

Recalage non linéaire d'images TEP et TDM du poumon, prenant en compte un modèle de respiration et les éventuelles pathologies

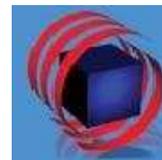
Isabelle Bloch, Elsa Angelini, Sylvie Chambon, Antonio Moreno
Anand P. Santhanam^{2,3}, Jannick P. Rolland³

¹ TELECOM ParisTech (ENST), CNRS UMR 5141 LTCI, Paris, France

² ODALab, University of Central Florida, Etats-Unis

³ Department of Radiation Oncology, MD Anderson Cancer Center,
Orlando, Etats-Unis

Financement : projet ANR MARIO et Segami



Contexte d'application

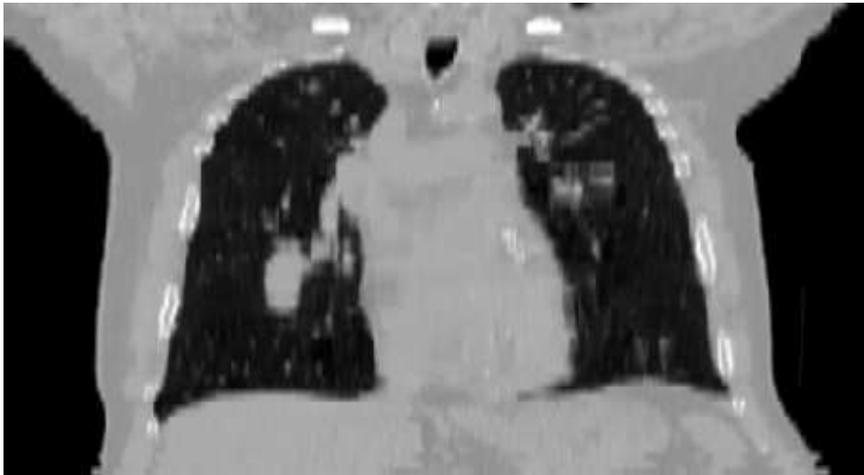
- Cancer du poumon et radiothérapie
- **Inconvénient de la radiothérapie** : toxicité pour les tissus sains
- Il est important de connaître avec précision la position et l'extension de la pathologie pour réduire les doses de radiation dans les tissus sains

⇒ Acquisition d'images complémentaires : anatomiques (TDM ou CT) et fonctionnelles (TEP)

Projet MARIO : Modélisation de l'Anatomie normale et pathologique pour le Recalage non-linéaire entre Images CT et TEP en Oncologie



Recalage multimodalité

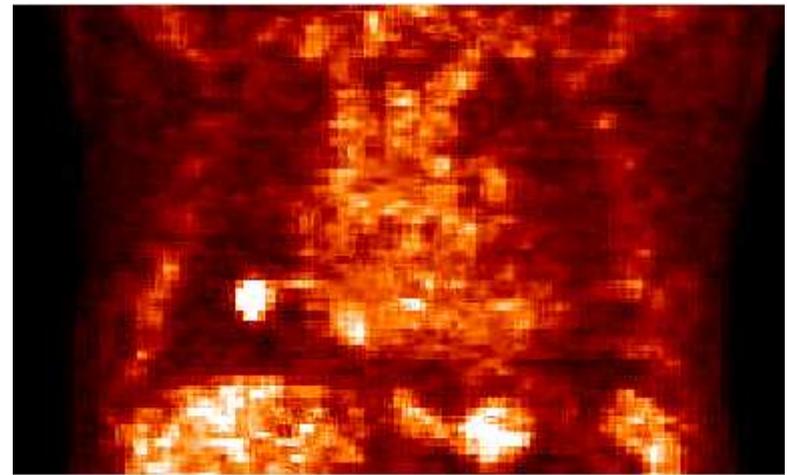


TDM/CT
anatomie

acquisition rapide (quelques secondes)

apnée ou respiration normale

bonne précision : $\sim 1 \times 1 \times 1 \text{ mm}^3$



TEP/PET
métabolisme

acquisition lente (~ 30 minutes)

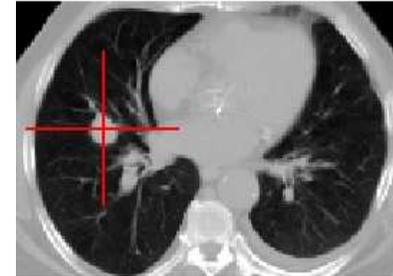
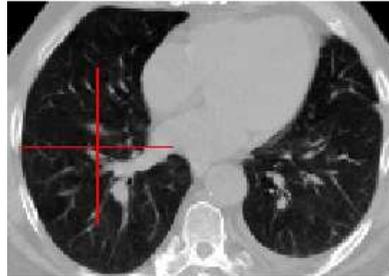
image moyennée

image floue : $\sim 4 \times 4 \times 4 \text{ mm}^3$

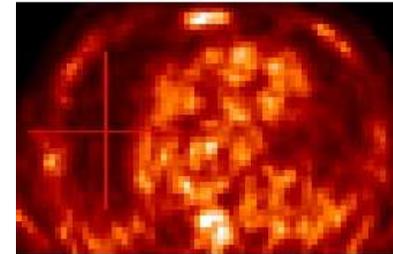
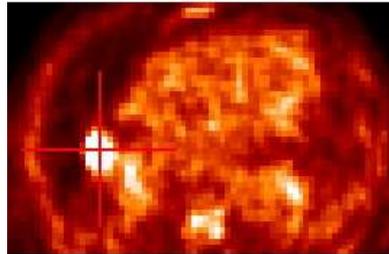
VOLUMES 3D

Recalage multimodalité

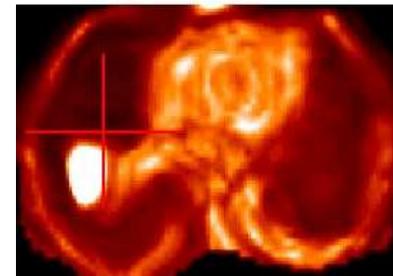
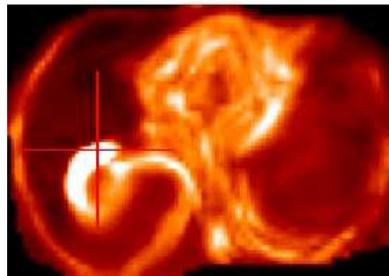
CT



TEP



TEP recalée

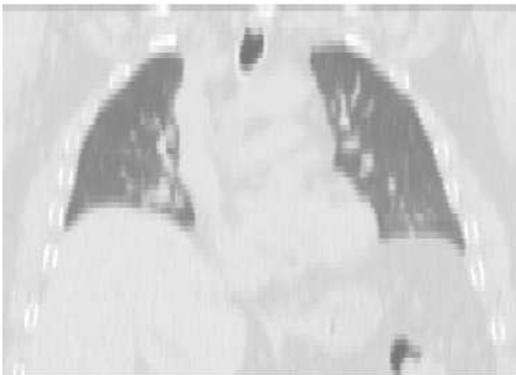


COUPE AXIALE 1

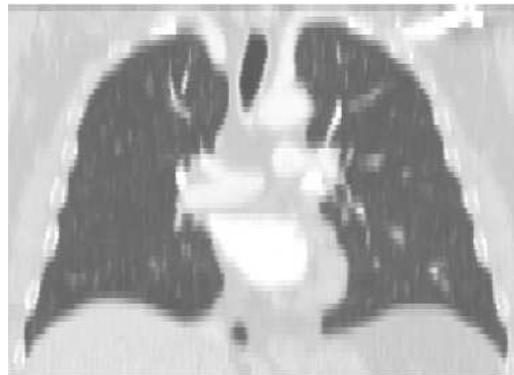
COUPE AXIALE 2

Objectifs de ces travaux

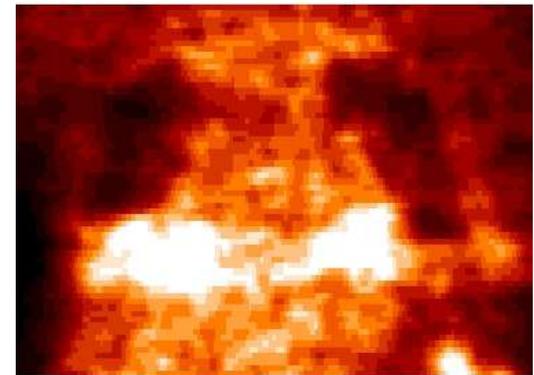
- Développer des outils pour le recalage CT/TEP dans le cas des tumeurs : contraintes pour la radiothérapie
- Déformations physiologiquement réalistes :
 - Utilisation de points d'intérêt anatomiques
 - Prise en compte de la respiration : utilisation d'un modèle de respiration spécifique au patient



CT en fin d'expiration



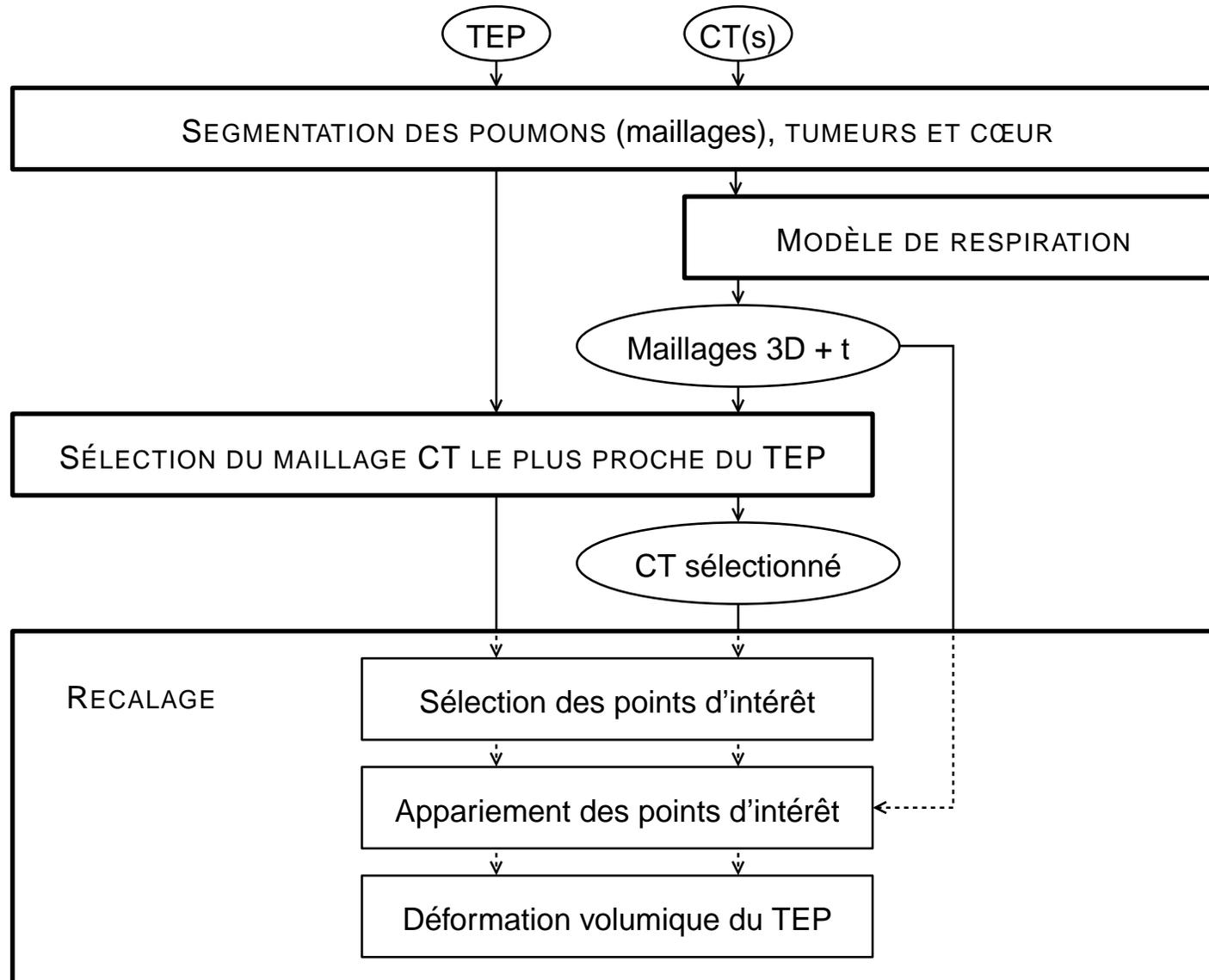
CT en fin d'inspiration



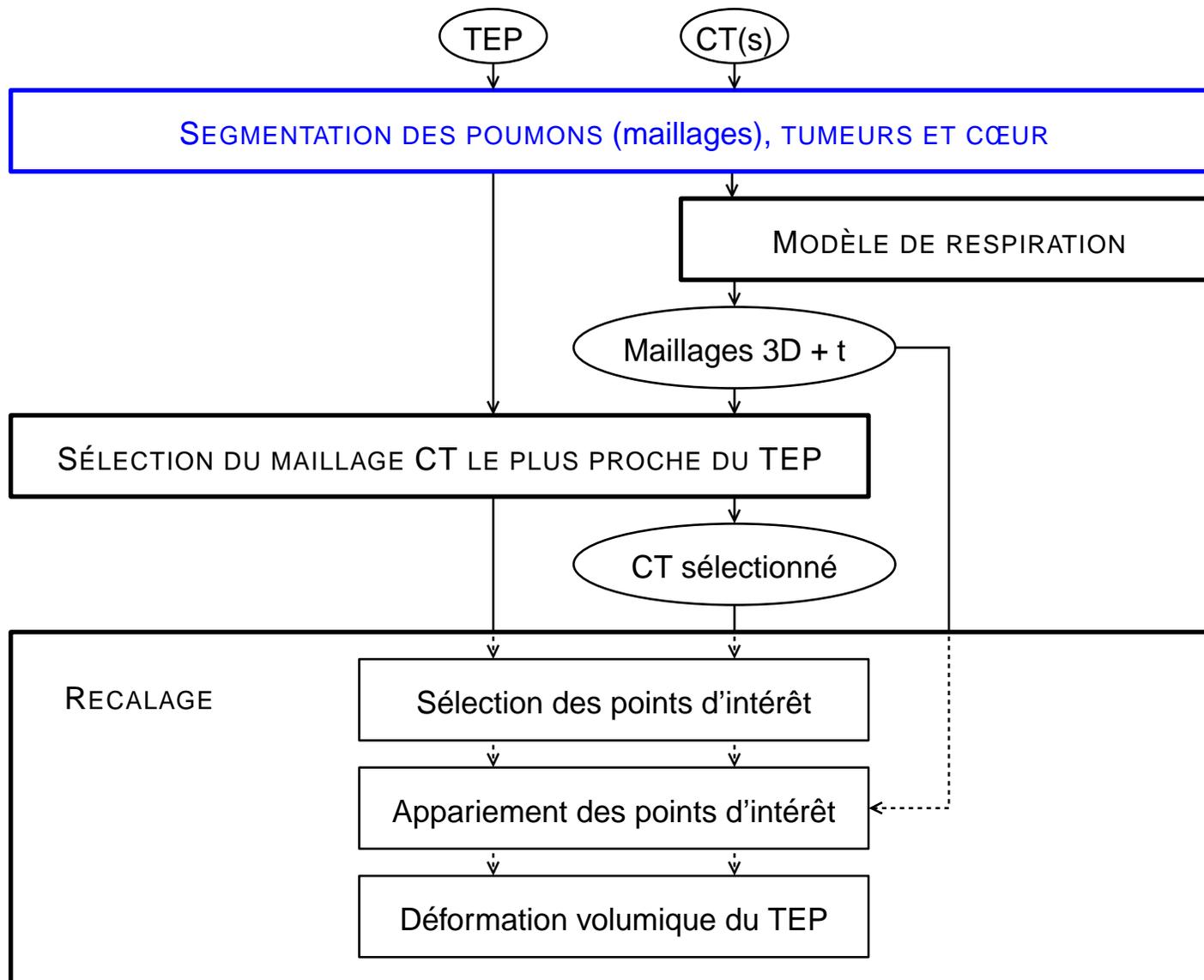
TEP

MÊME COUPE CORONALE

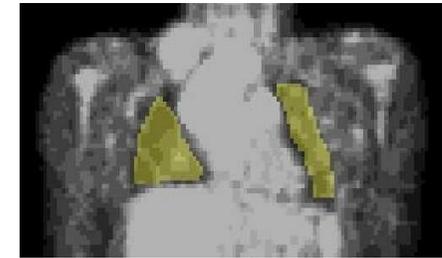
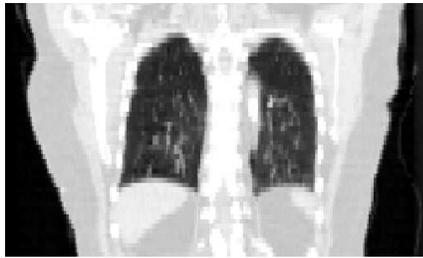
Algorithme



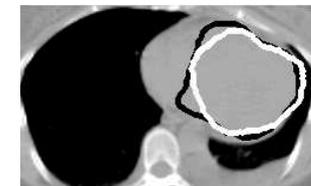
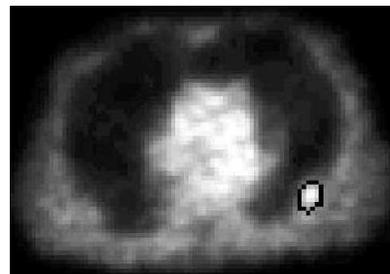
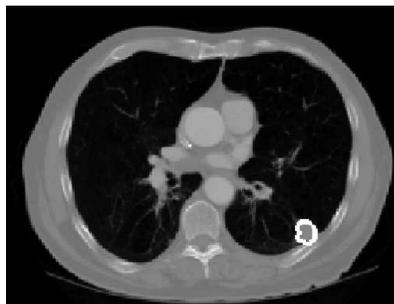
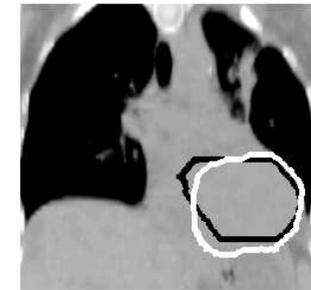
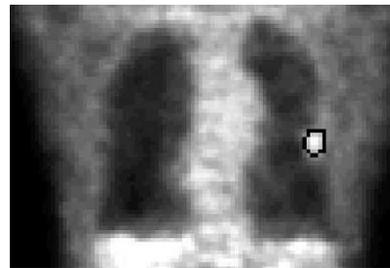
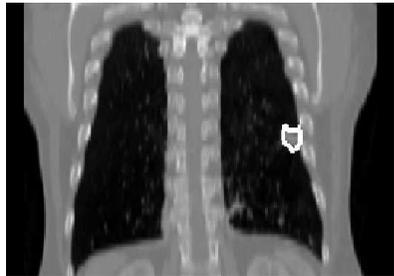
Algorithme



Segmentation



SEGMENTATION DES POUMONS EN CT ET EN TEP

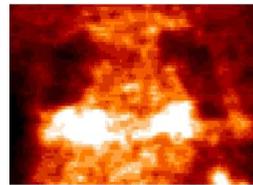
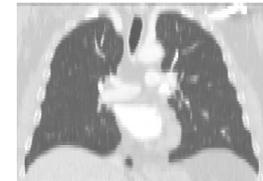
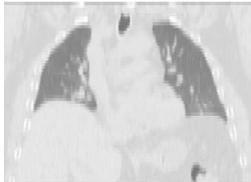
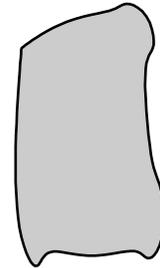
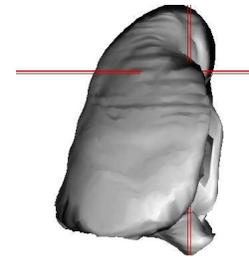
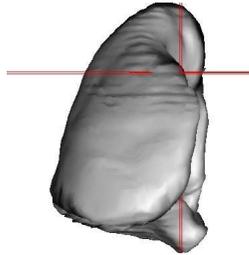
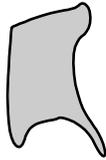


SEGMENTATION DE LA TUMEUR EN CT ET EN TEP

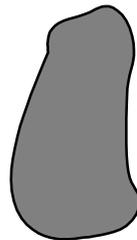
SEGMENTATION DU
CŒUR EN CT

Segmentation

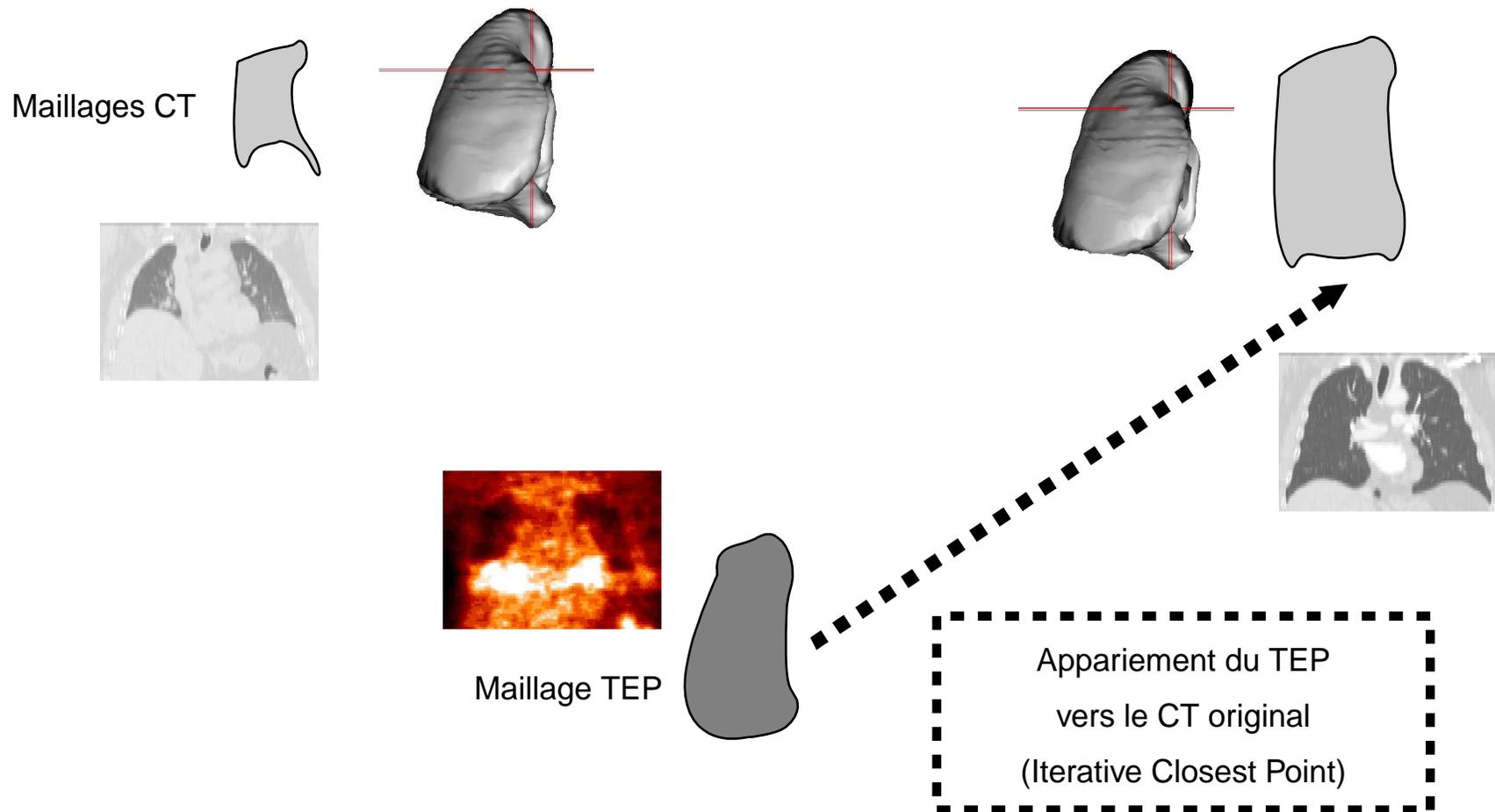
Maillages CT



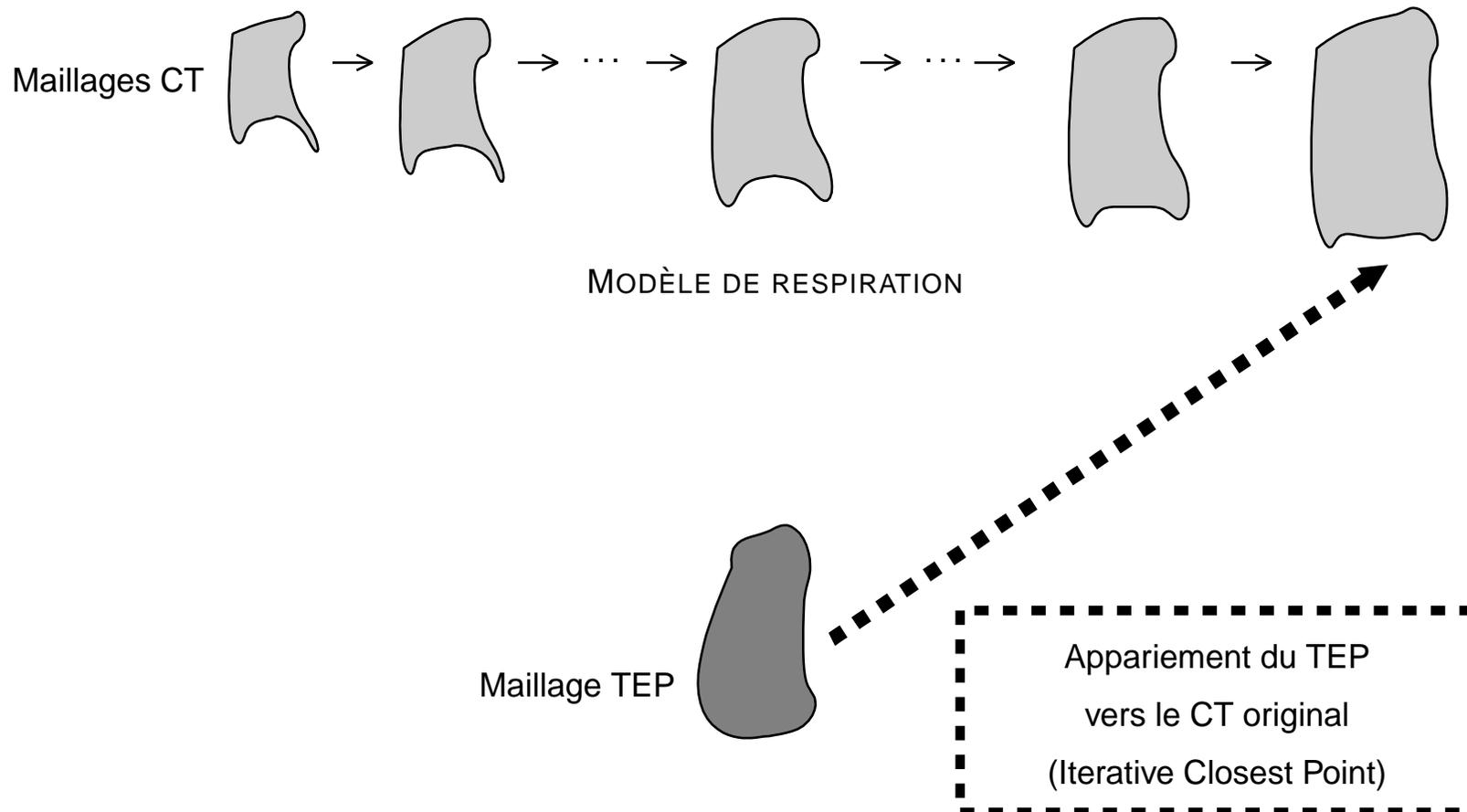
Maillage TEP



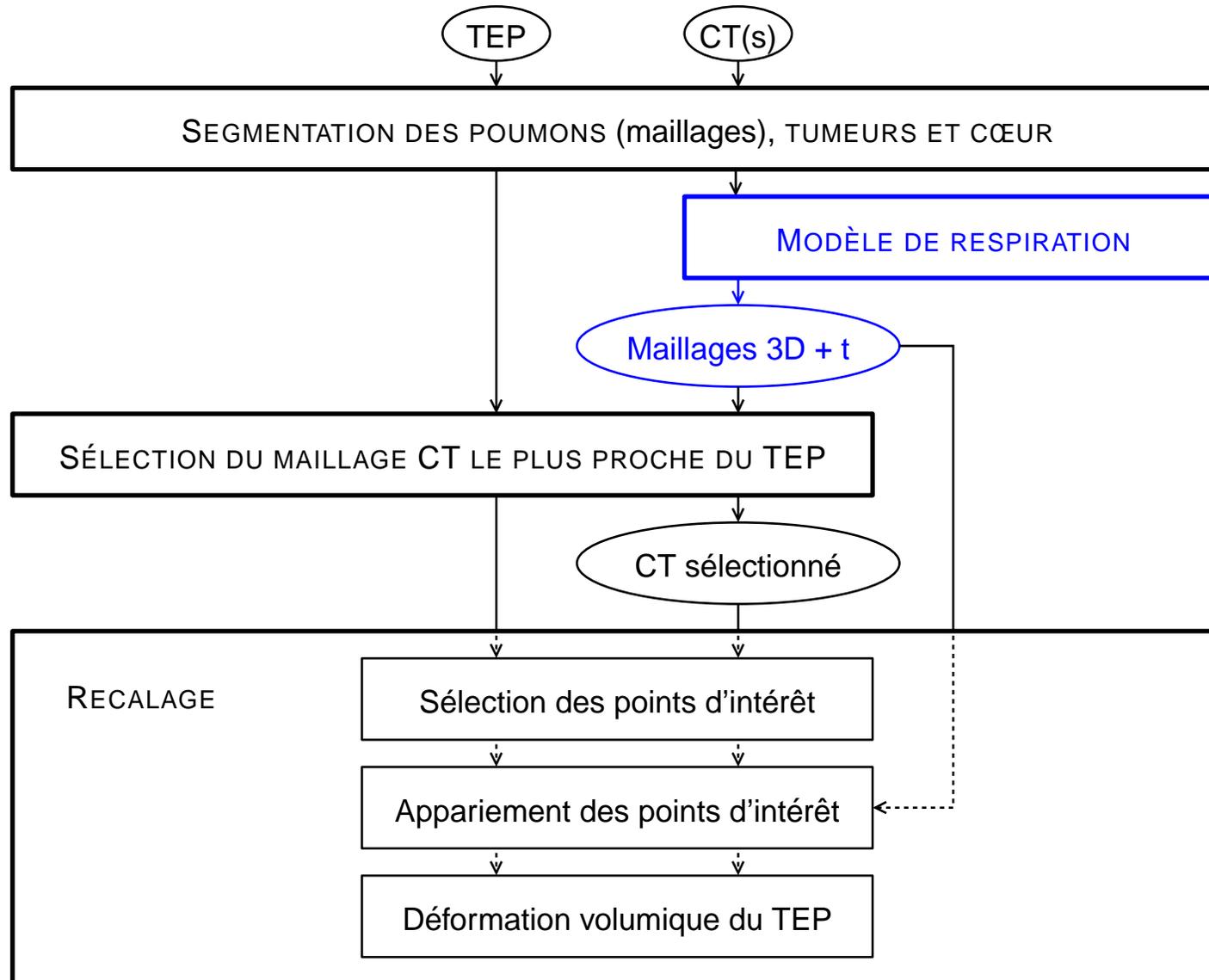
Méthode directe de recalage



Introduction d'un modèle de respiration

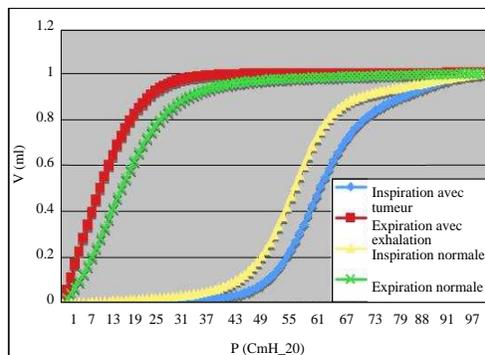


Algorithme

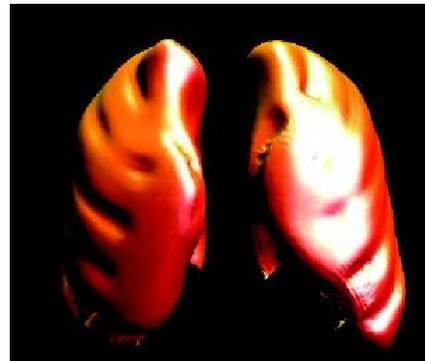


Modèles de respiration

- Modèles mathématiques [Segars 02]
 - Non-Uniform Rational B-Spline (NURBS)
- Modèles physiques [Santhanam 06]
 - CTs obtenus avec un coordinateur actif de respiration (Active Breathing Coordinator – ABC) à partir du CT 4D d'un cas normal
 - Utilisation de la relation Pression-Volume (PV)
 - Génération précise des formes 3D intermédiaires des poumons



Relation PV



Fin d'expiration

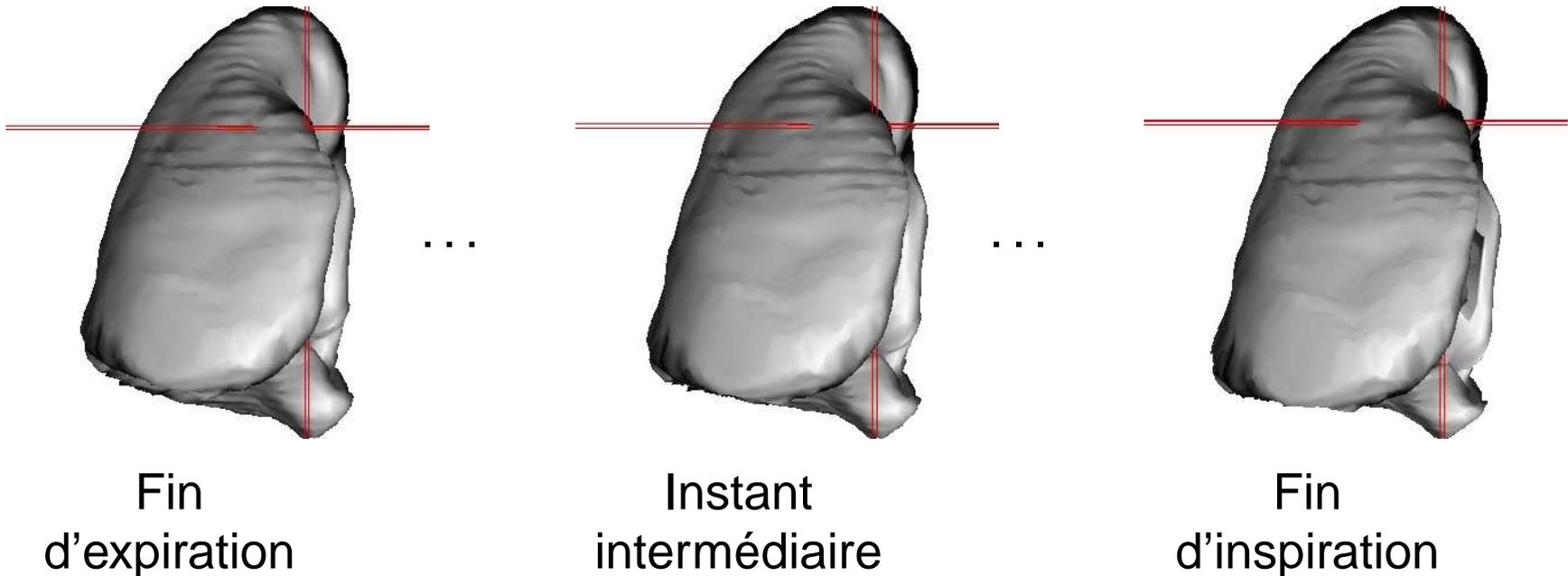


Fin d'inspiration

Modèle de respiration spécifique au patient

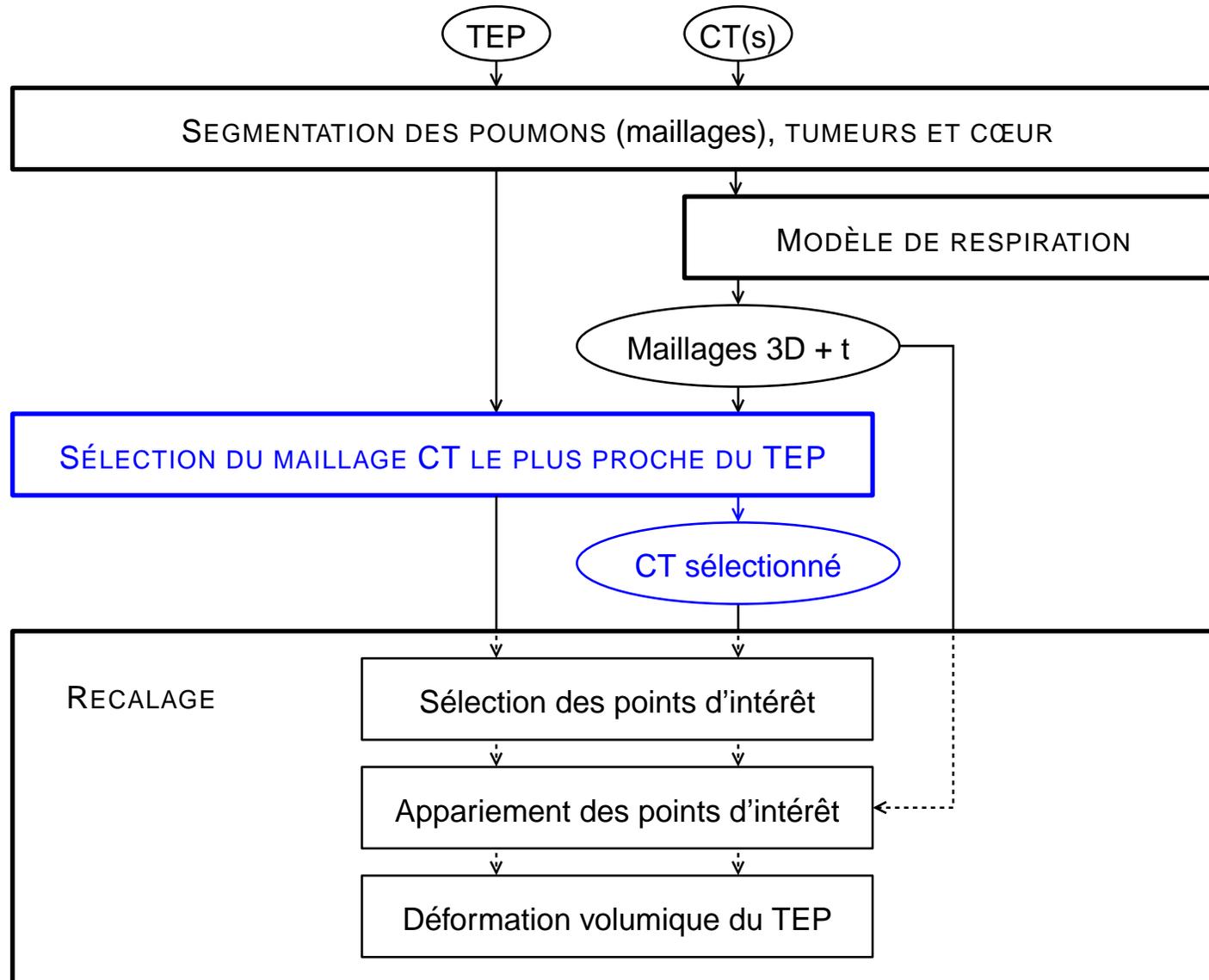
Déplacements des points de la surface des poumons :

1. Directions : données par le modèle
2. Amplitudes : spécifiques au patient
 - Estimées grâce à la segmentation des données CT 3D initiales

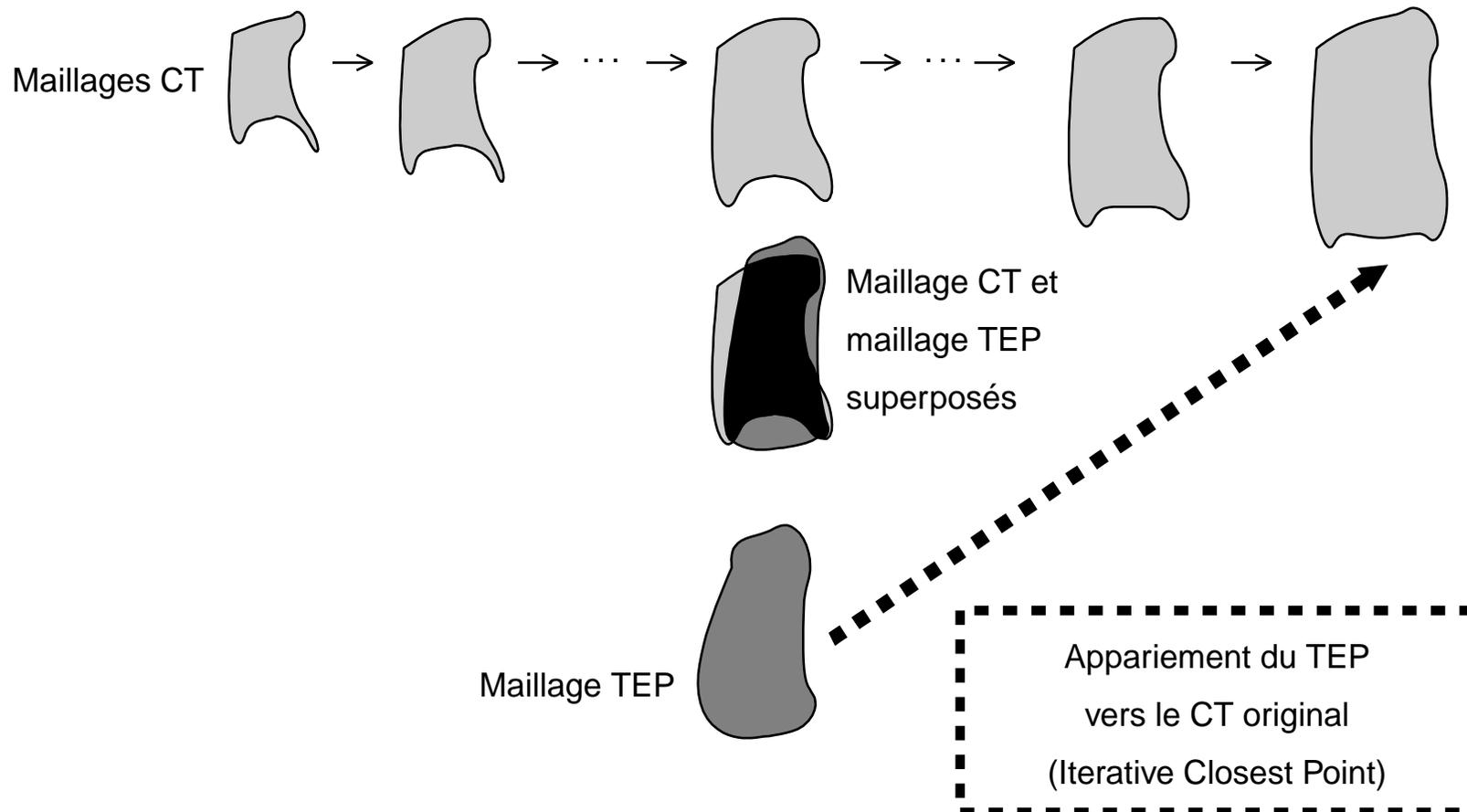


TYPIQUEMENT 10 INSTANTS

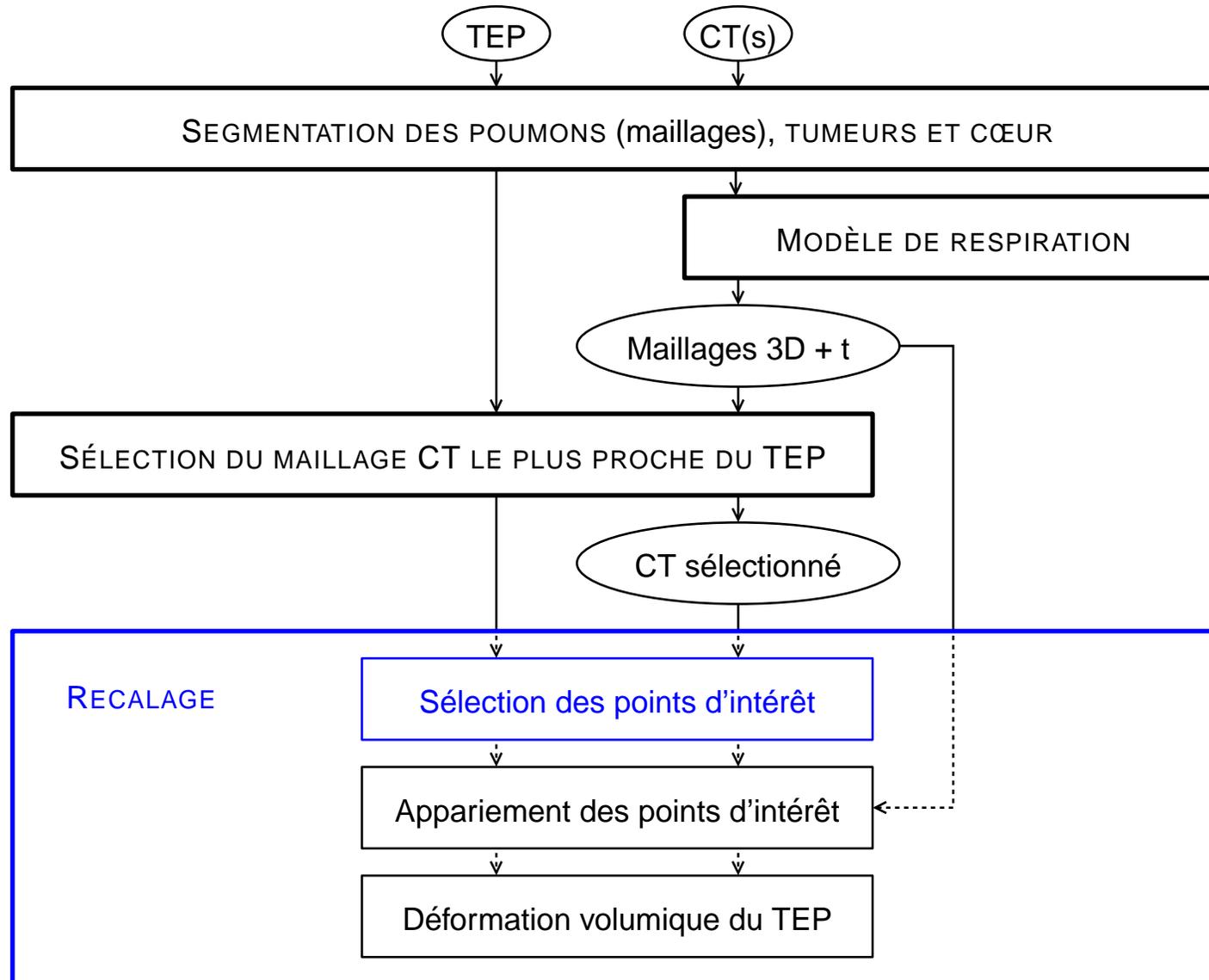
Algorithme



Sélection du maillage CT



Algorithme

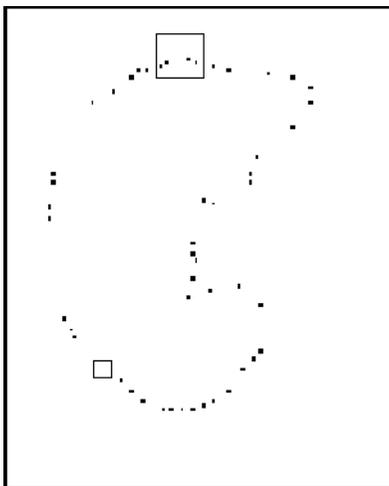


Sélection des points d'intérêt

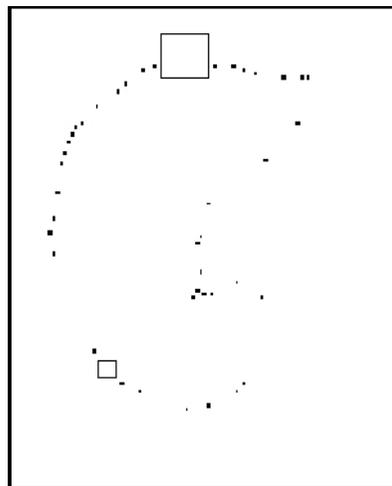
Courbures moyenne et gaussienne

1. Calculer la courbure pour chaque point de la surface du poumon
2. Trier les points par ordre décroissant des courbures
3. Sélectionner les points en s'appuyant sur la courbure et une distance géodésique
4. Ajouter des points dans les zones "plates"

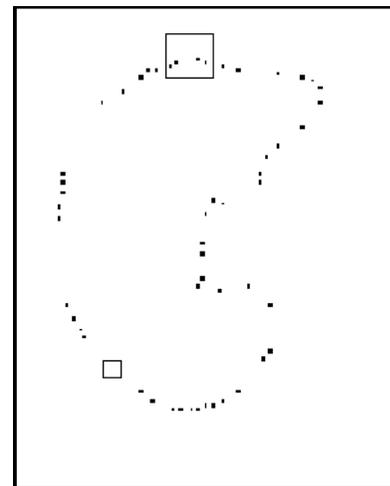
MOY



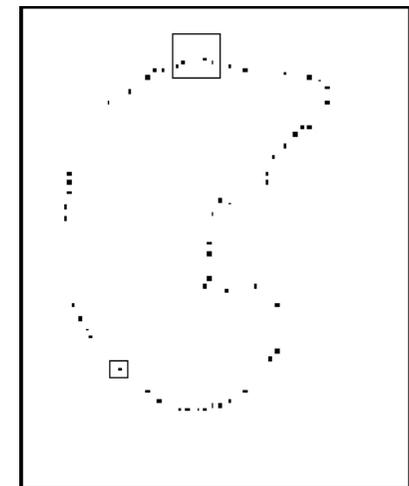
GAU



MOY+GAU

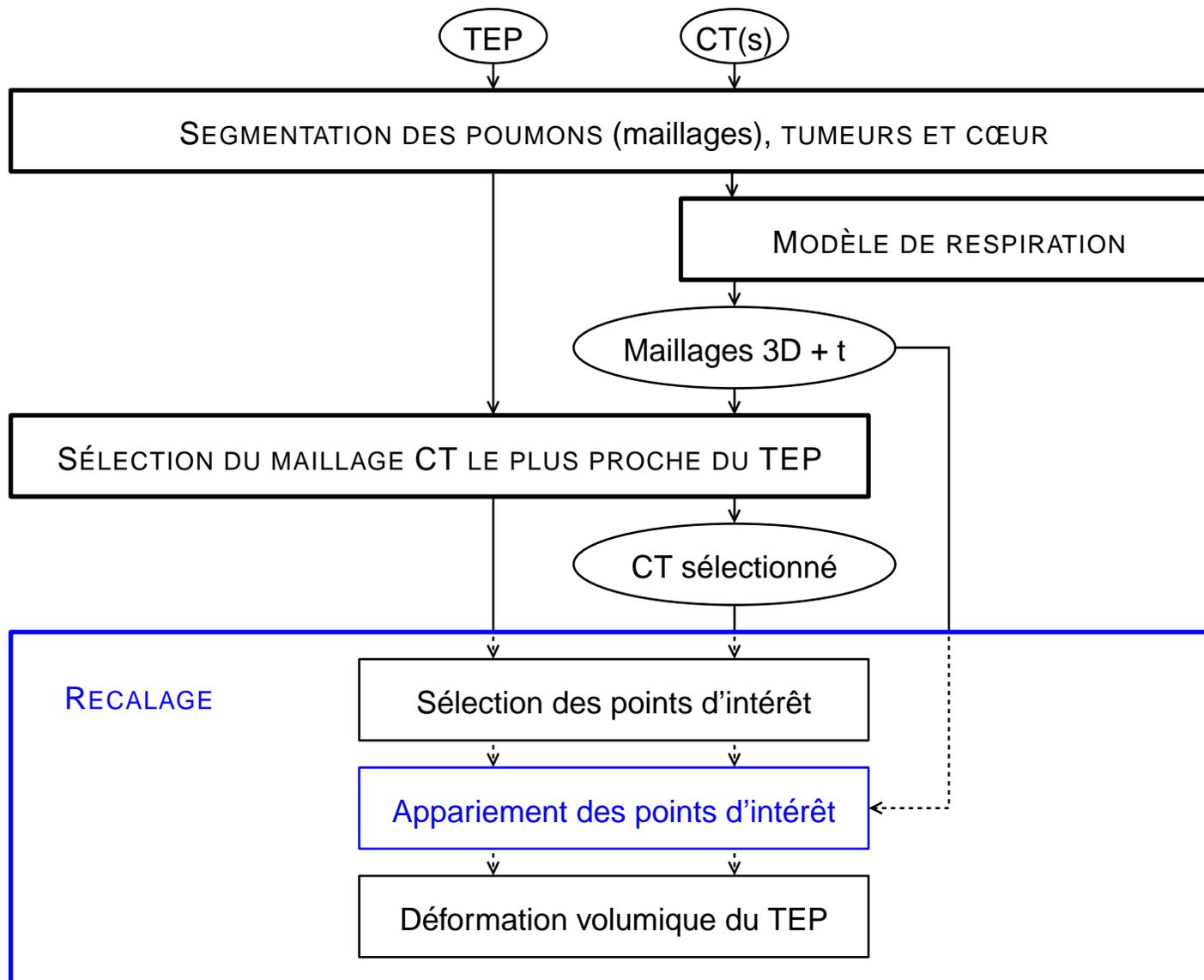


MOY+GAU+UNI

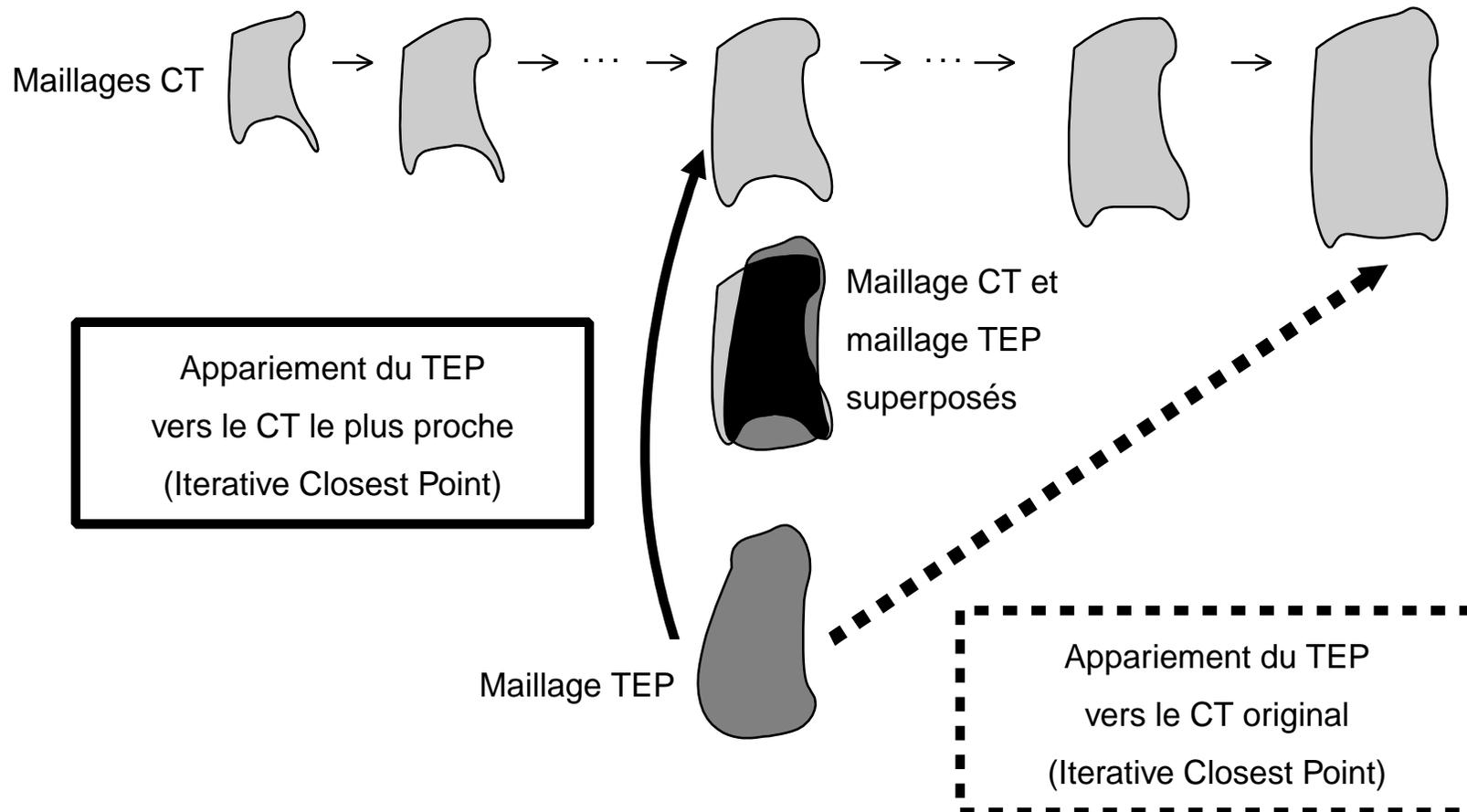


MÊME COUPE AXIALE DU POUMON

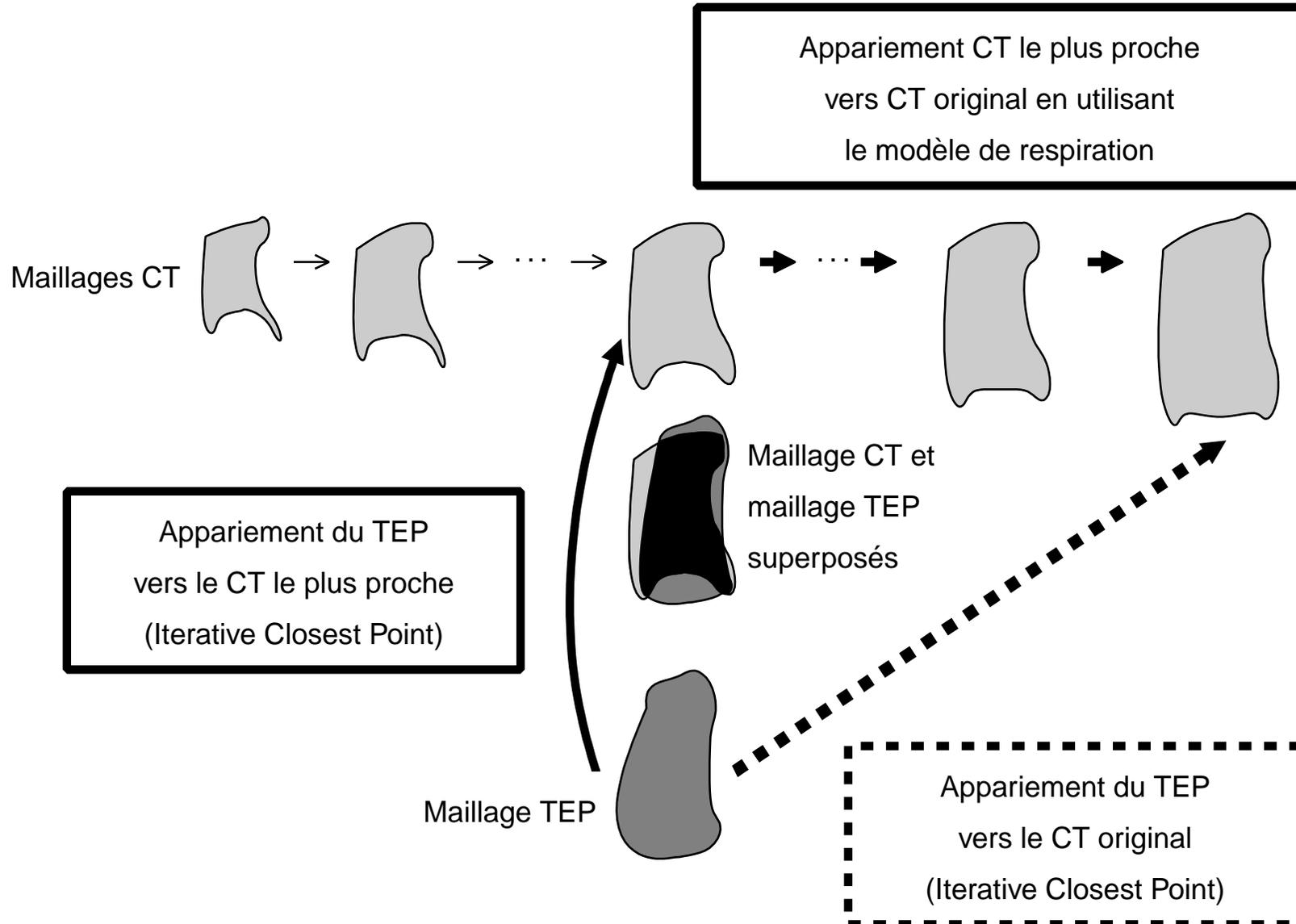
Algorithme



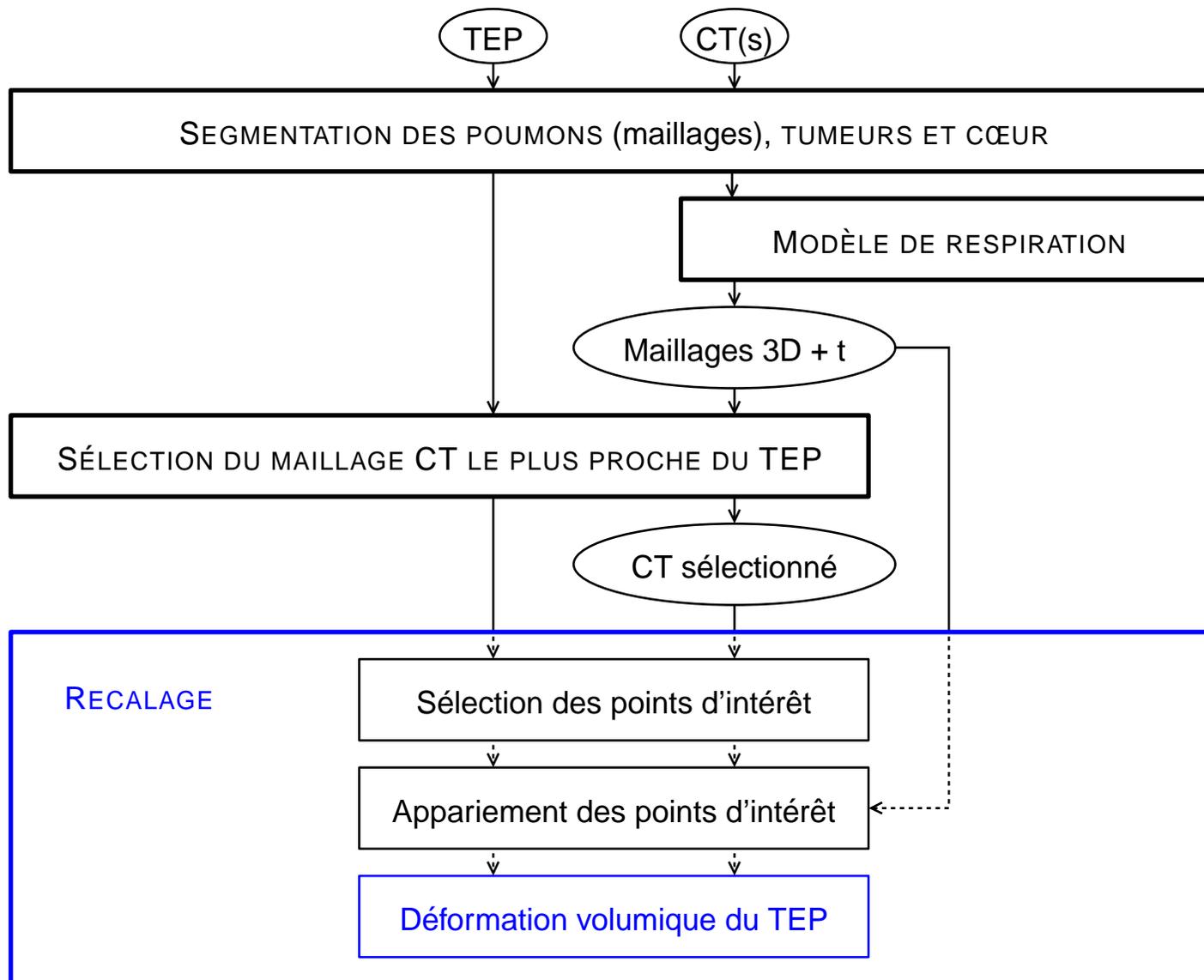
Appariement des points d'intérêt



Appariement des points d'intérêt



Algorithme



Déformation volumique de l'image TEP

Déformation en chaque point t :

$$f(t) = \mathcal{L}(t) + \sum_{j=1}^{N_{\mathcal{L}}} b_j \sigma(t, t_j)$$

$N_{\mathcal{L}}$: nombre de points d'intérêt t_j

Premier terme : transformation linéaire = somme pondérée des transformations linéaires L_i

$$\mathcal{L}(t) = \sum_{i=1}^{n_0} w_i(t) L_i \quad \text{pour les } n_0 \text{ objets rigides } O_1, O_2, \dots, O_{n_0}$$

→ $w_i(t)$ inversement proportionnel à la distance $d(t, O_i)$

Quand t est proche de l'objet O_i , sa transformation linéaire est proche de L_i

Déformation volumique de l'image TEP

Déformation en chaque point t :

$$\mathbf{f}(t) = \mathcal{L}(t) + \sum_{j=1}^{N_{\mathcal{L}}} b_j \sigma(t, t_j)$$

$N_{\mathcal{L}}$: nombre de points d'intérêt t_j

Deuxième terme : transformation non-linéaire fondée sur les TPS (*Thin-Plate Spline*)

- t_i et u_i : marqueurs sur les images source et cible
- b_j calculés pour satisfaire les contraintes des marqueurs (les correspondances des points d'intérêt) :

$$\forall i, \quad u_i = t_i + \mathbf{f}(t_i)$$

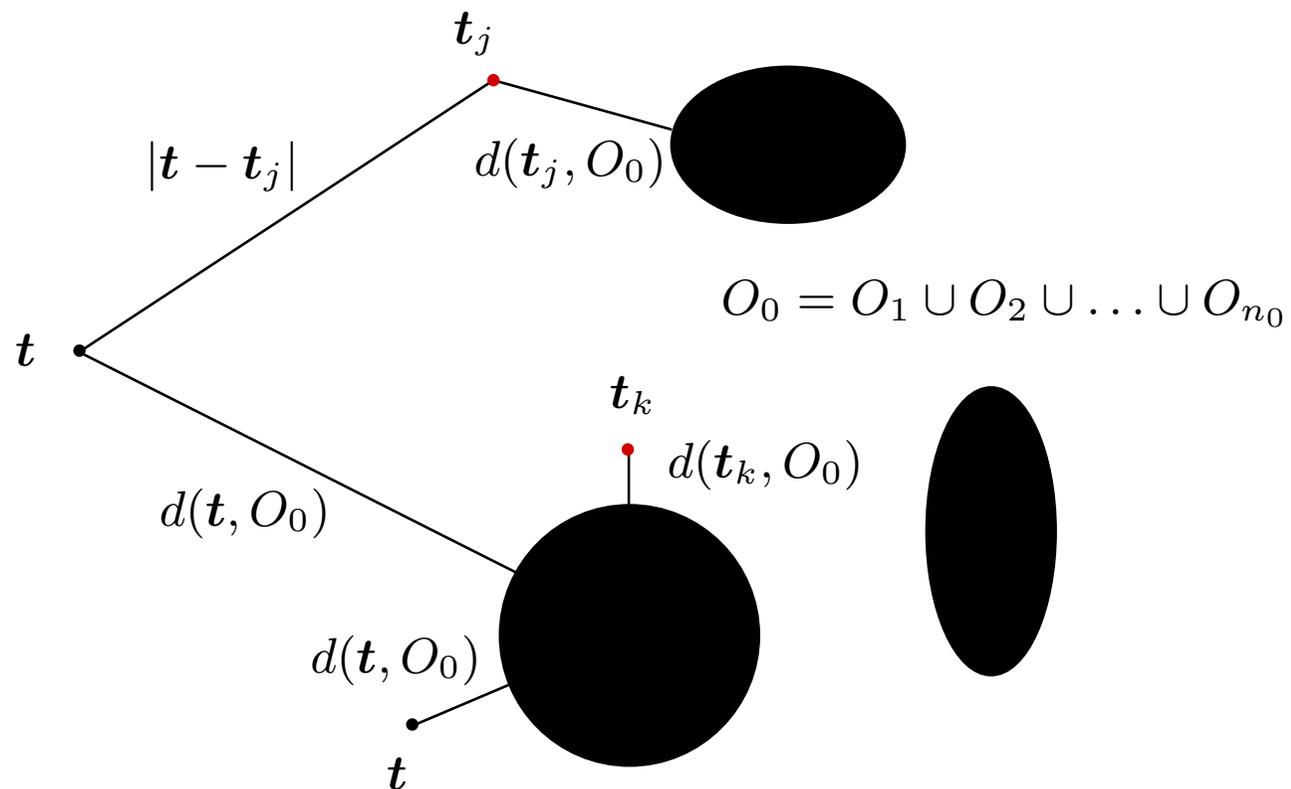
→ Introduction de contraintes de rigidité :

- $\sigma(t, t_j)$ tend vers zéro quand t ou t_j est proche d'une tumeur

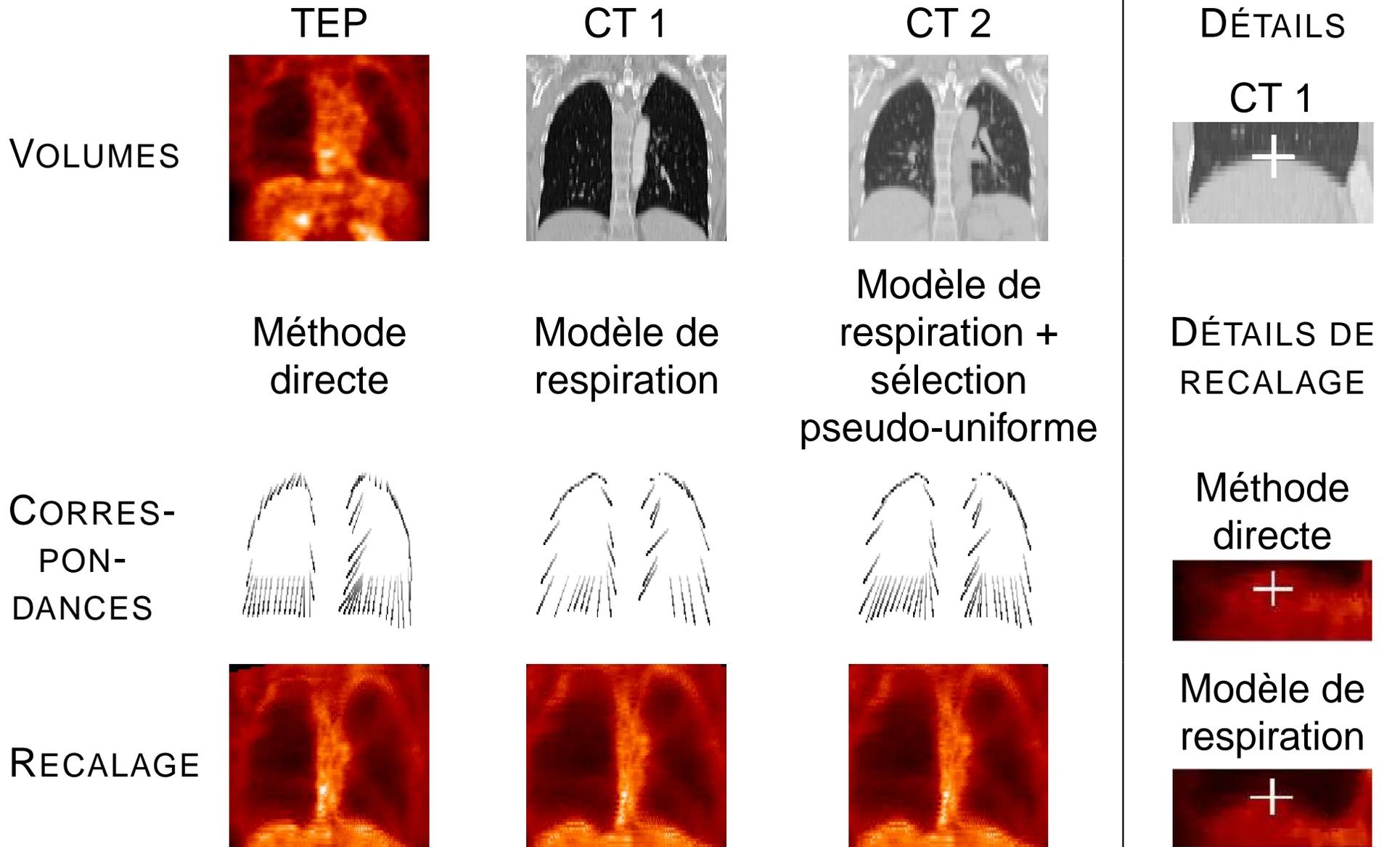
Introduction des structures rigides

$$\sigma(\mathbf{t}, \mathbf{t}_j) = d(\mathbf{t}, O_0) d(\mathbf{t}_j, O_0) |\mathbf{t} - \mathbf{t}_j|$$

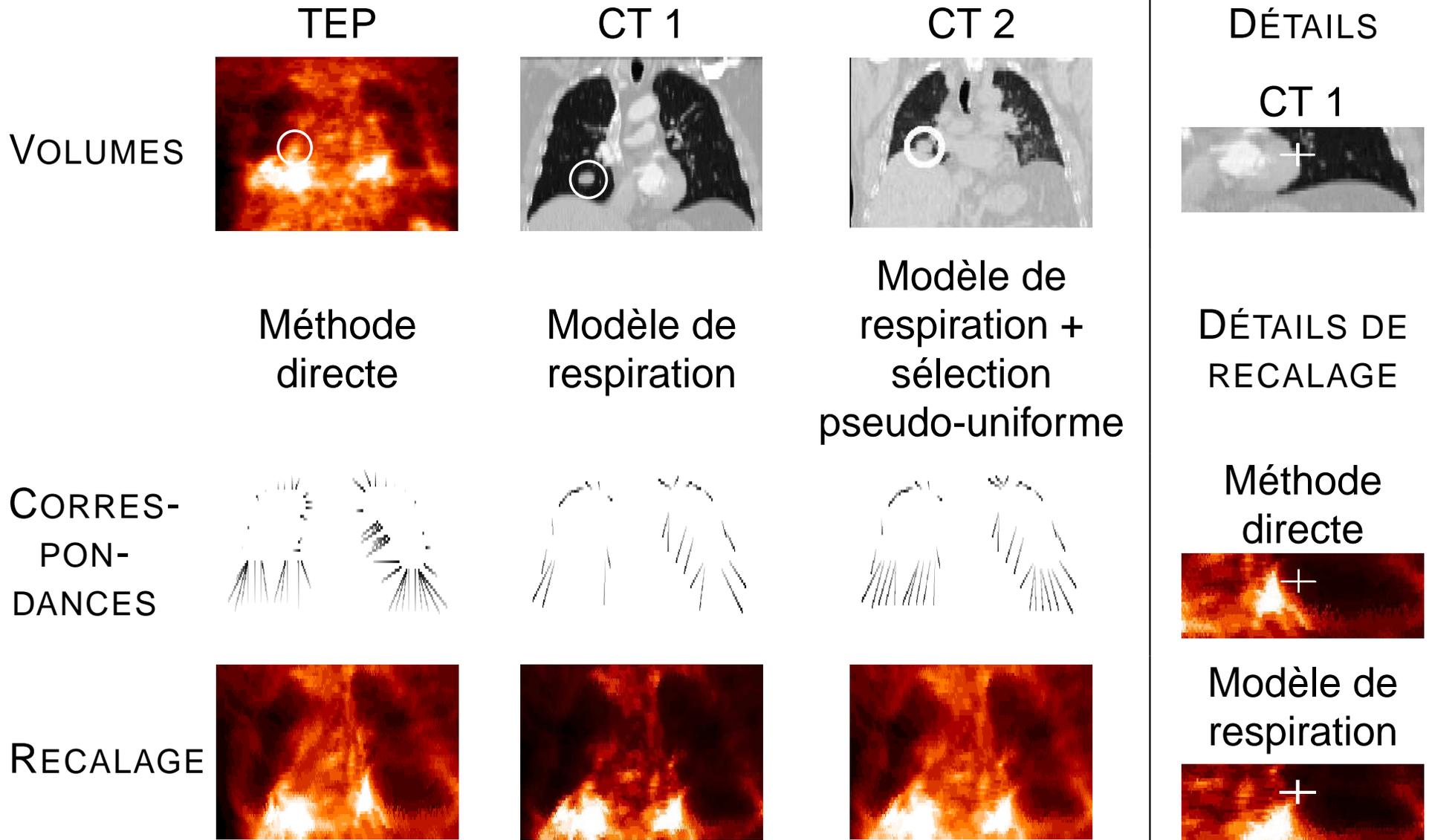
$$d(\mathbf{t}, O_0) \begin{cases} = 0 & \text{si } \mathbf{t} \in O_0 \\ \rightarrow 0 & \text{si } \mathbf{t} \rightarrow O_0 \end{cases} \quad \text{fonction distance continue de } \mathbf{t} \text{ à } O_0$$



Résultats : cas normal



Résultats : cas pathologique



Résultats quantitatifs

Méthode	FP	FN	RIU	SIM	SEN	SPE	MOY (mm)	RMS (mm)
<i>Cas normal</i>								
TEP/CT ORIGINAUX	0.99	0.12	0.44	0.62	0.88	0.47	18.61	28.32
NONMR-NONUNI	1.45	0.01	0.4	0.57	0.99	0.4	15.7	20.7
NONMR-UNI	1.45	0.01	0.4	0.57	0.99	0.4	15.7	20.6
MR-NONUNI	0.82	0.02	0.54	0.7	0.98	0.54	11.4	16.4
MR-UNI	0.82	0.02	0.54	0.7	0.98	0.55	11.2	16.2
TEP/CT PLUS PROCHE	0.45	0.36	0.44	0.62	0.64	0.59	15.17	18.8
<i>Cas pathologique</i>								
TEP/CT ORIGINAUX	1.37	0.07	0.39	0.56	0.93	0.4	18.95	27.7
NONMR-NONUNI	1.64	0.03	0.37	0.54	0.97	0.37	17.7	26.5
NONMR-UNI	1.65	0.03	0.36	0.53	0.97	0.37	17.9	26.9
MR-NONUNI	1.83	0.05	0.33	0.5	0.95	0.34	15.2	23.7
MR-UNI	1.4	0.05	0.4	0.57	0.95	0.41	13.7	21.4
TEP/CT PLUS PROCHE	0.47	0.38	0.42	0.6	0.62	0.57	13.77	17.97

Conclusions

Contributions :

- Introduction d'un modèle de respiration dans une méthode de recalage
- Sélection automatique de points d'intérêt fondée sur la courbure
- Méthode de recalage non-linéaire avec contraintes de rigidité

Meilleurs résultats :

- Modèle de respiration
- Sélection pseudo-uniforme des points d'intérêt

Travaux en cours :

- Comparaison et évaluation quantitative sur un plus grand nombre de données
- Introduction de nouvelles structures rigides (cœur)
- Comparaison avec d'autres modèles de respiration [Sarrut 06]
- Comparaison avec une série de maillages déduits d'un CT 4D