

DECOMPOSITION D'UNE SEQUENCE D'IMAGES DYNAMIQUES DU COEUR EN COMPOSANTES SANGUINE ET TISSULAIRE, EN TOMOGRAPHIE D'EMISSION PAR POSITRONS, PAR LA METHODE DE REDUCTION LINEAIRE DE DIMENSION.

Abelkader Soltane BENALLOU*, Malika MIMI*, M'hamed. BENTOURKIA**

*Université de Mostaganem, Algérie,

** Université de Sherbrooke, Canada
sbaek70@yahoo.fr

RESUME

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 surmonter les limites et les insuffisances de l'analyse factorielle et la méthode 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 cliniques nécessaires au diagnostic. Dans cet article, nous développons 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 (TEP), en composantes sanguine et tissulaire avec un bruit optimal. La décomposition des images tomographiques avec LDR permet la localisation des tissus dans les images et d'en augmenter le contraste contribuant ainsi à une simplification des procédures des analyses quantitatives en TEP.

MOTS-CLES : LDR, Imagerie médicale, Tomographie d'émission par positrons, Cardiologie.

1 INTRODUCTION

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 radiotracteur dans un sujet.

Plusieurs méthodes existent pour quantifier les paramètres physiologiques et extraire efficacement de l'information pertinente d'une séquence d'images dynamiques. Ces méthodes de quantification nécessitent à priori la connaissance de la concentration du radiotracteur 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 [1-3]. 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, 4,5].

Dans le présent travail, nous appliquons la méthode de la Réduction Linéaire des Dimensions (LDR) (Linear Dimension Reduction) dans la décomposition d'une série d'images dynamiques du cœur du rat acquise en TEP, en composantes sanguine et tissulaire. Cette approche a été appliquée en TEP dans des études cardiaques chez l'humain pour la mesure de la perfusion et de la consommation d'oxygène avec les radiotraceurs ¹⁵O-CO, ¹⁵O-H₂O et ¹⁵O-O₂ qui produisent des images avec très peu de contraste [4, 6,7].

2 FONDEMENT THEORIQUE DE LA METHODE

Etant donnée une série de n images (coupes) dynamiques, à chaque pixel est associée n valeurs qui représentent la concentration du radiotraceur dans la structure tissulaire en fonction du temps. Ces valeurs forment un vecteur de n dimension, dit vecteur pixel. L'ensemble des pixels dynamiques 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 images.

$$W = \begin{bmatrix} p_{11} p_{12} p_{13} \dots \dots \dots p_{1n} \\ p_{21} \\ p_{31} \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ p_{m1} \dots \dots \dots \dots \dots p_{mn} \end{bmatrix} \quad (1)$$

Chaque pixel dynamique P reflète une signature spectrale formée de réponse propre (Signal d'Intérêt) S et bruit E :

$$P = S + E \quad (2)$$

$$\text{Avec } \mathcal{E}(E) = 0 \text{ Et } C(E) = \alpha M$$

S : Réponse spectrale (vecteur) de n dimensions.

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

C : 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 :

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

f_i : Vecteurs (facteurs) libres régissant deux espaces, un espace dit espace des variantes, défini comme espace signal d'intérêt et un autre espace, dit espace des covariantes représentant le signal confus qui fera l'objet d'une décomposition.

$$W_v = \xi(f_i) \quad i=1,2,3,\dots,j \quad (4)$$

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

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 [8] :

$$\left(\frac{XX^T}{C} \right)^{1/2} \quad (5)$$

Telle que C est une constante définie positivement, X est un vecteur quelconque, et l'exposant T indiquant la transposée. L'application du principe suscitée sur l'ensemble des vecteurs pixels conduit au formalisme suivant :

$$S = UD^{-1/2}U^T \quad (6)$$

U : Matrice unitaire ;

U^T : Transposée de U ;

D : Matrice diagonale déduite de la décomposition de la matrice covariance M du bruit définie positive symétrique en : $M=UDUT$

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

$$y = SP = UD^{-1/2}U^T P \quad (7)$$

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

$$V = SW$$

$$V_v = SW_v = \xi(Sf_i) \quad i=1, 2,3,\dots,j \quad (8)$$

$$V_c = SW_c = \xi(Sf_i) \quad i=j+1,j+2,j+3,\dots,q. \quad q < n$$

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

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

$$\begin{aligned} \varepsilon(KX) &= Kb \quad \text{et} \\ c(KX) &= KC(X)K^T = MKM^T \end{aligned} \quad (9)$$

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

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

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 :

$$U\alpha_i I_n U^T = \alpha_i I_n, \quad (11)$$

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

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 le global:

$$V = V_s \oplus V_r \quad (12)$$

L'espace vectoriel V est défini comme suit :

$$\forall v \in V \{v = v_s + v_r; v_s \in V_s, v_r \in V_r\}$$

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 :

$P(v) = P(v_s + v_r) = v_s$. L'espace résiduel V_r est un espace nul, puisque: $P(v_r) = 0; \forall v_r \in V_r$.

Pour que le bruit sur V_s soit non corrélé avec celui sur V_r , pour une réduction optimale [7], il faut que les deux espaces V_s , et V_r soient orthogonaux. Par conséquent, la somme directe est une somme orthogonale, représentée comme suit :

$$V = V_s \perp V_r$$

Tout vecteur de l'Espace vectoriel V_s contient les variantes (le tissu pour notre exemple) et les covariantes (le sang). Chaque vecteur (facteur) des variantes peut être une composition d'un vecteur variante pur et un vecteur covariante qu'il faut éliminer par projection des vecteurs variantes sur un espace perpendiculaire à celui des covariantes, on obtient des vecteurs variantes pures.

Ainsi l'espace des variantes projetés noté V_{pv} est un sous espace de V_s orthogonale sur V_c . (c'est-à-dire chaque vecteur dans V_{pv} est orthogonale sur tous les vecteurs engendrant l'espace V_c). Les vecteurs de V_c , sont orthonormés (Fig. 1). Donc :

$$\begin{aligned} V_s &= V_{pv} \perp V_c \quad \text{et} \\ V &= V_{pv} \perp V_c \perp V_r \end{aligned} \quad (13)$$

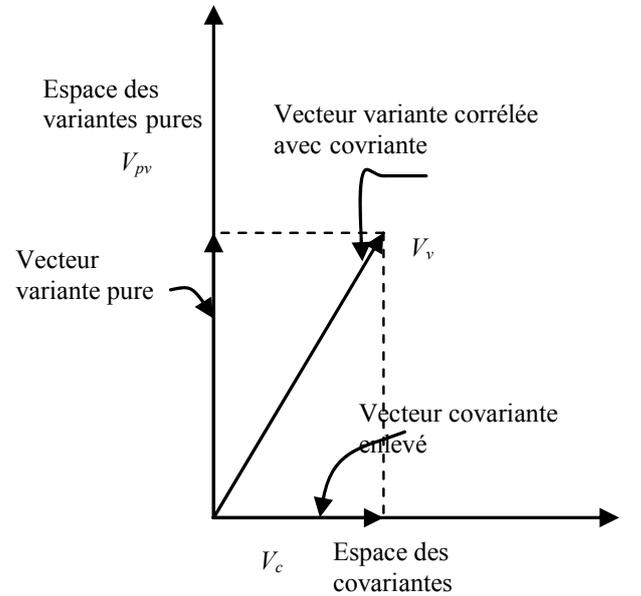


Figure1: Vecteur de variante pure résultant par projection orthogonale.

Les Trois espaces vecteurs V_{pv}, V_c, V_r sont donc engendrés par des vecteurs orthonormés de dimension $j, q-j,$ et $n-q$ respectivement. L'orthogonalité est obtenue en adoptant la procédure de Gram-smidt [8]. Et sa normalisation revient à multiplier les composantes par l'inverse de sa norme.

Par projection des données brutes de la séquence sur les trois bases des espaces suscités, on obtient trois images facteurs, des variantes pures, des covariantes et de l'erreur résiduelle.

3 EXPERIMENTATIONS ET PROCEDURES D'ANALYSE

Le travail consiste à décomposer une séquence de $n=22$ images, acquise en fonction du temps dans le laboratoire du département de médecine nucléaire à l'université de Sherbrooke. Ces 22 images sont rangées dans une matrice tel que définie en Eq.1.

La radiométrie de chaque pixel est formée 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 coeur 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 [6]. Le tissu est représenté par les variantes tandis que le sang est représenté par les covariantes.

Comme première étape, à l'aide d'une région d'intérêt (ROI), on délimite notre région d'étude sur la séquence qui représente le coeur comme le montre la Fig. 2.

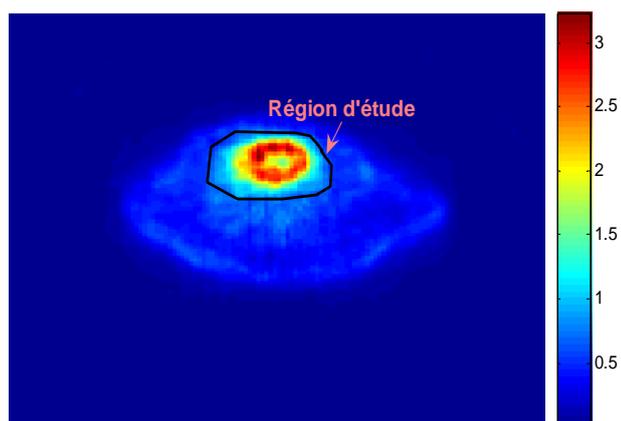


Figure2: Région d'intérêt déterminant le contenu de l'image à étudier.

On trace deux ROIs, 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 séquence pour observer un meilleur contraste (Fig. 3). Puis on reporte ces mêmes ROIs sur toutes les images individuelles de la séquence dynamique. Ces deux ROIs annexées de leurs courbes temps-activité (TACs) (Fig.4), représentent les facteurs d'entrée de la démarche.

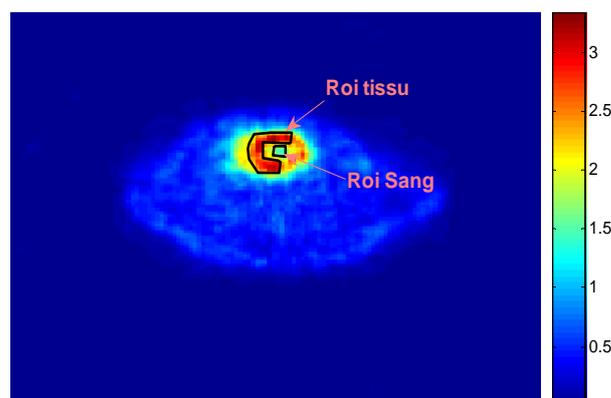


Figure3: Les deux régions tracées, limitant le contenu des variantes (tissu) et des Covariantes (sang)

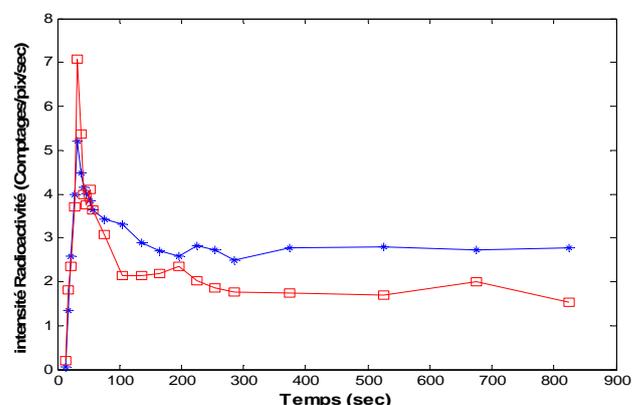


Figure4: Courbes temps-activité du sang (rouge) et du tissu (bleu) issues des ROIs, avant l'application de l'algorithme.

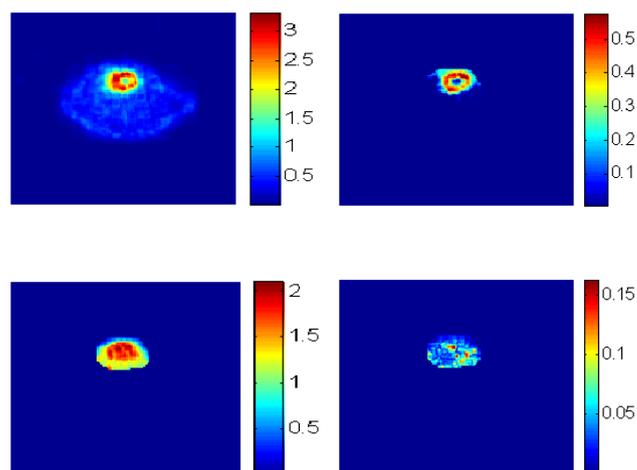


Figure5: Les images facteurs résultants de l'application de la méthode LDR. (Haut-gauche) Image de la dernière séquence mesurée par la TEP. (Haut-droit) Image décomposée du tissu. (Bas-gauche) Image décomposée du sang. (Bas-droit) Composante de l'erreur résiduelle

4 RESULTATS ET INTERPRETATION

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 (en bas à gauche), 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, provenant de la projection des variantes sur le plan perpendiculaire aux covariantes. La dernière image de la Fig.5 (bas-droit) est celle des erreurs résiduelles.

Ces résultats concordent étroitement avec leurs courbes activité-temps, à savoir, celle du sang et tissu, avant décomposition (Fig.4). Aussi l'étude de ces graphes montre clairement qu'avant la discrimination, l'allure des deux courbes propres aux tissus et sang sont pratiquement similaires 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.

BIBLIOGRAPHIE

- [1] I.Buvat, "Analyse de séquences d'images dynamiques", INSERM Paris, 2006.
- [2] 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.
- [3] M. Bentourkia. "Kinetic modeling of PET data without blood sampling". IEEE Trans Nucl Sci, 52(3):697 - 702, 2005.
- [4] 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.
- [5] [5] R.Rodriguez et D. Salles-le Gac, "Initiation à l'analyse factorielle des données, Fondement mathématiques et interprétations", Ellipses, 2002.
- [6] .Hermansen,P.M.Bloomfield,J.Ashburner,P.G.Camici, and A.A.Lammertsma, "Linear dimension reduction of sequences of medical images: Direct sum decomposition,Phys.Med. Biol. 40.1921-41
- [7] F.Hermansen, and A.A.Lammertsma, "Linear dimension reduction of sequences of medical images:Optimal inner products Phys.Med. Biol. 40.1909-1920
- [8] B.Noble and J.W.Daniel, "Applied linear algebra", Prentice-Hall, Inc, 1988.
- [9] [9] I.Bloch, "Reconstruction d'image de tomographie", ENST, Paris.

