau. Comme l'information de tous les axes de l'ellipsoïde de second degré est employée, on considère que l'approche est une généralisation de la précédente (*Voir ANNEXE I*).

En plus des méthodes utilisant la matrice hessienne, les contours actifs permettent de segmenter différentes structures pour tout type d'image. Entre autres, la méthode proposée par Chan et Vese (2001) est l'une des plus utilisées, et emploie la segmentation globale à l'aide de statistiques pour rendre la méthode plus robuste au bruit. Concrètement, un contour est évolué selon des contraintes prédéfinies pour détecter des objets dans l'image. L'avantage

de la méthode de Chan et Vese est qu'elle ne nécessite aucun filtre de détection de contour au préalable. La méthode propose des résultats robustes avec grande précision, mais n'est pas efficace lorsque les sections à segmenter ne sont pas homogènes. Comme le critère du contour actif est général, on obtient une sursegmentation ou une sous-segmentation lorsque les intensités sont variables dans les artères. Dans les images angiographiques, on observe une grande variabilité dans les intensités à cause de l'hétérogénéité de l'agent de contraste. Plus récemment, d'autres méthodes permettent de conserver la performance des contours actifs en améliorant les résultats sur des images avec intensité hétérogène (Sum et Cheung, 2008). La méthode utilise des surfaces de niveau, qui permet de combiner l'aspect global des méthodes de contours actifs et une contrainte de localité pour s'adapter aux variabilités d'intensité. Ainsi, la segmentation est d'abord effectuée avec le critère global, puis les résultats sont raffinés avec le terme local. Le problème majeur avec cette approche est que le contour initial doit être initialisé manuellement, limitant ainsi son utilisation en contexte interventionnel. De plus, les structures tubulaires de l'arrière-plan ne sont pas filtrées, ce qui nécessite des filtres supplémentaires pour le retrait du bruit.

En plus de ces techniques, certains autres filtres mineurs sont employés dans certaines méthodes pour améliorer le résultat du prétraitement. Dans certains cas, on effectue une soustraction de l'arrière-plan. Il s'agit donc d'éliminer les structures tubulaires plutôt que de les mettre en évidence. Pour ce faire, on utilise souvent un opérateur de fermeture (Serra, 1982). Cet opérateur morphologique effectue une dilatation suivie d'une érosion à l'aide d'un élément structurel. L'effet de l'opérateur est de garder les régions de l'arrière-plan en englobant l'avant-plan. Les zones qui sont complètement entourées d'une autre région ont tendance à faire partie d'un vaisseau, et sont donc éliminées grâce à l'opérateur. Combinée au rehaussement de vaisseaux suivi d'une dilatation, cette technique offre un résultat plus robuste, mais requiert plus de temps de calcul.

1.3.2 Géométrie projective

Pour effectuer une reconstruction des artères à l'aide de plusieurs vues angiographiques, il est nécessaire de connaître la géométrie projective pour effectuer des correspondances. Ainsi, les matrices de projections des différentes images doivent être disponibles. Dans le cas de l'acquisition par *C-arm* ou par un appareil biplan, la géométrie est connue puisque l'appareil est calibré. Les différents paramètres intrinsèques et extrinsèques sont donc connus, et la reconstruction peut être effectuée. Dans le cas où la géométrie n'est pas connue, certains algorithmes permettent de l'estimer. Parmi ceux-ci, on retrouve l'algorithme à 7 points et l'algorithme à 8 points (Hartley et Zisserman, 2000). Ils permettent respectivement d'estimer la matrice fondamentale à partir de 7, et 8 points. Par contre, comme ceci constitue uniquement une estimation, la reconstruction 3D résultante ne peut être aussi efficace que lorsque la géométrie est connue. De plus, les résultats varient en fonction de la sélection des points à utiliser pour l'estimation.

La méthode la plus utilisée pour reconstruire une correspondance d'une vue à l'autre est celle de la géométrie épipolaire, qui est une méthode mathématique robuste et stricte permettant de construire un point 3D à partir de deux points 2D correspondants (Faugeras, 1993). Ainsi, à partir d'un point 2D dans une image angiographique, on trace une ligne imaginaire vers le centre de projection. Cette ligne est ensuite projetée sur la seconde image angiographique. En sélectionnant un point sur la droite projetée dans l'image, on peut ainsi reconstruire le point 3D correspondant. Cette méthode de géométrie projective est employée dans la plupart des méthodes de reconstruction pour aider à faire correspondre les entités. Par contre, la méthode telle quelle est très stricte et permet uniquement les correspondances exactes entre les points.

1.3.3 Reconstruction 3D

Après avoir effectué les différents prétraitements et filtres sur les images angiographiques, il est nécessaire d'effectuer une correspondance entre les différentes vues. Comme différentes branches sont présentes dans l'arbre coronaire, chacune doit être impérativement associée

dans les images. En faisant une correspondance avec des erreurs, la reconstruction 3D est grandement affectée.

Dans la littérature, plusieurs méthodes existent pour faire ce genre de traitement. Certaines d'entre elles requièrent un apport de l'utilisateur, et sont donc semi-automatiques. Ces méthodes sont fréquentes puisqu'elles sont beaucoup plus simples à implanter, et le taux d'erreur est minimisé. On retrouve ensuite les techniques entièrement automatiques, qui ne nécessitent aucune entrée de l'utilisateur.

La première méthode semi-automatique souvent employée est celle des ciseaux intelligents (Mortensen et Barrett, 1995). Concrètement, le médecin sélectionne deux points sur une artère, et l'algorithme calcule le chemin le plus court en utilisant une métrique d'intensité pour suivre l'artère coronaire. Il y a donc des pénalités lorsqu'un chemin qui ne passe pas par une artère présumée est choisi. Un inconvénient de cette méthode est qu'elle doit être appliquée sur chacune des images pour pouvoir faire correspondre les vaisseaux. Le temps requis est donc très grand, et une précision hors pair doit être déployée par l'utilisateur. Comme les séquences angiographiques peuvent parfois contenir des dizaines d'images, cette méthode n'est pas efficace pour le traitement temps réel.

Une seconde méthode assistée par l'utilisateur consiste en la sélection des points de bifurcations dans deux vues angiographiques (Andriotis *et coll.*, 2008). Dans cette technique, les points de jonction des différentes branches coronaires sont sélectionnés dans deux vues consécutives. Ainsi, la correspondance est effectuée sur les points d'intersection uniquement, et le filtre multi-échelles permet de compléter les différentes branches. Un des problèmes de cette méthode est qu'elle est uniquement applicable aux séquences biplans. Pour l'étendre à l'utilisation d'une séquence rotationnelle acquise à l'aide d'un *C-arm*, la sélection doit être effectuée dans chacune des vues, ce qui provoque les mêmes inconvénients que la méthode précédente. Ainsi, de la précision est perdue à cause de la sélection manuelle, et le temps requis pour effectuer ce traitement sur chaque vue est non négligeable.

Une autre méthode semi-automatique est celle proposée par Chen et Carroll (2000). La méthode suppose l'utilisation de deux séquences biplans, dont les images sont synchronisées entre elles grâce au signal ECG. La correspondance des artères entre deux vues est d'abord effectuée de façon manuelle. L'utilisateur doit sélectionner quelques points dans chaque artère à reconstruire, et le système construit un arbre hiérarchique des artères grâce aux bifurcations détectées. Pour limiter le problème de chevauchement des artères, une sélection des vues optimales est d'abord effectuée. Les points sélectionnés manuellement dans les images 2D sont ensuite appariés de façon automatique par la géométrie épipolaire et un parcours de l'arbre de bifurcations des deux vues. L'avantage premier de cette méthode est le temps d'exécution réduit (< 10 minutes) qui permet son utilisation en contexte interventionnel. Par contre, la méthode nécessite des vues angiographiques synchronisées, ce qui est spécifique aux séquences biplans. De plus, certaines branches ne peuvent être reconstruites lorsque certaines des bifurcations ne sont pas correctement identifiées par l'algorithme. C'est d'ailleurs le cas lorsque les bifurcations mal identifiées se situent au sommet de l'arbre hiérarchique. Une autre méthode qui utilise également un arbre hiérarchique est celle établie par Sun *et coll.* (1994). Celle-ci nécessite trois vues orthogonales entre elles pour reconstruire un objet 3D dont la forme est semblable à un arbre binaire. Bien que les artères coronaires s'adaptent bien à ce modèle, le critère de perpendicularité strict des vues empêche son utilisation. C'est pourquoi Movassaghi *et coll.* (2004) propose une amélioration en ne limitant pas uniquement à trois vues, et en permettant l'utilisation de vues à un écart angulaire non défini. D'abord, les artères sont extraites de façon interactive dans deux vues de référence. Les vues supplémentaires permettent uniquement d'obtenir une modélisation plus adéquate des artères en 3D grâce à la géométrie épipolaire. Ainsi, la méthode supporte la modélisation d'artères de forme concave en ajoutant d'autres vues synchronisées. Par contre, l'inconvénient majeur est que les vues doivent être synchronisées de façon parfaite, ce qui limite l'utilisation avec des séquences rotationnelles.

Certaines recherches utilisent également les contours actifs, communément appelés serpents, pour effectuer une reconnaissance et une correspondance entre les vues (Kass *et coll.*, 1988). C'est le cas de la méthode semi-automatique proposée par Zheng *et coll.* (2010). D'abord, la

correspondance initiale point à point est effectuée manuellement, puis les artères sont suivies à l'aide de la méthode des contours actifs. Le contour actif est influencé par des paramètres de l'image, et permet donc de suivre des attributs particuliers, comme des contours. Une fonction de minimisation d'énergie est employée pour faire converger le contour actif. La méthode proposée de reconstruction utilise un contour qui se déforme directement en 3D, grâce à une fonction d'énergie qui combine les propriétés intrinsèques de la courbe avec une connaissance à priori de la morphologie et de la dynamique artérielle coronaire. Concrètement, ceci implique que la reconstruction 3D et le suivi du squelette coronaire sont effectués au même moment grâce à la minimisation de la fonction. L'avantage premier des contours actifs est que la correspondance point à point n'a pas à être faite entièrement manuellement.

Certaines méthodes automatiques sont également présentes dans la littérature, et permettent d'éviter le côté subjectif des techniques semi-automatiques. La première d'entre elles consiste à effectuer un suivi 2D des différents vaisseaux (Mourgues *et coll.*, 2001). Cette méthode permet donc, à partir du résultat du filtre multi-échelles ou d'une segmentation préalable, de faire correspondre les différentes branches en effectuant un suivi d'une vue à l'autre. Chaque artère est modélisée à l'aide d'une courbe de type B-spline, et le suivi est représenté comme un problème de minimisation de l'énergie pour la segmentation des contours. Ainsi, le terme d'énergie est la moyenne de la réponse multi-échelles selon la courbe B-spline. Comme un suivi est effectué entre plusieurs vues, on comprend que la position et l'orientation des vaisseaux doivent être similaires. Ainsi, l'écart de degré entre l'acquisition des différentes images doit être assez petit, sans quoi le suivi ne peut être effectué. Une autre méthode entièrement automatique (Blondel *et coll.*, 2004) permet d'effectuer une reconstruction 3D en employant une séquence rotationnelle complète. Pour ce faire, on effectue des correspondances entre les points à l'aide de la géométrie épipolaire et d'une fonction d'énergie qui comprend un terme interne et un terme externe. Le terme interne détermine la qualité d'une correspondance dans 2 vues, alors que le terme externe permet d'ajouter de la robustesse en projetant la correspondance dans les autres vues. Cette méthode tente donc de faire correspondre tous les points d'une branche grâce à une fonction d'énergie

et un algorithme de programmation dynamique. L'avantage de cette méthode est qu'elle est très rapide et peut permettre l'exécution en contexte interventionnel. Par contre, dans le cas où les artères sont très rapprochées ou chevauchées, la reconstruction n'est pas parfaite.

Un certain nombre de méthodes n'utilise pas ne correspondance point par point pour effectuer la reconstruction, mais plutôt une reconstruction volumique. La méthode FDK de Feldkamp *et coll.* (1984), l'une des plus vieilles méthodes de reconstruction automatique, est encore couramment employée pour la reconstruction volumique. Cette méthode emploie un cône projectif pour déterminer les intersections entre les vues. Elle utilise également des convolutions et des poids pour pondérer les données. Malgré que les résultats soient robustes, le temps de calcul est très long, et la reconstruction est très sensible au mouvement cardiaque et respiratoire. Une autre méthode utilisant le principe du cône (Habert *et coll.*, 2012) offre des résultats similaires, mais possède les mêmes problèmes. Cette méthode effectue la reconstruction à l'aide des silhouettes sans employer la géométrie épipolaire, mais est très sensible au mouvement respiratoire et cardiaque. La méthode du cône projectif proposé initialement par Feldkamp est améliorée par Schafer *et coll.* (2006) pour permettre la compensation de mouvement lorsqu'en présence d'une séquence rotationnelle angiographique complète. La correction de mouvement est appliquée lors de l'étape de projection de l'algorithme FDK, en décalant les voxels à reconstruire grâce au champ de mouvement des vecteurs. De plus, pour limiter le temps de calcul, le concept des régions d'intérêt est employé. Malgré la compensation de mouvement, le temps de calcul reste le problème majeur de la méthode, avec un temps supérieur à 30 minutes pour une image angiographique de 512^2 pixels et un échantillonnage pour champ de mouvement de 14 millimètres.

Plus récemment, une méthode de reconstruction itérative pour objets clairsemés est proposée par Li *et coll.* (2004) et appliquée au domaine des angiographies rotationnelles par Hansis *et coll.* (2008). L'étude utilise une minimisation itérative de la norme L_1 de l'image clairsemée perturbée de façon quadratique. Les images nécessaires pour effectuer la reconstruction sont celles de la séquence rotationnelle qui se situent au même instant du signal ECG. Le nombre de ces images est généralement entre cinq et dix. L'avantage de cette méthode par rapport à

celles qui utilisent un cône projectif et qu'elle n'est pas sensible au mouvement respiratoire. Il est ainsi possible de reconstruire un modèle d'artères même si la séquence contient du mouvement respiratoire. Par contre, le temps de traitement est élevé dû à la nature itérative de l'approche.

1.4 Compensation du mouvement cardiaque et respiratoire

Comme stipulé dans les sous-sections précédentes, les mouvements cardiaque et respiratoire occasionnent des décalages linéaires et élastiques. Au niveau du mouvement cardiaque, une étude sur le mouvement aortique de moutons (Dagum *et coll.*, 1999) démontre que la racine de l'aorte se déforme de manière élastique d'en moyenne 5 ± 5 millimètres lors d'un battement cardiaque. Le mouvement occasionné par le rythme cardiaque ne peut donc être négligé. Au niveau du mouvement respiratoire, une étude de Shechter *et coll.* (2006) indique que le déplacement moyen des artères coronaires sur les sujets humains est de 6 ± 2 millimètres et que le mouvement ne peut être modélisé par une simple translation 3D. De plus, l'étude démontre que le mouvement occasionné par la respiration est inférieur à celui proposé par de précédentes études utilisant la résonance magnétique. On explique cet écart par l'utilisation de données réelles, alors que les études précédentes emploient une respiration simulée.

Les quantifications précédentes démontrent que les méthodes nécessitent des vues angiographiques synchronisées pour effectuer une reconstruction 3D. Par contre, comme mentionné précédemment, les vues sont déformées à cause du mouvement respiratoire et cardiaque dans le cas de l'acquisition rotationnelle complète par *C-arm*. Il est donc parfois nécessaire de bifurquer de la contrainte stricte imposée par la géométrie pour s'adapter à ces déformations. C'est ainsi que sont proposées différentes méthodes de compensation, ajoutant la dimension temporelle aux algorithmes.

1.4.1 Géométrie épipolaire à contrainte souple

La première méthode est extrêmement similaire à celle proposée dans la section de reconstruction 3D. Par contre, au lieu de respecter la contrainte stricte de la géométrie épipolaire, on accepte des légers écarts pour s'adapter aux déformations (Mourgues *et coll.*, 2001). Ainsi, les points correspondants ne sont pas nécessairement sur les droites épipolaires, mais peuvent être situés dans l'environnement proche. Évidemment, une pénalité est imposée sur la distance pour éviter que des mauvais points soient trouvés.

En acceptant de tels écarts, la reconstruction 3D+t n'est pas optimale, et ne représente pas la géométrie projective fournie en entrée. Le modèle résultant n'est donc pas fiable, et ne peut être utilisé par les cardiologues. Pour remédier à ce problème, on utilise la méthode du calibrage explicite (Triggs *et coll.*, 2000). De façon itérative, les paramètres extrinsèques des matrices de projection sont optimisés jusqu'à la stabilisation de la scène 3D reconstruite. Ainsi, on optimise les paramètres et on effectue la reconstruction de manière itérative jusqu'à la convergence. Ceci permet donc à la reconstruction 3D+t de correspondre à la réalité grâce aux nouvelles valeurs de rotation et de translation des caméras.

1.4.2 Champ de mouvement

Dans les méthodes récentes de reconstruction 3D+t, les plus populaires sont celles qui utilisent les champs de mouvement pour compenser le mouvement respiratoire et cardiaque (Blondel *et coll.*, 2004). De façon mathématique, il suffit de calculer un modèle de mouvement de B-splines à l'aide d'un produit tensoriel. À partir de la fonction de calcul, on évalue la valeur à chaque point temporel et spatial pour obtenir la valeur de mouvement. Concrètement, on peut donc obtenir la valeur de mouvement de chaque point à chaque moment dans la séquence. Il est donc possible de déterminer sa déformation due au mouvement respiratoire et cardiaque, ce qui rend la reconstruction beaucoup plus robuste. L'avantage principal de cette méthode est que le résultat obtenu est très similaire à la réalité, ce qui le rend utilisable dans de contextes réels. Par contre, à cause de la grande quantité de

calculs nécessaires, cet algorithme n'est pas applicable au temps réel. Même en parallélisant l'algorithme sur un ordinateur récent à plusieurs cœurs, le temps de calcul est de l'ordre de plusieurs dizaines de minutes.

Une autre des méthodes récentes utilise entre autres les champs de mouvement pour effectuer une reconstruction 3D+t (Shechter *et coll.*, 2003). La particularité de la technique proposée est qu'elle nécessite une reconstruction initiale par géométrie épipolaire à contrainte souple présentée précédemment. Ainsi, seulement une paire d'images est nécessaire à la reconstruction. Trois modèles de mouvement sont employés hiérarchiquement pour déterminer l'évolution temporelle de l'arbre coronaire. Ils sont donc ordonnés de grossier à fin pour trouver la transformation M^t qui permet de faire correspondre un point à son équivalent à n'importe quel pas dans le temps. Le premier est une transformation tridimensionnelle de corps rigide, le second est une transformation tridimensionnelle affine, et le dernier est une translation d'un B-solide. Un suivi du mouvement est effectué en minimisant une fonction d'énergie pour déterminer la meilleure transformation M^t . La validation de l'algorithme est faite grâce à des séquences angiographiques biplans de cinq différents patients. On remarque certaines erreurs de reprojection durant la phase de systole du cycle cardiaque, qui sont dues à la déformation des artères coronaires et à la disparition observée des parties distales de celles-ci.

Shechter propose également une méthode pour quantifier de manière concrète la déformation due au mouvement respiratoire et cardiaque (Shechter *et coll.*, 2004). D'abord, une reconstruction 3D initiale est faite à l'aide de la méthode précédente. Ainsi, un modèle paramétrique cardio-respiratoire est généré, et utilisé pour décomposer le champ de déformation en composantes cardiaques et respiratoires. Ceci permet donc de représenter le mouvement d'une séquence angiographique à partir d'un modèle de mouvement unique. Dans les différents cas analysés, des modèles de translation et transformation rigide 3D ont généralement suffi. L'avantage premier offert par cette méthode est que l'acquisition des différentes images biplans peut être faite avec présence accrue de mouvement respiratoire.

Cette recherche offre donc une base pour la quantification du mouvement naturel du cycle cardiaque.

Certaines recherches récentes proposent également des améliorations aux champs de mouvement, facilitant ainsi leur analyse et l'utilisation d'animation lors de la reconstruction 3D+t. Entre autres, on propose une méthode qui résout le problème de périodicité dans les champs de mouvement classiques (Holub *et coll.*, 2011). La plupart des algorithmes dans la littérature supposent que le mouvement cardiaque est périodique. Dans la réalité, le mouvement semble être périodique, mais ne l'est pas réellement. Il y a ainsi un décalage qui cause du bruit dans les reconstructions. On propose donc un problème d'optimisation qui périodise le mouvement cardiaque dans les séquences angiographiques. De cette façon, la quantité de bruit est minimisée.

D'autres recherches traitent également de la non-périodicité du mouvement cardiaque à l'aide de champs de mouvement (Rohkohl *et coll.*, 2009). D'abord, on stipule que dans les cas cliniques, on remarque très fréquemment que les signaux du cœur sont arythmiques. Au niveau de la méthode, une reconstruction initiale est effectuée en guise de référence. De la même manière que dans les méthodes précédentes, on estime les paramètres du modèle de mouvement, cette fois-ci en optimisant une fonction objective. La principale différence entre la méthode actuelle et les précédentes est que le temps de référence utilisé est le temps d'acquisition, plutôt que d'assumer la quasi-périodicité. Par contre, la recherche est très similaire aux précédentes puisqu'elle emploie un modèle de champ de mouvement basé sur des courbes B-splines. Les résultats obtenus à l'aide du fantôme radiologique permettent de déterminer que le taux d'erreur relative du calcul du diamètre des vaisseaux diminue d'environ 29% par rapport aux méthodes qui assument la périodicité. De plus, des résultats similaires sont observés sur les cas cliniques testés.

Dans le même ordre d'idée, une recherche récente propose un algorithme pour effectuer de la correction de mouvement sur des images angiographiques pour aider la compensation respiratoire et cardiaque (Shechter, 2005). À partir d'une reconstruction 3D initiale, on

calcule le champ de déformation qui fait correspondre un point avec son équivalence dans le temps. À partir de ce champ, on adapte une fonction 2D de déformation au champ de vecteurs d'une image de la séquence. Le résultat de cette étape est une image où le mouvement a été compensé. L'avantage de cet algorithme est qu'à partir d'une séquence angiographique, on obtient la même séquence sans les déformations dues au mouvement respiratoire et cardiaque. Cette séquence peut donc être utilisée dans les algorithmes de reconstruction sans compensation de mouvement, et obtenir un résultat beaucoup plus performant.

1.4.3 Modélisation mathématique du mouvement

Pour mitiger l'exigence en temps de calcul de la compensation de mouvement, certaines méthodes utilisent des modèles de mouvement préétablis pour définir le décalage supposé des artères coronaires. Entre autres, une de ces méthodes (Lujan *et coll.*, 1999) permet de modéliser le mouvement respiratoire comme étant une simple translation dans un axe précis grâce à une fonction cyclique. Malgré la trivialité de la méthode, les résultats sont très près de la réalité et peuvent être exécutés en temps réel. Par contre, les résultats proposés sont moins précis que ceux offerts par les méthodes de champs de mouvement. De plus, on doit supposer que le mouvement est entièrement cyclique et qu'il suit un axe prédéfini. On comprend donc que malgré la rapidité de calcul, cette modélisation mathématique est beaucoup moins précise que les autres méthodes présentées précédemment.

1.5 Autres méthodes de reconstruction 3D+t

Comme les recherches sur la reconstruction 3D+t sont relativement récentes, plusieurs autres méthodes existent et apportent chacun une spécificité lors de la reconstruction. On retrouve entre autres une méthode qui utilise l'algorithme de progression rapide pour segmenter et effectuer une reconstruction 3D en même temps (Jandt *et coll.*, 2009). On utilise donc une fonction de vitesse qui utilise une combinaison multiplicative des réponses 2D du filtre multi-échelles pour obtenir une réponse 3D pour chaque voxel. La vitesse de propagation est

haute pour les voxels qui ont une réponse consistante sur les projections correspondantes. On ajoute également une pénalité sévère pour les déviations dues au bruit. L'avantage de cette méthode est qu'elle permet la reconstruction 3D lors de la segmentation puisqu'on utilise une fonction de vitesse 3D. De plus, comme des pénalités sont imposées pour les déformations, l'algorithme est généralement insensible au mouvement respiratoire et cardiaque.

En plus des méthodes de reconstruction à proprement dites, on retrouve également plusieurs méthodes qui permettent de quantifier ou évaluer des techniques et comportements des artères coronaires. Par exemple, on retrouve une recherche qui étudie le déplacement et la vitesse des artères coronaires dus au mouvement respiratoire et cardiaque (Shechter, 2006). Le but de cette recherche est de pouvoir prédire les mouvements et déformations des artères pour optimiser les algorithmes existants. Pour ce faire, on veut séparer le mouvement en deux composantes, soit le déplacement respiratoire et le déplacement cardiaque. Cette séparation est effectuée à l'aide de fonctions mathématiques qui utilisent respectivement le champ de mouvement respiratoire et le champ de mouvement cardiaque. Au final, on obtient des statistiques qui représentent les deux composantes de déplacement ainsi que les vitesses des artères. On conclut entre autres que lors d'une contraction du cœur, le mouvement cardiaque est consistant, et se dirige vers la partie inférieure et antérieure, avec une prédominance pour l'artère coronaire droite. La magnitude du déplacement respiratoire est quant à elle similaire pour l'artère gauche et l'artère droite, avec un déplacement du cœur vers le bas entre la fin de l'expiration et la fin de l'inspiration. La vitesse cardiaque est similaire pour les deux artères principales, mais les magnitudes sont plus élevées pour la gauche.

Un outil récent dans le domaine permet d'offrir une plateforme de comparaison de reconstructions 3D et 3D+t pour les artères coronaires qui se nomme *CAVAREV* (Rohkohl *et coll.*, 2010). Il fournit entre autres deux ensembles de données de séquences rotationnelles hautement réalistes qui sont simulés sur un modèle numérique. Les chercheurs peuvent donc facilement tester leurs algorithmes sur ces modèles, et comparer les résultats avec ceux des autres techniques. La plateforme ouverte fournit également une méthode d'évaluation en ligne où les reconstructions peuvent être téléversées. La qualité des résultats peut ainsi être

évaluée de manière beaucoup plus objective. De plus, les résultats quantitatifs des différents algorithmes sont disponibles à tous en guise de comparaison. *CAVAREV* offre plusieurs avantages, notamment celui d'être entièrement gratuit, et d'être disponible publiquement.

Une récente étude permet également d'offrir des résultats et une analyse quantifiable en lien avec une technique de reconstruction 3D+t complètement automatique (Neubauer *et coll.*, 2010). Les reconstructions sont effectuées hors ligne à l'aide de plusieurs techniques de la littérature, notamment celle proposée par Hansis *et coll.* (2008), qui consiste en un algorithme automatique itératif avec compensation de mouvement qui fonctionne avec des données clairsemées. L'évaluation effectuée est autant qualitative que quantitative, ajoutant ainsi de la rigueur à la méthode. Au niveau qualitatif, les données ont été présentées à deux cardiologues interventionnels qui devaient répondre à un formulaire qui comportait des questions booléennes et des questions de comparaison. L'analyse quantitative a quant à elle été faite à l'aide d'un outil semi-automatique, qui calcule entre autres le pourcentage de réduction et de superposition des vaisseaux. La recherche conclut que malgré leur succès, les reconstructions 3D et 3D+t ne devraient pas remplacer les séquences angiographiques 2D, mais seulement servir d'outil complémentaire à celles-ci.

1.6 Optimisation non linéaire

Les méthodes de reconstructions 3D+t permettent de reconstruire une vue à chaque instant t de la séquence de données. Par contre, ces reconstructions ne permettent pas d'avoir une évolution temporelle fluide. Comme aucune méthode de reconstruction n'est parfaite, les artères reconstruites ont de légères différences d'un instant t à un autre. On obtient donc un manque de réalisme lors de l'observation de l'évolution temporelle. Pour mitiger l'impact des erreurs de reconstruction, il est nécessaire d'effectuer un recalage des modèles 3D reconstruits à l'aide d'une transformation affine. On peut ainsi déformer un modèle à un instant t pour l'adapter aux modèles aux autres instants, ce qui assure une évolution temporelle fluide.

Comme le recalage courant est composé d'une transformation affine, une optimisation mathématique est nécessaire pour déterminer les paramètres optimaux de déformation du modèle. Le recalage étant d'un modèle 3D à un autre, on conserve la même complexité dimensionnelle, facilitant ainsi le travail de déformation. Aucune rétro projection des données dans un espace d'ordre inférieur ou supérieur n'est donc nécessaire, mitigeant ainsi le nombre de contraintes à optimiser. De plus, comme la transformation affine est composée d'une transformation linéaire suivie d'une translation, l'optimisation doit être de type non linéaire. Dans la littérature, un modèle cylindrique est également proposé pour modéliser des transformations affines pour du recalage d'images (Tanner *et coll.*, 2010). Les résultats sont obtenus en employant des mises à l'échelle et cisaillements cylindriques qui sont comparés avec les mêmes résultats provenant d'un modèle cartésien. Visuellement, les résultats avec le modèle cylindrique sont supérieures. L'inconvénient de cette étude est que l'évaluation est faite visuellement, et qu'aucune mesure quantitative n'est fournie.

Une des premières méthodes d'optimisation non linéaire proposée est celle du gradient conjugué (Hestenes et Stiefel, 1952). Cette méthode propose une analyse numérique et itérative qui converge en un nombre fini d'itérations. À l'aide de quelques vecteurs conjugués déterminés à l'initialisation, on peut utiliser la méthode de façon itérative sans devoir calculer chacune des directions conjuguées. Ceci permet de converger vers une solution rapidement, et ce, même pour les problèmes à grande dimension. Par contre, on doit fournir une estimation des dérivées directionnelles de manière analytique ou avec la méthode des différences finies. Comme l'algorithme calcule et itère pour optimiser les directions conjuguées, le stockage nécessaire est minime.

Une autre famille de méthodes d'optimisation non linéaire est celle des points intérieurs (Ye, 1999). Ce type d'optimisation facilite le travail en supposant une fonction de coût convexe. Ceci implique entre autres qu'on recherche un minimum ou maximum optimal. Ainsi, dans le cas où la méthode converge vers un extremum, la méthode détermine impérativement que celui-ci est optimal même si ce n'est pas le cas. Les problèmes d'optimisation convexes sont donc beaucoup plus rapides à résoudre, mais n'offrent possiblement pas une solution

optimale lorsque la convexité est supposée. De plus, l'algorithme garantit que le nombre d'itérations nécessaires à la convergence est d'ordre polynomial dans la dimension et la précision de la solution.

Un autre algorithme très employé est celui du gradient (Avriel, 2003), qui fait partie de la famille des algorithmes à direction de descente. Ce type de méthode est itérative et permet, si la fonction n'est pas quadratique convexe, de trouver un extremum local grâce à un pas dans la direction du gradient (pour minimiser, on utilise la direction négative du gradient, et pour maximiser, on emploie la direction positive). Malgré que la méthode soit très simple à implanter, elle est très lente et ne détermine pas l'extrémum global de la fonction à optimiser. De plus, les méthodes non différentiables peuvent difficilement appliquer des méthodes de gradient, ce qui limite son utilisation.

Les méthodes de Newton sont un autre type d'algorithme pour l'optimisation non linéaire. La méthode classique de Newton utilisée en optimisation est similaire à celle du gradient, mais elle utilise en plus l'information sur la courbure de la fonction pour converger plus rapidement vers un extremum local. En utilisant une série de Taylor de second ordre pour estimer les dérivées secondes partielles et leur matrice hessienne, on détermine le point stationnaire de la fonction différentiable qui correspond à un extremum local. Malgré la convergence rapide, cette méthode possède les mêmes problèmes que l'algorithme du gradient. Une amélioration à la méthode de Newton prend la forme de méthode quasi-Newton (Davidon, 1991). L'avantage principal est que la matrice hessienne n'est pas calculée, mais est plutôt estimée grâce à l'analyse successive des vecteurs gradients. Ainsi, la matrice hessienne n'a pas à être inversée en résolvant un système d'équations linéaires coûteux comme c'est le cas pour la méthode de Newton et la méthode des points intérieurs. Dans le cas des méthodes quasi-Newton, on génère habituellement un estimé de la matrice hessienne directement. L'implémentation la plus populaire d'une méthode quasi Newton est l'algorithme BFGS publié à la fois par Broyden, Fletcher, Goldfarb et Shanno (1970). Les implémentations de la méthode offrent l'avantage de converger beaucoup plus rapidement que les méthodes de gradient et de gradient conjugué. Par contre, le stockage nécessaire est

légèrement plus élevé puisque l'estimation de la matrice hessienne doit être stockée à chaque itération, contrairement aux quelques vecteurs de directions pour les méthodes de gradient.

1.7 Sommaire de la revue de la littérature

La revue de littérature courante a permis d'aborder les techniques usuelles proposées dans la littérature pour résoudre plusieurs problèmes reliés à la reconstruction des artères coronaires à partir d'une séquence angiographique. Entre autres ont été abordés les sujets de segmentation des artères, de reconstruction 3D, de compensation de mouvement cardiaque et respiratoire, et finalement d'optimisation non linéaire.

Au niveau de la segmentation, les méthodes les plus performantes sont celles qui utilisent une mesure de vascularité calculée grâce aux vecteurs et valeurs propres de la matrice hessienne comme le filtre de Frangi *et coll.* (1998). Par contre, ces méthodes ne segmentent pas uniquement les artères coronaires, mais également toute structure tubulaire présente dans l'image. C'est pourquoi on combine généralement ce filtre à d'autres algorithmes de prétraitement pour éliminer les éléments d'arrière-plan et de bruit. Par contre, le nombre de méthodes entièrement automatiques offrant un résultat qui segmente les artères de tout élément d'arrière-plan est minime. De plus, comme la segmentation est la première étape à effectuer avant la correspondance des images angiographiques, il est impératif de minimiser les erreurs pour ne pas les amplifier dans les étapes subséquentes.

La plupart des méthodes de reconstruction 3D sont semi-automatiques, nécessitant ainsi un apport manuel tel que l'algorithme des ciseaux intelligents (Mortensen et Barrett, 1995) pour apparier des branches coronaires. Les méthodes entièrement automatiques sont généralement plus exigeantes en temps de calcul et offrent des résultats de moindre qualité. On retrouve entre autres les méthodes qui emploient le suivi des branches coronaires 2D comme l'algorithme proposé par Mourgues *et coll.* (2001). Un problème majeur de ce type de méthode est la difficulté d'effectuer un suivi parfait lors de la présence de chevauchement. La seconde catégorie courante de méthodes de reconstruction est celle de correspondance point

par point avec minimisation d'énergie. Grâce à la géométrie projective, on peut déterminer rapidement les correspondances point par point d'une vue à l'autre d'une séquence rotationnelle comme le propose Blondel *et coll.* (2006). Malgré l'utilisation potentielle en contexte interventionnel, cette méthode offre des résultats mitigés lorsque des segments sont parallèles aux droites épipolaires. De plus, si des segments sont rapprochés dans les images 2D ou que la segmentation n'est pas parfaite, les points appariés peuvent contenir des discontinuités.

La compensation de mouvement est un problème relativement récent dans la littérature. La méthode reconnue pour offrir les meilleurs résultats est celle des champs de mouvement tel que le propose Shechter *et coll.* (2005). Par contre, le temps d'exécution est très élevé, limitant son utilisation en contexte interventionnel. Une alternative peu coûteuse en temps d'exécution est la modélisation du mouvement grâce à une fonction mathématique cyclique (Lujan *et coll.*, 1999). Par contre, les résultats sont généralement beaucoup moins précis parce que l'on doit supposer la cyclicité du mouvement.

Le recalage 3D/3D des modèles reconstruits est également un sujet peu abordé dans la littérature. Par contre, pour obtenir une fluidité temporelle, il est nécessaire de déformer un modèle 3D à l'aide d'une transformation affine non linéaire. Parmi les méthodes d'optimisation non linéaires, plusieurs grandes catégories sont couramment employées. Pour un problème d'extremum local avec une contrainte d'exécution en contexte interventionnel, les méthodes quasi Newton sont les plus propices puisqu'elles convergent en un nombre minimal d'itérations. Par contre, un stockage un peu plus élevé est nécessaire pour contenir les matrices hessiennes estimées à chaque itération.

Le tableau 1.1 présente les différentes méthodes de reconstruction 3D et 3D+t de la littérature. Elles sont classées par catégorie et sont également présentés les avantages et inconvénients de chacune. On remarque ainsi qu'aucune des méthodes présentées n'est à la fois robuste, automatique, et rapide d'exécution pour le contexte interventionnel.

Tableau 1.1 Résumé des principales méthodes de reconstruction 3D et 3D+t

| Méthode de reconstruction | Avantages et inconvénients |
|---|--|
| Ciseaux intelligents (Mortensen et Barrett, 1995) | + : Peu de vues sont nécessaires - : Sélection manuelle sur chaque image |
| Correspondance manuelle des bifurcations (Andriotis <i>et coll.</i> , 2008) | + : Peu de vues sont nécessaires - : Sélection manuelle sur chaque image - : Dépendant de la segmentation |
| Arbres hiérarchiques (Chen et Carroll, 2000) (Sun <i>et coll.</i> , 1994) (Movassaghi <i>et coll.</i> , 2004) | + : Résultats robustes + : Peu de vues sont nécessaires - : Sélection manuelle sur chaque image - : Mauvais résultat dès qu'une bifurcation est mal identifiée en début d'arbre |
| Contours actifs (Kass <i>et coll.</i> , 1988) (Zheng <i>et coll.</i> , 2010) | + : Résultats robustes - : Initialisation manuelle du contour - : Les intensités des artères doivent être similaires |
| Suivi 2D des artères (Mourgues <i>et coll.</i> , 2001) | + : Résultats robustes - : Difficile d'identifier des bons points de suivi - : Nécessite une longue séquence - : Problèmes lors du chevauchement des artères |
| Minimisation d'énergie et géométrie épipolaire (Blondel <i>et coll.</i> , 2006) | + : Résultats robustes + : Temps d'exécution faible + : Méthode automatique - : Sensible mouvement respiratoire et cardiaque - : Nécessite une excellente segmentation |
| Cône projectif (Feldkamp, 1984) (Habert <i>et coll.</i> , 2012) (Schafer <i>et coll.</i> , 2006) | + : Résultats robustes + : Méthode automatique - : Sensible au mouvement respiratoire et cardiaque - : Temps d'exécution élevé |

Tableau 1.1 Résumé des principales méthodes de reconstruction 3D et 3D+t (suite)

| | |
|---|--|
| Reconstruction itérative pour objets clairsemés <i>(Li et coll., 2004) (Hansis et coll., 2008)</i> | +: Méthode automatique +: Insensible au mouvement respiratoire et cardiaque -: Temps d'exécution élevé |
| Géométrie épipolaire à contrainte douce <i>(Triggs et coll., 2000)</i> | +: Méthode automatique +: Temps d'exécution faible +: Insensible au mouvement respiratoire et cardiaque -: Résultats non représentatifs de la réalité |
| Champs de mouvement <i>(Blondel et coll., 2004) (Shechter et coll., 2005) (Holub et coll., 2011) (Rohkohl et coll., 2009)</i> | +: Résultats robustes +: Méthode automatique +: Insensible au mouvement respiratoire et cardiaque -: Temps d'exécution élevé |

CHAPITRE 2

MÉTHODOLOGIE

Ce chapitre décrit la méthodologie développée pour l'algorithme de reconstruction 3D+t proposé. Cet algorithme permet d'offrir une modélisation tridimensionnelle qui évolue dans le temps des artères coronaires d'un patient à partir d'une séquence d'images angiographiques acquises en mode rotationnel. Pour ce faire, une méthode de segmentation multi-échelles par classification est employée, suivie d'une compensation de mouvement cardio-respiratoire ainsi qu'une reconstruction des points par appariement avec contraintes géométriques. Finalement, une technique de recalage 3D/3D est utilisée pour capturer le mouvement cardiorespiratoire lors de la séquence rotationnelle à partir des points reconstruits. La figure 2.1 présente les différentes étapes de la méthode proposée.

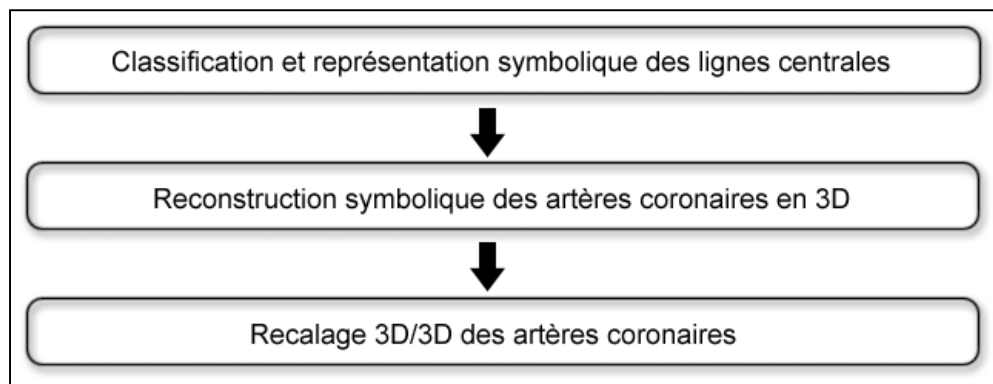


Figure 2.1 Différentes étapes de la méthode proposée.

D'abord est abordé l'algorithme de segmentation des artères coronaires par classification. Comme la méthode de reconstruction subséquente utilise les résultats de cette étape, il est essentiel d'obtenir une segmentation quasi idéale pour éviter d'incorporer des erreurs dues au bruit et aux artéfacts d'arrière-plan dans les résultats finaux. De plus, le temps d'exécution doit être minimal pour permettre l'utilisation de la méthode dans un contexte interventionnel. C'est dans cette optique qu'un algorithme de segmentation par matrice hessienne est utilisé, complété d'une classification par SVM (Cortes et Vapnik, 1995). La classification par

SVM permet de filtrer les résultats de la segmentation par matrice hessienne pour en améliorer les résultats. Concrètement, on y retire des structures tubulaires non coronaires détectées tout en améliorant la définition des artères. Suite à cette étape, on complète la segmentation avec une analyse des composants connectés qui élimine les segments isolés et de petite taille. Pour pallier au problème de détection des intersections de la segmentation par matrice hessienne, des opérations morphologiques de dilatation et d'érosion permettent de combler certaines des brèches situées au croisement des segments d'artères (Serra, 1982). De plus, un algorithme de liaison directionnelle permet de compléter certains des croisements restants. Un algorithme d'amincissement topologique (Jain, 1989) permet par la suite d'extraire les lignes centrales des artères coronaires. On obtient donc une extraction du squelette coronaire qui sert de donnée initiale à l'étape de compensation de mouvement et de reconstruction.

Les images angiographiques rotationnelles n'étant pas acquises de façon synchronisée, on y retrouve un décalage d'une image à l'autre. Ce mouvement est dû en premier lieu au mouvement cardiaque. Comme le cœur est en battement constant et qu'il est impossible de l'interrompre lors de l'acquisition, les contractions et dilatations lors du passage de la systole à la diastole causent un mouvement non négligeable. Pour mitiger l'impact de ce mouvement, l'information du signal ECG est utilisée. Ce signal permet de déterminer le pourcentage de la phase cardiaque d'une vue angiographique, et est géré lors de l'acquisition. Il suffit donc de sélectionner les vues de la séquence rotationnelle qui se trouvent au même pourcentage du signal ECG et de faire la reconstruction à partir de celles-ci. L'impact du mouvement cardiaque est ainsi limité puisqu'il est le même d'une vue à l'autre. Le second décalage observé est dû au mouvement respiratoire. Lors de l'acquisition d'une séquence rotationnelle sur un patient qui respire, le mouvement de la cage thoracique engendre un mouvement du cœur dans les images angiographiques. Ce mouvement peut être modélisé par une fonction cyclique dans l'axe cranio-caudal (Lujan *et coll.*, 1999), parallèle à la colonne vertébrale. En résolvant l'équation du mouvement de translation du cœur, on détermine le décalage estimé pour chacune des vues de la séquence. À l'aide du décalage estimé, on peut compenser les mouvements pour ainsi déplacer les artères à leur endroit supposé.

La dernière étape consiste en la reconstruction 3D+t des artères coronaires. Pour ce faire, on utilise un algorithme d'appariement géométrique basé sur la géométrie épipolaire (Faugeras, 1993). Ceci permet de faire correspondre des points d'une vue 2D à ceux d'une autre vue 2D du même objet 3D. On peut ainsi calculer les points 3D de l'objet, en utilisant la géométrie projective et les images 2D comme information à priori. Une adaptation de l'algorithme de reconstruction 3D proposé par Blondel *et coll.* (2006) est employée pour permettre un appariement géométrique des intersections et des branches coronaires provenant de la squelettisation. Elle permet d'utiliser la géométrie épipolaire à l'aide de plus de 2 vues, ajoutant de la robustesse et réduisant la probabilité des mauvais appariements de points. En premier lieu on effectue un appariement des intersections grâce à une fonction d'énergie qui comprend des métriques de distance par rapport aux intersections des autres vues au même instant du signal ECG. On utilise un algorithme de programmation dynamique de type glouton (Cormen *et coll.*, 2001) pour appairer les intersections avec les résultats obtenus. L'utilisation d'une contrainte de distance très stricte permet d'éliminer les cas incertains et de garder uniquement les correspondances à haute vraisemblance. À partir des intersections appariées, on effectue une correspondance entre les différentes branches du squelette coronaire. Des contraintes géométriques de parcours de graphe permettent d'utiliser l'information provenant des intersections appariées pour reconstruire des branches complètes sans avoir recours aux droites épipolaires. Finalement, la méthode proposée par Blondel *et coll.* (2006) est employée pour reconstruire les points qui n'ont pas été appariés par les techniques précédentes. On utilise une fonction d'énergie qui prend en considération la mesure de vascularité du filtre hessien de segmentation ainsi qu'une mesure géométrique de proximité des pixels pour déterminer la correspondance idéale pour chaque point de l'image de référence. Un algorithme de programmation dynamique permet de déterminer les correspondances optimales pour chaque pixel d'une branche entière. Pour reconstruire un modèle 3D, on utilise les informations des contours pour déterminer la droite normale en chaque point pour en évaluer le diamètre. On peut ainsi reconstruire une ellipse en chaque point pour obtenir une surface 3D qui représente les artères. On termine finalement avec un recalage 3D/3D grâce à une technique d'optimisation non-linéaire pour améliorer la fluidité de la reconstruction complète 3D+t. La technique BFGS (Broyden, 1970) est employée pour

sa convergence en peu d'itérations et son approche quasi-Newton qui diminue le risque de terminer dans un extremum local.

2.1 Segmentation des artères coronaires par classification

Le premier défi à relever pour obtenir une reconstruction 3D+t des artères coronaires est d'effectuer la segmentation à partir des vues angiographiques. L'extraction des artères doit être la plus fidèle possible pour éviter d'insérer des faux positifs à l'étape de reconstruction. C'est pourquoi une méthode de segmentation des artères coronaires par classification multi-échelles a été développée.

2.1.1 Filtre hessien multi-échelles de vascularité

La première étape de la segmentation consiste à appliquer un filtre hessien de vascularité sur les vues angiographiques. Ces filtres permettent d'offrir une mesure de vascularité normalisée pour chaque pixel de l'image, pour ainsi en indiquer la probabilité d'appartenir à une artère coronaire. Concrètement, on utilise le filtre proposé par Frangi *et coll.* (1997) pour extraire les structures tubulaires des images et obtenir une segmentation initiale des angiographies. Le filtre se base sur les valeurs propres de la matrice hessienne, et permet de déterminer une mesure de vascularité quantitative pour chaque pixel (*Voir ANNEXE I*). Les valeurs normalisées V obtenues pour chaque pixel indiquent la probabilité qu'il appartienne à une structure tubulaire. Par contre, les images angiographiques contiennent souvent en arrière-plan des structures tubulaires autres que des artères. Le filtre hessien multi-échelles n'est donc pas suffisant pour segmenter les artères à lui seul.

2.1.2 Séparation des images en régions

À partir du résultat du filtre précédent, on cherche à éliminer le bruit inhérent dans l'image. Comme on exprime la méthode développée comme un problème de classification et de reconnaissance de formes sur une image, on doit identifier l'unité à classifier. Chaque pixel

pourrait à priori être employé pour déterminer s'il appartient à une artère ou non. Par contre, le temps de calcul pour classifier chaque pixel pourrait ne pas permettre l'utilisation en contexte interventionnel. On généralise donc en séparant l'image en régions carrées de 2^n par 2^n pixels. La taille des régions doit être une puissance de 2 pour pouvoir se réduire et s'agrandir par un facteur de 2 sans scinder des pixels avec l'approche multi-échelles. La figure suivante démontre la séparation d'une image en régions de taille 2^n par 2^n ainsi qu'en régions de taille $2^{(n-1)}$ par $2^{(n-1)}$ et $2^{(n-2)}$ par $2^{(n-2)}$.

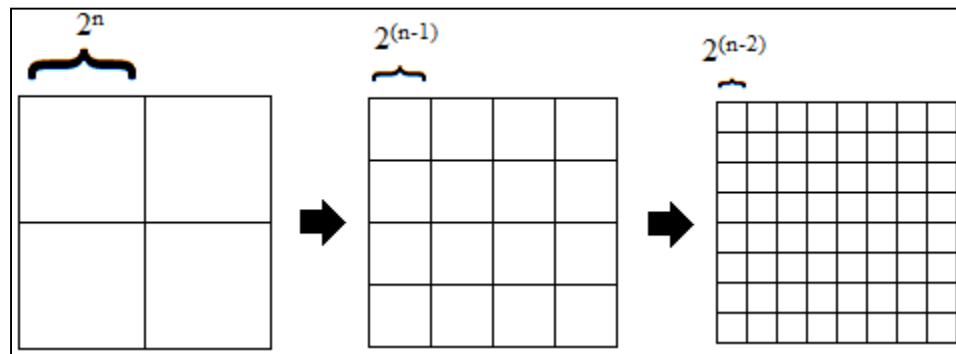


Figure 2.2 Séparation d'une image en régions d'échelles diverses.

On remarque que les régions les plus petites s'imbriquent parfaitement dans celles de l'échelle supérieure, et ainsi de suite. Cette propriété est essentielle pour l'utilisation de l'algorithme multi-échelles. Une taille initiale de régions doit également être sélectionnée. Typiquement, comme le filtre hessien contient des zones tubulaires de tailles limitées et bien définies, on peut limiter la taille maximale des régions à une valeur. On souhaite qu'environ 2 régions couvrent le diamètre de l'artère la plus large.

2.1.3 Sélection des caractéristiques par la méthode de profil

Pour permettre la classification des régions, il faut d'abord les représenter avec un vecteur de caractéristiques. Cette méthode est inspirée de la reconnaissance de caractères, et s'applique bien aux régions d'images qui sont d'une forme distincte. La méthode de profil (Trier *et coll.*, 1996) est donc employée pour caractériser chaque région sous forme de vecteur numérique à

partir de l'image binarisée avec un seuil de 0,5. La figure suivante démontre le fonctionnement de la méthode de profilage des contours.

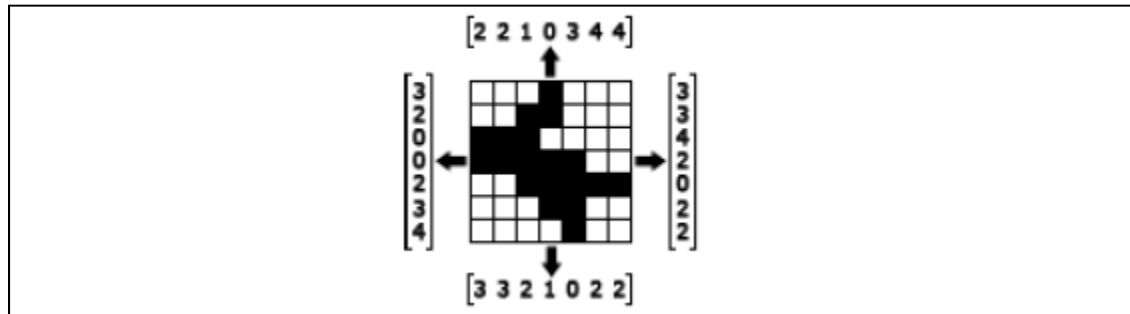


Figure 2.3 Sélection de caractéristiques par profilage des contours.

Comme on le démontre dans la figure, l'algorithme compte de façon linéaire le nombre de pixels entre le côté de l'image et le contour de l'objet. Ce calcul est répété pour chaque pixel de chacun des 4 côtés de l'image. On obtient donc un vecteur qui modélise chacun des quatre contours de la région. En concaténant les vecteurs des 4 côtés, on obtient le vecteur final des caractéristiques. Dans la figure précédente, la région est de taille 7 par 7, ce qui indique que le vecteur final contient $7*4 = 28$ caractéristiques. Comme on le remarque, on passe de n^2 à $4*n$ caractéristiques. On réduit le nombre d'un facteur de $0,5*n$, ce qui améliore grandement le temps d'entraînement et de classification, tout en conservant l'information générale de l'objet contenu dans la région.

L'avantage principal de cette méthode est qu'au lieu d'employer tous les pixels intégraux des régions binarisées, on réduit le nombre de caractéristiques sans perdre d'information sur la forme de l'objet. Par contre, la méthode a une faiblesse notable dépendant de la forme intrinsèque du contenu de la région. Effectivement, si l'objet possède des espaces vides avec un contour fermé, la méthode de profil ne peut le modéliser adéquatement. Par contre, dû à la forme tubulaire des artères coronaires, le nombre de zones internes vides est minimisé. De plus, la méthode est très sensible à la rotation, mais l'utilisation d'un grand nombre de régions par image en minimise l'impact (*Voir ANNEXE III*). Le nombre de caractéristiques est d'autant plus réduit grâce à une analyse en composantes principales (Pearson, 1901). Cet

algorithme permet d'éliminer les caractéristiques qui représentent la plus faible variance entre les données en changeant le système d'axe. La réduction du nombre de dimensions permet également de mitiger l'impact du fléau de la dimension (Bellman, 1961). L'analyse en composantes principales réduit généralement le nombre de caractéristiques d'au moins 60% pour la méthode de profil, avec un pourcentage de variance supérieur à 99%.

2.1.4 SVM et optimisation des paramètres

La méthode de classification utilisée est celle des séparateurs à vase marge (SVM) (Cortes et Vapnik, 1995). SVM est une méthode d'apprentissage supervisé de type binaire, ce qui la rend idéale pour le problème courant de classification de vaisseau. Effectivement, le problème courant consiste en la classification d'une région pour déterminer si elle appartient à une artère ou non. Le système possède donc deux classes. De plus, son usage s'est avéré très utile dans plusieurs problèmes d'imagerie médicale traitant des artères coronaires. Même si sa phase d'apprentissage est très exigeante en temps d'exécution, la phase de test est plus efficace que d'autres méthodes d'apprentissage supervisé tel que k-NN (Cover et Hart, 1967). La méthode offre également de meilleurs résultats que les autres dans les problèmes à deux classes. L'objectif principal de cette méthode de classification est de déterminer la frontière optimale qui sépare les données d'apprentissage des deux classes distinctes du problème actuel. La frontière est déterminée en résolvant un problème d'optimisation quadratique qui maximise la marge séparatrice.

L'apprentissage se fait donc en deux passes. Pour la première phase de l'entraînement, on doit séparer la base de données d'apprentissage en deux. On utilise donc le deux tiers (2/3) des images pour entraîner le SVM, et le reste (1/3) pour les tests. On effectue ainsi plusieurs évaluations avec des valeurs différentes des paramètres pour obtenir les valeurs optimales localement selon un algorithme glouton et la métrique du taux d'erreur. Lorsque les valeurs de ces paramètres sont déterminées, on effectue un apprentissage du SVM avec la totalité de la base d'entraînement, ce qui identifie les coefficients optimaux offrant une marge séparatrice la plus grande. Lorsque le système est entraîné, il suffit d'évaluer l'équation de

sortie du SVM, et le signe du résultat indique à laquelle des deux classes appartient l'échantillon.

2.1.5 Génération des données d'entraînement

Les caractéristiques des images angiographiques sont utilisées pour la classification entre les pixels appartenant à une artère coronaire versus les pixels appartenant à l'arrière-plan. Des données d'apprentissage sont alors nécessaires pour entraîner le modèle. Pour générer ces données, les images sont manuellement segmentées pour l'optimisation des paramètres du modèle de classification SVM.

Pour générer les segmentations manuelles, le filtre hessien multi-échelles est d'abord appliqué pour détecter les artères coronaires. Ce filtre produit des réponses à toute structure curvilinéaire correspondante aux échelles considérées qui risquent de fausser les résultats de la classification (Fig. 2.5). Un traitement manuel est effectué pour retirer ces réponses indésirables à l'aide d'un logiciel de traitement de l'image. Dans l'image résultante, une région comportant au moins un pixel avec une intensité supérieure à 50% est classifiée comme une artère.

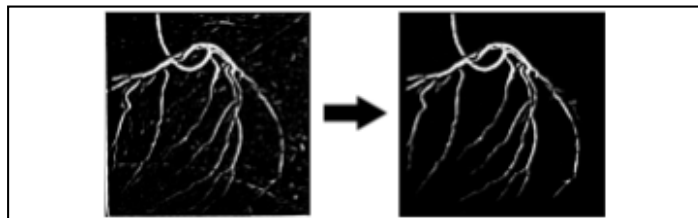


Figure 2.4 Segmentation manuelle d'une image filtrée.

Comme l'ensemble doit être représentatif de toutes les images angiographiques, on sélectionne la base d'apprentissage au hasard parmi toutes les images. Le nombre d'images que l'on sélectionne est évalué de manière expérimentale grâce à un seuil. On sélectionne donc une image filtrée de manière aléatoire, puis elle est divisée en régions. Si le nombre total des régions appartenant à une artère ne dépasse pas un seuil défini, on sélectionne une

seconde image de manière aléatoire. On effectue le même traitement jusqu'à ce que la condition de sortie soit atteinte. Les images sélectionnées sont ensuite retirées de l'ensemble, pour éviter de biaiser l'évaluation de la performance. Comme le nombre de régions contenant des artères est grandement inférieur (généralement entre 3 à 5 fois plus petit), c'est ce critère qui détermine l'arrêt de la sélection des données d'entraînement. De plus, le nombre 4000 a été déterminé expérimentalement en évaluant divers résultats de segmentation avec un nombre d'images d'apprentissage variable de taille 512^2 pixels. Il constitue le compromis idéal entre le temps d'exécution et la qualité des résultats. Le nombre d'images qui correspond à cette quantité de régions est variable selon la taille des images et la taille initiale des régions déterminée précédemment.

2.1.6 Méthode multi-échelles par composants connectés

La classification précédente permet de déterminer la classe à laquelle appartient chaque région grossière de taille 2^n par 2^n pixels. Par contre, on remarque que la taille choisie des régions est très grande par rapport aux artères, ce qui signifie qu'on obtient uniquement une segmentation grossière et très générale de l'image. Par exemple, la classification des grandes régions pourrait offrir un résultat qui ressemble à ce que l'on retrouve dans l'image suivante.



Figure 2.5 Classification préliminaire avec régions de 2^n par 2^n pixels.

Les résultats sont donc très grossiers et contiennent du crénelage. Par contre, l'image résultante a éliminé la grande majorité des artefacts d'arrière-plan. En contrepartie, il est possible d'observer les résultats en utilisant des régions de taille minimale 2^n par 2^n , où $n=1$.

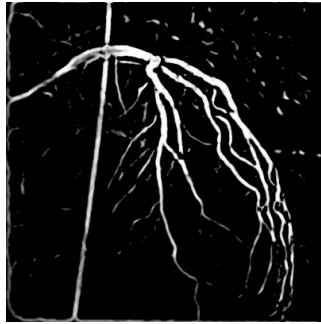


Figure 2.6 Classification préliminaire avec régions de 2^1 par 2^1 pixels.

Cette fois-ci, la définition des artères est presque parfaite, mais on remarque une grande quantité de bruit non retiré. On souhaite donc offrir l'excellente définition des artères obtenue avec les régions de taille minimale, jumelée au retrait du bruit obtenu avec les régions de taille maximale. Une méthode multi-échelles est donc proposée pour amalgamer les avantages des différentes tailles de régions sans en inclure les inconvénients.

D'abord, on divise les images de l'ensemble de test en régions de tailles inférieures, toujours des puissances de 2. Les différentes échelles utilisées sont celles présentées dans l'équation qui suit.

$$2^{n-m} \quad \text{où } m \in \{0,1,2, \dots, n-1\} \quad (2.1)$$

Pour une utilisation potentielle en contexte interventionnel, le nombre de régions à classifier doit être limité. Il est donc impossible de classifier chaque image entière à toutes les échelles. La méthode développée utilise donc une approche par composants connectés. Dans les résultats préliminaires avec l'échelle 2^n par 2^n , on souhaite raffiner les résultats autour des composants connectés identifiés comme étant des artères. Ainsi, en raffinant uniquement les résultats près des composants connectés, on diminue grandement le nombre de régions à classifier, ce qui améliore le temps d'exécution. De plus, la classification de ces régions avec des échelles inférieures permet d'améliorer la définition des artères pour réduire le crénelage.

En évitant de classifier à nouveau les régions éloignées des composants connectés, on évite d'inclure du bruit et des artefacts d'arrière-plan déjà éliminés.

L'approche est d'abord appliquée de manière additive. On reclassifie les régions adjacentes et externes au contour des composants connectés de manière récursive avec les échelles inférieures, avec le même modèle SVM. L'addition de nouvelles régions composées d'artères réduit grandement le crénelage. Pour éliminer les parties des régions qui ne sont pas des artères, on utilise également une approche soustractive. La classification est appliquée à nouveau sur les régions adjacentes et internes au contour du composant connecté de manière récursive avec les échelles inférieures (Fig. 2.8).

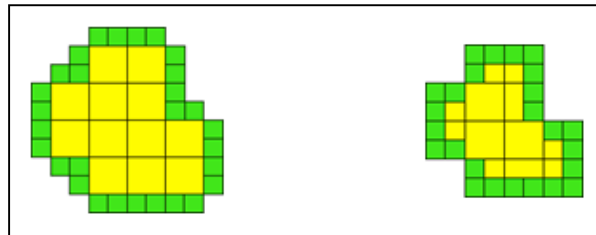


Figure 2.7 a) Méthode multi-échelles additive. b) Méthode multi-échelles soustractive.

Pour résumer l'approche de classification multi-échelles, le SVM est d'abord entraîné grâce à l'ensemble d'apprentissage constitué de régions de taille 2^n par 2^n pixels. On classifie ensuite de façon préliminaire les régions 2^n par 2^n des images de test. Ensuite, pour chaque échelle de $2^{(n-m)}$ à 2^1 , on reclassifie les contours intérieurs et extérieurs aux composants connectés identifiés comme étant des artères à l'échelle supérieure. En sortie, on reconstitue les images angiographiques grâce aux régions identifiées comme étant des artères. Les images contiennent ainsi une bonne définition des artères sans contenir une grande quantité de bruit, ce qui est essentiel pour l'étape de reconstruction 3D+t. Les détails de la méthode sont présentées dans la publication située en annexe (*Voir ANNEXE III*).

2.1.7 Prétraitements

Avant d'effectuer la reconstruction, on applique certains traitements sur les images angiographiques segmentées. Ces différents algorithmes permettent de combler quelques lacunes omises par la segmentation. De plus, la reconstruction 3D+t nécessite les données des artères segmentées, ainsi qu'une représentation du squelette coronaire.

En premier lieu, une analyse des composants connectés est appliquée pour éliminer le bruit dans le résultat de la segmentation selon deux critères. Le premier est un seuillage hystérésis qui permet d'éliminer les composants connectés selon l'intensité des pixels qu'ils contiennent. Un seuil minimum stipule que les intensités de tous les pixels d'un composant connecté doivent être supérieures à une valeur prédéterminée. Dans le cas du filtre de segmentation par matrice hessienne, on initialise la valeur du seuil minimum à 80%. Le haut seuil permet quant à lui de conserver les composants qui contiennent au moins un pixel dont l'intensité est supérieure à une valeur. Pour l'application courante, la valeur de ce seuil est de 90%. Ainsi, chaque composant connecté doit contenir uniquement des pixels avec une intensité supérieure à 80%, et au moins un de ces pixels doit avoir une intensité supérieure à 90%. Le deuxième critère consiste à éliminer les composants connectés dont la superficie est inférieure à une certaine valeur. La valeur sélectionnée est de 25 pixels. Comme certaines artères sont très petites, on utilise une valeur très basse pour éviter d'éliminer des branches coronaires de façon erronée.

Le second prétraitement consiste en deux filtres morphologiques, soit la dilatation et l'érosion, qui permettent de combler les trous dans la segmentation initiale. La dilatation permet de graduellement élargir les frontières des composants connectés grâce à un élément structurel B_x en forme de disque.

$$\partial_B(X) = \{x \mid B_x \cup X \neq 0\} \quad (2.2)$$

Ainsi, l'opérateur est défini comme étant l'union de l'image X avec l'élément structurel à chaque point x . Quant à elle, l'érosion permet de diminuer les frontières d'une image grâce à un élément structurel B_x de forme définie.

$$\epsilon_B (X) = \{x | B_x \subset X\} \quad (2.3)$$

On applique successivement l'opérateur de dilatation suivi de celui d'érosion à l'aide d'un élément structuel en forme de disque de rayon 2.

Comme l'approche de reconstruction 3D+t nécessite une segmentation des artères ainsi qu'une représentation des lignes centrales, on utilise également un algorithme d'amincissement topologique (Palagyi *et coll.*, 2001). On utilise le principe (8,4) pour transposer la méthode aux images 2D. Ce principe indique qu'un point blanc qui possède 8 voisins en est un de bordure si 4 d'entre eux sont noirs. La topologie des formes est conservée grâce au traitement des quatre directions de manière parallèle. L'avantage premier de cette méthode de squelettisation par rapport aux autres est qu'elle est adaptée au problème des structures tubulaires. En effet, l'amincissement topologique a comme propriété d'éliminer les bordures en s'assurant de maintenir la topologie du composant connecté. Par contre, cette méthode peut occasionner des boucles dans une même le ligne centrale. Ce problème est évité en utilisant un masque pour éliminer les cycles. Finalement, on utilise un algorithme de jonction qui utilise la géométrie des lignes centrales et des composants connectés de la segmentation pour relier les segments qui devraient se toucher, mais qui ne sont pas juxtaposés malgré les opérateurs morphologiques précédents. Chaque segment des lignes centrales est prolongé selon sa tangente dans le résultat de segmentation multi-échelles. Si la ligne centrale croise une artère segmentée à une distance inférieure à N pixels, le prolongement est appliqué. La figure suivante présente une étape intermédiaire de la jonction de segments, où un segment est aminci avant d'être prolongé.



Figure 2.8 Algorithme de jonction de lignes.

Le seuil N est identifié comme étant 10 pixels. Cette valeur permet de combler les trous d'une taille maximale de 10 pixels, ce qui correspond environ à la taille moyenne des segments mal évalués aux intersections par le filtre hessien multi-échelles. Après avoir effectué ce traitement sur chacun des segments du squelette coronaire, on effectue une dilatation sur les nouvelles jonctions pour qu'elles soient de même diamètre que le composant connecté auquel elles appartiennent.

2.2 Reconstruction 3D+t des séquences rotationnelles

L'étape qui suit la segmentation est la reconstruction à proprement dite. Comme l'algorithme doit traiter des séquences rotationnelles complètes, le problème est de l'ordre du 3D. Le défi premier est donc de reconstruire les lignes centrales d'une structure 3D à partir d'images 2D. De plus, comme l'acquisition d'une séquence rotationnelle est en temps réel, on observe du décalage dû au mouvement cardiaque et respiratoire. Ceci ajoute donc une contrainte temporelle, d'où la nécessité d'une reconstruction 3D+t. Une multitude d'algorithmes sont nécessaires pour effectuer une correspondance idéale d'une vue à une autre pour ainsi obtenir un modèle tridimensionnel se rapprochant de plus possible de la réalité. Cette section traite ainsi des différentes approches pour en arriver à cette fin.

2.2.1 Géométrie épipolaire d'une séquence rotationnelle

Pour effectuer la correspondance tridimensionnelle entre les artères coronaires segmentées, les concepts de la géométrie épipolaire (Faugeras, 1993) sont employés. Pour effectuer les correspondances, la géométrie épipolaire nécessite les matrices de projection des différentes vues de la séquence angiographique. Comme ces matrices sont connues, la géométrie épipolaire est idéale pour cette étape. Cette sous-section aborde les concepts clés des correspondances entre les vues qui sont employés dans les sections subséquentes.

En premier lieu, le but de la géométrie épipolaire est de reconstruire des points 3D à partir de deux vues 2D. Ceci est possible grâce à la géométrie projective que l'on connaît par le

système d'acquisition des séquences. La figure suivante démontre de façon globale le fonctionnement de la géométrie épipolaire.

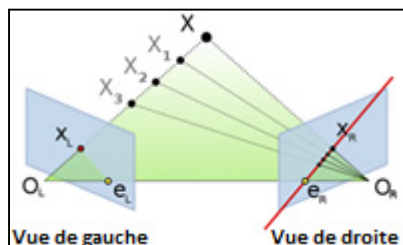


Figure 2.9 Géométrie épipolaire entre deux vues
adaptée de http://en.wikipedia.org/wiki/File:Epipolar_geometry.svg, libre de droits.

Les deux rectangles de la figure représentent deux vues du même objet tridimensionnel représenté par X . On remarque les centres de projection O_L et O_R qui correspondent généralement aux positions des caméras qui capturent la séquence. Si on trace une ligne imaginaire entre les deux centres, on retrouve les épipôles e_L et e_R . Ils correspondent aux points d'intersection entre la droite $O_L O_R$ et les plans des deux vues. Ces épipôles peuvent se situer hors des vues bornées par une hauteur et une largeur, mais jamais hors du plan image. Le plan qui regroupe les points X , O_L et O_R est le plan épipolaire et permet de déterminer les droites épipolaires que l'on peut voir en rouge dans la figure précédente. On comprend donc que les points x_L et x_R sont la projection du point 3D X sur deux vues à angle différent. Pour effectuer une correspondance, il suffit donc de sélectionner un point x_L dans la première vue 2D et de tracer la droite qui le lie au centre de projection O_L . On sait ainsi que le point 3D X doit se situer quelque part sur cette droite. On remarque que n'importe quel point de la droite pourrait être valide. Dans la figure, on remarque que les points X_1 , X_2 , et X_3 sont des exemples de points 3D potentiels. Pour déterminer la bonne correspondance, on projette la droite $O_L x_L$ dans la vue de droite, ce qui résulte en une droite épipolaire que l'on peut observer en rouge dans la figure. Il suffit donc de sélectionner un point sur la droite épipolaire pour obtenir la bonne correspondance en 3D. Les sous-sections suivantes expriment de façon mathématique le processus de correspondance de la géométrie épipolaire.

2.2.1.1 Matrice fondamentale

La matrice fondamentale est au centre de la géométrie épipolaire. C'est cette matrice qui permet de faire le lien entre les points 2D de la première image avec les droites épipolaires de la deuxième. Pour la déterminer, on doit d'abord calculer l'épipôle de la seconde vue à l'aide de l'équation suivante.

$$\tilde{e}_2 = \tilde{P}_2 \begin{bmatrix} -P_1^{-1} & \tilde{p}_1 \\ & 1 \end{bmatrix} \quad (2.4)$$

Dans l'équation, \tilde{P}_2 représente la matrice de projection de taille 3 par 4 de la deuxième image. P_1 est quant à elle la matrice 3 par 3 extraite de la matrice de projection de la première image, alors que \tilde{p}_1 est le vecteur de translation 3 par 1 également extraite de celle-ci. Au final, on obtient un vecteur de taille 3 par 1 qui contient les coordonnées en x, y et z de l'épipôle de la seconde vue. On doit ensuite calculer la matrice antisymétrique de cet épipôle.

$$\tilde{E}_2 = \begin{bmatrix} 0 & -z & y \\ z & 0 & -x \\ -y & x & 0 \end{bmatrix} \quad \text{où } \tilde{e}_2 = \begin{bmatrix} x \\ y \\ z \end{bmatrix} \quad (2.5)$$

Avec cette matrice antisymétrique, on effectue une dernière multiplication matricielle pour obtenir la matrice fondamentale qui lie les vues 1 et 2.

$$F = \tilde{E}_2 P_2 P_1^{-1} \quad (2.6)$$

La matrice fondamentale F permet ensuite de faire le lien entre les points 2D d'une vue et la droite épipolaire de l'autre vue.

2.2.1.2 Droites épipolaires et point 3D

Pour calculer la droite épipolaire, un point m_1 est sélectionné dans la première vue. On le représente sous forme de vecteur de dimension 3, en spécifiant la valeur 1 pour la profondeur Z. Le calcul d'une droite épipolaire de la seconde vue se fait grâce à l'équation suivante.

$$l_2 = F m_1 \quad (2.7)$$

La droite l_2 est un vecteur de dimension 3, et est sous la forme $ax+by+c = 0$. Les trois coefficients du vecteur correspondent ainsi à a, b et c. Pour faciliter le calcul entre un point et une droite, on normalise cette droite pour obtenir la relation $a^2+b^2 = 1$. Pour ce faire, on

divise les coefficients par la norme du vecteur $[a, b]$. Il est également intéressant de mentionner que l'on peut sélectionner un point dans la seconde image et obtenir la droite épipolaire de la première image grâce à la même matrice fondamentale. Il n'est donc pas nécessaire de la recalculer. Il suffit de remplacer la matrice fondamentale par sa transposée dans l'équation de la droite épipolaire présentée précédemment.

Le calcul du point 3D se fait en sélectionnant un point m_2 sur la droite épipolaire l_2 . Le point 3D est donc l'intersection des droites $O_L m_1$ et $O_L m_2$. On calcule d'abord les centres de projection.

$$\begin{aligned} O_2 &= -P_2^{-1} \tilde{p}_2 \\ O_1 &= -P_1^{-1} \tilde{p}_1 \end{aligned} \quad (2.8)$$

À partir de ces centres de projection, on détermine les droites $O_L m_1$ et $O_L m_2$ grâce aux équations paramétriques de celles-ci.

$$O_i m_i \begin{cases} x = O_{i_x} + (m_{i_x} - O_{i_x})t \\ y = O_{i_y} + (m_{i_y} - O_{i_y})t \\ z = O_{i_z} + (m_{i_z} - O_{i_z})t \end{cases} \quad \text{où } i \in \{1,2\} \quad (2.9)$$

Il suffit ensuite de calculer l'intersection en résolvant le système d'équations pour obtenir la valeur de t puis x , y et z qui correspond au point d'intersection.

2.2.2 Compensation du mouvement cardiaque

Comme l'algorithme utilise des données acquises en temps réel, on remarque un déplacement dû au mouvement cardiaque dans les différentes vues angiographiques. En effet, pendant l'acquisition d'une séquence rotationnelle, le cœur du patient continue de battre. Il faut donc modéliser ce mouvement pour mitiger son impact, sans quoi la correspondance des points dans les vues est impossible.

D'abord, la séquence angiographique contient plusieurs informations sur l'acquisition. Entre autres, on retrouve les différentes images acquises ainsi que le signal ECG. Le signal ECG permet d'identifier le pourcentage de la phase cardiaque auquel chaque vue se situe. Comme

la plupart des méthodes de la littérature emploient des champs de mouvement ainsi que des déformations élastiques très exigeantes en temps de traitement, on ne peut utiliser ces algorithmes en contexte interventionnel. On utilise donc le signal ECG pour synchroniser les vues.

Pour ce faire, on limite les vues utilisées lors d'une reconstruction à un temps t . On permet donc uniquement l'utilisation des vues qui se situent au même pourcentage du cycle cardiaque. La figure suivante démontre la sélection des vues selon un signal ECG typique.

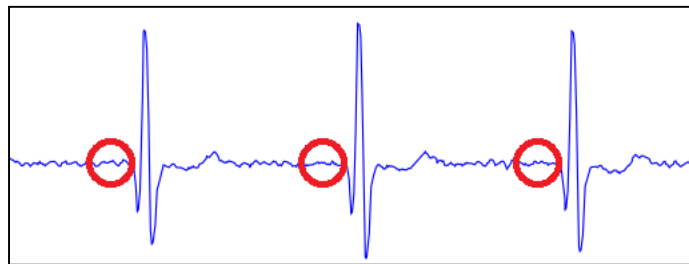


Figure 2.10 Sélection des vues dans le signal ECG.

Comme le signal ECG est cyclique, il suffit de sélectionner les vues au même instant du signal ECG. En effectuant plusieurs reconstructions à intervalle fixe du signal ECG, on obtient une animation complète 3D des artères coronaires durant la séquence. Aucune compensation n'est donc nécessaire, ce qui améliore le temps de traitement. Typiquement, dans une séquence de 130 vues, entre 6 à 8 d'entre elles sont au même pourcentage du cycle cardiaque. Comme les vues ne sont jamais au même pourcentage exact du cycle, on utilise les vues qui sont au même pourcentage $\pm 0,5\%$.

2.2.3 Compensation du mouvement respiratoire

En plus du mouvement cardiaque, le patient est généralement en constante respiration durant la séquence rotationnelle. Ceci provoque donc un second mouvement dans les différentes vues coronaires, qui est très différent du mouvement cardiaque. Dans ce cas-ci, le mouvement des artères est plutôt rigide parce qu'il y a très peu de compression et de

relaxation. D'ailleurs, on peut supposer le mouvement comme étant unidirectionnel dans l'axe cranio-caudal (Lewis et Jiang, 2009). Cette supposition permet de modéliser le mouvement comme étant une simple translation dans l'axe vertical des vues angiographiques.

Malgré que l'on connait le sens du mouvement respiratoire, il faut également le quantifier pour pouvoir le compenser adéquatement. Comme on sait le mouvement respiratoire quasi cyclique (Lujan *et coll.*, 1999), on peut le modéliser grâce à l'équation suivante.

$$r(t) = A * \cos\left(\frac{\pi * t}{\tau} + \varphi\right)^{2n} \quad (2.10)$$

Le mouvement respiratoire est ainsi modélisé selon une fonction cyclique qui dépend de plusieurs paramètres. D'abord, le paramètre φ correspond à la phase initiale, et est supposé à 0 dans ce cas-ci. Le paramètre τ est quant à lui la période du cycle respiratoire en secondes. Les paramètres sont tous connus, sauf l'amplitude A qui doit être déterminée. Pour ce faire, on calcule d'abord le centroïde de chaque image amincie par la méthode de squelettisation présentée précédemment. On utilise les images amincies pour mitiger l'impact du chevauchement des artères dans le calcul du centroïde. Il suffit donc de calculer la moyenne en x et en y de tous les pixels des branches coronaires de l'image. Pour déterminer l'amplitude A , on calcule la différence en y entre le centroïde le plus bas et le plus haut. Il devient ensuite facile de calculer le déplacement $r(t)$ estimé pour chaque vue. Le résultat de $r(t)$ indique donc le déplacement proposé pour chacune des vues. Il suffit donc de décaler chaque pixel de chaque vue selon l'équation suivante.

$$I'(t) = I(t) - r(t) \quad (2.11)$$

Pour chaque image au temps t $I(t)$ de la séquence, on soustrait donc le décalage estimé par $r(t)$ pour obtenir la position initiale représentée par l'image $I'(t)$. Les images obtenues sont celles qui sont employées pour le reste de la méthode de reconstruction 3D+t. On remarque également que la modélisation du mouvement respiratoire par une translation cyclique est très efficace en temps de calcul par rapport aux méthodes usuelles itératives par champs de mouvement.

2.2.4 Sélection des vues

La méthode de reconstruction étant basée sur les travaux de Blondel *et coll.* (2006), on doit d'abord effectuer une sélection des vues comme première étape. En effet, la méthode de reconstruction 3D+t de Blondel *et coll.* nécessite un minimum de trois vues, dont deux sont utilisées en guise d'image de référence et de comparaison. Les correspondances des points sont donc effectuées sur deux vues, et sont confirmées sur les vues restantes grâce à la géométrie projective.

D'abord, pour effectuer une reconstruction à un temps t , on doit sélectionner un minimum de trois vues. L'objectif est d'employer un maximum de vues pour des résultats plus robustes. Comme l'utilisation courante est avec des données rotationnelles, on peut utiliser un grand nombre de vues. De plus, plutôt qu'effectuer une reconstruction à un temps t , on l'effectue à un pourcentage p de la phase cardiaque. On sélectionne ainsi les 6 à 8 vues au même instant du signal ECG pour mitiger le mouvement inséré par les battements du cœur. La totalité de ces vues au même instant du signal est employée pour la reconstruction.

L'étape suivante est de déterminer laquelle de ces 6 à 8 vues est l'image de référence, et laquelle est celle de comparaison. La méthode proposée par Blondel *et coll.* effectue une sélection aléatoire parmi l'ensemble des vues à considérer. Par contre, cette approche peut mener à une reconstruction défailante dans certaines situations. D'abord, on remarque que dans certains angles d'acquisition, la projection dans l'image 2D occasionne du chevauchement des artères. On perd donc de l'information en passant du modèle 3D aux vues angiographiques 2D. Par exemple, si une droite dans l'espace 3D est parallèle à l'axe formé avec le centre projection, le résultat dans l'image projetée est un simple point. L'information sur la forme et la direction de l'objet est donc essentiellement perdue. Un des objectifs est donc de sélectionner des vues de référence et de comparaison qui contiennent le moins de chevauchement entre les artères. Pour ce faire, il faut déterminer de façon empirique une quantification du chevauchement pour chaque vue 2D. On peut qualifier le chevauchement d'une vue grâce à la quantité d'artères visibles dans celle-ci. La métrique employée est la

sommation du nombre de pixels blancs dans l'image segmentée, et correspond au premier critère de sélection des vues de référence et de comparaison.

Un autre problème potentiel survient lorsque deux vues très rapprochées ou très éloignées sont utilisées comme vues de référence et comparaison. Comme stipulé précédemment, la géométrie épipolaire est utilisée pour effectuer la correspondance d'une vue à l'autre. Lorsqu'on utilise deux vues avec un très faible écart angulaire, on se retrouve avec des droites épipolaires extrêmement sensibles. La figure suivante illustre le problème.

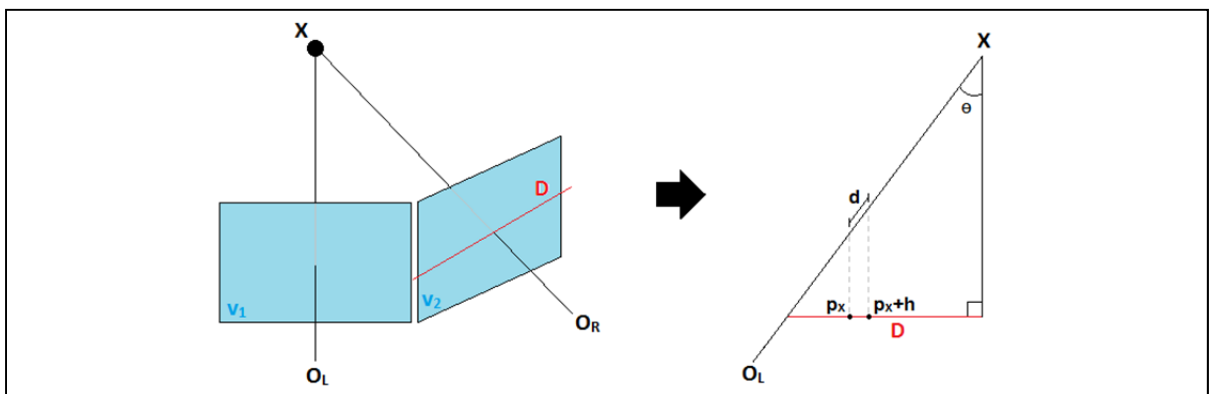


Figure 2.11 Triangle formé de la droite épipolaire est des axes $O_L X$ et $O_R X$.

L'image de droite de la figure précédente démontre le triangle formé par la droite épipolaire D et les axes qui relient l'objet 3D X aux centres de projection. Sur la droite épipolaire D , on remarque qu'un écart h sur la sélection du point sélectionné occasionne un écart beaucoup plus grand sur l'hypoténuse dans le cas où θ est trop petit ou trop grand. Grâce à la loi des sinus, on représente la distance d avec la relation suivante.

$$d = \frac{1}{\sin(\theta)} * h \quad (2.12)$$

On cherche donc à minimiser $1/\sin(\theta)$, ce qui équivaut au ratio d/h . Graphiquement, la fonction $1/\sin(\theta)$ est la suivante.

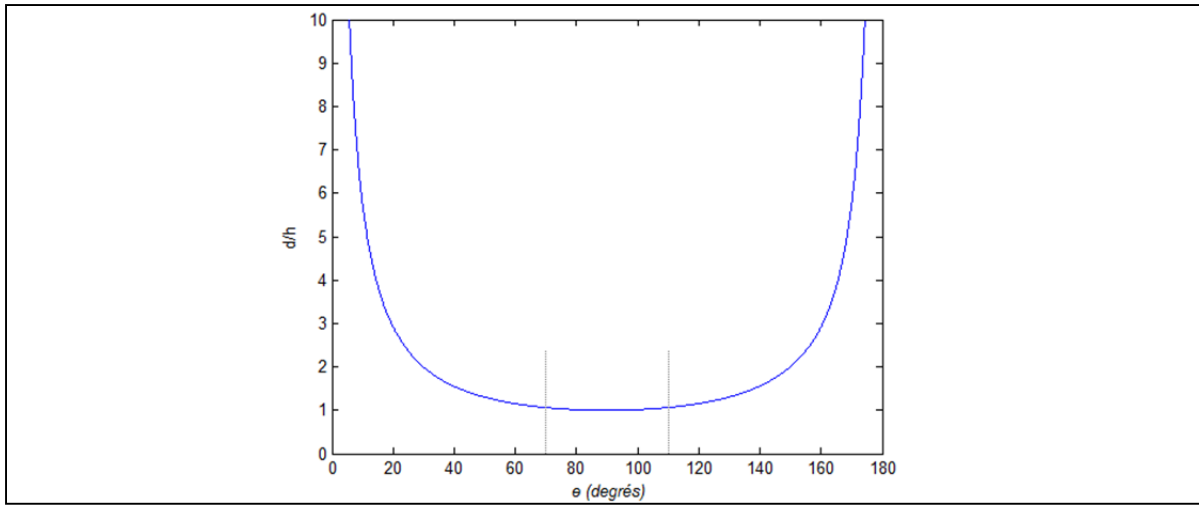


Figure 2.12 Graphique de la fonction $d/h = 1/\sin(\theta)$.

On remarque que le minimum absolu de la fonction se situe lorsque l'angle est à 90 degrés. On souhaite donc sélectionner deux vues avec un écart angulaire d'environ 90 degrés. Dans le cadre de cette recherche, on établit l'écart angulaire acceptable à 90 ± 20 degrés.

Le premier critère de sélection des vues est donc le chevauchement minimal des artères, et le second est l'écart angulaire entre 70 et 110 degrés. Pour déterminer la meilleure combinaison, on effectue une recherche exhaustive. Ainsi, pour chaque combinaison de deux vues possédant a un écart angulaire adéquat, on additionne le nombre de pixels blancs dans les deux images. Au final, on garde la combinaison de vues qui offre le plus faible nombre de pixels blancs. Malgré que la recherche soit exhaustive, le temps de calcul est très faible. Le nombre de combinaisons testées pour n vues est au maximum $n*(n-1)$, mais comme n est situé entre 6 et 8, on évalue un maximum de 56 combinaisons. Parmi les deux vues sélectionnées, la vue de référence est celle qui possède le moins de chevauchement, alors que la vue de comparaison est celle qui en possède le plus.

2.2.5 Correspondances des bifurcations

Après avoir déterminé l'ensemble des vues à utiliser pour une reconstruction à un instant p du signal ECG ainsi que lesquelles sont les vues de comparaison et référence, l'étape subséquente est d'effectuer la correspondance entre les bifurcations. Le but de cette étape est donc de faire correspondre les intersections dans la vue de référence à celles de la vue de comparaison. La méthode employée est une minimisation d'énergie similaire à celle proposée par Blondel *et coll.* (2006). Par contre, on bonifie la méthode en effectuant d'abord les correspondances des bifurcations pour permettre une correspondance des branches sans passer par une minimisation d'énergie. Cet apport à la méthode existante ajoute de la robustesse aux résultats et améliore le temps de traitement. De plus, on modifie l'équation d'énergie de Blondel *et coll.* pour utiliser un différent terme externe d'énergie qui correspond mieux au problème des bifurcations.

Il est d'abord essentiel de définir ce qu'est une bifurcation dans une image angiographique coronaire segmentée. On détermine donc qu'une bifurcation est une intersection des lignes centrales dans laquelle on retrouve exactement 3 branchements. Lorsque l'intersection possède 4 branchements, on détermine que c'est un chevauchement et non une bifurcation. Ceci permet donc d'éliminer plusieurs candidats potentiels qui pourraient fausser les résultats. Chaque pixel d'une ligne centrale possédant 3 pixels parmi ses 8 voisins est une bifurcation. Lorsque les bifurcations sont identifiées dans la vue de référence et de comparaison, on calcule une valeur d'énergie pour chaque combinaison. Établissons l'ensemble des bifurcations de l'image de référence comme étant b_R , alors que l'ensemble des bifurcations de l'image de comparaison est identifié par b_C , et l'ensemble des bifurcations d'une vue k au même instant du signal ECG est b_{Ak} . Pour chaque bifurcation de l'ensemble b_R , on trace la droite épipolaire équivalente dans la vue de comparaison et on détermine les correspondances. La figure qui suit présente cette étape. Les cercles rouges sur la droite épipolaire de l'image de comparaison sont les correspondances, tandis que les cercles verts sont les bifurcations. On définit l'ensemble des correspondances pour une bifurcation b_{Ri}

comme étant c_i . Il suffit ensuite de calculer l'énergie de chaque combinaison b_{Ri} et b_{Cj} et de déterminer celles qui sont valides grâce à un algorithme de programmation dynamique.

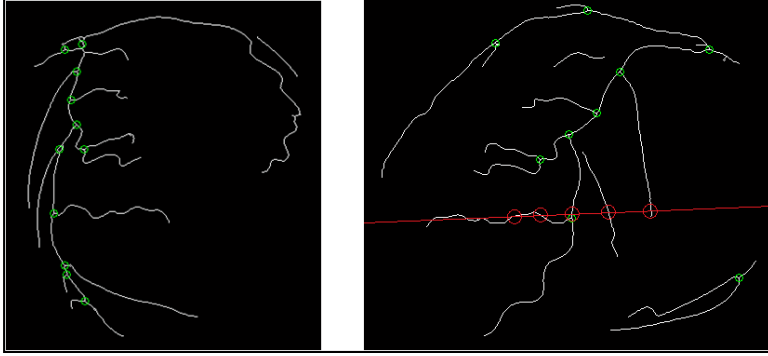


Figure 2.13 Droite épipolaire d'une bifurcation de l'ensemble b_R et ses correspondances.

D'abord, le premier terme de l'équation d'énergie est interne à l'image de comparaison. Pour chaque combinaison b_{Ri} et b_{Cj} , on calcule la distance minimale entre les intersections c_i et b_{Cj} . Il faut donc calculer la distance séparant chaque intersection c_{ir} avec b_{Cj} pour garder celle qui est minimale. L'équation suivante représente l'énergie interne de la combinaison b_{Ri} et b_{Cj} .

$$E_{1ij} = \min_r \text{dist}(c_{ir}, b_{Cj}) \quad (2.13)$$

Ce terme n'est par contre pas suffisant pour qualifier une bonne correspondance entre les intersections. On utilise donc un terme externe qui permet d'employer les autres vues qui se situent au même instant du signal ECG. Ainsi, toujours pour chaque combinaison b_{Ri} et b_{Cj} , on projette chaque intersection c_{ir} sur les autres vues. On calcule ensuite la distance la plus courte vers une des intersections de b_{Ak} . On somme les distances minimales pour chaque vue, et on divise par le nombre de vues n pour obtenir une moyenne. Bref, on souhaite trouver l'intersection c_{ir} qui, lorsque projetée sur les autres vues, offre une moyenne minimale de la distance vers l'intersection la plus près parmi l'ensemble b_{Ak} . L'équation suivante démontre le calcul de l'énergie externe de la combinaison b_{Ri} et b_{Cj} .

$$E_{2ij} = \min_r \frac{1}{n} \sum_k \min_s \text{dist}(c_{ir}, b_{Aks}) \quad (2.14)$$

On combine ensuite les deux termes d'énergie pour obtenir l'équation générale d'énergie pour la combinaison des bifurcations b_{Ri} et b_{Cj} . Il est important de mentionner que c_{ir} doit être le même dans les termes E_1 et E_2 . De plus, on utilise un paramètre de poids pour donner plus d'importance au terme d'énergie interne. L'équation globale d'énergie ressemble donc à ceci.

$$E_{ij} = \min_r(\alpha * \text{dist}(c_{ir}, b_{Cj})) + \frac{1}{n} \sum_k \min_s \text{dist}(c_{ir}, b_{Aks}) \quad (2.15)$$

Il suffit ainsi de trouver l'intersection c_{ir} qui offre une valeur d'énergie E_{ij} minimale pour la combinaison b_{Ri} et b_{Cj} . Pour ce faire, on calcule E_{ij} pour chaque c_{ir} , et on garde uniquement la valeur minimale. Il a été déterminé de façon expérimentale que le nombre d'intersections contenues dans l'ensemble c_i est d'en moyenne 5, ce qui ne cause pas de problème de temps de calcul. De plus, on doit spécifier une valeur au terme α pour donner plus d'importance à l'énergie interne. Il a également été déterminé empiriquement que la valeur optimale pour α est de 3. La méthode courante utilise donc cette valeur.

Les valeurs d'énergie pour toutes les combinaisons b_{Ri} et b_{Cj} sont stockées dans un tableau 2D, où l'un des axes représente les bifurcations de l'ensemble b_R , et l'autre axe représente les bifurcations de l'ensemble b_C . On se retrouve donc avec un tableau rempli de valeurs pour les combinaisons que l'on doit optimiser. Pour extraire les combinaisons valides, on utilise un algorithme de programmation dynamique à contrainte stricte. L'utilisation d'une contrainte stricte permet d'éliminer à priori tout résultat qui est même légèrement incertain. D'abord, l'algorithme sélectionne la valeur la plus petite dans le tableau. Comme son énergie est la plus petite, c'est cette combinaison qui a la plus forte chance d'être valide. On vérifie ensuite si cette valeur est la seule de sa rangée et de sa colonne qui est très petite. Si c'est le cas, on comprend donc qu'il est l'unique candidat possible pour b_{Ri} , et le seul candidat possible pour b_{Cj} . La correspondance est donc valide. Si la valeur d'énergie n'est pas la seule petite valeur de sa rangée ou de sa colonne, ceci indique qu'il y a plusieurs correspondances possibles pour b_{Ri} ou b_{Cj} . Comme on utilise une contrainte stricte, on ne peut donc pas prendre de décision dans ce cas-ci puisqu'il y a ambiguïté. On répète ensuite le même processus pour la seconde valeur minimale dans le tableau, et ainsi de suite. Le processus est stoppé lorsque toutes les

valeurs du tableau ont été traitées, ou que la nouvelle valeur à traiter est supérieure à un seuil. Deux valeurs de seuils doivent donc être initialisées avant l'exécution de l'algorithme.

Optimisation des énergies

Entrée: Tableau des énergies $E = \{1..m; 1..n\}$

Sortie: Liste des combinaisons d'intersections valides C

```

1    $C := \{\emptyset\}$ 
2    $i :=$  rangée de la valeur minimale de  $E$ 
3    $j :=$  colonne de la valeur minimale de  $E$ 
4   tant que  $E(i,j) < \beta$  faire
5        $r_i = E(i, 1..n);$ 
6        $c_j = E(1..m, j);$ 
7       si  $E(i,j) + \Delta e < r_i \cup c_j$  alors
8            $C := C \cup \{i, j\}$ 
9       fin
10       $i :=$  rangée de la prochaine valeur minimale de  $E$ 
11       $j :=$  c de la prochaine valeur minimale de  $E$ 
12  fin

```

D'abord, on retrouve le seuil β qui identifie la valeur minimale tolérée d'énergie. Si la valeur minimale du tableau est supérieure à cette valeur, l'exécution est terminée. Ce seuil dépend très fortement de taille des images angiographiques et du niveau de tolérance souhaité. Pour les données des séquences utilisées, il a été déterminé expérimentalement qu'une valeur de 40 pixels était optimale. Le second seuil est Δe , qui identifie l'écart minimal toléré pour les valeurs d'énergie de la même rangée et de la même colonne. Plus ce seuil est élevé, plus la sélection des correspondances est stricte. De la même manière que pour le seuil précédent, la valeur optimale déterminée expérimentalement pour les données actuelles est de 10. Le résultat final de l'exécution de cette optimisation est une liste des intersections qui correspondent dans l'image de référence et l'image de comparaison.

2.2.6 Correspondance des branches

Avec les correspondances trouvées entre les bifurcations de l'image de référence et celle de comparaison, il est maintenant possible d'effectuer des correspondances entre des branches

entières du squelette coronaire. Les correspondances des branches offrent deux avantages par rapport à la méthode proposée par Blondel *et coll.* D'abord, elle permet de reconstruire des segments entiers avec quasi-certitude, sans devoir employer une méthode de minimisation d'énergie par parcours de graphe. De plus, le jumelage des branches se fait grâce à des conditions prédéfinies et parcourues de façon linéaire, ce qui est beaucoup plus rapide que de l'optimisation mathématique. D'abord, il est nécessaire de définir ce qu'est une branche avant de procéder. Une branche est définie comme étant un segment du squelette coronaire qui ne contient que deux extrémités. Ainsi, une branche peut être de trois natures différentes dépendant de ses extrémités. D'abord, elle peut être de type isolé, ce qui implique que ses deux extrémités sont terminales. Ensuite, elle est de type connecté si ses deux extrémités sont des embranchements. Finalement, elle est mixte si une extrémité est terminale, et que la seconde est un embranchement. Les trois types sont identifiés dans la figure suivante.

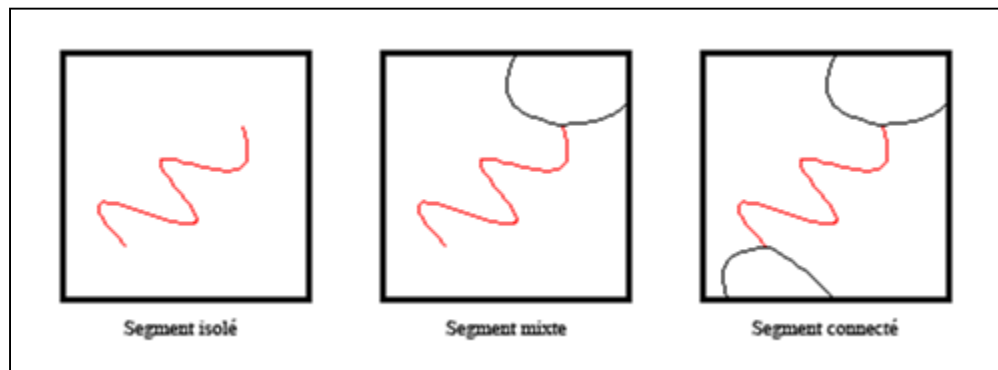


Figure 2.14 Différents types de segments.

Une bifurcation est ainsi le croisement de trois branches. L'objectif est donc de jumeler une ou plusieurs branches à partir d'une correspondance de bifurcations b_{Ri} et b_{Cj} . Plusieurs conditions sont utilisées pour faire la correspondance des branches, et elles sont ordonnées pour s'assurer que les correspondantes les plus évidentes soient traitées en premier. Les conditions sont uniquement géométriques, ce qui réduit le temps de traitement. On note s_R l'ensemble des branches de la bifurcation b_{Ri} et s_C l'ensemble des branches de b_{Ci} . De plus, on suppose que b_{Ri} et b_{Cj} sont des correspondances valides. La liste suivante présente les différentes conditions géométriques ordonnées et comment elles sont appliquées.

- 1) s_R et s_C contiennent une seule branche terminale chacun. Comme on sait que les bifurcations sont correspondantes, si un seul de leurs chemins est terminal, les branches sont nécessairement correspondantes également.
- 2) b_{Ri} et b_{Rp} sont liés par s_{Rm} , et b_{Cj} et b_{Cq} sont liés par s_{Rn} . Lorsqu'une seule branche relie deux bifurcations dans l'image de référence, et qu'une seule branche relie les bifurcations correspondantes dans l'image de comparaison, la branche est nécessairement la même dans les deux cas.
- 3) s_R et s_C contiennent le même nombre de branches terminales, on tente de les faire correspondre. Pour ce faire, on compare d'abord la position verticale des centroïdes des branches dans s_R entre elles, de même pour s_C . Si elles ne sont pas éloignées l'une de l'autre d'au moins β , la correspondance n'est pas possible. La valeur de β est variable selon les paramètres d'acquisition de la séquence angiographique. Pour les données courantes, la valeur est initialisée à 20 pixels. On utilise uniquement le centroïde vertical parce que l'acquisition d'une séquence rotationnelle résulte en des vues 2D qui tournent autour de cet axe. Il y a donc très peu de variations verticales lorsque le mouvement cardiaque et respiratoire est compensé. On compare ensuite les valeurs verticales des centroïdes des branches de la première vue à celles de la seconde vue. On veut que pour chaque valeur verticale des branches de s_R , une seule valeur corresponde dans s_C . La distance utilisée pour déterminer si une valeur correspond à une autre est β . Finalement, si chaque centroïde correspond à un seul dans l'autre image, la correspondance entre les branches est établie.
- 4) b_{Ri} et b_{Rp} sont liés par plusieurs branches, et b_{Cj} et b_{Cq} sont également liés par plusieurs branches. Dans le cas où une paire de bifurcations de b_R sont reliées par un chemin, on vérifie si les bifurcations correspondantes dans b_C sont reliées. Si c'est le cas, le segment total minimal est correspondant.
- 5) s_R et s_C contiennent une seule branche chacune qui n'a pas de correspondance. Finalement, lorsque toutes les branches sauf une ont une correspondance, on déduit que la dernière est équivalente dans les deux vues. On fait donc correspondre la branche résultante.

En appliquant ces différentes conditions géométriques, on peut reconstruire une certaine partie du squelette coronaire. Les correspondances des branches sont reconstruites grâce à la géométrie épipolaire. Comme la reconstruction est faite segment par segment, on retrouve un seul candidat possible dans la vue de comparaison pour chaque point du segment de la vue de référence. On remarque également que les bifurcations se situent généralement là où plusieurs branches sont rapprochées. En reconstruisant les branches de cette façon, on limite les erreurs d'incertitude reliées à la correspondance point par point qui offre plusieurs candidats potentiels lorsque les branches sont rapprochées.

2.2.7 Correspondance point par point

La dernière étape de la reconstruction du squelette coronaire est la correspondance point par point. Comme ce ne sont pas toutes les branches qui peuvent être appariées, une correspondance point par point pour les points restants est nécessaire. Pour cette dernière étape, on utilise la méthode proposée par Blondel *et coll.* (2006). Cette méthode permet de faire la correspondance de tous les points de la vue de référence à l'aide d'une minimisation d'énergie par programmation dynamique. Il est également important de noter que la méthode traite chacune des branches de la vue de référence, sans être une correspondance branche à branche. Chaque branche de la vue de référence est ainsi appariée à un groupe de points de la vue de comparaison, sans nécessairement faire partie de la même branche.

D'abord, pour chaque point d'une des branches restantes de la vue de référence, on établit les candidats potentiels Q dans la vue de comparaison à l'aide de la géométrie épipolaire. Ainsi, chaque point qui est situé au croisement de la droite épipolaire et du squelette coronaire est un candidat. L'objectif de la correspondance point par point est d'obtenir le candidat idéal selon plusieurs termes d'énergie. À la manière de la correspondance des bifurcations, on utilise donc une équation d'énergie qui comporte un terme externe et un terme interne.

D'abord, le terme externe permet déterminer si le candidat Q_j sélectionné est adéquat en se basant sur les vues au même instant du signal ECG autres que celles de référence et

comparaison. La première étape est donc de projeter Q_j sur les autres vues grâce à la géométrie épipolaire pour ainsi déterminer si le point est situé sur une artère pour la plupart des vues. La méthode proposée emploie le terme de vascularité obtenu par le filtre hessien multi-échelles pour quantifier ce terme. Ainsi, on utilise la vascularité normalisée entre 0 et 1 sur le point projeté. Un problème avec cette métrique est qu'elle peut uniquement être utilisée dans un contexte où le mouvement respiratoire et cardiaque est parfaitement compensé. Comme une compensation parfaite est impossible lors d'une acquisition en temps réel, le terme de vascularité n'est pas suffisant. On complète donc la méthode proposée par Blondel *et coll.* en ajoutant un terme de distance à celui de vascularité. La distance utilisée est celle entre le point projeté et l'artère la plus près. Elle est calculée grâce à une transformée de distance appliquée au préalable. Il est également important que le terme de distance soit moins important que celui de vascularité, car si le point projeté est situé directement sur une artère, il y a de très fortes chances que ce soit une bonne correspondance. Le terme d'énergie externe modifié est donc le suivant.

$$E_1 = \frac{1}{N} \sum_{n \in N} (R_n(Q_j) * \gamma + P(dist_n(Q_j)) * (\gamma - 1)) \quad \text{où } P(d) \begin{cases} 1 - \frac{d}{D_h}, & \text{si } d < D_h \\ 0, & \text{sinon} \end{cases} \quad (2.16)$$

On remarque d'abord que $P(d)$ permet de normaliser et inverser la distance pour qu'elle soit entre 0 et 1, où 0 indique la distance la plus loin. On doit ainsi initialiser le seuil D_h maximal. Dans le cas courant, on établit le seuil à 50 pixels. On initialise également le coefficient γ à 0,75 pour donner plus d'emphase au critère de vascularité R_n . Le résultat du terme externe E_1 est ainsi situé entre 0 et 1, et est mieux adapté au problème de compensation de mouvement cardiaque et respiratoire. Ainsi, un terme d'énergie externe est calculé pour chaque combinaison de point p_i de la première vue et ses candidats Q_j de la vue de comparaison.

Un terme d'énergie interne est ensuite nécessaire pour qualifier la structure géométrique des artères coronaires. Comme on traite à leur tour chacun des points d'une branche coronaire, on donne une métrique pour tenter de faire correspondre à une branche plutôt qu'un amas de points. Par contre, on doit permettre de sauter d'une branche à l'autre à cause du chevauchement des artères et de la segmentation qui n'est pas parfaite. Le critère en est un de distance et qualifie l'écart entre les candidats du point p_i et les candidats du point p_j . Le calcul

se fait donc entièrement dans la vue de comparaison. Supposons le point p_1 et le point p_2 qui sont voisins sur la branche de l'image de référence, et leur ensemble de candidats potentiels respectifs Q_1 et Q_2 . On définit le terme externe d'énergie comme étant une pénalité calculée en fonction de la distance entre Q_{1i} et Q_{2j} .

$$E_2 = P(\text{dist}(Q_{1i}, Q_{2j})) \quad \text{où } P(d) \begin{cases} 0, & \text{si } d \leq D_l \\ \frac{d - D_l}{D_h - D_l}, & \text{si } D_l < d < D_h \\ 1, & \text{sinon} \end{cases} \quad (2.17)$$

De la même façon que pour le terme d'énergie externe, on utilise des seuils pour normaliser la distance grâce à $P(d)$. Le seuil minimal D_l permet de ne pas pénaliser les distances très basses. Le seuil maximal D_h permet quant à lui de ne pas pénaliser des points Q_{1i} et Q_{2j} trop loins les uns des autres, parce qu'il pourrait y avoir une discontinuité dans la séquence de points de l'image de comparaison. Typiquement, l'auteur mentionne que ces valeurs sont initialisées à $D_l = 2$ pixels et $D_h = 50$ pixels pour une image 512 par 512.

Tel que présenté précédemment, le terme d'énergie externe est appliqué sur un candidat Q_i , alors que le terme d'énergie interne est calculé sur une paire de candidats Q_{1i} et Q_{2j} . Pour chaque combinaison Q_{1i} et Q_{2j} , l'équation générale d'énergie inclut donc le terme externe associé à Q_{1i} , ainsi que le terme externe associée à Q_{1i} et Q_{2j} .

$$E_{Q_{1i}Q_{2j}} = -E_1(Q_{1i}) + \alpha * E_2(Q_{1i}, Q_{2j}) \quad (2.18)$$

Le paramètre α permet de définir une pondération pour le paramètre d'énergie interne. Ce paramètre est typiquement initialisé à 0,5. On obtient donc une valeur d'énergie pour chaque combinaison Q_{ki} et $Q_{(k+1)j}$. Le problème d'optimisation peut donc se poser en tant que graphe. Chaque candidat dans Q_k possède un lien vers chacun des candidats de Q_{k+1} et ainsi de suite. Chaque niveau du graphe représente donc l'ensemble des candidats Q pour un point p_i . Chaque arête du graphe possède un poids, qui est déterminé par la fonction d'énergie E . Malgré que ce soit un problème d'assignation quadratique, la résolution est rapide parce que les nœuds possèdent uniquement des arêtes vers les nœuds du niveau suivant. Un exemple de graphe est démontré dans la figure suivante.

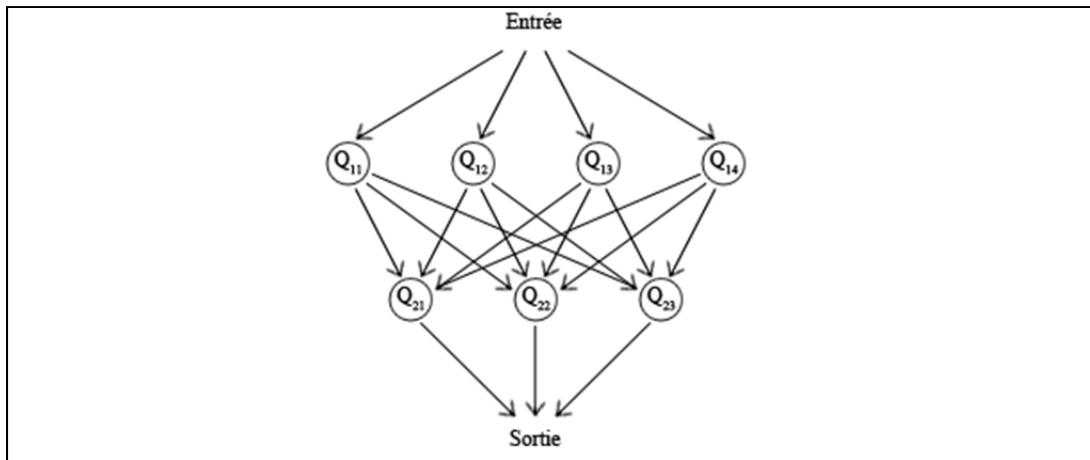


Figure 2.15 Graphe des correspondances entre les points.

Le premier niveau du graphe représente les candidats du point p_1 , alors que le second niveau représente les candidats du point p_2 . Dans cette situation, on suppose que la branche ne possède que deux points. Les arêtes sont orientées vers les candidats du point p_2 , et leur poids correspond au résultat de l'équation d'énergie E . Un niveau s'ajoute pour chacun des points de la branche dans l'image de référence. Les candidats potentiels des points consécutifs de l'image de référence sont également adjacents dans le graphe. On comprend ainsi que le graphe peut contenir un très grand nombre de niveaux, ce qui pourrait nuire à son temps de résolution. Par contre, comme les arêtes sont toutes orientées vers le niveau suivant, le chemin optimal peut être trouvé dans un temps très court. Le but est donc de trouver le chemin le plus court dans le graphe qui relie l'entrée et la sortie. Pour ce faire, on utilise un algorithme de programmation dynamique simple (Dijkstra, 1959). Pour chaque branche, on retrouve donc en sortie le candidat idéal dans la vue de comparaison pour chaque point de la vue de référence. On reconstruit ensuite les points grâce à la géométrie épipolaire, tel que vu précédemment. De plus, l'exécution de l'algorithme de correspondance point par point est effectuée pour chacune des branches jusqu'à ce qu'elles soient toutes reconstruites. Au final, tous les points de l'image de référence ont une correspondance dans l'image de comparaison et sont tous reconstruits.

2.2.8 Estimation des sections

Le résultat de la dernière étape offre une reconstruction 3D complète à un temps t pour le squelette coronaire. Pour obtenir une reconstruction complète, il s'agit maintenant d'estimer les sections de chacun des points pour pouvoir obtenir un modèle 3D. Comme les artères coronaires sont des structures tubulaires, on peut supposer leur contour comme étant elliptique. Certains paramètres sont donc nécessaires pour déterminer la section, soit la taille des deux rayons de l'ellipse en chaque point, ainsi que l'orientation de celle-ci.

Pour déterminer les rayons, on doit d'abord déterminer les droites tangentes à chaque point du squelette coronaire dans la vue de référence et la vue de comparaison. Pour ce faire, on utilise l'angle déterminé par le filtre de Frangi, et on identifie ensuite la droite normale à la tangente en multipliant la pente par $-0,5$. C'est à partir de cette normale que l'on détermine la taille du diamètre. Le but est donc de déterminer les points d'intersection entre la droite normale au point et les bordures de la segmentation binarisée. La distance entre les deux points constitue un des diamètres de l'ellipse. Par contre, comme la segmentation comporte à l'occasion des espaces vides aux bifurcations, on la complémente à l'aide d'un filtre de détection de contours (Canny, 1986) appliqué sur l'image angiographique originale. Ainsi, en effectuant l'union de la segmentation avec le filtre de détection de contours, la méthode permet de trouver les diamètres, même aux bifurcations.

En appliquant cette estimation des sections pour un point p_i et sa correspondance Q_i dans l'image de comparaison, on détermine les deux diamètres d_1 et d_2 de l'ellipse qui représentent la section. Comme les deux vues sont à 90 ± 20 degrés d'écart et que les deux rayons d'une ellipse sont à 90 degrés de distance, on peut donc supposer que les deux diamètres déterminés peuvent être utilisés à cette fin.

Pour déterminer l'orientation de l'ellipse, on utilise encore une fois les différences finies avant, mais dans l'arbre coronaire 3D. Ainsi, en calculant le gradient en un point de l'arbre

coronaire 3D, on peut déterminer l'orientation de la droite tangente pour ainsi orienter l'ellipse à modéliser grâce aux rotations selon les trois axes.

2.2.9 Recalage 3D/3D

Avec plusieurs reconstructions 3D+t pour une même séquence, on obtient une reconstruction qui évolue dans le temps. Par contre, comme les reconstructions sont faites de façon indépendante, on observe un manque de fluidité lors de la transition d'une reconstruction à une autre. Ceci est causé par certains segments d'artères qui ne sont pas reconstruits de façon idéale dans certaines vues. Pour pallier à ce manque de fluidité, on utilise un recalage 3D/3D afin d'utiliser le même modèle déformé pour chaque reconstruction. De cette façon, on déforme un modèle 3D à un temps t pour le mettre en correspondance de manière optimale avec un modèle reconstruit à un temps $t+i$. On utilise donc toujours le même modèle de référence que l'on déforme pour s'adapter aux autres reconstructions. Pour permettre ceci, on doit d'abord définir les transformations nécessaires pour déformer le modèle, et ensuite définir une méthode d'optimisation qui permet d'obtenir des paramètres de transformation optimaux.

2.2.9.1 Transformation rigide et affine

Avant d'effectuer le recalage 3D/3D, on doit définir la transformation qui permet de déformer un modèle. D'abord, on remarque qu'il y a une composante rigide dans la transformation des artères coronaires lors d'un battement cardiaque et du mouvement respiratoire. En particulier, lors du mouvement respiratoire, il a été démontré ci-haut que le décalage peut être modélisé selon une translation selon un axe particulier. De plus, comme le cœur se déplace, on observe également une légère rotation selon les trois axes. On peut ainsi modéliser la transformation rigide grâce à 6 paramètres, soit 3 pour la translation, et 3 pour la rotation.

Par contre, on remarque que la transformation rigide n'est pas suffisante pour modéliser le mouvement des artères. En effet, comme le myocarde est un tissu musculaire, il est élastique

et déformable. Lors d'un battement du cœur, les artères sont donc déformées de façon élastique à cause de la contraction cardiaque. Il faut ainsi ajouter une composante affine à la transformation pour modéliser adéquatement le mouvement. D'abord, il y a rétrécissement et agrandissement lors de la transition entre systole et diastole, ce qui implique un changement d'échelle. De plus, il y a un cisaillement selon les trois axes qui doit être modélisé. Le changement d'échelle est représenté par 3 paramètres, et le cisaillement par 6 paramètres.

Pour représenter la transformation rigide et affine dans une matrice, on utilise les coordonnées homogènes selon les axes x , y et z . En combinant les paramètres de la transformation rigide et affine, on obtient un total de 12 paramètres qui peuvent être représentés par la matrice suivante.

$$M = \begin{bmatrix} C_1 & C_2 & C_3 & T_x \\ C_4 & C_5 & C_6 & T_y \\ C_7 & C_8 & C_9 & T_z \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (2.19)$$

On obtient donc 9 coefficients C et 3 coefficients de translation. Il suffit de multiplier la matrice M par le point 3D p pour obtenir le point transformé p' . Le but de la méthode de recalage est donc d'obtenir les coefficients optimaux de la matrice M pour que la transformation d'un modèle 3D se rapproche le plus possible d'un modèle au temps t .

2.2.9.2 Optimisation des paramètres de transformation

Pour déterminer la transformation M optimale, on applique une méthode d'optimisation non linéaire itérative pour obtenir un extremum local. La méthode BFGS (Feldkamp, 1984) est employée parce qu'elle permet d'obtenir une solution locale dans un temps qui permet l'utilisation en contexte interventionnel.

L'idée première de la méthode est d'obtenir une estimation de la matrice hessienne grâce à une approximation de la dérivée seconde inversée de la fonction à minimiser. La fonction à minimiser est celle qui quantifie la qualité des paramètres. Dans ce cas-ci, comme on

recherche une transformation optimale, on définit la fonction à minimiser comme étant la suivante.

$$f(p, p') = \frac{1}{n} \sum_{i \in n} \min(\text{dist}(p_i, p')) \quad (2.20)$$

La métrique représente donc la moyenne de distance entre une branche p_i et la branche la plus près dans l'ensemble p' , selon la distance euclidienne. Une contrainte d'unicité est imposée pour éviter que toutes les branches convergent vers la même. Les positions des branches p' sont calculées après chaque itération grâce aux nouveaux paramètres de la matrice M .

À partir d'une approximation initiale des paramètres x_0 et d'une estimation B_0 de la matrice hessienne (initialisée à I), on calcule d'abord une direction p_k en résolvant l'équation suivante.

$$B_k p_k = -\nabla f(x_k) \quad (2.21)$$

Pour déterminer le gradient, on fournit une estimation de la dérivée première grâce à la différence finie avant. On effectue ensuite une recherche linéaire pour obtenir la taille du pas optimal α_k et on met à jour $x_{k+1} = x_k + \alpha_k p_k$. On détermine finalement l'estimation B_{k+1} avec les équations suivantes.

$$\begin{aligned} y_k &= \nabla f(x_{k+1}) - \nabla f(x_k) \\ B_{k+1} &= \nabla f(x_{k+1}) - \nabla f(x_k) \end{aligned} \quad (2.22)$$

Ces étapes sont répétées de façon itérative jusqu'à convergence de B . La convergence est observée grâce à la norme du gradient de $f(x_k)$. Grâce à cette approximation de la matrice hessienne, on obtient les 12 paramètres de la matrice M dans le vecteur x qui représente une estimation se rapprochant de la solution optimale.

Parmi l'ensemble des reconstructions R , Il suffit donc de définir une reconstruction de référence à un temps t R_t , et de calculer une matrice M pour chaque combinaison du modèle R_t avec les autres modèles de l'ensemble R . Ainsi, pour chaque pourcentage de la phase cardiaque, on obtient une nouvelle reconstruction grâce à une même reconstruction de base recalée permettant ainsi une meilleure fluidité temporelle.

2.3 Validation de la technique proposée

La section courante permet d'introduire les résultats en présentant les différents plans d'expérience et les données utilisées pour ceux-ci. On propose donc les données utilisées, les métriques, ainsi que les expériences.

2.3.1 Ensembles de données

Plusieurs ensembles de données sont employés pour valider les algorithmes proposés dans la méthodologie. On utilise d'abord des séquences biplans complètes qui contiennent des données réelles en contexte interventionnel pour valider la segmentation. Un agent de contraste est employé pour identifier les artères coronaires lors de l'acquisition angiographique.

Pour valider l'approche proposée, un fantôme radiologique provenant de la plateforme *CAVAREV* (Rohkohl *et coll.*, 2010) est utilisé. Cette plateforme contient deux séquences complètes d'angiographie rotationnelle simulées à partir d'un fantôme virtuel (XCAT). Un fantôme radiologique (ou virtuel) contient des données complètement simulées qui sont très similaires à la réalité, permettant ainsi l'évaluation et la validation des approches. La première séquence contient uniquement du mouvement cardiaque, alors que la seconde contient le mouvement cardiaque et respiratoire. L'utilisation des deux ensembles permet de pouvoir comparer de manière quantitative la qualité de la compensation de mouvement et des reconstructions. De plus, les séquences possèdent un total de 133 images chacune, ce qui permet un plus grand ensemble de résultats pour la validation.

Enfin, on utilise également les reconstructions de référence reconstruites manuellement grâce à un outil manuel de reconstruction des points à l'aide de deux vues. Dans les deux vues, les branches qui correspondent sont identifiées manuellement puis reconstruites, pour obtenir des modèles de référence. Il suffit ainsi de comparer la reconstruction automatique avec le modèle de référence reconstruit manuellement pour déterminer la qualité des

résultats. En plus des reconstructions de référence, on possède également des segmentations de référence pour valider cette partie de l'étude.

2.3.2 Métriques de validation

La quantification des résultats est un problème de taille dans le domaine de l'imagerie médicale. Il est donc nécessaire d'établir des métriques de base qui sont quantifiables pour obtenir une bonne validation. On utilise donc plusieurs métriques différentes dans les diverses étapes de la méthodologie pour s'assurer d'avoir une validation adéquate.

D'abord, pour la méthode de segmentation multi-échelles par régions, on utilise le pourcentage des régions mal classifiées pour quantifier les résultats. L'utilisation de cette métrique permet de comparer les résultats selon plusieurs échelles différentes. Une échelle correspond à une taille spécifique de région. Pour la compensation du mouvement respiratoire, on propose deux métriques de qualité pour identifier la robustesse de la solution. D'abord, on utilise la distance moyenne en 2D des angiographies décalées. Ainsi, on cherche à minimiser le décalage entre l'angiographie sans mouvement respiratoire et l'angiographie avec mouvement respiratoire post-compensation.

Pour évaluer la reconstruction 3D+t, on utilise en premier lieu la distance moyenne en 3D des voxels de la reconstruction automatique avec la reconstruction manuelle de référence. Ensuite, on évalue l'erreur 2D grâce à la distance des pixels appariés entre la vue de référence et la vue de comparaison. De plus, on utilise également deux métriques proposées par *CAVAREV* pour comparer les résultats de la méthode avec ceux des autres méthodes de la littérature. La première métrique s'applique à une reconstruction 3D, et la seconde à une reconstruction 3D+t. On établit d'abord une mesure de qualité formelle qui est employée dans les deux métriques.

$$Q_i(f) = dsc(f_i^{vasc}, f) \quad (2.23)$$

Dans l'équation, f_i^{vasc} correspond à une seule reconstruction du volume de référence fournit par *CAVAREV*. La métrique de qualité dsc est le coefficient de similarité *Dice* (Baeza-Yates et Ribeiro-Neto, 1999).

$$dsc(f_1, f_2) = 2 \frac{|f_1 \cap f_2|}{|f_1| + |f_2|} \quad (2.24)$$

Ainsi, pour une reconstruction f , la métrique de qualité par rapport à la reconstruction de référence f_i^{vasc} est définie grâce au coefficient *Dice*. Ce coefficient détermine le chevauchement entre les pixels reconstruits par la méthode et ceux du modèle de référence. Lorsqu'il y a chevauchement, le résultat est positif, alors que le résultat est négatif lorsqu'un pixel n'est pas intersecté par un autre pixel. Tel que mentionné plus tôt, la première métrique de qualité, Q_{3D} , représente la qualité d'une simple reconstruction. Pour la calculer, on évalue Q_i pour toutes les valeurs de i et on garde celle qui offre un coefficient maximal. La reconstruction est donc comparée à toutes les reconstructions de référence pour déterminer le coefficient *Dice* maximal. C'est ce coefficient qui correspond à Q_{3D} .

La seconde métrique, Q_{4D} , permet quant à elle de définir la qualité pour une reconstruction 3D+t. En somme, on calcule Q_{3D} pour chacune des reconstructions et on en calcule la moyenne. Cette valeur est ainsi la moyenne du coefficient *Dice* maximal pour chacune des reconstructions. L'équation de Q_{4D} est donc la suivante.

$$Q_{4D}(f_1, \dots, f_M) = \frac{1}{N} \sum_{i \in N} \max_{m \in M} Q_i(f_m) \quad (2.25)$$

De plus, comme l'utilisation dans un contexte interventionnel est l'un des objectifs premiers de l'étude, le temps d'exécution est également une métrique observée. Cette métrique est calculée pour chacune des étapes de la méthodologie pour s'assurer qu'aucun goulot d'étranglement n'est présent dans un algorithme.

2.3.3 Plans d'expérience

On définit dans cette sous-section les différents plans d'expérience pour réaliser la validation et le calcul des résultats des différents algorithmes. Pour la segmentation multi-échelles, on

évalue la méthode grâce à toutes les données de la séquence biplan ainsi que toutes les vues de la séquence rotationnelle de *CAVAREV*. De cette façon, on teste la méthode sur plus de 200 vues séparées en régions. Comme la région est l'unité de comparaison, la quantité de vues est suffisante pour obtenir un nombre suffisant d'échantillons à classifier. Par exemple, avec une image de 960^2 pixels et des régions de 16^2 pixels, on obtient un total de 3600 régions. De plus, comme on emploie également la séquence de *CAVAREV*, on s'assure de la capacité de généralisation de l'algorithme puisque l'acquisition est faite de façon différente. Les paramètres d'acquisition étant différents, le contraste et l'intensité des angiographies sont différents. L'évaluation de la méthode avec plusieurs ensembles de données permet donc de confirmer ces variations n'impactent pas les résultats de manière significative.

La compensation de mouvement respiratoire est testée à l'aide des deux ensembles de données du fantôme coronaire *CAVAREV*. Comme on possède un ensemble avec mouvement et l'autre sans mouvement, la métrique de qualité calculée est objective puisqu'il y a aucune reconstruction manuelle à effectuer. La robustesse des résultats est ainsi assurée.

Pour évaluer la reconstruction 3D+t, plusieurs expériences différentes sont effectuées. D'abord, on effectue des reconstructions sur l'ensemble des données de *CAVAREV* sans mouvement et on compare sur les modèles de référence fournis. Ceci permet d'évaluer l'approche en isolant la méthode de reconstruction sans avoir d'erreurs potentiellement ajoutées par la compensation de mouvement. On effectue ensuite les mêmes reconstructions avec l'ensemble de données avec mouvement respiratoire, permettant ainsi d'évaluer d'une part si les résultats sont efficaces puis d'autre part de déterminer si la compensation de mouvement est adéquate. En plus des modèles 3D, on évalue également la qualité des correspondances 2D des pixels entre la vue de référence et la vue de comparaison. La méthode de reconstruction détermine la correspondance optimale pour chaque pixel, que l'on compare avec la vraie correspondance identifiée manuellement. En résulte ainsi une distance d'erreur pour chaque pixel apparié. On évalue ces distances dans les ensembles de données avec et sans mouvement respiratoire.

CHAPITRE 3

RÉSULTATS ET DISCUSSION

Le chapitre courant propose les différents résultats obtenus pour les diverses étapes de la méthodologie présentée précédemment. La segmentation multi-échelles est d'abord abordée en présentant les résultats numériques ainsi que les images résultantes selon les métriques identifiées dans la section précédente. Ensuite sont proposés les résultats pour la méthode de compensation de mouvement respiratoire utilisée. Grâce aux données de la plateforme *CAVAREV*, les résultats obtenus sont comparés avec les données initiales sans mouvement. Finalement sont abordés les résultats 2D et 3D de la méthode de reconstruction. Sont également proposés les résultats de la méthode de reconstruction avec les données sans mouvement respiratoire en guise de comparaison. De plus, le modèle 3D obtenu est présenté et comparé avec celui de référence reconstruit manuellement.

3.1 Segmentation multi-échelles par classification de régions

Les deux figures 3.1 et 3.2 présentent les résultats numériques de la segmentation multi-échelles. Tel que mentionné précédemment, on compare les taux d'erreur de classification des régions d'une image grâce aux différentes échelles utilisées. De plus, on identifie le temps de classification complète de toutes les régions de l'image. Les résultats sont présentés selon deux ensembles de données, soit les séquences biplans et les images rotationnelles simulées par le fantôme *CAVAREV*. Il est également important de mentionner que l'entraînement du SVM est réalisé à l'aide des données des séquences biplans. On utilise 50 images de taille 512 par 512 pixels sélectionnées de façon aléatoire (qui ne sont pas utilisées en test) parmi les douze séquences biplans que l'on divise en régions de taille 16 par 16 pour entraîner le SVM. Le temps d'entraînement moyen pour ces régions est de 71,12 secondes.

D'abord, on remarque que le temps d'entraînement est relativement élevé. Comme les paramètres de la marge du SVM (C et α) doivent être optimisés de manière itérative, il est normal que le temps d'entraînement total soit long. De plus, comme on utilise un total de 50

images 512 par 512 divisées en régions de 16 pixels par 16 pixels, on doit entraîner le système avec un total de 51200 régions d'entraînement, ce qui est très élevé. Par contre, tel que mentionné dans la méthodologie, l'entraînement du SVM est effectué une seule fois, et le même SVM entraîné est employé pour évaluer les données d'évaluation. On entraîne donc le SVM avec les régions de 16 par 16, et on peut évaluer les régions de toute taille grâce à une mise à l'échelle. De plus, il est uniquement nécessaire d'entraîner à nouveau le SVM si les modalités d'acquisition sont modifiées pour adapter l'intensité et le contraste des images angiographiques. Dans un contexte interventionnel, il n'est donc généralement pas nécessaire d'entraîner à nouveau le système de segmentation.

Au niveau des résultats quantitatifs de la segmentation, la figure 3.1 démontre la grande amélioration des résultats lorsque plusieurs échelles sont employées. Avec les régions de l'échelle 16 (régions de 16 pixels par 16 pixels), on obtient un pourcentage de régions mal classifiées moyen de 14,64% pour les images biplans. Le taux d'erreur est donc très élevé à cause de l'évaluation très grossière des artères à cette échelle. En combinant le résultat de cette échelle avec ceux de l'échelle inférieure (région de 8 pixels par 8 pixels), le taux de régions mal classifiées est réduit à 8,78%. On applique donc itérativement les échelles inférieures pour obtenir un taux d'erreur moyen optimal de 2,23%. L'inconvénient principal de cette approche est que le temps de classification est proportionnellement inverse au taux d'erreur. Ainsi, on passe d'un temps de traitement de 1,84 secondes pour l'échelle 16, pour terminer avec un temps de 12,41 secondes avec la méthode multi-échelles. Comme ce temps de traitement est pour la classification d'une image complète avec une implémentation *Matlab* non optimisée, l'utilisation est réalisable dans un contexte interventionnel. Par contre, l'utilisation devient plus laborieuse lorsqu'on traite de longues séquences angiographiques.

Dans les figures 3.1 et 3.2, on présente également les résultats de la classification SVM sur le fantôme rotationnel *CAVAREV*. Les résultats montrent un taux d'erreur de classification supérieur aux résultats de la séquence biplan. On peut expliquer ce comportement grâce à deux facteurs. D'abord, le système est entraîné uniquement avec des séquences biplans acquises grâce à un même appareil. Il est donc normal d'observer un accroissement du taux

d'erreur parce que les modalités d'acquisition sont différentes pour le fantôme radiologique. Ensuite, une différence notable est observée dans l'intensité et le contraste des séquences biplans et du fantôme. La différence d'intensité entre les artères et l'arrière-plan dans le fantôme est beaucoup plus faible. Par contre, même avec les séquences très différentes, on obtient un taux d'erreur optimal moyen de 4,17%. On se rapproche donc de l'erreur de 2,23% obtenue avec les séquences biplans. Grâce à ces résultats numériques, on peut statuer que la méthode offre une bonne capacité de généralisation, et ce, même en utilisant l'algorithme sous des conditions d'acquisition très différentes. Au niveau du temps d'exécution, la classification avec le fantôme est plus élevée parce que les images sont de taille 960 par 960 au lieu de 512 par 512.

La figure 3.3 propose un exemple de résultat visuel pour la classification multi-échelles. À gauche est présenté le résultat de classification grâce aux régions 16 par 16. Les zones identifiées en rouge sont les erreurs de classification. Elles sont également très grossières, et offrent une faible définition des artères coronaires. L'image de droite présente quant à elle les résultats de la classification multi-échelles. Grâce à la classification orientée vers les composants connectés, la définition des artères est améliorée, sans ajouter du bruit supplémentaire à la classification initiale. De plus, on remarque que la grande majorité des erreurs résultantes sont dues à une sous-classification plutôt qu'à une sur classification. En limitant ainsi les faux positifs, on évite de représenter des artères inexistantes dans la reconstruction. Dans la figure 4.4 sont comparées l'image angiographique initiale, et l'image traitée avec la méthode de segmentation multi-échelles. Les résultats démontrent que les artères sont bien identifiées, et que très peu de bruit provenant de l'image initiale est conservé. Par contre, des lacunes sont observables sur les vaisseaux à faible diamètre, notamment aux extrémités des artères.

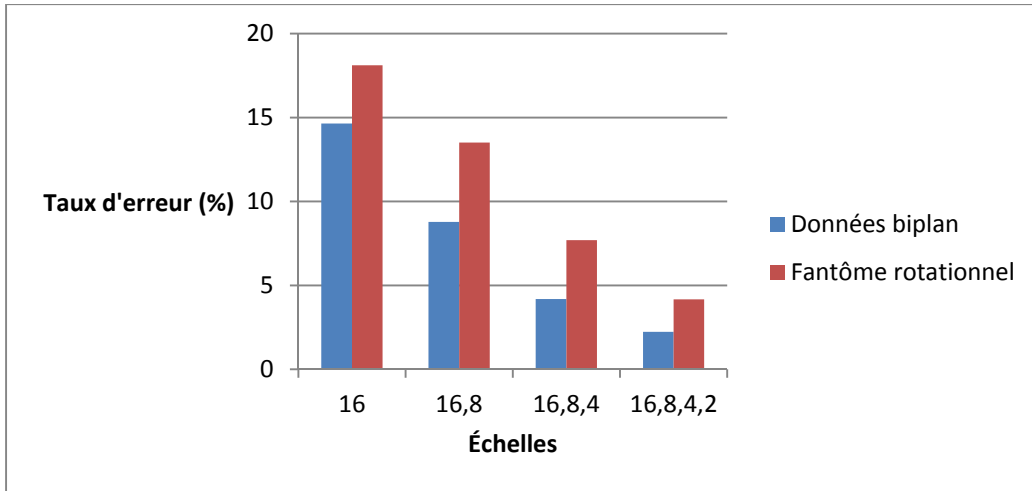


Figure 3.1 Erreur de classification des régions en fonction de l'échelle utilisée.

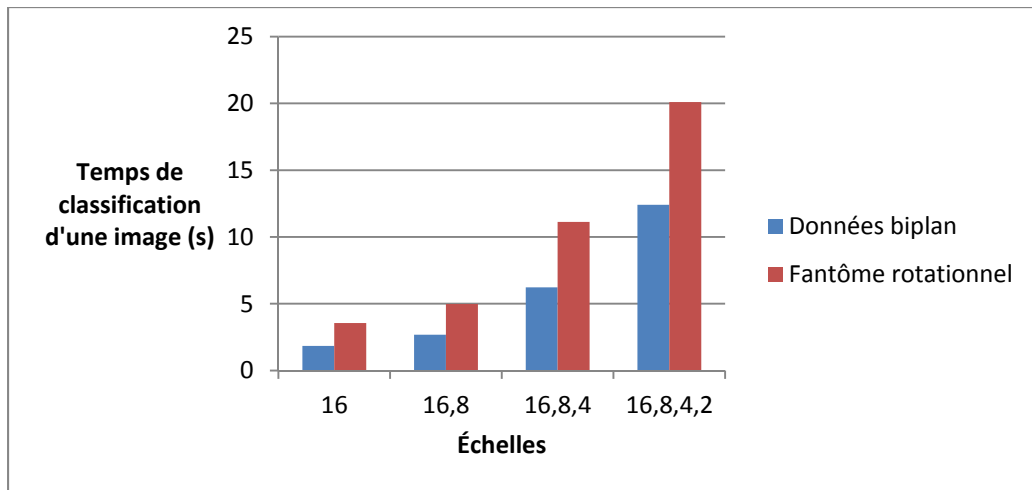


Figure 3.2 Temps de classification des régions en fonction de l'échelle utilisée.

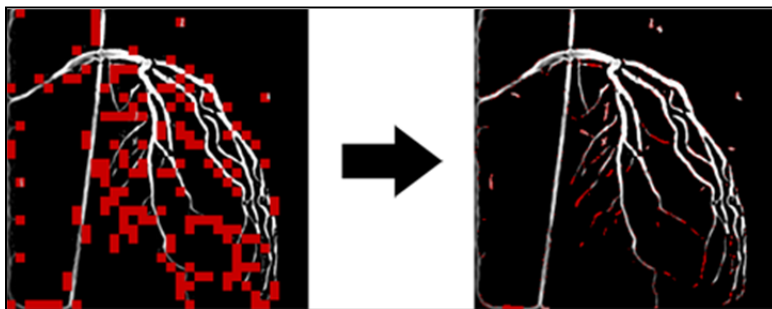


Figure 3.3 a) Classification à l'échelle 16.
b) Classification aux échelles 16,8,4,2.

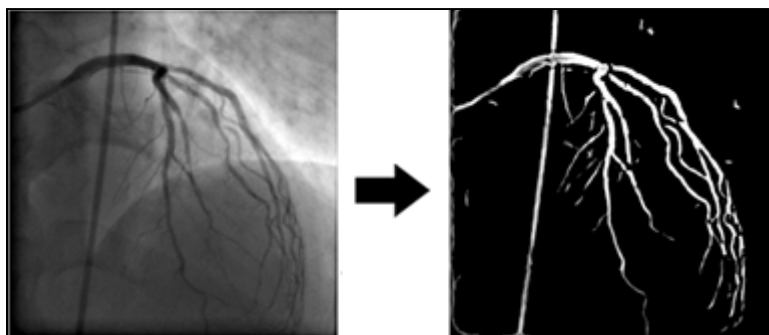


Figure 3.4 a) Image angiographique originale.
b) Image résultante de la classification multi-échelles.

3.2 Compensation de mouvement respiratoire

Tel que mentionné précédemment, les résultats sont générés grâce au fantôme fourni par *CAVAREV*, qui inclut un ensemble de données avec et sans mouvement. Il est ainsi possible de quantifier les résultats obtenus par la compensation de mouvement respiratoire. À la figure 3.5 sont présentées les distances selon l'axe Y (cranio-caudal) avant et après la compensation de mouvement respiratoire. Les distances avant compensation sont déterminées en évaluant le décalage entre la segmentation des données sans mouvement et la segmentation des données avec mouvement. On présente en premier lieu les résultats dans l'axe cranio-caudal (parallèle à la colonne vertébrale) parce que la méthode employée de compensation suppose que le mouvement suit cet axe uniquement. Dans la figure, on remarque d'abord que le mouvement initial avant compensation semble suivre un modèle sinusoïdal tel que stipulé par la méthode employée. Au début de la séquence, on remarque qu'il y a très peu de mouvement respiratoire, indiquant ainsi que le patient est en début de respiration. Le mouvement respiratoire augmente jusqu'à son amplitude maximale se situant environ à l'image 45. Le mouvement diminue ensuite pour compléter le cycle. Les données après compensation tentent donc d'annuler ce mouvement en l'estimant grâce à une fonction cyclique. En observant les résultats après compensation, on remarque que la distance selon l'axe cranio-caudal est réduite pour la majorité des images. On passe d'un décalage initial moyen de 43,07 pixels à 6,21 pixels pour les données après compensation. Malgré qu'on suppose le

mouvement unique à cet axe, on doit également quantifier le mouvement dans l'axe perpendiculaire pour définir l'erreur absolue de compensation.

La figure 3.6 présente le mouvement respiratoire causé sur l'axe X (dorso-ventral). Comme le modèle mathématique utilisé ne supporte pas la compensation selon cet axe, on représente uniquement un ensemble de résultats. Par contre, le mouvement selon l'axe X étant minimal, mais présent, on peut s'attendre à des résultats qui contiennent toujours un léger décalage. En premier lieu, on constate que le décalage moyen est de 6,02 pixels, alors qu'il était de 43,07 pixels pour l'axe principal. Malgré cette nette diminution, on remarque quand même une notion de cycle dans la forme du mouvement. Ainsi, on atteint l'amplitude maximale aux environs de la vue 44, ce qui correspond à l'amplitude maximale de mouvement dans l'axe cranio-caudal. Par contre, le mouvement selon l'axe X étant très léger et très variable d'un patient à l'autre, on le néglige lors de la compensation. Finalement, la figure 3.7 présente la distance euclidienne en millimètres du décalage occasionné par le mouvement respiratoire avant et après la compensation. On remarque qu'avec la combinaison des mouvements des deux axes, le mouvement est bien réduit dans la plupart des vues. Par contre, en début de respiration, le mouvement après compensation est plus élevé, indiquant ainsi une dégradation plutôt qu'une amélioration. Au total, on remarque dans la figure qu'environ 11% des vues indiquent une telle dégradation (lorsque la ligne rouge est plus élevée que la ligne bleue). Malgré que cette proportion semble élevée, l'écart millimétrique moyen dans les vues où l'on observe le phénomène est fiable avec une valeur de 0,9. Globalement, l'écart millimétrique moyen après compensation est de 3,17, contrairement à 13,94 avant compensation.

En termes de temps de calcul, la compensation de mouvement est peu exigeante grâce entre autres au modèle mathématique utilisé. Il suffit ainsi de résoudre une simple équation pour déterminer la constante de décalage propre à chacune des vues. L'opération la plus coûteuse est d'effectuer le décalage lui-même, puis d'enregistrer les résultats. Pour effectuer la compensation de mouvement respiratoire de toutes les 133 vues de la séquence fournie par *CAVAREV*, le temps d'exécution est de 5,21 secondes, ce qui équivaut à 0,039 seconde par image de taille 960 par 960.



Figure 3.5 Décalage moyen dû au mouvement respiratoire selon l'axe cranio-caudal.

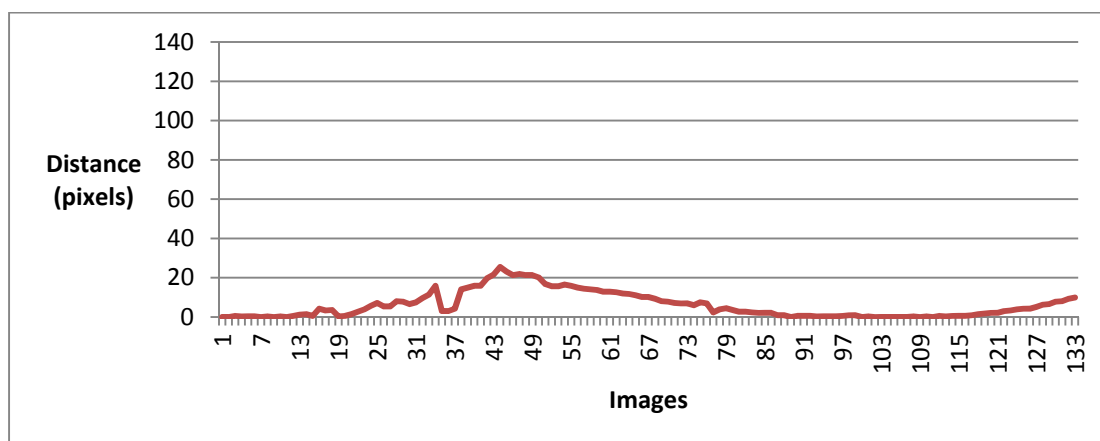


Figure 3.6 Décalage moyen dû au mouvement respiratoire selon l'axe dorso-ventral.

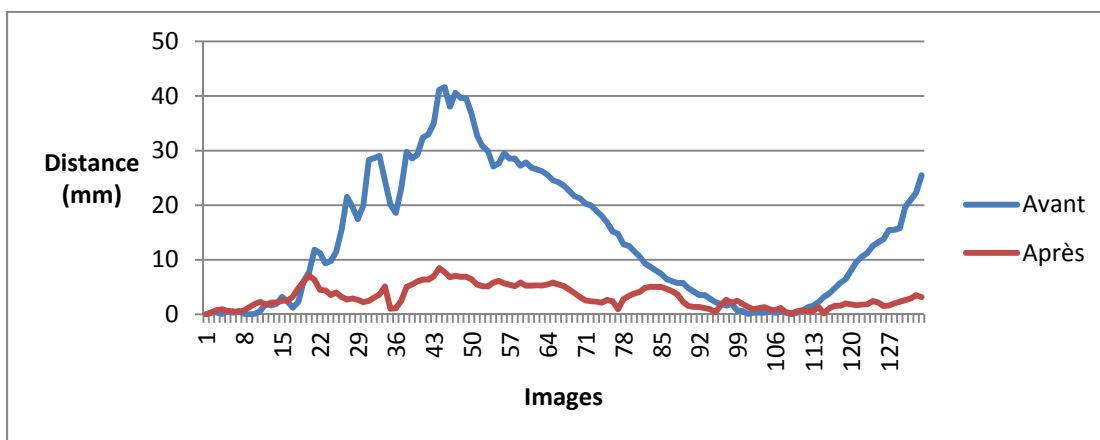


Figure 3.7 Décalage millimétrique total moyen selon la distance euclidienne.

3.3 Reconstruction 3D+t

La première étape de la reconstruction 3D+t étant la correspondance des bifurcations et branches, un exemple typique de correspondance des bifurcations est proposé à la figure 3.8. Il est intéressant de remarquer que la totalité des 6 correspondances présentées est bien appariée. De plus, certaines autres bifurcations dont les correspondances semblent évidentes ne sont pas appariées par la technique. Tel que mentionné précédemment, ceci résulte du fait que la méthode de correspondance des bifurcations est très stricte. Ainsi, les appariements sont uniquement effectués lorsque la méthode considère qu'une seule correspondance est possible. Elle favorise donc la prise d'aucune décision plutôt que d'effectuer un mauvais choix ou un choix incertain. Cette approche stricte offre donc l'avantage de réduire le risque d'avoir des mauvaises correspondances de bifurcations.

Ensuite est évaluée l'erreur 2D de correspondance dans les lignes centrales extraites lors de la segmentation. Pour ce faire, les lignes centrales ont d'abord été appariées manuellement pour obtenir des correspondances de référence pour chaque pixel. L'erreur 2D calculée est ainsi la distance moyenne entre une correspondance déterminée par la méthode de reconstruction et l'appariement idéal proposé par le modèle de référence. La figure 3.9 présente la distribution de l'erreur 2D moyenne de toutes les 133 images de la séquence rotationnelle du fantôme de *CAVAREV* contenant le mouvement respiratoire. La fréquence présentée est ainsi une moyenne de celles de la totalité des images. Au total, le nombre moyen de pixels à appairer par ligne centrale est de 1677, pour des images de 960^2 pixels. On remarque d'abord dans la figure 3.9 que la grande majorité des pixels sont classifiés à moins de 5 pixels de leur position idéale respective. De plus, la fréquence de pixels diminue très rapidement lorsque l'intervalle de distance augmente. Il est ainsi possible d'interpréter que lorsque la correspondance est erronée, elle reste près de la valeur optimale. Par contre, on remarque qu'il y a certains pixels qui sont très mal appariés, offrant une distance de plus de 100 pixels par rapport à la bonne correspondance. À cause de certaines de ces distances qui sont aberrantes, on obtient une erreur moyenne de correspondance de 13,94 pixels. En

convertissant cette valeur en millimètres, on obtient une erreur millimétrique moyenne de 4,18.

En plus d'observer l'erreur globale de correspondance, il est nécessaire de considérer l'erreur 2D selon le type d'appariement pour offrir une interprétation adéquate des résultats. Ainsi, la figure 3.10 propose les mêmes résultats qu'à la figure précédente, mais classifiés selon la catégorie de correspondance. On remarque en premier lieu un écart de performance important entre les deux types de classification. D'abord, plus de 95% des pixels appariés à l'aide de la méthode de classification par branches ont une erreur 2D moyenne inférieure à 5 pixels. Ces résultats sont dus à l'approche très stricte qui effectue uniquement la correspondance des branches et des bifurcations à l'aide d'un algorithme de programmation dynamique qui conserve les appariements à haute vraisemblance. De son côté, la correspondance point par point est celle qui occasionne la majorité des distances supérieures à 5 pixels. Par contre, on remarque que l'intervalle modal est quand même celui des distances inférieures à 5 pixels. Les fréquences sont néanmoins beaucoup plus réparties qu'avec la correspondance par branches. Cette figure permet donc de conclure que malgré que la correspondance des branches soit supérieure, celle point par point offre quand même des résultats intéressants.

À la figure 3.11 sont présentés les résultats de la correspondance sous forme de distribution cumulative. Les types de correspondances sont également présentés de façon indépendante pour permettre d'observer l'impact de chacun. D'abord, on remarque le comportement particulier de la distribution cumulative pour la correspondance par branches. La majorité des pixels appariés avec la correspondance des branches offre une erreur inférieure à 5 pixels. Inversement, une proportion d'environ 4% est appariée à plus de 5 pixels de la correspondance idéale. Les appariements effectués à l'aide de la correspondance par branches sont donc en grande majorité très près de leurs valeurs réelles. Ceci confirme donc la sévérité des critères de correspondance de la méthode. Quant à elle, la correspondance point par point offre une progression qui s'apparente à un modèle logarithmique. On obtient donc une progression importante de l'accumulation lorsque la distance est faible, pour finir avec une

stabilisation. Bien que la correspondance point par point soit moins efficace, elle traite quand même environ 52% des pixels, contre 48% pour la correspondance par branches. De manière cumulative, on observe que la majorité des pixels sont couverts lorsque la distance est faible. L'écart type se situant à 23,74 pixels, on remarque que plus de 83% des données possèdent une erreur y étant inférieure. De plus, environ 65% des erreurs sont inférieures à 5 pixels, et environ 78% sont inférieures à 10 pixels. On peut donc en conclure que la grande majorité des données est bien classifiée, alors qu'une faible proportion des données appariées peut être considérée comme aberrante à cause d'une très grande erreur 2D occasionnée par le choix d'une mauvaise correspondance.

Un exemple de ligne centrale dont les pixels ont été appariés est présenté dans la figure 3.12. Les pixels de couleur verte représentent une erreur 2D minimale, alors que la couleur rouge signifie une erreur 2D maximale. La proportion de pixels verts permet de démontrer visuellement les résultats proposés dans les graphes précédents. De plus, les lignes centrales permettent d'identifier quelles sections des artères sont bien traitées par la méthode d'appariement. Entre autres, les segments verticaux où l'on retrouve plusieurs bifurcations offrent une erreur 2D minimale. Ainsi, la méthode de correspondance par branches permet de bien traiter les régions contenant plusieurs segments, ce qui représente le point faible de l'appariement point par point. Par contre, on remarque deux points faibles de la méthode de correspondance. D'abord, les segments d'orientation majoritairement horizontale ont une erreur 2D très élevée. Comme l'appariement des pixels est fait avec des droites épipolaires qui sont quasi horizontales, on retrouve un très grand nombre de correspondances possibles, ou aucune lors de la présence d'un décalage. Ainsi, on obtient des résultats moins rigoureux, sauf lorsque la branche horizontale est appariée grâce à la correspondance par branches. Le second problème visible dans la figure est lorsqu'il y a du chevauchement entre plusieurs artères. Les pixels rouges dans la portion inférieure de l'image ont une erreur plus grande parce que la ligne centrale extraite représente plusieurs artères dans les autres vues de la séquence rotationnelle.

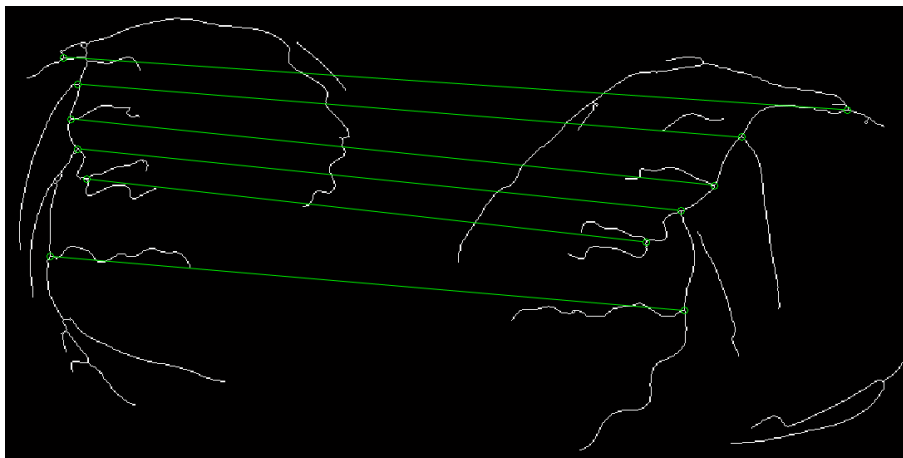


Figure 3.8 Correspondance des bifurcations sur deux images à angle différent au même instant du signal ECG.

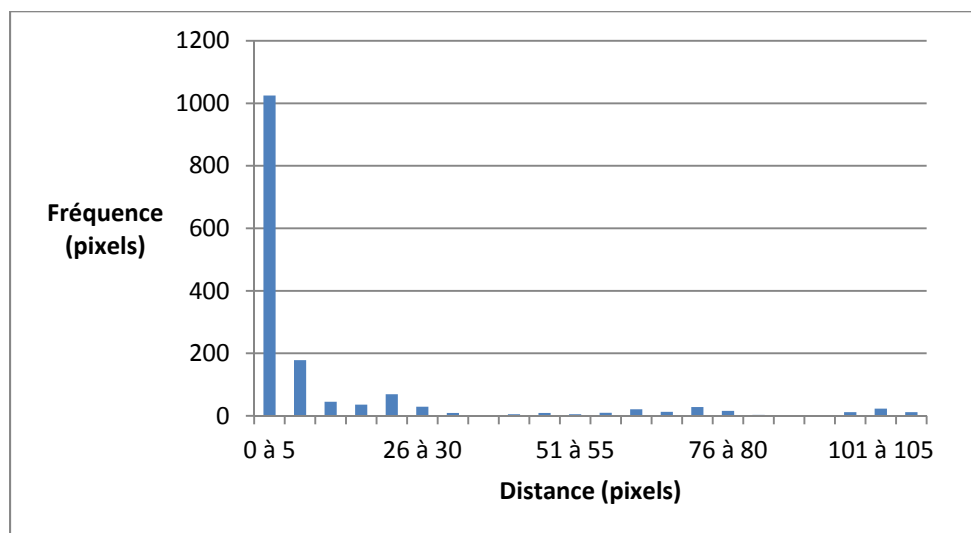


Figure 3.9 Distribution de l'erreur 2D des correspondances des pixels de la reconstruction 3D+t des lignes centrales.

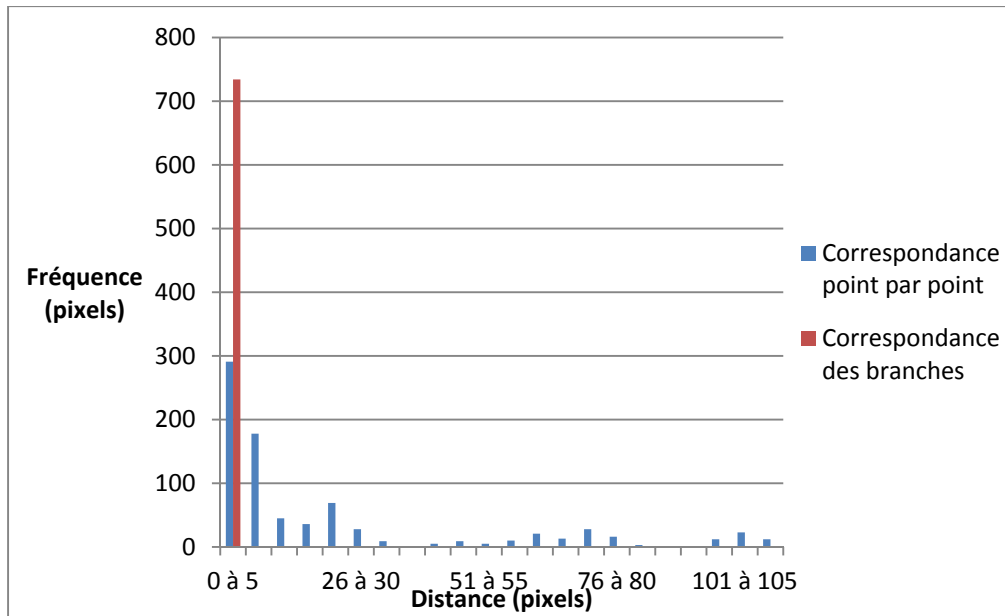


Figure 3.10 Distribution de l'erreur 2D de la reconstruction des lignes centrales selon le type de correspondance.

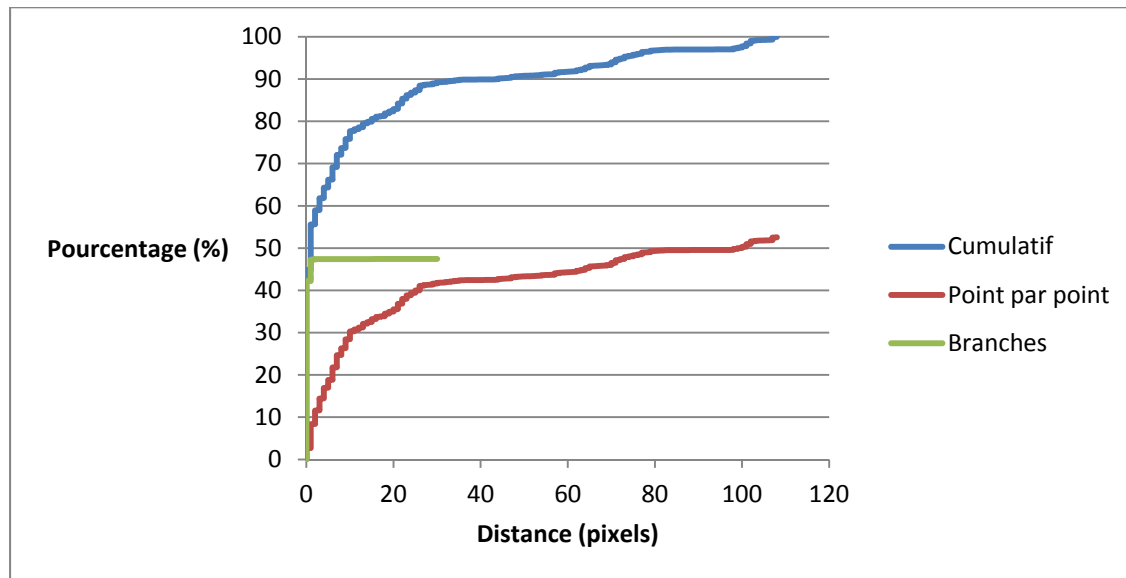


Figure 3.11 Distribution cumulative de l'erreur 2D des correspondances.
Abscisses: distance entre la correspondance déterminée par la méthode et celle du volume de référence. Ordonnée: Pourcentage des correspondances dont la distance est inférieure ou égale à la valeur de l'axe des abscisses.

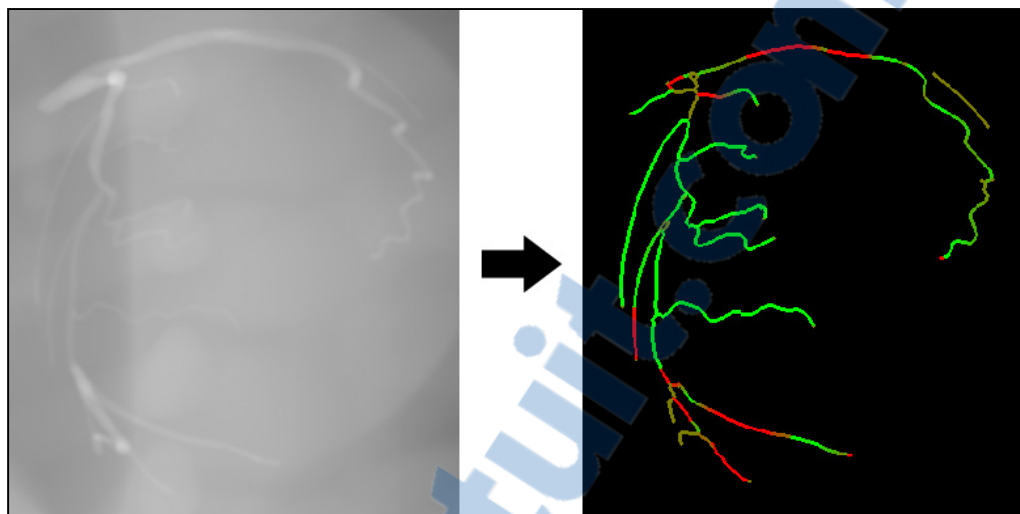


Figure 3.12 a) Image originale de *CAVAREV*. b) Exemple de résultat de correspondance 2D. Vert: pixels bien appariés. Rouge: pixels mal appariés.

Les figures suivantes proposent des exemples typiques de reconstruction complète du modèle 3D et 3D+t. D'abord est présenté à gauche de la figure 3.13 un volume reconstruit en utilisant l'ensemble de données sans mouvement respiratoire. Ainsi, il s'agit uniquement de la reconstruction 3D. On remarque en premier lieu que les artères sont très bien définies et que l'on reconnaît facilement la structure coronaire. Les principales sources d'erreur dans la structure coronaire sont causées par les droites épipolaires employées pour effectuer la stéréo correspondance. Tel que mentionné précédemment, on remarque que les endroits où les segments coronaire sont horizontaux sont difficilement reconstruits. À titre de comparaison, on remarque que les zones rouges de la figure 3.12 correspondent aux zones mal reconstruites dans le volume. De plus, les segments qui sont fluides et sans discontinuité sont ceux reconstruits à l'aide de la correspondance des branches. L'image de droite de la figure 3.13 propose la même reconstruction, comparée au volume de référence pour la même vue angiographique. En rouge, le volume issu de la méthode de reconstruction est présenté, alors qu'en bleu est identifié le volume de référence. On remarque d'abord que les artères reconstruites en rouge s'approchent beaucoup du volume de référence. On obtient une reconstruction précise sur la majorité des segments verticaux. Tel que mentionné précédemment, les principaux problèmes sont apparents lors du chevauchement des artères ou lors de la présence de segments horizontaux. Un second problème externe à l'algorithme

de correspondance est celui causé par l'optimisation BFGS. Certains segments sont bien appariés, mais un décalage est observé par rapport au volume de référence bleu. Comme l'optimisation tente de déformer un même volume pour l'adapter aux autres vues, des disparités surviennent lorsque certains segments ne sont pas appariés correctement, ou lorsque la segmentation est déficiente. Le léger décalage observé est donc normal si l'on considère que la segmentation n'est pas idéale.

La figure 3.14 présente un exemple de reconstruction pour l'ensemble de données avec mouvement respiratoire. Ainsi, le modèle de gauche représente un exemple typique de reconstruction 3D+t. D'abord, même s'ils ne sont pas au même instant sur le signal ECG, on remarque la ressemblance avec le modèle reconstruit avec l'ensemble de données sans mouvement respiratoire. On explique cette ressemblance avec la méthode de reconstruction qui utilise un seul modèle qu'elle déforme pour l'adapter aux autres vues du même moment du signal ECG. Le modèle sélectionné par la méthode est celui qui contient le plus grand nombre de pixels appariés avec la méthode de correspondance par branches. Ainsi, le modèle sélectionné dans les deux cas est similaire. Par contre, comme une étape supplémentaire de compensation de mouvement est nécessaire, on remarque des problèmes de reconstruction des artères, notamment aux extrémités. Dans le cas où la méthode de compensation n'est pas parfaite, on observe un léger décalage vertical, causant ainsi une impossibilité de faire correspondre les pixels avec les droites épipolaires. Sinon, on observe les mêmes problèmes de correspondance qu'avec l'ensemble sans mouvement, soit les segments horizontaux mal appariés, et le chevauchement des artères. L'image de droite de la figure 3.14 présente le même volume reconstruit en rouge, ainsi que le modèle de référence en bleu. On remarque en premier lieu que l'ajout du mouvement cardiaque n'impacte pas beaucoup la qualité de reconstruction. Les segments d'artères sont généralement bien appariés et se rapprochent du modèle de référence en bleu. Deux différences principales sont observables avec la reconstruction sans mouvement respiratoire. D'abord, on remarque que les extrémités des artères sont souvent trop longues ou trop courtes. Comme stipulé précédemment, la compensation imparfaite qui utilise un modèle mathématique cyclique explique ce problème. La seconde différence est la présence d'un décalage plus important par rapport au modèle de

référence. Malgré que la plupart des artères sont bien identifiées, elles sont presque toutes décalées de quelques pixels. Ceci est en partie causé par les défauts dans la segmentation et la correspondance, ainsi que la compensation de mouvement imparfaite. Malgré ces défauts, la structure des artères est facilement identifiable, et certains segments chevauchent même ceux du modèle de référence. C'est notamment le cas à la base de la branche de l'artère antérieure gauche descendante, où l'on ne peut discerner de différence avec la référence. En annexe (Voir ANNEXE II) sont présentés d'autres résultats de la méthode avec les données avec mouvement pour différents moments de la séquence et présentés sous différents angles.

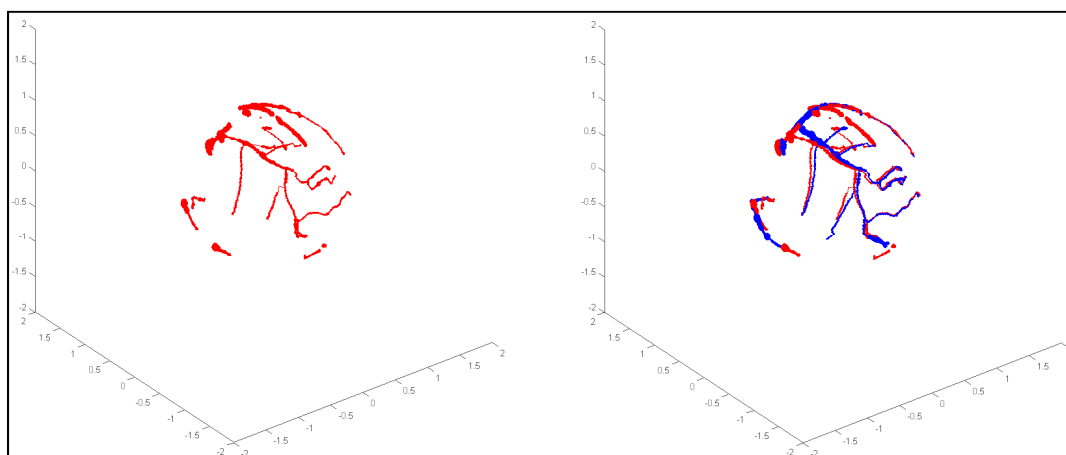


Figure 3.13 a) Reconstruction 3D sans mouvement respiratoire.
b) Reconstruction de référence (bleu) et reconstruction 3D (rouge).

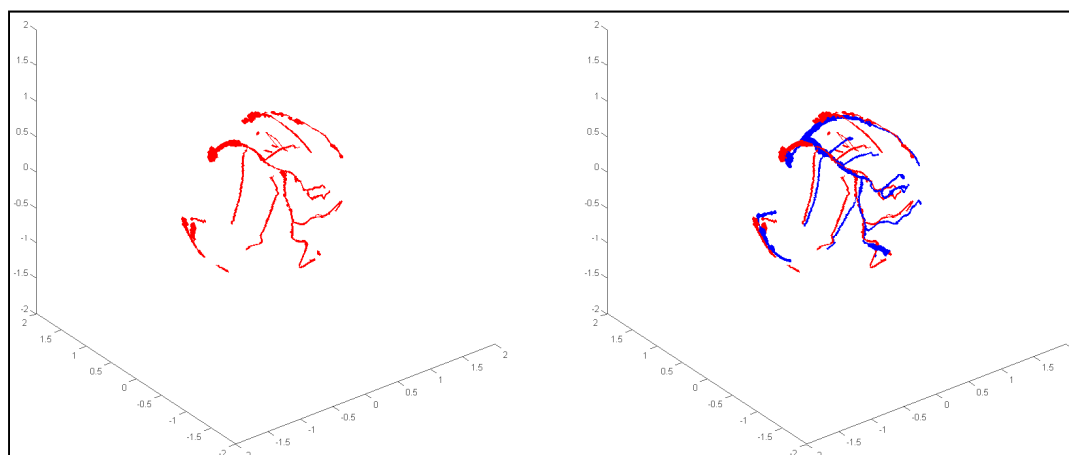


Figure 3.14 a) Reconstruction 3D+t. b) Reconstruction de référence (bleu) et reconstruction 3D+t (rouge).



La figure 3.15 présente les résultats d'une reconstruction typique avec et sans mouvement respiratoire. En vert est identifiée la reconstruction 3D sans mouvement respiratoire, alors qu'en rouge est identifiée la reconstruction 3D+t avec mouvement respiratoire. On remarque les deux différences principales entre les reconstructions, soit les correspondances au bout des artères, et le décalage causé par la compensation de mouvement imparfaite.

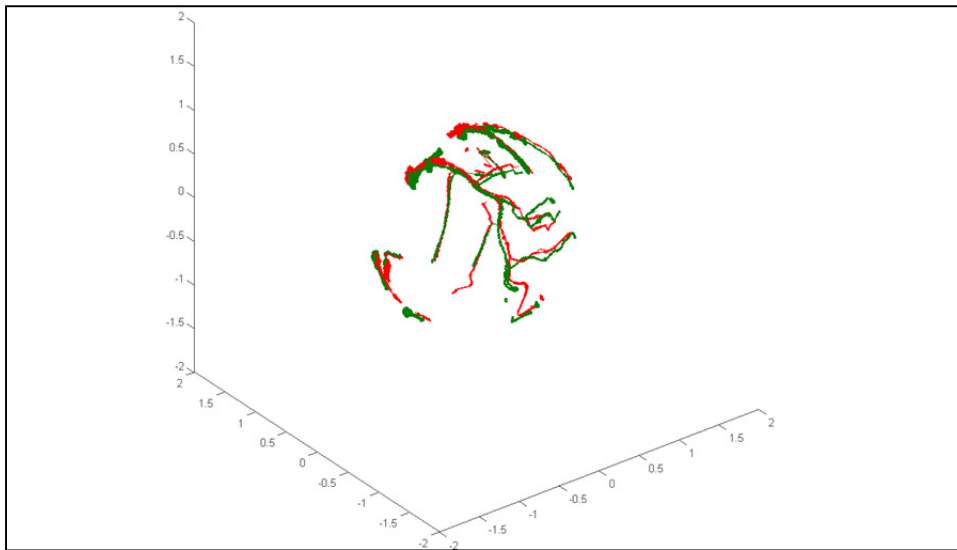


Figure 3.15 Reconstruction 3D (vert) et 3D+t (rouge).

Plusieurs métriques numériques sont nécessaires pour la quantification des résultats des reconstructions 3D. En premier lieu, on propose à la figure 3.16 la distance moyenne 3D des voxels en fonction de l'instant du signal ECG. Concrètement, la figure présente la distance moyenne d'un voxel par rapport à sa position dans le volume de référence. La distance est présentée en fonction du pourcentage du signal ECG, justifiant ainsi les reconstructions calculées pour chaque pourcentage du cycle cardiaque. D'abord, on remarque que le décalage millimétrique est supérieur à celui des correspondances 2D. On explique ce comportement par l'ajout d'une dimension à la géométrie épipolaire originale. En effet, un pixel étant situé à une certaine distance dans la figure 2D est situé à une distance plus éloignée dans le modèle 3D à cause de l'ajout de la profondeur. De plus, la profondeur est dépendante des matrices de projection employées pour les images angiographiques. La profondeur varie ainsi selon la position dans l'image 2D. De manière générale, la profondeur est plus élevée lorsque le pixel

s'éloigne du vecteur joignant le centre de l'image et le centre de projection. Dans la figure, on remarque d'abord que la distance millimétrique augmente en fonction de l'instant du signal ECG. Au début ainsi qu'à la fin d'un cycle cardiaque, on remarque une différence notable d'environ 1 à 1,3 millimètres en moyenne. Ceci est expliqué par la sélection du modèle que l'on déforme pour obtenir les volumes aux autres instants du signal. En effet, dans la majorité des ensembles de données de test, le modèle de référence où le nombre de pixels appariés par la méthode de correspondance par branches est maximal est au début du signal ECG. Comme on déforme un modèle pour tenter de s'adapter à un modèle différent, la performance dépend de la méthode de déformation. Dans ce cas-ci, une déformation affine est employée, ce qui conserve les lignes droites. Les contractions des artères ne peuvent donc pas être bien modélisées parce qu'aucune expansion ou dilatation élastique n'est possible. Ceci signifie donc que lorsqu'on s'éloigne du moment du signal ECG du modèle déformé, il est normal d'obtenir une distance millimétrique plus élevée. Pour la reconstruction 3D sans mouvement respiratoire, la moyenne millimétrique de décalage est de 5,71, contre 7,91 pour la reconstruction 3D+t. L'étendue des distances est de 2,21 pour la reconstruction 3D, contre 3,18 pour la reconstruction 3D+t. On peut donc conclure que malgré qu'on s'éloigne du modèle utilisé pour la déformation, les résultats sont adéquats. Ceci est démontré grâce à l'écart type moyen de 0,78 pixel pour la reconstruction 3D contre 0,90 pour la reconstruction 3D+t. Les pixels sont donc majoritairement bien classifiés, mais avec un décalage distinct.

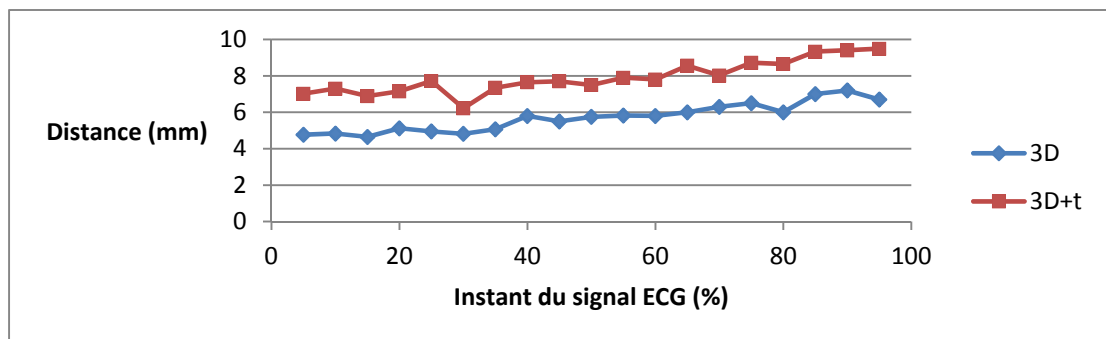


Figure 3.16 Décalage millimétrique moyen en fonction de l'instant du signal ECG.

Tel que présenté, la figure précédente démontre un décalage millimétrique plus élevé pour les instants du signal s'éloignant de celle employée pour la déformation. Pour démontrer l'utilité

de la déformation par optimisation, la figure 3.17 présente un exemple de mauvaise reconstruction où l'optimisation n'a pas été employée. Dans l'image de gauche, on remarque que la définition de certaines branches est claire, mais que ce n'est pas le cas pour les extrémités. De plus, certaines branches entières sont omises dans la reconstruction. Dans l'image de droite, on remarque qu'une faible proportion des branches rouges chevauchent les bleues, ce qui indique une reconstruction de mauvaise qualité. Parmi la totalité des artères reconstruites, uniquement la base de l'artère descendante gauche et une portion de l'artère circonflexe sont identiques à celles du volume de référence. On conclut donc que sans recalage par optimisation, la reconstruction n'est pas idéale.

La figure 3.18 présente la même vue du cycle cardiaque, combinée avec l'optimisation BFGS. Dans la figure de gauche, la majorité des segments sont identifiables, et très peu de discontinuité n'est présente. Les artères reconstruites représentent donc un modèle déformé selon l'exemple de mauvaise reconstruction présenté à la figure précédente. Dans la figure de droite est présenté le résultat et le modèle de référence reconstruit manuellement. En premier lieu, la plupart des artères sont très près de leur équivalence dans la vue de référence. Ceci indique que malgré l'estimation déficiente dans l'exemple de mauvaise reconstruction, l'optimisation permet d'obtenir un résultat adéquat selon le modèle de référence. Même si la reconstruction initiale est mauvaise, elle contient quand même quelques segments qui semblent être presque complets. Ainsi, la méthode d'optimisation déforme le modèle et s'adapte à ces quelques segments de la vue. Donc, en plus d'offrir une continuité temporelle, l'optimisation améliore grandement les résultats dans le cas où la reconstruction n'est pas idéale. Un aspect négatif est le décalage visible dans l'image de droite, qui est supérieur à celui du modèle de la mauvaise reconstruction. Comme la mauvaise reconstruction contient beaucoup de segments mal identifiés, la déformation BFGS s'adapte tant bien que mal au modèle déficient. C'est pourquoi on remarque un décalage marqué par rapport aux segments bleus de référence. Quantitativement, on passe d'une erreur millimétrique moyenne de 34,27 à 9,3 grâce à l'optimisation par déformation affine.

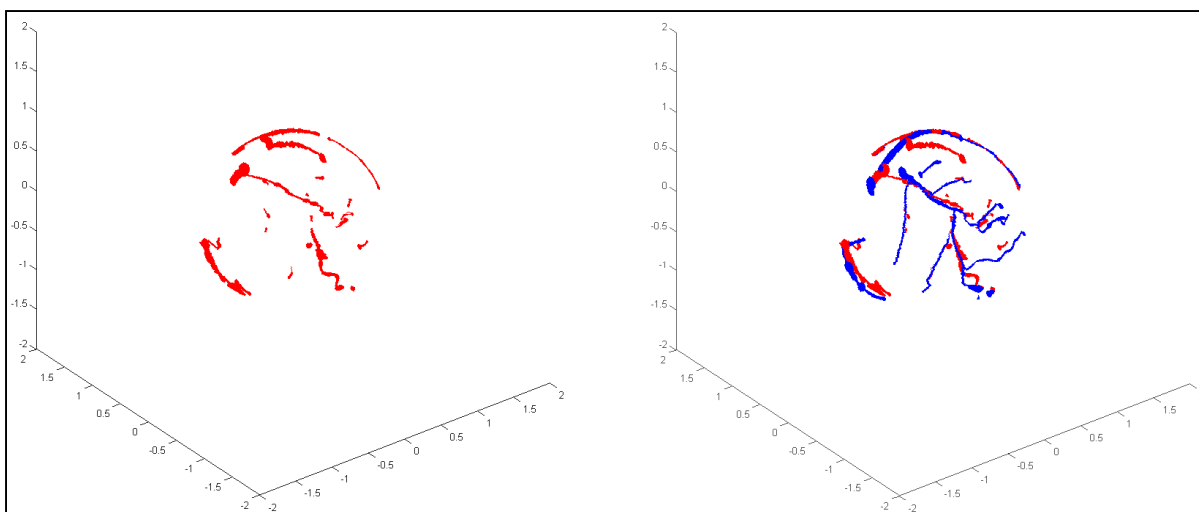


Figure 3.17 a) Exemple de mauvaise reconstruction 3D+t. b) Reconstruction de référence (bleu) et mauvaise reconstruction (rouge).

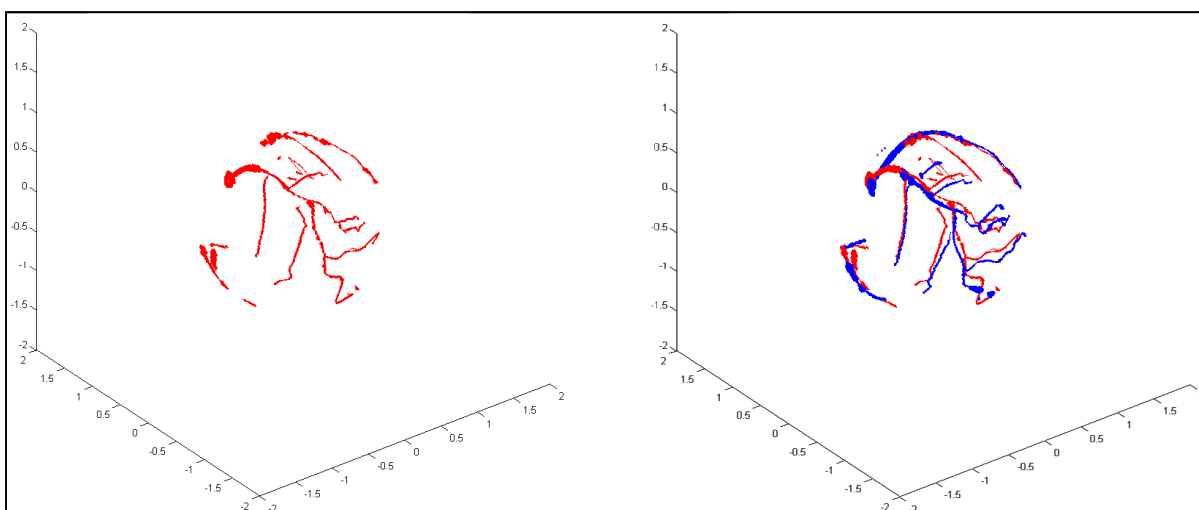


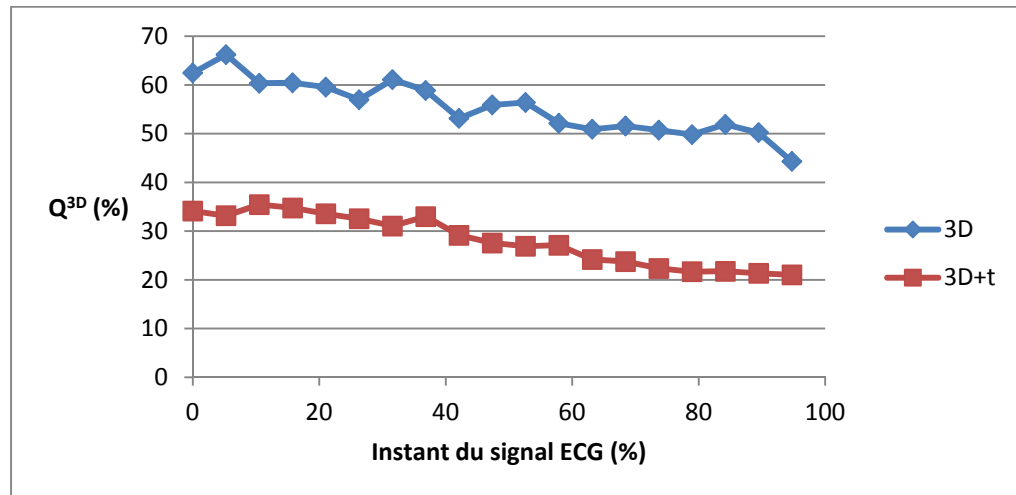
Figure 3.18 a) Reconstruction avec optimisation BFGS. b) Reconstruction de référence (bleu) et reconstruction avec optimisation BFGS (rouge).

Pour comparer les résultats avec les autres méthodes pour les ensembles de données de *CAVAREV*, on calcule d'abord la métrique Q_{3D} telle que proposée par la plateforme. Les résultats sont présentés à la figure 3.19. Les données en bleu représentent l'ensemble de données sans mouvement respiratoire, et les données en rouge sont celles avec mouvement respiratoire. On remarque en premier lieu une disparité entre la métrique de qualité pour les

deux ensembles de données. Cet écart est expliqué par la complexité considérablement plus élevée pour le traitement avec mouvement respiratoire. La valeur de Q_{3D} étant une maximisation, on obtient 66,21% pour l'ensemble 3D, et 35,45% pour l'ensemble 3D+t. À priori, ces taux paraissent très bas à cause de la nature de la métrique Q_{3D} . En effet, la métrique utilise le coefficient *DICE*, qui calcule le nombre de pixels se chevauchant dans la reconstruction et dans le modèle de référence. Comme les artères coronaires couvrent très peu de surface dans l'espace 3D, un léger décalage diminue grandement le chevauchement, et ainsi la valeur de Q_{3D} . On conclut donc que si la compensation de mouvement respiratoire n'est pas parfaite, le mouvement engendre une diminution importante de la valeur de la métrique. La figure présente également une diminution de Q_{3D} en fonction de la progression du signal ECG. On explique ce phénomène avec le même argument que pour le décalage millimétrique, soit que le modèle déformé avec l'optimisation BFGS est sélectionné en début de séquence. Il est ainsi normal que la transformation affine ne puisse déformer parfaitement le modèle à adapter.

Dans la figure 3.20 sont présentées les valeurs Q_{4D} pour chacune des images de la séquence rotationnelle des deux ensembles de données. En premier lieu, on remarque une dégradation des résultats en fonction de la progression dans la séquence rotationnelle. Cette dégradation est provoquée par la sélection de la vue de déformation en début de séquence. La moyenne Q_{4D} pour l'ensemble sans mouvement respiratoire est de 62,63%, contre 25,27% pour l'ensemble avec mouvement. La métrique étant calculée pour chacune des vues de l'ensemble de données plutôt qu'une reconstruction par tranche de 5% du cycle cardiaque, il est normal d'obtenir des résultats moins intéressants que pour la métrique Q_{3D} . De plus, la métrique Q_{4D} nécessite une moyenne des résultats, alors que la métrique Q_{3D} nécessite la valeur maximale. Un avantage de la méthode est observé grâce à l'allure des données. Contrairement aux autres méthodes testées avec les métriques de *CAVAREV*, la qualité de la reconstruction de la méthode courante ne dépend pas de l'instant du signal ECG. En effet, les autres méthodes offrent généralement de résultats supérieurs lors de la diastole. Dans ce cas-ci, on remarque que les données sont indépendantes de ce critère grâce à la constance des résultats. Par contre, la méthode actuelle dépend grandement du modèle sélectionné pour la déformation

par optimisation BFGS. C'est pourquoi on observe une dégradation graduelle des résultats en fonction de la progression dans la séquence rotationnelle.



3.19 Q_{3D} en fonction l'instant du signal ECG.

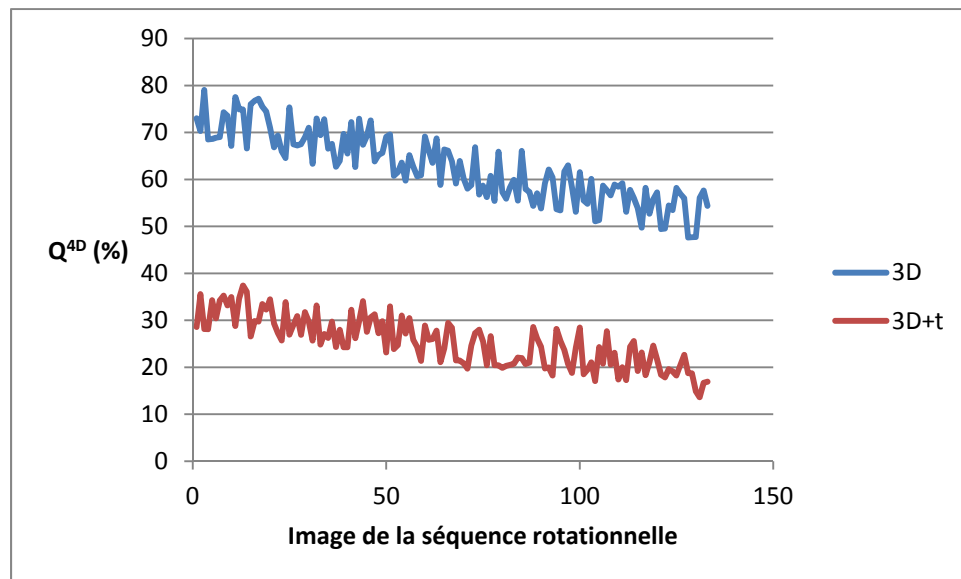


Figure 3.20 Q_{4D} en fonction de l'image.

Les tableaux 3.1 et 3.2 présentent les résultats de la méthode courante en relation avec les autres algorithmes testés avec la plateforme *CAVAREV*. D'abord, on remarque que la méthode courante offre des résultats qui se situent dans la moyenne pour l'ensemble de

données sans mouvement respiratoire. La méthode de reconstruction FDK combinée au signal ECG et une réduction d'artéfacts de traînées obtient un résultat Q_{3D} de 74,4%, contre 66,21% pour la méthode courante. Par contre, la méthode actuelle est supérieure au niveau de la métrique Q_{4D} . Cette différence est expliquée par la stabilité de la méthode de reconstruction. En effet, l'optimisation BFGS permet d'éliminer les modèles 3D mal reconstruits en déformant un modèle sélectionné. Il y a ainsi peu de variation entre les modèles reconstruits à différents moments du cycle cardiaque. Tel que mentionné précédemment, la plupart des méthodes offrent quant à elles des résultats très variables selon l'instant du signal ECG. Comme la métrique Q_{3D} utilise uniquement la valeur maximale, il est normal que les autres méthodes l'emportent. Par contre, en calculant la moyenne Q_{4D} , c'est la méthode actuelle qui l'emporte. Le tableau 3.2 présente les mêmes résultats, mais pour l'ensemble de données avec mouvement respiratoire. Dans ce cas-ci, la méthode courante est supérieure autant pour la métrique Q_{3D} que pour Q_{4D} . De plus, l'écart est assez important entre les résultats de la méthode ainsi que ceux de la reconstruction FDK avec signal ECG et réduction de traînées. Ce grand écart est expliqué par le fait que les autres méthodes sont principalement 3D, et ne comportent pas de compensation de mouvement. C'est d'ailleurs pourquoi on retrouve une méthode qui obtient un résultat de 0% pour l'ensemble de données avec mouvement respiratoire. On peut donc conclure que parmi les méthodes testées avec la plateforme *CAVAREV*, l'algorithme courant offre des résultats plus constants et supérieurs lorsque les données contiennent du mouvement respiratoire.

Tableau 3.1 Métriques de qualité Q_{3D} et Q_{4D} des méthodes testées avec l'ensemble de données sans mouvement respiratoire de la plateforme *CAVAREV*

| Algorithme | Q_{3D} (%) | Q_{4D} (%) |
|---|--------------|--------------|
| Reconstruction FDK avec signal ECG et réduction de traînées | 74,4 | 61,8 |
| Reconstruction par lignes de niveau dynamiques | 69,2 | 60,5 |
| Méthode courante | 66,21 | 62,63 |
| Reconstruction FDK avec signal ECG | 59,5 | 50,1 |
| Reconstruction FDK | 43,1 | 34,7 |

Tableau 3.2 Métriques de qualité Q_{3D} et Q_{4D} des méthodes testées avec l'ensemble de données avec mouvement respiratoire de la plateforme *CAVAREV*

| Algorithme | Q_{3D} (%) | Q_{4D} (%) |
|---|--------------|--------------|
| Méthode courante | 35,45 | 25,27 |
| Reconstruction FDK avec signal ECG et réduction de traînées | 20,8 | 10,8 |
| Reconstruction FDK | 20,6 | 10,5 |
| Reconstruction FDK avec signal ECG | 15,6 | 9,7 |
| Reconstruction par lignes de niveau dynamiques | 0,0 | 0,0 |

Le tableau 3.3 présente les temps de traitement moyens pour les différentes étapes de la reconstruction. Il est important de mentionner que les temps présentés sont ceux pour une seule vue angiographique tirée de la plateforme *CAVAREV*. De plus, le temps de segmentation exclut l'entraînement du SVM, que l'on suppose déjà entraîné. L'exécution est également effectuée de façon séquentielle dans *Matlab*, sauf pour l'optimisation BFGS qui est exécutée en C++. D'abord, on remarque que la méthode la moins exigeante en temps de calcul est la segmentation avec 20,1 secondes. Ensuite, la reconstruction nécessite 32,72 secondes d'exécution, avec une moyenne de 6 à 8 vues angiographique au même instant du signal ECG. La méthode la plus exigeante est l'optimisation BFGS, nécessitant une moyenne de 50,03 secondes par déformation. Ce temps est expliqué par l'algorithme BFGS qui optimise de façon itérative pour chaque pixel. Au total, une reconstruction 3D+t complète d'une seule vue nécessite 102,85 secondes. Ce temps est adéquat pour l'utilisation en contexte interventionnel, mais nécessite certaines optimisations pour pouvoir générer une séquence rotationnelle complète. Il est ainsi possible d'optimiser en parallélisant l'exécution, et en implémentant l'algorithme en utilisant un langage plus rapide tel que le C++. De cette façon, une séquence complète pourrait être calculée en quelques minutes durant une intervention. De plus, l'entraînement du SVM pour la segmentation multi-échelles doit être effectué au préalable, et doit être répété dans le cas où les paramètres d'acquisition sont grandement modifiés.

Tableau 3.3 Temps de traitement moyen pour une vue angiographique

| Méthode | Temps moyen (s) |
|--|-----------------|
| Segmentation multi-échelles | 20,1 |
| Reconstruction 3D et compensation de mouvement | 32,72 |
| Optimisation BFGS | 50,03 |
| Total | 102,85 |

CONCLUSION

La méthode qui a été proposée dans cette étude portait sur la reconstruction 3D+t des artères coronaires pour une séquence angiographique rotationnelle. Elle avait pour but de satisfaire l'objectif d'offrir une méthode offrant des résultats robustes et pouvant s'exécuter dans un contexte interventionnel.

Pour atteindre l'objectif, une nouvelle méthode de segmentation a d'abord été élaborée. Cette technique utilise d'abord un filtre hessien multi-échelles pour effectuer une segmentation initiale, puis retire le bruit avec une classification multi-échelles des régions par composants connectés. Le mouvement respiratoire a ensuite été compensé à l'aide d'un modèle mathématique cyclique qui modélise l'amplitude du mouvement des artères. La compensation du mouvement respiratoire a permis d'employer une méthode de reconstruction 3D par correspondances, qui est beaucoup plus rapide d'exécution que les autres types de reconstructions de la littérature. La nouvelle méthode de reconstruction proposée est une variation de celle proposée par Blondel *et coll.* (2006) pour y inclure des appariements par bifurcations à contrainte stricte. Ces appariements ont été utilisés pour faire correspondre des branches entières ensemble, réduisant ainsi le nombre de pixels à appairer. Le temps de traitement et les résultats ont été améliorés par rapport à la littérature. Une déformation affine par recalage 3D/3D a ensuite été effectuée pour ajouter de la fluidité temporelle au modèle qui évolue selon l'image de la séquence rotationnelle. Globalement, la méthode proposée est automatique et s'exécute en contexte interventionnel pour offrir des résultats robustes. Par rapport aux autres méthodes de la littérature, celle présentée dans l'étude offre l'avantage de respecter la totalité des trois critères principaux de l'objectif, soit d'être automatique, d'offrir des résultats robustes, et d'être rapide d'exécution.

Les différents jalons ont été testés à l'aide de différentes métriques de qualité pour en démontrer la robustesse. La segmentation multi-échelles a été évaluée avec le pourcentage de régions mal classifiées, et a offert un résultat intéressant de 2,23% pour les données réelles. Le résultat était de 4,17% de zones mal classifiées lorsque le classificateur entraîné avec les

données réelles a été testé avec les données d'un fantôme radiologique, démontrant ainsi sa capacité de généralisation. L'exécution sur une image 512 par 512 de la segmentation a offert un temps de traitement de 12,41 secondes en moyenne. La compensation de mouvement respiratoire a ensuite été évaluée avec les deux ensembles de données de la plateforme *CAVAREV* (Rohkohl *et coll.*, 2010), dont un seul contient du mouvement respiratoire. Après la compensation du mouvement, la distance moyenne en pixels est tombée de 13,94 pixels à 3,17 pixels. Comme un modèle mathématique a été utilisé pour l'évaluation, le temps d'exécution était très court, soit 0,039 seconde par image. Pour la méthode de reconstruction 3D+t ainsi que la déformation, les mêmes deux ensembles de données ont été employés en guise de comparaison avec les résultats dans la littérature. Avec l'ensemble de données sans mouvement respiratoire, on obtenait un écart millimétrique moyen de 5,71 millimètres. Les métriques Q_{3D} et Q_{4D} étaient respectivement de 66,21% et 62,63%. Malgré que les résultats soient impressionnants, la méthode se classe dans la moyenne par rapport aux autres de la littérature. Avec le mouvement respiratoire, on obtenait un écart millimétrique très similaire de 7,91 millimètres, et des valeurs de Q_{3D} et Q_{4D} de 35,45% et 25,27%. Contrairement qu'avec l'autre ensemble de données, ces résultats sont supérieurs à toutes les méthodes de la littérature qui sont testées avec la plateforme *CAVAREV*. Au niveau du temps d'exécution, la méthode complète offrait une reconstruction 3D+t en 102,85 secondes en moyenne avec des images angiographiques de 960^2 pixels et 6 à 8 images au même instant du signal ECG. On peut ainsi en conclure que la méthode proposée offre des résultats robustes, et pouvant être calculés en contexte interventionnel, respectant ainsi l'objectif initial.

L'apport clinique d'une telle méthode est en deux temps. D'abord, la reconstruction 3D permettra au chirurgien d'avoir un support visuel pendant l'intervention pour guider le cathéter à destination dans les artères coronaires. Ainsi, les informations invisibles à cause de la projection des artères sur une image bidimensionnelle deviennent accessibles. Le chevauchement artériel ainsi que l'information sur la profondeur permettent une navigation plus rapide et sécuritaire dans les vaisseaux. En deuxième lieu, la méthode étant destinée au contexte interventionnel, le temps d'exposition aux rayons X ainsi que la quantité d'agent de contraste employés pourront être grandement réduits. En effet, comme le modèle 3D élimine

les artéfacts d'arrière-plan et facilite la navigation, cette dernière sera plus facile et rapide, limitant le temps d'acquisition des angiographies. Le risque de complications dues à la modalité d'acquisition est ainsi minimisé.

Malgré les bons résultats offerts par la méthode de reconstruction 3D+t proposée, certaines améliorations et extensions potentielles sont proposées. D'abord, la méthode de segmentation pourrait être optimisée pour offrir une meilleure détection des bifurcations. Comme un filtre tubulaire est employé en entrée, certaines bifurcations sont éliminées dès lors. Il pourrait entre autres être combiné à un filtre par contour actif (M'hiri *et coll.*, 2012), qui détecte bien les bifurcations. De plus, de meilleurs résultats de segmentation résultent en une meilleure reconstruction des artères coronaires. Pour l'étape de compensation de mouvement respiratoire, les extensions possibles sont au niveau des ensembles de test. Dans ce cas-ci, on teste le modèle mathématique cyclique avec les données du fantôme coronaire pour obtenir de bons résultats. Il pourrait être utile de vérifier si le modèle mathématique est également adéquat pour des données réelles, dont le mouvement est moins prédictible.

Au niveau de la reconstruction, l'un des points à améliorer est la dépendance aux bifurcations. Les résultats démontrent que les branches jumelées de cette façon offrent un décalage millimétrique et un temps d'exécution très faible. Malgré que les résultats soient presque aussi robustes lorsque l'appariement se fait au niveau des pixels restants, le temps d'exécution est grandement augmenté. De plus, si les pixels à apparier font partie d'une longue branche, le temps est d'autant plus long puisqu'il s'agit d'un problème de parcours de graphe. Ainsi, les appariements sont très coûteux en temps de calcul lorsqu'il y a très peu de correspondances possibles entre les bifurcations. Ensuite, la méthode a uniquement été testée avec des données provenant de deux fantômes radiologiques, ce qui ne peut justifier l'utilité clinique des résultats. Il faudrait ainsi évaluer et valider la méthode à l'aide d'ensemble de données réelles, dont les paramètres d'acquisition sont différents. Ceci permettrait d'en assurer la généralisation et l'utilité en contexte clinique. De plus, le temps de reconstruction pour un seul modèle est 102,85 secondes. Malgré l'exécution potentielle en contexte interventionnel, il serait pertinent d'apporter des améliorations et optimisations pour réduire

grandement le temps de calcul et ainsi justifier une utilisation en temps réel pour plusieurs reconstructions.

ANNEXE I

FILTRE HESSIEN MULTI-ÉCHELLES

Le filtre se base sur les valeurs propres de la matrice hessienne, qui est définie par l'équation suivante:

$$H = \begin{bmatrix} L_{xx} & L_{xy} & L_{xz} \\ L_{yx} & L_{yy} & L_{yz} \\ L_{zx} & L_{zy} & L_{zz} \end{bmatrix} \quad (I.1)$$

Les dérivées secondes partielles de l'image $L(x,y,z)$ sont représentées par les coefficients L . Par défaut, le filtre est applicable sur les images tridimensionnelles, mais est extensible à la deuxième dimension. Concrètement, la matrice hessienne représente les variations d'intensité entre les différents pixels de l'image 3D. Pour calculer cette matrice, on utilise une convolution gaussienne telle que présentée par l'équation suivante centrée au point \mathbf{x} :

$$\frac{\partial}{\partial x} L(\mathbf{x}, s) = s L(\mathbf{x}) * \frac{\partial}{\partial x} G(\mathbf{x}, s) \quad (I.2)$$

Le filtre est appliqué à plusieurs échelles pour permettre d'isoler les artères de différentes tailles. La taille du noyau de convolution gaussienne utilisé varie donc selon l'échelle choisie. Comme on souhaite obtenir les dérivées secondes pour calculer la matrice hessienne, on utilise l'équation gaussienne de degré D pour les évaluer de façon discrète:

$$G(\mathbf{x}, s) = \frac{1}{\sqrt{(2\pi s^2)^D}} e^{-\frac{\|\mathbf{x}\|^2}{2s^2}} \quad (I.3)$$

On fait varier le paramètre D pour obtenir les dérivées partielles du même ordre, soit 2 dans le cas de la matrice hessienne. En calculant des valeurs propres λ_k de la matrice hessienne puis en les ordonnant de manière décroissante, on obtient les directions dans lesquelles les dérivées secondes sont les plus élevées, ce qui peut correspondre à une structure tubulaire. À l'aide des trois valeurs propres, Frangi *et coll.* (1998) identifie deux ratios géométriques qui permettent de formuler la mesure de vascularité.

$$R_B = \frac{|\lambda_1|}{\sqrt{|\lambda_2 \lambda_3|}} \quad (I.4)$$

Le ratio R_b permet de déterminer la déviation d'une structure en forme de sphère. Par contre, il ne fait pas la nuance entre une structure linéaire et une structure en forme de cercle. Le second ratio est employé pour ainsi identifier les sections circulaires:

$$R_A = \frac{|\lambda_2|}{|\lambda_3|} \quad (I.5)$$

Une dernière mesure est également nécessaire pour éliminer l'impact du bruit et des artéfacts d'arrière-plan dans l'image. Cette mesure offre une réponse très basse pour les éléments d'arrière-plan où aucune structure tubulaire ne se trouve. Par opposition, les régions avec un haut contraste offrent une norme élevée.

$$S = \|H\|_F = \sqrt{\sum_{j \leq D} \lambda_j^2} \quad (I.6)$$

À l'aide des trois mesures précédentes, on définit la valeur de vascularité selon l'équation suivante:

$$V(s) = \begin{cases} 0 & \text{si } \lambda_2 > 0 \\ e^{\left(\frac{-R_b^2}{2b^2}\right)} \left(1 - e^{-\frac{s^2}{2c^2}}\right) & \end{cases} \quad (I.7)$$

Cette équation est adaptée pour les images 2D, et les paramètres b et c sont des seuils qui permettent de contrôler la sensibilité du filtre. Les valeurs normalisées V obtenues pour chaque pixel indiquent la probabilité qu'un pixel appartienne à une structure tubulaire.

ANNEXE II

RÉSULTATS 3D+T

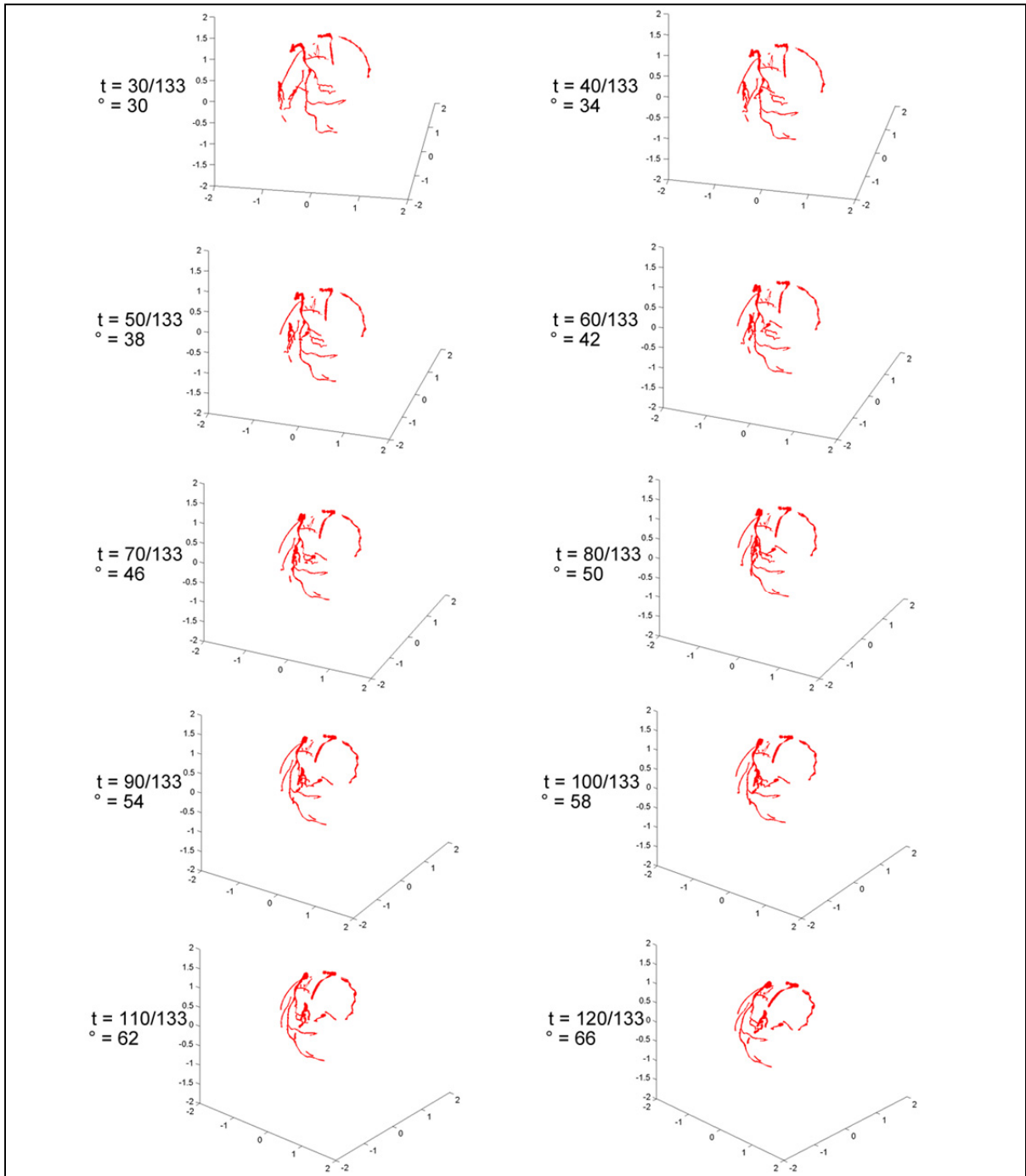


Figure II.1 Résultats 3D+t avec l'ensemble de données avec mouvement respiratoire.

ANNEXE III

PUBLICATION

Cette section contient l'article accepté pour la conférence ISSPA 2012 (*International Conference on Information Sciences, Signal Processing and their Applications*). L'article contient la méthode de segmentation multi-échelles proposée dans la méthodologie, et est publié dans *IEEE Xplore*.

© 2013 IEEE. Personal use of this material is permitted. Permission from IEEE must be obtained for all other uses, in any current or future media, including reprinting/republishing this material for advertising or promotional purposes, creating new collective works, for resale or redistribution to servers or lists, or reuse of any copyrighted component of this work in other works.

MULTI SCALE CLASSIFICATION APPROACH FOR CORONARY ARTERY DETECTION FROM X-RAY ANGIOGRAPHY

Mathieu Plourde, Luc Duong

Department of Software and IT Engineering, École de technologie supérieure, 1100 Notre-Dame St.
W., Montreal, Canada

ABSTRACT

X-ray angiography is currently the gold standard for navigation guidance during percutaneous coronary interventions. From X-ray angiography, robust automatic detection of coronary arteries would be of great interest during cardiac interventions. Multi scale Hessian-based filtering was proven successful to automatically detect vessels from X-ray angiography. However, other anatomical structures interfere greatly with the detection process and the result still contains many false positives. The goal of the project is to propose a novel machine learning-based method to improve Hessian-based coronary artery detection from X-ray angiography. The proposed method divides Hessian-filtered images in patches, uses feature extraction with a contour profiling algorithm, and classifies using Support Vector Machines. The method is applied recursively on the detected connected components using patches of different sizes to define the arteries. This scheme allows an improvement of robustness against noise and imaging artifacts.

Index terms – X-ray angiography, coronary arteries, image segmentation, machine learning

1. INTRODUCTION

Historically, cardiovascular diseases are the first cause of death in North America since many years. In the last decades, important developments were made in place to improve the survival rate of patients diagnosed with those pathologies. The gold standard for the diagnosis of cardiovascular diseases is X-ray angiography. A contrast agent is injected in the arteries of the patient, and a C-arm captures the images of the coronary arteries from many angles using X-rays. The sequences are typically consulted by cardiologists to diagnose the cardiac pathologies visible in the images. Recently, tools and methods have been developed to aid the cardiologists with the analysis of the angiographic sequences. One example of those methods is the 3-D reconstruction of the arteries, which help the cardiologists by offering a complete view of the coronary vessel tree. A multi step process is generally used to apply those kinds of methods, starting with a preprocessing phase on the angiographic sequences. Typically, the preprocessing aims at detecting

the coronary arteries and removing the noise and background artifacts. Hessian-based filters are generally effective at detecting arteries, but lack robustness for noise removal. The goal of this paper is to propose a novel machine-learning based method to improve Hessian-based coronary artery detection from X-ray angiography. Using pattern recognition and classification techniques, the method aims at coronary segmentation while removing most of the noise and artifacts. The technique is entirely automatic, and could thus be used in a real time interventional context.

2. PROBLEM STATEMENT

The main problem with manual segmentation methods employed by cardiologists is the subjectivity of the analysis. By manually analyzing angiographic sequences, the diagnosis greatly depends on the experience of the cardiologist and the amount of contrast agent injected. Because of the potential toxicity of the agent, its injection should be extremely limited to reduce the patient's risk. A robust automatic method would greatly reduce the quantity of contrast agent needed, along with reducing the subjectivity of the angiographic sequences evaluation.

The proposed technique also addresses problems of current preprocessing filters. First and foremost, state of the art Hessian-based filters do not remove enough noise to be used in a medical context. They generally have to be completed with other algorithms. One of the commonly used semi-automatic algorithms is the intelligent scissors [1] to outline vessel centerline interactively. The main drawback with semi-automatic methods is that they cannot be applied in real time, and they rely on a posteriori analysis. Some automatic methods have been proposed, but are generally computationally expensive and cannot be applied for real time purposes. A novel automatic technique for robust detection of coronary arteries is needed to mitigate the impact of those problems.

3. STATE OF THE ART

One of the main methods used for coronary artery segmentation is a Hessian-based filter proposed by Sato et al [2]. By using the eigenvectors and eigenvalues of the Hessian matrix, the filter computes the probability that

each pixel belongs to a tubular structure with a generalized measure of similarity for line enhancement filtering. To recover lines of different widths, a multi-scale approach is integrated and combines the filter responses. Therefore, the coronary arteries of multiple sizes can be segmented by varying the value of σ in the Gaussian convolution and maximizing the measure on each pixel. An example of the filter is shown in Figure 1.

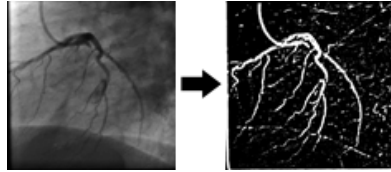


Figure 21. Image segmentation using *Sato* filter.
a) original image b) filtered image

The quality of the results and the computation time vary greatly depending on the scales used. Generally, the coronary arteries are well defined, but an important quantity of noise remains, as seen in Figure 1. An important modification to the previous algorithm is proposed by *Frangi* et al [3]. Instead of considering the two most important eigenvalues and eigenvectors, the new approach considers all of them. Additionally, the new vascularity measure is stated intuitively and geometrically, and considers two different second order ellipsoid ratios:

$$R_B = \frac{|\lambda_1|}{\sqrt{|\lambda_2 \lambda_3|}} \quad (1)$$

$$R_A = \frac{|\lambda_2|}{|\lambda_3|} \quad (2)$$

The first ratio is used to determine the deviation from blob-like structure, and the second helps for distinguishing plate-like from line-like structures. The 2-D vascularity measure is given by the following equation:

$$V_0(s) = \begin{cases} 0 & \text{if } \lambda_2 > 0 \\ e^{\left(\frac{-R_B^2}{2b^2}\right)} \left(1 - e^{-\frac{s^2}{2c^2}}\right) & \end{cases} \quad (3)$$

By using all of the eigenvectors and eigenvalues, the filter offers very good vessel enhancement and removes an important proportion of the noise and background. Still, some background artifacts are wrongly enhanced as if they were part of tubular structures. Plus, some discontinuities are visible in the enhanced tubular structures. To remove the discontinuities, diffusion filters are generally applied to smooth the enhanced arteries of the Hessian-based filters. The filter brought by *Manniesing* et al. [4] combines a diffusion tensor with the *Frangi* filter to apply a directional blur along the eigenvectors of the Hessian matrix. The method would improve detection significantly, but is computationally

expensive and thus cannot be used effectively in an interventional context.

4. METHODOLOGY

4.1. Data acquisition

The data used for the experiments is acquired with a Siemens Artis C-arm fluoroscopic system (Erlangen, Germany) that captures angiographic biplane sequences. Each sequence is composed of 130 images from 2 distinct angles. The images are grayscale and 512 pixels of width and height. The sequences are from 12 real patients datasets. Apart from real data, a coronary phantom angiographic dataset simulated using rotational sequences from CAVAREV [5] is used.

4.2. Image patches

The main objective of the technique is to find a fine and clear discriminative function in which each pixel is classified according to their membership to an artery or not. Classifying a large number of pixels can generally be computationally inefficient and does not consider the relative surrounding of each pixel.

An image patches approach is used to mitigate the impacts of that problem. Furthermore, the feature extraction is simplified because it is strictly limited to the concerned n by n pixels patch. In the specific case of the angiographic images used in the experiments, it has been determined using a greedy method that an initial patch size of 16 by 16 pixels is optimal. Therefore, only 1024 regions need to be classified instead of the 512^2 pixels. This 99,6% decrease greatly improves the computation time. Visually, an example of a broken up image is presented in Figure 2:

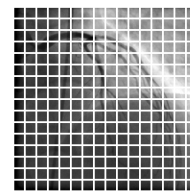


Figure 22. X-ray image fragmented into square patches

Each square of the previous figure represents a region to classify. The patches do not overlap and do not share any of their pixels, reducing the computation time by a large factor.

4.3. Feature selection

First, the Hessian-based *Frangi* filter is applied to the angiographic images in order to have a prior estimation of vessel spatial location in the image. This Hessian-based filter provides a coarse detection of elongated structures, as shown in Figure 5. Even though some techniques of vessel enhancing diffusion are more effective, they lack



the speed required for real time computations. The result of this step is a 512 pixels wide grayscale square image with intensities ranging from 0 to 255. The image is then split into 16 pixels wide square patches.

The first step is to perform a binarization of the original image using a very conservative threshold value. In our experiments, we considered every pixel with an intensity over a threshold of 50%. The following figure shows a 16 pixels wide patch treated with the *Frangi* filter and the binarization step:



Figure 23. Preprocessing. a) original patch b) *Frangi* filtered patch c) binarized patch

The second step is to resize the patch at its optimal dimensions. For the current angiographic datasets, it has been experimentally determined that the patch size offering the lowest overlap rate of around 10% with the training data is 30 by 30. Third, features were extracted based on the idea of outer contour profiles [6].

The outer contour profiling method [6] is typically used for character recognition, but is also efficient for detection of structures that contain a low amount of pronounced curves and inner regions, such as arteries. The main advantage of the method is that the shape of the artery is modeled in a vector that contains fewer features than the number of pixels in the patch. The calculation time is greatly reduced by using this feature vector instead of the pixel intensities of the binarized patch. The following figure represents a simplified example of the results of the profiling method for the vertical and horizontal profiles:

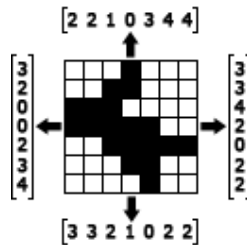


Figure 24. Contour profiles example

As shown in the last figure, the algorithm counts in a linear fashion the number of white pixels between the edge of the image and the first encountered black pixel. It is calculated for each pixel along the top, left, right, and bottom edge of the image patch. Therefore, there are as many distance values as the sum of the lengths of the four edges. In Figure 4, that total number is 28 because the image has a width and height of 7 pixels, and $7*4=28$. Once those values are computed, they are stored in a one dimensional feature vector representing the image patch. The same algorithm is applied on the binarized image patches containing the arteries. Since the width and height is 30 pixels, the feature vector of each patch

contains 120 features. The tubular structure of coronary arteries minimizes the number of inner regions, which makes the outer contour profiling method robust for feature extraction. Representing a shape in this manner makes the feature vector dependant to rotation, but with a high number of image patches, arteries of each size and orientation should be present in the training data.

4.4. Training data generation

Since this classification problem is composed of two classes, training data has to be generated and labeled from the datasets. To do such, the noise is manually removed from the angiographic sequences preprocessed with the *Frangi* filter. Figure 5 shows an example of the manual segmentation of the coronary arteries:

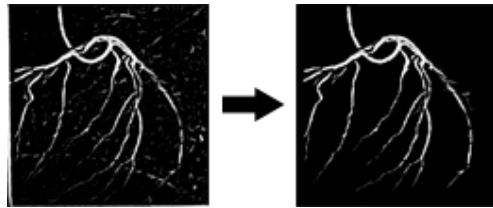


Figure 25. Manual segmentation. a) *Frangi* filtered image b) segmented image

This resulting image is considered as the reference image for identifying which class a pixel patch belongs to. The original angiographic image is then divided in $n=16$ pixels wide square patches with the method presented earlier. Each patch is compared to its equivalent region in the reference image, and if the region contains at least one white pixel, the patch is labeled as a coronary artery. If the region on the manually segmented image contains black pixels only, the corresponding patch on the original angiographic image is labeled as noise.

A total of twenty randomly selected angiographic images of different datasets are manually segmented in order to label the patches of the original image. Since there is a total of 1024 patches per image, it has been experimentally shown that the resulting 20480 training patches are sufficient for the learning phase of the algorithm. 4172 of the patches contain arteries, while the remaining 16308 contain background information. By using more training data, the computation time is greatly increased with a negligible classification gain.

4.5. Principal component analysis

To reduce the computation time and the dimensionality, a principal component analysis (PCA) is applied on the 120 feature vectors. To determine the optimal number of features for the resulting data, a greedy method is used to find a local optimum. The dimensionality reduction is applied on all the training data and the overlap metric is used for comparing the results. The original overlap value for the 120 features is 5,93%. The goal is to reduce this

rate with the principal component analysis, as shown in the following table.

| Number of principal components | Overlap |
|--------------------------------|--------------|
| 25 | 6,05% |
| 30 | 5,87% |
| 36 | 5,74% |
| 40 | 5,86% |
| 45 | 5,86% |

Table 1. Feature selection by PCA

The optimal number of projected features is 36, with an overlap rate of 5,74%. Therefore, the rest of the method presented is applied on the projected data resulting from the principal component analysis with 36 features.

4.6. SVM

The selected method for the classification of the samples is Support Vector Machine (SVM) [7]. SVM is a binary supervised learning technique well-adapted for the current vessel/background classification problem. Recently, its use has been proven very useful in various domains including medical imaging. Even though the training step is computationally expensive, the testing phase is more efficient than other supervised learning methods such as k-NN. Plus, SVM offers more robust results than k-NN, naïve Bayes classifier, and other common methods on a two-class problem.

The main purpose of the SVM is to find an optimal frontier to split the learning samples of two different classes by maximizing the separating margin between the two classes. For each test sample, the following equation is computed for classification:

$$\sum_{i=1}^m y_i a_i K(x_i, x) + b \quad (4)$$

The y_i parameter represents the class label of the training sample x_i . The possible values are therefore -1 and 1 as the current problem contains two classes. The support vector coefficient is represented by a_i , while the bias is represented by b . With only two classes, the sign of the result identifies the class of the sample. The kernel used in the current method is a Gaussian kernel:

$$K(x_i, x_j) = e^{-\gamma \|x_i - x_j\|^2} \quad (5)$$

Parameters x_i and x_j respectively represent the training sample and the test sample. The values of C and γ parameters are obtained by minimizing the error rate in the training phase using a greedy algorithm. The 20480 training patches are split in two groups for the optimization of the parameters. 13654 samples (approximately 66,67%) are used for the learning part, while the remaining 6826 (approximately 33,33%) are

used for the testing part. The results of the C parameter optimization are shown in Figure 6:

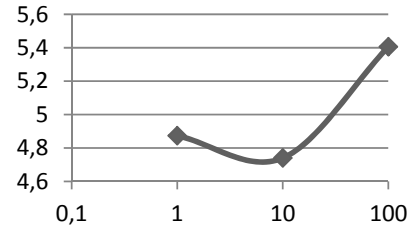


Figure 26. Error rate (%) vs C value

With the greedy algorithm and a γ value of $1 \cdot 10^{-4}$, the optimal C value is 10. It has also been demonstrated experimentally that with other γ values, the error rates follow the same scheme.

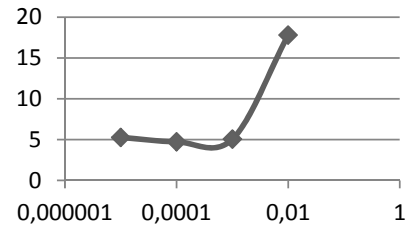


Figure 27. Error rate (%) vs γ value

The results of Figure 7 were generated using the optimal C value of 10. The optimal error rate is 4,74%, and is obtained with a γ of $1 \cdot 10^{-4}$. The total optimization time using MATLAB and a laptop computer is around 85 seconds. Since the optimal parameters are only calculated once, the computation does not have to be done in real time.

4.7. Preliminary classification

To test the classification of the SVM, 50 randomly selected angiographic images are used, for a total of 51200 patches as the testing set. It is important to mention that the 50 images are selected from the twelve different datasets, and are different than the ones used in the training phase. The coronary arteries are manually segmented and labeled in order to be able to compute the error rate of the method.

First of all, the SVM is trained with the optimal parameters and the training dataset of 20480 patches, for an execution time of 150,2 seconds.

In the test phase, the average error rate of the 51200 test patches is 14,64%, and the average classification time of a 512 by 512 image is 4,7 seconds. This percentage represents the number of patches that are misclassified. Visually, the result of the classification on one of the fifty pictures is shown in Figure 8. In the left picture of the figure is shown the *Frangi* filtered image with the patches

classified as noise replaced by black patches. Therefore, all pixels that are not black are contained in a 16 by 16 patch that was classified as a coronary artery.



Figure 28. Classification with 16 by 16 patches.

However, even if this approach alone provides a fair segmentation result, aliasing is very common along the arteries because 16 by 16 patches are way too large to define a precise linear artery, as shown in Figure 8. For comparison purposes, a classification result with 2 by 2 patches is presented in Figure 9:

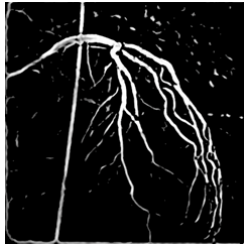


Figure 29. Classification result with 2 by 2 patches

First of all, the arteries are very well defined without any aliasing, but almost no noise is removed. A method that combines the noise removal of the large scale patches and the artery definition of the small ones would greatly improve the results. That approach is the main contribution of this research, and is presented in the following subsection.

4.8. Multi scale connected component algorithm

By using many scales for the sizes of the patches, it is possible to attain excellent results without too much impending noise. First of all, instead of splitting the images in n by n patches, we split them with inferior powers of two, such as $n/2$, $n/4$ and $n/8$. Interestingly, the classification can still be done without having to train the system with the new patches. By resizing the small patches to n by n , the same trained SVM can be used for classification. Since the training dataset contains arteries of various sizes and orientations, it is safe to assume that the resized smaller patches are very similar to the original 16 by 16 patches with which the SVM was trained. This hypothesis is verified by the results obtained with the experiments.

The main problem of the multi scale approach is to be able to merge the fine vessel segmentation of the small patches, while keeping the absence of noise from the bigger patches. To achieve this, the developed method

uses a twofold connected component approach. The first part is additive, and helps define the arteries detected with the bigger patches. Therefore, the classification is applied on all the n by n image patches. From the result, we reconstruct the image and identify the connected components. A connected component is represented by a group of adjacent patches that are classified as arteries. From the n by n patches connected components, the classification is reapplied on the outer edges with the smaller scale. Visually, this step is demonstrated in Figure 10:

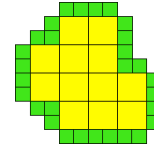


Figure 30. Additive approach.

The big squares are n by n patches assembled as a connected component, while the small squares are $n/2$ by $n/2$ patches. By reapplying the classification on the outer edges of the already detected artery, the aliasing is smoothed and the artery is defined. Since the approach is only applied on the edges of the connected components, not every patch has to be classified, which greatly reduces the computation time while preventing noise inclusion. That same approach is applied iteratively from n by n patches to $n/8$ by $n/8$ patches.

The second part is subtractive and helps the removal of noise in the detected patches. Because arteries almost never completely fill the big patches, a good part of it is actually noise. It is therefore needed to apply the same classification on the inner edges of the n by n patches connected components. This time, instead of adding patches, we remove the $n/2$ by $n/2$ patches that are detected as noise, as shown in Figure 11:

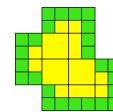


Figure 31. Subtractive approach

The smaller green squares represent the inner edges of the bigger yellow squares. If one of those $n/2$ by $n/2$ patches is identified as noise, it is removed from the final result. This approach is applied iteratively from n by n to $n/8$ by $n/8$ patches. Since only the inner edges are reclassified, the computation time is optimized.

RESULTS AND VALIDATION

By using the proposed multi scale method, the angiographic images can be classified with improved results. The same 51200 image patches testing set as before is used for the results of the multi scale approach. As mentioned before, those patches are different than the ones used in the training phase. The different scales used for the images patches are: [16, 8, 4, 2]. Therefore, the

classification uses 16 by 16 patches to classify the whole image. Then, the following scales patches are used iteratively in order to reclassify the outer and inner edges of the connected components. Visually, a comparison of the results with 16 by 16 patches and the multi scale approach is shown in Figure 12:



Figure 32. Results comparison. a) aliased arteries with 16 by 16 patches b) smooth arteries with multiple scales

We can clearly see that the results are almost perfectly defined with little to no noise on the right image, which represents the multi scale approach. Figure 13 shows a similar comparison, highlighting classification errors with red patches:

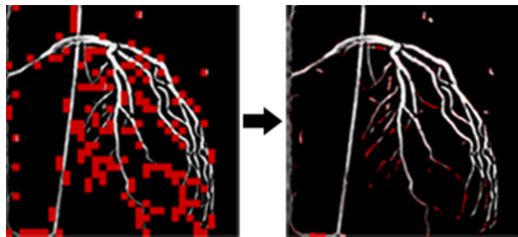


Figure 33. Classification errors a) errors with 16 by 16 patches b) errors with the multi scale approach

As shown in the images, there are few classification errors with the multi scale approach. The error rate goes down from 14,64% with 16 by 16 patches to 2,23% with the multiple scales. The computation times (of a single image) and error rates are presented in the following table:

| <i>Scales :</i> | 16 | 16,8 | 16,8,4 | 16,8,4,2 |
|-------------------|--------------|-------|--------|--------------|
| Time | 4,70s | 5,84s | 14,11s | 33,02s |
| Error rate | 14,64% | 8,78% | 4,19% | 2,23% |

Table 2. Classification errors and computation time

The classification times are reported in Table 2 using unoptimized MATLAB code with a laptop computer. Therefore, the 33,02 seconds of computation for a single image could be greatly reduced using dedicated hardware and parallelism or GPU acceleration. Nevertheless, the results are very promising with a 2,23% classification error with 12 angiographic datasets.



Figure 34. Before and after

In Figure 14 is shown the before and after image of the multi scale approach. The left image is a simple binarized *Frangi* filtered angiographic image, while the right one is a binarized result of the multi scale algorithm. We can clearly see that the artery definition is mostly improved on the right frame, while almost all the noise is removed.

Since the datasets used are acquired with the same device, the multi scale classification method was applied on the CAVAREV dataset to determine the generalization capabilities. Since the contrast is very different on that phantom dataset, the Hessian filter parameters have to be adjusted to obtain an initial artery segmentation. The obtained classification error rate is 4,17%, which is a bit higher than the results obtained with the actual dataset. This gap can be explained because the coronary arteries are less visible in the CAVAREV dataset. Since the intensity difference is lower between the background artifacts and the coronary arteries, the proposed algorithm offers less impressive results. Nevertheless, it has been observed that the multi scale connected component classification algorithm presented in this paper has very good generalization capabilities.

In conclusion, the multi scale connected component method presented in this paper is a great addition to the classic Hessian-based filters traditionally used. With an accurate artery definition and noise removal, the results of the classification can easily serve as an entry point for 3-D reconstructions and other applications. The next step of the research will be the improvement of the computation time for real time use with parallelism and code optimization.

REFERENCES

- [1] E.N. Mortensen, and W.A. Barrett, "Intelligent scissors for image composition", *SIGGRAPH 1995*, p. 191–198, 1995.
- [2] Y. Sato, S. Nakajima, N. Shiraga, H. Atsumi, S. Toshida, T. Koller, G. Geric, and R. Kikinis, "3D multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images", In *Medical Image Analysis*, p. 143–68, 1998.
- [3] A.F. Frangi, W.J. Niessen, K.L. Vinchen, and M.A. Viergever, "Multiscale vessel enhancement filtering", In *Lect Notes Comput Sci*, p. 130–137, 1998.
- [4] R. Manniesing, M.A. Viergever, and W. Niessen, "Vessel enhancing diffusion: A scale space representation of vessel structures", In *Medical Image Analysis*, p. 815-825, 2006.
- [5] C. Rohkohl, G. Lauritsch, A. Keil, and J. Hornegger, "CAVAREV - An Open Platform for Evaluating 3D and 4D Cardiac Vasculature Reconstruction", *Physics in Medicine and Biology*, vol. 55, p. 2905-2915, 2010.
- [6] O.D. Trier, A.K. Jain, and T. Taxt, "Feature extraction methods for character recognition - A survey", *Pattern Recognition*, vol. 29, p. 641-662, 1996.
- [7] C. Cortes, and V. Vapnik, "Support Vector Networks", In *Machine Learning*, vol. 20, p. 273-297, 1995.

BIBLIOGRAPHIE

- Andriotis, A., Zifan, A., Gavaises, M., Liatsis, P., Pantos, I., Theodorakakos, A., ... & Katritsis, D. (2008). A new method of three-dimensional coronary artery reconstruction from X-ray angiography: Validation against a virtual phantom and multislice computed tomography. *Catheterization and Cardiovascular Interventions*, 71(1), 28-43.
- Ashley, E. A., & Niebauer, J. (2004). *Cardiology explained*. Remedica Pub Limited.
- Avriel, M. (2003). *Nonlinear programming: analysis and methods*. Dover Publications.
- Baeza-Yates, R., & Ribeiro-Neto, B. (1999). *Modern information retrieval* (Vol. 463). New York.: ACM press.
- Bellman, R. (1961). *Adaptive control processes: a guided tour* Princeton University Press. *Princeton, New Jersey, USA*.
- Blondel, C., Vaillant, R., Malandain, G., & Ayache, N. (2004). 3D tomographic reconstruction of coronary arteries using a precomputed 4D motion field. *Physics in medicine and biology*, 49(11), 2197.
- Blondel, C., Malandain, G., Vaillant, R., & Ayache, N. (2006). Reconstruction of coronary arteries from a single rotational X-ray projection sequence. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 25(5), 653-663.
- Broyden, C. G. (1970). The convergence of a class of double-rank minimization algorithms 1. general considerations. *IMA Journal of Applied Mathematics*, 6(1), 76-90.
- Canny, J. (1986). A computational approach to edge detection. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, (6), 679-698.
- Chan, T. F., & Vese, L. A. (2001). Active contours without edges. *Image Processing, IEEE Transactions on*, 10(2), 266-277.
- Chen, S. J., & Carroll, J. D. (2000). 3-D reconstruction of coronary arterial tree to optimize angiographic visualization. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 19(4), 318-336.
- Cormen, T. H., Leiserson, C. E., Rivest, R. L., & Stein, C. (2001). *Introduction to algorithms*. MIT press.
- Cortes, C., & Vapnik, V. (1995). Support-vector networks. *Machine learning*, 20(3), 273-297.

- Cover, T., & Hart, P. (1967). Nearest neighbor pattern classification. *Information Theory, IEEE Transactions on*, 13(1), 21-27.
- Dagum, P., Green, G. R., Nistal, F. J., Daughters, G. T., Timek, T. A., Foppiano, L. E., ... & Miller, D. C. (1999). Deformational dynamics of the aortic root: modes and physiologic determinants. *Circulation*, 100(suppl 2), II-54.
- Davidon, W. C. (1991). Variable metric method for minimization. *SIAM Journal on Optimization*, 1(1), 1-17.
- Dijkstra, E. W. (1959). A note on two problems in connexion with graphs. *Numerische mathematik*, 1(1), 269-271.
- Empen, K., Kuon, E., Hummel, A., Gebauer, C., Dörr, M., Könemann, R., ... & Felix, S. B. (2010). Comparison of rotational with conventional coronary angiography. *American heart journal*, 160(3), 552-563.
- Faugeras, O. (1993). *Three-dimensional computer vision*. MIT press.
- Feldkamp, L. A., Davis, L. C., & Kress, J. W. (1984). Practical cone-beam algorithm. *JOSA A*, 1(6), 612-619.
- Fletcher, R. (1970). A new approach to variable metric algorithms. *The computer journal*, 13(3), 317-322.
- Ford, E. S., Ajani, U. A., Croft, J. B., Critchley, J. A., Labarthe, D. R., Kottke, T. E., ... & Capewell, S. (2007). Explaining the decrease in US deaths from coronary disease, 1980–2000. *New England Journal of Medicine*, 356(23), 2388-2398.
- Frangi, A., Niessen, W., Vincken, K., & Viergever, M. (1998). Multiscale vessel enhancement filtering. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention—MICCAI'98*, 130-137.
- Goldfarb, D. (1970). A family of variable metric methods derived by variational means. *Mathematics of computation*, 24(109), 23-26.
- Grech, M., Debono, J., Xuereb, R. G., Fenech, A., & Grech, V. (2012). A comparison between dual axis rotational coronary angiography and conventional coronary angiography. *Catheterization and Cardiovascular Interventions*.

- Habert, S., Dahdah, N., & Cheriet, F. (2012). A novel method for an automatic 3D reconstruction of coronary arteries from angiographic images. In *Information Science, Signal Processing and their Applications (ISSPA), 2012* (pp. 484-489). IEEE.
- Hansis, E., Dossel, O., & Grass, M. (2008). Motion-compensated iterative sparse data reconstruction for interventional 3-D coronary artery imaging. In *Nuclear Science Symposium Conference Record, 2008.* (pp. 4280-4284). IEEE.
- Hansis, E., Schafer, D., Dossel, O., & Grass, M. (2008). Evaluation of iterative sparse object reconstruction from few projections for 3-D rotational coronary angiography. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 27(11), 1548-1555.
- Hartley, R., & Zisserman, A. (2000). *Multiple view geometry in computer vision*(Vol. 2). Cambridge.
- Hestenes, M. R., & Stiefel, E. (1952). Methods of conjugate gradients for solving linear systems. *Journal of Research of the National Bureau of Standards* 49 (6), 409-436
- Holub, W., Rohkohl, C., Schuldhaus, D., Prümmer, M., Lauritsch, G., & Hornegger, J. (2011, March). 4D motion animation of coronary arteries from rotational angiography. In *SPIE Medical Imaging* (pp. 79641S-79641S). International Society for Optics and Photonics.
- Jain, A. K. (1989). *Fundamentals of digital image processing* (Vol. 569). Englewood Cliffs, NJ:: Prentice hall.
- Jandt, U., Schafer, D., Grass, M., & Rasche, V. (2009). Automatic generation of 3D coronary artery centerlines using rotational X-ray angiography. *Medical Image Analysis*, 13(6), 846.
- Kass, M., Witkin, A., & Terzopoulos, D. (1988). Snakes: Active contour models. *International journal of computer vision*, 1(4), 321-331.
- Lewis, J. H., & Jiang, S. B. (2009). A theoretical model for respiratory motion artifacts in free-breathing CT scans. *Physics in medicine and biology*, 54(3), 745.
- Li, M., Kudo, H., Hu, J., & Johnson, R. H. (2004). Improved iterative algorithm for sparse object reconstruction and its performance evaluation with micro-CT data. *Nuclear Science, IEEE Transactions on*, 51(3), 659-666.
- Lujan, A. E., Larsen, E. W., Balter, J. M., & Ten Haken, R. K. (1999). A method for incorporating organ motion due to breathing into 3D dose calculations. *Medical physics*, 26, 715.

- Marieb, E. N. (2005). Anatomie et physiologie humaines: adaptation de la 6^e édition américaine. *Edition Pearson éducation*, 1011-10115.
- Mendis S., Puska P., & Norrving B. (2011). Global Atlas of Cardiovascular Diseases Prevention and Control, *World Health Organization*.
- M'hiri, F., Hoang, N. L. T., Duong, L., & Cheriet, M. (2012). A new adaptive framework for tubular structures segmentation in X-ray angiography. In *Information Science, Signal Processing and their Applications (ISSPA), 2012* (pp. 496-500). IEEE.
- Moore, K. L., & Dalley, A. F. (2006). *Anatomie médicale: aspects fondamentaux et applications cliniques*. De Boeck Université.
- Mortensen, E. N., & Barrett, W. A. (1995). Intelligent scissors for image composition. In *Proceedings of the 22nd annual conference on Computer graphics and interactive techniques* (pp. 191-198). ACM.
- Mourgues, F., Devernay, F., Malandain, G., & Coste-Manière, È. (2001). 3D+t modeling of coronary artery tree from standard non simultaneous angiograms. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention—MICCAI 2001*(pp. 1320-1322). Springer Berlin/Heidelberg.
- Movassaghi, B., Rasche, V., Grass, M., Viergever, M. A., & Niessen, W. J. (2004). A quantitative analysis of 3-D coronary modeling from two or more projection images. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 23(12), 1517-1531.
- Neubauer, A. M., Garcia, J. A., Messenger, J. C., Hansis, E., Kim, M. S., Klein, A. J., ... & Carroll, J. D. (2010). Clinical Feasibility of a Fully Automated 3D Reconstruction of Rotational Coronary X-Ray Angiograms. In *Circulation: Cardiovascular Interventions*, 3(1), 71-79.
- Palagyi, K., Balogh, E., Kuba, A., Halmai, C., Erdöhelyi, B., Sorantin, E., & Hausegger, K. (2001). A sequential 3D thinning algorithm and its medical applications. In *Information Processing in Medical Imaging* (pp. 409-415). Springer Berlin/Heidelberg.
- Pearson, K. (1901). LIII. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science*, 2(11), 559-572.
- Roger, V. L., Go, A. S., Lloyd-Jones, D. M., Adams, R. J., Berry, J. D., Brown, T. M., ... & Wylie-Rosett, J. (2011). Heart Disease and Stroke Statistics—2011 Update. *Circulation*, 123(4), e18-e209.

- Rohkohl, C., Lauritsch, G., Prümmer, M., & Hornegger, J. (2009). Interventional 4-D motion estimation and reconstruction of cardiac vasculature without motion periodicity assumption. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention—MICCAI 2009*, 132-139.
- Rohkohl, C., Lauritsch, G., Keil, A., & Hornegger, J. (2010). CAVAREV—an open platform for evaluating 3D and 4D cardiac vasculature reconstruction. *Physics in medicine and biology*, 55(10), 2905.
- Sato, Y., Nakajima, S., Atsumi, H., Koller, T., Gerig, G., Yoshida, S., & Kikinis, R. (1997). 3D multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images. In *CVRMed-MRCAS'97* (pp. 213-222). Springer Berlin/Heidelberg.
- Serra, J. (1982). *Image analysis and mathematical morphology*. London.: Academic Press.
- Schafer, D., Borgert, J., Rasche, V., & Grass, M. (2006). Motion-compensated and gated cone beam filtered back-projection for 3-D rotational X-ray angiography. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 25(7), 898-906.
- Shanno, D. F. (1970). Conditioning of quasi-Newton methods for function minimization. *Mathematics of computation*, 24(111), 647-656.
- Shechter, G., Devernay, F., Coste-Manière, E., Quyyumi, A., & McVeigh, E. R. (2003). Three-dimensional motion tracking of coronary arteries in biplane cineangiograms. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 22(4), 493-503.
- Shechter, G., Ozturk, C., Resar, J. R., & McVeigh, E. R. (2004). Respiratory motion of the heart from free breathing coronary angiograms. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 23(8), 1046-1056.
- Shechter, G., Shechter, B., Resar, J. R., & Beyar, R. (2005). Prospective motion correction of X-ray images for coronary interventions. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 24(4), 441-450.
- Shechter, G., Resar, J. R., & McVeigh, E. R. (2006). Displacement and velocity of the coronary arteries: cardiac and respiratory motion. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 25(3), 369-375.
- Sum, K. W., & Cheung, P. Y. (2008). Vessel extraction under non-uniform illumination: A level set approach. *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on*, 55(1), 358-360.

- Sun, Y., Liu, I., & Grady, J. K. (1994). Reconstruction of 3-D binary tree-like structures from three mutually orthogonal projections. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 16(3), 241-248.
- Tanner, C., Carter, T., Hawkes, D., & Székely, G. (2010, March). Cylindrical affine transformation model for image registration. In *Proceedings of SPIE* (Vol. 7623, p. 76232P).
- Due Trier, Ø., Jain, A. K., & Taxt, T. (1996). Feature extraction methods for character recognition—a survey. *Pattern recognition*, 29(4), 641-662.
- Triggs, B., McLauchlan, P., Hartley, R., & Fitzgibbon, A. (2000). Bundle adjustment—a modern synthesis. *Vision algorithms: theory and practice*, 153-177.
- van der Molen, A., Thomsen, H., & Morcos, S. (2004). Effect of iodinated contrast media on thyroid function in adults. *European radiology*, 14(5), 902-907.
- Ye, Y. (1999). Interior Point Algorithms: Theory and Analysis. *IIE Transactions*, 31, 275-285.
- Zheng, S., Meiying, T., & Jian, S. (2010). Sequential reconstruction of vessel skeletons from X-ray coronary angiographic sequences. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 34(5), 333-345.