

République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère de l'Enseignement Supérieure et de la recherche Scientifique

Université de Mostaganem



Faculté des Sciences et Sciences de l'Ingénieur

Mémoire de Magister

Spécialité : Electronique

Option: Signaux & Applications

Présenté par :

SOLTANE BENALLOU Abdelkader

Thème

***Décomposition d'une séquence d'images
du cœur en composantes sanguines et
tissulaires en tomographie d'émission
par positrons***

Composition du jury :

Président :

Dr. Abdelkader Boukort M.C. Université de Mostaganem

Examineurs:

Dr. Abdellah Yagoubi M.C. Université de Mostaganem

Dr. Ahmed Benotsmane M.C. Université de Mostaganem

Rapporteurs :

Dr. Malika Mimi Professeur Université de Mostaganem

Dr. M'hamed Bentourkia Professeur Université de Sherbrooke (Canada)

Abstract

Linear Dimension Reduction method (LDR) is a classification technique, based on space projections. It is considered as an alternative technique to principal component analysis and region of interest methods. These latter methods, usually, used to extract physiological component parameters of interest in medical imaging.

This project consisted in reviewing the fundamental mathematical aspect of this method, followed by its algorithmic procedure. This algorithm has been used in this thesis to decompose a sequence of rat heart dynamic images into tissue and blood components with minimum noise. The dynamic resulting images were subsequently used in kinetic modeling to assess physiological parameters. The dynamic images were measured with positron emission tomography (PET) technique.

Keywords: *Linear Dimension Reduction, Medical imaging, Positron emission tomography, Cardiology.*

Résumé

La Méthode de la Réduction Linéaire des Dimensions (Linear Dimension Reduction, LDR) repose sur le principe de la classification par projection entre espaces vectoriels. C'est une technique alternative pour simplifier les calculs de l'analyse en composantes principales et des régions d'intérêt, des méthodes utilisées souvent dans le traitement automatique des séquences d'images médicales en vue d'extraire le plus efficacement possible les paramètres physiologiques nécessaires au diagnostic.

Dans ce travail, nous révisons l'aspect théorique fondamental de la méthode suivi de sa démarche algorithmique. L'application de la technique est effectuée par la suite dans la décomposition d'une série d'images dynamiques du cœur du rat acquise en tomographie d'émission par positrons, en composantes sanguine et tissulaire avec un bruit optimal. La décomposition des images tomographiques permet une simplification des procédures des analyses quantitatives en TEP.

Mots-clés : Réduction Linéaire des Dimensions, Imagerie médicale, Tomographie d'émission par positrons, Cardiologie.

Remerciements

En premier lieu, je tiens à exprimer toute ma très profonde reconnaissance à mon encadreur, Mme Malika Mimi, Professeur à l'Université de Mostaganem, pour son apport et son soutien constant tout le long de la préparation du présent travail. Aussi toutes mes félicitations sont exprimées pour ses compétences scientifiques, son enthousiasme et sa générosité.

Je tiens à remercier aussi Monsieur le Professeur M'hamed Bentourkia chercheur à l'Université de Sherbrooke, Canada, mon co-encadreur. Grâce à sa proposition du présent sujet, j'ai pu découvrir le monde attrayant de l'application des mathématiques dans le domaine du traitement des images. Je lui exprime ma reconnaissance pour ses conseils, son apport avec les calculs et les mesures, et son aide pendant le temps de la réalisation du présent travail.

Je tiens aussi à remercier tous les enseignants ayant contribué à ma formation de la post-graduation à l'Université de Mostaganem.

Dédicace

Je dédie ce modeste mémoire

A la mémoire de ma chère mère.

A ma petite et grande famille qui m'ont encouragé et m'ont soutenu à préparer le présent mémoire. J'espère qu'ils trouveront dans ce travail toute ma reconnaissance.

A mes cousins et amis pour leur soutien moral.

A toute personne m'ayant aidé de prêt ou de loin à l'élaboration de ce travail.



Chapitre I : Tomographie

| | |
|---|----|
| Fig.I.1: Principe de base d'un Cyclotron..... | 10 |
| Fig.I.2: Désintégration du positron et réaction d'annihilation..... | 11 |
| Fig.I.3: Principe de fonctionnement d'un détecteur..... | 13 |
| Fig.I.4: Les différents modules d'un tomographe..... | 14 |
| Fig.I.5: Nature des événements enregistrés en mode de coïncidence..... | 16 |
| Fig.I.6: Technique de rangement des données..... | 18 |
| Fig.I.7: Variation de la sensibilité en mode 3D..... | 18 |
| Fig.I.8: Principe de la reconstruction des images..... | 20 |
| Fig.I.9: Concentrations des molécules radioactives dans un élément de volume | 24 |

Chapitre II : Les images

| | |
|--|----|
| Fig.II.1 : Description anatomique du cœur..... | 30 |
| Fig.II.2: Etude d'une séquence d'images dynamiques..... | 32 |
| Fig.II.3: Traçage d'une région d'intérêt ROI..... | 33 |
| Fig.II.4: Décomposition d'une séquence d'images..... | 36 |
| Fig.II.5: Un sous-espace des données non bruitées, issu de l'analyse orthogonale | 38 |
| ... | |

Chapitre III : La Méthode de la Réduction Linéaire de Dimension

| | |
|--|----|
| Fig.III.1. Vecteur de la variante pure résultant par projection orthogonale..... | 46 |
|--|----|

Chapitre IV : Expérimentations et discussion des résultats

| | |
|---|----|
| Fig.IV.1 : Une séquence de 22 images mesurées du cœur de rat..... | 52 |
| Fig.IV.2 : Région d'intérêt déterminant le contenu à étudier de l'image mesurée ... | 52 |
| Fig.IV.3 : Les deux régions tracées, limitants le contenu des variantes et des covariantes sur les images mesurées | 53 |



Liste des figures

vi

| | |
|---|----|
| Fig.IV.4 : Courbes temps activité du sang et tissu issues des ROIs, avant l'application de l'algorithme sur les images mesurées..... | 54 |
| FigIV.5 : Les images facteurs résultants de l'application de la méthode LDR sur les images mesurées | 55 |
| Fig.IV.6 Courbes temps activité du sang (rouge) et tissu (bleu) issues des sur les images simulées avant l'application de l'algorithme | 57 |
| FigIV.09 : Les images facteurs résultants de l'application de la méthode LDR sur Les images simulées | 57 |



Liste des tableaux

Chapitre I : Tomographie

| | |
|---|----|
| Tableau I.1 : Caractéristiques physiques des principaux isotopes émetteurs de positrons utilisés en TEP..... | 08 |
|---|----|



La table des matières

| | |
|-----------------------------------|-----------|
| Abstract..... | i |
| Remerciements..... | iii |
| Dédicaces..... | iv |
| Listes des figures..... | v |
| Listes des tableaux..... | vi |
| Introduction générale..... | 01 |

Chapitre I : Tomographie **05**

| | |
|---|----|
| I.1 Introduction | 06 |
| I.2 Définition de la TEP..... | 07 |
| I.3 Principes physiques de la TEP | 07 |
| I.3.1 Le positron..... | 07 |
| I.3.2 Les émetteurs β^+ | 07 |
| I.3.3 Production des émetteurs β^+ | 09 |
| I.3.3.1 La Demi-vie | 08 |
| I.3.4 Le cyclotron | 09 |
| I.3.5 L'annihilation des positrons | 10 |
| I.3.6 Les radiotraceurs | 11 |
| I.3.7 Les détecteurs..... | 12 |
| I.3.8 Les tomographes..... | 13 |
| I.3.8.1 Caractéristiques physiques des tomographes..... | 13 |
| I.3.9 La détection en coïncidence | 14 |
| I.3.9.1 Temps morts..... | 15 |
| I.3.9.2 Ligne de réponse..... | 15 |
| I.3.9.3 Temps de vols..... | 15 |
| I.3.10 Type de coïncidence..... | 15 |
| I.3.10.1 Coïncidence vraie | 15 |
| I.3.10.2 Coïncidence fortuite | 16 |
| I.3.10.3 Coïncidence diffusée | 15 |
| I.4 Traitement de Données | 17 |
| I.4.1 Acquisition des données | 16 |



La table des matières

| | |
|--|----|
| I.4.2 Organisation des données..... | 17 |
| I.4.3 Modes d'acquisition..... | 17 |
| I.4.3.1 Acquisition Tridimensionnelle | 18 |
| I.4.3.1.1 Sinogrammes en TEP 3D | 19 |
| I.4.4 Reconstruction des images | 19 |
| I.4.4.1 La reconstruction et les coupes tomographiques | 22 |
| I.4.5 Mesure dynamique | 22 |
| I.4.5.1 Mesure du métabolisme du glucose..... | 23 |
| I.5 Conclusion | 24 |

Chapitre II : Les Images 26

Partie 01 : Généralités sur les images 27

| | |
|--|----|
| II.1.1 Introduction | 27 |
| II.1.2 L'imagerie médicale..... | 28 |
| II.1.2.1 Imagerie Cardiaque | 28 |
| II.1.2.1.1 Description de l'anatomie cardiaque | 28 |
| II.1.2.1.2 Physiologie cardiaque | 29 |
| II.1.2.1.3 Défauts de l'activité cardiaque | 30 |
| II.1.2.1.3.1 Ischémie myocardique | 30 |
| 1- L'ischémie réversible..... | 31 |
| 2- L'ischémie irréversible..... | 31 |

Partie 02 : Méthodes Mathématiques de traitement d'images..... 32

| | |
|--|----|
| II.2.1 Définitions..... | 32 |
| II.2.2 La méthode des régions d'intérêt (ROI): | 33 |
| II.2.3 Les méthodes d'imagerie paramétrique | 34 |
| II.2.3.1 Le Concept statistique de la méthode..... | 35 |
| II.2.3.2 Le paramétrage | 35 |



La table des matières

| | |
|--|-----------|
| II.2.4 L'analyse Factorielle..... | 35 |
| II.2.4.1 Analyse orthogonale | 37 |
| II.2.4.2 Rotation oblique des axes principaux | 38 |
| II.3 Conclusion | 39 |
| Chapitre III : La réduction linéaire de dimensions | 41 |
| III.1. Introduction | 42 |
| III.2. Fondement Théorique de la méthode | 42 |
| III.2.1. Mise à l'échelle des données | 43 |
| III.2.2 Décomposition du signal d'intérêt..... | 45 |
| III.2.2.1 L'extraction des covariantes pures..... | 46 |
| III.3 Conclusion | 49 |
| <i>Chapitre IV : Expérimentations et discussion des résultats</i> | 50 |
| IV.1 Expérimentations | 51 |
| IV.1.1 Application sur des images mesurées | 51 |
| IV.1.2 Application sur des images simulées | 57 |
| IV.2 Résultats et Interprétation..... | 60 |
| Conclusions générales | 61 |
| Références bibliographiques | 64 |
| Annexes | 68 |

Introduction générale

Introduction générale :

L'imagerie médicale est un outil indispensable pour l'aide au diagnostic, le traitement et le suivi de pathologies. Les médecins s'appuient sur l'imagerie pour définir ou améliorer leur diagnostic. Les différentes techniques contribuent à l'amélioration de la prise en charge des patients et à l'acquisition de nouvelles connaissances. La diversité des phénomènes physiques et des techniques qu'elles mettent en jeu ouvrent de vastes domaines de recherche. De manière générale, il faut distinguer les techniques d'imagerie dites anatomiques, qui fournissent des informations morphologiques, et les techniques d'imagerie dites fonctionnelles, qui permettent l'étude de paramètres caractérisant la fonction d'un organe.

En particulier, l'étude de fonctions telles que le métabolisme et la perfusion myocardique repose sur le suivi de radiotraceurs dans les organes examinés. Le résultat de ce type d'examen est classiquement une étude dynamique d'images 2D, voire 3D constituée d'une série d'images acquises au cours du temps et dans laquelle il est possible de suivre la distribution spatiale du radiotraceur.

Le recours au traitement automatique des séquences d'images médicales, en vue d'extraire quantitativement les paramètres physiologiques nécessaires à un diagnostic précis, est devenu incontournable pour éviter toute erreur due aux interprétations subjectives des cliniciens le plus souvent obtenues par observations visuelles des images. L'imagerie dynamique est largement utilisée en tomographie d'émission par positrons (TEP) surtout en recherche, mais demeure très marginale en clinique. Cette procédure permet d'étudier l'évolution des processus biochimiques et physiologiques au cours du temps en les mesurant avec la TEP après administration d'un radiotraceur dans un sujet.

Plusieurs méthodes existent pour quantifier les paramètres physiologiques et extraire efficacement de l'information pertinente d'une séquence d'images dynamiques [1-4]. Ces méthodes de quantification nécessitent à priori la connaissance de la concentration du radiotraceur délivré aux tissus appelée fonction d'entrée (FE). FE peut être obtenue par plusieurs échantillons sanguins qui sont mesurés pour des volumes précis, centrifugés, mesurés pour la radioactivité dans le plasma et calibrés avec le scanner TEP. C'est une procédure longue, imprécise et risquée. Aussi, pour certains patients et les petits animaux, l'extraction du sang est limitée ou impossible. Il est alors possible d'extraire FE de la

séquence d'images TEP par des procédés mathématiques. Puisque le rayonnement mesuré peut provenir des tissus et du sang selon leur concentration du radiotracteur, les pixels des images sont donc formés de mélanges de sang et de tissus. De plus, les mouvements du cœur et des poumons contribuent au mélange des contenus des pixels. Il existe quelques algorithmes qui permettent de séparer les structures du sang et du tissu afin de déterminer FE, parmi ceux-ci: la méthode des régions d'intérêt (ROI) qui s'appuie sur l'analyse statistique et opère localement sur un sous-ensemble de pixels d'une image. Il s'agit d'une comparaison entre les différentes signatures spectrales, propres à chaque région [1]; l'analyse factorielle qui est une technique exploratoire de tous les pixels simultanément, et traite toute l'image dans sa globalité et non une région comme la méthode de ROI. Elle est très puissante et utile pour extraire l'information à partir d'une étude dynamique sans connaissance préalable de la distribution des composantes, guidée uniquement par des données (Data Driven), et des aprioristes sur les caractéristiques des courbes physiologiques recherchées. Ces aprioristes peuvent cependant être relativement flous et ne dictent pas totalement le résultat de l'analyse. Ce qui conduit parfois à des résultats non physiologiques, et qui ne peuvent pas être interprétés [1, 6, 7].

Dans le présent travail, nous appliquons une méthode alternative dans la décomposition d'une série d'images dynamiques du cœur du rat acquise en TEP, en composante sanguine et tissulaire. Il s'agit de la Méthode de Réduction Linéaire des Dimensions, (LDR : Linear Dimension Reduction, en anglais). Cette méthode repose sur le principe de la classification par projection entre espaces vectoriels [8].

La présentation de ce travail s'articule autour des différents domaines qui entrent en jeu dans cette étude.

Le chapitre I présente le contexte médical de ce travail de recherche. Des notions de base sur la tomographie par émission de positrons, et son principe de fonctionnement.

La première partie du chapitre II, présente des généralités sur le traitement d'images numériques, en faisant un aperçu sur l'anatomie et la fonction cardiaque; chose à compréhension utile dans ce travail. La seconde partie de ce chapitre est consacrée à la description des différentes méthodes de traitement d'images souvent utilisées pour le traitement des séquences d'images dynamiques.

Introduction générale

Le chapitre III présente la méthode de LDR. Ce chapitre est consacré au développement du fondement mathématique de cette méthode, pour ressortir l'intérêt de son utilisation dans l'imagerie fonctionnelle.

L'application et l'intérêt de la méthode LDR sur des mesures expérimentales sont présentés au chapitre IV. Les données comprennent des études TEP dynamiques sur des rats effectuées à l'Université de Sherbrooke. Les différents traitements des données mis en œuvre par la méthode, sont exposés avec une discussion des résultats obtenus. Des données simulées sont présentées et discutées en guise de validation.

Une conclusion au chapitre V, synthétisera les contributions et les résultats obtenus par la méthode utilisée et proposera des perspectives à ces travaux.

Chapitre I : Tomographie

I.1 Introduction

I.2 Définition de la TEP

I.3 Principes physiques de la TEP

I.4 Traitement de Données

I.5 Conclusions

I.1 Introduction

La TEP est une modalité d'imagerie médicale, apparaissant dans les années soixante, a été au départ intimement lié à l'étude fonctionnelle du cerveau [9-11]. La TEP s'est progressivement tournée après, vers d'autres organes, en commençant par le cœur. Actuellement, son utilité pour la détection des cellules indésirables telles que les cellules malignes est devenue si évidente que la technique s'est répandue au sein des services de médecine nucléaire des hôpitaux. En parallèle à son utilisation, sont apparus des tomographes TEP aux performances en résolution et sensibilité spécialement adaptées à l'étude de petits animaux de laboratoire.

L'examen TEP est le résultat d'un ensemble d'opérations; depuis la production de l'isotope, la synthèse de la molécule, l'injection du traceur radioactif, la détection des rayonnements, la reconstruction tomographique, et enfin l'enchaînement d'un ensemble de corrections afin de fournir une image représentative et informative de la distribution du traceur au sein du patient [12].

Les différents éléments de ces étapes, sont présentés au cours de ce chapitre. Cette présentation nous permet de mieux connaître les principes de base de la tomographie d'émission par positrons, allant de la production des atomes radioactifs jusqu'aux applications cliniques de cette technologie, ainsi les produits radiopharmaceutiques utilisés en TEP identifiant les processus métaboliques physiologiques ou physiopathologiques qui précèdent les modifications morphologiques.

I.2 Définition de la TEP

La tomographie d'émission par positrons (TEP ou PET = "*Positron emission tomography*", en anglais) est une technique d'imagerie nucléaire qui permet d'observer chez un individu un paramètre physiologique et de renseigner sur la biochimie des organes. Elle fournit des informations sur le fonctionnement des tissus normaux et pathologiques. Suivant l'isotope radioactif utilisé, elle procure au médecin des informations spécifiques sur le métabolisme des tissus [12,13].

La TEP permet d'étudier *in vivo* le fonctionnement d'un organe, tel que le cerveau, le cœur ou les poumons, en donnant des informations spécifiques sur le métabolisme de ses tissus : flux et volume sanguin, consommation cellulaire du glucose ...etc. Elle est particulièrement, intéressante en cancérologie, dont les cellules cancéreuses consomment plus de glucose que les cellules bénignes, ce qui permet de repérer par cette technique, d'éventuels « points chauds » témoins de récidives cancéreuses [14]. Son utilité est devenue aussi évidente en neurologie, pour visualiser les pertes neuronales du système dopaminergique qui signent la maladie de Parkinson, ou bien encore les zones hyperactives du cerveau dans l'épilepsie. Elle offre en outre la possibilité de tester *in vivo* l'efficacité des médicaments, ce qui intéresse notamment la cardiologie dans la mise au point de nouveaux traitements.

I.3 Principes physiques de la TEP

I.3.1 Le positron

Selon les concepts physiques, le positron est l'antiparticule de l'électron.

Le positron (deux orthographes coexistent en français : positron ou positron) est une particule de même masse (m_e) que l'électron mais de charge électrique opposée. Une charge positive pour le positron et une charge négative pour l'électron. Cet "anti-électron", a été prédit par le physicien P.A.M. Dirac en 1929 [15], et découvert par Carl D. Anderson en 1932.

I.3.2 Les émetteurs β^+

Les émetteurs β^+ sont des noyaux atomiques radioactifs qui libèrent un positron lorsqu'ils se désintègrent. Un noyau émetteur de β^+ est instable. Pour retrouver sa stabilité de l'édifice nucléaire, un proton s'y transmute en un neutron, engendrant une émission d'un

positron et une autre particule appelée neutrino. Le noyau passe de Z protons à $(Z-1)$ protons tandis qu'il gagne un neutron. Le nombre de nucléons reste globalement inchangé. En se désintégrant, l'émetteur de β^+ engendre un noyau, appelé noyau fils, de l'élément chimique situé une case à sa gauche dans le tableau périodique [12, 15].

Le positron et le neutrino quittent le noyau et emportent tous les deux de l'énergie. Toutefois, ils se la répartissent de façon variable: des noyaux identiques peuvent engendrer des positrons d'énergie différente. Le tableau suivant (tableau I.1) montre des émetteurs avec leur énergie moyenne des positrons (E_{moy}).

Le neutrino est une particule sans masse et ne présente pas de charge électrique. Elle interagit très peu avec la matière et de ce fait, elle est très difficile à détecter.

| Isotope | Demi-vie (min) | Parcours (mm) | Énergie maximale (MeV) | Proportion d'émission de β^+ (%) |
|-----------------|----------------|---------------|------------------------|--|
| ^{11}C | 20.4 | 0.69 | 0.97 | 99.8 |
| ^{13}N | 9.96 | 0.91 | 1.19 | 100 |
| ^{15}O | 2.07 | 1.44 | 1.72 | 99.9 |
| ^{18}F | 109.7 | 0.38 | 0.64 | 96.9 |

Tableau I.1 : Caractéristiques physiques de quelques isotopes émetteurs de positrons utilisés en TEP.

I.3.3 Production des émetteurs β^+

La production des noyaux émetteurs β^+ se réalise généralement par bombardement d'une cible, dont le nombre de protons Z est inférieur d'une unité au noyau souhaité, par des noyaux d'hydrogène léger (proton) ou lourd (deutéron ou deuton, qui est composé d'un proton et d'un neutron). Elle est accompagnée par la libération d'un neutron.

I.3.3.1 La Demi-vie

La Demi-vie représente le laps de temps nécessaire pour que la moitié d'un ensemble des noyaux se soient désintégrés. Après une demi-vie, il ne reste que 50% des noyaux.

Pour un noyau individuel, il n'est pas possible de prédire ce laps de temps, seule une probabilité de désintégration dans un intervalle de temps donné peut être connue.

La demi-vie des émetteurs de β^+ utilisés en TEP est généralement courte. Ils doivent être synthétisés dans un accélérateur et en un lieu proche du tomographe TEP. Habituellement, seul le radiotracer marqué par le fluor-18 peut être transporté. Les autres isotopes doivent être produits sur place.

I.3.4 Le Cyclotron

Le Cyclotron est un générateur des émetteurs β^+ , en bombardant une cible (atomes) par des particules (projectiles). Il est typiquement composé de deux pièces hémisphériques creuses en formes de D placées dos à dos (dees en anglais), quelque peu séparées, dans lesquelles règne un champ magnétique B (Fig.I.1). Entre les pièces existe une différence de potentiel (V_p) dont le signe est inversable. En leur centre se trouve une source d'ions légers (noyaux d'hydrogène le plus souvent). Ces particules d'hydrogène acquièrent une énergie cinétique suffisante pour pouvoir pénétrer dans le noyau de la cible, cette énergie s'accroît en fonction de la différence de potentiel V_p , et par conséquent la vitesse des particules augmente à chaque passage dans cette espace de potentiel [12, 15], tel que :

$$\Delta E_c = qV_p = \Delta(mv^2 / 2) = (m / 2)\Delta v^2 \quad \text{Eq.1}$$

Où :

E_c : énergie cinétique ;

q : charge de la particule ;

V_p : différence de potentiel ;

m : la masse de la particule ;

v : la vitesse de la particule.

Ainsi l'emplacement de ces particules dans un champ magnétique (B) de direction perpendiculaire à celle de leur vitesse (v), les met en rotation circulaire uniforme sur une trajectoire d'un rayon R qui est proportionnel à leur vitesse. Tandis que la force magnétique F_m est égale dans ces circonstances à la force centrifuge F_c , tel que :

$$F_m = qvB ;$$
$$F_c = \frac{mv^2}{R} ; \quad \text{Eq.2}$$

$$F_m = F_c \Rightarrow R = \left(\frac{m}{qB}\right)v$$

A chaque passage des particules dans l'espace entre les deux pièces hémisphériques, la différence de potentiel est inversée afin de communiquer un supplément de vitesse aux particules. Tous les demi-tours, leur vitesse augmente, les particules parcourent une trajectoire hémicirculaire de rayon grandissant. Lorsque ce rayon atteint celui des pièces hémisphériques, les particules sont dirigées dans des tubes vers des cibles. Un vide poussé règne dans le cyclotron et les conduits vers la cible, afin d'éviter tout freinage des particules par collision avec les gaz.

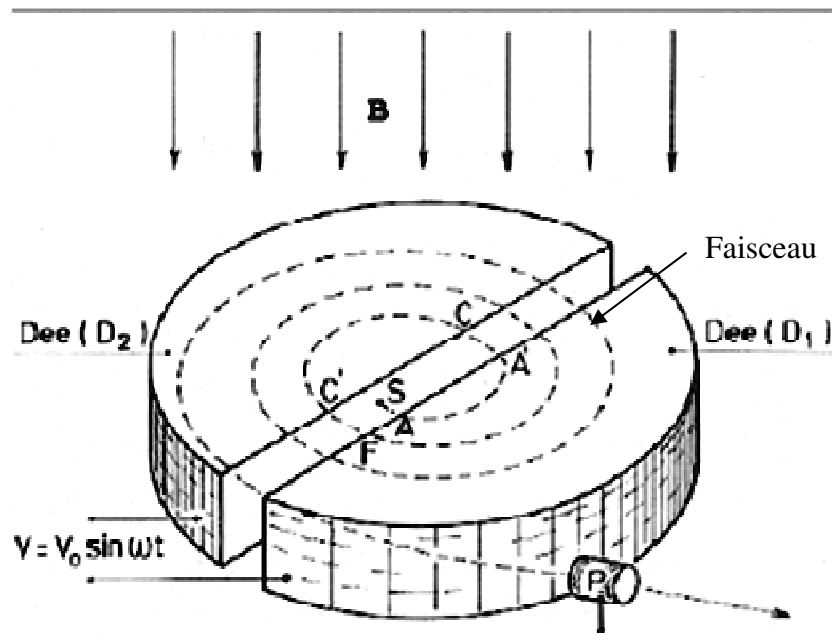


Fig.I.1 : Principe de base d'un cyclotron [15].

B : champs magnétique. V : tension. S : source des Ions.

P : dispositif d'extraction (cible).

I.3.5 L'annihilation des positrons

Le positron ne peut survivre dans la matière. Dès qu'il a perdu l'essentiel de son énergie cinétique, sa vitesse devient pratiquement nulle, il s'associe très brièvement avec un des innombrables électrons de la matière. Presque instantanément, se produit une réaction d'annihilation : le positron et l'électron fusionnent et la totalité de leur est convertie en énergie sous forme de deux photons γ , chacun ayant une énergie équivalente à la masse d'une des deux particules, le positron et l'électron.

Le plus souvent, ces deux photons s'éloignent le long d'une ligne droite qui passe par le lieu d'annihilation. La mise en œuvre actuelle de la TEP ne fait usage que de ces paires de photons (fig.I.2) [13, 16].

Le lieu d'annihilation du positron ne correspond pas à son lieu d'émission. Il en est éloigné de la distance que l'énergie cinétique du positron à sa sortie du noyau émetteur lui permet de parcourir avant d'être au repos et d'interagir avec l'électron. Cette distance est d'autant plus courte que l'énergie du positron est faible. Or l'information mesurée correspond au lieu d'annihilation et non à celui de l'émission β^+ , alors que c'est la localisation de la molécule émettrice qui est souhaitée. Une meilleure précision spatiale en TEP est obtenue avec les émetteurs du β^+ générant des positrons d'énergie faible. Il n'est pas possible de donner une valeur précise de la distance parcourue par le positron, car celle-ci dépend du type de tissu dans lequel il est émis et aussi de son énergie initiale qui est variable.

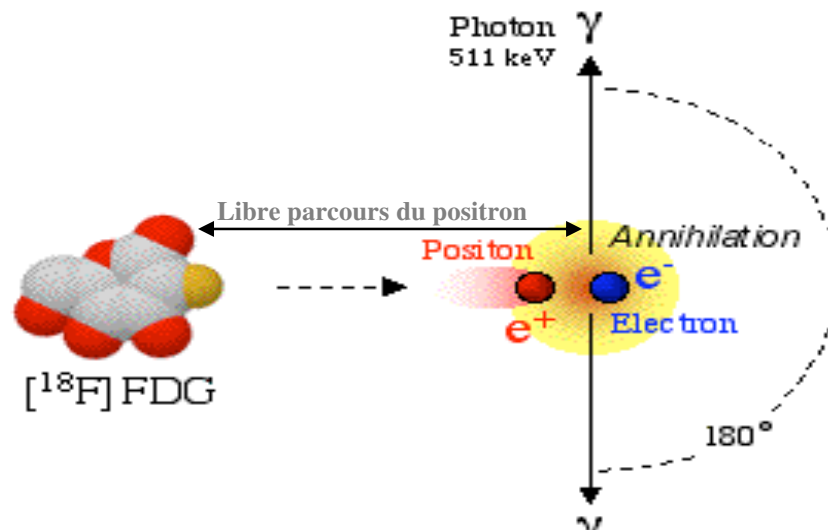


Fig.I.2: Désintégration du positron et réaction d'annihilation. Une fois émis, le positron parcourt quelques millimètres avant l'annihilation [12].

I.3.6 Les radiotraceurs

Un radiotraceur est un composé pharmaceutique radioactif (radio pharmaceutique). Il est obtenu par l'incorporation des émetteurs de positrons aux molécules sans altérer leurs propriétés biologiques. Il existe d'importantes contraintes au niveau de sa stérilité et de la radioprotection de ceux qui le manipulent. En outre, la courte durée de vie des émetteurs β^+ impose que la série d'opérations à réaliser soit très rapide. La synthèse des traceurs se fait, généralement, par des systèmes automatisés pilotés par ordinateur.

Le cerveau est, avec le coeur, le plus grand consommateur de glucose de l'organisme humain. Cette consommation peut aisément être visualisée et mesurée en TEP

grâce à la molécule de 2-fluoro-2-désoxy-D-glucose (FDG) dans laquelle l'atome de fluor comporte un noyau de fluor-18. Le FDG est capté par les cellules de l'organisme comme s'il s'agissait de simple glucose, mais contrairement à celui-ci, il n'est pas une source d'énergie utilisable par la cellule. Il s'accumule alors dans la cellule. De plus la molécule ^{18}F -FDG est phosphorylée par la cellule qui "tente" de l'assimiler dans son métabolisme, ce qui l'empêche de ressortir de la cellule et le ^{18}F -FDG-6P s'y accumule [12].

I.3.7 Les détecteurs

Dans la plupart des tomographes TEP, les photons γ sont détectés à l'aide de détecteurs à scintillations. Ils se composent de deux éléments complémentaires : un ou plusieurs cristaux scintillants couplés à un ou plusieurs tubes photomultiplicateurs (Fig.I.3). Le cristal scintillant est capable de stopper les photons γ , de récupérer leur énergie et de la transformer en scintillations de lumière visible. Le tube photomultiplicateur capte la lumière provenant des scintillateurs. Ce tube sous vide possède une face d'entrée (photocathode) où un photon incident génère par effet photoélectrique un électron libre. Dans le tube figure une série d'électrodes appelées dynodes. L'impact d'un électron sur une dynode y libère plusieurs autres électrons. Entre la photocathode et la première dynode et entre chaque paire de dynodes successives règnent des différences de potentiel telles que les électrons se précipitent de l'une à l'autre.

Après plusieurs dynodes, l'électron libéré à la photocathode a engendré une multitude d'électrons qui constituent un très faible courant électrique. Collecté à la sortie du tube puis amplifié, il constitue le signal électrique primaire qui sera traité par l'abondante mais indispensable électronique que comporte tout tomographe TEP [15].

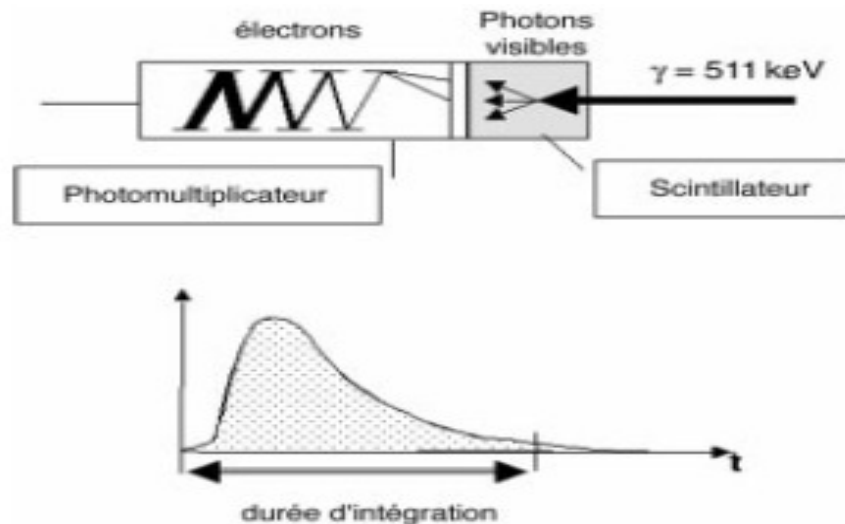


Fig.I.3 : Principe de fonctionnement d'un détecteur [15].

I.3.8 Les tomographes

Un tomographe est un ensemble de petits blocs de détecteurs disposés suivant un anneau [16].

Chaque anneau détecteur ne couvre que quelques millimètres du corps du patient. Le tomographe TEP qui comporte plusieurs de ces anneaux accolés les uns aux autres peut couvrir une région assez importante. Ceci permet d'obtenir des images de tout l'organe (cerveau, cœur...) en un seul enregistrement.

Ce bloc de détecteurs est rattaché à un circuit électronique qui accepte la coïncidence si les deux événements arrivent dans une fenêtre temporelle de l'ordre de la nano seconde, et si les deux photons ont une énergie voisine de 511 KeV, et ensuite, il nous donne un ensemble de mesures, qui vont être, reconstruites pour obtenir l'image de la distribution radioactive au sein du patient (Fig. I.4).

I.3.8.1 Caractéristiques physiques des tomographes

Les détecteurs et leur arrangement autour du patient déterminent les caractéristiques d'un tomographe TEP. Les trois caractéristiques essentielles d'un tomographe sont sa résolution spatiale, sa sensibilité et son taux de comptage maximum.

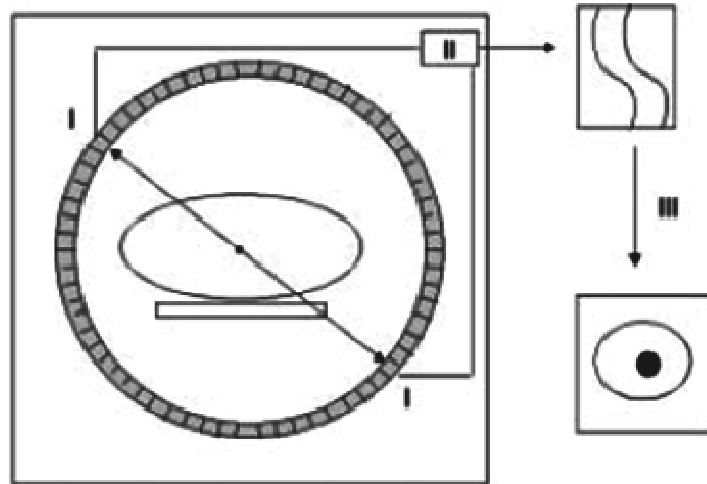


Fig.I.4. : Les différents modules d'un tomographe [16].

- I- Les détecteurs élémentaires répartis en anneau autour du patient
- II- Le circuit électronique accepte la coïncidence des photons et enregistre des données.
- III- L'étape de la reconstruction des données, permettant l'obtention de l'image désirée.

➤ *La résolution spatiale* : La résolution spatiale d'un tomographe est déterminée par plusieurs facteurs, entre autre la taille des détecteurs et la nature du couplage crystal-photomultiplicateurs. Elle est aussi limitée par les caractéristiques de l'émission et de l'annihilation du positron (parcours du positron avant son annihilation et angulation des trajectoires des deux photons).

➤ *La sensibilité* : La sensibilité d'un tomographe est le nombre de coïncidences détectées par unité de temps et d'activité présente dans le champ de vue, ceci à basse activité, c'est-à-dire en l'absence de temps mort. La sensibilité dépend de la densité des détecteurs et de l'angle solide qu'ils sous-tendent.

➤ *Le taux de comptage* : Le taux de comptage maximum est essentiellement déterminé par les caractéristiques temporelles des détecteurs et de l'électronique associée.

I.3.9 La détection en coïncidence

La détection en coïncidence en TEP est réalisée lorsque deux photons γ issus de l'annihilation du positron atteignent deux détecteurs opposés et ce peu importe que l'un ou les deux photons ayant subit des diffusions dans le sujet. Il se peut que deux photons issus d'annihilations différentes soient détectés et comptés comme une coïncidence.

Dès qu'un photon est détecté, une porte électronique ou fenêtre temporelle de quelques milliardièmes de seconde (nanosecondes ou ns) est ouverte. Si un autre détecteur

est activé dans cet intervalle de temps, le système considère qu'il s'agit du deuxième photon résultant de l'annihilation du même positron.

I.3.9.1 Temps mort

Le temps mort représente la durée correspondante à la réaction d'un détecteur. Pendant cette durée le détecteur élémentaire est dans l'impossibilité de mesurer un autre événement. Ce phénomène est responsable de perte en efficacité du système.

I.3.9.2 Ligne de réponse

C'est une ligne qui joint une paire de détecteurs, (appelée Line Of Response ou LOR en anglais). La ligne de réponse est un tube de section rectangulaire, dont les dimensions sont en relation avec la taille des détecteurs élémentaires. La mémoire du système enregistre (compte) pour chaque LOR le nombre de fois qu'une détection le long de cette LOR s'est produite pendant la durée de l'examen TEP.

I.3.9.3 Temps de vol

C'est l'écart de temps d'arrivée des photons γ sur les deux détecteurs. Connaissant ce temps et la vitesse de la lumière, il est possible de déterminer le lieu probable, avec une erreur de 9cm, de l'annihilation (localiser la source) le long de la ligne de réponse qui joint les deux détecteurs.

I.3.10 Type de Coïncidence

On distingue trois types de détection en coïncidences (Fig. I.5):

I.3.10.1 Coïncidence vraie

Lorsque la détection de deux photons provenant de l'annihilation du même positron, et ayant conservé leur direction de propagation initiale ainsi que leur énergie

Mais l'existence de la fenêtre temporelle de quelques nanosecondes implique la détection, en proportion non négligeable, d'autres types de coïncidences.

I.3.10.2 Coïncidence fortuite

Si le deuxième photon détecté provient de l'annihilation d'un autre positron, on parle d'une coïncidence fortuite. Une évaluation suffisamment précise du nombre de celles-ci peut être obtenue par une technique relativement simple. Elle consiste à ouvrir

une deuxième fenêtre de même durée que la fenêtre de coïncidence juste après la fin de celle-ci. Les photons détectés au cours de cette seconde fenêtre sont nécessairement issus d'une autre annihilation que celle qui a généré le premier photon détecté.

I.3.10.3 Coïncidence diffusée (effet Compton)

Dans la matière, les photons peuvent être déviés de leur trajectoire par collision avec les électrons. Ce processus s'appelle l'effet ou la diffusion Compton. Lorsqu'un des deux photons détectés a subi une diffusion, la droite joignant les deux points d'impact sur les deux détecteurs ne passe plus par le lieu d'annihilation du positron

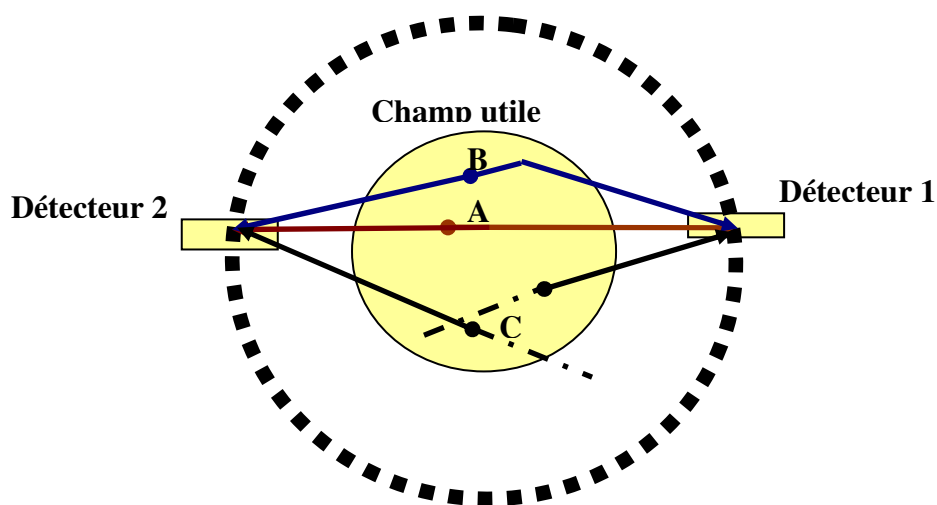


Fig.I.5 : Nature des événements enregistrés en mode de coïncidence.

Annihilation A : Coïncidence vraie.

Annihilation B : Coïncidence diffusée.

Annihilation C : Coïncidence fortuite (aléatoire).

I.4 Traitement de Données

I.4.1 Acquisition de données

La mesure 3D d'un paramètre physiologique est obtenue à partir des mesures au cours du temps de la distribution volumique du traceur dans les organes, et d'un modèle mathématique décrivant la distribution du traceur dans les cellules. La distribution volumique du traceur dans les organes est obtenue après une étape de reconstruction à partir des mesures tomographiques des photons produits lors de l'annihilation des positrons émis par la molécule marquée.

I.4.2 Organisation des données

L'ensemble des éléments de projection d'une tranche de l'objet est rangé dans une matrice appelée sinogramme. Chaque ligne de cette matrice correspond à la projection monodimensionnelle de la coupe pour un angle θ particulier. Un point du sinogramme correspond à une ligne de réponse entre deux détecteurs élémentaires (entre d_A et d_B sur la figure (Fig.I.6)).

L'information reportée dans ce pixel (u_1, θ_1) correspond à l'intégrale des émissions des photons de 511 keV émis suivant cette incidence, pour tous les points de l'objet situés sur la ligne de réponse.

Chaque événement accepté par le circuit de coïncidence incrémente d'une unité le pixel du sinogramme correspondant à la ligne de réponse entre les deux détecteurs élémentaires [12, 15,16].

I.4.3 Modes d'acquisition

La distribution volumique du radiotracer, doit être reconstruite à partir du nombre de paires de photons mesurées en coïncidence par chaque paire de détecteurs. Ce nombre fournira une estimation de l'intégrale de la fonction de distribution le long de la LOR reliant les deux détecteurs. La reconstruction d'images dépend des propriétés géométriques de l'ensemble des LOR mesurées [17].

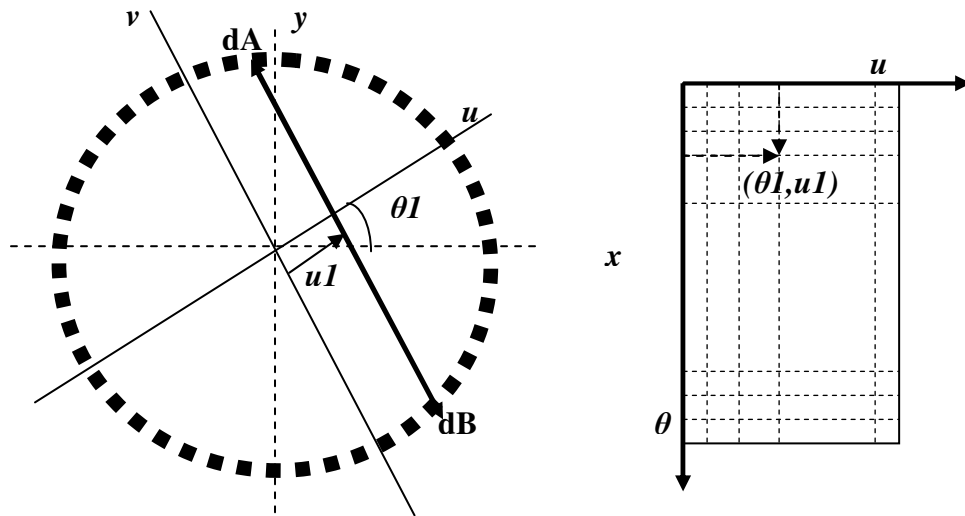


Fig.I.6 : Technique de rangement des données.

I.4.3.1 Acquisition Tridimensionnelle

Ce mode d'acquisition 3D est réalisé en l'absence des couronnes isolatrices « septa ». Il permet la mesure en coïncidence entre deux détecteurs positionnés sur des couronnes indépendantes, et correspondantes à des angles différents de 0° . Ce mode d'acquisition entraîne une augmentation globale de la sensibilité du système, puisqu'il permet la mesure d'un plus grand nombre de lignes de réponse. En mode 3D, la sensibilité est variable suivant l'axe longitudinal. Les sources positionnées au centre du tomographe (point A sur la figure fig.I.7) peuvent être détectées par un plus grand nombre de lignes de réponse que les sources excentrées (point B sur la figure fig.I.7) qui peuvent être mesurées par moins de lignes de réponse.

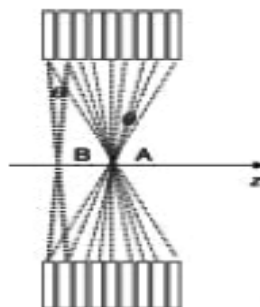


Fig.I.7 : Variation de la sensibilité en mode 3D.

I.4.3.1.1 Sinogrammes en TEP 3D

En mode 3D, il est nécessaire de tenir compte de l'angle d'incidence des lignes de réponses détectées. En plus des sinogrammes mesurés dans un même anneau de détecteurs, il est nécessaire d'enregistrer les événements détectés entre des anneaux distincts, dans des sinogrammes caractérisés par des angles différents de 0° . En pratique, pour limiter le volume de données brutes, la plupart des systèmes proposent un nombre limité d'angles d'incidence, les lignes de réponses mesurées sont rangées dans le sinogramme ayant l'incidence la plus proche.

I.4.4 Reconstruction des images

La reconstruction tomographique consiste à calculer la distribution de la radioactivité au sein du plan de coupe en utilisant l'ensemble des informations rangées dans le sinogramme. Un ensemble d'opérations est effectué sur des mesures directes de la radioactivité (données brutes) dans le sujet.

La reconstruction tomographique est un problème inverse, où on dispose d'un ensemble de mesures et on trouve ce qui a produit ces mesures [12].

Le nombre de coïncidences enregistrées entre deux détecteurs représente l'intégrale de la distribution radioactive f le long de la LOR définie par ces deux détecteurs (fig.I.8). Assimilant cette LOR à une ligne, on obtient alors des intégrales de lignes de f . C'est la fonction à reconstruire en tout point de l'espace.

Ainsi, le principe de la reconstruction est illustré par la figure suivante (fig.I.9), où les axes x et y sont les axes du repère cartésien de la coupe du patient observée, et donc de l'image à reconstruire. Les axes u et v sont liés à une direction de la ligne LOR: les rayons envoyés dans la direction v fournissent une suite de points de données (valeurs de projections) sur la droite u d'angle θ . En chaque point, la valeur mesurée $P_\theta(u)$ correspond à l'intégrale le long d'une droite parallèle à l'axe v . En faisant varier θ , on acquiert des projections tout autour du patient.

Le fondement théorique de la reconstruction d'images a été établi bien avant l'apparition de la TEP, par Radon (1927) dont un théorème montre la possibilité de reconstruire un objet volumique à partir de ses projections [18]. La transformée de radon en 2D à, pour expression :

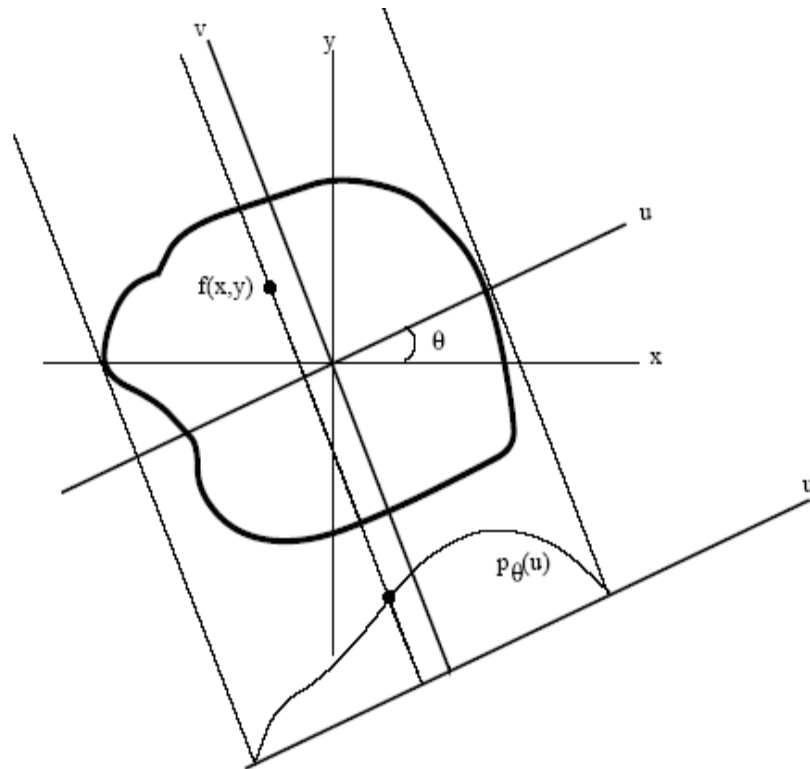


Fig.I.8 Principe de la reconstruction des images.

$$R[f](u, \theta) = p_{\theta}(u) \quad \text{Eq.3}$$

La valeur $R[f](u, \theta)$ représente l'intégrale de la fonction f sur la droite d'une ligne de réponse (LOR) notée D_{θ} , et donc :

$$R[f](u, \theta) = \int_{D_{\theta}} f(u \cos \theta - v \sin \theta, u \sin \theta + v \cos \theta) dv \quad \text{Eq.4}$$

Étant donnée l'ensemble des projections :

$$\{p_{\theta}(u), \theta \in [0, \pi], u \in \mathfrak{R}\} \quad \text{Eq.5}$$

On retrouve f en tout point de l'espace, c'est-à-dire on calcule $f(x, y)$, où :

$$\{f(x, y), (x, y) \in \mathfrak{R}^2\} \quad \text{Eq.6}$$

Ce principe, est appelée rétroprojection. Il s'exprime précisément de la manière suivante : La rétroprojection en (x, y) d'une projection, est la valeur de la projection d'angle θ au point sur lequel se projette $(x; y)$, et vaut :

$$h_{\theta}(x, y) = p_{\theta}(x \cos \theta + y \sin \theta) \quad \text{Eq.7}$$

La rétroprojection de toutes les projections définit l'opérateur de rétroprojection, obtenu en sommant sur tous les angles les expressions données par l'équation (Eq.4).

Il existe une bibliographie extrêmement riche concernant les méthodes de reconstructions en tomographie.

On illustre les grands principes des plus utilisées pour une reconstruction en 2 D [19].

a- Rétroprojection filtrée

Pour un cas 2D, l'image est reconstruite en appliquant l'algorithme de rétroprojection filtrée, ou bien par la reconstruction itérative [20-21]. Cette méthode est employée depuis de nombreuses années. Elle repose sur le résultat suivant :

$$f = B[\tilde{P}] \quad \text{Eq.8}$$

$$\tilde{P}_{\theta} = TFI [TF [P_{\theta}] (U).|U|] \quad \text{Eq.9}$$

Cette méthode exprime f comme la rétroprojection des projections filtrées par le filtre rampe U . Ce résultat s'obtient en écrivant que f est la transformée de Fourier inverse de sa transformée de Fourier et en utilisant le théorème de projection qui stipule que la transformation de Fourier (ID) d'une projection d'angle θ au point U correspond à la transformée de Fourier 2D de f au point de fréquences spatiales $(U \cos(\theta); U \sin(\theta))$, ce qui s'écrit :

$$TF [p_{\theta}] (U) = TF[f] (U \cos \theta, U \sin \theta) \quad \text{Eq.10}$$

La transformée de Fourier d'une projection d'angle θ fournit donc une ligne d'angle θ dans le plan de Fourier de f .

Ainsi l'algorithme de cette méthode fonctionne en deux étapes:

1. Filtrage de chaque profil de projection qui correspond à une projection parallèle ID de la coupe (ligne du sinogramme, θ est fixe) au moyen d'un filtre rampe, souvent combiné à un filtre passe-bas, ce qui permet de limiter le bruit, mais détériore la résolution spatiale. Il y a donc un compromis à trouver entre résolution spatiale et bruit;

2. Rétroprojection dans le plan des projections filtrées, pour les différents angles mesurés.

Cette technique présente l'avantage d'être rapide, facile et assez satisfaisante.

b- Reconstruction itérative

Un algorithme itératif est constitué d'un ensemble d'opérations de reconstruction et de projections appelées itération [21]. Une reconstruction est l'opérateur qui permet d'obtenir une coupe à partir d'un sinogramme. La projection est l'opération inverse, qui calcule le sinogramme pour une coupe donnée. Au cours de la reconstruction itérative, les itérations sont répétées pour obtenir une coupe théoriquement plus proche de la solution que la coupe précédente. Pour y parvenir, il est nécessaire de générer, au cours de chaque itération, un sinogramme estimé. Celui-ci est obtenu par la comparaison entre la projection de la coupe obtenue à l'itération précédente et le sinogramme mesuré. Le sinogramme estimé est reconstruit par l'itération suivante, afin de fournir une nouvelle estimation de la coupe. Ce cycle est répété jusqu'à ce que la différence entre le sinogramme mesuré et le sinogramme estimé soit plus petite que la limite désirée. On dit alors que l'algorithme a convergé.

I.4.4.1 La reconstruction et les coupes tomographiques

Chaque coupe TEP correspond à une tranche, de quelques millimètres d'épaisseur. A ce titre, elles sont formées de pixels, dont le nombre est le plus couramment de 128x128 ou 256x256. Ces pixels représentent un volume au niveau du patient de quelques (4x4) mm². En multipliant par l'épaisseur de la coupe, cela donne des éléments de volume (voxels) de quelques (4x4x4) mm³. La coupe TEP est donc en réalité constituée de voxels. Mais comme elle est présentée sous forme d'une image planeaire, les voxels sont souvent incorrectement appelés pixels. Dans chaque voxel, le nombre de cellules est énorme et le nombre de molécules de traceur est également élevé. Il s'y produit de nombreuses annihilations.

Il en résulte pour chaque voxel une valeur numérique égale au nombre d'annihilations de positrons dans le voxel pendant la durée de l'acquisition des données, qui se convertit aisément en nombre d'annihilations par minute dans le voxel. Les calibrations du tomographe permettent de la convertir en quantité de traceur présent dans le voxel par minute.

I.4.5 Mesures dynamiques

L'élément de volume d'une image TEP est défini comme étant la plage radioactive exprimant la quantité du traceur injecté et les métabolites marqués, manifestés dans

l'élément de volume de tissus pendant la durée d'acquisition. L'acquisition dynamique conduit à l'obtention des images phénoménales dans le temps, la réalisation d'une telle acquisition est faite en divisant la durée totale d'observation et d'examen en trentaine d'intervalles de temps tout en reconstruisant les données acquises en chaque intervalle au moyen de l'algorithme décrit précédemment. Il est également possible de traiter le problème comme un problème inverse 4D en reconstruisant l'ensemble de l'acquisition dynamique comme un tout. Cette approche est plus coûteuse en temps de calcul mais permet de tenir compte d'un modèle a priori de l'évolution temporelle de la distribution du traceur [16].

Suivant l'évolution temporelle et cinétique de la concentration radioactive dans les éléments de volume d'une image PET, on caractérise le processus biologique par ses paramètres propres et cela grâce à l'injection du traceur choisi (densité de récepteurs, concentration régionale d'un ligand endogène, ...). La cinétique du traceur et ses dérivés peuvent être décrites assez simplement par un modèle compartimental. Ce type de modèle synthétise les informations relatives aux processus biologiques, sous forme de compartiments avec pré-appréciation du taux d'échange entre les compartiments. Des compartiments qui sont associés, soit à une étape du métabolisme du traceur, ou à une étape de la fixation du traceur à une molécule. La cinétique du traceur et de ses dérivés, est décrite par des équations différentielles d'ordre primaire. Le taux d'échange entre compartiment est défini par des constantes à déterminer. L'identification des constantes en question et la résolution des équations exige le plus souvent de connaître la concentration du traceur et de ses métabolites dans le plasma artériel au cours du temps.

I.4.5.1 Mesure du métabolisme du glucose

Le métabolisme cellulaire du glucose est mesuré en injectant un analogue du glucose, le déoxyglucose marqué au fluor ou FDG. Le modèle permettant de dériver le taux d'utilisation du glucose dans chaque élément de volume de l'image a initialement été décrit pour du déoxyglucose marqué au ^{14}C [22]. Le déoxyglucose, qu'il soit marqué au ^{14}C ou au ^{18}F , emprunte le même transporteur membranaire que le glucose.

Comme le glucose, le FDG est phosphorylé par les enzymes hexokinases, mais il n'est pas métabolisé dans la glycolyse et s'accumule donc dans la cellule. Alors qu'il existe une voie de réaction inverse pour le glucose, la réversibilité de la réaction pour le FDG marqué est faible et certains auteurs la négligent.

Chapitre I : Tomographie

Le modèle cinétique du FDG comporte trois compartiments (fig.I.9): un compartiment plasmatique artériel, un compartiment tissulaire précurseur dans lequel se trouve le FDG et un compartiment tissulaire dans lequel le traceur est métabolisé sous forme de déoxyglucose-6-P. Ce modèle a 3 (ou 4, selon les auteurs) paramètres [23] : un paramètre décrit le transport du déoxyglucose du sang vers les cellules ; un autre décrit le transport inverse, et le troisième paramètre caractérise la réaction de phosphorylation du déoxyglucose. Ces paramètres sont des constantes dans un élément de volume de tissu homogène.

La TEP permet d'obtenir la concentration de FDG et le FDG-6-P, dans les tissus et la concentration de FDG dans les artérioles qui irriguent les tissus en fonction du temps comme l'indique la figure (fig.I.9). Des prélèvements sanguins fournissent la concentration de FDG dans le plasma en fonction du temps et des mesures de la glycémie du sujet au cours de l'examen.

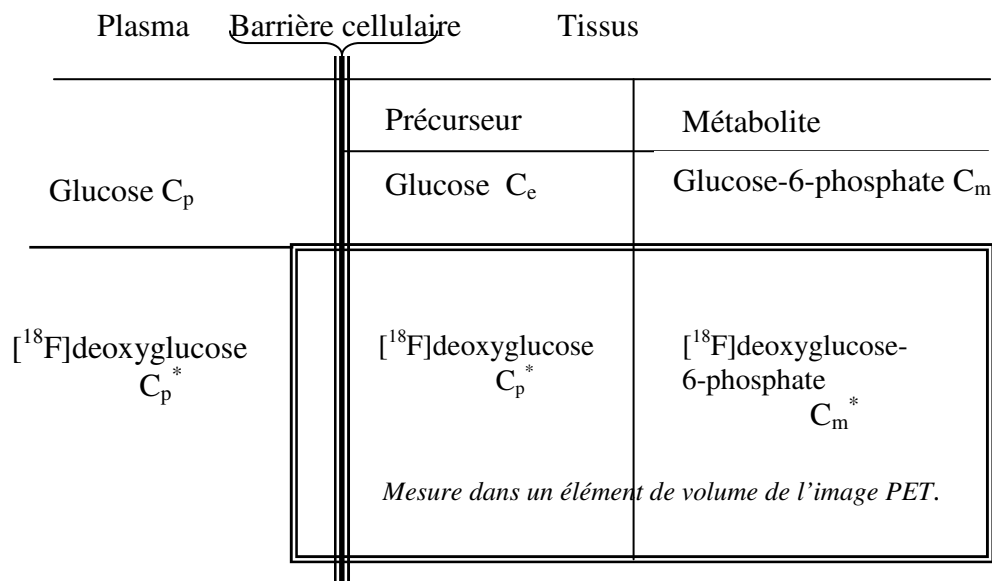


Fig.I.9 : Concentrations des molécules radioactives dans un élément de volume.

I.5 Conclusion

La tomographie d'émission par positrons est un outil d'imagerie clinique in vivo utilisé pour détecter et quantifier des perturbations du fonctionnement cellulaire.

L'application clinique la plus importante aujourd'hui se situe en oncologie, mais de nouvelles applications émergentes, comme l'imagerie in vivo de l'expression des gènes grâce au décryptage du génome chez l'humain.

L'amélioration régulière des caractéristiques physiques des tomographes au cours de temps se poursuit en particulier grâce aux recherches sur les éléments constituant l'appareillage de mesure. Ces progrès permettront encore d'améliorer la sensibilité et le taux de comptage des tomographes, ainsi que leur capacité à rejeter les coïncidences fortuites et diffusées.

Dans le domaine du traitement de données également la recherche est active. Citons en particulier le développement de nouveaux algorithmes itératifs de reconstruction qui incorporent une description fidèle du tomographe et de la nature statistique de l'émission radioactive. Ces méthodes de reconstruction remplaceront de plus en plus les méthodes analytiques de reconstruction qui sont encore les plus utilisées actuellement. Ceci permettra une quantification plus précise des paramètres physiologiques dans les structures de petite taille comme les noyaux gris centraux ainsi qu'une augmentation de l'efficacité de détection des petites structures hyperfixantes comme les tumeurs; deux enjeux importants pour le diagnostic clinique et pour la mise au point de traitements.

Chapitre II : Les Images

Partie 01 : Généralités sur les images

II.1.1 Introduction

II.1.2 L'imagerie médicale

Partie 02 : Méthodes Mathématiques de traitement d'images

II.2.1 Définitions

II.2.2 La méthode des régions d'intérêt (ROI):

II.2.3 Les méthodes d'imagerie paramétrique

II.2.4 L'analyse Factorielle

II.3 Conclusions

Partie 01 : Généralités sur les images

II.1.1 Introduction

Le clinicien cherche toujours de l'information sur une maladie, en vue de faire un diagnostic orienté et précis et il utilise tous les moyens disponibles.

Depuis plus d'un siècle, l'imagerie par les rayons-X a montré son utilité dans le domaine de la santé, et durant les quatre dernières décennies, l'imagerie médicale s'est enrichie de plusieurs modalités telles l'imagerie par résonance magnétique, la tomodensitométrie, la tomographie mono photonique et la TEP.

La TEP contribue à l'extraction quantitative des paramètres physiologiques nécessaires à un diagnostic précis, pour éviter toute erreur due aux interprétations subjectives des cliniciens le plus souvent obtenue par observations visuelles des images.

Néanmoins l'usage de l'imagerie nécessite un outil mathématique, pour gouverner le quanta de l'information offert et gérer sa complexité, ces deux composantes de l'imagerie génèrent un besoin à l'automatisation des traitements à opérer en imagerie.

Ce chapitre est consacré au traitement numérique des images et divisé en deux parties, dans la première, en va présenter des notions de bases sur les images médicales cardiaques.

Dans la deuxième partie, l'illustration de l'apport des mathématiques au traitement et à l'analyse en imagerie médicale. Il existe une bibliographie extrêmement riche concernant les méthodes de traitement numérique en imagerie médicale. En particulier, on relate et on discute les grands principes les plus utilisées pour le traitement des séquences d'images dynamiques, afin d'acquérir le maximum d'information utile pour porter de l'aide aux spécialistes dans leur diagnostic.

II.1.2 L'imagerie médicale

L'imagerie médicale est une technique utilisée en médecine, pour le diagnostic de différentes pathologies. Elle a révolutionné la médecine en donnant un accès immédiat et fiable aux informations invisibles au diagnostic clinique. Comme par exemple les caractéristiques anatomiques, et les aspects du métabolisme (imagerie fonctionnelle) des organes [24-25].

Les techniques d'imagerie médicale ne donnent pas une simple « photographie » du tissu ou de l'organe étudié mais une représentation visuelle fondée sur des caractéristiques physico-chimiques particulières, au moyen d'un appareillage développé, qui est aussi varié que les techniques elles mêmes. Des techniques qui peuvent être complémentaires les unes aux autres.

II.1.2.1 Imagerie Cardiaque

Le traitement automatique des images cardiaques en vue d'extraire le plus efficacement possible les paramètres cliniques nécessaires au diagnostic, est devenu nécessaire. Cependant, ces techniques doivent non seulement être capables de réaliser les mesures standards mais de pouvoir extraire des images quantitatives afin de fournir au praticien de nouveaux indices plus précis [26].

Dans les lignes qui suivent, et comme complément d'information, on va faire une présentation du cœur sous un œil descriptive et anatomique avec une brève exposition des pathologies qui y sont liées.

II.1.2.1.1 Description de l'anatomie cardiaque

Le cœur est un muscle creux chargé de la circulation du sang grâce à des contractions périodiques. Son rôle est de pomper le sang automatiquement afin de le redistribuer dans les organes du corps. Il est composé de quatre cavités (Fig.II.1). On distingue les oreillettes gauche (OG) et droite (OD) en haut, à paroi mince, et les ventricules gauche (VG) et droit (VD), en bas, à paroi épaisse.

Le cœur est principalement composé d'un tissu musculaire strié, le myocarde. Il ne ressemble à aucun autre tissu musculaire du corps. Les cavités et les valves sont tapissées par l'endocarde qui constitue la couche interne du cœur. La surface externe du cœur est recouverte par une membrane à deux feuillets. Le premier d'entre eux, l'épicarde, est collé

Chapitre II: Les images

au muscle cardiaque. Le second, le péricarde, est un "sac" qui contient le cœur et le départ de l'aorte et de l'artère pulmonaire. Ces deux tissus sont séparés par une couche de liquide dont le rôle est de lubrifier les contacts durant le cycle cardiaque.

L'OG et le VG constituent la partie gauche du cœur qui recueille le sang oxygéné sortant des poumons par les veines pulmonaires pour le propulser dans l'aorte et ses divisions.

La partie gauche et notamment le ventricule assure donc la distribution du sang dans l'ensemble du corps humain à travers un réseau. L'OD et le VD constituent la partie droite du cœur qui assure la circulation du sang chargé en dioxyde de carbone recueilli par les veines caves. Le sang contenant du gaz carbonique aboutit dans l'oreillette droite puis est transmis au ventricule droit. Il est ensuite éjecté dans l'artère pulmonaire vers les poumons. La circulation du sang au sein du cœur est assurée par la présence d'un ensemble de valvules unidirectionnelles. Le sang circule ainsi toujours dans la même direction grâce à ces quatre valves cardiaques, appelées respectivement tricuspide, pulmonaire, mitrale, et aortique. Ces valves sont des structures fibreuses très souples, implantées sur des anneaux qui constituent les orifices qu'elles viennent obstruer. Elles sont amarrées aux parois ventriculaires par des cordages nommés piliers du cœur. En position fermée, elles sont hermétiques et empêchent le passage du sang. Elles s'ouvrent toutes dans un sens bien défini, empêchant ainsi tout reflux.

II.1.2.1.2 Physiologie cardiaque

Le fonctionnement du muscle cardiaque est complexe et présente de nombreuses facettes.

Un cycle cardiaque se déroule en deux étapes. Dans un premier temps, la diastole correspond au remplissage des ventricules. Les valves auriculo ventriculaires (mitrale et tricuspide) sont alors ouvertes et les valves sigmoïdes (aortique et pulmonaire) sont fermées. La durée d'une diastole est d'environ 600 ms. Dans un second temps, la systole correspond à la contraction des ventricules. Les valves sigmoïdes s'ouvrent pour permettre l'évacuation du sang accumulé durant la diastole vers les organes du corps. Les valves auriculo ventriculaires se ferment pour éviter tout reflux du sang vers les oreillettes. La phase systolique se déroule en 300 ms environ. Les deux instants de télédiastole et de télésystole indiquent respectivement le relâchement maximum et la contraction maximale du ventricule gauche. Le fonctionnement du muscle cardiaque est périodique et totalement

automatique dans le sens où il n'a besoin d'aucun stimulus externe. L'amplitude des mouvements impliqués lors des cycles cardiaques est constante.

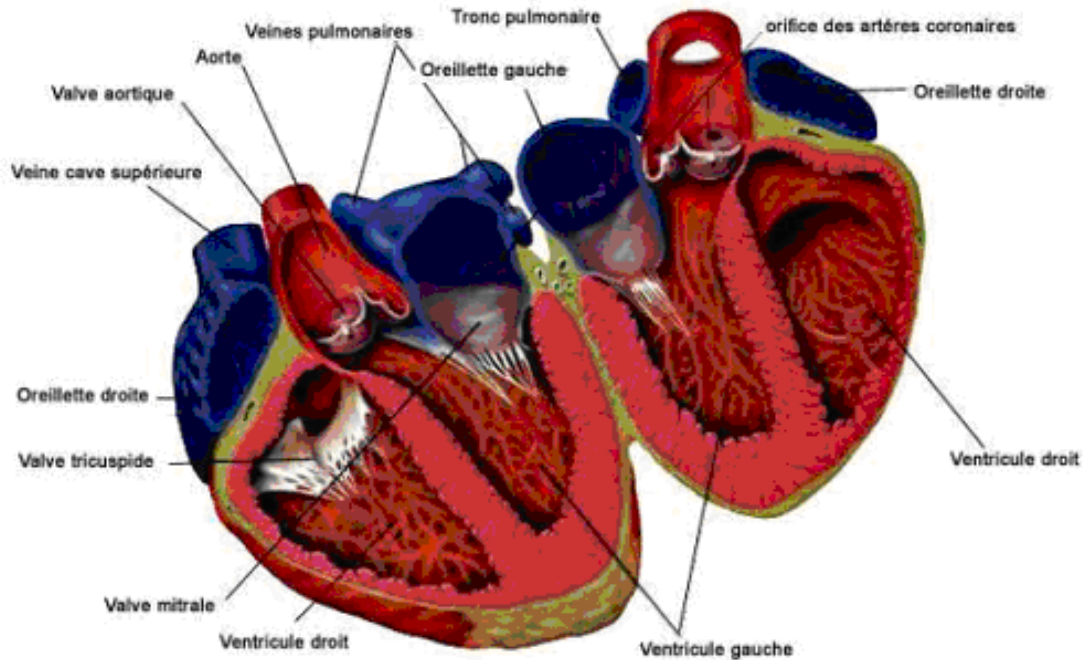


Fig.II.1 Description anatomique du cœur. (Source : www.medecine-et-sante.com/anatomie/cœur.html)

II.1.2.1.3 Défauts de l'activité cardiaque

II.1.2.1.3.1 Ischémie myocardique

L'ischémie myocardique représente un déséquilibre entre les apports et la demande en oxygène du myocarde [27]. Lorsque les artères coronaires se bouchent, le myocarde ne reçoit plus de sang et manque d'oxygène. L'ischémie myocardique peut intéresser une région du cœur ou l'ensemble du muscle cardiaque. L'infarctus du myocarde est la nécrose d'une zone plus ou moins étendue du muscle cardiaque. Les cellules musculaires cardiaques de ce territoire ne parviennent plus à se contracter par manque d'apport en

■ Chapitre II: Les images

oxygène et meurent en quelques heures. La gravité de l'infarctus tient surtout à son étendue : plus l'artère obstruée irrigue une zone importante, plus l'infarctus est grave. On distingue deux catégories d'ischémies :

a- **L'ischémie réversible**

Pour laquelle, dans les secondes qui suivent le début de l'ischémie, une diminution très brutale de l'activité contractile se produit : l'épaississement et raccourcissement du myocarde est remplacé par un amincissement et dilatation passif. Pendant les premières minutes d'ischémie, les dommages cellulaires restent réversibles : si la perfusion coronaire est rétablie, il n'y aura pas de nécrose. Les cellules qui ont été sous perfusées retrouvent un fonctionnement normal dans les heures qui suivent cette perfusion.

b- **L'ischémie irréversible**

Elle apparaît si le manque en oxygène est plus prolongé (durée supérieure à 30 minutes en moyenne.). Les myosites cardiaques sont irréversiblement endommagées. Le sous-endocarde est le plus sensible à l'ischémie.

Partie 02 : Méthodes Mathématiques de traitement d'images

II.2.1 Définitions

En imagerie médicale, les séquences d'images dynamiques permettent l'étude de phénomènes physiologiques in vivo [5].

Une étude dynamique comporte une série d'images acquises successivement au cours d'un examen avec une même modalité d'imagerie. Elle est définie comme une fonction $S(p, t)$ à deux variables contenant des informations spatiales p (correspondant au pixel (x, y) dans le cadre d'études 2D) et des informations temporelles t (instants moyens d'acquisition).

Une étude dynamique peut être représentée sous 2 formes (Fig.II. 2) :

- n images $I_i(p)$ dans lesquelles il est possible de visualiser la distribution spatiale ainsi que la concentration du produit de contraste au temps t (Fig.II.2.b),
- P cinétiques $C_p(t)$ correspondent aux variations de l'intensité du signal au cours du temps pour chaque pixel p (Fig.II.2-c).

Il existe plusieurs méthodes mathématiques proposées dans la littérature, nous nous limitons à celles les plus utilisées dans le traitement des séquences d'images dynamique [28-30] :

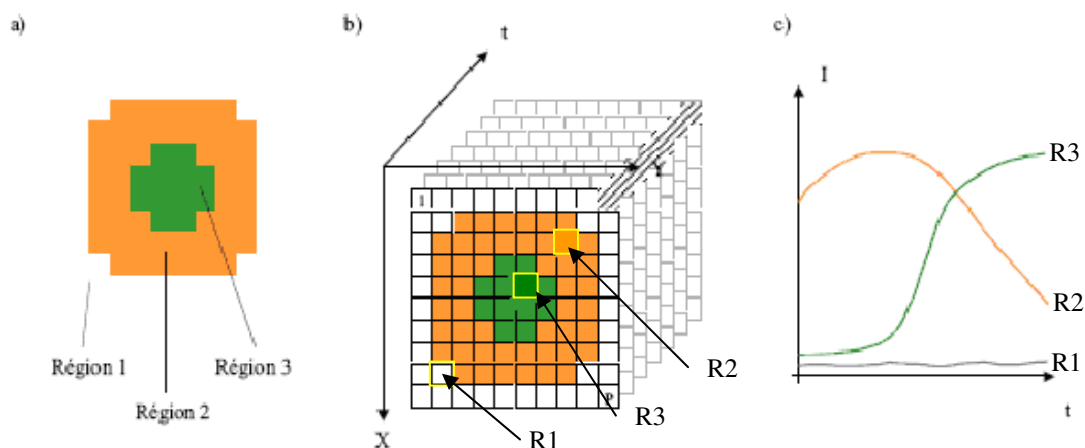


Fig II.2 : Etude d'une séquence d'images dynamiques ; a) régions observées au cours de l'étude, b) série d'images acquises au cours du temps, c) courbes de variation d'intensité observées au cours du temps pour un pixel moyen de chaque région.

II.2.2 La méthode des régions d'intérêt (ROI)

La ROI est un processus qui consiste à comparer les différentes régions d'une séquence d'images dynamiques entre elles sur la base de données statistiques tel que la moyenne qui caractérise une interprétation physiologique. Puis on suit sa mobilité qui n'est autre que l'évolution de l'intensité du signal en fonction de la concentration du radiotracer dans la région étudiée à chaque instant. Cette méthode n'est en théorie valide que dans la mesure où les ROIs étudiées correspondent aux mêmes régions anatomiques sur les différentes images [6].

Le tracé des ROIs peut être réalisé manuellement par un opérateur ou de façon automatique sur une image ou sur une combinaison d'images de la séquence (Fig.II.3), et reporté par la suite sur l'ensemble de la séquence. On obtient, par conséquent l'évolution du signal des pixels (i_1, i_2, \dots, i_k) de chaque région d'image de la séquence.

Les méthodes de traçage automatiques, si elles réduisent la variabilité du tracé intra et inter-opérateur, requièrent des développements spécifiques en fonction des données à traiter (modalité d'imagerie, organe étudié). L'exploitation des données obtenues par cette méthode est réalisée par un spécialiste et nécessite l'analyse des variations de l'intensité.

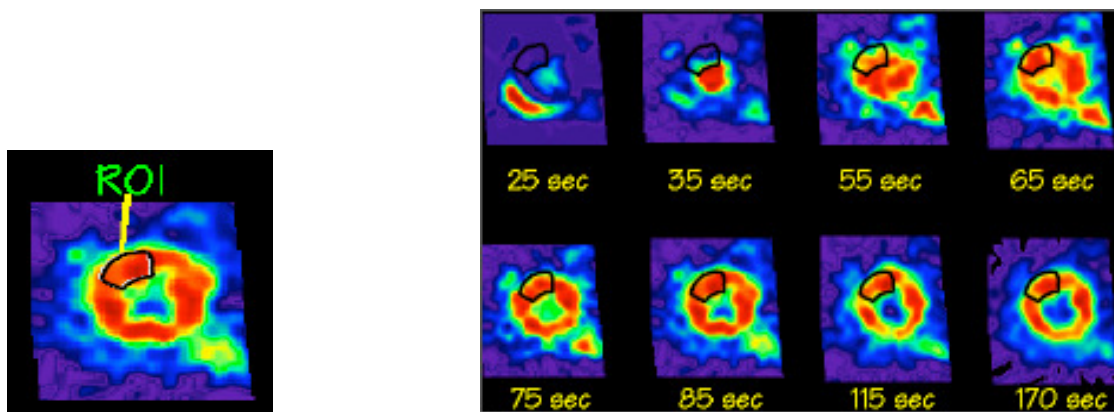


Fig.II.3. Traçage d'une région ROI, sur une image choisie (image gauche); et le report sur le reste des images de la séquence (image de droite).

II.2.3 Les méthodes d'imagerie paramétrique

La méthode d'imagerie paramétrique synthétise l'information contenue dans l'étude dynamique sous la forme d'une image [31-32].

Elle Consiste à suivre et analyser l'évolution en fonction du temps de chaque pixel indépendamment. Chaque cinétique est modélisée avec ressort de paramètres la caractérisant. L'ajustement de chaque courbe donne naissance à un ensemble de valeurs relatives à leurs propres paramètres. Et l'étape finale consiste à représenter la distribution spatiale des valeurs de chaque paramètre sous forme d'images. Le modèle général utilisé peut être de la forme linéaire suivante :

$$s(p,t) = \sum_{k=1}^K p_k(p)c_k(t) + \mathcal{E}(p,t) \quad \text{Eq.6}$$

Où :

$s(p,t)$: le signal observé dans le pixel p , de l'image t ;

$c_k(t)$: les variables (modèle) explicatives, connues ;

$p_k(p)$: les poids associés à chacune des variables explicatives ; et

$\mathcal{E}(p,t)$: le terme d'erreur par apport au modèle choisi.

Et sous forme de notation matricielle, l'équation (eq.6) nous donne :

$$S = PC + E \quad \text{Eq.7}$$

où :

S : matrice des observations (m pixels, n images);

C : matrice explicative (k, n);

P : matrice inconnue des contributions à chacune des k réponses attendues (m, k).

E : matrice erreur (m, n).

La solution de l'équation (eq.7), est donnée par la méthode des moindres carrés.

Deux formes d'imagerie paramétrique peuvent être adoptées, l'imagerie paramétrique directe, et indirecte ou statistique. La première repose sur la compétence de l'intervenant dans l'analyse et la conversion des valeurs en paramètres physiologiques.

Cependant la deuxième est une méthode axée sur l'analyse statistique des valeurs de la séquence d'images et elle comprend les phase suivantes

II.2.3.1 Le Concept statistique de la méthode

- Les valeurs de l'image paramétrique sont des valeurs statistiques qui reflètent le temps moyen, le mode d'intensité du pixel, ou bien les valeurs des paramètres.
- Chaque valeur des images paramétriques est une fonction de probabilité mesurant le suivi du pixel au modèle considéré ou non.

II.2.3.2 Le paramétrage

- La méthode suppose un modèle paramétrique des cinétiques suivi par les pixels c'est-à-dire qu'elle suppose que ces cinétiques suivent une fonction caractérisée par certains paramètres.
- La connaissance assez forte précoce concernant les cinétiques relatives aux régions d'intérêts

II.2.4 L'analyse factorielle

L'analyse factorielle de Séquences d'Images Médicales (AFSIM) a été développée initialement pour les études dynamiques d'images acquises en médecine nucléaire afin d'en extraire les informations physiologiques et spatiales. Cette méthode consiste à décomposer la série initiale $S(p, t)$ en un nombre limité K de facteurs notés $C_k(t)$ et d'images factorielles $P_k(p)$ associées (fig.II.4). Les facteurs correspondent aux différentes classes de cinétiques observées dans l'image. Les images factorielles associent à chaque pixel la part des différents facteurs $C_k(t)$ pour reconstituer la cinétique $C_p(t)$. Cette décomposition se traduit par l'hypothèse que la séquence dynamique est une combinaison linéaire des K cinétiques $C_k(t)$:

$$s(p, t) = \sum_{k=1}^K p_k(p) c_k(t) + \varepsilon(p, t) \quad \text{Eq.8}$$

Où

$s(p, t)$: le signal (courbe) observé, associé au pixel p , de l'image t ;

$c_k(t)$: les cinétiques relatives à chaque classe k ;

Chapitre II: Les images

$p_k(p)$: poids (image factorielle) associé à chacune des cinétiques ;

$\varepsilon(p, t)$ désigne l'erreur liée au bruit de mesure et l'erreur liée au modèle en chaque point p , à l'instant t ;

K : nombre de structures (classes) ; et

k : indice de structure.

Sous forme de notation matricielle l'équation eq.8 devienne comme suit :

$$S = PC + E \quad \text{Eq.9}$$

où :

S : matrice des observations (m pixels, n images);

C : matrice des cinétiques (facteurs) de dimension (k, n); inconnue.

P : matrice des images factorielles (m, k), inconnue.

E : matrice erreur (m, n), inconnue.

On peut considérer que la séquence dynamique est une combinaison linéaire de K images factorielles $p_k(p)$.

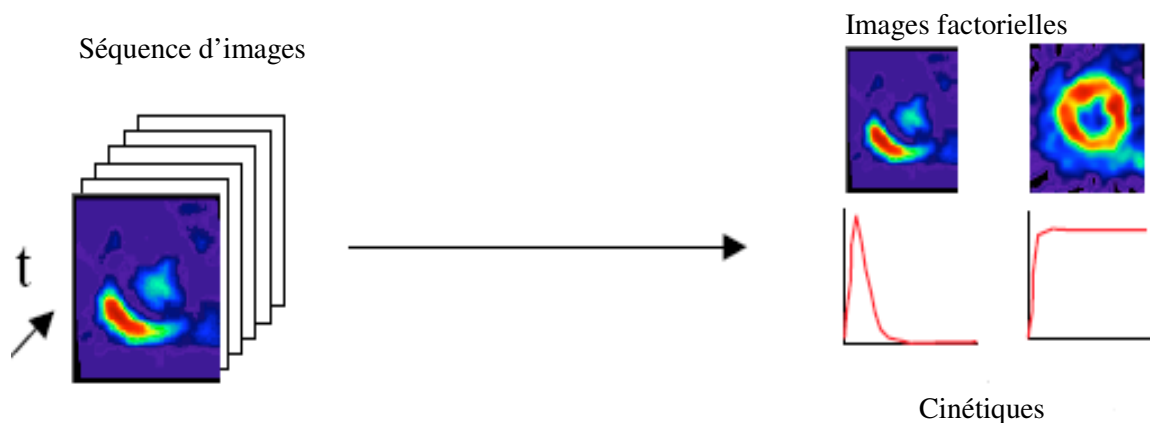


Fig.II.4 Décomposition d'une séquence d'images (images à gauche) par l'analyse factorielle à des images factorielles, indexés par leurs cinétiques (images à droite).

Pour que les facteurs puissent être interprétés comme des cinétiques de rehaussement et les images factorielles comme des distributions spatiales correspondant aux régions de l'image où se trouve représentée la $k^{\text{ème}}$ cinétique $c_k(t)$, des contraintes de positivité sont imposées :

$$\forall k, \begin{cases} \forall t, c_k(t) \geq 0; \\ \forall p, p_k(p) \geq 0. \end{cases}$$

De plus, les facteurs sont normalisés :

$$\sum_{t=1}^n c_k(t) = 1. \quad \text{Eq.10}$$

De façon à avoir une décomposition unique. Sinon une infinité de solutions équivalentes pourrait être trouvée en multipliant c_k par un coefficient quelconque positif a_k , il suffit alors de diviser I_k par a_k .

Le principe de l'analyse factorielle d'une séquence d'images dynamiques, est de déterminer les K cinétiques $c_k(t)$ estimant les facteurs $c_k(t)$ permettant le calcul des images factorielles $p_k(p)$ associées. L'algorithme est réalisé en deux temps [34] :

- Une analyse orthogonale sur l'ensemble des courbes $S(i,t)$, qui réalise un filtrage des courbes initiales et qui estime le sous-espace dans lequel les facteurs sont recherchés.
- Une analyse oblique, qui estime les facteurs et les images factorielles sous contraintes (notamment la contrainte de positivité).

II.2.4.1 Analyse orthogonale

À partir des images globales de la séquence, une région incluant l'organe d'intérêt est extraite afin de ne garder que l'information importante. Les pixels sont ensuite agrégés par regroupement des pixels voisins selon un motif de dimensions déterminées. Pour chaque bloc, la cinétique moyenne est calculée en moyennant l'intensité des pixels à chaque instant. Ce sous-échantillonnage spatial a pour but d'augmenter le rapport signal sur bruit et de diminuer le volume de cinétiques à traiter. Le choix de la taille des agrégats dépend du niveau de bruit présent dans l'image.

Après ce prétraitement, il reste un nombre optimal de cinétiques. L'analyse orthogonale a pour but de filtrer de façon optimale, au sens des moindres carrés, ces cinétiques et d'estimer l'erreur E , tout en exploitant les connaissances relatives aux propriétés statistiques (Gauss, Poisson, etc). Les données non bruitées, ($S-E=PC$), et supposées qu'elles appartiennent à un sous-espace Q de dimension $q < n$ (fig.II.5). Cet espace d'étude est engendré par une base des vecteurs orthonormés $\{u_j\}_{j=1,q}$.

Ainsi déterminé l'espace du signal (données) non bruité revient à estimer les vecteurs de base $\{u_j\}_{j=1,q}$, par la décomposition en valeurs singulières de S en utilisant une métrique adaptée aux propriétés statistiques des données, ou bien par l'analyse en composante principale (ACP). En effet l'espace contenant la partie non bruitée des données est l'espace engendré par les q vecteurs propres u_q associés aux plus grandes valeurs propres λ_q , ainsi, la séquence dynamique dans le sous espace est écrite de la façon suivante:

$$\hat{S}(p,t) = \sum_q \lambda_q v_q(p) u_q(t) \quad \text{Eq.11}$$

Le résultat peut être visualisé sous forme d'un plan factoriel dans lequel l'ensemble des pixels conservés lors de la préparation des données est représenté, dont l'origine correspond à la cinétique moyenne (Fig.II.5). Les pixels d'une même structure apparaissent dans une même région du plan.

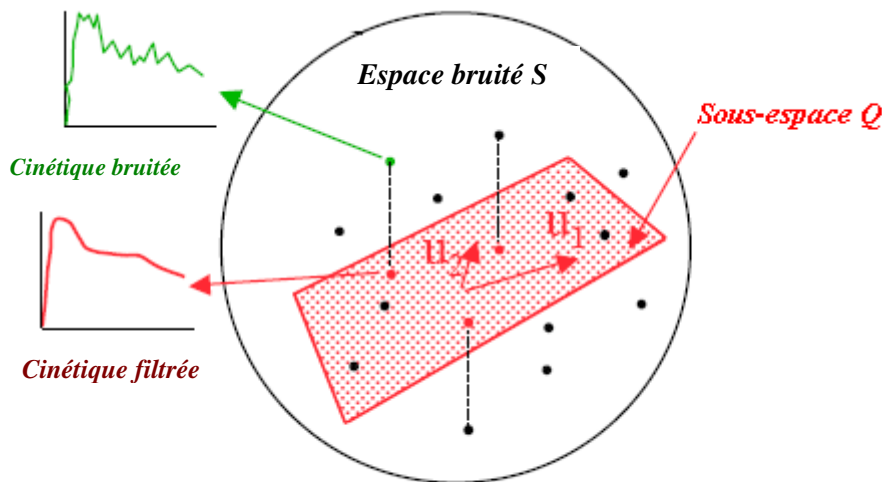


Fig.II.5 Un sous-espace des données non bruitées Q issu de l'analyse orthogonale de l'espace globale S .

II.2.4.2 Rotation oblique des axes principaux

Une fois le sous-espace des données non bruitées est déterminé, les cinétiques de base c_k et les compartiments physiologiques associés p_k sont supposées appartenir à cet

espace d'étude. Leur identification consiste uniquement à un changement de base, par une analyse oblique.

L'analyse oblique requiert la connaissance *a priori* du nombre de facteurs. Par la suite l'estimation $\tilde{c}_k(t)$ des facteurs $c_k(t)$ dans le sous-espace défini par l'analyse orthogonale s'effectue sous la double contrainte qu'elles doivent vérifier les facteurs et les images factorielles, comme par exemple les contraintes de positivités. Il est aussi possible de commencer le processus en estimant les images factorielles plutôt que les cinétiques. Les coordonnées initiales des facteurs sont définies comme suit pour le cas de trois compartiments: $c_1(t)$, $c_2(t)$, $c_3(t)$ sont respectivement des projections des point expérimentaux les plus éloignés du centre, de $c_1(t)$, du couple $(c_1(t), c_2(t))$. Ils prennent des valeurs positives ou nulles car ils résultent des cinétiques expérimentales. Les facteurs sont estimés au cours d'un processus itératif effectué par une régression linéaire. Partant d'une première estimée des facteurs, on déduit par la régression, les compartiments associés. Des corrections leur sont appliquées de façon à obtenir des images vérifiant les *a priori*. De nouveau une régression est appliquée, pour déduire des nouveaux facteurs correspondant aux images. Ce processus itératif est répété jusqu'à ce que les contraintes relatives aux images factorielles et aux cinétiques correspondantes, soient vérifiées simultanément.

II.3 Conclusion

La méthode des Régions d'intérêt présente un certain nombre de limitations bien connues. Les différentes régions d'intérêt doivent comporter un nombre suffisant de pixels et être correctement positionnées sur l'organe ou la région que l'on désire étudier.

Un tracé imprécis peut entraîner une contamination de la cinétique que l'on cherche à mesurer par la cinétique d'une région ou d'un organe voisin. Le nombre de pixels optimal à prendre en compte dans une région d'intérêt dépend de la résolution spatiale, du niveau de bruit présent dans l'image et de la dimension de l'organe étudié. La prise en compte des mouvements se produisant entre les images successives de l'étude dynamique est généralement réalisée par l'opérateur, à savoir : le positionnement manuel des régions d'intérêt sur chaque image de l'étude dynamique, et le recalage préalable. Cette étape est rendue nécessaire du fait de la résolution spatiale élevée.

Parmi Les points faibles de cette méthode aussi, les variabilités intra et inter-opérateurs, les traitements manuels longs et fastidieux.

Chapitre II: Les images

En imagerie paramétrique, on suppose un modèle relativement précis sur les fonctions physiologiques. On procède ensuite à l'ajustement des données au modèle, pour déterminer la contribution des différents pixels aux différentes cinétiques décrites par le modèle. Cette approche est donc entièrement conditionnée par le modèle.

L'analyse factorielle peut être vue comme une technique exploratoire, comme la méthode des régions d'intérêt. Elle se situe donc à mi chemin entre méthode des ROIs et imagerie paramétrique. Comme en imagerie paramétrique, elle permet d'introduire des connaissances a priori sur les caractéristiques des courbes physiologiques ou des compartiments physiologiques recherchés.

Cependant, ces aprioristes peuvent être relativement flous et ne dictent pas totalement le résultat de l'analyse. Ce qui donne naissance à des solutions multiples (non unicité de solutions) et conduit par la suite à des résultats non physiologiques, et qui ne peuvent pas être interprétés.

La méthode LDR, qu'on va entamer au chapitre suivant est vue comme une technique plus simple et plus précise dans la détermination des structures dynamiques.

Chapitre III : La réduction linéaire de dimension

III.1. Introduction

III.2. Fondement Théorique de la méthode

III.3 Conclusion

III.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous discutons l'aspect théorique fondamental de la méthode suivi de sa démarche algorithmique. Cette technique a été introduite par Hermansen et al. dans la décomposition des images TEP cardiaques chez l'humain [06, 08, 35]. Les images TEP mesurées dans le cœur avec le radiotracer H215O, un radiotracer librement diffusible et ayant une courte demi vie et donc ne permettant pas un contraste du myocarde, ont été décomposées en composantes tissulaire et sanguine pour permettre de localiser le myocarde et tracer des ROIs sur le tissu et sur la cavité du ventricule gauche.

III.2 Fondement Théorique de la méthode

Etant donnée une série de n images (coupes) dynamiques, à chaque pixel est associée n valeurs temporelles. Ces valeurs forment un vecteur de n dimension, dit vecteur pixel. L'ensemble des pixels des n images est rangé en un tableau matriciel indicé W formant l'espace de données, dont les lignes sont des vecteurs pixels et les colonnes sont des vecteurs temps.

$$W = \begin{bmatrix} P_{11} & P_{12} & P_{13} & \dots & \dots & P_{1n} \\ P_{21} & & & & & \\ P_{31} & & & & & \\ \cdot & & & & & \\ \cdot & & & & & \\ \cdot & & & & & \\ P_{m1} & \dots & \dots & \dots & \dots & P_{mn} \end{bmatrix} \quad \text{Eq.1}$$

Chaque pixel dynamique P est formé d'une réponse propre (Signal d'Intérêt) S et d'un bruit E :

$$P = S + E \quad \text{Eq.2}$$

Avec $\mathcal{E}(E) = 0$ et $Cov(E) = \alpha M$

S : Réponse spectrale (vecteur) de n dimensions ;

E : Erreur aléatoire de moyenne \mathcal{E} nulle ;

Cov : Covariance ;

M : Matrice de covariance du bruit, symétrique définie positive ;

α : Constante positive relative au vecteur pixel *P*.

La présente théorie nécessite la définition d'une région d'étude (région d'intérêt) qui forme un espace de données dit (Espace de Signal), W_s , engendré par des vecteurs pixels (facteurs) indépendants :

$$W_s = \xi(f_i) \quad i=1, 2, 3, \dots, q. \quad \text{Tel que } q < n. \quad \text{Eq.3}$$

f_i : Vecteurs (facteurs) libres régissant deux espaces ;

- Un espace dit espace des variantes W_v , défini comme espace signal d'intérêt
- Et un autre espace, dit espace des covariantes W_c , tel que :

$$W_v = \xi(f_i) \quad i=1, 2, 3, \dots, p. \quad \text{Eq.4}$$

$$W_c = \xi(f_i) \quad i=p+1, p+2, p+3, \dots, q. \quad \text{Tel que } q < n$$

III.2.1 Mise à l'échelle des données

Cette opération a pour objectif, l'uniformisation du bruit sur l'ensemble des vecteurs pixels, appliquée de la façon expliquée comme décrit ci-dessous. Généralement, l'échelle est donnée par :

$$\left(\frac{XX^T}{\lambda} \right)^{1/2} \quad \text{Eq.5}$$

Tel que λ est une constante définie positivement et *X* est un vecteur quelconque. Avec l'exposant T indiquant la transposée.

L'application du principe suscit  sur l'ensemble des vecteurs pixels conduit au formalisme suivant :

$$S = UD^{-1/2}U^T \quad \text{Eq.6}$$

U : Matrice unitaire ;

U^T : Transposée de *U*;

D : Matrice diagonale d duite de la d composition de la matrice covariance *M* du bruit d finie positive et sym trique en :

$$M = UDU^T$$

En conséquence, pour un vecteur pixel p quelconque, son nouveau vecteur pixel y , mis à l'échelle prend la forme suivante :

$$y = S.p = UD^{-1/2}U^T p \quad \text{Eq.7}$$

p : Vecteur pixel de dimension n .

De la même manière, les espaces vecteurs W , W_v , W_c peuvent être transformés comme suit :

$$\begin{aligned} V &= SW \\ V_v &= SW_v = \xi(Sf_i) \quad i=1, 2, 3, \dots, p. \\ V_c &= SW_c = \xi(Sf_i) \quad i=p+1, p+2, p+3, \dots, q. \quad q < n \end{aligned} \quad \text{Eq.8}$$

Le choix du facteur de transformation S est basé sur les propriétés des vecteurs aléatoires multivariants suivants :

Soit X un vecteur aléatoire de n dimensions avec une moyenne $\mathcal{E}(X) = b$, et une matrice de covariance symétrique, définie positive $M = Cov(X)$, et K est une matrice non singulière de dimension n , alors :

$$\begin{aligned} \mathcal{E}(KX) &= Kb \\ \text{Et} \quad Cov(KX) &= KCov(X)K^T = KMK^T \end{aligned} \quad \text{Eq.9}$$

Ainsi, de (Eq.2), (Eq.6), (Eq.9) on obtient :

$$Cov(UD^{-1/2}U^T E_i) = \alpha_i I_n \quad \text{Eq.10}$$

Où la matrice d'identité I_n , montre l'homogénéité de variance de tout vecteur mis à l'échelle. Aussi, une matrice unitaire de transformation U quelconque, sur ces vecteurs n'influe pas sur sa matrice de covariance puisque :

$$U\alpha_i I_n U^T = \alpha_i I_n ; \quad \text{Eq.11}$$

Avec $U^T = U^{-1}$

La Réduction de la dimension de l'espace global (Espace brut), revient à le décomposer en deux espaces vectoriels,

- Un espace noté V_s de dimension q , tel que q inférieure à n ;
- Et un espace des erreurs résiduelles noté V_r , de telle sorte que la somme forme l'espace global.

$$V = V_s \oplus V_r \quad \text{Eq.12}$$

Où le symbole \oplus représente la somme directe de décomposition. Cette équation reflète une réduction optimale de dimension, lorsque tous les éléments diagonaux de la matrice de covariance du bruit dans l'espace du signal (facteur) sont minimisés. C'est-à-dire, lorsque le bruit sur l'espace du signal est non corrélé avec celui sur l'espace résiduel [35,36].

Donc, L'espace vectoriel V , peut être défini comme suit :

$$\forall v \in V \{v = v_s + v_r; v_s \in V_s, v_r \in V_r\} \quad \text{Eq.13}$$

Les composantes des vecteurs formants l'espace V suivant V_s sont obtenues par la projection orthogonale de tout l'espace global sur V_s . Ce qui correspond à une projection de tout vecteur de V , dans l'espace de signal V_s , afin de trouver son plus proche vecteur représentant.

Cette projection est une fonction qui peut être définie par :

$$P(v) = P(v_s + v_r) = v_s. \quad \text{Eq.14}$$

L'espace résiduel V_r , est un espace nul, puisque, tout vecteur dans cet espace est projeté sur un point zéro de l'espace V_s .

$$P(v_r) = 0; \forall v_r \in V_r. \quad \text{Eq.15}$$

Pour que le bruit sur V_s soit non corrélé avec celui sur V_r , avec une réduction optimale [35,36], il faut que les deux espaces V_s , et V_r soient orthogonaux. Par conséquent, la somme directe de décomposition est une somme orthogonale, représentée comme suit :

$$V = V_s \perp V_r \quad \text{Eq.16}$$

III.2.2 Décomposition du signal d'intérêt

Tout vecteur de l'Espace vectoriel V_s contient des variantes (le tissu) et des covariantes (le sang). Cet espace peut être décomposé en deux sous-espaces, indépendants, un espace des variantes pures représentant le tissu, et des covariantes pures représentant le sang. Ces deux espaces sont engendrés respectivement par des p et $q-p$ facteurs tel que définie en équation Eq.8. Les facteurs (vecteurs) variantes sont toujours contaminés par des covariantes qu'il faut éliminer.

III.2.2.1 L'extraction des variantes pures

L'extraction des facteurs variantes pures revient à effectuer des projections des vecteurs variantes 'contaminés' sur un espace perpendiculaire à celui des covariantes, tel expliqué dans l'exemple de la figure (fig.III.1), pour le cas d'une seule dimension, de telle sorte que :

$$V_{pv} = V_v - V_c ; \quad \text{Eq.17}$$

où :

V_{pv} : Vecteur (facteur) variante pure (projeté).

V_v : Vecteur (facteur) variante contaminé.

V_c : Vecteur (facteur) covariante pure, issu de la projection orthogonale de V_v .

Ainsi l'espace des variantes projetées noté V_{pv} est un sous espace de V_s orthogonale sur V_c . (c'est-à-dire chaque vecteur de l'espace V_{pv} est orthogonale sur tous les vecteurs engendrant l'espace V_c). Les vecteurs de base formant l'espace V_c , sont orthonormés (orthogonaux et normés).

Donc :
$$V_s = V_{pv} \perp V_c$$

Et par conséquent
$$V = V_{pv} \perp V_c \perp V_r \quad \text{Eq.18}$$

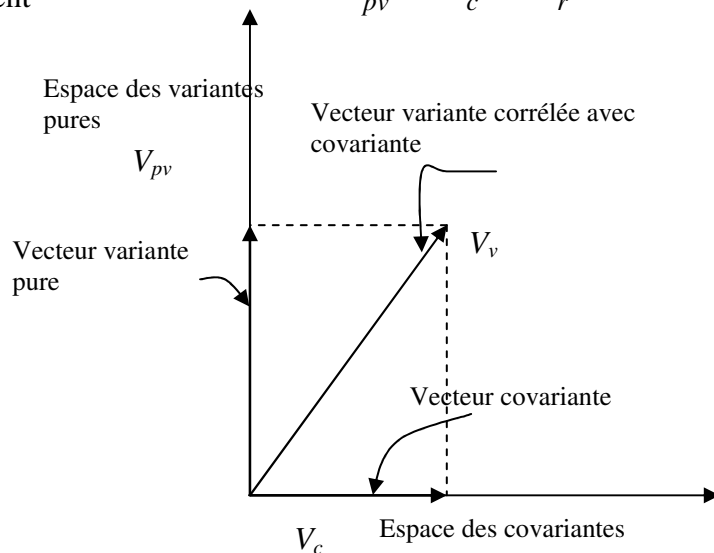


Fig.III.1. Vecteur de variante pure résultant par projection orthogonale.

Sous forme de notation symbolique matricielle, V_{pv} est calculé comme suit :

Supposons l'espace des covariantes V_c engendré par l'ensemble des vecteurs orthonormés B_c tel que :

$$B_c = \{v_{c1}, v_{c2}, v_{c3}, \dots, v_{ck}\}, \quad \text{Eq.19}$$

Avec $\|v_{ci}\| = 1$;

et $(v_i, v_j) = 0$; pour $i \neq j$.

Et on suppose le vecteur des variantes V_v de dimension (n,p) , et $P(V_v)$, la projection du vecteur des variantes V_v sur l'espace des covariantes V_c , alors :

On définit une matrice F_c telle que :

$$F_c = [v_{c1} \ v_{c2} \ v_{c3} \ \dots \ v_{ck}]; \quad \text{Eq.20}$$

La projection orthogonale P de vecteur V_v sur l'espace V_c peut être définie comme suit :

$$P(V_v) = \alpha_1 v_{c1} + \alpha_2 v_{c2} + \alpha_3 v_{c3} + \dots + \alpha_k v_{ck} \quad \text{Eq.21}$$

Ce qui donne sous forme matricielle :

$$P(V_v) = F_c \alpha \quad \text{Eq.22}$$

Avec $\alpha = [\alpha_1 \ \alpha_2 \ \alpha_3 \ \dots \ \alpha_k]^T$

Sachant que :

$$\alpha_i = \frac{(v_{ci}, V_v)}{(v_{ci}, v_{ci})} = v_{ci}^T V_v \quad \text{Eq.23}$$

Donc :

$$\alpha = F_c^T V_v \quad \text{Eq.24}$$

De (Eq.21) et (Eq.23) on obtient :

$$P(V_v) = F_c F_c^T V_v \quad \text{Eq.25}$$

Et par conséquent, le vecteur V_{pv} issu de la projection de V_v , sur l'espace qui est orthogonal avec l'espace des covariantes V_c peut être donné par:

$$V_{p_v} = V_v - F_c F_c^T V_v \quad \text{Eq.26}$$

De la même manière on peut déduire l'espace résiduelle, V_r , de telle sorte que :

$$V_r = V - F_c F_c^T V - F_{p_v} F_{p_v}^T V \quad \text{Eq.27}$$

Sachant que, F_{p_v} est la matrice déduite de base orthonormée formant l'espace des variantes pures V_{p_v} .

La norme du vecteur variante projetée V_{p_v} (figIII.1) est définie comme la multiplication de la norme du vecteur variante V_v par le sinus de (V_v, V_c) . D'où, tant que l'angle (V_v, V_c) est petit la variante projetée V_{p_v} est atténuée. Ainsi, une dominante de la composante covariante. Quant à l'information de la composante variante après projection demeure préservée (voire annexe B).

Les trois bases des vecteurs orthonormés, F_{p_v} des variantes pures V_{p_v} , F_c des covariantes pures V_c , ainsi que F_r de l'espace résiduels V_r , sont obtenues, en adoptant la procédure de Gram-smidt [36]. Et leurs normalisations reviennent à multiplier les composantes par l'inverse de leurs normes.

Ces trois vecteurs F_{p_v} , F_c et F_r , sont respectivement de dimensions p , $q-p$, $n-q$.

Par projection des données brutes de la séquence d'images, représentée sous forme matricielle en Eq.1, sur les trois bases des espaces suscités, on obtient les trois images facteurs, des variantes pures, des covariantes et de l'erreur résiduelle.

III.3 Conclusion

Toutes les mathématiques relatives à la méthode LDR sont illustrées en ce chapitre avec une structure algorithmique modulaire qui nous a permis sa pratique informatique au chapitre qui suit.

Les statistiques, les transformations unitaires, et les espaces vectoriels font des séquences modulaires de la démarche et ils ont servis efficacement à la décomposition de l'information globale en composantes informationnelles et autres.

L'application du fondement théorique de la méthode n'était guère une tâche aisée, mais elle nous a nécessité une recherche bibliographique poussée en la matière et surtout dans le domaine des mathématiques.

Chapitre IV : Expérimentations et discussion des résultats

IV.1 Expérimentations

IV.1.1 Application sur des images mesurées

IV.1.2 Application sur des images simulées

IV.2 Résultats et Interprétation

IV.1. Expérimentations

IV.1.1 Application sur des images mesurées

Le travail consiste à décomposer une séquence de $n=22$ images dynamiques sur des rats (Fig.IV.1), acquise d'un laboratoire du département de médecine nucléaire et radiobiologie à l'Université de Sherbrooke. Les images de cette séquence sont rangées dans une matrice, où chaque ligne représente les intensités d'un pixel dans le temps. Chaque pixel est formé de la contribution d'une quantité de sang et de tissu.

Ce mélange est dû à la faible résolution spatiale du tomographe où un détecteur peut mesurer différentes composantes. Cela est dû aussi au mouvement des poumons et du cœur qui font que des tissus se trouvent dans différents pixels durant la mesure. Il y a aussi le bruit dans les images et le filtrage lors des reconstructions [10]. Le tissu représente les variantes tandis que le sang représente les covariantes.

Comme première étape on délimite notre région d'étude sur la séquence qui représente le cœur comme le montre la figure (Fig.IV.2).

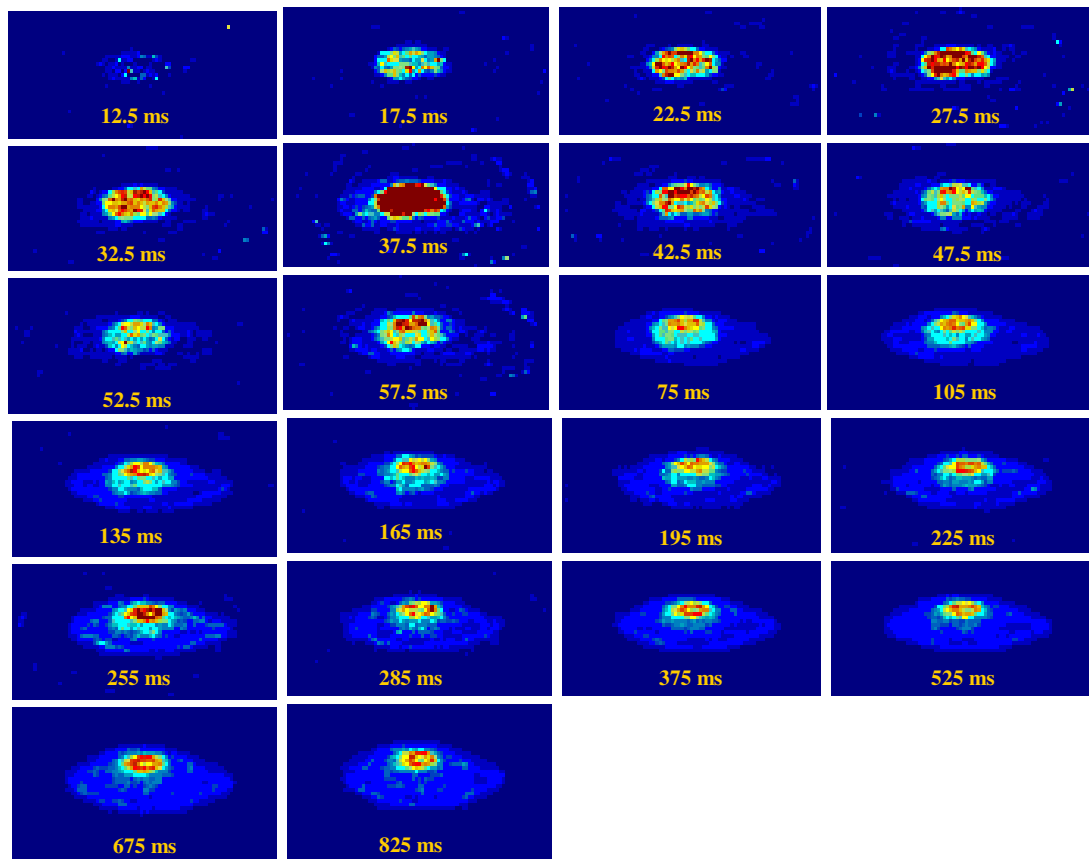


Fig.IV.1. Une séquence de 22 images du cœur de rat.

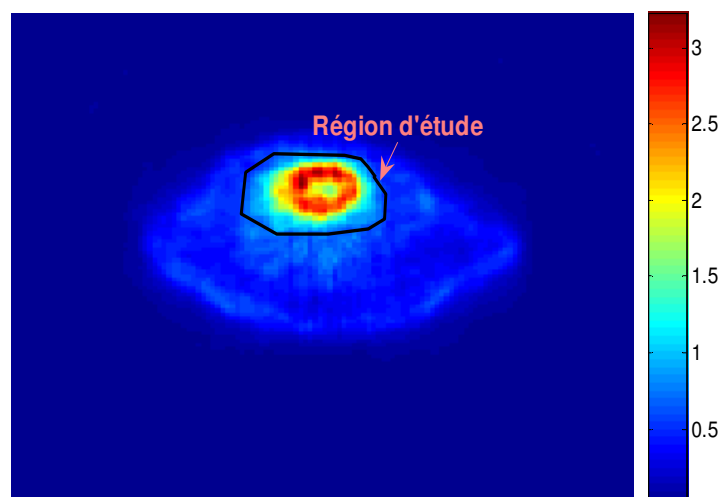


Fig.IV.2. Région d'intérêt déterminant le contenu à étudier de l'image.

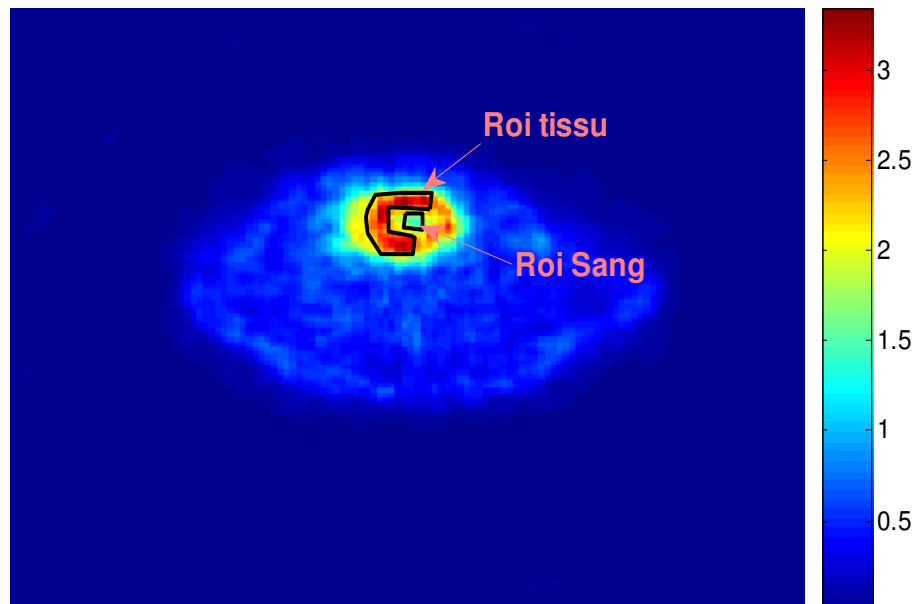
On trace deux régions d'intérêt, l'une sur le tissu du myocarde et l'autre sur la cavité du ventricule gauche sur une image formée de la moyenne des quatre dernières images de la

Chapitre IV : Expérimentations et discussion des résultats

séquence pour observer un meilleur contraste (Fig.IV.3). Puis on reporte ces mêmes ROIs sur toutes les images individuelles de la séquence dynamique. A partir de ces deux régions d'intérêt tracées, on déduit les vecteurs pixels-temps, et on les représente sous forme matricielle, en deux matrices, l'une correspond au matrice des variantes et l'autre à celle des covariantes, tel que définie en équation Eq.1 du chapitre III précédent.

Les courbes d'activité en temps (Time Activity Curves: TACs, en anglais), issues de ces deux régions, sont générées et représentées en figure fig.IV.4.

Les données de ces deux régions sont considérées comme des facteurs d'entrée de la démarche.



FigIV.3. Les deux régions tracées, représentant le contenu des variantes (tissu) et des covariantes (sang)

Etant donné les paramètres d'entrées suscitées, de la méthode, à savoir :

- ✓ La matrice du bruit, définie positive et symétrique ;
- ✓ La matrice des variantes, issue de la région du tissu tracée (ROI tissu) ;
- ✓ La matrice des covariantes, issue de la région du sang tracée (ROI sang).

On procède à l'application de l'algorithme relevant à la méthode LDR, qui se déroule en étapes suivantes :

1. La recherche d'une base des vecteurs orthonormés représentant l'espace des covariantes ;
2. Le calcul de l'espace des variantes pures.
3. La création d'une base des vecteurs orthonormés engendrant l'espace des variantes pures.
4. Le calcul de l'espace résiduel.
5. La création d'une base des vecteurs orthonormés engendrant l'espace de l'erreur résiduelle.
6. La projection des données brutes de la séquence sur les trois bases citées.

L'application de l'algorithme décrit ci haut permet d'obtenir les résultats des images décomposées (Fig.IV.5).

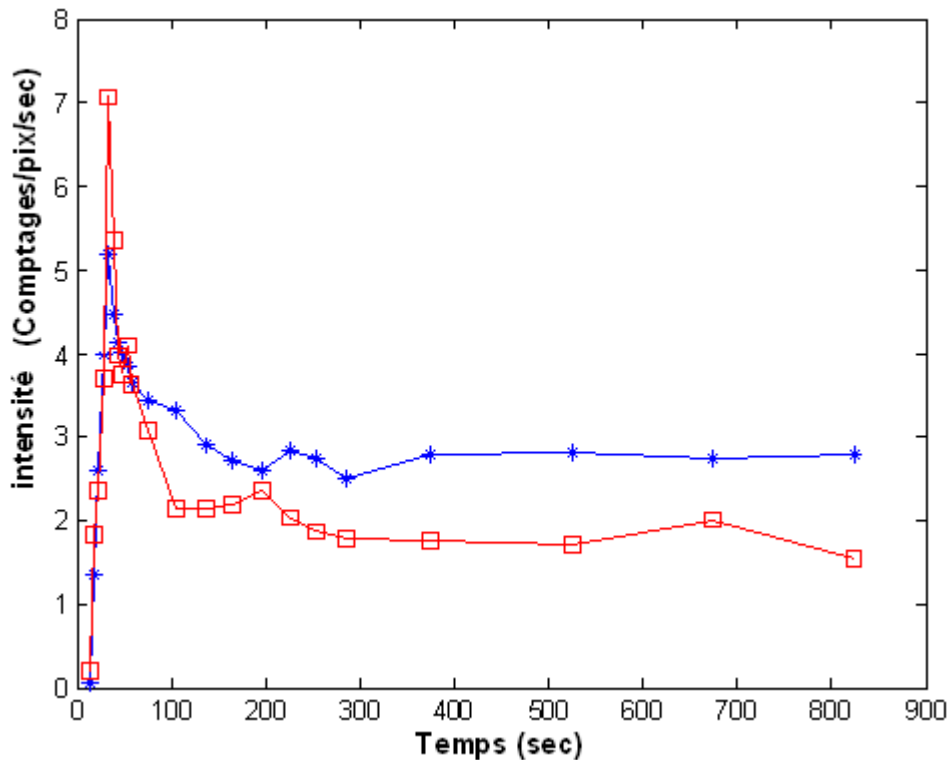
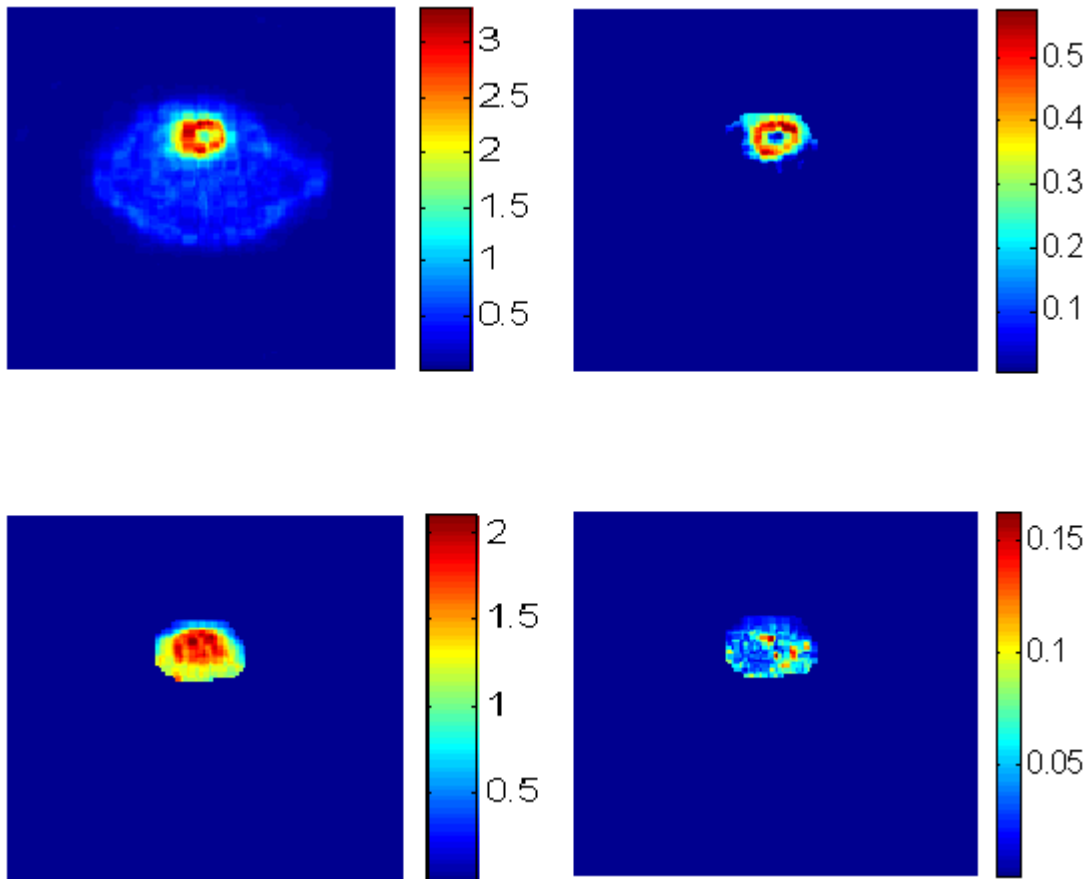


Fig.IV.4 Courbes activité temps du sang (rouge) et tissu (bleu) issues des ROIs tracées.



FigIV.5 Les images facteurs résultants de l'application de la méthode LDR.
En haut à gauche, la dernière image de la séquence de la mesure, et à droite l'image facteur du tissu.
En bas à gauche l'image résultante du sang, et à droite est celle de l'erreur résiduelle.

IV.1.2 Application sur des images simulées

Cette opération consiste à simuler la séquence des images du cœur du rat, avec le myocarde et la cavité. On connaissant toutes les entrées de l'algorithme, et on prédisant les résultats qui doivent être obtenus, cette simulation est considérée comme un test de validité de la méthode.

Autant le myocarde que la cavité devraient contenir des proportions de tissu et de sang.

Chaque voxel du myocarde devrait contenir une proportion entre 5% et 50% de sang. Cette proportion est tirée au hasard pour chacun des voxels du myocarde. Par exemple, un voxel a 5% de sang et 95% de tissu. Le voxel voisin a 10% de sang et 90% de tissu etc. chaque voxel de la cavité a des proportions inverses où le sang est dominant cette fois ci. Ces proportions multiplient les courbes du tissu et du sang.¹⁰

Chapitre IV : Expérimentations et discussion des résultats

A titre d'exemple, un voxel du tissu myocardique, V_t peut être formé de la façon suivante:

$$V_t = 0.05 * bTAC + 0.95 * tTAC.$$

Son voxel voisin, V_{t1} est égale :

$$V_{t1} = 0.1 * bTAC + 0.9 * tTAC.$$

Où $bTAC$, et $tTAC$ sont des courbes activité-temps (TAC: time-activity curve) du sang et du tissu respectivement.

Idem pour le sang mais avec des proportions inverses :

$$V_s = 0.95 * bTAC + 0.05 * tTAC.$$

Son voxel voisin, V_{s1} est égale :

$$V_{s1} = 0.9 * bTAC + 0.1 * tTAC.$$

Pour concevoir les courbes activité-temps du tissu et du sang, on génère d'abord la courbe de sang pour avoir une même allure que celle de la courbe sanguine extraite de la mesure.

On garde les données du temps moyens utilisé pour les images mesurées. Ainsi La courbe obtenue et $bTAC$. On Produit ensuite des fonctions produisant une courbe de même allure de celle du tissu pure.

La courbe activité-temps du tissu, est obtenue par une convolution de la courbe d'activité-temps générée pour un tissu pure et d'une courbe d'activité-temps du sang :

$$tTAC = tTAC_{pure} \otimes bTAC$$

Pour chaque valeur du temps t , on obtient une image. Et à chaque image on ajoute un bruit gaussien, en fonction de l'intensité du voxel. Et on obtient finalement une séquence de $n=22$ images simulées.

Par application de la méthode du LDR sur cette séquence obtient les résultats suivants :

Les courbes d'activités-temps avant (fig.IV.6), ainsi que les images décomposées (fig.IV.7).

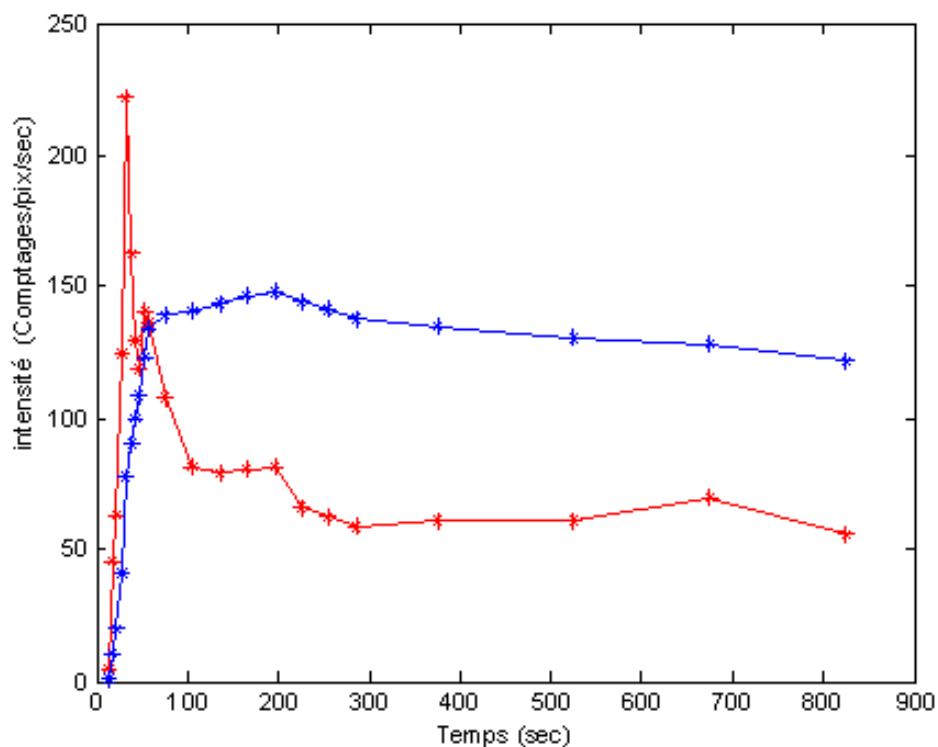
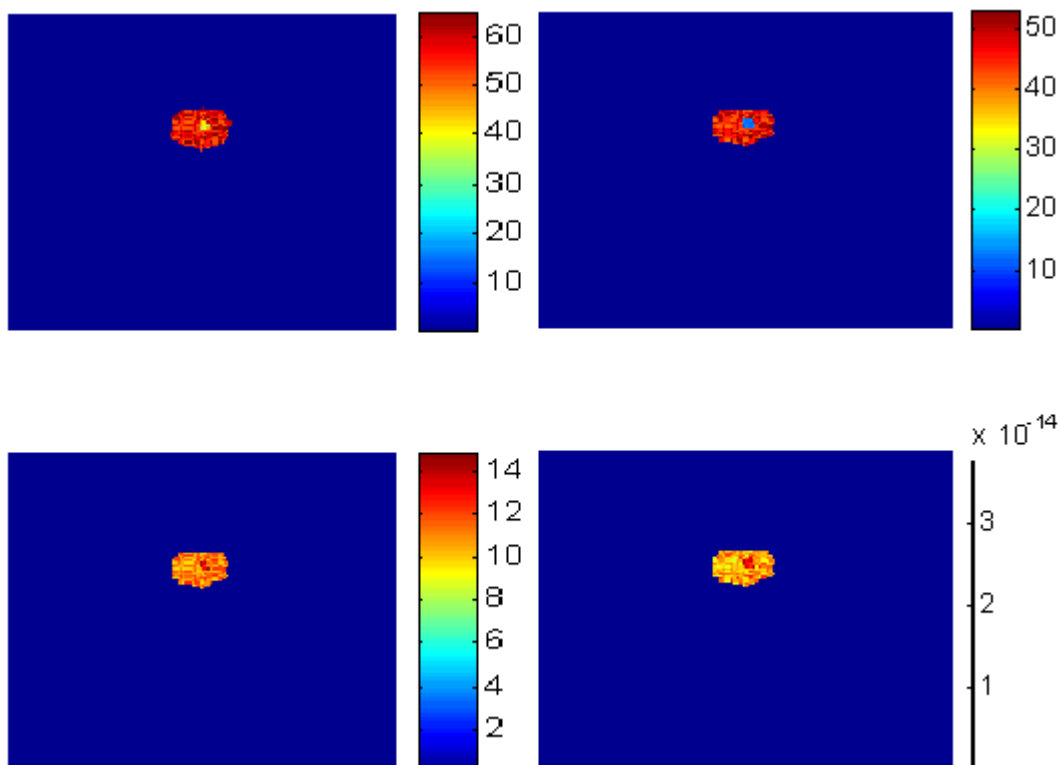


Fig.IV.9 Courbes activité temps du sang (rouge) et tissu (bleu) issues des ROIs des images simulées.



FigIV.10 Les images facteurs résultants de l'application de la méthode LDR sur les images simulées.
 En haut à gauche, la dernière image de la séquence, et à droite l'image facteur du tissu.
 En bas à gauche l'image résultante du sang, et à droite est celle de l'erreur résiduelle.

V.2. Résultats et Interprétation

L'application de la méthode LDR sur la séquence d'images dynamiques a permis leur décomposition en composantes sanguine et tissulaire (Fig.5). L'image du tissu (en haut à droite de la figure), est manifestée par la présence du contraste sur toute la surface tissulaire. Par contre sur la deuxième image, on observe bien un contraste élevé au niveau du noyau de la région étudiée qui n'est autre que le sang, avec un contraste de couleur légèrement étalée sur l'ensemble de la surface extra noyau qui exprime le sang contaminant le myocarde, issu de la projection des variantes sur le plan perpendiculaire aux covariantes. La dernière image est celle des erreurs résiduelles.

Ces résultats aussi, concordent étroitement avec leurs courbes activités temps, à savoir, celle du sang et tissu, avant et après décomposition.

Aussi, L'étude de ces graphes montre clairement qu'avant discrimination (Fig.4), l'allure des deux courbes propres aux tissus et sang est pratiquement simulée, dans les premiers épisodes temporels, sauf qu'au fil du temps les deux graphes se dispersent légèrement, manifestant l'existence d'une certaine contamination entre eux.

Il apparaît de l'étude entamée, que ce qui résulte de l'exercice de la méthode est acquis avec un minimum et optimal bruit sauf que la qualité de la classification dépend des facteurs d'entrées, autrement dit le choix des facteurs doit être judicieux. C'est-à-dire le choix des régions d'intérêt du signal (variantes, covariantes). C'est l'étape la plus importante, est sera plus délicate lorsqu'il s'agit des applications sur les petits animaux. Le cas de notre travail. Chose prouvée par l'étude comparative des images décomposées (figIV.8) qui se ressemblent entre eux (pas de distinction), vu que les facteurs d'entrée sont choisis d'une manière non judicieuse.

Conclusion générale

V. Conclusion générale

Le but du présent travail est de décomposer une série d'images dynamiques du cœur du rat en composantes sanguine et tissulaire en tomographie d'émission par positrons, en adoptant la méthode de la réduction linéaire de dimension (LDR : Linear Dimension Reduction).

Nous avons abordé, à titre informationnel la technique de la TEP et son principe de fonctionnement avec citation de toutes les différentes étapes qui la forment, depuis la production de l'agent traceur jusqu'à l'obtention des images. Tout en relatant les phases importantes à savoir : l'acquisition des données et la reconstruction des images afin de ressortir l'intérêt et l'importance de cette méthode dans le domaine médicale.

Ensuite un aperçu superficiel sur les images et les différentes techniques et opérations de traitement est circonscrit sans oublier de rappeler les méthodes de classification des images et traitement de signal et qui peuvent être utilisées pour notre cas de projet, à savoir l'analyse factorielle.

LDR est une méthode mathématique s'appuyant sur la notion de dimensionnalité des espaces vectoriels (espace des variantes : tissus, espace des covariantes : sang), les transformations unitaires et sur le principe de l'orthonormalisation pour séparer les différents objets.

D'après les résultats obtenus de l'application de la L D R sur le coeur du rat, il est à constater que cette méthode est une démarche de décomposition sauf qu'elle nécessite un bon choix des facteurs (facteurs d'entrées).

Les résultantes du précédent chapitre, qui reflètent la décomposition de la séquence d'images en composante sanguine et tissulaire et par les graphes qui montrent clairement la simulation qui existe entre le sang et le tissu avant discrimination.

Conclusion générale

Le choix des petites régions nous donne généralement, des régions d'intérêt pures mais avec un rapport signal/bruit minimal, alors que les régions larges disposent des propriétés inverses. Donc un compromis entre les deux cas doit être pris en considération. Mais dans tous les cas, Il est recommandé de faire subir les régions à un prétraitement en amont.

Toutefois un mauvais choix des facteurs d'entrées de la démarche peut conduire à des résultats biaisés. Aussi la délimitation manuelle des régions pour le cas des petits animaux est très sensible, et fastidieux.

Les perspectives de ce travail sont nombreuses. À court terme, plusieurs développements peuvent être envisagés pour améliorer l'optimalité de la méthode: une aide au tracé des régions d'intérêts avec une proposition d'une procédure automatique (segmentation automatique par exemple) pour le ventricule notamment, une optimisation des différentes tâches ainsi que leur intégration au sein d'une interface interactive dédiée.

Références bibliographiques

- [01] I. Buvat, "Analyse de séquences d'images dynamiques", INSERM Paris, 2006.
- [02] Wu HM, Huang SC, Allada V, Wolfenden PJ, Schelbert HR, Phelps ME, Hoh CK. "Derivation of input function from FDG-PET studies in small hearts," *J Nucl Med*, vol. 37, pp. 1717-1722, 1996.
- [03] M. Bentourkia. "Kinetic modeling of PET data without blood sampling". *IEEE Trans Nucl Sci*, 52(3):697 - 702, 2005.
- [04] L. COMAS, "Modèles et algorithmes pour la scintigraphie cardiaque", thèse de doctorat, Université de France-comté, Décembre 2005.
- [05] I.E. Magnin, "Analyse et modélisation 3D du comportement dynamique du coeur en imagerie multidimensionnelle ", INSERM, Revue de l'ACOMEN, 1999.
- [06] F. Hermansen, and A.A.Lammertsma, "Linear dimension reduction of sequences of medical images:Factor analysis in signal space", *Phys.Med. Biol.* 41.1469-1481
- [07] R. Rodriguez et D. Salles-le Gac, "Initiation à l'analyse factorielle des données, Fondement mathématiques et interprétations ", Ellipses, 2002.
- [08] F. Hermansen,P.M. Bloomfield, J.A shburner, P.G. Camici, andA.A. Lammertsma, "Linear dimension reduction of sequences of medical images: Direct sum decomposition", *Phys.Med. Biol.* 40.1921-41
- [09] Rankowitz A., "Positron scanner for locating brain tumors", *IEEE Trans. Nucl. Sci.* , vol. 9, p. 45-49, 1962.
- [10] M.E. Phelps, E.J. Hoffman, NA Mullani and MM Ter-Pogossian, "Application of annihilation coincidence detection to transaxial reconstruction tomography", *J. Nucl. Med.*, vol. 16, p. 210-224, 1975.
- [11] Ter-Pogossian M.M., Phelps M.E., Hoffman E.J. and Mullani N.A. , "A positron emission transaxial tomograph for nuclear imaging (PETT)", *Radiology*, vol. 114 , p. 89-98, 1975.
- [12] A. SERET, "Brain positron emission tomography", Université de Liège.
- [13] I. Bloch, "Reconstruction d'image de tomographie", ENST, Paris.
- [14] Pauwels EKJ, Ribeiro MJ, Stoot JHMB, McCready VR, Bourguignon M and Mazière B., "FDG accumulation and tumor biology", *Nucl. Med. Bio.*, vol. 25, p. 317-322, 1998.

Références bibliographiques

- [15] O. De Dreuille, Ph. Maszelin, "Principes et techniques de la tomographie par émission de positrons", Hôpital d'instruction des armées du Val de Grâce, Paris.
- [16] I. Buvat, "Reconstruction tomographique", INSERM, PARIS, NOV.2006.
- [17] Bendriem B and Townsend D W, eds, "The theory and practice of 3D PET", Kluwer Academic 1998.
- [18] X. Zhang, "reconstruction et régularisation en tomographie par une méthode de fourrier basée sur la variation total", thèse de doctorat, Université de Bretagne-sud, Nov. 2006.
- [19] P. Grangeat. Les nouvelles méthodes de reconstruction 3d en radiologie et en médecine nucléaire. Revue de l'ACOMEN, 5186(2), 1999.
- [20] F. Dubois, "Reconstruction des images tomographiques par retroprojection filtrée", CHU, Saint Etienne.
- [21] A. Sofer, "A data-parallel algorithm for itérative tomographie image reconctruction"; George Mason University.
- [22] Sokoloff L., Reivich M., Kennedy C., Des Rosiers M.H., Patlak C.S., Pettigrew K.D., Sakurada O., Shinohara. M., "The [¹⁴C]deoxyglucose method for the measurement of local cerebral glucose utilization: theory, procedure and normal values in the conscious and anesthetized albino rat", *J. Neurochem.*, vol. 28, p. 897-916, 1977.
- [23] M.E. Kamasak, "Statistical methods for reconstruction of parametric images from PET data", thèse de doctorat, Université de Purdue, Mai 2005.
- [24] B. DELHAY, "Estimation spatio-temporelle de mouvement et suivi de structures déformables. Application à l'imagerie dynamique du coeur et du thorax", thèse de doctorat, INSA de Lyon, Decembre 20006.
- [25] I. Buvat Imagerie fonctionnelle en médecine nucléaire: Richesse des explorations possibles, CHU Pitié-Salpêtrière, II.1 Imagerie cardiaque, p :3-5
- [26] I. Magnin. Analyse et modélisation 3d du comportement dynamique du coeur en imagerie multimodalité. Revue de l'ACOMEN, 5 :191-, 2 1999.
- [27] P. Croisille Cardiopathies ischémiques (perfusion myocardique et viabilité) : techniques et résultats, *J Radiol* 2004;85:1811-1818
- [28] ME Phelps, SC Huang, EJ Hoffman, C Slin, L Sokoloff, DE Kuhl. "Tomographic measurement of local cerebral glucose metabolic rate in humans with (F-18)2-fluoro-2-deoxy-d-glucose: validation of method", *Ann Neurol* 1979;6:371-88.

Références bibliographiques

- [29] S Takikawa, V Dhawan, P Spetsieris, W Robeson, T Chaly, R Dahl, et al. "Noninvasive quantitative fluorodeoxyglucose PET studies with an estimated input function derived from a population-based arterial blood curve". *Radiology* 1993;188(1):131–6.
- [30] M'hamed Bentourkia. "Kinetic Modeling of PET Data Without Blood Sampling". *IEEE TRANSACTIONS ON NUCLEAR SCIENCE*, VOL. 52, NO. 3, 2005, 697:702.
- [31] T. Delzescaux, A. De Cesare, S. Philipp, R. Zeboudj, F. Frouin, A. Herment Imagerie paramétrique de perfusion myocardique en Imagerie par Résonance Magnétique Groupe Image de la Société Française de Biophysique et de Médecine Nucléaire 9 et 10 octobre 1998, Saint-Flour, France, Communication orale.
- [32] Goris ML (1987). "Parametric images as a tool for quantitative normative evaluation." *Semin Nucl Med* 17(1): 18-27.
- [33] Charles E. Reese and C. H. Lochmüller, «Introduction to Factor Analysis course», department of Chemistry, Duke University, Copyright 1994.
- [34] I Buvat, H Benali and R Di Paola, "Statistical distribution of factors and factor images in factor analysis of medical image sequences" , *Phys. Med. Biol.* 43, 1998, 1695–1711.
- [35] F. Hermansen, and A.A. Lammertsma, "Linear dimension reduction of sequences of medical images:Optimal inner products", *Phys.Med. Biol.* 40.1909-1920
- [36] B. Noble and J. W. Daniel, "Applied linear algebra", Prentice-Hall, Inc, 1988.

Annexes

Procédé de Gram Schmidt

En algèbre linéaire, le procédé de **Gram-Schmidt** est une méthode pour ortho normaliser une famille libre de vecteurs d'un espace vectoriel muni d'un produit scalaire.

À partir d'une famille libre (v_1, \dots, v_n) , on construit une famille ortho normale (e_1, \dots, e_n) qui engendre les mêmes espaces vectoriels successifs :

Pour tout j inférieur à n , $F_j = Vect(e_1, \dots, e_j) = Vect(v_1, \dots, v_j)$.

L'étape générale de l'algorithme consiste à soustraire au vecteur v_{j+1} sa projection orthogonale sur l'espace F_j . On s'appuie sur la famille ortho normale déjà construite pour le calcul de projection.

Le procédé peut également être appliqué à une famille libre de vecteurs indexée par \mathbb{N} .

Cette méthode a été nommée en hommage à Jørgen Pedersen Gram et Erhard Schmidt, mais elle est plus ancienne, et est retrouvée dans des travaux de Laplace et Cauchy.

Nous définissons l'opérateur de projection sur une droite vectorielle par :

$$proj_u V = \frac{\langle U, V \rangle}{\langle U, U \rangle} U.$$

Le procédé de Gram Schmidt est alors :

| | | |
|---|--|--|
| 1 | $\mathbf{u}_1 = \mathbf{v}_1,$ | $\mathbf{e}_1 = \frac{\mathbf{u}_1}{\ \mathbf{u}_1\ }$ |
| 2 | $\mathbf{u}_2 = \mathbf{v}_2 - \text{proj}_{\mathbf{u}_1} \mathbf{v}_2,$ | $\mathbf{e}_2 = \frac{\mathbf{u}_2}{\ \mathbf{u}_2\ }$ |
| 3 | $\mathbf{u}_3 = \mathbf{v}_3 - \text{proj}_{\mathbf{u}_1} \mathbf{v}_3 - \text{proj}_{\mathbf{u}_2} \mathbf{v}_3,$ | $\mathbf{e}_3 = \frac{\mathbf{u}_3}{\ \mathbf{u}_3\ }$ |
| · | | |
| · | | |
| k | $\mathbf{u}_k = \mathbf{v}_k - \sum_{j=1}^{k-1} \text{proj}_{\mathbf{u}_j} \mathbf{v}_k,$ | $\mathbf{e}_k = \frac{\mathbf{u}_k}{\ \mathbf{u}_k\ }$ |

Son algorithme peut être résumé comme suit : pour un ensemble de vecteurs (v_1, \dots, v_q) :

1. On définit $u_1 = v_1$;
2. Pour $2 \leq i \leq q$, on définit :

$$u_i = v_i - \alpha_{1i}u_1 - \alpha_{2i}u_2 - \dots - \alpha_{i-1,i}u_{i-1},$$

Avec $\alpha_{ji} = (u_j, v_i) / (u_j, u_j)$ if $u_j \neq 0$ et $\alpha_{ji} = 0$ si $u_j = 0$.

- La dimension de la nouvelle base orthonormée est inférieure ou égale à celle des vecteurs originaux engendrant le sous espace.

Exemple

Etant donnée un sous espace de \mathfrak{R}^4 engendré par les vecteurs suivants :

$$v_1 = [1 \ 1 \ 1 \ -1]^T; \quad v_2 = [2 \ -1 \ -1 \ 1]^T, \quad v_3 = [0 \ 3 \ 3 \ -3]^T; \quad v_4 = [-1 \ 2 \ 2 \ 1]^T.$$

Le processus suscité de Gram Schmidt donne :

$$u_1 = v_1 = [1 \ 1 \ 1 \ -1]^T,$$

$$u_2 = v_2 - \alpha_{12}u_1 = [9/4 \ -3/4 \ -3/4 \ 3/4]^T;$$

$$u_3 = v_3 - \alpha_{13}u_1 - \alpha_{23}u_2 = [0 \ 0 \ 0 \ 0]^T;$$

$$u_4 = v_4 - \alpha_{14}u_1 - \alpha_{24}u_2 - \alpha_{34}u_3 = v_4 - \alpha_{14}u_1 - \alpha_{24}u_2 - (0)u_3 = [0 \ 1 \ 1 \ 2]^T.$$

Donc, puisque que $u_3 = 0$, on voit que l'ensemble des vecteurs originaux est linéairement dépendent, (v_3 est linéairement dépendent de v_1 et v_2).

L'ensemble $\{u_1, u_2, u_4\}$ est une base orthogonale du sous espace original. On

obtient la base ortho normale, en remplaçant chaque vecteur u_i par $\frac{u_i}{\|u_i\|}$.

Optimalité de l'espace des variantes projetées

Soit $V = V_v \oplus V_c$ et $P_{obl} : V \rightarrow V_v$ correspond à une projection oblique de V sur V_v .

De même, soit $V = V_{pv} \perp V_c$, et $P : V \rightarrow V_{pv}$ est une projection orthogonale de V sur V_{pv} .

Donc il existe une projection linéaire une à une T , ($T : V_{pv} \rightarrow V_v$) tel que :

$$P_{obl}v = TPv \quad \text{Pour tout } v \in V .$$

Démonstration

Soit $\{b_i\}$ une base engendrant l'espace V_v . les espaces nuls sont définis par :

$$N(P_{obl}) = N(P) = V_c .$$

On peut définir, donc, T comme une fonction linéaire qui projette Pb_i sur $P_{obl}b_i$.

L'existence d'une projection linéaire une à une, implique que les variantes et les variantes projetées, contiennent exactement les mêmes informations.

ملخص

طريقة التقليل الخطي للبعد، تركز على مبدأ التصنيف بطريقة الإسقاط ما بين الفضاءات الإشعاعية. هي عبارة عن تقنية بديلة لتخطي نهايات ونقائص التحليل التو فيقي، وطريقة المناطق الهامة. هذه الطرق تستعمل عادة في المعالجة الآلية لمشهد متتالي من الصور الطبية من أجل انتقاء فعال لوسائط العيادة اللازمة للمعالجة. ضمن هذه المذكرة، سوف نتوسع في المفهوم النظري الأساسي لهذه الطريقة، مذيلة بالمسار الخوارزمي لها. تم تطبيق هذه التقنية بعد ذلك من أجل تجزئة كم متتالي من الصور الحركية لقلب فأرة، محصل عليه بطريقة، التصوير الومضاني بواسطة البوزيترونات، إلى مركبة دموية و أخرى نسيجية، بأقل تشويش. تجزئة الصور المحصل عليها بطريقة التصوير الومضاني بواسطة البوزيترونات. تسمح بتسهيل إجراءات التحليل الكمي لهذه الصور.

كلمات المفتاح: التقليل الخطي للبعد، التصوير الطبي، التصوير الومضاني بواسطة البوزيترونات، طب القلب.