

Amélioration d'algorithmes de déconvolution en tomographie d'émission

Pierre-Fourier Etoughe & Richard Simonnet

July 31, 2007

Remerciements

En préambule de ce rapport, je souhaite adresser mes remerciements à toutes les personnes qui ont rendu possible le bon déroulement de mon stage.

Et parmi ces personnes, je remercie le professeur J.J LEJEUNE, chef du service de Médecine Nucléaire, de m'avoir accueilli dans ce service.

Je tiens à remercier très sincèrement Monsieur Christian JEANGUILLAUME, maître de conférence, qui m'a donné l'opportunité de réaliser ce stage, et qui nous aura suivi tout au long du stage en donnant de précieux conseils. Je le remercie pour la confiance qu'il a placée en nous. J'adresse aussi un grand merci à toutes les personnes du service qui m'ont aidé dans la réalisation de ce stage et aussi pour leur accueil et leur disponibilité

Merci à mon collègue Richard Simonnet

Un grand merci également aux thésards du LISA (Laboratoire d'Ingénierie des Systèmes Automatisés): Xavier BATY, Vincent ROULLIER et aux autres stagiaires présents dans le labo dont Emmanuel Szpiega et Kevin Nguyen

Merci également aux anciens thésards et autres stagiaires qui nous auront laissé des documents précis et des programmes relativement compréhensibles.

Abstract

This work is a continuation of a project in which Pr Christian Jean-guillaume has worked some years before. We use linear programming based algorithms in view to perform the deconvolution of signal acquired by classical scintigraphy. Interesting results are obtained both with the simplex and interior point method.

Résumé

Ce stage a été réalisé dans le cadre d'un projet initié par le Pr Christian Jean-guillaume il y a quelques années. On a utilisé des algorithmes basés sur la programmation linéaire dans le but d'améliorer la déconvolution du signal en tomographie d'émission par collimation à trous larges. On obtient des résultats encourageants à la fois avec la méthode du simplex que celle du point intérieur.

Sommaire

I	Présentation du lieu du stage	3
1	Le Laboratoire d'Ingénierie des Systèmes Automatisés et le Centre Hospitalier Universitaire	4
1.1	Généralités	4
1.1.1	Le Laboratoire d'Ingénierie des Systèmes Automatisés	4
1.1.2	Le Centre Hospitalier Universitaire d'Angers	4
1.2	L'Unité de Traitement d'Images et le Service de Médecine Nucléaire	5
II	Le Projet CACAO	6
2	Introduction: L'image en Médecine Nucléaire	7
3	Principes d'Acquisition en Tomoscintigraphie	8
3.1	La scintigraphie	8
3.2	La tomoscintigraphie	9
3.3	La gamma caméra	9
3.3.1	Le collimateur	11
3.3.2	Caractéristiques et performance d'une gamma caméra	11
4	Le Projet	13
4.1	L'acquisition	13
4.1.1	Etude du système à deux dimensions	14
4.2	La reconstruction	16
4.3	La déconvolution multicanaux	17
4.4	La déconvolution minimale	18
III	Travail réalisé	20
5	États des lieux du projet	21
5.1	Introduction	21
5.2	Organigramme des étapes	21
5.3	États des lieux sur les exécutions des programmes	24
6	Problèmes abordés	25
6.1	Introduction	25
6.2	Spécificité du langage Fortran	25
6.3	Interfaçage C/Fortran [2]	25
6.4	Améliorations de l'algorithme de déconvolution	26
6.4.1	Calcul de la réponse	26
6.4.2	Comparaison entre les projections et les réponses calculées	27
6.4.3	La déconvolution par les méthodes du "simplexe" et du "point intérieur"	27
6.4.4	Programmation en C de la méthode 0/90 et résultats	28

7 Conclusion	31
7.0.5 Résumé du stage	31
7.0.6 Rapport Signal sur Bruit des images , évaluation de la qualité des images obtenues	31
7.0.7 Apports scientifiques et techniques	32
7.0.8 Apport personnels	32

Partie I

Cadre du stage:

Chapitre 1

Le Laboratoire d'Ingénierie des Systèmes Automatisés et le Centre Hospitalier Universitaire

1.1 Généralités

1.1.1 Le Laboratoire d'Ingénierie des Systèmes Automatisés

Le Laboratoire d'Ingénierie des Systèmes Automatisés (LISA) a été créé en 1990 pour étudier des systèmes automatisés complexes. Dès sa création, le LISA s'est orienté particulièrement vers l'étude des systèmes dynamiques à événements discrets.

En 1997, l'accueil de nouveaux collègues et l'évolution de la recherche du laboratoire ont conduit à étudier des systèmes dynamiques hybrides. En 1999, avec le rattachement de collègues travaillant dans le domaine du signal et de l'image, le LISA a accentué ses compétences. Ainsi, l'activité du laboratoire se diversifie depuis quelques années et tend aujourd'hui à se développer dans de nombreux domaines tels l'informatique, l'électromagnétisme et même la biologie ou la médecine.

Le Laboratoire d'Ingénierie des Systèmes Automatisés est composé de 7 professeurs dont Monsieur Jean-Luc FERRIER (responsable du LISA), de 14 maîtres de conférences notamment Monsieur JEANGUILLAUME, d'un ingénieur de recherche, de doctorants et de stagiaires DEA. L'activité scientifique de recherche du LISA est organisée autour des équipes Systèmes Dynamiques à Evènement Discrets et Hybrides (SDEDH) et Signal-Image (SI). Les champs d'applications potentiels initialement tournés vers les systèmes de production, s'ouvrent désormais vers les systèmes informatiques, les systèmes électromécaniques, le végétal et le médical.

Le Laboratoire d'Ingénierie des Systèmes Automatisés possède de nombreux partenariats. En effet, le laboratoire collabore dans le cadre d'un programme interdisciplinaire CNRS-INSERM et d'un contrat Etat-Région. Le LISA a établi un partenariat avec le Centre Hospitalier Régional Universitaire d'Angers (CHRU Angers), avec l'Institut National d'Horticulture (INH) et l'Institut National de Recherche Agronomique (INRA).

1.1.2 Le Centre Hospitalier Universitaire d'Angers

Vers 1170, Etienne de Marsaï, sénéchal d'Henri de Plantagenêt, fonde l'hôpital St-Jean pour le soulagement et la guérison des pauvres du Christ. En 1615, l'hôpital général est créé pour renfermer tous les mendiants et les vagabonds de la ville et recevoir les personnes âgées. Il est situé près de l'église de la Trinité dans la Doutre. Un nouvel hôpital est ouvert en 1745, en dehors des remparts de la ville. Au XIX^{ème} siècle, ces trois établissements de santé fusionnent pour créer un seul ensemble hospitalier. Au début des années 1900, l'hôpital d'Angers s'agrandit et s'équipe de plusieurs services spécialisés. En 1966, le Centre Hospitalier Régional devient Universitaire. Depuis, il ne cesse de s'agrandir et des travaux se poursuivent actuellement pour améliorer les services de consultation et d'hospitalisation.

Le Centre Hospitalier Régional Universitaire d'Angers est un centre de soin très important avec une grande capacité d'accueil. En effet, en 2004, le CHRU possédait 1450 lits et places répartis dans différents services. Au cours de l'année 2004, ont été effectuées 68400 hospitalisations et 266700 consultations. Plus de 58000 passages aux urgences lors de cette même année. Le CHRU est, en plus, un des grands employeurs du Maine et Loire, avec 303 millions d'euros de dépenses d'exploitation dont 68% au titre du personnel. Parmi ce personnel, on trouve plus de 4500 agents hospitaliers dont 78% sont affectés aux soins et 760 médecins. Le CHRU possède un plateau technique de haute performance :

- 19 salles de radiologie
- 2 IRM (Imagerie par Résonance Magnétique)
- 2 scanners
- 3 systèmes d'angiographies numérisées (dont un appareil de coronographie)
- 4 gamma caméras à scintillation (service de Médecine Nucléaire)
- 1 caméra à tomographie par émission de positron (TEP)
- 3 appareils de circulation extracorporelle (chirurgie cardiaque)
- 30 salles d'opérations réparties en 8 blocs
- 13 laboratoires
- 1 lithotriteur

Le CHRU d'Angers avec sa grande capacité d'accueil, ses salariés et son plateau technique est un des plus importants pôles médicaux de la région Ouest de la France.

1.2 L'Unité de Traitement d'Images et le Service de Médecine Nucléaire

Le service de Médecine Nucléaire du CHRU d'Angers est installé depuis novembre 1993 dans l'hôpital Larrey. Actuellement, sous la direction de Monsieur le Pr. Jean-Jacques LEJEUNE, ce service emploie une trentaine de personnes : médecins, pharmaciens, manipulateurs de radiologie, physiciens, techniciens de laboratoire, infirmières et secrétaires médicales. Ce service a fait l'acquisition d'une caméra TEP (tomographie à émission de positrons) couplée à un scanner en septembre 2003. Au même moment, le service de Médecine Nucléaire du Centre Paul Papin (centre de lutte contre le cancer) s'est regroupé avec celui du CHRU dans l'hôpital Larrey pour former une Fédération. Le service de Médecine Nucléaire se divise en deux pôles d'activités :

-L'activité in vivo effectue l'ensemble des explorations scintigraphiques et des échographies thyroïdiennes ainsi que des IRM cardio-vasculaires. Ce secteur dispose de 4 gamma caméras et d'un échographe.

-L'activité in vitro réalise des analyses et des dosages (par exemple, l'exploration hormonale thyroïdienne). Ses laboratoires sont situés temporairement au centre Paul Papin.

Une partie de l'équipe Signal et Image du LISA est spécialisée dans le traitement d'images médicales. Elle occupe des locaux situés au centre du plateau d'imagerie de l'hôpital Larrey du CHRU d'Angers. Sa situation privilégiée place l'unité de traitement d'images au carrefour des différentes modalités d'imagerie : scintigraphie, scanner, IRM, radiologie. L'unité de traitement d'images possède une salle informatique connectée aux principaux réseaux de l'Université et du CHRU d'Angers. Elle est constituée de 11 PC regroupés en réseaux.

Partie II

Le Projet CACAO:

Chapitre 2

Introduction: L'image en Médecine Nucléaire

L'imagerie médicale est un domaine actuellement en pleine expansion. Les rayonnements ionisants y jouent un rôle important aussi bien pour détecter et caractériser des anomalies morphologiques que pour étudier des phénomènes physiologiques in vivo. Les examens de médecine nucléaire sont demandés quand une pathologie fonctionnelle est suspectée. Ils sont toujours associés à une autre approche: clinique, radiologique ou biologique. Bien que ayant un rendement faible au niveau de l'image, l'imagerie nucléaire reste un bon moyen pour explorer les pathologies touchant aux domaines de la cardiologie, les pathologies ostéo-articulaire, la pneumologie la cancérologie, etc. L'amélioration des techniques d'imagerie en médecine nucléaire permettra par exemple de pouvoir détecter de manière précoce certaines pathologies qui ne sont pas accessibles à d'autres types d'imagerie et de pouvoir ainsi les traiter en conséquence. Dans ce qui suit on expliquera les principes d'Acquisition en Tomoscintigraphie, puis on introduira la méthode de reconstruction du projet CACAO.

Chapitre 3

Principes d'Acquisition en Tomoscintigraphie

3.1 La scintigraphie

La scintigraphie permet d'obtenir l'image d'un organe par injection au patient d'une solution radioactive ayant une affinité avec l'organe examiné. En général, le produit injecté, appelé traceur radioactif ou radio-isotope, marque une molécule spécifique par exemple Iode 123 pour l'exploration thyroïdienne ou encore les phosphonates marqués au Technétium 99m pour l'étude des os.

Après injection du radio-isotope, l'acquisition des images est réalisée à l'aide d'une gamma caméra. Celle-ci permet de visualiser, par l'intermédiaire des photons gamma issus des désintégrations du radio-isotope, la distribution de la radioactivité au sein de l'organe étudié. Cette technique apporte des informations sur le fonctionnement et le métabolisme de l'organe examiné. La scintigraphie apporte des renseignements différents de la radiologie, elle est donc une méthode complémentaire à l'imagerie morphologique.

La gamma caméra réalise l'acquisition d'images en mode planaire (mode scintigraphique) ou suivant des plans de coupes (mode tomoscintigraphique). Par déplacement longitudinal de la gamma caméra, nous pouvons obtenir des images d'examens de corps entiers. Nous pouvons aussi réaliser des vues dynamiques correspondant à un ensemble d'images en mode planaire (statique) dont le nombre et le temps sont précisés.

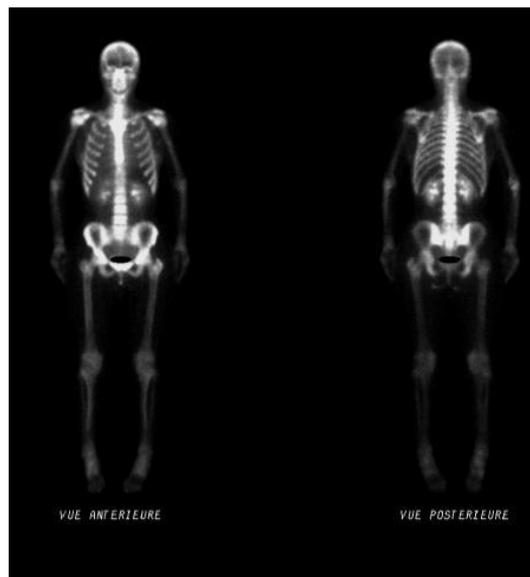


Figure 3.1: Scintigraphie Osseuse corps entier

3.2 La tomoscintigraphie

La tomographie est une technique qui effectue des coupes successives d'un organe examiné après injection d'un traceur radioactif. La tomoscintigraphie est une tomographie axiale transverse d'émission de simple photon (SPECT: Single Photon Emission Computed Tomography). Cette technique permet d'obtenir une représentation numérique en 3 dimensions d'une distribution radioactive. Le détecteur est animé d'un mouvement de rotation autour du patient. Voir figure 3.2 :



Figure 3.2: Appareil tomoscintigraphique

Nous réalisons l'acquisition d'images scintigraphiques sous différentes projections. Après un traitement mathématique de ces images, nous visualisons la distribution volumique du radio-isotope injecté au sein de l'organisme du patient.

3.3 La gamma caméra

Le premier appareil d'acquisition ayant permis de réaliser des images à partir des rayons gamma est le scintigraphe à balayage. Cet instrument utilisait un détecteur mobile, équipé d'un collimateur focalisé sur un petit volume de l'objet. L'analyse de l'ensemble de l'objet étant réalisée par un balayage de la surface à étudier (en x,y). Typiquement la surface analysée (collimatée) était de l'ordre de la résolution soit 1 ou 2 cm de diamètre

La gamma caméra d'Anger a considérablement augmenté la sensibilité des systèmes d'imagerie, grâce à une augmentation de la surface du détecteur ($400 \times 540mm^2$) et du nombre de ses détecteurs. En effet une gamma caméra réalise l'acquisition d'images scintigraphiques à partir de plusieurs têtes. Nous parlons souvent de gamma caméra à simple, double ou triple têtes. La figure 3.2 montre une Gamma caméra à double tête.

Le principe est basé sur l'utilisation d'un collimateur qui sélectionne les photons émis perpendiculairement au détecteur. En effet ceux-ci ne sélectionnent que les photons gamma qui frappent ce collimateur de façon perpendiculaire à sa surface. La collimation est essentielle pour déterminer l'origine des photons, puisqu'une focalisation optique est impossible pour des photons énergétiques. En ne conservant que les photons parallèles à l'axe, on réalise une projection de la source d'émission (l'organe ou les cellules d'intérêt) sur l'écran d'observation (la caméra). Ensuite, une sélection énergétique évalue l'énergie des photons gamma et ne retient que ceux ayant l'énergie caractéristique du radio-traceur. Ceci permet, entre autres, de rejeter les photons diffusés. Finalement la caméra détecte et comptabilise la position des photons acceptés à l'aide de :

- un cristal scintillateur
- un guide de lumière

- des photomultiplicateurs (PM)
- un circuit électronique d'interprétation
- un logiciel interne

Le rôle du cristal scintillateur étant de transformer les photons gamma en photons visibles. Puisque la quantité de radioactivité que l'on peut donner au patient est faible, et cela se comprend très bien d'un point de vue éthique et légal, que l'image est construite photon par photon, et que l'on doit en rejeter une très grande partie dans la collimation spatiale (environ 99.99 % soit pour 10000 photons émis on en récupère seulement un [14]), on doit utiliser des photomultiplicateurs. Le circuit électronique a un rôle d'interprétation, de localisation, de mise en forme et de tri du signal. La figure 3.3 illustre le principe d'une gamma caméra:

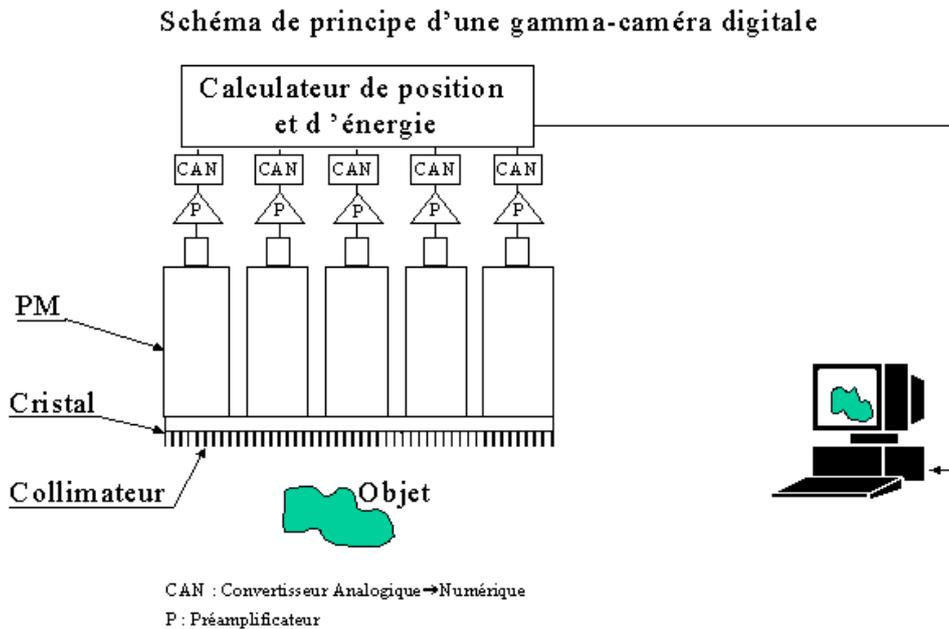


Figure 3.3: Principe d'une gamma caméra

3.3.1 Le collimateur

Les photons gamma issus d'une désintégration du traceur radioactif sont émis dans toutes les directions de l'espace. Aucune image précise ne peut être réalisée directement à partir de ces émissions. Le collimateur est utilisé pour sélectionner seulement les photons émis vers le collimateur. Cela permet d'obtenir une projection de la distribution de la radioactivité dans le plan du collimateur.

Le collimateur est une plaque de plomb dans laquelle sont percés des trous cylindriques ou coniques suivant une géométrie déterminée. La cloison séparant deux trous voisins est appelée septum (au pluriel septa). Ainsi, l'utilisation du collimateur permet aux photons émis par l'organe d'atteindre le détecteur, les autres sont arrêtés par les septa. Il existe différents types de collimateur qui sont définis suivant l'orientation des trous :

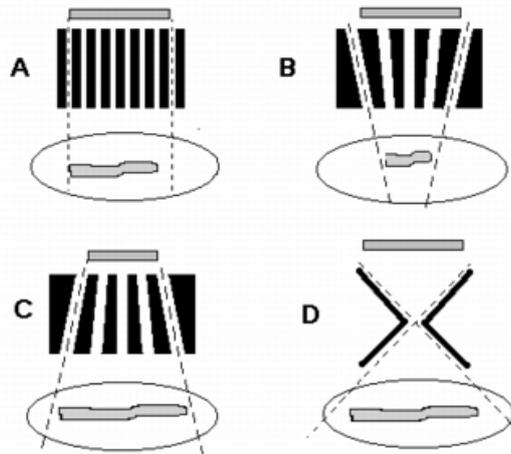


Figure 3.4: A:trous parallèles, B:trous convergents, C:trous divergents, D:trous sténopéïques

3.3.2 Caractéristiques et performance d'une gamma caméra

La résolution:

La résolution intrinsèque r_i est définie par la distance minimum séparant deux sources radioactives détectées par le cristal. Elle est de l'ordre de 3 mm. La résolution extrinsèque r_c correspond à la résolution géométrique de l'ensemble collimateur-détecteur c'est à dire l'écart minimum permettant de distinguer deux sources avec un collimateur. Elle est exprimée par la formule suivante:

$$r_c = \frac{D(P + L)}{P} \quad (3.1)$$

Avec D le diamètre des trous du collimateur, P la profondeur du collimateur et L la distance entre la source et le plan du collimateur.

La résolution totale du système vaut:

$$d = \sqrt{r_i^2 + r_c^2} \quad (3.2)$$

Ainsi avec $D = 2mm$, $L = 100mm$, $P = 50mm$ et $r_i = 3mm$ on trouve $d = 6,7mm$

La sensibilité:

La sensibilité est définie par le rapport entre le nombre de photons gamma incidents effectivement détectés par le système et le nombre de photons gamma émis par la source radioactive. La sensibilité géométrique du collimateur est donné par:

$$S_g = K^2 \times \frac{D^2}{P^2} \times \frac{D^2}{D + T^2} \quad (3.3)$$

Avec T l'épaisseur des cloisons (sur les collimateurs traditionnels 0.15mm) et K le facteur de forme, K=0.28 pour un rectangle et 0.26 pour des hexagones.

Si on diminue le rapport $\frac{D}{P}$ meilleure est la résolution et plus dégradé est la sensibilité, on doit alors faire un compromis entre la résolution et la sensibilité.

Chapitre 4

Le Projet

Le concept de gamma caméra à collimation assistée par ordinateur (CACAO) a été développé par le Dr. Christian Jeanguillaume dans le but d'améliorer la résolution et la sensibilité des gamma caméras actuelles, et ainsi obtenir un meilleur compromis résolution-sensibilité.

Le système CACAO est caractérisé par des trous avec une ouverture plus grande que la résolution intrinsèque. Son principe est d'éviter la perte d'information avec les collimateurs à trous fins. En effet, pour 10000 photons émis, 1 seul atteint le détecteur. On perd 99.99 % de l'information. Avec ce système, nous tentons de récupérer plus d'informations en collectant plus de photons.

4.1 L'acquisition

Le collimateur CACAO se compose de trous plus larges que les collimateurs classiques comme sur la figure 4.1:

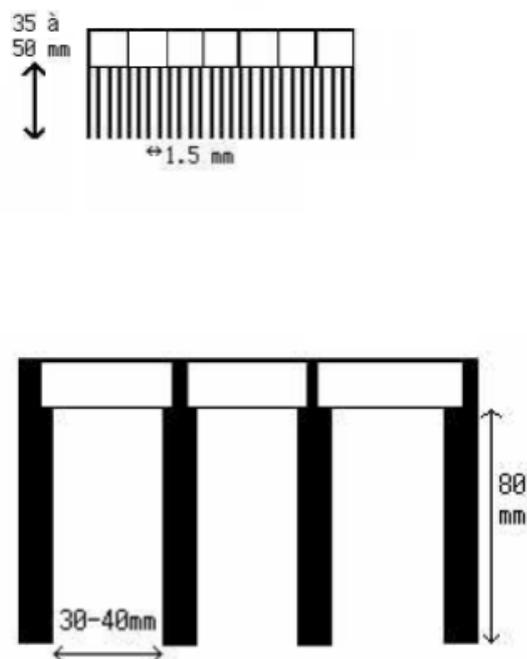


Figure 4.1: Collimateur classique et collimateur cacao

La largeur des trous est supérieure à la résolution intrinsèque. Cette caractéristique a plusieurs conséquences: la sensibilité est grandement améliorée et ce gain en sensibilité permet d'augmenter la longueur des trous, améliorant la résolution et atténuant la variation de la résolution avec la distance. Les trous étant moins nombreux, l'épaisseur des parois entre les trous influence moins la sensibilité. Ainsi, la collimation est améliorée.

Mais avec l'augmentation de la taille des trous, nous n'avons plus de projection vraie, directement interprétable par nos yeux. Nous devons réaliser des acquisitions tomographiques avec une séquence particulière. La séquence d'acquisition est composée d'un déplacement linéaire suivi d'une rotation puis d'un nouveau déplacement linéaire, et ainsi de suite jusqu'à une rotation complète, comme sur la figure 4.2:

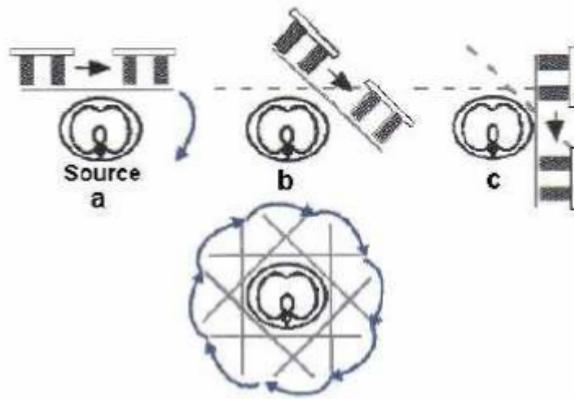


Figure 4.2: Protocole d'acquisition

4.1.1 Étude du système à deux dimensions

Notre étude du système est réduite à deux dimensions. Nous considérons une seule coupe 2D de l'objet, étudiée grâce à un détecteur réduit à une dimension qui se déplace dans le plan contenant la coupe. Le collimateur possède un trou de profondeur P et de longueur D fermé par un détecteur de même largeur. (Voir figure 4.3)

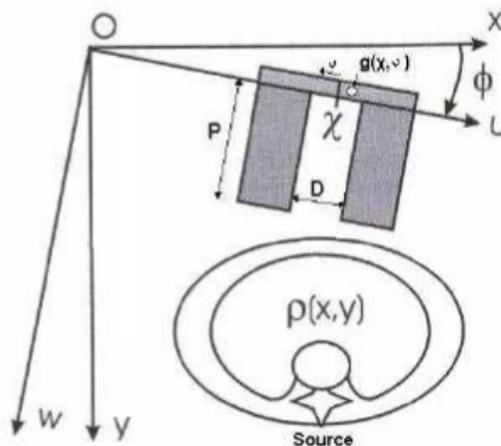


Figure 4.3: Paramètres géométriques

$\rho(x, y)$ est la densité plane de sources radioactives que nous souhaitons reconstruire.

Le système d'axe OXY représente le repère fixe dans le plan transaxial du patient, y est la profondeur de la source et x son abscisse.

Le système d'axe OUW est un repère mobile associé à l'ensemble collimateur-détecteur, l'axe U est choisi parallèle au plan du détecteur et l'axe W lui est perpendiculaire.

La position du détecteur au cours de son mouvement est repérée par la variable χ position du centre du détecteur sur l'axe U et par l'angle ϕ .

La position d'arrivée des photons sur le détecteur est repérée par la variable ν choisie parallèlement à l'axe U, mais mesurée par rapport au centre du détecteur.

Cette variable ν correspond donc à un repère en mouvement. $g(\chi, \nu, \phi)$ représente la densité des photons détectés à l'abscisse ν quand le détecteur est à la position χ .

Pour chaque translation effectuée, nous déduisons la forme des données réparties sur les différents capteurs en fonction de la profondeur de la source. Nous prenons le cas d'une source ponctuelle lorsque la source est proche du collimateur ($W1 = P$) et lorsque la source est éloignée ($W2 > P$). Nous observons théoriquement pour un angle donné les figures ci-dessous:

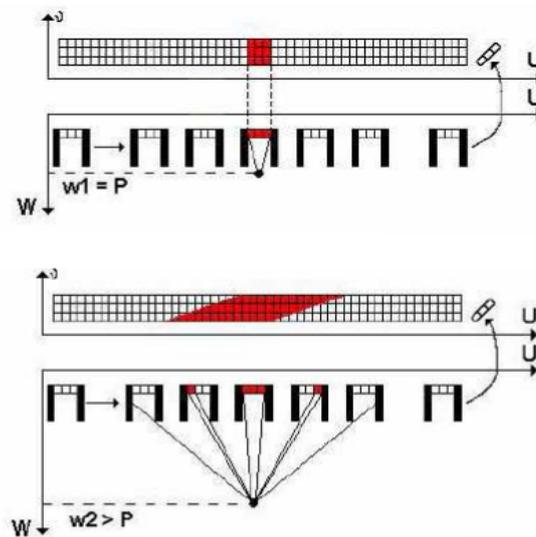
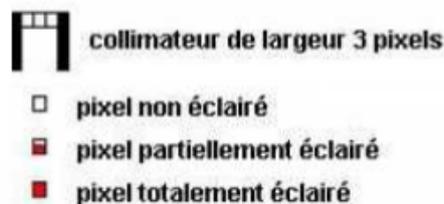


Figure 4.4: Source proche et source éloignée



Plus la source est proche du collimateur, plus le support de la réponse acquise est de forme rectangulaire dans le plan (u, ν) . Plus elle est éloignée, plus elle ressemble à un parallélogramme incliné.

4.2 La reconstruction

La reconstruction CACAO est d'abord présentée de manière générale afin d'avoir une vision d'ensemble de celle-ci.

Les réponses obtenues (ou projections) nécessitent dorénavant un traitement approprié afin de reconstruire l'image initiale. Le problème revient en fait à résoudre l'équation intégrale suivante :

$$g(\chi, \nu) = \int_p^\tau \int_{\chi_i}^{\chi_f} \rho(x, y) dx dy \quad (4.1)$$

où τ est l'éloignement maximal de la source pour lequel on ne reçoit plus de photons. χ_i et χ_f sont les limites du domaine vu par un pixel du détecteur avec :

$$\chi_i = \chi + \nu - \frac{w}{p} \times \left(\frac{d}{2} + \nu\right) \quad \text{et} \quad \chi_f = \chi + \nu + \frac{w}{p} \times \left(\frac{d}{2} - \nu\right) \quad (4.2)$$

Les méthodes itératives classiques de reconstruction appliquées aux acquisitions CACAO se sont révélées trop lentes. En effet, le système CACAO procure un volume de données plus important que celui de la tomographie classique. Cela est dû à l'ajout des translations et à la multiplication des types de trous. Les premiers essais utilisant un algorithme de résolution de moindres carrés demandaient une semaine de traitement pour reconstruire une simple coupe de dimension 64×64 pixels.

Des algorithmes de traitement plus rapides ont été développés. Celui utilisé actuellement se compose des étapes suivantes:

- Sommation-décalage
- Déconvolution
- Rotation-sommation

Sommation-décalage:

La sommation-décalage est une opération mathématique de type transformation intégrale qui permet de décrire le système sous forme d'un produit de convolution avec noyaux rectangulaires. Elle débute par une transformation du plan $P(u, w)$ qui consiste en un glissement des données selon une direction inclinée d'un angle $-\psi$.

Ce décalage introduit une variable supplémentaire w appelée "profondeur de reconstruction". La fonction de deux variables $g(\chi, \nu)$ est transformée en une fonction à trois dimensions $G(u, \nu_2, w)$ grâce au changement de variable suivant :

$$\| \nu \rightarrow \nu_2 = \nu \quad \text{et} \quad \| \chi \rightarrow u = \chi + \nu \times \left(\frac{w}{p} - 1\right) \quad (4.3)$$

Cette inclinaison des données transforme les parallélogrammes en rectangles quand la source est reconstruite à son emplacement initial. Dans un deuxième temps, il suffit d'intégrer la fonction décalée sur tout le détecteur. La fonction sommée décalée $S(u, w)$ est obtenue simplement par l'intégration suivante :

$$S(u, w) = \int_{\nu_{inf}}^{\nu_{sup}} G(u, \nu, w) d\nu \quad (4.4)$$

où les bornes représentent la partie éclairée du détecteur.

Cette transformation a pour but de retrouver une dépendance des réponses en fonction de w . Le résultat de cette sommation-décalage est une fonction à support rectangulaire lorsque la profondeur de la reconstruction correspond à l'emplacement de la source ponctuelle initiale.

Déconvolution-Filtrage:

Après l'étape de sommation-décalage, le système à résoudre représente en réalité un système d'équations de convolution que l'on peut discrétiser étant donné que l'on cherche à reconstruire des images pixelisées :

$$S_j(u) = \sum_i R_{ij}(u) \otimes \rho_i(u) \quad (4.5)$$

où i représente la position initiale de la source radioactive.
 j représente la profondeur reconstruite.

$\rho_i(u)$ est la densité réelle de sources radioactives dans la couche i .

$S_j(u)$ est la réponse complète sommée-décalée à la profondeur j .

$R_{ij}(u)$ est la réponse d'une source ponctuelle située à l'ordonnée i dans la couche j .

Les R_{ij} sont appelés noyaux de déconvolution, ils représentent les réponses non-diagonales dans le cas où i est différent de j et diagonales dans le cas $i = j$. Ce dernier cas correspond aux fonctions rectangles décrites à l'étape précédente. Dans le cas d'un traitement ligne par ligne, une source radioactive, a une contribution équivalente à un bruit dans toutes les profondeurs reconstruites qui ne correspondent pas à son emplacement initial. L'approximation diagonale dominante qui consiste à n'utiliser que les noyaux diagonaux est la suivante:

$$\left\{ \begin{array}{l} R_{jj} \gg R_{ij} \\ S_j(u) = \sum_{i \neq j} R_{ij}(u) \otimes \rho_i(u) + R_{jj}(u) \otimes \rho_j(u) \end{array} \right. \quad (4.6)$$

Ce système, de très grande taille à deux dimensions, est gigantesque à 3 dimensions.

Actuellement, les programmes CACAO, utilisent la transformée de Fourier selon un schéma de déconvolution multicanaux (méthode introduite par Carlos Berenstein [13]), mais l'élimination du bruit n'est pas encore tout à fait satisfaisante car la transformée de Fourier introduit une détérioration du conditionnement du système. On essaie donc de développer une nouvelle méthode de déconvolution basée sur le principe de la programmation linéaire.

Rotation-Sommation:

Après l'étape de déconvolution filtrage, les données se présentent sous forme de plusieurs plans correspondant chacun à l'objet initial, mais tournés suivant l'angle de l'acquisition. Nous réorientons ces différents plans et nous les additionnons. Nous obtenons ainsi une image reconstruite ressemblant à l'image initiale acquise. Au final, ces trois étapes de reconstruction seront par la suite décrites en parallèle avec les programmes qui les réalisent. Cette description fera l'objet de la partie ayant pour but de montrer les tests réalisés sur le processus CACAO dans son intégralité.

A l'heure actuelle, toutes les étapes de la reconstruction par le système CACAO peuvent être simulées grâce aux programmes déjà écrits. Il suffit de suivre un mode d'emploi assez précis. Les illustrations de chaque étape dans le cas d'une seule source ponctuelle sont données sur la deuxième partie de ce rapport.

Avant le début de ce travail, l'algorithme utilisé dans les programmes était la déconvolution multicanale, notre travail a donc consisté à remplacer cette dernière par la déconvolution minimale. Les parties qui suivent expliquent les deux méthodes et montre que la déconvolution minimale permet d'obtenir des images de meilleure qualité.

4.3 La déconvolution multicanaux

La déconvolution multicanale consiste à se servir de la transformée de Fourier et d'utiliser plusieurs noyaux (collimateurs de caractéristiques différentes) pour réaliser la déconvolution. On obtient alors le système:

$$\left\{ \begin{array}{l} y_A(t) = \int_{-\infty}^{+\infty} x(\tau) N_A(t - \tau) d\tau = x(t) \otimes N_A(t) \\ y_B(t) = \int_{-\infty}^{+\infty} x(\tau) N_B(t - \tau) d\tau = x(t) \otimes N_B(t) \end{array} \right. \quad (4.7)$$

Dans l'espace de Fourier cela revient à résoudre:

$$X(\nu) = \frac{Y_A(\nu)}{\tilde{N}_A(\nu)} + \frac{B_A(\nu)}{\tilde{N}_A(\nu)} \quad X(\nu) = \frac{Y_B(\nu)}{\tilde{N}_B(\nu)} + \frac{B_B(\nu)}{\tilde{N}_B(\nu)} \quad (4.8)$$

où B_A et B_B sont les bruits ajoutés au signal par les collimateurs A et B.

Pour éviter d'amplifier le bruit en le divisant par les valeurs faibles des noyaux, on peut donc soit prendre la solution correspondant au maximum des modules des deux noyaux, soit prendre l'algorithme suivant due à Berenstein et Kickpatrick [13]:

$$X(\nu) = \frac{Y_A(\nu)\tilde{N}_A^*(\nu) + Y_B(\nu)\tilde{N}_B^*(\nu)}{\tilde{N}_A(\nu)\tilde{N}_A^*(\nu) + \tilde{N}_B(\nu)\tilde{N}_B^*(\nu)} \quad (4.9)$$

4.4 La déconvolution minimale

L'algorithme de déconvolution minimale essaye de trouver une solution robuste à l'inversion de l'équation de convolution dans le problème CACAO :

$$y(t) = x(t) \otimes N(t) + s \quad (4.10)$$

Le but est de trouver $x(t)$ alors qu'on connaît $y(t)$ et $N(t)$ où s est un bruit additif, \otimes représente le produit de convolution et $N(t)$ est une fonction rectangle.

Le bruit dans la reconstruction CACAO a deux origines principales :

- Le bruit statistique qui provient de l'extérieur de la gamma caméra.
- Le bruit des sources situées à des profondeurs différentes de la profondeur de reconstruction considérée. Ce bruit est produit par les éléments non diagonaux.

Pour résoudre ce problème, on utilise des algorithmes de programmation linéaire qui apporte deux avantages: tout d'abord ils assurent $x \geq 0$ puis ils permettent de rajouter des contraintes assez facilement. Les méthodes de programmation linéaire choisies sont la méthode du simplexe[1](cf. Annexe A) et la méthode du point intérieur. Ces algorithmes d'optimisation linéaires seront expliqués en annexe.

La formulation typique d'un problème d'optimisation linéaire est:

Minimiser cx **sous les contraintes** $Ax \leq y$ **et** $x \geq 0$

Mais, on peut se ramener à une égalité en rajoutant des variables d'écarts. Le problème revient alors à écrire:

$$y_i = \sum_j N_{i,j}x_j + s_i \quad (4.11)$$

Sous forme matricielle on a alors $AX=Y$ avec : $A=[N,I]$ où N est la matrice de Toeplitz $n \times m$ associée à la réponse rectangulaire, I est la matrice identité $m \times m$ et $[,]$ représente la concaténation de deux matrices. X est le vecteur colonne de dimension $n + m$ $X=(x_1, \dots, x_n, s_1, \dots, s_m)$ que l'on cherche à calculer. Y est le vecteur colonne de dimension m $Y=(y_1, \dots, y_m)$ des données après sommation-décalage.

On choisit de minimiser les écarts s_i , tout en conservant s et x positifs. Le vecteur coût c est donc un vecteur $n + m$ dont les n premières composantes sont nulles et les m suivantes sont égales à 1. Ainsi, les composantes x_i peuvent varier librement, le vecteur déviation s est minimisé pour apporter la concordance avec les données. En effet, on a :

$$cX = \sum_{i=1}^{m+n} c_i s_i = \sum_{i=n+1}^{m+n} s_i \quad (4.12)$$

On peut cependant combiner les deux méthodes et se retrouver avec le système matriciel:

$$\begin{cases} \sum_j N_{i,j}^A x_j + u_i^A = y_i^A \\ \sum_j N_{i,j}^B x_j + u_i^B = y_i^B \end{cases} \quad (4.13)$$

Le nouveau système à résoudre est composé des matrices blocs suivantes :

$$\begin{bmatrix} N_A & I & 0 \\ N_B & 0 & I \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x \\ u_A \\ u_B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} y_A \\ y_B \end{bmatrix} \quad (4.14)$$

où : N_A (resp. N_B) est la matrice de Toeplitz associée au premier noyau (resp. au deuxième noyau).

y_A (resp. y_B) correspond aux données d'une première acquisition (resp. d'une deuxième acquisition).

u_A (resp. u_B) représente les variables d'écart par rapport à y_A (resp. y_B).

x correspond aux données que l'on cherche à reconstruire.

Dans la reconstruction CACAO, le choix des deux noyaux peut être fait parmi deux possibilités : soit on réalise une seule acquisition à un angle donné pour un collimateur avec deux types de trous A et B, soit on utilise un seul type de trou mais on déconvolue deux acquisitions faites à des angles différents.

Le premier cas est assez facile à mettre en place. En effet, les profondeurs réelles et reconstruites de l'objet restent les mêmes. Seules la largeur du noyau et les valeurs de la matrice de Toeplitz changent puisqu'elles dépendent des paramètres du collimateur. On s'attachera donc à faire varier les paramètres du collimateur pour optimiser ce type de déconvolution.

Par contre, la déconvolution à angles multiples est plus délicate à étudier. En effet, selon les angles que l'on choisit, la distance entre la source et le détecteur varie. La déconvolution à 0 et 180° avait déjà été réalisée par les stagiaires précédents. Pour ma part on s'intéressera à la déconvolution 0 et 90° dont la méthode est expliquée à la troisième partie de ce rapport.

Partie III

Travail réalisé :

Chapitre 5

États des lieux du projet

5.1 Introduction

Avant la prise en main du sujet il était impératif, pour une meilleure compréhension du projet, d'établir un organigramme de l'ensemble des étapes et de faire un compte rendu global des programmes et des résultats de ces programmes. Le projet cacao constitue un ensemble important de programmes réalisés par les stagiaires précédents. Certains d'entre eux comportait des erreurs à l'exécution ou à la compilation qu'il nous a fallu déboguer avant d'entrer dans le coeur même du sujet. Il nous fallait dans un premier temps sélectionner les programmes qui marchait et puis organiser le travail en fonction des résultats obtenus.

5.2 Organigramme des étapes

On rappelle que par rapport à une tomographie scintigraphique classique, le projet CACAO a pour but d'y ajouter:

- un déplacement linéaire pour pouvoir distinguer deux sources voisines
- un élargissement des trous des collimateurs pour accroître la sensibilité
- et un algorithme de déconvolution robuste (basé sur la programmation linéaire) pour la reconstruction de l'image.

Le projet a pour but d'étudier par simulation numérique l'ajout de ces nouveaux éléments, et de pouvoir apprécier la qualité des images obtenues. Pour avoir une vue globale du projet, il sera nécessaire de réaliser un organigramme qui décrit brièvement l'ensemble des étapes du projet. A cet organigramme descriptif des étapes on y ajoutera un organigramme qui décrira la fonction de chaque programme utilisé dans le projet.

La figure 5.1 représente l'organigramme des étapes de simulation du projet CACAO. On peut y lire que les projections des sources sur les collimateurs sont calculées en fonction des paramètres d'acquisitions et de l'image source. Puis viennent les étapes de sommation décalage, de déconvolution et de rotation-sommation.

-Création de l'objet initial:

Cette étape est réalisé par un programme fortran (*mirf* (Cf. Annexe B)) qui crée une matrice représentant l'image source et crée l'image correspondante, il prendra comme paramètres d'entrée le nombre de sources lumineuses, et les coordonnées de chaque source.

-Définition des paramètres d'acquisitions:

Il s'agit ici de définir le nombre de collimateurs, leurs dimensions, les pas d'incrémentangulaire de l'acquisition et d'autres paramètres tels le rayon de giration. Etape codée dans le fichier fortran *init_col_acq.f* (Cf. Annexe B).

-Projection des sources sur le détecteur:

Cette partie simule le résultat de la projection d'une source réelle sur les détecteurs. En gardant les mêmes notations que précédemment, elle calcule la projection g donnée par l'équation

$$g(\chi, \nu) = \int_p^\tau \int_{\chi_i}^{\chi_f} \rho(x, y) dx dy \quad (5.1)$$

1

¹On précise que l'équation 5.1 est une approximation de celle développée dans [4]

où p et τ sont respectivement les ordonnées de la face d'entrée du collimateur et de l'éloignement maximal de la source pour lequel on ne reçoit plus de photons, χ_i et χ_f les limites du domaine du détecteur vues par un pixel et $\rho(x, y)$ la densité plane de sources radioactives. Le code source correspondant est contenu dans fichier fortran *projpair.f* (Cf. Annexe B).

-Sommmation-décalage des projections:

Les projections précédemment calculées sont inclinées d'un angle (parallélogramme) qui dépend de la profondeur de la source. Un décalage est alors introduit pour transformer les parallélogrammes en rectangles, dans le but de déconvoluer les données avec des noyaux rectangulaires. Le code source est contenu dans le fichier fortran *somdec.f* (Cf. Annexe B)

-Déconvolution:

Elle constitue l'étape cruciale de la reconstruction de l'image. La déconvolution même sera calculée sous forme matricielles par les routines "simplex.c" et "point interieur.c" qui sont des algorithmes d'optimisation linéaire.

-Rotation et sommation:

Pour obtenir l'image déconvoluée, les résultats des déconvolutions pour chaque angle seront recalculer par rapport à l'angle de départ, donc subiront chacune une rotation, puis on effectue la somme de chacune de ces images.

Organigramme fonctionnel du projet CACAO

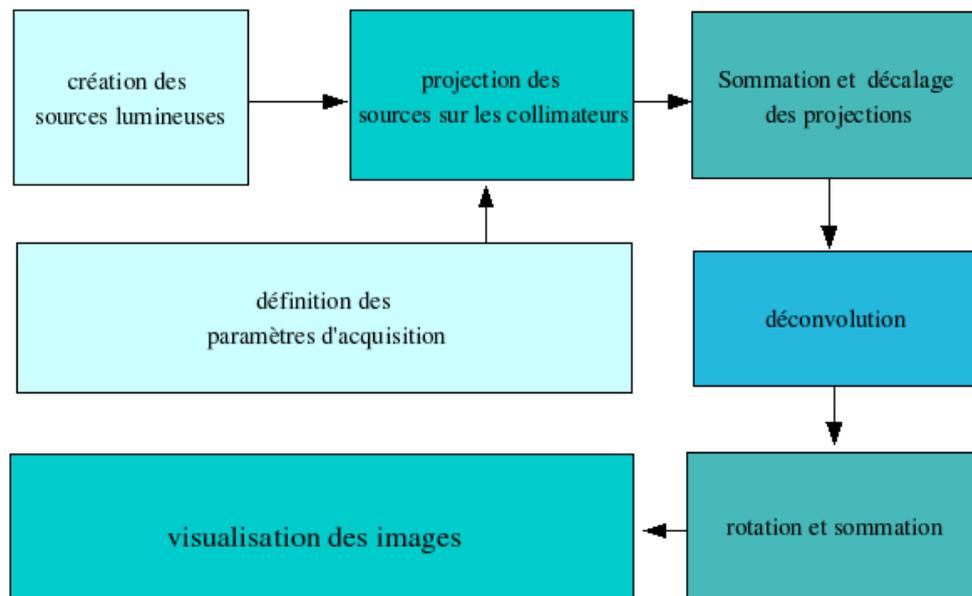


Figure 5.1: Organigramme des étapes de reconstruction

Pour une meilleure vue de l'ensemble de programmes, on a sur la figure 5.2 une illustration par images reconstruites des résultats des exécutions.

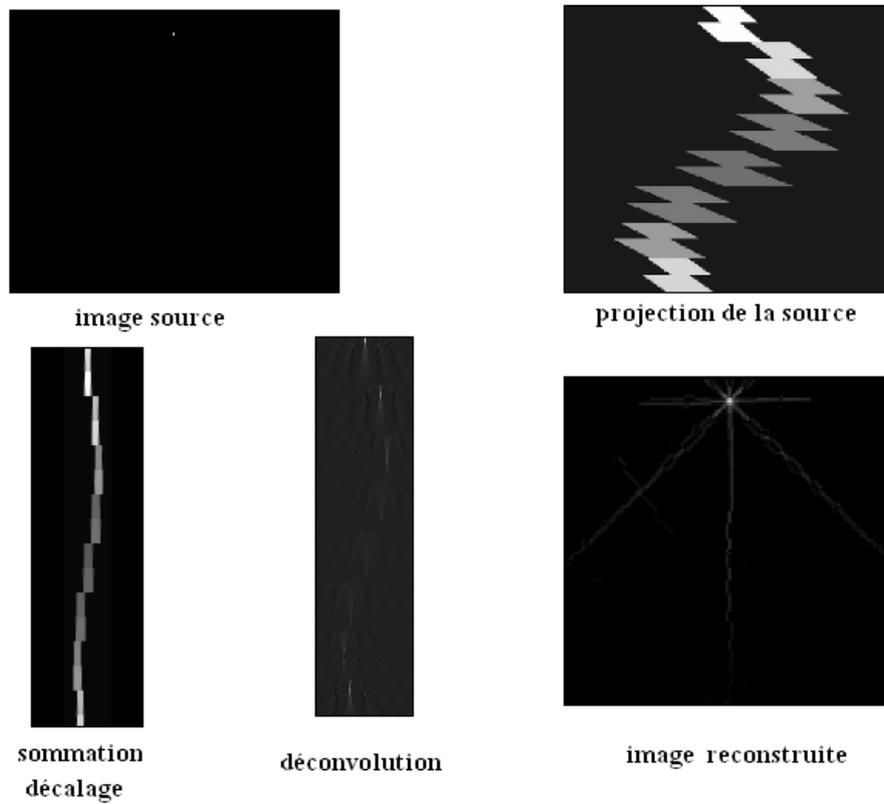


Figure 5.2: illustrations des étapes de reconstruction

5.3 États des lieux sur les exécutions des programmes

Le précédent stagiaire avait laissé trois versions des programmes de reconstruction CACAO. Les images du tableau 5.1 ont été obtenues avec ces programmes utilisant la déconvolution minimale avec un ou plusieurs noyaux et avec un ou plusieurs points. Les programmes utilisant la méthode $0/90^\circ$ n'avaient pas été mis au point.

Avant d'aborder la reconstruction $0/90^\circ$ qui était l'un des principaux buts du stage, il nous fallait améliorer la reconstruction simple avec un ou plusieurs noyaux.

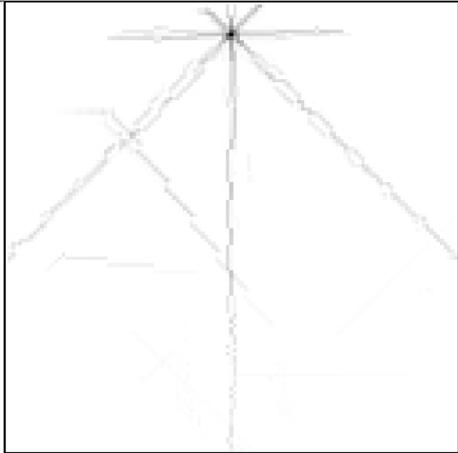
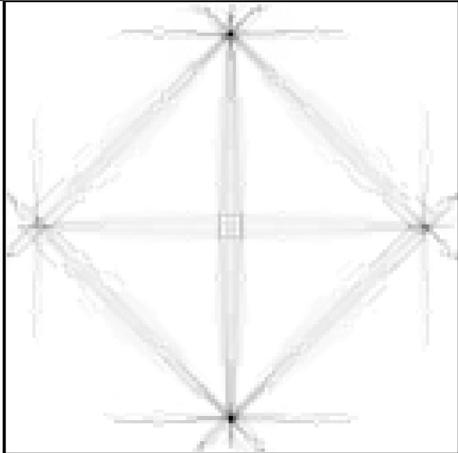
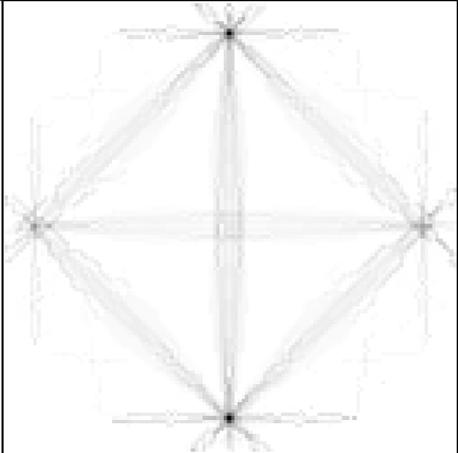
	1 Noyau		2 Noyaux	
	reconstruction simple	$0/90^\circ$	reconstruction simple	$0/90^\circ$
1 points				
4 points				

Table 5.1: Résultats des exécutions des programmes avant le stage

Chapitre 6

Problèmes abordés

6.1 Introduction

De manière générale nous avons passé plus de temps à résoudre des problèmes de débogage qu'à développer la méthode de déconvolution proprement dite. Ces problèmes étaient de plusieurs ordres. Seront mentionnés dans ce rapport, les problèmes dûs à la spécificité du langage Fortran, les problèmes d'interfaçage entre le C et le Fortran90. A ces problèmes informatiques s'ajoutent ceux liés à l'implémentation de la méthode de déconvolution, notamment le calcul de la réponse à une impulsion, la détermination de la profondeur de reconstruction, la création de la matrice de Toeplitz, l'utilisation de la routine simplex et l'implémentation de la méthode à $0/90^\circ$

6.2 Spécificité du langage Fortran

Le langage FORTRAN est très peu connu par les étudiants, pourtant il est quand même le langage le plus utilisé avec le C/C++ dans la communauté scientifique. Les raisons de l'utilisation du Fortran sont nombreuses. Langage structuré, de syntaxe simple et facile à apprendre, une disponibilité de plusieurs millions de lignes de programmes et bibliothèques de routines et un langage utilisé par une large communauté scientifique.

Depuis sa conception en 1954 par John Backus(IBM Lab) il a connu plusieurs évolutions, notamment en 1966 avec FORTRAN IV, en 1978 avec FORTRAN 77 largement utilisé aujourd'hui, en 1992 avec FORTRAN 90, puis en 1997 avec la dernière norme en date le FORTRAN 95

Historiquement, le code FORTRAN était saisi sur des cartes perforées. Ce qui induisait certaines contraintes qui ont survécues jusqu'en FORTRAN 77. Signalons les principales:

- une ligne de commentaire doit comporter un C ou un ! en colonne 1
- les instructions doivent commencer en colonne 7 et leur longueur ne doit pas dépasser la colonne 72
- les étiquettes doivent être écrites dans les colonnes 2 à 5
- pour couper une instruction en plusieurs lignes, on positionne un caractère tiret (-) dans la colonne 6 de chacune des lignes suivant la première ligne.

Les programmes écrits en Fortran dans le projet CACAO sont en FORTRAN 90. On notera l'adequation de ce langage aux calculs scientifiques

6.3 Interfaçage C/Fortran [2]

Le projet CACAO utilise plusieurs programmes écrits en FORTRAN 90 et quelques programmes écrits en langage C notamment une routine qui exécute la déconvolution par programmation linéaire. Se pose alors le problème d'interfacer correctement les programmes lorsqu'un programme Fortran doit appeler une sous-routine C et inversement . Dans notre cas la routine de déconvolution se sert, comme le montre l'organigramme de la figure 5.2, du résultat de l'étape Somme-décalage qui elle est entièrement écrite en FORTRAN 90.

Le résultat de l'étape de Somme-décalage est écrit sous forme de matrice en fortran. Initialement, le programme fortran écrivait cette matrice dans un fichier . Ensuite la routine de déconvolution récupérait cette matrice en lisant le fichier C et renvoyait les données déconvoluées à travers le même fichier qui était ensuite récupérées

par le programme fortran. Cette méthode induisait plusieurs autres erreurs difficiles à déceler en plus du manque d'optimisation en temps d'exécution.

Pour résoudre ces problèmes nous avons choisis de passer la matrice par paramètres et de respecter les normes d'interfaçage entre le C et Fortran que nous allons détailler dans la suite.

Une bonne interface C/Fortran doit tenir compte des aspects suivants:

- La définition et l'appel des fonction/sous-routines
- La compatibilité des types de données
- Le passage des arguments par référence ou par valeur
- L'ordre des arguments
- Les noms des procédures.

Vous trouverez dans l'annexe C des informations supplémentaires quant à l'interfaçage C/Fortran.

6.4 Améliorations de l'algorithme de déconvolution

Les différents problèmes qui ont été observés concernent en grande partie l'écriture de la méthode de déconvolution et non une remise en cause de celle-ci.

Parmi les erreurs de programmation observées on comptait de simples erreurs comme celles dûes au fait que certaines matrices n'étaient pas correctement initialisées, ce qui rendait aléatoire le résultat des calculs de déconvolution. On peut aussi mentionner la présence d'indices négatifs de tableaux. Ces erreurs de programmation ont été corrigées en réinitialisant toutes les variables avant de les utiliser.

D'autres améliorations ont été apportées, on présentera dans ce qui suit, les plus importantes:

6.4.1 Calcul de la réponse

La déconvolution est réalisée pour chacune des lignes qui constituera l'image. Elle se fait entre le résultat des projections sommées-décalées de la source à cette ligne et la réponse simulée. Il s'agit de la réponse impulsionnelle lors du passage à travers le collimateur. Les bornes d'intégrations sont les bornes de la partie éclairée par le collimateur. Or en théorie l'origine sur le collimateur était située au centre du collimateur, ce qui se traduit par une intégration entre une abscisse positive et une abscisse négative. La réalisation de ce calcul en langage C par les précédents stagiaires se traduisait par la création d'un tableau dont les indices parcouraient les bornes d'intégration. On se retrouvait donc avec des indices négatifs, ce qui est problématique en C car un indice négatif peut au pire des cas correspondre à une adresse qui n'a pas été allouée par le programme. Nous avons donc introduit un décalage permettant d'éviter le problème et le résultat fut une amélioration de l'image que l'on peut voir sur les figures 6.3 et 6.4:

La figure 6.3 présente sur la partie gauche de l'image une raie oblique qui n'apparaît pas dans l'image après modification du calcul de la réponse

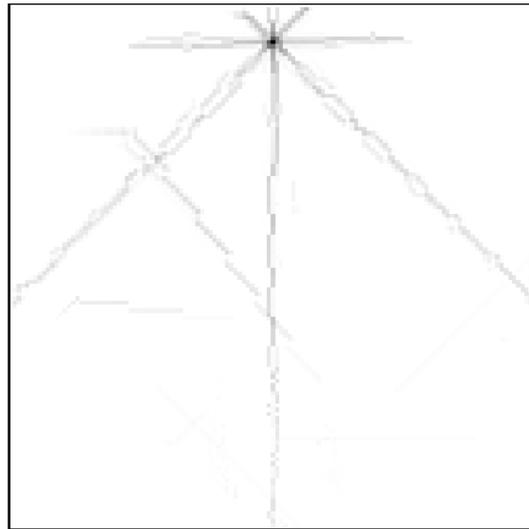


Figure 6.1: Image déconvoluée avant modification du calcul de la réponse

6.4.2 Comparaison entre les projections et les réponses calculées

Les projections sommées décalées et les réponses doivent avoir la même forme à la ligne où se trouve la source. Cette condition n'était pas tout à fait satisfaite dû au fait que les projections sommées décalées et les réponses n'étaient pas calculées de la même façon. On a obtenu des formes similaires après correction par un filtre de convolution. La figure 6.5 représente en violet la projection et en bleu la réponse pour une source ponctuelle située à la ligne 64 après correction par le filtre.

6.4.3 La déconvolution par les méthodes du "simplexe" et du "point intérieur"

Toutes les images précédentes ont été obtenues par la déconvolution utilisant la routine "simplex". Mon collègue Richard Simonnet était chargé d'intégrer à nos algorithmes de reconstruction la méthode du point intérieur pour la déconvolution. Les résultats de déconvolution par la méthode du point intérieur sont nettement plus intéressants que celles obtenues par "simplex", comme on peut le voir sur les figures suivantes

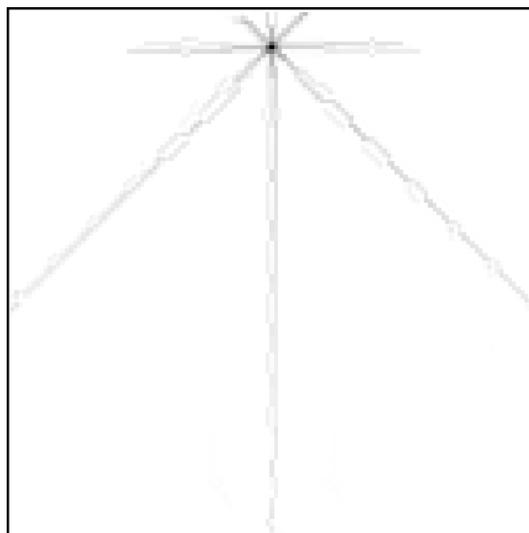


Figure 6.2: Image déconvoluée après modification du calcul de la réponse

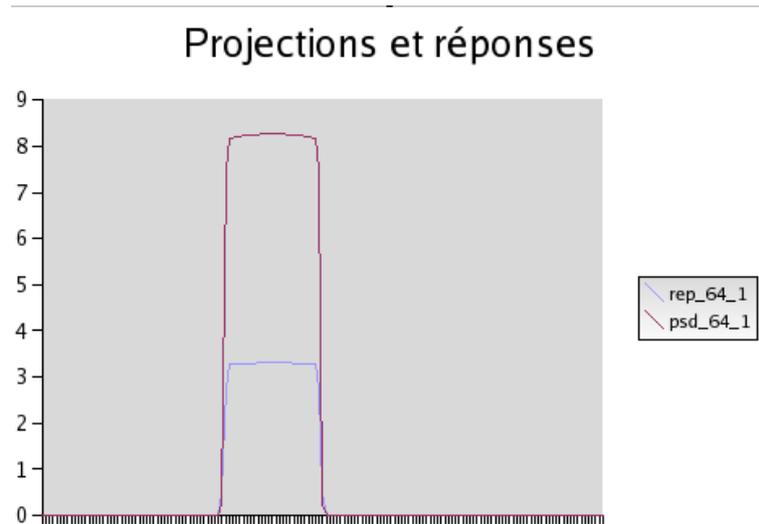


Figure 6.3: Image déconvoluée après modification du calcul de la réponse

6.4.4 Programmation en C de la méthode 0/90 et résultats

Avec les acquisitions à 90° le problème est différent. En effet, la distance de la source (ou de la ligne reconstruite) au détecteur, mesurée par w dans la direction à 90° est mesurée dans l'acquisition à 0° par χ dont l'origine est le centre de balayage du détecteur. Ainsi si la source est placée à l'abscisse χ_0 dans l'acquisition à 0° pour une rotation d'angle 90° (resp. -90°) dans le sens trigonométrique la profondeur de la source devient $w_{90} = Rg + p + \chi_0$ (resp. $w_{-90} = Rg + p - \chi_0$). Il existe donc de multiples possibilités pour le choix de la ligne reconstruite, on peut en effet choisir n'importe quelle ligne comprise entre w_{depart} et w_{fin} , ou une somme de toutes les reconstructions possibles. En choisissant par exemple la ligne de reconstruction centrale, on a $w_{90} = Rg + p$. Le problème revient alors à résoudre l'équation matricielle:

$$\begin{bmatrix} N_A^{w,w} & I & 0 \\ Q_A & 0 & I \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x \\ u_A^0 \\ u_A^{90} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} y_A^{\phi,\omega} \\ y_A^{\phi+90,Rg+p} \end{bmatrix} \quad (6.1)$$

En appelant $Z_A^{w_0,w}$ le vecteur colonne correspondant à la réponse sommée décalée d'une source placée en w_0

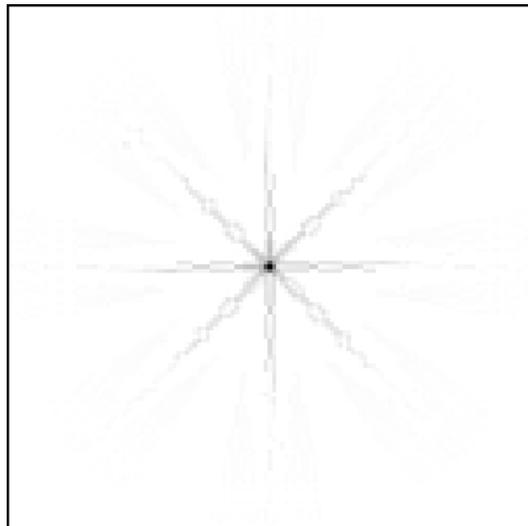


Figure 6.4: Source lumineuse centrée reconstruite par la méthode simple

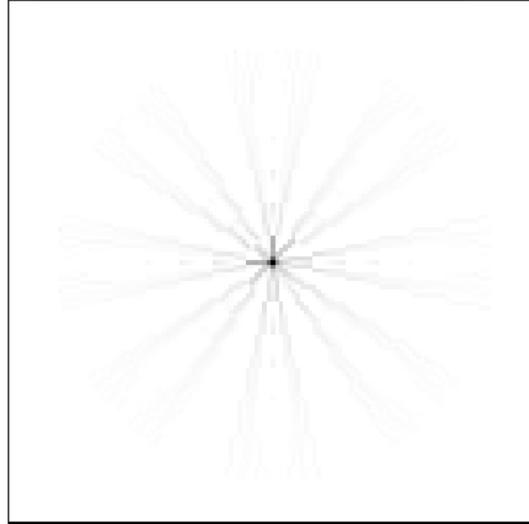


Figure 6.5: Source lumineuse centrée reconstruite par la méthode du point intérieur

dans la ligne reconstruite w , la matrice Q_A a la forme suivante où R_c représente le rayon cache:

$$\left[Z_A^{R_g+p-R_c,w} \quad Z_A^{R_g+p-R_c+1,w} \quad Z_A^{R_g+p-R_c+2,w} \quad \dots \quad Z_A^{R_g+p-R_c+R_c,w} \right] \quad (6.2)$$

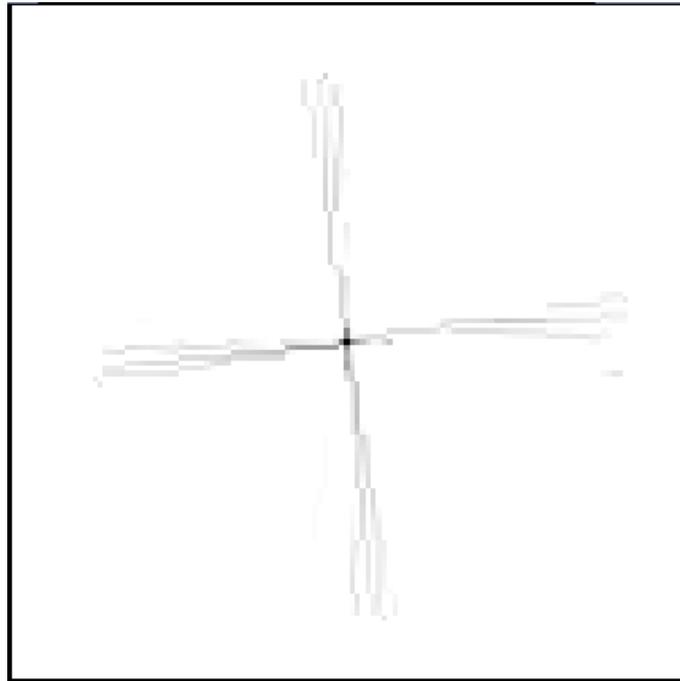


Figure 6.6: Déconvolution par reconstruction 0/90°

La figure 6.8 a été obtenue en utilisant la reconstruction à 0/90° et la méthode du point intérieur pour la déconvolution. Seules 4 angles ont été utilisés pour reconstruire l'image. La figure 6.9 est obtenue en utilisant la reconstruction simple et la méthode du point intérieur pour la déconvolution. Contrairement à nos attentes, la méthode de reconstruction à 0/90° donne une image moins bien déconvoluée que la reconstruction simple. Des efforts restent donc à fournir de ce côté, notamment dans la vérification de toutes les étapes de reconstruction pour la déconvolution 0/90°

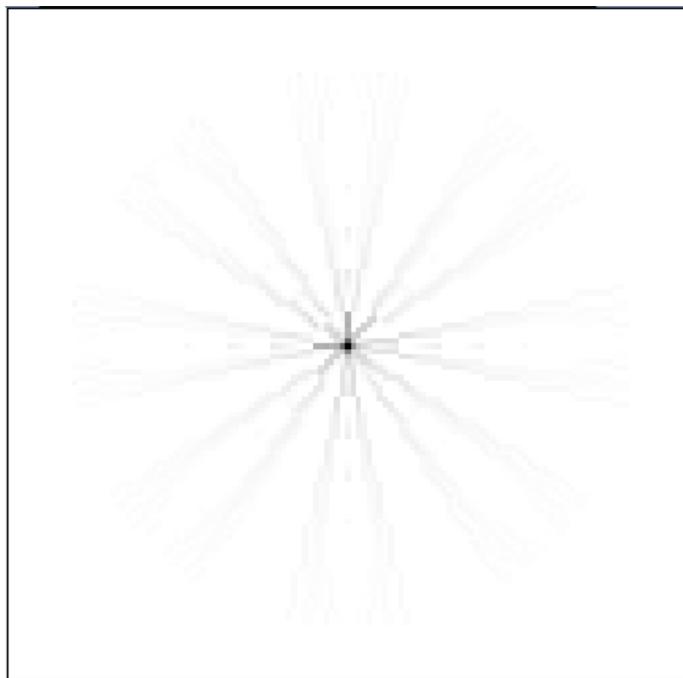


Figure 6.7: Déconvolution par reconstruction simple

Chapitre 7

Conclusion

7.0.5 Résumé du stage

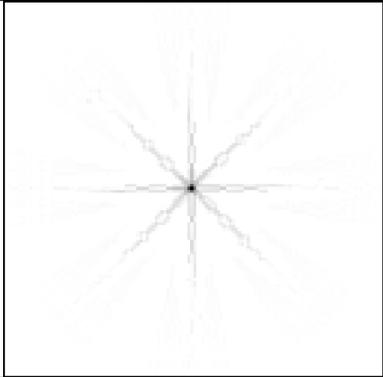
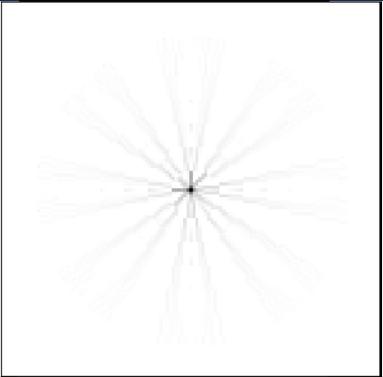
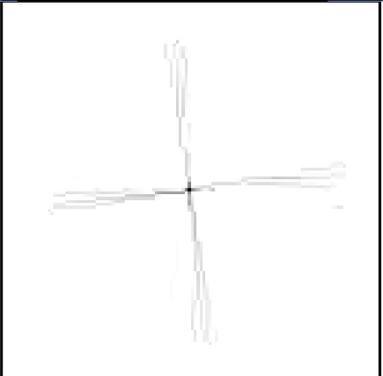
	Méthode simplex	Méthode du point intérieur
déconvolution minimale		
déconvolution 0/90°		

Table 7.1: Résumé des améliorations apportées

7.0.6 Rapport Signal sur Bruit des images , évaluation de la qualité des images obtenues

Calcul du RSB:avec I représentant l'image recherché, et R l'image reconstruite $\mu(X)$ la moyenne des intensités des pixels de l'image X , $N \times N$ la taille de l'image et $\alpha = \frac{\mu(I)}{\mu(R)}$ un coefficient multiplicatif,on a l'équation:

$$RSB = \frac{\sum_{i,j}^{N,N} |I(i) - \mu(I)|^2}{\sum_{i,j}^{N,N} |R(i) \times \alpha - I(i)|^2} \quad (7.1)$$

Ce tableau résume les corrections qui ont été apporté aux algorithmes de déconvolution utilisés dans le projet CACAO. On en retient donc que les meilleurs résultats sont obtenus en reconstruction simple et avec la méthode

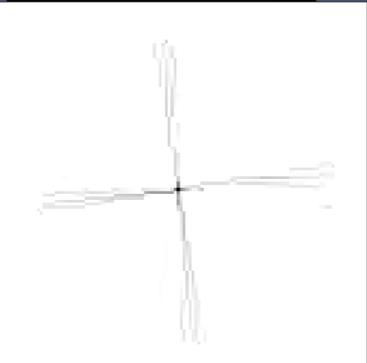
description	Images et Rapport signal à bruit	
Simplex, 1 noyau, déconvolution minimale avant stage		$RSB = 0.074dB$
déconvolution 0/90°		

Table 7.2: Résumé des améliorations apportées

du point intérieur. Cependant, les simulations sur le logiciel mathématique étant parfaites pour la reconstruction 0/90°, on considère alors que quelques améliorations restent à faire.

7.0.7 Apports scientifiques et techniques

Ce stage m'a permis de découvrir des outils de programmation et des outils de mathématiques qui m'étaient jusque là obscurs, tel la déconvolution et la programmation linéaire. J'ai aussi pu remettre à niveau mes notions de programmation en langage C, j'ai pu découvrir le langage Fortran et ses particularités. Ce stage relie deux domaines scientifiques d'apparences très lointains, mais en réalité très proches que sont les mathématiques et la médecine nucléaire. J'ai pu ainsi connaître les systèmes d'acquisition en imagerie scintigraphique et comprendre l'importance de traitements mathématiques.

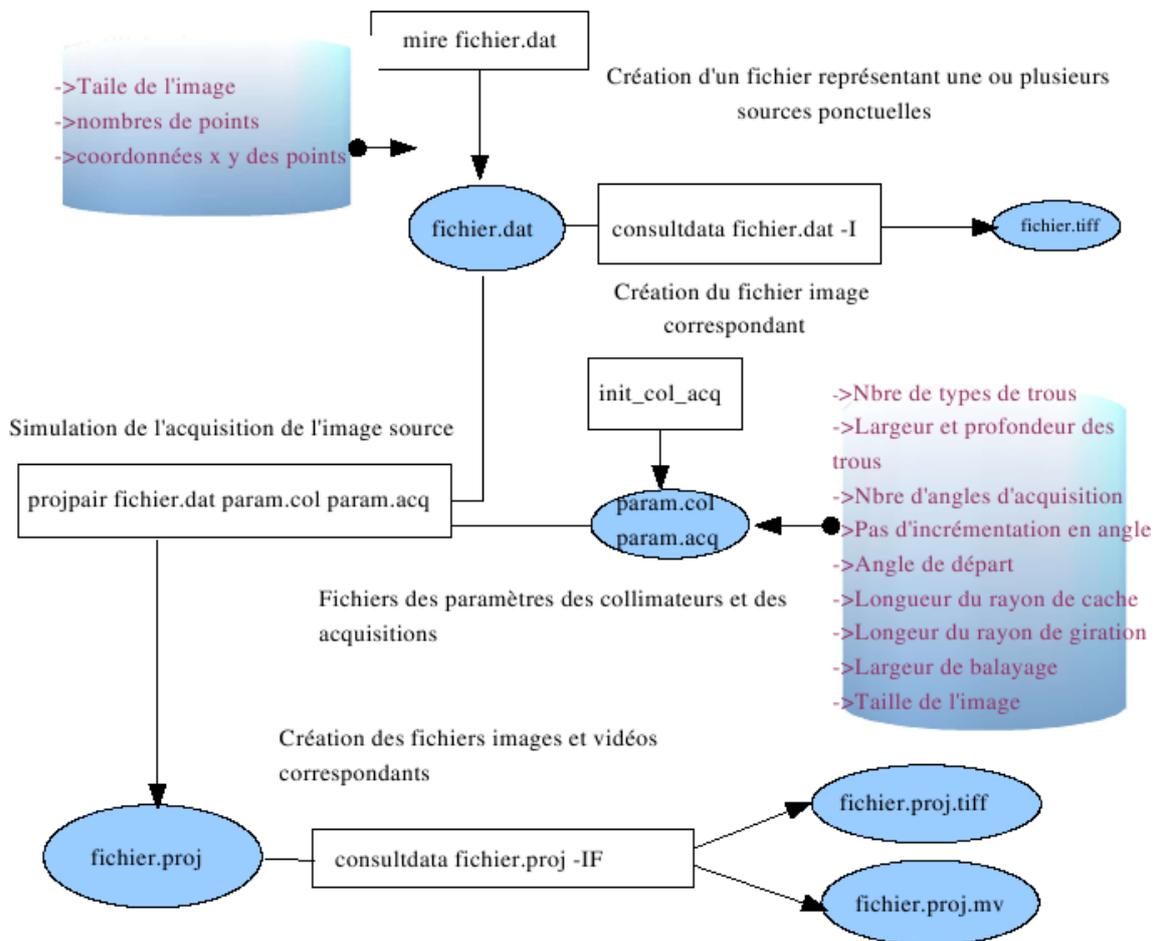
7.0.8 Apport personnels

D'un point de vue personnel, le fait d'avoir fait ce stage peut m'ouvrir certaines perspectives dans le milieu de l'imagerie médicale. Il m'a aussi donné l'occasion d'être confronté aux contraintes du milieu médical.

Annexe

Annexe A: Programmation Linéaire, Simplex et Point Intérieur

Annexe B: Utilisation des programmes



Annexe C: Interfaçage C/Fortran

Fonction ou Sous-routines?:

La notion de fonction n'est pas la même en C et en Fortran. Elle dépend de la situation. En C tous les sous-programmes sont des fonctions, cependant elles peuvent ne pas renvoyer de valeurs. En Fortran une fonction renvoie une valeur de retour mais pas une sous-routine. Alors il faudra respecter les règles d'interfaçage suivante:

-Lorsqu'une routine Fortran appelle une fonction C, si la fonction C appelée renvoie une valeur, il faut l'appeler du Fortran comme une fonction. Si la fonction C appelée ne renvoie aucune valeur, il faut l'appeler du Fortran comme une sous-routine.

-Lorsqu'une fonction C appelle un sous-programme fortran, si le sous-programme fortran appelé est une *fonction*, il faut l'appeler du C comme une fonction qui renvoie un type de données compatibles. Si le sous-programme fortran appelé est une *sous-routine*, il faut l'appeler du C comme une fonction qui renvoie une valeur de type *int* ou *void*.

Compatibilité des types de données:

Le tableau de la figure 6.1 résume la compatibilité des types de données entre le FORTRAN 77 et le C: On retiendra en plus les règles suivantes:

- Les champs et éléments d'un tableau ou structure doivent être compatibles
- Il est déconseillé de passer des tableaux, des chaînes de caractères ou des structures par valeurs.
- Le passage d'arguments par valeurs est possible de FORTRAN vers le C, mais pas du C vers le FORTRAN.

Sensibilité à la casse:

Le C et Le fortran interprètent différemment les casses. Le C est sensible à la casse tandis que le fortran l'ignore. Le fortran a le défaut d'ignorer la casse et de convertir les noms de sous-programmes en minuscule. Il y a deux solutions à ce problème de majuscule/minuscule:

- Dans le sous-programme C n'utiliser que des noms de fonctions en minuscule.
 - Compiler le programme fortran en utilisant l'option -U qui spécifie au compilateur de conserver les majuscules des noms de fonctions et sous-routines.
- Seule l'une des deux options doit être prise, et non les deux.

Noms de routines:

Le compilateur fortran ajoute un caractère underscore(_) aux noms des sous-programmes définis comme points d'entrée ou utilisés en appel. Tous les noms des procédures des bibliothèques Fortran possèdent un double underscore devant le nom, ceci pour réduire les conflits avec les noms des routines de l'utilisateur. Un moyen simple de résoudre ce problème est d'ajouter un underscore aux noms des fonctions en C.

Passage d'arguments par valeurs ou par référence:

En général, les routines Fortran passent leurs arguments par référence. Les programmes en C passent leurs arguments par valeur de manière générale. Si on fait précéder un argument par l'opérateur ampersand(&), le programme C passe alors l'argument par référence en utilisant un pointeur. Les programmes C passent toujours les tableaux et chaîne de caractères par référence.

Ordre et Indexation des tableaux:

L'indexation des tableaux et l'ordre des éléments d'un tableau diffère entre le Fortran et le C. En Fortran l'ordre des éléments d'un tableau se fait suivant le sens des colonnes. En C les éléments se lisent suivant les lignes. Pour un tableau à une dimension cela ne pose pas de problèmes. Les difficultés interviennent pour des tableaux de dimensions supérieures.

Exemple d'appel de fonctions C/Fortran :

L'exemple de la figure 6.2 illustre la compatibilité entre des données de type C ou Fortran. D'autres exemples peuvent être disponibles dans le guide de programmation Fortran [15]

FORTRAN 77 Data Type	C Data Type	Size
BYTE X CHARACTER X CHARACTER*n X	char x unsigned char x unsigned char x[n]	1 1 n
COMPLEX X COMPLEX*8 X DOUBLE COMPLEX X COMPLEX*16 X COMPLEX*32 X	struct {float r,i;} x; struct {float r,i;} x; struct {double dr,di;}x; struct {double dr,di;}x; struct {long double dr,di;} x;	8 8 16 16 32
DOUBLE PRECISION X REAL X REAL*4 X REAL*8 X REAL*16 X	double x float x float x double x long double x	8 4 4 8 16
INTEGER X INTEGER*2 X INTEGER*4 X INTEGER*8 X	int x short x int x long long int x	4 2 4 8
LOGICAL X LOGICAL*1 X LOGICAL*2 X LOGICAL*4 X LOGICAL*8 X	int x char x short x int x long long int x	4 1 2 4 8

Figure 7.1: Compatibilité de types C/Fortran

Fortran calls C	C calls Fortran
<pre>integer i real r external CSim i = 100 call CSim(i,r) ... ----- void csim_(int *i, float *r) { *r = *i; }</pre>	<pre>int i=100; float r; extern void fsim_(int *i, float *r); fsim_(&i, &r); ... ----- subroutine FSim(i,r) integer i real r r = i return end</pre>

Figure 7.2: Exemple d'interfaçage C/Fortran

Référence

- [1] -Numerical Recipes In C:The art of scientific Computing, ISBN(0-521-43108-5),1992
- [2] -FORTRAN Optimization, by Michael Metcalf, Academic Press 1985.High Performance Computing, by Kevin Dowd, O'reilly Associates, 1993.
- [3] -DOUIRI Abdel. Developpement a partir du concept CACAO d'un systeme tomographique adapte a la mesure 3D des plaies contaminees. These de doctorat, Universite Paris XI, Orsay, 2002.
- [4] -JEANGUILLAUME Christian. Emission Tomography with a large-Hole Collimator (CA- CAO) : A Possible New Way to Improve Radionuclide Imaging. Technical Report 6, 2002.
- [5] -JEANGUILLAUME Christian. Minimal deconvolution algorithm. Technical report, 2006.
- [9] -JEANGUILLAUME Christian. BEGOT Stephane. QUARTUCCIO Marc. BALLONGUE P. Gamma camera a collimation assistee par ordinateur (CACAO) Premiere partie : principes de base et methode de reconstruction. Technical Report 7, 1996.
- [10] -LE FOL Tanguy. Amelioration de la compilation,de l'installation et l'utilisation des programmes de reconstruction du systeme de camera a collimation assistee par ordinateur. Rapport de stage, ESEO (Angers, 49) ; Service de medecine nucleaire du CHU d'Angers,laboratoire LISA (CNRS FRE 2656), 2004.
- [11] -POUTAYS Thomas. Conception et implementation d'un algorithme de deconvolution pour les programmes de reconstruction tomographique a collimation a trous larges.Stage, ESEO (Angers, 49) ; Service de medecine nucleaire du CHU d'Angers, laboratoire LISA (CNRS FRE 2656), 2005.
- [12] LE LAIN Yves-Mathieu. Amelioration d'algorithme de deconvolution en tomographie d'emission a trous larges. Rapport de stage, IUT de Angers-Cholet, Optoelectronique et imagerie industrielle ; Service de medecine nucleaire du CHU d'Angers, laboratoire LISA (CNRS FRE 2656), 2006.
- [13] Berenstein C, Patrick E. exact deconvolution for multiple convolution operators. An overview, plus performance characterizations for imaging sensors. *Proc IEEE* 1999;78:723-34.
- [14] Anger H. A new instrument for mapping gamma-ray emitters. *Biol Med Q Rep UCLR* 1957;3653:38
- [15] http://docs.sun.com/source/806-3593/11_cfort.html