

Extraction du signal respiratoire à partir de projections *cone-beam* pour l'imagerie TDM 4D

Extraction of the respiratory signal from cone-beam projections for 4D CT imaging

Simon Rit¹, David Sarrut^{2,3}, Vlad Boldea¹, Chantal Ginestet²

¹ LIRIS, UMR CNRS 5205, Université Lumière Lyon 2, 5 avenue Pierre Mendès-France, 69676 Bron, France,

² Département de Radiothérapie, Centre Léon Bérard, 28 rue Laënnec, 69353 Lyon, France,

³ CREATIS, UMR CNRS 5515, INSERM U 630, INSA Lyon, Bat. Blaise Pascal, 69621 Villeurbanne Cedex, France.

Manuscrit reçu le 31 mai 2005

Résumé et mots clés

Le traitement des cancers des poumons par radiothérapie doit prendre en compte les mouvements respiratoires pour être efficace. La connaissance de ce mouvement passe par l'obtention d'images tomodensitométriques (TDM) 4D. Les images TDM 4D du thorax en respiration libre acquises actuellement utilisent les méthodes de type *gated* ou *respiration-correlated*. Ces méthodes nécessitent un signal respiratoire, recueilli pendant l'acquisition des données, pour trier celles-ci en différents groupes. La qualité de l'image TDM 4D dépend alors d'une description correcte, par le signal respiratoire, de la position du thorax dans le cycle respiratoire au cours de l'acquisition. Ce signal est généralement acquis par une mesure indépendante des données densitométriques (spiromètre, thermomètre,...). Nous proposons de l'extraire directement de la séquence de projections *cone-beam* (CB) 2D acquises autour du thorax en respiration libre. Notre méthode extrait le mouvement entre deux projections CB 2D consécutives par un algorithme de mise en correspondance de blocs. Ces blocs sont positionnés autour de points d'intérêt constituant un sous-échantillonnage régulier des projections CB 2D. Nous déduisons de la trajectoire de chaque bloc dans la séquence un signal unidimensionnel après projection. Une sélection d'un sous-ensemble de ces signaux nous permet d'obtenir, après agrégation, le signal respiratoire pendant le temps de l'acquisition. Notre méthode est validée quantitativement sur données simulées et qualitativement sur données réelles. Sur données simulées, nous obtenons un signal respiratoire corrélé linéairement à 97,5 % avec la référence. Sur données réelles, le signal extrait nous permet de reconstruire l'image TDM 4D d'un patient que l'on compare à l'image TDM 3D floue, obtenue sans prise en compte du mouvement respiratoire.

Signal respiratoire, reconstruction 4D, tomodensitométrie, *cone-beam*, thorax, radiothérapie.

Abstract and key words

To be efficient, the treatment of the lung cancers with radiation therapy must take into account the respiratory motion. The knowledge of this motion requires the acquisition of 4D computed tomography (CT) images. The free-breathing thorax 4D CT images currently acquired use gated or respiratory-correlated methods. These methods involve the collection of a respiratory signal during the acquisition of data in order to sort them into different groups. The quality of the 4D CT image thus depends on an accurate description by the signal of the position of the thorax in the respiratory cycle. The signal is generally acquired by independent measurements of densitometric data (spirometer, thermometer, ...). We propose to extract it directly from the sequence of 2D cone-beam (CB) projections acquired around the

free-breathing thorax. Our method derives the motion between two consecutive 2D CB projections using a block matching algorithm. Blocks are positioned around points of interest constituting a regular sampling of the 2D CB projections. A unidimensional signal is derived from the trajectory of each block in the sequence after projection. Aggregation of a subset of selected makes it possible to derive the respiratory signal during the acquisition time. Our method is validated quantitatively on simulated data and qualitatively on real data. On simulated data, we obtain a respiratory signal with 97.5 % linear correlation with the reference. On real data, the extracted signal allow to reconstruct 4D CT images for comparison with the blurred 3D CT image obtained without taking into account the respiratory motion.

Respiratory signal, 4D reconstruction, computed tomography, cone-beam, thorax, radiation therapy.

Remerciements

Les auteurs tiennent à remercier Jan-Jakob Sonke, du centre de lutte contre le cancer néerlandais (Nederlands Kanker Instituut) – Hôpital Antoni van Leeuwenhoek, pour nous avoir fourni et reconstruit les données réelles présentées dans cet article.

1. Introduction



1.1. La tomodensitométrie : contexte et principes

La radiothérapie est une méthode de traitement du cancer consistant à irradier les tissus cancéreux avec des rayons ionisants de haute énergie (rayons X megavolt (MV)) tout en préservant au maximum les tissus sains. Elle s'appuie sur des images pour établir le plan de traitement – définition des contours des volumes à irradier et de la balistique des différents faisceaux irradiants – et contrôler le positionnement du patient au moment du traitement.

La modalité d'images la plus utilisée en radiothérapie est la tomodensitométrie (TDM) qui représente sous forme d'une image 3D la distribution spatiale de la densité des tissus humains [8, 10]. Cette distribution est obtenue en mesurant l'atténuation d'un faisceau de rayons X de basse énergie (rayons X kilovolt (kV)) due à la traversée des différents tissus du corps humain, plus ou moins atténuants. L'obtention de l'image TDM 3D se fait en deux étapes. La première étape est l'acquisition d'un ensemble de projections sous différentes incidences. Une projection est le nom donné au signal, 1D ou 2D suivant la géométrie du tomographe, obtenu pour un angle d'incidence du faisceau de rayons X (figure 1). Un système de rotation, appelé *gantry*, permet de faire varier cet angle d'incidence. La deuxième étape est la reconstruction de l'image TDM 3D à partir de l'ensemble des projections 1D ou 2D.

On peut distinguer principalement deux géométries de tomographes (figure 1). La géométrie *fan-beam* consiste en une source ponctuelle de rayons X émettant un faisceau en forme d'éventail qui atteint un détecteur X linéique, appelé barrette. L'ensemble source-détecteur effectue une rotation autour de

l'axe crano-caudal du patient, noté z . Cette rotation permet l'acquisition d'un ensemble de projections 1D à partir duquel est reconstruite une coupe de l'image TDM 3D dans le plan de rotation. L'image TDM 3D finale est le résultat de l'empilement des coupes obtenues par déplacement du patient à différentes positions sur l'axe z . Ce déplacement peut être continu (mode hélicoïdal) ou discret (mode axial).

La géométrie *cone-beam* (CB) consiste en une source ponctuelle de rayons X émettant un faisceau en forme de cône qui atteint un détecteur X surfacique (figure 1). Dans ce cas, une seule rotation autour de l'axe z suffit pour acquérir l'ensemble des projections CB 2D à partir duquel est reconstruite l'image TDM 3D.

1.2. Tomodensitométrie d'un patient mobile

L'algorithme de reconstruction d'une image TDM 3D fait généralement l'hypothèse que le patient est resté immobile pendant l'acquisition des projections. En respiration libre, le mouvement respiratoire conduit donc à des artefacts (figure 2). En géométrie *fan-beam*, le temps d'acquisition des projections 1D d'une coupe est suffisamment court ($< 0,5$ s) pour que, en première approximation, le mouvement respiratoire puisse être négligé pendant ce temps d'acquisition. Ce dernier n'introduit donc pas d'artefacts dans chaque coupe. En revanche, des artefacts sont créés au moment de l'empilement des coupes car le thorax s'est déplacé entre l'acquisition de chaque coupe. Les organes en mouvement apparaissent alors déformés sur l'image TDM 3D, les coupes diaphragmatiques pouvant même apparaître dédoublées. En géométrie *cone-beam*, le temps d'acquisition des projections CB 2D est en général trop long pour que le mouvement respiratoire soit considéré négligeable. Les organes en mouvement apparaissent alors flous sur l'image TDM 3D. Dans

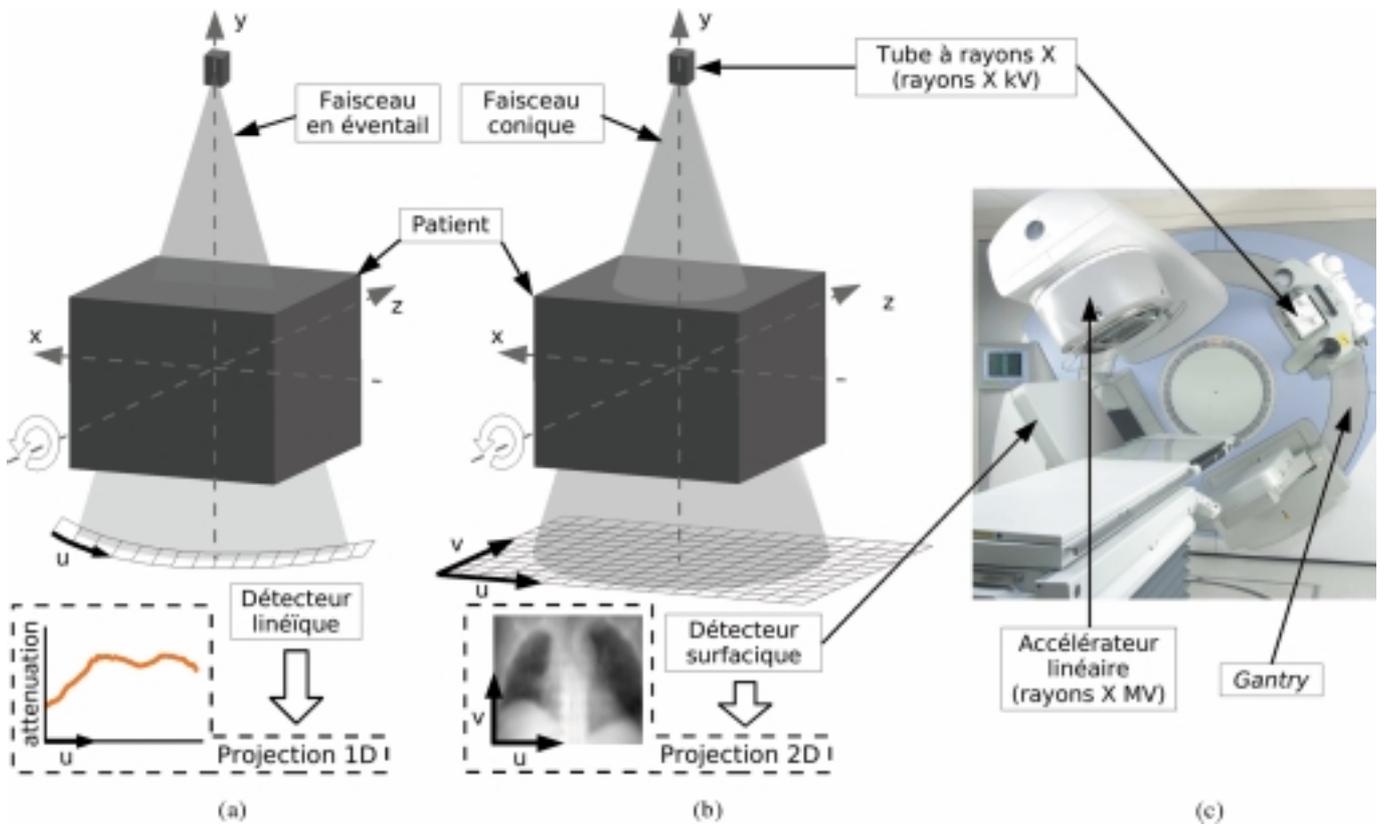


Figure 1. Représentation schématique d'un tomographe de géométrie (a) fan-beam et (b) cone-beam. (c) Photographie du tomographe utilisé, de géométrie cone-beam, monté sur la gantry d'un accélérateur linéaire.

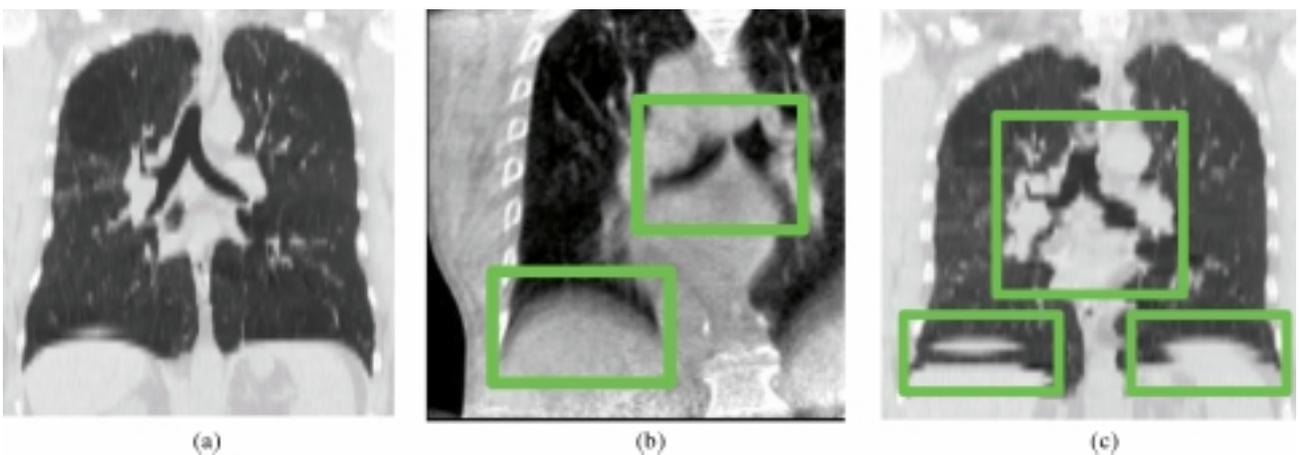


Figure 2. Illustration des artefacts dans une image TDM 3D en respiration libre. (a) Coupe coronale d'une image TDM 3D du thorax d'un patient en blocage respiratoire acquise avec un tomographe fan-beam. (b) Coupe coronale d'une image TDM 3D d'un patient en respiration libre (même patient et même tomographe). (c) Coupe coronale d'une image TDM 3D du thorax d'un autre patient, en respiration libre, avec un tomographe cone-beam. Les artefacts introduits par la respiration du patient sont particulièrement visibles autour des coupoles diaphragmatiques et de la trachée (encadrées).

ce travail, nous utilisons le tomographe de géométrie *cone-beam* du Synergy d'Elekta[®], monté sur la *gantry* d'un accélérateur linéaire dont la rotation est lente – environ 2 minutes pour un tour – (figure 1).

Pour éviter les complications introduites par le mouvement respiratoire, on peut l'interrompre par un blocage respiratoire [22, 28]. Celui-ci n'est cependant pas toujours souhaitable, car il rend les séances de traitement contraignantes, et n'est pas toujours possible, en cas par exemple de difficultés respiratoires. Le patient est alors traité en respiration libre, d'où l'évolution récente de la radiothérapie vers la radiothérapie 4D, qui est *l'inclusion explicite des changements anatomiques temporels pendant l'acquisition d'images, la dosimétrie et le traitement par radiothérapie* [11]. Un tel traitement commence par l'acquisition d'une image TDM 4D, c'est-à-dire *une séquence d'images TDM 3D définie sur des segments consécutifs d'un cycle respiratoire* du patient [11].

L'acquisition des projections permettant d'aboutir à une image TDM 3D d'un segment du cycle respiratoire doit être suffisamment rapide pour que le mouvement respiratoire soit négligeable pendant ce segment [21]. Cela n'est généralement pas possible avec les tomographes actuels pour une image TDM 3D du thorax entier. Une catégorie de solutions à l'étude propose d'améliorer les tomographes pour accélérer l'acquisition des données [19]. Une autre classe de solution consiste à compenser la lenteur des tomographes relativement au cycle respiratoire par la prise en compte du mouvement respiratoire dans la reconstruction des différentes images 3D.

Dans cette classe, on peut distinguer deux types de méthodes. Les reconstructions dynamiques essaient d'utiliser toutes les projections acquises sur différents segments, en les ramenant à un même segment via une déformation [2]. Ces méthodes ont l'avantage de supprimer les artéfacts dus au mouvement respiratoire. Mais elles nécessitent la connaissance *a priori* du mouvement du patient d'une projection à l'autre pour les déformer, ce qui est difficile à obtenir en pratique.

Les méthodes de type *gated* ou *respiration-correlated* simplifient la problématique en utilisant la propriété de quasi-périodicité spatiale de la respiration, c'est-à-dire le retour du thorax à une même position spatiale d'un cycle respiratoire à l'autre. Elles nécessitent un signal respiratoire représentant les variations spatiales du thorax pendant l'acquisition. Ce signal permet d'attribuer un segment du cycle respiratoire à chaque projection CB 2D acquise (figure 3). La reconstruction de l'image TDM 3D de chaque segment se fait alors en utilisant toutes les projections CB 2D acquises pendant ce segment.

Les premières images TDM 4D ont été obtenues avec des tomographes de géométrie *fan-beam* en triant les coupes reconstruites [12, 17, 20, 26, 27]. Les coupes sont triées en différentes piles, chaque pile donnant l'image TDM 3D d'un segment différent du cycle respiratoire. En géométrie *cone-beam*, les projections CB 2D sont triées en différents groupes de projections CB 2D d'un même segment du cycle respiratoire [25]. Chaque groupe de projections CB 2D est utilisé pour reconstruire l'image TDM 3D de chaque segment du cycle respiratoire (figure 3).

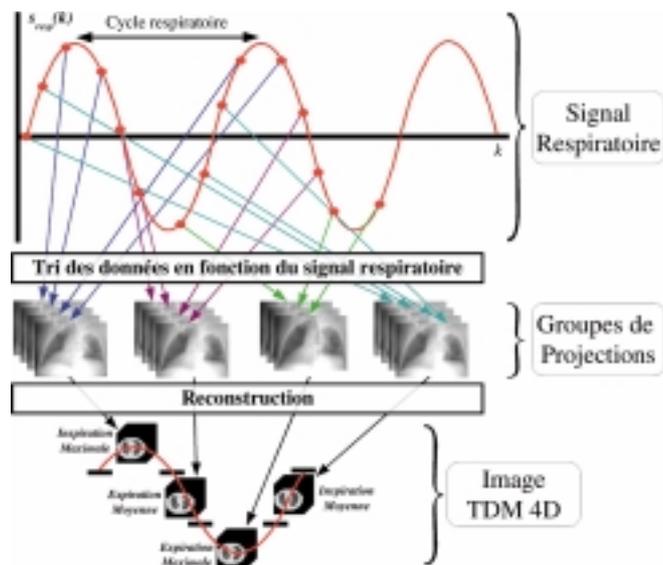


Figure 3. Représentation schématique du principe d'obtention d'une image TDM 4D par une méthode gated ou respiration correlated avec un tomographe cone-beam. Un signal respiratoire est recueilli pendant les acquisitions des projections CB 2D réalisées aux instants indiqués par les points placés sur la courbe. Ce signal permet de trier les projections CB 2D en différents groupes, chacun permettant la reconstruction d'une image TDM 3D dans un segment du cycle respiratoire. Ici, on a trié les projections CB 2D en quatre groupes correspondant aux segments inspiration maximale, expiration moyenne, expiration maximale et inspiration moyenne.

1.3. Le signal respiratoire pour la tomodynamométrie 4D

Le signal respiratoire, noté $s_{resp} : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^n$, indique la configuration spatiale du thorax dans le cycle respiratoire. Plusieurs signaux, acquis avec différents capteurs, sont utilisés :

- la variation de la température avec un thermomètre placé sous le nez du patient [3] ;
- la hauteur de la surface du thorax ou de l'abdomen dans la direction antéro-postérieure, repérée à l'aide de capteurs posés sur l'abdomen dont on mesure la hauteur avec une caméra infrarouge (*Real-time Position Management*, Varian[®]) [6, 20, 26, 27] ;
- la variation du flux d'air à la sortie de la bouche mesurée avec un spiromètre [17].

Si $s_{resp}(t_1) = s_{resp}(t_2)$, alors le thorax a la même configuration spatiale aux instants t_1 et t_2 . En pratique, il n'existe pas de signal respiratoire qui respecte exactement cette propriété, et les études sont contradictoires quant à leur précision. La variation de la température à la sortie du nez permet le repérage des extrema (fin d'inspiration et d'expiration) mais ne permet pas un découpage fin entre ces extrema [15]. Le mouvement de la surface de l'abdomen ou du thorax [6] n'est pas forcément corrélé aux mouvements internes [18]. La variation du flux d'air à la

bouche semble plus représentative des mouvements internes [18], même s'il faut corriger la dérive de la mesure effectuée par le spiromètre [29].

Face à ces difficultés, il a été proposé dans le cas de toмоgraphes *cone-beam* d'extraire le signal respiratoire directement et automatiquement des projections CB 2D acquises. Zijp *et al* [30] proposent ainsi d'extraire le mouvement de la coupole diaphragmatique. Chaque projection CB 2D est projetée perpendiculairement à la direction crano-caudale (projection suivant l'axe u sur la figure 1). De la projection 1D ainsi obtenue est extraite la hauteur de la coupole dans la direction crano-caudale. Cette méthode repose sur des hypothèses quant à la forme et la position de la coupole diaphragmatique qui ne sont pas toujours respectées [30].

Nous proposons une méthode permettant d'extraire le signal respiratoire de projections CB 2D acquises séquentiellement autour du thorax d'un patient en respiration libre, automatiquement et sans hypothèse anatomique. Nous l'évaluons quantitativement sur données simulées et qualitativement sur données réelles.

2. Méthode d'extraction du signal respiratoire

Nous proposons ici une étude du mouvement entre les projections CB 2D d'une séquence, dans le but d'extraire la valeur du signal respiratoire au temps d'acquisition de chaque projection CB 2D. Notre méthode se décompose en trois étapes. La première étape consiste à positionner des points d'intérêt sur les projections CB 2D. La seconde étape extrait le déplacement d'un bloc de pixels centré autour de chaque point d'intérêt d'une projection CB 2D à l'autre. La dernière étape consiste à déduire de la trajectoire ainsi extraite la valeur du signal respiratoire au temps d'acquisition de chaque projection CB 2D.

2.1. Étape 1 : positionnement de points d'intérêt

L'extraction du signal respiratoire à partir d'images se base généralement sur des hypothèses anatomiques relatives à la forme et la localisation de la coupole diaphragmatique ou des parois pulmonaires [13, 14, 30]. Nous avons choisi de considérer un ensemble de points d'intérêt constituant un sous-échantillonnage régulier de l'ensemble des pixels des projections CB 2D (figure 8). Ainsi, nous n'introduisons pas d'hypothèse anatomique, tant au niveau de la forme que de la localisation des organes.

2.2. Étape 2 : extraction du mouvement

Après une acquisition, c'est-à-dire une rotation de la *gantry*, nous disposons d'une séquence de projections CB 2D, pour un même patient et sous différentes incidences. Le mouvement visible entre deux projections CB 2D successives est le résultat de la composition de deux mouvements. Le premier est le changement d'incidence du faisceau de rayons X entre les deux projections CB 2D. Le second est le mouvement du patient entre l'acquisition des deux projections CB 2D. Le patient étant positionné dans un moule de contention, on considère que le seul mouvement du patient pendant l'acquisition est dû à la respiration.

L'algorithme de mise en correspondance de bloc (*Block Matching Algorithm*, BMA) permet d'étudier le mouvement entre différentes images d'une même scène à différents instants. Il est utilisé dans de nombreuses applications : la compensation de mouvement dans les vidéos (MPEG, [24]), la reconstruction dynamique [9], l'extraction du signal respiratoire à partir d'images 2D [13], etc...

Nous appliquons le BMA sur la séquence des N projections CB 2D ($N \in \mathbb{N}$), notées P_i ($i \in \{1, \dots, N\}$). Soit B_i un bloc de pixels de la projection CB 2D P_i centré sur le point d'intérêt $M_i(x_i, y_i)$ – x_i et y_i sont les coordonnées de M_i dans la projection CB 2D P_i – (figure 4). Son correspondant le plus similaire B_{i+1} , autour du point $M_{i+1}(x_{i+1}, y_{i+1})$, est extrait de la projection CB 2D P_{i+1} suivante dans le sens chronologique ($i, i+1, i+2, \dots$). La mesure de similarité utilisée entre les blocs B_i et B_{i+1} est le

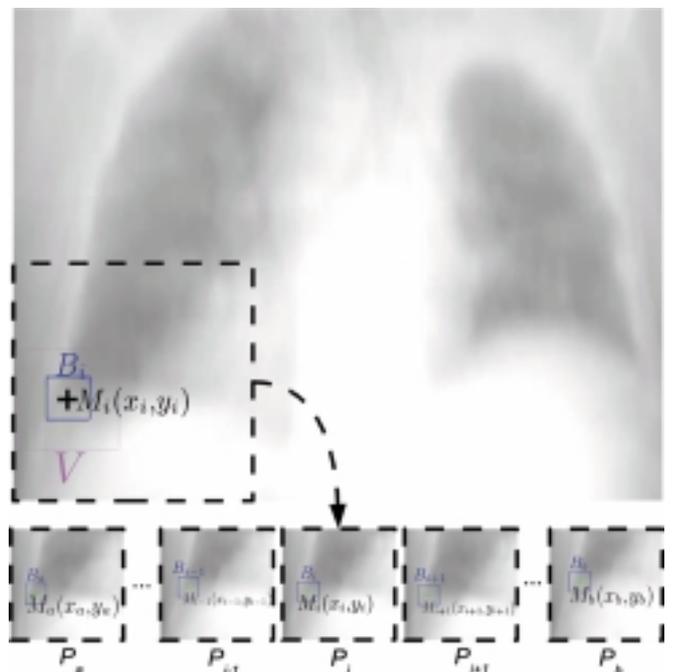


Figure 4. En haut : une projection CB 2D P_i avec un point d'intérêt $M_i(x_i, y_i)$, son bloc B_i de pixels et le voisinage de recherche V utilisé par le BMA. En bas : 5 projections CB 2D ($k \in \{a, i-1, i, i+1, b\}$) avec le bloc B_k correspondant à B_i extrait par le BMA.

coefficient de corrélation linéaire $r^2(B_i, B_{i+1})$. Le voisinage de recherche V est une fenêtre carrée de pixels centrée autour du point d'intérêt M_i , car les mouvements n'introduisent que de faibles déplacements entre deux projections CB 2D. Le bloc B_{i+2} est extrait dans P_{i+2} à partir de B_{i+1} en calculant $r^2(B_{i+1}, B_{i+2})$, et ainsi de suite. La recherche s'interrompt quand le bloc B_b de P_b , $b \in \{1, \dots, N\}$, $b \geq i$, a un correspondant dans la projection CB 2D B_{b+1} tel que $r^2(B_i, B_{b+1}) < s$, où s est un seuil fixé par l'utilisateur. Cette interruption correspond donc à une perte du suivi du bloc d'origine B_i . La même opération est réalisée dans le sens opposé ($i, i-1, i-2, \dots$) jusqu'à la projection CB 2D P_a , $a \in \{1, \dots, N\}$, $a \leq i$. On obtient ainsi pour chaque point d'intérêt $M_i(x_i, y_i)$ un ensemble de positions 2D $M_k(x_k, y_k)$ sur une succession P_k de projections CB 2D, $\forall k \in \{a, \dots, b\}$, $\{a, \dots, b\} \subset \{1, \dots, N\}$, $a \leq i$ et $b \geq i$. k étant une numérotation chronologique, la succession de positions 2D (x_k, y_k) extraites est un signal 2D+t, appelée trajectoire T , telle que :

$$T : \mathbb{N} \rightarrow \mathbb{N}^2$$

$$k \rightarrow (x_k, y_k)$$

$$\forall k \in \{a, \dots, b\}, \{a, \dots, b\} \subset \{1, \dots, N\}, a \leq i, b \geq i$$



2.3. Étape 3: traitement des trajectoires

2.3.1. Projection des trajectoires

Nous obtenons autant de trajectoires T que de points d'intérêt $M_i(x_i, y_i)$. Le signal 2D+t représentant chaque trajectoire T est projeté en un signal 1D+t noté s_T , tel que :

$$s_T : \mathbb{N} \rightarrow \mathbb{R}$$

$$k \rightarrow s_T(k) = \|\overrightarrow{CM_k} \cdot \vec{u}\| \quad \forall k \in \{a, \dots, b\}$$

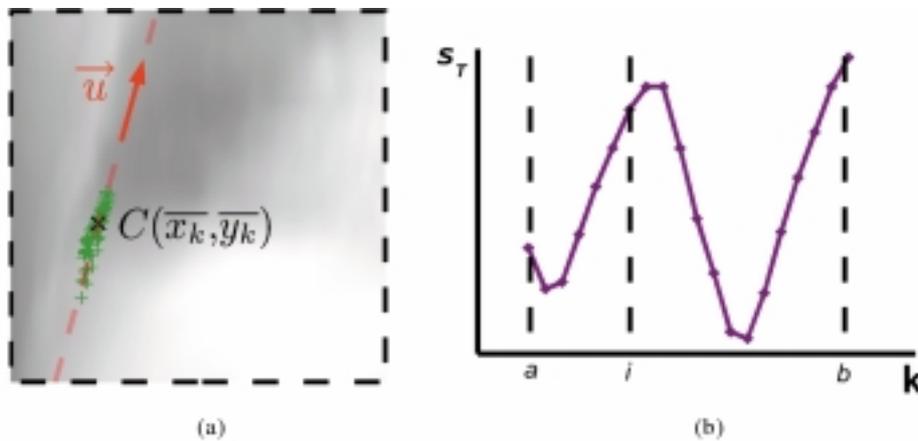


Figure 5. (a) L'ensemble des points $M_k(x_k, y_k)$ de la trajectoire du point d'intérêt $M_i(x_i, y_i)$ sur la projection CB 2D P_i (voir la figure 4 pour la projection complète, avec le bloc B_i autour de $M_i(x_i, y_i)$), avec leur point moyen $C(\bar{x}_k, \bar{y}_k)$ et la droite de meilleure approximation (pointillés), dirigée suivant le vecteur unitaire \vec{u} . (b) $s_T(k)$, signal 1D+t obtenu après projection.

où \vec{u} est un vecteur unitaire colinéaire à la droite de meilleure approximation des différentes positions $M_k(x_k, y_k)$ de la trajectoire, obtenue par une régression linéaire, et où $C(\bar{x}_k, \bar{y}_k)$ est la position moyenne des différentes positions $M_k(x_k, y_k)$. Le signal $s_T(k)$ est donc égal à la norme de la projection de $\overrightarrow{CM_k}$ sur la droite de meilleure approximation de vecteur directeur unitaire \vec{u} (figure 5).

2.3.2. Filtrage

Le mouvement d'une projection CB 2D à l'autre est dû à deux mouvements périodiques : la rotation de la *gantry* et la respiration (voir paragraphe 2.2). La période du mouvement de rotation du tomographe est beaucoup plus importante (1 tour pendant une acquisition complète) que celle du mouvement dû à la respiration (plusieurs dizaines de cycles au cours d'une acquisition complète). Il est donc aisé de filtrer l'effet du mouvement induit par la rotation du tomographe dans le signal s_T à l'aide d'un filtrage fréquentiel coupe bas de fréquence de coupure f_C .

2.3.3. Sélection

Pour chaque point d'intérêt, nous avons un signal filtré 1D+t, noté s'_T . Nous commençons par éliminer les signaux de trop courte durée pour être représentatifs du signal recherché. Ceux-ci sont caractérisés par un faible nombre d'échantillons. Le premier critère de sélection est $b - a \geq nb_ech_min$, où nb_ech_min est le nombre d'échantillons minimum d'un signal s'_T . Nous éliminons également les signaux de faible amplitude moyenne, sensibles *a priori* au bruit. Le deuxième critère de sélection est $A(s'_T) \geq A_{min}$, où $A(s)$ est l'amplitude moyenne d'un signal s et A_{min} est l'amplitude moyenne minimale des signaux que l'on veut sélectionner.

Les points d'intérêt ont été sélectionnés par un sous-échantillonnage régulier des pixels. Cependant, le mouvement respiratoire n'a pas une incidence sur toute la projection CB 2D mais

seulement à certaines localisations correspondant à des parties spécifiques du corps (coupes diaphragmatiques, parois pulmonaires, etc...). Nous proposons donc d'éliminer les signaux non corrélés à la respiration et constituant du bruit par rapport à l'information recherchée. Le mouvement respiratoire est quasi-périodique. Supposons que l'on connaisse sa quasi-fréquence u_{ref} . Il doit donc exister un pic dans le spectre en amplitude du domaine de Fourier autour de u_{ref} . Pour chaque morceau, nous calculons u_{max} tel que $|S(u_{max})| = \max(|S(u)|)$, où $u \rightarrow |S(u)|$ est le spectre en amplitude de la transformée de Fourier du signal s'_T . Le troisième critère de sélection est donc $u_1 \leq u_{max} \leq u_2$, où u_1 et u_2 sont deux fréquences fixées par l'utilisateur, proches de la fréquence de respiration u_{ref} du patient, et telles que $u_1 \leq u_{ref}$ et $u_2 \geq u_{ref}$.

2.3.4. Agrégation des signaux

Nous sélectionnons ainsi un ensemble de morceaux de signal respiratoire s'_T définis sur des intervalles différents inclus dans $\{1, \dots, N\}$. Supposons que les positions extrêmes des différents points du thorax sont atteintes simultanément. Deux signaux ne peuvent alors qu'être en phase – les maxima des deux signaux correspondent tous les deux à la même position dans le cycle respiratoire – ou en opposition de phase – le maximum d'un signal correspond à l'expiration maximale et le maximum de l'autre à l'inspiration maximale –. Dans ce dernier cas, il suffit de prendre l'opposé d'un des deux signaux pour qu'ils soient en phase. Tous les signaux 1D+t filtrés s'_T sont remis en phase puis normalisés entre 0 et 1. La valeur du signal respiratoire $s_{resp}(i)$ au temps i , $i \in \{1, \dots, N\}$, est alors obtenue en faisant la moyenne des valeurs des signaux 1D+t filtrés $s'_T(i)$, respectant les critères de sélection et définis au temps i .

Le résultat final est le signal respiratoire s_{resp} , défini à chaque instant i de la séquence de projections CB 2D. La robustesse de la méthode dépend du nombre de morceaux de signaux respiratoires utilisés pour le calcul de chaque valeur $s_{resp}(i)$. Ce nombre est lié au nombre initial de points d'intérêt (paragraphe 2.1) et aux paramètres de sélection nb_ech_min , A_{min} , u_1 et u_2 (paragraphe 2.3.3).

3. Expériences

Notre méthode d'extraction du signal respiratoire est évaluée quantitativement sur données simulées et qualitativement sur données réelles.

3.1. Simulation

3.1.1. Méthode

Nous simulons à partir d'images TDM 3D l'acquisition d'un ensemble de projections CB 2D avec les mêmes paramètres que

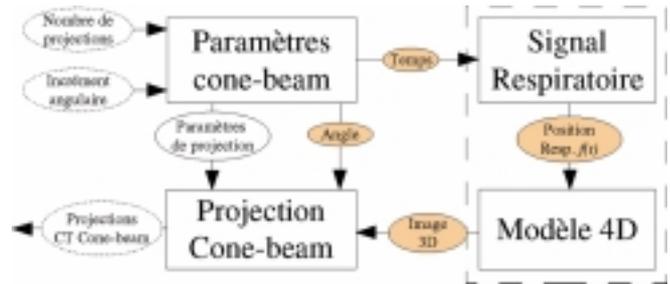


Figure 6. Schéma global de la simulation de l'acquisition cone-beam.

le tomographe utilisé (figure 1). Cette simulation est composée de quatre modules (figure 6).

Le premier module permet de définir les paramètres du tomographe *cone-beam* que l'on veut simuler, à savoir la taille et la position relative des éléments (tube de rayons X, capteur plan et gantry), la vitesse de rotation de la gantry et l'incrément de rotation entre deux projections CB 2D.

Le second module est un signal respiratoire unidimensionnel $s_{resp} : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ représentant un volume pulmonaire au cours du temps. Ce signal est utilisé comme référence pour évaluer l'extraction du signal respiratoire des projections CB 2D simulées.

Le troisième module est le modèle 4D d'un patient [1, 22, 23], constitué d'une image TDM 4D d'un patient et du mouvement entre les images TDM 3D de cette image TDM 4D, obtenu par recalage non-linéaire et représenté par un champ de vecteurs.

Ce module permet d'obtenir l'image TDM 3D du patient pour toute valeur du signal respiratoire $s_{resp}(t)$. Dans notre cas, le modèle TDM 4D est obtenu à partir de deux images TDM 3D d'un patient en blocage respiratoire, une à la fin de l'expiration normale ($I1$) et l'autre à la fin de l'inspiration normale ($I2$) que l'on considère comme deux instants d'une image TDM 4D. Chaque image TDM 3D intermédiaire est obtenue par interpolation entre $I1$ et $I2$. Cette interpolation suppose que chaque voxel de $I1$ se déplace vers un voxel de $I2$ suivant une trajectoire rectiligne et sans hystérésis, c'est à dire que les trajectoires aller et retour sont identiques [4].

Le quatrième module simule l'acquisition d'une projection CB 2D P_i avec le patient dans sa position à l'instant i . La projection CB 2D est calculée en fonction des paramètres du tomographe *cone-beam* (module 1). On calcule la somme des densités (intensité des pixels de l'image TDM 3D) le long de chaque rayons X kV du faisceau *cone-beam* allant de la source ponctuelle à chaque pixel de la projection P_i . Ce calcul est réalisé par une adaptation de l'algorithme du *shearwarp* [16]. L'intensité de chaque pixel de la projection CB 2D est ainsi déterminée en fonction de l'intensité initiale du faisceau de rayons X.

3.1.2. Expériences

Nous simulons 720 projections CB 2D du thorax d'un patient. Les projections CB 2D sont calculées toutes les 0,36 s après une

rotation de $0,5^\circ$ ce qui correspond aux paramètres du tomographe utilisé. Le signal respiratoire de référence s_{ref} utilisé est irrégulier en amplitude et en phase et a été acquis sur un patient avec un spiromètre. Les deux images TDM 3D I_1 et I_2 , en blocage respiratoire, ont une résolution de $512 \times 512 \times 65$ voxels, chaque voxel mesurant $0,9 \times 0,9 \times 5$ mm³, ce qui nous permet d'obtenir des projections CB 2D d'une résolution de 600×460 pixels, chaque pixel mesurant 1×1 mm².

Sur ces projections CB 2D simulées, nous sélectionnons 158200 points d'intérêt – un pixel sur 20 dans les deux directions, une projection CB 2D sur 3 –. Pour chaque point d'intérêt, le BMA suit un bloc B de 40×40 pixels dans un voisinage V de taille 80×80 pixels. Il s'arrête quand le coefficient de corrélation linéaire entre un bloc détecté et le bloc d'origine tombe en dessous de $s = 93\%$. Après projection, les signaux sont filtrés avec une fréquence de coupure $f_c = 0,07$ Hz. Les signaux sélectionnés sont ceux ayant une durée minimale de 7,2 s correspondant à $nb_ech_min = 20$ échantillons, une amplitude moyenne minimale $A_{min} = 2$ mm et un pic dans le spectre en amplitude de la transformée de Fourier à la fréquence u_{max} située entre $u_1 = 0,19$ Hz et $u_2 = 0,27$ Hz.

3.1.3. Méthode d'analyse

Nous connaissons le signal respiratoire de référence s_{ref} , utilisé par le second module de la simulation. Pour comparer le signal extrait s_{res} à s_{ref} , nous commençons par calculer le coefficient de corrélation linéaire entre les deux signaux [13, 18]. Dans le cadre d'une méthode de type *gated* ou *respiration-correlated*, ce signal sert à trier les projections CB 2D acquises pour reconstruire différentes images TDM 3D et obtenir une image TDM 4D (figure 3). C'est pourquoi nous proposons ici d'évaluer également la qualité du tri avec s_{res} en le comparant avec le tri des projections CB 2D avec s_{ref} .

Tri des projections CB 2D. Si $s_{resp}(j) = s_{resp}(k)$, alors le thorax a la même configuration spatiale aux moments j et k de l'acquisition des projections CB 2D P_j et P_k . Nous effectuons donc un tri des projections CB 2D P_i , $i \in \{1, \dots, N\}$, suivant l'amplitude du signal respiratoire $s_{resp}(i)$. Deux choix doivent être faits concernant l'algorithme de tri des projections CB 2D en fonction du signal respiratoire (figure 7).

Le premier choix concerne l'amplitude des groupes. Supposons que l'on trie les projections CB 2D en G groupes, chaque groupe correspondant à un segment différent du cycle respiratoire. On appelle $s_{resp}^g(i)$ l'ensemble des valeurs du signal respiratoire associées aux projections CB 2D regroupées au sein d'un groupe g , $g \in \{1, \dots, G\}$. On peut trier les projections CB 2D de sorte que le maximum $\max(s_{resp}^g(i))$ et le minimum $\min(s_{resp}^g(i))$ aient le même écart $\Delta s_{resp}^g = |\max(s_{resp}^g(t)) - \min(s_{resp}^g(t))|$. Dans ce cas, le nombre de projections CB 2D est important dans les groupes extrêmes correspondant aux segments d'inspiration et d'expiration maximales du cycle respiratoire. Il est plus faible dans les groupes intermédiaires correspondant aux segments d'inspiration et d'expiration moyennes. Comme le nombre de projections CB 2D influe sur la qualité d'une reconstruction TDM 3D, la qualité de l'image TDM 3D associée aux segments intermédiaires du cycle respiratoire est inférieure à celle des segments extrêmes. C'est pourquoi nous préférons trier les projections CB 2D de sorte que leur nombre soit égal dans chaque groupe g . L'écart Δs_{resp}^g est alors plus faible dans les groupes extrêmes que dans les groupes intermédiaires.

Le second choix est la prise en compte ou non de l'hystérésis [4], c'est-à-dire du passage du thorax par deux positions spatiales différentes à l'inspiration et à l'expiration, alors que s_{resp} prend les mêmes valeurs. Cela revient à différencier des valeurs identiques de s_{resp} suivant le signe de la dérivée du signal respiratoire. Comme dans la majorité des travaux dans ce domaine [12, 17, 20, 25, 26, 27], nous tenons compte de l'hystérésis dans le tri des projections CB 2D.

Comparaison des tris. Nous effectuons un tri des projections CB 2D en G groupes, à la fois à partir du signal de référence (*groupes références*) et du signal extrait (*groupes résultats*). Dans le cas où l'extraction est idéale, les deux tris sont identiques. Nous déterminons le nombre N_{mp} de projections CB 2D assignées à des groupes différents par les deux procédures de tri, ainsi que la moyenne $\bar{\sigma}_g$ de l'écart type σ_g du signal respiratoire de référence dans chaque groupe de projections CB 2D. Ce calcul est effectué avec les *groupes références* ($\bar{\sigma}_{g_{ref}}$) et les *groupes résultats* ($\bar{\sigma}_{g_{res}}$). Le rapport $\bar{\sigma}_{g_{ref}}/\bar{\sigma}_{g_{res}}$ permet de les comparer. Plus $\bar{\sigma}_g$ est petit, plus les projections CB 2D au sein de chaque groupe correspondent à des positions spatiales du thorax proches. $\bar{\sigma}_{g_{ref}}$ diminue automatiquement avec le nombre

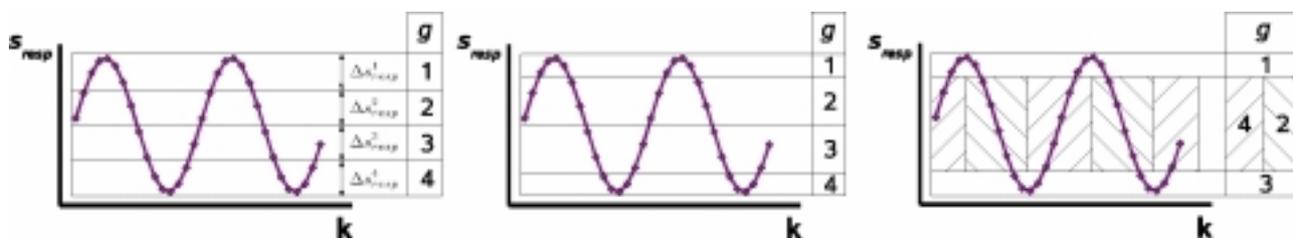


Figure 7. Illustration des différents tris possibles des projections CB 2D avec un signal sinusoïdal et $G = 4$ groupes. (a) Découpage de sorte que $\forall g \in \{1, \dots, 4\}$, $\Delta s_{resp}^g = \text{constante}$. (b) Découpage de sorte que le nombre d'échantillons soit le même dans chaque groupe (8 échantillons). (c) Découpage de sorte qu'il y ait le même nombre d'échantillons dans chaque groupe et que l'hystérésis soit prise en compte via le signe de la dérivée du signal, représenté par la direction des hachures. L'image TDM 4D correspondante obtenue après reconstruction des différentes images TDM 3D est représentée schématiquement figure 3.

de groupes, mais $\overline{\sigma}_{gres}$ diminue moins vite si le signal respiratoire extrait n'est pas de bonne qualité. $\overline{\sigma}_{gref}/\overline{\sigma}_{gres}$ est donc égal à 1 si l'extraction est parfaite et diminue quand le signal extrait n'est pas de bonne qualité.

3.2. Données réelles

Nous disposons d'une séquence de projections CB 2D acquises au centre de lutte contre le cancer néerlandais Antoni van Leeuwenhoek sur un prototype de tomographe de géométrie *cone-beam* monté sur la *gantry* d'un accélérateur linéaire (figure 1). Cette séquence est constituée de 672 projections CB 2D, acquises toutes les 0,371 s après rotation de $0,5^\circ$ avec une résolution de 256×256 pixels pour $40,96 \times 40,96$ cm². Les paramètres d'extraction du signal respiratoire sont fixés à $B = 24 \times 24$ pixels, V est de taille 80×80 pixels, $s = 70\%$, $nb_ech_min = 20$ échantillons, $A_{min} = 1$ mm, $f_c = 0,07$ Hz,

$u_1 = 0,2$ Hz et $u_2 = 0,3$ Hz. Ce signal nous permet de trier les projections CB 2D en $G = 8$ groupes. Une image TDM 3D est reconstruite pour chaque groupe avec l'algorithme de Feldkamp *et al* [5] implémenté par Sonke *et al* [25].

4. Résultats

4.1. Données simulées

Nous avons extrait la trajectoire pour chacun des 158 200 points d'intérêt. 92 900 signaux ont été éliminés par le premier critère de sélection, 20 500 par le second et 37 100 par le troisième (voir partie 2.3.3). 7 700 signaux ont été conservés et agrégés. La figure 8 montre, en haut à gauche, une projection CB 2D simulée P_i , avec en clair les points d'intérêt positionnés sur cette projection et en foncé l'ensemble des points des trajectoires

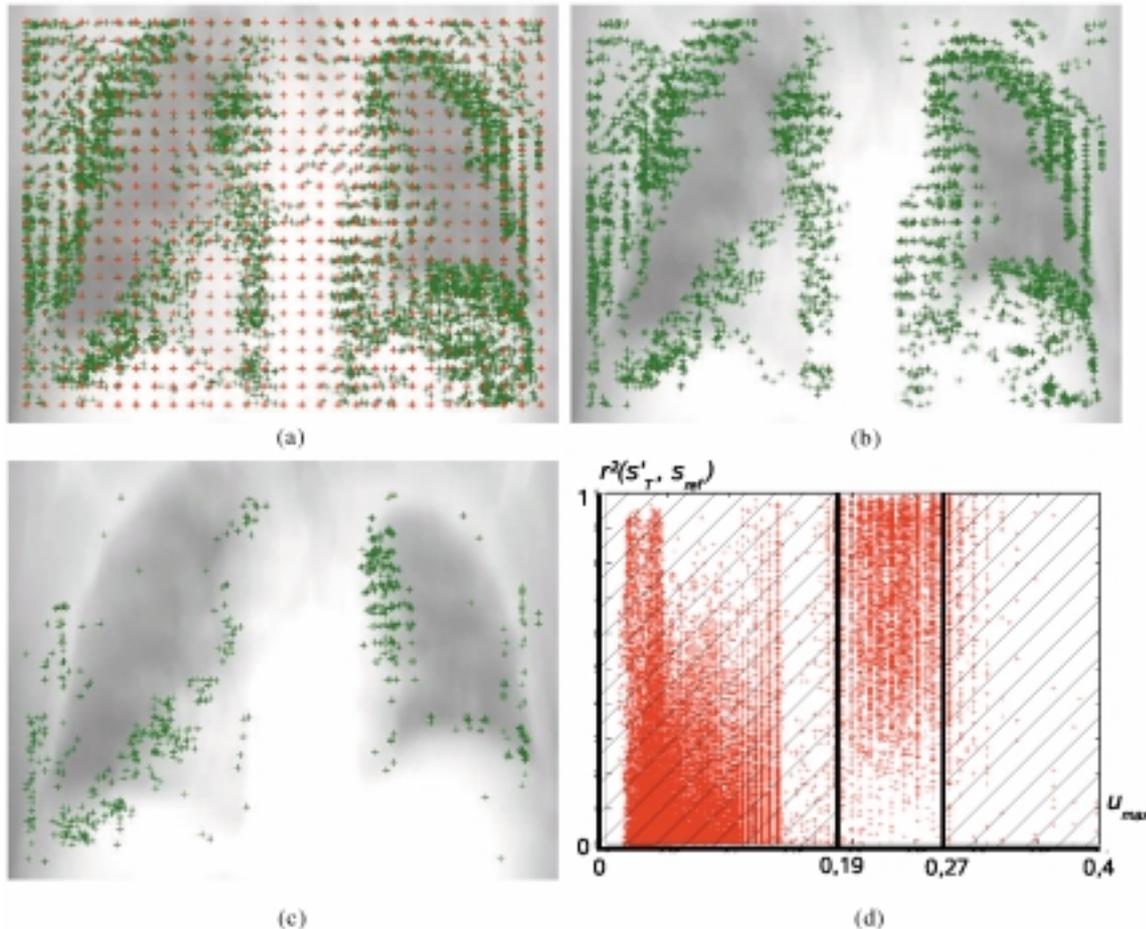


Figure 8. Illustration des trois critères de sélection. (a) Une projection P_i avec les points d'intérêt positionnés (en clair) et les points des trajectoires définies à l'instant i (en foncé). (b) Points des trajectoires correspondant aux signaux sélectionnés en fonction de la durée et de l'amplitude moyenne des signaux s'_T (premier et deuxième critères de sélection). (c) Points sélectionnés par le critère fréquentiel (troisième critère de sélection). (d) Illustration de l'intérêt du troisième critère de sélection avec le nuage de points représentant le coefficient de corrélation linéaire de chacun des signaux s'_T en fonction de u_{max} . Les signaux éliminés (points dans la partie hachurée) sont majoritairement non corrélés à la respiration, contrairement aux signaux sélectionnés (points dans la partie non hachurée).

Tableau 1. Comparaison du signal extrait s_{res} sur projections CB 2D simulées avec le signal de référence s_{ref} utilisé pour la simulation. G est le nombre de groupes. N_{mp} est le nombre de projections CB 2D placées différemment entre le tri avec s_{ref} et celui avec s_{res} . N_{mp} est donc nul quand le tri est parfait. $\overline{\sigma}_{s_{ref}}$ respectivement $\overline{\sigma}_{s_{res}}$, est la moyenne de l'écart type du signal respiratoire s_{ref} dans les différents groupes g , $g \in \{1, \dots, G\}$, en triant avec s_{ref} , respectivement s_{res} , normalisé entre 0 et 1 (unités arbitraires). Le quotient $\overline{\sigma}_{s_{ref}}/\overline{\sigma}_{s_{res}}$ est égal à 1 quand le tri avec le signal extrait est parfait, et diminue quand la qualité du tri avec le signal extrait diminue.

G	N_{mp}	$\overline{\sigma}_{s_{ref}}$	$\overline{\sigma}_{s_{res}}$	$\overline{\sigma}_{s_{ref}}/\overline{\sigma}_{s_{res}}$
1	0	0,249	0,249	1
2	19 (3%)	0,121	0,123	0,98
4	43 (6%)	0,093	0,097	0,96
8	103 (14%)	0,056	0,065	0,85
12	146 (20%)	0,038	0,048	0,79



extraites et définies à la position i ; en haut à droite, la figure correspond à la même projection P_i avec les points conservés après application des deux premiers critères de sélection; en bas à gauche, il s'agit des points conservés après application des trois critères de sélection. En bas à droite, le nuage de points

représente le coefficient de corrélation linéaire de chacun des signaux s'_T sélectionnés par les deux premiers critères en fonction de u_{max} . La très grande majorité des signaux corrélés au signal respiratoire de référence s_{ref} ont une fréquence entre 0,19 Hz et 0,27 Hz, d'où l'utilité du troisième critère de sélection. Le signal respiratoire extrait s_{res} a une corrélation de 97,5% avec le signal respiratoire de référence s_{ref} . Nous avons trié les projections CB 2D avec le signal de référence et le signal extrait en $G = 1, 2, 8$ et 12 groupes. Pour chaque valeur de G , nous avons calculé N_{mp} , $\overline{\sigma}_{s_{ref}}$, $\overline{\sigma}_{s_{res}}$, et leur quotient $\overline{\sigma}_{s_{ref}}/\overline{\sigma}_{s_{res}}$ (voir partie 3.1.3.). Les résultats sont regroupés dans le tableau 1.

4.2. Données réelles

Une évaluation quantitative du signal extrait sur des projections CB 2D réelles est difficile, car, contrairement à la simulation, nous n'avons pas de signal respiratoire de référence. Nous nous limitons ici à une comparaison visuelle de l'image TDM 3D reconstruite avec toutes les projections CB 2D et de l'image TDM 4D composée de 8 groupes de projections CB 2D (figure 9).

4.3. Discussion

La méthode proposée extrait automatiquement un signal respiratoire à partir des projections CB 2D. Ce signal est basé sur le suivi de blocs autour de points d'intérêt positionnés dans la

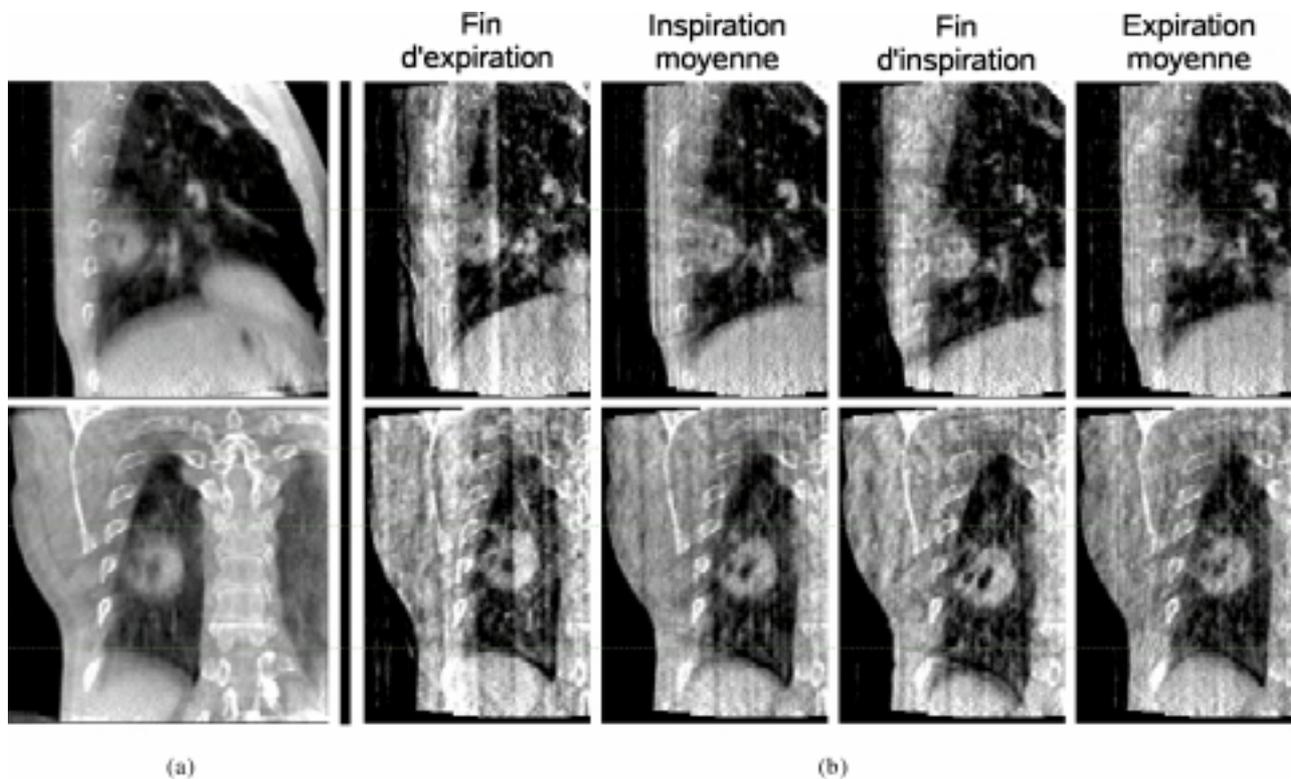


Figure 9. (a) Coupes sagittale et coronale de l'image TDM 3D reconstruites à partir de toutes les projections CB 2D et donc floue. (b) Coupes correspondantes de 4 des 8 segments respiratoires de l'image TDM 4D.

séquence des projections CB 2D. Un avantage de la méthode proposée réside dans l'absence d'hypothèse anatomique pour le positionnement des points d'intérêt. Ceux-ci sont en effet réparés par un sous-échantillonnage des pixels de l'ensemble des projections CB 2D (figure 8).

L'absence d'hypothèse anatomique introduit le positionnement de points d'intérêt à des localisations où le mouvement respiratoire n'intervient pas (extérieur du corps, bras...) ou peu (dos, colonne vertébrale...). Ces points introduisent donc du bruit par rapport à l'information recherchée. Trois critères de sélection nous permettent d'éliminer la majeure partie de ce bruit. On peut observer *a posteriori* les positions des points d'intérêt qui ont permis d'extraire les signaux sélectionnés. Elles se situent autour des organes corrélés à la respiration et visibles sur les projections CB 2D. Ce sont essentiellement les coupes diaphragmatiques et les parois pulmonaires (figure 8).

La méthode a été implémentée en C++ sous Linux. Le temps de calcul des trajectoires est dépendant de plusieurs paramètres : nombre de points d'intérêt, taille des blocs et du voisinage de recherche, et seuil s de la mesure de similarité. Par exemple, sur les données réelles présentées précédemment, pour des blocs de 24×24 pixels, un voisinage de recherche de 80×80 pixels et un seuil $s = 93\%$, la durée d'extraction de la trajectoire de 1000 points d'intérêt est d'environ 22 min avec un ordinateur muni d'un processeur cadencé à 3,2 GHz et de 2 Go de mémoire RAM. Ce temps pourrait être réduit en optimisant l'implémentation, en ajustant les paramètres et en sélectionnant les points d'intérêt *a priori*. Cette sélection pourrait se faire dans les zones de fort contraste qui correspondent en général aux parois des organes. Le temps de traitement des trajectoires extraites est de 0,5 s, ce qui est négligeable par rapport à leur extraction.

La simulation de projections CB 2D nous permet de valider quantitativement le signal extrait. Ce dernier est corrélé linéairement à 97,5 % au signal de référence. Les tris en G groupes avec le signal extrait et avec le signal de référence nous permettent d'évaluer le signal extrait par rapport à sa finalité, c'est-à-dire le tri des projections CB 2D en fonction du segment du cycle respiratoire au moment de l'acquisition (voir méthode type *gated* ou *respiration-correlated*, figure 3). Quand le nombre G de groupes augmente, le tri est plus difficile car l'écart Δs_{resp}^g entre les bornes de chaque groupe diminue (figure 7). La qualité du tri avec le signal extrait par rapport au tri avec le signal de référence diminue donc régulièrement quand G augmente : le nombre de projections CB 2D mal placées N_{mp} augmente et le rapport $\overline{\sigma}_{g_{ref}}/\overline{\sigma}_{g_{res}}$ diminue. Pour un tri en 8 groupes, comme dans [25], $N_{mp} = 103$ projections CB 2D (14%) sont mal placées par rapport au tri avec le signal de référence. Le gain apporté par le tri en 8 groupes est néanmoins important puisque $\overline{\sigma}_{g_{res}}$ diminue de 0,097 pour 4 groupes à 0,065 pour 8 groupes. Pour 12 groupes, $\overline{\sigma}_{g_{res}} = 0,048$: le gain est plus faible, surtout rapporté à la valeur du signal de référence ($\overline{\sigma}_{g_{ref}}/\overline{\sigma}_{g_{res}} = 0,79$). Il semble donc que $G = 8$ groupes soit un bon compromis.

L'utilisation de notre méthode sur données réelles nous permet d'observer visuellement l'apport d'une méthode de type *respiration-correlated* pour l'acquisition d'images TDM 4D (figure 9).

La reconstruction à partir de toutes les projections CB 2D aboutit à une image TDM 3D floue autour des organes en mouvement. Ce flou entraîne une difficulté à délimiter le volume tumoral. Si le volume délimité est inférieur au volume réel, les tissus à traiter seront sous-dosés, et s'il est supérieur, les tissus sains environnants seront sur-dosés. Dans les deux cas, le traitement délivré ne sera pas celui planifié. Par contre, l'image TDM 4D, constituée de 8 images TDM 3D, permet d'observer plus précisément la tumeur et la coupole diaphragmatique, ainsi que leur mouvement d'un segment à l'autre. La tumeur peut être délimitée plus exactement sur chacun des segments du cycle respiratoire. Cependant, des artefacts apparaissent du fait du faible nombre de projections CB 2D utilisées pour la reconstruction. L'utilisation d'une autre méthode de reconstruction, mieux adaptée au faible nombre de projections, permettrait peut-être de réduire ces artefacts.

5. Conclusion

Nous proposons dans cet article une méthode d'extraction du signal respiratoire à partir de projections CB 2D, sans appareil externe d'acquisition du signal respiratoire (spiromètre, thermomètre, etc...). Elle présente l'avantage de ne pas faire d'hypothèse anatomique, tant au niveau de la forme que de la localisation des organes. Ce signal nous permet de trier les projections CB 2D en différents groupes, chaque groupe correspondant à un segment du cycle respiratoire. La reconstruction d'une image TDM 3D dans chaque groupe nous permet d'obtenir l'image TDM 4D d'un patient. À partir de cette image TDM 4D peut être envisagée la suite du processus de la radiothérapie 4D : étude du mouvement du patient pendant le cycle respiratoire, puis détermination d'un plan de traitement tenant compte de ce mouvement [11]. Des artefacts apparaissent cependant au moment de la reconstruction de l'image TDM 4D. Ils pourraient peut-être être éliminés par l'utilisation de méthodes de reconstruction adaptée au faible nombre de projections CB 2D. L'étude du mouvement entre les images TDM 3D de l'image TDM 4D permettra également d'envisager l'utilisation d'une reconstruction dynamique [2].

Références

- [1] V. BOLDEA, D. SARRUT, S. CLIPPE, Lung deformation estimation with non-rigid registration for radiotherapy treatment. IN Lecture Notes in Computer Science Springer Verlag, editor, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, volume 2878, pages 770-7, 2003.
- [2] S. BONNET, A. KOENIG, S. ROUX, P. HUGONNARD, R. GUILLEMAUD, P. GRANGEAT, Dynamic X-Ray Computed Tomography, *Proceedings of the IEEE*, 91(10): 1574-1587, 2003.

- [3] E.M.F. DAMEN, J.W.H. WOLTHAUS, M. VAN HERK, J.-J. SONKE, P. REMEIJER, L. ZIJP, Image-Guided radiotherapy for lung cancer: Respiration correlated cone-beam CT to verify tumor position and motion characteristics during treatment delivery (abstract), *International Journal of Radiation Oncology Biology Physics*, 60(1): S198, 2004.
- [4] J.D. ESCOLAR, A. ESCOLAR, Lung hysteresis: a morphological view, *Histology and Histopathology*, 19(1): p. 159-166, 2004.
- [5] L.A. FELDKAMP, L.C. DAVIS, J.W. KRESS, Practical cone-beam algorithm, *Journal of Optical Society of America A*, 1(6): 612-619, 1984.
- [6] E.C. FORD, G.S. MAGERAS, E. YORKE, C.C. LING, Respiration-correlated spiral CT: A method of measuring respiratory-induced anatomic motion for radiation treatment planning, *Medical Physics*, 30(1): 88-97, 2003.
- [7] D.P. GIERGA, J. BREWER, G.C. SHARP, M. BETKE, C.G. WILLETT, G.T.Y. CHEN, The correlation between internal and external markers for abdominal tumors: implications for respiratory gating, *International Journal of Radiation Oncology Biology Physics*, 61(5): p.1551-1558, 2005.
- [8] P. GRANGEAT, *La Tomographie*, Hermes Science, 2002.
- [9] P. GRANGEAT, A. KOENIG, T. RODET, S. BONNET, Theoretical framework for a dynamic cone-beam reconstruction algorithm based on a dynamic particle model, *Physics in Medicine and Biology*, 47(15): 2611-2625, 2002.
- [10] A.C. KAK, M. SLANEY, *Principles of Computerized Tomographic Imaging*, IEEE Press, 1998.
- [11] P.J. KEALL, 4-Dimensional computed tomography imaging and treatment planning, *Radiation Oncology*, 14(1): 80-90, 2004.
- [12] P.J. KEALL, G. STARKSCHALL, H. SHUKLA, K.M. FORSTER, V. ORTIZ, C.W. STEVENS, S.S. VEDAM, R. GEORGE, T. GUERRERO, R. MOHAN, Acquiring 4D thoracic CT scans using a multislice helical method, *Physics in Medicine and Biology*, 49(10): 2053-2067, 2004.
- [13] N. KOCH, H. HELEN LIU, G. STARKSCHALL, M. JACOBSON, K. FORSTER, Z. LIAO, R. KOMAKI, C.W. STEVENS, Evaluation of internal lung motion for respiratory-gated radiotherapy using MRI: Part I-correlating internal lung motion with skin fiducial motion, *International Journal of Radiation Oncology Biology Physics*, 60(5): 1459, 2004.
- [14] T. KONDO, I. KOBAYASHI, Y. TAGUCHI, Y. OHTA, N. YANAGIMACHI, A dynamic analysis of chest wall motions with MRI in healthy young subjects, *Respirology*, 5(1): 16, 2000.
- [15] H.D. KUBO, B.C. HILL, Respiration gated radiotherapy treatment: a technical study. *Physics in Medicine and Biology*, 41(1): 83-91, 1996.
- [16] P.G. LACROUTE, *Fast volume rendering using a shear-warp factorization of the viewing transformation*, PhD thesis, Stanford University, 1995.
- [17] D.A. LOW, M. NYSTROM, E. KALININ, P.J. PARIKH, J.F. DEMPSEY, J.D. BRADLEY, S. MUTIC, S.H. WAHAB, T. ISLAM, G. CHRISTENSEN, D.G. POLITTE, B.R. WHITING, A method for the reconstruction of four-dimensional synchronized CT scans acquired during free breathing. *Medical Physics*, 30(6): 1254-1263, 2003.
- [18] W. LU, P.J. PARIKH, I.M. EL NAQA, M.M. NYSTROM, J.P. HUBENSCHMIDT, S.H. WAHAB, S. MUTIC, A.K. SINGH, G.E. CHRISTENSEN, J.D. BRADLEY, D.A. LOW, Quantitation of the reconstruction quality of a four-dimensional computed tomography process for lung cancer patients. *Medical Physics*, 32(4): 835-1228, 2005.
- [19] S. MORI, M. ENDO, T. TSUNOO, S. KANDATSU, S. TANADA, H. ARADATE, Y. SAITO, H. MIYAZAKI, K. SATOH, S. MATSUSHITA, M. KUSAKABE, Physical performance evaluation of a 256-Slice CT-Scanner for four-dimensional imaging, *Medical Physics*, 31(6): 1348-1356, 2004.
- [20] T. PAN, T.Y. LEE, E. RIETZEL, G.T.Y. CHEN, 4D-CT imaging of a volume influenced by respiratory motion on multi-slice CT, *Medical Physics*, 31(2): 333-341, 2004.
- [21] C.J. RITCHIE, J.D. GODWIN, C.R. CRAWFORD, W. STANFORD, H. ANNO, Y. KIM, Minimum scan speeds for suppression of motion artifacts in CT, *Radiology*, 185(1): 37-42, 1992.
- [22] D. SARRUT, V. BOLDEA, M. AYADI, J.-N. BADEL, C. GINESTET, S. CLIPPE, Non-rigid registration method to assess reproducibility of breath-holding with ABC in lung cancer, *International Journal of Radiation Oncology Biology Physics*, 61(2): 281-294, 2005.
- [23] D. SARRUT, V. BOLDEA, S. MIGUET, C. GINESTET, Simulation of 4D CT images from deformable registration between inhale and exhale breath-hold CT scans. *Medical Physics*, 33(3):605-617, 2006.
- [24] T. SIKORA, MPEG-1 and MPEG-2 digital video coding standards, *IEEE Signal Processing Management*, 14(5): 82-100, 1997.
- [25] J.-J. SONKE, L. ZIJP, P. REMEIJER, M. VAN HERK, Respiratory correlated cone beam CT. *Medical Physics*, 32(4): 1176-1186, 2005.
- [26] R.W.M. UNDERBERG, F.J. LAGERWAARD, J.P. CUIJPERS, B.J. SLOTMAN, J.T. VAN SÖRNSEN DE KOSTE, S. SENAN, Four-dimensional CT scans for treatment planning in stereotactic radiotherapy for stage I lung cancer, *International Journal of Radiation Oncology Biology Physics*, 60(4): 1283-1290, 2004.
- [27] S.S. VEDAM, P.J. KEALL, V.R. KINI, H. MOSTAFAVI, H.P. SHUKLA, R. MOHAN, Acquiring a four-dimensional computed tomography dataset using an external respiratory signal, *Physics in Medicine and Biology*, 48(1): 45-62, 2003.
- [28] J.W. WONG, M.B. SHARPE, D.A. JAFFRAY, V.R. KINI, J.M. ROBERTSON, J.S. STROMBERG, A.A. MARTINEZ, The use of active breathing control (ABC) to reduce margin for breathing motion, *International Journal of Radiation Oncology Biology Physics*, 44(4): 911-919, 1999.
- [29] T. ZHANG, H. KELLER, M.J. O'BRIEN, T.R. MACKIE, B. PALIWAL, Application of the spirometer in respiratory gated radiotherapy, *Medical Physics*, 30(12):3165-3171, 2003.
- [30] L. ZIJP, J.-J. SONKE, M. VAN HERK, Extraction of the respiratory signal from sequential thorax Cone-Beam X-ray images. In *International Conference on the Use of Computers in Radiation Therapy*, 2004.



Simon Rit

Simon Rit est doctorant en informatique à l'Université Lumière Lyon 2 depuis octobre 2004 sous la direction de David Sarrut et Serge Miguet. Ses travaux de thèse portent sur l'acquisition d'images 4D en géométrie *cone-beam* pour la prise en compte du mouvement respiratoire en radiothérapie. Ils se font au sein du département de radiothérapie du centre de lutte contre le cancer Léon Bérard, dans le cadre d'une convention CIFRE avec la société Elekta. Il est rattaché au Laboratoire d'InfoRmatique en Images et Systèmes d'information (LIRIS, UMR CNRS 5205).



David Sarrut

Né en 1974, David Sarrut est titulaire d'un doctorat en informatique obtenu à Lyon en 2000. Tout d'abord maître de conférences, il a ensuite été recruté en qualité de chercheur au département de radiothérapie du centre de lutte contre le cancer Léon Bérard à Lyon, d'abord en délégation, puis en détachement depuis septembre 2005. Il est rattaché au Centre de Recherche et d'Applications en Traitement de l'Image et du Signal (CREATIS, UMR CNRS 5515, Inserm U 630) depuis janvier 2006. Son principal domaine d'intérêt est la radiothérapie assistée par l'image.



Vlad Boldea

Vlad Boldea est titulaire d'un doctorat en Informatique de l'Université Lumière Lyon 2 (thèse soutenue en février 2006). Au coeur de ses travaux de thèse se situent les méthodes de recalage déformable d'images, l'objectif étant de prévoir, contrôler et étudier les mouvements pulmonaires dus à la respiration pour le traitement du cancer des poumons par radiothérapie. À présent, il effectue ses travaux de recherche au sein du Laboratoire d'InfoRmatique en Images et Systèmes d'information (LIRIS, UMR CNRS 5205) en partenariat avec le centre de lutte contre le cancer Léon Bérard. Ses principaux domaines d'intérêt sont l'estimation et l'analyse de mouvements et de déformations des organes à partir des images issues des différentes modalités d'acquisitions.



Chantal Ginestet

Chantal Ginestet, après l'obtention d'un DEA de Physique Atomique Option Physique Radiologique à l'Université Paul Sabatier de Toulouse, fut recrutée sur le premier poste de physicien médical créé à Lyon en 1974. Depuis 1994, est responsable de l'Unité de Physique du Centre Anticancéreux Léon Bérard et s'intéresse plus particulièrement à la Radiothérapie Conformationnelle et Guidée par l'image ainsi qu'aux problèmes de repositionnement et de prise en compte des mouvements physiologiques internes.



