

Table des matières

Introduction générale	1
1 L'imagerie médicale	4
1.1 Introduction	4
1.2 Le cerveau [26]	5
1.3 Les modalités d'observation du cerveau	8
1.3.1 La tomodensitométrie[27]	9
1.3.2 Le scanner Hélicoïdal	17
1.3.3 L'imagerie par résonance magnétique [26]	19
1.4 Conclusion	24
2 État de l'art sur le recalage	25
2.1 Introduction	25
2.2 Recalage rigide	27
2.2.1 Recalage par points de repère	28
2.2.2 Centres et axes d'inertie	30
2.2.3 Recalage basé sur les surfaces	31
2.2.4 Recalage fondé sur l'information volumique	32
2.2.5 Recalage par mesure de l'information mutuelle	35
2.2.6 Recalage d'images multimodales par maximisation du rapport de corrélation	36
2.3 Comparaison et évaluation des techniques de recalage intermodalité d'images cérébrales	37
2.4 Recalage non-rigide	37

2.4.1	Première approche : Bajcsy	38
2.4.2	Approche basée sur les fluides visqueux	39
2.4.3	Méthode des démons de Maxwell	40
2.5	Conclusion	40
3	Analyse des Méthodes de Recalage	42
3.1	Introduction	42
3.2	Méthode de recalage géométrique	43
3.2.1	Extraction de la forme du cerveau	43
3.2.2	Algorithme du recalage géométrique (Centres et axes principaux)	45
3.2.3	Algorithme Iterative Closest Point ‘ICP’	47
3.3	Méthode de recalage dense	48
3.3.1	Transformation rigide	48
3.3.2	Critères de similarité	49
3.3.3	Méthode d’optimisation	54
3.4	Avantages et inconvénients des méthodes de recalages usuelles	55
3.4.1	Avantages et inconvénients du recalage géométrique	55
3.4.2	Avantages et inconvénients du recalage dense	56
3.5	Conclusion	57
4	Mise en Œuvre des Méthodes de Recalage sur des Images IRM et CT	58
4.1	Introduction	58
4.1.1	Présentation des données de travail	59
4.2	Mise en œuvre du recalage géométrique	59
4.2.1	Extraction de la forme du cerveau	59
4.2.2	Extraction des paramètres de recalage	61
4.2.3	Recalage rigide basé sur l’algorithme ICP	63
4.2.4	Recalage rigide basé sur les points de contrôle	64
4.3	Mise en œuvre du recalage dense	68
4.3.1	Recalage monomodal par maximisation de corrélation	68
4.3.2	Recalage multimodal par maximisation de corrélation	70

4.3.3	Recalage monomodal par maximisation de l'information mutuelle	71
4.3.4	Recalage multimodal par maximisation de l'information mutuelle	72
4.3.5	Le paramètre de la rotation	72
4.3.6	Résultats de recalage par la méthode d'optimisation	74
4.4	Mesure de similarité pour le recalage d'images médicales volumiques	76
4.4.1	Description de l'algorithme de recalage 3D	76
4.4.2	Résultats du recalage 3D	78
4.4.3	Conclusion	78
	Conclusion générale	80
	Annexe A : Rappel sur les transformations géométriques	86
	Annexe B : Commandes Matlab pour l'algorithme du recalage basé sur les points de contrôle	91
	Annexe C : Présentation de l'algorithme ICP	93

Introduction générale

Les deux dernières décades ont vu une prolifération de nouvelles modalités d'imagerie tridimensionnelle qui permettent d'observer l'anatomie et des processus fonctionnels. Ces modalités incluent le Scanner X, l'IRM (Imagerie par Résonance Magnétique), l'angiographie numérique, la TEP (Tomographie par Émission de Positons), la TEPS (Tomographie par Émission de Photons Simples) voire même aujourd'hui la MEG (Magnéto-Encéphalo-Graphie) ou l'angiographie X 3D (Morphomètre 3D). Elles produisent des informations anatomiques (c.a.d structurelles) et physiologiques (c.a.d fonctionnelles) complémentaires sur un même sujet. Cependant, cette augmentation d'informations disponibles pour réaliser le diagnostic doit être suivie par une amélioration équivalente de la quantité des données que l'utilisateur doit intégrer et interpréter. Les protocoles diagnostiques traditionnels n'ont pas suivi la même progression et se révèlent souvent inadaptés à l'utilisation conjointe de cet ensemble d'informations. Ainsi, la manière traditionnelle dont le médecin utilise les données contenues dans ces images est trop souvent sous optimale et un nombre important d'informations complémentaires se trouve alors exclu du processus de décision clinique.

Pour modifier cette tendance, le médecin doit posséder non seulement les images sources mais également les outils pour les interpréter. Le mécanisme de compréhension des images reste très complexe et porte non seulement sur une comparaison entre ces images mais également sur la connaissance des organes représentés et de leurs interactions, que ces interactions soient de nature anatomique ou fonctionnelle. Il est aujourd'hui convenu qu'en dehors de l'émergence de nouvelles modalités, c'est en particulier l'apparition de techniques permettant l'utilisation conjointe de toutes les informations, qui fera avancer la qualité de prise en charge du patient.

Organisation du mémoire

Le problème du recalage d'images constitue le " centre de gravité " des systèmes d'aide à l'interprétation d'images médicales morphologiques et fonctionnelles. Pour cette raison nous avons choisi de consacrer notre travail de magister à l'étude du recalage en deux dimensions des images médicales. Par ailleurs nous avons focalisé notre choix sur les images du cerveau, compte tenu de leur grande disponibilité ce qui n'est pas sans relation avec leur intérêt diagnostique.

Ce mémoire est organisé comme suit :

Le premier chapitre rappelle les différentes modalités d'acquisition des images du cerveau et ceci après une petite description anatomique du cerveau.

Le second chapitre donne un état de l'art des différentes méthodes de recalage présentes. Après une rapide description des applications de la problématique du recalage, nous essayons de situer nos travaux dans le contexte scientifique actuel.

Le troisième chapitre permet l'analyse des méthodes de recalage adoptées dans le cadre de ce travail. Nous citons en particulier le recalage basé sur une approche géométrique ainsi que celui basé sur l'approche dense. Nous nous intéressons en particulier au recalage rigide que nous avons développé et appliqué en mode mono et multimodalité (mise en correspondance rigide entre examens IRM, Scanner X).

Le quatrième chapitre est consacré à la mise en Œuvre et à l'évaluation des Méthodes de Recalage 2D sur des images IRM, CT. Nous expliquerons ensuite comment s'opère le passage des images 2D (série de coupes 2D) à l'image 3D (volume ou surface exploitable) ce qui nous permettra d'appliquer le recalage au cas 3D.

Objectifs du mémoire

L'objectif primaire de ce mémoire est de fournir des outils de traitement et d'analyse d'images pour faciliter l'identification pathologique à un instant donné ou l'évolution d'une tumeur au cours du temps sur des images de même modalité. La principale difficulté provient du fait que l'on ne peut pas observer directement ces phénomènes. On ne dispose que de moyens d'observation qui fournissent certaines informations comportant des artefacts, à partir desquelles on doit construire une représentation du phénomène (figure (0-1)). Plus on augmente le nombre de moyens d'observation du phénomène physique, mieux on comprend ce phénomène, mais plus la tâche de l'expérimentateur se complique.

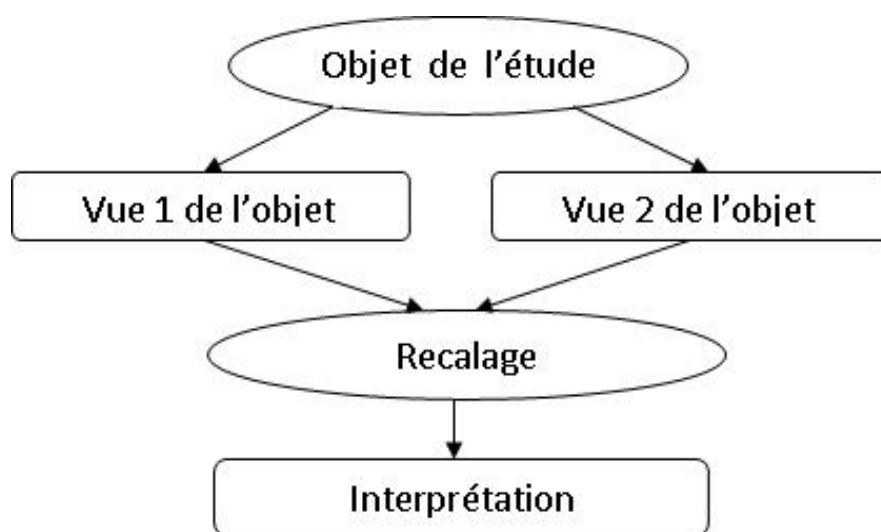


Fig. 0-1 – Principe d'observation d'un phénomène physique.

Chapitre 1

L'imagerie médicale

1.1 Introduction

L'imagerie médicale joue désormais un rôle central dans les neurosciences, tant en recherche fondamentale que dans l'aide au diagnostic ou à la décision thérapeutique. La quantité croissante de données, souvent volumiques, mise à la disposition du praticien, a motivé la conception de nouvelles méthodes automatiques pour l'analyse et l'interprétation des images.

Une des problématiques majeures est de pouvoir analyser et traiter plusieurs images dans un référentiel commun. Ce problème, connu sous le nom de recalage, requiert l'estimation d'une transformation géométrique permettant la superposition spatiale des caractéristiques correspondantes entre les images. Pour des images d'un même patient acquises avec des modalités d'imagerie différentes, il s'agit de déterminer une transformation géométrique simple (rigide ou affine) caractérisée par un faible nombre de paramètres. L'objectif est ainsi de déterminer un champ de déformation qui, à chaque point d'une image source, associe les coordonnées dans le référentiel d'une image cible, du point correspondant à la même réalité anatomique.

Les applications du recalage sont nombreuses. En effet, le recalage constitue une étape indispensable dans de nombreuses procédures de traitement d'images médicales. Deux contextes d'application peuvent être distingués : le recalage intra-individu qui traite des séquences temporelles d'images provenant d'un même individu, et le recalage inter-individu qui fait la mise en correspondance entre des individus différents ou entre un individu et un modèle de référence (atlas). Les applications du recalage intra-individu sont notamment la détection et le

suivi d'évolution de lésions et la mesure d'atrophie ou d'hypertrophie de certaines structures anatomiques. Les applications du recalage inter-individu sont principalement la construction et l'utilisation d'atlas probabilistes, par exemple pour la segmentation automatique par transport d'un modèle a priori ou pour l'analyse statistique de variations anatomiques ou fonctionnelles, normales ou pathologiques, au sein d'un groupe d'individus.

1.2 Le cerveau [26]

Bien que représentant seulement 2% du poids total du corps humain (soit environ 1,4 kilogrammes), le cerveau gère directement ou indirectement 98 % de ses fonctions. Il est responsable des fonctions humaines les plus complexes comme la pensée, la résolution de problèmes, les émotions, la conscience et les comportements sociaux, et régit les fonctions essentielles du corps comme la respiration, le processus d'alimentation, le sommeil, les mouvements et les cinq sens.

En dépit de son extrême complexité, le cerveau n'est composé que de deux types de cellules : les neurones et les cellules gliales. Les neurones sont des cellules nerveuses capables de recevoir et de transmettre l'information. Ils sont constitués d'un corps cellulaire, de plusieurs prolongements arborescents appelés dendrites et d'un prolongement arborescent appelé axone. Chaque neurone peut posséder jusqu'à 10 000 connexions avec d'autres neurones, ce qui conduit à un nombre très élevé de réseaux interconnectés. Les cellules gliales sont quant à elles des cellules de soutien qui contribuent à assurer le bon fonctionnement des neurones, sans participer directement au transfert de l'information. Le cerveau contient plus de 100 000 milliards de neurones et encore davantage de cellules gliales.

D'un point de vue macroscopique, deux principaux types de tissus peuvent être distingués : la substance blanche et la substance grise. La substance blanche est principalement formée par les axones des neurones et la substance grise correspond à des agglomérations de corps cellulaires neuronaux. Les cellules gliales sont à la fois présentes dans la substance blanche et dans la substance grise.

D'un point de vue anatomique, L'encéphale est composé de trois structures principales : le cerveau, le cervelet et le tronc cérébral (figure 1-1-a). Le tronc cérébral, situé à la base

du cerveau, forme le lien entre le cortex cérébral, la substance blanche et la moelle épinière. Il reçoit les informations transmises venant du corps entier via la moelle épinière, et gère le niveau de vigilance ainsi que les fonctions végétatives du corps (respiration, rythme cardiaque, tension artérielle). Le cervelet est un centre nerveux régulateur de la fonction motrice qui permet un contrôle précis de la posture et des mouvements. Le cerveau est constitué quant à lui de deux hémisphères (gauche et droit), qui sont constitués chacun de quatre lobes : le lobe frontal (intervient dans la pensée, la conceptualisation, la planification, l'appréciation consciente des émotions), le lobe pariétal (intervient pour les gestes, l'orientation et la reconnaissance spatiales, le calcul), le lobe occipital (principalement le siège de la vision) et le lobe temporal (dédié à l'interprétation des sons, du langage et de la mémoire). La surface externe du cerveau, appelée cortex, est constituée de nombreux renflements et plis nommés respectivement scissures (ou sulci, ou encore sillons) et circonvolutions (ou gyri). Ces circonvolutions sont si serrées que seulement environ 30% du cortex est en fait visible à partir de la surface extérieure. Le cortex joue un rôle important dans la fusion des informations provenant des différentes zones du cerveau. Il nous permet ainsi de percevoir, d'interpréter et de réagir de façon adéquate à l'environnement dans lequel nous sommes.

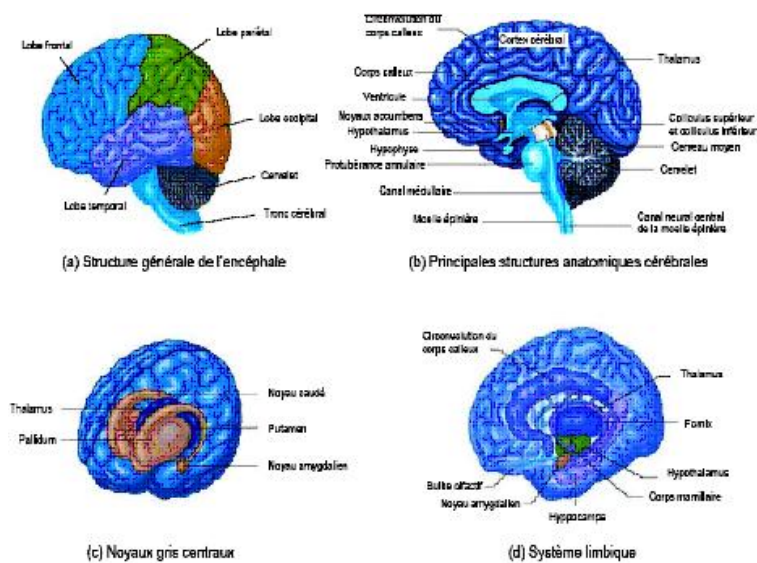


Fig. 1-1 – Anatomie cérébrale (illustration modifiée d'après <http://www.abieducation.com>).

Parmi les autres régions importantes de l'encéphale (figure (1-1)-b), on compte notamment le corps calleux, le thalamus, L' hypothalamus et les autres noyaux gris centraux, les ventricules et le système limbique. Le corps calleux, composé d'environ deux cents millions de fibres nerveuses à conduction rapide, assure la liaison interhémisphérique. Les noyaux gris centraux (figure (1-1)-c) sont composés du noyau caudé, du putamen et du pallidum, et participent au contrôle de la motricité. Le thalamus maintient un réseau étendu de connexions avec le cortex et avec de nombreuses autres parties de l'encéphale, notamment les noyaux gris centraux, l'hypothalamus et le tronc cérébral. Il joue le rôle de relais qui trie les informations avant de les acheminer à la partie du cerveau chargée de les traiter. L'hypothalamus contrôle le corps en dirigeant l'hypophyse et le système nerveux autonome. Ainsi, il régule et dirige les comportements fondamentaux nécessaires à la survie, à savoir l'alimentation, le sommeil, la reproduction, la régulation de la température et les émotions. Les ventricules sont des cavités remplies de liquide céphalorachidien (LCR) sécrété par leur paroi. Le système limbique (figure 1-1-d) n'est quant à lui pas une structure, mais un réseau de voies nerveuses intégrant certaines structures situées en profondeur dans les lobes temporaux. Il est le siège des émotions, des désirs, des besoins et de la survie. Il est composé entre autres de l'hypothalamus, de l'hippocampe qui permet la mémorisation à long terme, et de l'amygdale qui enregistre et génère la peur.

L'encéphale étant une structure assez fragile, il est protégé par trois lignes de défense. La première ligne est constituée du crâne qui procure une protection osseuse contre les chocs extérieurs. La seconde ligne de défense est constituée de trois fines membranes qui entourent le cerveau et la moelle épinière : les méninges (ou barrière hématoencéphalique). Elles protègent l'intégrité de la structure physique du cerveau, amortissent les chocs et contrôlent le transport de toutes les substances vers l'intérieur et l'extérieur du cerveau. Enfin la troisième ligne de défense est le liquide céphalorachidien (LCR) qui se trouve dans les ventricules du cerveau et entre les méninges. Il permet d'amortir les chocs et joue le rôle de médium liquide permettant le transport des différentes substances acheminées vers le cerveau ou sécrétées par ce dernier.

1.3 Les modalités d'observation du cerveau

Différentes techniques d'observation du cerveau ont vu le jour au courant du XXe siècle, permettant de répondre aux limitations de la dissection post mortem qui était jusqu'alors le seul moyen d'étude du cerveau. Parmi les différentes techniques d'observation, nous pouvons distinguer celles apportant une information anatomique de celles apportant une information fonctionnelle.

Concernant l'imagerie des structures anatomiques, deux techniques sont principalement utilisées : le scanner X et l'imagerie par résonance magnétique (IRM). Le scanner X met en évidence une différence d'absorption de rayons X au travers des tissus et peut être utilisé avec un produit de contraste. Cette modalité d'imagerie offre une bonne résolution spatiale (de l'ordre du millimètre), mais souffre d'un contraste peu marqué entre les tissus cérébraux. L'imagerie par résonance magnétique utilise des propriétés physiques particulières des noyaux (en particulier celui de l'hydrogène) en présence d'un champ magnétique. Cette technique, qui a le grand avantage de ne pas utiliser de rayons ionisants, permet une résolution spatiale millimétrique et, selon les variantes utilisées, offre des contrastes très marqués entre les différents tissus. Outre l'imagerie anatomique, l'IRM permet aussi de visualiser l'arbre vasculaire cérébral, avec ou sans injection de produit de contraste, grâce à l'angiographie par résonance magnétique (ARM). Cette technique utilise le fait que le sang est en mouvement pour en augmenter le contraste par rapport aux tissus cérébraux. L'IRM permet aussi d'identifier les caractéristiques structurales et l'organisation géométrique des tissus neuronaux grâce à l'imagerie de diffusion qui permet de caractériser la manière dont les molécules d'eau diffusent au sein du cerveau. Il est même possible d'analyser les propriétés biochimiques des différents tissus grâce à la spectroscopie par résonance magnétique.

Concernant les modalités d'observation fonctionnelle, nous pouvons distinguer deux principales catégories : celles caractérisant un processus métabolique cérébral, en général grâce à l'utilisation d'un traceur, et celles mettant en évidence l'activité neuronale. Parmi les différentes techniques d'imagerie caractérisant le métabolisme cérébral, nous pouvons citer la tomographie par émission de positons (TEP) et la tomographie par émission monophotonique (TEMP). Toutes les deux utilisent un traceur radioactif pour marquer une molécule intervenant dans le processus métabolique à étudier. La résolution spatiale de ces méthodes est relativement

faible, de l'ordre de 3 à 6 mm. Concernant les méthodes permettant de caractériser l'activité neuronale, nous pouvons citer l'électroencéphalographie (EEG), la magnétoencéphalographie (MEG) et l'imagerie par résonance magnétique fonctionnelle (IRMf). L'EEG et la MEG sont basées sur la mesure ponctuelle de signaux respectivement électriques et magnétiques à l'aide d'électrodes. L'IRMf mesure quant à elle les variations locales du taux d'oxygénation sanguin liées à l'activité neuronale.

Dans le cadre de travail de ce mémoire nous nous limitons à la mise en correspondance de zones anatomiques cérébrales observées grâce au scanner X, à l'IRM. La partie suivante est donc consacrée à une description plus détaillée de ces modalités d'imagerie.

1.3.1 La tomodensitométrie[27]

La tomodensitométrie X (TDM) ou scanographie, appelée « Computerized Tomography » par les Anglo-Saxons, est une méthode de diagnostic radiologique tomographique, permettant d'obtenir des coupes transversales, reconstruites à partir de la mesure du coefficient d'atténuation du faisceau de rayons X dans le volume étudié. La tomodensitométrie a connu un essor considérable, justifié par son intérêt diagnostique et l'amélioration continue de ses performances techniques. Elle représente l'une des applications les plus réussies et les plus fécondes de l'application de l'informatique à la médecine et à l'imagerie médicale.

La tomodensitométrie repose sur deux principes fondamentaux :

On peut mesurer la densité de tissus traversés par un faisceau de RX à partir du calcul du coefficient d'atténuation (Figure 1-2).

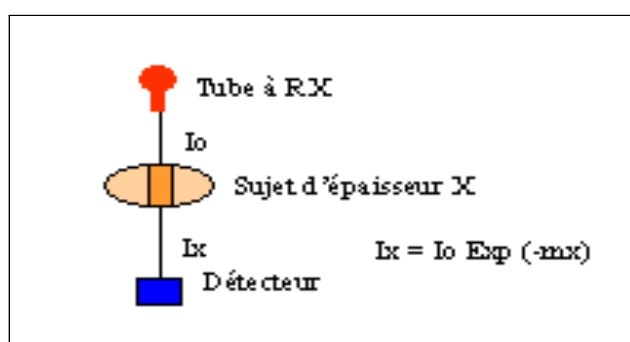


Fig. 1-2 – Calcul du coefficient d'atténuation moyen après traversée d'une épaisseur x.

Si le faisceau de RX, à la sortie du tube, est rendu monochromatique ou quasi-monochromatique par une filtration appropriée, on peut calculer le coefficient d'atténuation correspondant au volume de tissu irradié, par application de la formule générale d'absorption des rayons X dans la matière.

$$I = I_0 \cdot e^{-\mu x} \quad (1.1)$$

I : intensité du faisceau de RX après traversée d'une épaisseur x de matière,

I_0 : intensité initiale du faisceau de RX,

x : épaisseur de matériau traversé

μ : coefficient d'absorption linéaire du matériau traversé (exprimé en cm^{-1})

On obtient :

$$\mu = \log \frac{I_0}{I} \quad (1.2)$$

Hounsfield a choisi une échelle qui affecte aux quatre densités fondamentales les valeurs suivantes :

$\mu_{\text{AIR}} = -1000$

$\mu_{\text{GRAISSE}} = -60 \text{ à } -120$

$\mu_{\text{EAU}} = 0$

$\mu_{\text{OS}} = +1000$

Ainsi, on définit l'indice Hounsfield (I_H) par la formule mathématique suivante :

$$I_H = \frac{\mu - \mu_{\text{eau}}}{\mu_{\text{eau}}} \cdot 1000 \quad (1.3)$$

L'image de la coupe d'un objet irradié par un faisceau fin de RX, est reconstituée à partir d'un grand nombre de mesures du coefficient d'atténuation, effectuées selon diverses incidences. On recueille ainsi toutes les données, qui proviennent des volumes élémentaires de matière, grâce aux détecteurs. A l'aide d'un ordinateur, on attribue aux surfaces élémentaires de l'image reconstituée à partir des données projetées sur une matrice de reconstruction, une tonalité plus ou moins importante en fonction des coefficients d'atténuation. Le scanner X, étudie l'atténuation d'un faisceau de rayons X, au cours de la traversée d'un segment du corps. Toutefois, plusieurs éléments le différencient de la radiologie classique :

- L'étude de l'atténuation se fait sur un faisceau de rayons X étroit, défini par une collimation portant à la fois sur le faisceau et le détecteur de rayons X.

- Les détecteurs étaient faits de cristaux à scintillation ou de chambres d'ionisation permettant de quantifier l'atténuation du faisceau de RX.

Actuellement, les détecteurs à semi-conducteurs ont pris le dessus dans la technologie des détecteurs des scanners hélicoïdaux, donnant une bien meilleure réponse :

-(Plus de 90% de l'information est restituée pour des détecteurs à semi-conducteurs et un rendement de 50 à 90 % pour les détecteurs à gaz.

Quelque soit le détecteur, la sensibilité est considérablement plus grande que celle des films radiologiques. L'ensemble générateur et détecteur de rayons X est solidarisé par un montage mécanique rigide qui définit un plan de détection. L'objet à étudier est placé dans le faisceau, le dispositif fournit une mesure de l'atténuation du rayonnement dans ce plan. A l'aide des détecteurs, on obtient une série de mesures de l'atténuation résultant de la traversée d'une tranche du corps. Une seule de ces projections ne suffit pas à reconstituer la structure de la coupe. Un mouvement de rotation de l'ensemble autour du grand axe de l'objet examiné, permet alors d'enregistrer des profils résultants de la traversée de la même coupe suivant différentes directions. L'utilisation de méthodes mathématiques complexes nécessitant l'emploi d'ordinateurs conduit, par « rétro projection » des différents profils, à construire l'image de la distribution des coefficients d'atténuation au niveau de la section examinée.

La matrice des scanographes récents varie entre 320×320 et 512×512 , ce qui représente un grand nombre de mesures et une bonne définition de l'image scanographique (le pixel est la surface de la base du voxel, qui est très inférieur à 1mm^2 , ses côtés mesurent 0.2mm avec les matrices 512×512). Quant à l'épaisseur de coupe, hauteur du voxel, elle varie actuellement entre 1 et 10mm selon les appareils et les régions à explorer.

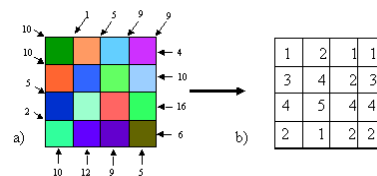


Fig. 1-3 – Principe de calcul mathématique effectué par l'ordinateur.

En fonction des chiffres périphériques d'absorption (Figure 1-3-a), l'ordinateur calcule les différentes densités rencontrées par le rayonnement

dans chaque unité de volume (Voxel), la projection étant le pixel, (Figure 1-3-b).

Un appareil de tomodensitométrie à rayons X comporte(Figure 1-4) :

- Un système d'acquisition des données.
- Un système de traitement du signal.
- Un système de visualisation.
- Un système de commande de l'ensemble.

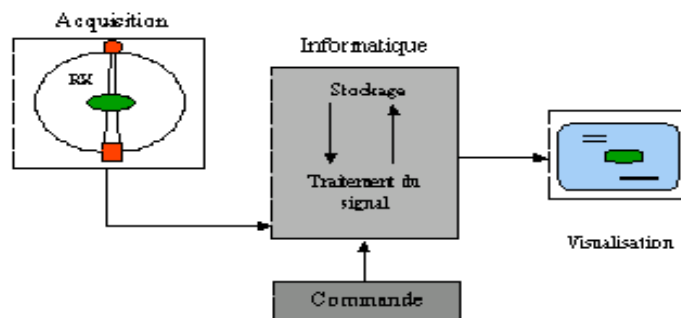


Fig. 1-4 – Schéma d'une chaîne scanographique.

Acquisition des données

L'acquisition des données se fait grâce à un tube à rayons X couplé à un ensemble de détecteurs, disposés en arc de cercle ou en éventail. L'ensemble tube/détecteurs est solidaire et animé d'un mouvement synchrone, circulaire, dans le même sens, selon un plan perpendiculaire à l'objet examiné. Pendant l'acquisition, les séquences suivantes s'opèrent

Réalisation d'un profil de densité

Le faisceau émis par le tube à RX, irradie plusieurs détecteurs et permet de faire de multiples mesures de densité sur différents axes. On obtient ainsi un « profil de densité » selon un angle de projection.(Figure 1-5).

Modélisation du faisceau par rotation

Lorsque le faisceau de RX tourne autour de l'objet, on obtient une grande quantité de

projections et de mesures, dans le plan de référence avec différents angles de projections.

Le nombre de projections effectué, dépend de la géométrie du système et en particulier de la largeur du faisceau. Pour chaque valeur angulaire, on obtient un profil de densité. La sommation de tous ces profils de densité obtenus pour ces différentes valeurs angulaires, s'appelle un « sinogramme » (Figure 1-6)

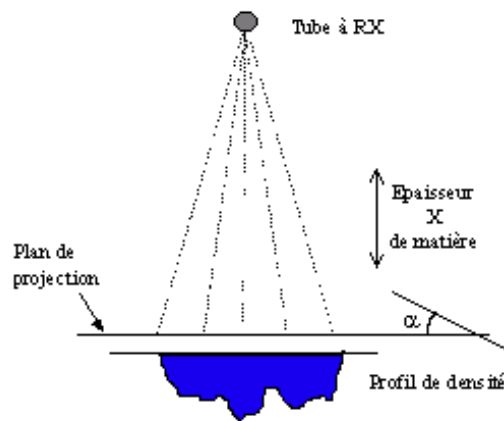


Fig. 1-5 – Profil de densité.

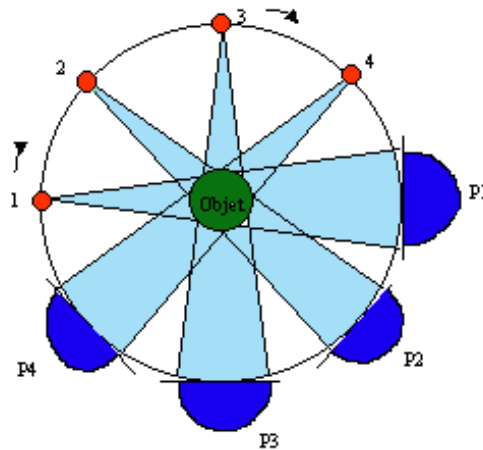


Fig. 1-6 – Profil de densité sur plusieurs plans.

Traitement du signal

Le rayonnement X reçu par les détecteurs, est transformé en courant électrique. Cette conversion aboutit à un signal qui va être amplifié et numérisé. La numérisation consiste à transformer le signal de type analogique en données chiffrées qu'un ordinateur peut classer, stocker dans une matrice de reconstruction et traiter par la suite. Le traitement proprement dit du signal, comporte en fait une reconstruction de l'image à partir des données recueillies par le système d'acquisition. On sait, depuis les travaux des mathématiciens, reconstituer un objet à partir de ses projections sur un plan de référence. On effectue pour cela deux opérations :

- 1) Une « Rétro-projection » ou épandage : c'est le temps de reconstruction, consistant à projeter les valeurs numériques obtenues sur le plan image, en leur attribuant des coordonnées spatiales correspondantes à celles qu'elles avaient dans le plan de coupe examiné.
- 2) Une « déconvolution » ou filtrage : améliore la qualité d'image de l'objet reconstruit, pour le rapprocher du modèle initial. Ces opérations mathématiques nécessitent des moyens de calcul puissants qui ne peuvent être obtenus que par des ordinateurs. La reconstruction proprement dite s'effectue par une méthode algébrique (calcul matriciel) ou plus couramment par la méthode de la transformée de Radon ou de Fourier.

a) Méthode de la transformée de Radon

La mesure de l'intensité du faisceau de rayons X, dépend de l'atténuation le long de l'axe de propagation et est indépendante des changements spectraux. Elle est donc donnée par la formule suivante :

$$I(t, \theta) = I_0 e^{-\int \mu(x,y) dy^0} \quad (1.4)$$

I_0 : est l'intensité du faisceau sans l'objet

y^0 : est la distance sur l'axe du faisceau.

En linéarisant l'équation (1.4), on obtient les données suivantes :

$$p(t, \theta) = -\int \mu(x, y) dy^0 \quad (1.5)$$

Pour un objet $\mu(x, y)$ vu sous un angle q , par un faisceau étroit de RX, selon la direction x^0 à la distance t de l'axe Ox^0 , direction de propagation du faisceau, t est exprimé par : $t =$

$x \cos q + y \sin q$.

L'équation (1.5) est résolue pour déterminer la fonction $\mu(x, y)$, sa résolution se fait analytiquement en utilisant sur les machines CT la rétro projection filtrée. La transformée de Radon a permis en 1917 de résoudre ce genre d'équation. Actuellement, on utilise des méthodes de convolution pour retrouver $\mu(x, y)$. La reconstruction s'effectue en deux temps :

Une première convolution des projections avec un Kernel g

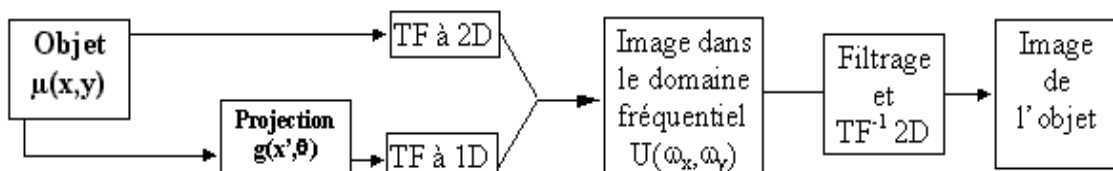
Une rétro projection pour obtenir l'image. On a donc l'équation de convolution de g par $P(t, q)$:

$$\hat{P}(t, \theta) = \int_{-1}^{+1} g(t - \theta) P(t, \theta) dt \quad (1.6)$$

et la rétro-projection permet d'obtenir la distribution spatiale des coefficients linéaires d'atténuation $\mu(x, y)$, avec $t = x \cos \theta + y \sin \theta$.

b) Méthode de la transformée de Fourier.

L'idée est une reconstruction 2D de la transformée de Fourier de l'image sous forme de projection, suivie d'un filtrage et de la transformée inverse pour obtenir l'image finale. Une méthode utilisant la transformée de Fourier 1D, a été mise en place. Elle consiste en une transformation de chaque projection, suivie d'une reconstruction ou rétro-projection dans le domaine fréquentiel, puis d'un filtrage et de la transformée inverse pour obtenir l'image voulue.



Système de visualisation et de traitement

Les images sont présentées sur l'écran vidéo de la console La matrice de présentation peut être équivalente à la matrice de reconstruction ou présenter un plus grand nombre de pixels (jusqu'à 1024 X 1024 pixels).

Traitement des images. (Fenêtre et niveaux)

Les images comportent des niveaux de gris qui traduisent les coefficients Hounsfield. Compte tenu de la dynamique propre des appareils vidéo et des performances de l'oeil humain, il est nécessaire de se limiter à l'étude d'une fraction des densités qui peuvent s'étaler sur une large échelle de -1000 à +1000.

Le scanner permet de projeter une fraction de l'échelle de densité sur toute l'échelle de gris de l'écran vidéo grâce à la fonction de fenêtrage (redistribution des niveaux de gris).

On appelle fenêtre la plage de densité étudiée. On la caractérise par sa largeur d'ouverture (L) et son niveau (N). Par exemple : Pour les tissus mous : N=40 à 50 et L = -50 à +50.

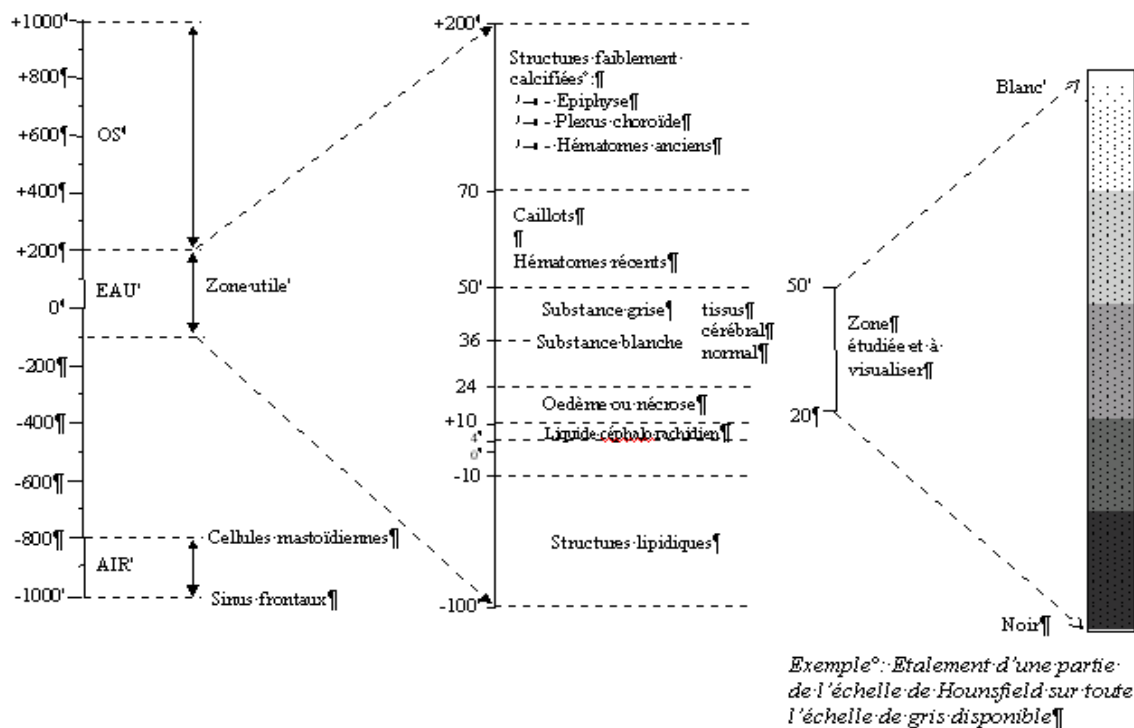


Fig. 1-7 – Echelle d'absorption de hounsfield (au niveau du crane).

Dans l'exemple ci dessus, on fait glisser la fenêtre de largeur 30 (20-50) sur l'ensemble des valeurs de Hounsfield pour pouvoir analyser ou voir des zones de densité différentes proches.

D'autres traitements d'image sont possibles tels que : la reproduction des images, le filtrage, la reconstruction, l'agrandissement simple, les fonctions de mesure de longueur, de volume, de surface et surtout de densité.

Le filtrage est très important lors de la reconstruction de l'image en TDM, on utilise des filtres de convolution, qui sont des programmes de calcul, pour améliorer l'aspect final de l'image.

1.3.2 Le scanner Hélicoïdal

Les scanners classiques à rotation séquentielle ont été longuement utilisés pour l'exploration du corps humain. Avec les progrès technologiques et les recherches effectuées dans le domaine de l'informatique, de l'imagerie et de l'électronique, l'ensemble des constructeurs s'orientent vers une nouvelle génération de machine : Le scanner hélicoïdal également appelé le scanner à rotation continue.

Le scanner hélicoïdal est caractérisé par la rotation continue du couple tube-détecteurs autour d'un lit d'examen, se déplaçant à vitesse constante durant l'acquisition. Le tube à rayons X réalise ainsi un déplacement en hélice, décrivant un cylindre, si on se place dans un repère lié à la table. Les avantages de cette acquisition hélicoïdale volumique sont multiples et en particulier en ce qui concerne l'étude vasculaire en diagnostic.

Principes physiques du scanner hélicoïdal

Le balayage hélicoïdal en scanner est permis par deux paramètres :

Le premier est représenté par la rotation continue d'un tube à rayons X. Elle est étroitement couplée à un système de détecteurs répartis en couronne autour du lit où repose le patient.

Le second par la progression à vitesse constante du lit. Ainsi ce balayage nous permet d'accéder très rapidement à l'acquisition d'informations concernant un volume, puis aux différents traitements secondaires de ces mêmes informations.

Au lieu de calculer pour chaque rotation, à partir des données brutes, une image comme en géométrie plane, les images sont reconstruites par interpolation entre deux projections correspondantes, obtenues avec la même position angulaire sur deux rotations consécutives. Ces deux projections permettent de reconstruire des coupes à n'importe quel niveau le long de l'axe de déplacement longitudinal du lit d'examen. Les données brutes acquises constituent une représentation fidèle du volume balayé. Les données de projections, obtenues à partir d'un niveau de coupe spécifique, subissent la rétroprojection filtrée. Le nombre d'images, la taille du champ de visualisation, la position de l'image sur l'axe Z et l'axe de déplacement du lit sont choisis de façon rétrospective, par l'utilisateur pour un volume balayé donné.

Du fait de la rotation continue du tube à rayons X, celle-ci peut prendre différentes vitesses de rotation. La vitesse peut prendre des valeurs comprises entre 0.6 s et 4 s par tour. Cette rapidité de rotation permet une acquisition hélicoïdale plus rapide, de l'ordre de 30 secondes, permettant en particulier son utilisation en pédiatrie.

Le scanner hélicoïdal permet de faire l'imagerie des parties du corps, qui sont en mouvement perpétuel comme les pics artériels, les retours veineux ou les temps d'équilibre. Cette imagerie est rarement possible sur un scanner planaire, car les mouvements involontaires du patient introduisent du flou dans l'image

Un autre avantage des scanners hélicoïdaux, est la parfaite continuité des différentes coupes transversales, du volume balayé. Le traitement secondaire des informations acquises, permet de faire des reconstructions, 2D multiplanaires (MPR Multiplanar Reconstruction), 3D surfacique, 3D volumique, MIP (Maximum Intensity Projection) ou bien encore de l'endoscopie virtuelle d'excellente qualité.

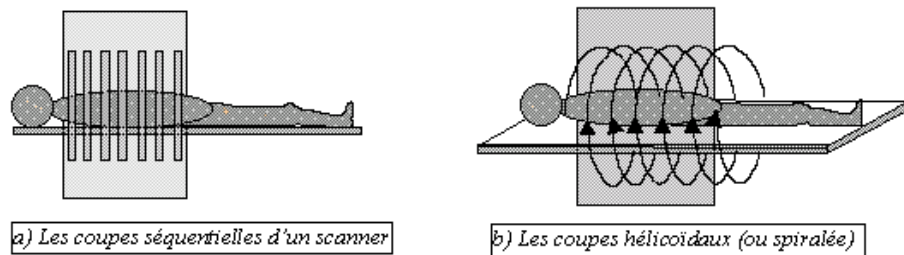


Fig. 1-8 – Comparaison d'un scanner séquentiel et hélicoïdal

Vue sur les volumes irradiés dans le cas de coupe non jointive :

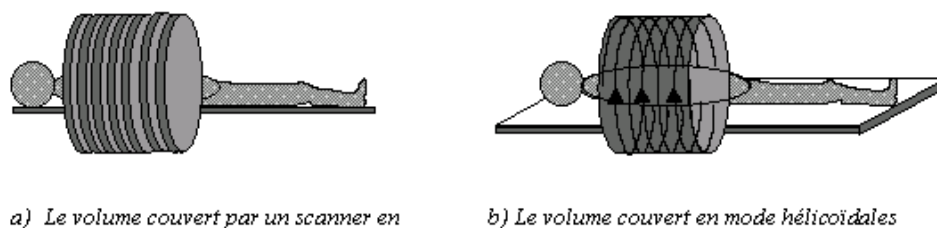


Fig. 1-9 – Comparaisons des volumes irradiés dans le cas de un scanner séquentiel et hélicoïdal

Pour une même longueur de déplacement de la table, le volume irradié est plus important en hélicoïdal, qu'en imagerie séquentielle. La dose attribuée n'est pas forcément plus importante dans le cas du scanner hélicoïdal. Le mouvement continu, de l'ensemble tube détecteurs et table, a permis aux constructeurs d'optimiser la dose reçue par le patient au cours de l'examen.

1.3.3 L'imagerie par résonance magnétique [26]

Cette partie est consacrée à une description succincte de l'imagerie par résonance magnétique (IRM). Dans un premier temps nous expliquons les fondements physiques de la résonance magnétique nucléaire (RMN), puis nous évoquons la formation des images et les différents contrastes possibles.

Principes physiques de la résonance magnétique nucléaire

La résonance magnétique nucléaire (RMN) est une propriété physique caractéristique des noyaux atomiques. Placés dans un champ magnétique B_0 , les noyaux atomiques, caractérisés par un moment magnétique μ , s'orientent par rapport à l'axe du champ B_0 et précessent autour de celui-ci avec une fréquence caractéristique $f_0 = \gamma B_0$ (fréquence de Larmor), γ étant le rapport gyromagnétique du noyau considéré (figure 1-10-a).

Le noyau d'hydrogène, abondamment présent dans le corps humain sous forme de molécules d'eau, est caractérisé par un spin pouvant être dans deux états d'énergie possibles : l'état $+\frac{1}{2}$ (ou spin up) et l'état $-\frac{1}{2}$ (ou spin down). Les spins dans l'état $+\frac{1}{2}$ s'alignent suivant la même direction que le champ principal B_0 et les spins dans l'état $-\frac{1}{2}$ s'alignent dans le sens opposé. L'état d'énergie $+\frac{1}{2}$ étant légèrement plus stable, le nombre de spins orientés suivant la direction du champ B_0 est légèrement plus important. Dès lors, la somme de toutes les aimantations élémentaires μ est non nulle. L'aimantation résultante, notée M_0 , est donc dirigée suivant l'axe du champ magnétique, sa valeur est naturellement proportionnelle au nombre de noyaux d'hydrogène. Les déphasages entre les mouvements de précession des différentes aimantations élémentaires μ sont distribués uniformément, de telle sorte que la composante transversale de l'aimantation résultante est nulle (figure 1-10-b).

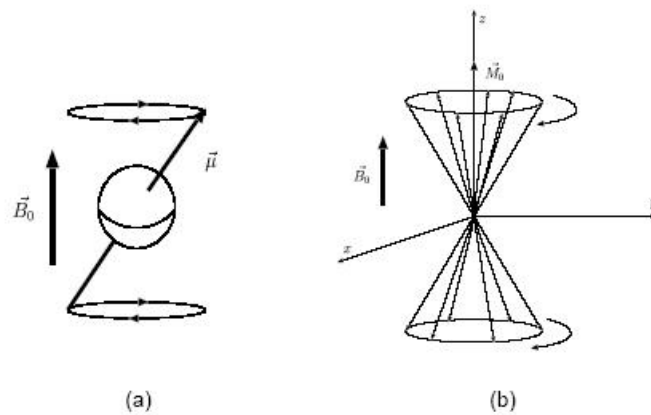


Fig. 1-10 – Mouvement de précession en présence d'un champ magnétique B_0 : (a) du spin d'un noyau et (b) d'un groupe de spins.

L'application d'un champ magnétique B_1 (appelé impulsion radiofréquence) modulé à la fréquence de Larmor du noyau étudié et orienté perpendiculairement au champ B_0 , a pour conséquence de synchroniser les mouvements de précession de l'ensemble des spins. Il apparaît dès lors une composante transversale de l'aimantation M_0 , notée M_{xy} . Le vecteur aimantation M_0 tend à basculer dans le plan transverse avec un certain angle α , la valeur de cet angle étant reliée à l'énergie du champ B_1 . La composante transversale M_{xy} précesse de manière synchrone avec le champ B_1 (figure 1-11).

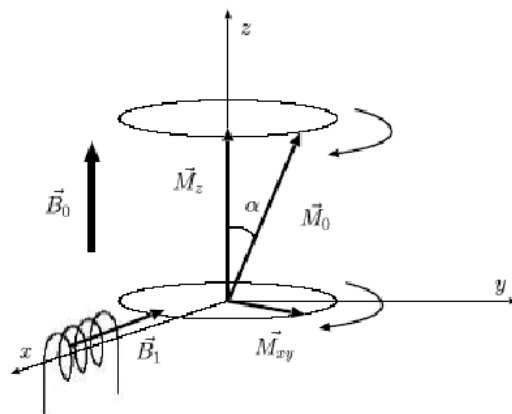


Fig. 1-11 – Basculement de l'aimantation M_0 sous l'effet d'une impulsion radiofréquence B_1

L'intérêt de la RMN réside justement dans l'observation du retour à l'équilibre des spins après avoir subi l'action d'une impulsion radiofréquence. Ce retour à l'équilibre est caractérisé par deux processus de relaxation (figure 1-12). Le premier processus de relaxation concerne le déphasage des spins entre eux ayant pour conséquence de faire tendre la composante transversale \vec{M}_{xy} de l'aimantation vers 0 (figure 1-12-c). Il est caractérisé par un temps de relaxation transversale noté T_2 . Le deuxième processus de relaxation est caractérisé par le basculement de l'orientation des spins qui tendent à nouveau à s'aligner suivant la direction du champ principal \vec{B}_0 . Ce changement d'orientation contribue à l'augmentation de la composante longitudinale \vec{M}_z de l'aimantation (figure 1-12-b). Ce processus est caractérisé par un temps de relaxation longitudinale noté T_1 . Les temps de relaxation T_1 et T_2 sont des caractéristiques liées aux propriétés physiques des objets étudiés.

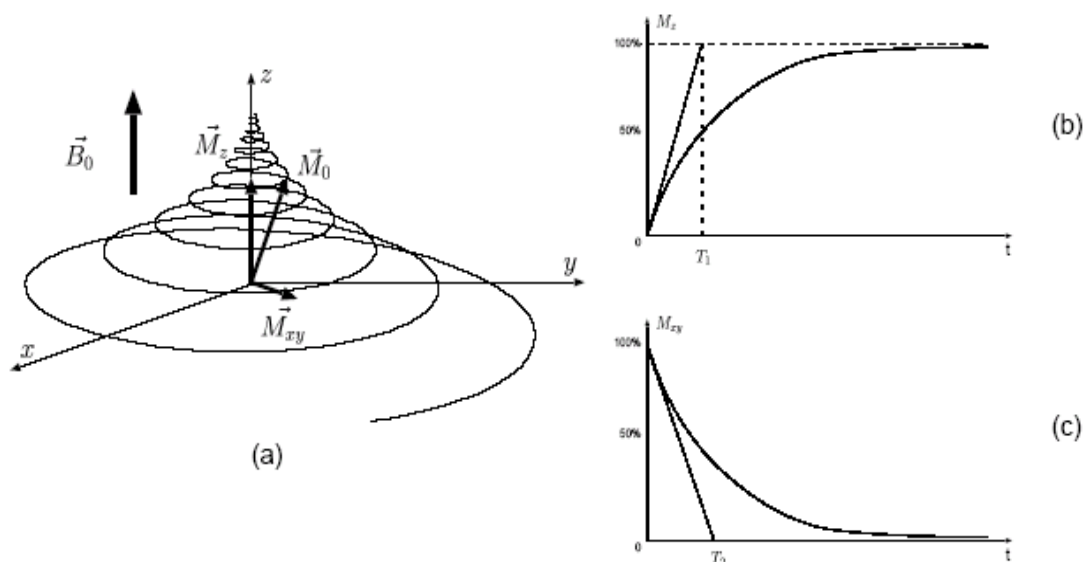


Fig. 1-12 – Retour à l'état d'équilibre des spins : illustration de l'évolution (a) de l'aimantation \vec{M}_0 , (b) de la valeur de l'aimantation longitudinale \vec{M}_z et (c) de la valeur de l'aimantation transversale \vec{M}_{xy} .

En pratique, l'acquisition du signal RMN se déroule de la manière suivante (figure 1-13) : l'échantillon à étudier est placé dans un champ magnétique \vec{B}_0 , induisant un état d'équilibre des spins dont l'aimantation résultante est colinéaire à \vec{B}_0 . Une impulsion radiofréquence (RF)

B_1 à la fréquence de résonance du noyau étudié perturbe cet équilibre. À l'arrêt de l'impulsion RF, le système retourne à son état d'équilibre initial. Lors du retour à l'équilibre, seule la composante transversale M_{xy} de l'aimantation est mesurée grâce à une antenne réceptrice. Le signal acquis est appelé signal de précession libre ou FID (Free Induction Decay). Sa transformée de Fourier est une raie centrée autour de la fréquence de résonance du noyau étudié. Ce signal caractérise trois grandeurs physiques de la matière à savoir la densité de protons, le temps de relaxation longitudinale T_1 et le temps de relaxation transversale T_2 . La densité de protons conditionne l'amplitude maximale du FID. Le temps de relaxation T_2 caractérise la décroissance exponentielle de l'enveloppe du FID. L'information sur le temps de relaxation T_1 n'est pas directement visible sur l'évolution de l'aimantation transversale, mais peut être mise en évidence par une série d'impulsions RF rapprochées dans le temps de telle manière que l'aimantation résultante n'ait pas le temps d'atteindre sa position d'équilibre entre deux impulsions.

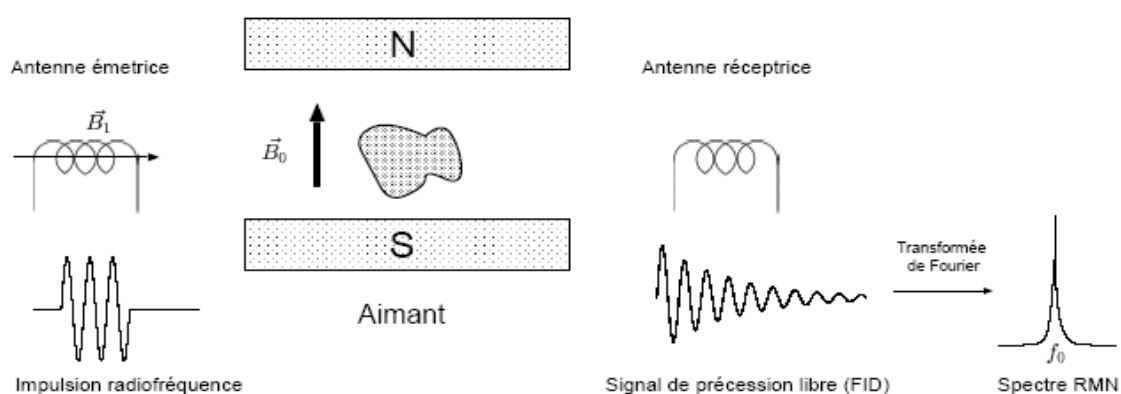


Fig. 1-13 – Principe d'une mesure RMN

Formation des images

Nous avons vu précédemment que, dans un champ homogène, tous les noyaux résonnent à la même fréquence. Il n'y a donc aucune possibilité de discrimination spatiale entre des signaux provenant de deux points distincts de l'échantillon. Pour discriminer spatialement le signal des différents points de l'échantillon, l'idée suivante est utilisée : comme la fréquence de résonance dépend de la valeur du champ magnétique, il suffit que le point que l'on veut enregistrer à un

moment donné subisse un champ magnétique différent des autres. Pour ce faire, des gradients de champ sont utilisés dans les trois directions de l'espace. Un exemple facile à comprendre est celui de la sélection de tranche. À la place d'utiliser un champ principal B_0 constant suivant l'axe z , on considère un champ variant linéairement en fonction de z . Dès lors, chaque tranche de l'échantillon, correspondant à un plan $z = z_0$, est caractérisée par une fréquence de résonance différente. Pour obtenir le signal d'une seule coupe, il suffit d'exciter avec une impulsion RF ayant la fréquence de résonance correspondante. L'encodage des différents points d'un plan donné est un peu plus complexe mais repose aussi sur l'utilisation de gradients de champ suivant les deux autres directions .

Pondération des images

Nous avons vu que le signal RMN dépend de trois caractéristiques physiques, à savoir la densité de protons (notée ρ), le temps de relaxation longitudinale T_1 et le temps de relaxation transversale T_2 . Il est possible de caractériser plus particulièrement la variation de l'une de ces grandeurs physiques dans l'image en jouant sur deux paramètres de l'acquisition : le temps d'acquisition (Te) et le temps de répétition (Tr). Le temps d'acquisition est la durée qui sépare l'impulsion RF de l'acquisition du signal RMN. Le temps de répétition correspond à la durée entre deux impulsions RF. Il est possible de modéliser l'influence de ces différents paramètres sur l'intensité S du signal RMN de la manière suivante :

$$S \propto \rho \left(1 - e^{-\frac{Tr}{T_1}}\right) e^{-\frac{Te}{T_2}} \quad (1.7)$$

En réalité, la complexité des séquences d'acquisition des images induit une relation entre le signal S et les paramètres T_1 , T_2 et ρ beaucoup plus complexe que celle décrite par l'équation précédente, mais le principe évoqué précédemment reste valable. La figure 1.8 illustre différentes pondérations³ possibles dans l'acquisition des images. On remarque que les contrastes entre les différents tissus cérébraux (substance blanche, substance grise et liquide céphalorachidien) sont très différents en fonction de la pondération choisie.

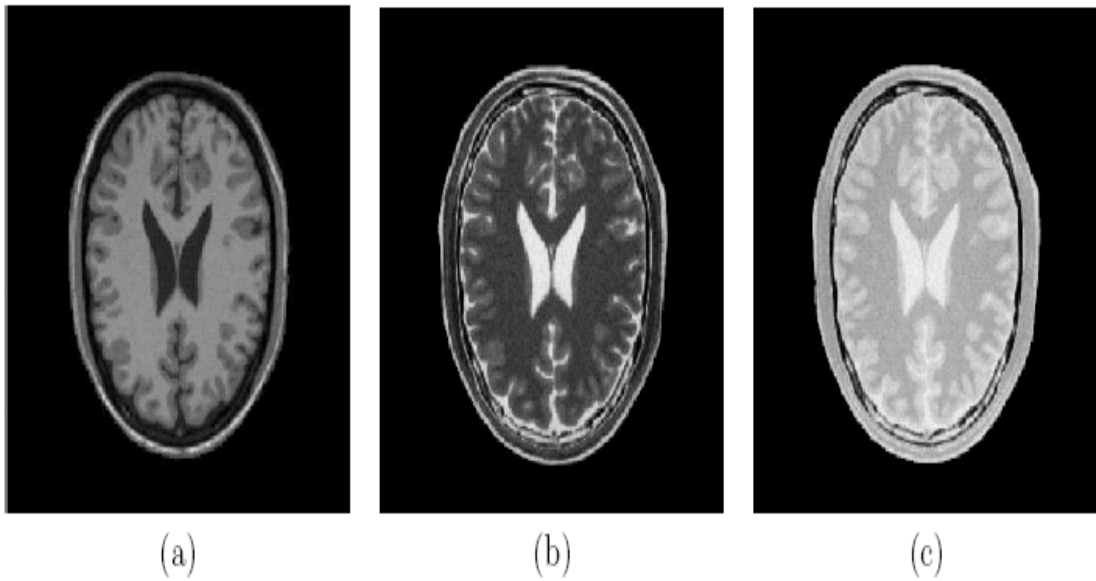


Fig. 1-14 – Différentes modalités d'images cérébrales IRM(a) pondération T_1 ; (b) pondération T_2 ; (c) pondération en densité de protons

1.4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons donné une description anatomique et fonctionnelle du cerveau humain. Nous avons également décrit les systèmes d'imagerie IRM et scanner X. Ces descriptions nous permettront de reconnaître les constituants tissulaire du cerveau dans une image anatomique et ses fonctions dans une image fonctionnelle. Les différences de représentation entre les différentes modalités d'acquisition sont à prendre en considération lors de l'étape suivante à savoir le recalage d'images et en particulier le recalage multimodalité.

Le chapitre suivant donne un état de l'art sur le recalage.

Chapitre 2

État de l'art sur le recalage

2.1 Introduction

Le recalage consiste en la superposition exacte de deux images représentant un même objet. Ce problème est assez général dans le cadre du traitement d'image [25], même si la littérature aborde surtout le cas du recalage en imagerie médicale. Dans ce cadre, ses applications sont diverses. Il permet la fusion d'images de caractéristiques différentes, fournissant ainsi des connaissances complémentaires d'un même organe, telles que des informations métaboliques avec la TEP et anatomiques avec l'IRM [4] [5]. Il est également utilisé pour le suivi de l'évolution d'une tumeur au cours du temps sur des images de même modalité (IRM ou scanner X) [7] ou encore pour la mise dans un espace standard d'une série d'images provenant de différents individus dans le but d'établir des cartes probabilistes [6].

On peut considérer les différents recalages en fonction des critères suivants : recalage sur le même patient ou inter-patient, recalage mono-modal ou multi-modal, recalage sur des images acquises en même temps ou à des moments différents. Chacun de ces recalages apporte ses problèmes qui trouvent leurs solutions par différentes méthodes.

Le tableau (Fig 2-1) montre des exemples d'application du recalage en fonctions des modalités choisies.

Néanmoins, on classe les méthodes de recalage selon deux grandes catégories : les recalages rigides et les recalages non-rigides. Dans le recalage rigide, la transformation à trouver est généralement la composition d'une translation et d'une rotation (soit 6 paramètres en trois

	Monomodal	Multimodal
Intra-patient	<ul style="list-style-type: none"> • Suivi de pathologie. • Suivi de traitement. • Contrôle post-opératoire. 	<ul style="list-style-type: none"> • Segmentation de tissus du cerveau ou des lésions. • Complémentarité entre les sources des images : <ul style="list-style-type: none"> - Confrontation anatomique : Anatomie/fonction. - Fusion des images provenant d'examens divers (IRM, EEG, MEG, ...) afin de localiser les différentes informations. • Planning thérapeutique et chirurgie assistée par ordinateur (recalage pré-opératoire).
Inter-patient	<ul style="list-style-type: none"> • Statistiques sur la variabilité anatomique d'une population : <ul style="list-style-type: none"> - Recalage avec un atlas. - Normalisation spatiale. • Construction d'atlas (modèles). • Etude de pathologie au sein d'une population. 	<ul style="list-style-type: none"> • Recalage d'atlas. • Cartographie fonctionnelle du cerveau humain (Human Brain Mapping). • Normalisation anatomo-fonctionnelle.

Fig. 2-1 – Exemples d'applications , nécessitant l'utilisation des méthodes de recalage.

dimensions), parfois on rajoute une homothétie (soit 7 paramètres). Pour le recalage non-rigide, parfois dénommé aussi recalage élastique, le nombre de paramètres est beaucoup plus grand et beaucoup plus variable. Dans les cas les plus simples il s'agit d'une transformation polynomiale de l'espace, parfois il s'agit de transformation de type morphing : la transformation se définit par une grille origine et une grille de transformation.

Domaine d'application

Actuellement, un grand nombre de modalités d'acquisition produisent des images contenant des informations de natures et d'ordres très divers. Les domaines d'applications identifiés sont les suivants :

Fusion d'information

Si l'on considère deux images d'un même patient, l'une fournissant des informations anatomiques (IRM) et l'autre fonctionnelles (TEP), une opération de recalage entre les deux images permet au praticien de localiser précisément les activités des organes. Il s'agit dans ce cas de re-

calage multimodalité pour un même patient . Le recalage monomodalité est par exemple utilisé pour suivre l'évolution d'une pathologie . D'autre part, la création ou la consultation d'atlas électroniques nécessite également une étape de recalage entre images de patients différents. Un recalage précis permet alors de transférer les informations de l'atlas vers le patient, de mettre à jour l'atlas ou encore d'effectuer des études statistiques sur les différences, anatomiques ou fonctionnelles, entre patients . Enfin, lors de l'acquisition d'une série de coupes 2D assez distantes, un recalage entre les différentes coupes permet d'obtenir un volume 3D exploitable .

Chirurgie assistée

ce domaine de recherche très actif actuellement utilise des méthodes de recalage d'images à différents niveaux . Il s'agit par exemple de proposer au médecin un modèle de réalité augmentée en plus, ou à la place, du véritable patient. Des allers et retours entre le patient, grâce à des images de contrôle, et le modèle, par l'intermédiaire d'images précédemment acquises (IRM ou scanner), sont fréquents et font appel à différentes techniques de recalage.

Positionnement de patient

cette application est liée à la précédente. Par exemple, en radiothérapie conformationnelle, le but est de mesurer et de corriger la position d'un patient afin qu'elle soit conforme avec le plan d'irradiation prévu. La mesure du déplacement s'effectue grâce à des images de contrôle (ou images portâtes), comparées, à l'aide d'un recalage, à une image volumique précédemment acquise

2.2 Recalage rigide

Le recalage rigide consiste à trouver une similitude (composition d'une translation et d'une rotation) avec parfois en plus une homothétie, soit six ou sept paramètres pour les images tridimensionnelles. Le problème consiste essentiellement à trouver des éléments de repère communs aux deux images à recaler. Ces éléments de repère peuvent être des points, des axes, des surfaces ou des volumes. On constate que les techniques ont évolué avec la puissance de calcul des ordinateurs. Les premières méthodes s'appuyaient essentiellement sur des points ou des axes caractéristiques. Ensuite les méthodes ont pris en compte des surfaces et enfin elles se sont appuyées sur l'information fournie par tout le volume.

2.2.1 Recalage par points de repère

Cadres stéréotaxiques et marqueurs externes

Historiquement, la première technique utilisée consiste à fixer la tête du patient dans un cadre rigide (cadre stéréotaxique)[9], solidaire de la machine et interdisant toute translation ou rotation. Si, lors des différentes acquisitions, ce cadre est placé dans le même repère en termes de coordonnées et d'orientation par rapport au tomographe, alors les images seront exactement superposées et ne nécessiteront aucun post-traitement. Malgré l'apparente simplicité de ce procédé, différents problèmes se posent. Il est d'une part difficile pour le manipulateur de positionner la tête exactement dans la même position à chaque examen, les points de fixation du cadre reposant sur la peau qui présente une grande élasticité. D'autre part, la technique est très contraignante pour le patient qui se sent immobilisé pendant toute la durée de l'examen.

Enfin dans le cas d'images multi-modalités, les tomographes ne présentent pas les mêmes caractéristiques en termes de taille ou de champ de vue, ce qui rend impossible une comparaison directe.

La pose de marqueurs externes sur la tête ou le visage, précisément aux mêmes positions anatomiques à chaque examen et visibles sur les images, constitue une autre technique[10]. Ces marqueurs peuvent être indépendants entre eux ou appartenir à une structure rigide commune telle qu'un casque stéréotaxique. Ils sont composés d'un matériau dense s'il s'agit d'un examen aux rayons X, d'une solution de sulfate de cuivre lors d'une IRM[11] ou d'un matériau radioactif dans le cas d'un examen TEP[4]. Ainsi ils apparaîtront sur les images. Le recalage est ensuite effectué en minimisant, manuellement ou par l'utilisation d'algorithmes d'optimisation, la distance qui sépare chacun des marqueurs d'une image de son homologue dans l'autre image. Cette méthode pose des problèmes similaires à la fixation de la tête par un cadre solidaire de la machine : le positionnement précis des marqueurs prend du temps et contraint le manipulateur et le patient.

Afin de réduire le temps d'acquisition des examens et la contrainte imposée aux manipulateurs et aux patients, et d'accroître la précision du recalage, de nouvelles méthodes ont été envisagées, basées uniquement sur un post-traitement des images.

Repères anatomiques

Une alternative à la pose de marqueurs externes est de repérer sur les images des points anatomiques caractéristiques (pôle temporal, pôle occipital, centre du putamen, etc.) [7], et de les superposer de façon à aligner les deux images. La superposition de ces points peut être manuelle ou automatique par des algorithmes de minimisation de distances [29] ont combiné cette approche avec la superposition des plans interhémisphériques de chaque image servant de recalage initial. Le pointage des structures se fait ensuite coupe par coupe sur quelques points seulement.

Ces méthodes, même si elles n'augmentent pas la durée de l'examen, ne sont pas pleinement satisfaisantes, car elles requièrent un travail précis et long de la part d'un expert anatomiste, et qu'elles sont sensibles aux variations intra et inter-observateurs dans le pointage des repères.

Détection de CA-CP et atlas de Talairach

Le recalage par repérage de points anatomiques remarquables comme les commissures antérieures (CA) et postérieures (CP) consiste à placer chaque image dans un repère commun, et non à les aligner l'une sur l'autre. L'espace commun est généralement le repère de Talairach [12]. La procédure est la suivante :

- pointage des commissures antérieure et postérieure,
- détection du plan interhémisphérique,
- mise en correspondance de ces repères avec ceux d'un volume standard déjà placé dans l'espace de Talairach,
- mise à l'échelle en x , y et z afin que les dimensions du cerveau à recaler coïncident avec des dimensions prédéfinies.

Cette technique est fréquemment utilisée pour la localisation d'activations dans les images TEP, ou dans le but de créer des cartes probabilistiques dans lesquelles de nombreuses IRM sont recalées et moyennées[6]. Le pointage de CA et CP et le repérage du plan inter-hémisphérique peuvent s'effectuer de façon automatique[13] sur des images IRM.

Cependant, cette méthode présente le lourd handicap de s'appuyer sur un repérage de structure anatomique sur les images TEP qui contiennent peu d'information anatomique. Comme le recalage est souvent utilisé pour pallier ce défaut, il est délicat d'obtenir un

résultat fiable. C'est pourquoi cette méthode a vite été abandonnée au profit d'une autre

méthode utilisant d'autres informations.

2.2.2 Centres et axes d'inertie

En partant de l'hypothèse que deux représentations différentes d'un même objet présentent les mêmes centres et axes d'inertie, il suffit de superposer ces points et axes caractéristiques pour aligner les deux représentations. Cette approche du recalage, connue sous le nom de méthode des axes principaux, a été développée, entre autres, par Alpert et coll[2]. La première étape est le calcul des coordonnées du centre d'inertie.

Soit C_m , le centre d'inertie de l'objet m ($m \in \{1, 2\}$, l'image 1 étant fixe et l'image 2 mobile), de coordonnées $(x_{c_m}, y_{c_m}, z_{c_m})$.

Soit (x_{im}, y_{im}, z_{im}) , les coordonnées des voxels de l'objet m (sélectionnés par seuillage ou détection de contours).

Alors les coordonnées de C_m sont telles que :

$$\begin{pmatrix} x_{c_m} \\ y_{c_m} \\ z_{c_m} \end{pmatrix} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \begin{pmatrix} x_{im} \\ y_{im} \\ z_{im} \end{pmatrix} \quad (2.1)$$

Avec N le nombre de voxels pris en compte, et C_m la moyenne des (x_{im}, y_{im}, z_{im}) .

Une fois les deux centres d'inertie calculés, une translation de vecteur $\vec{c}_2 - \vec{c}_1$ est appliquée à l'image 2 afin de faire coïncider les deux centres.

La seconde étape est le calcul des axes principaux d'inertie. Soit I , la matrice d'inertie dans le système de coordonnées des axes principaux. Soit I_m , la matrice d'inertie de l'objet m , et soit S_m la matrice de colonnes propres déterminée à partir de I_m .

Alors I_m vérifie pour les images 1 et 2 :

$$I_1 = S_1 \cdot I \cdot I_1^T \quad (2.2)$$

et

$$I_2 = S_2 \cdot I \cdot I_2^T \quad (2.3)$$

ou encore :

$$I_1 = S_1 \cdot S_2^T \cdot I_2 \cdot S_2 \cdot S_1^T \quad (2.4)$$

Les coefficients des matrices I_m sont tels que :

$$\begin{pmatrix} I_{xx} \\ I_{yy} \\ I_{zz} \end{pmatrix} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \begin{pmatrix} x^0{}^2 \\ y^0{}^2 \\ z^0{}^2 \end{pmatrix} \quad (2.5)$$

et

$$\begin{pmatrix} I_{xy} \\ I_{xz} \\ I_{yz} \end{pmatrix} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \begin{pmatrix} x^0 y^0 \\ x^0 z^0 \\ y^0 z^0 \end{pmatrix} \quad (2.6)$$

x^0 , y^0 et z^0 étant les coordonnées des pixels de l'objet 2 après translation des centres d'inertie.

Cette méthode, dont la mise en oeuvre est simple, comporte cependant un biais important : lorsque l'une des images est incomplète, les centres d'inertie des deux objets ne peuvent plus se superposer.

2.2.3 Recalage basé sur les surfaces

Cette méthode de recalage est celle décrite par Pelizzari[5] , elle est dénommée Head and Hat (tête et chapeau). Elle a été développée pour le recalage d'images scanner, IRM ou TEP. L'hypothèse de base est que, si deux volumes sont recalés, leurs contours sont séparés par une distance minimale. L'un des deux volumes doit être choisi comme la référence. On essaye de choisir le volume recouvrant la plus grande partie de la tête ou l'image ayant la meilleure résolution. On appelle ce volume la tête. On conserve en général sur l'image, l'encéphale et le crâne pour éviter d'avoir à faire une segmentation, ce qui est une opération délicate. On extrait le contour de chacune de ces coupes. Ceci est en général réalisable sans problème pour les images scanner ou IRM. Par contre, ceci pose quelques problèmes pour les images TEP. En effet, le crâne n'est pas toujours visible et son extraction demande parfois une intervention manuelle.

Pour l'autre volume à recalcr, que l'on nomme le chapeau, on extrait le contour que l'on

modélise par un ensemble de points en trois dimensions.

Ensuite on cherche à minimiser la somme des distances points-tête par application de translation et rotation. Ceci revient à minimiser une fonction à plusieurs paramètres, la méthode utilisée est celle de Powell[15]. La distance d'un point à la tête est calculée par l'intersection de la surface de la tête avec un rayon partant du point vers le centre de masse de la tête.

C'est une méthode efficace qui peut être utilisée de manière clinique. Elle a été surtout testée pour des volumes entiers comprenant l'encéphale et le crâne.

2.2.4 Recalage fondé sur l'information volumique

Dans les méthodes précédentes, on n'utilise qu'une partie de l'information disponible, c'est-à-dire des points de repère ou des surfaces caractéristiques. Ceci était en partie justifié par le fait que jusqu'à une époque récente, la puissance des ordinateurs ne permettait guère de faire mieux. Maintenant que le progrès technologique a fait son office, la puissance des stations de travail permet d'utiliser toute l'information dont on dispose, c'est-à-dire tout le volume.

En général ces méthodes s'appuient sur le choix d'une fonction qui mesure la qualité du recalage. On essaye ensuite d'optimiser cette fonction en recherchant la translation et la rotation optimale. Malgré l'utilisation d'algorithmes performants pour cette recherche, ceci reste l'étape la plus coûteuse en terme de calcul. C'est pour cela que des techniques telles que le recalage multi-échelle ont été développées. Le processus commence à une faible résolution, on recalc ainsi les données plus rapidement, puis on augmente progressivement la résolution jusqu'à utiliser la résolution initiale.

De nombreux auteurs ont proposé des fonctions de qualité du recalage. On peut les classer en deux grandes catégories[3] : la première correspond à la minimisation d'un critère de distance ou de corrélation statistique entre les images[16], la deuxième correspond à l'information mutuelle[17]. Les auteurs ont montré que dans ce cas, l'information mutuelle était un critère puissant pour recalibrer des images multimodales sans segmentation préalable. Roche et coll. ont montré que dans certains cas, une métrique fondée sur le rapport de corrélation entre deux images, était plus robuste que l'information mutuelle[18].

Méthode de Woods pour le recalage TEP-TEP

L'hypothèse de base pour cette méthode[16] de recalage est la suivante : si les deux images sont parfaitement recalées, le rapport voxel à voxel entre les deux images est constant.

Pour calculer la fonction de qualité de recalage, on choisit un volume en tant que référence, on note a_i ses voxels, et l'autre volume en tant que volume à recaler, on note b_i ses voxels. On suppose que les deux volumes sont échantillonnés à la même résolution.

On définit le rapport $r_i = \frac{a_i}{b_i}$ pour chaque voxel. D'après l'hypothèse, il faut homogénéiser les valeurs r_i . Pour cela on prend l'écart type de r_i , et r_{moy} la moyenne des r_i .

On a alors :

$$r_{moy} = \frac{\sum_i r_i}{n} \quad i \in V \quad (2.7)$$

n étant le nombre de voxels ; l'ensemble de sommation V sera défini précisément plus loin.

$$\sigma_r = \sqrt{\sum_i (r_i - r_{moy})^2} \quad i \in V \quad (2.8)$$

La fonction de mesure de la qualité de recalage sera :

$$F = \frac{\sigma_r}{r_{moy}} \quad (2.9)$$

Il faut donc chercher à minimiser cette fonction pour avoir un bon recalage. Ce calcul s'applique uniquement aux voxels i compris à l'intérieur du cerveau du volume pris comme référence. Pour cela, on procède par une méthode empirique. D'après l'histogramme des niveaux de gris, on choisit tous les voxels dont la valeur dépasse 21,5% de la valeur maximum. Cet ensemble de voxels est l'ensemble V .

Cette méthode a été mise au point pour le recalage de séries d'acquisition TEP de même modalité sur un même patient. Elle fonctionne bien dans ce cas. C'est un algorithme assez rapide (un recalage est effectué en quelques minutes), mais il peut subir des améliorations notamment sur la minimisation de la fonction.

Méthode de Woods pour le recalage IRM-TEP

La principale raison pour laquelle la première méthode de Woods ne marche pas pour le recalage IRM-TEP est que l'hypothèse du facteur multiplicatif constant entre les deux images n'est pas respectée. En effet, selon les modalités, les différents tissus (matière blanche, matière grise, LCR, etc.) réagissent différemment. Ainsi, on observe qu'il ne faudrait pas un facteur multiplicatif constant pour tous les tissus, mais un facteur particulier pour chaque type de tissu[16] .

On pourrait envisager une segmentation des images anatomiques et essayer le premier algorithme de recalage sur chaque sorte de tissu, or malheureusement cette segmentation n'est pas encore envisageable.

L'hypothèse de cette nouvelle méthode de recalage est la suivante : chaque valeur particulière de voxel pour l'IRM représente un tissu particulier et ce tissu est représenté par une valeur constante sur la TEP. Cependant on remarque que pour les IRM, il est utile d'effectuer une segmentation (qui se fait manuellement généralement, même si la segmentation automatique tend à se généraliser) des structures qui n'appartiennent pas au cerveau (crâne, os, méninge, etc.).

La nouvelle fonction de mesure de qualité du recalage se définit maintenant ainsi : pour chaque voxel i avec la valeur j sur l'IRM, on note a_{ij} la valeur correspondante du voxel TEP. On suppose que les deux volumes sont échantillonnés à la même résolution. On calcule :

$$a_j^0 = \frac{\sum_i a_{ij}}{n_j} \quad (2.10)$$

Avec n_j nombre de voxels de valeur j .

$$\sigma_j = \sqrt{\sum_i (a_{ij} - a_j^0)^2} \quad (2.11)$$

Ensuite on définit :

$$\sigma_j^0 = \frac{\sigma_j}{a_j^0} \quad (2.12)$$

La valeur σ_j^0 est l'analogie de l'écart type pour la méthode de recalage décrite au paragraphe

précédent (recalage TEP-TEP). On note n_j le nombre total de voxels du cerveau sur l'IRM de valeur j . On a

$$N = \sum_j n_j$$

Enfin on définit la fonction de mesure de recalage par :

$$\sigma'' = \sum_j \frac{\sigma_j^0 \cdot n_j}{N} \quad (2.13)$$

qui est la fonctionnelle à optimiser.

Comme pour la méthode de recalage TEP-TEP, on ne prend pas en compte tous les voxels pour le calcul. Il faut chercher à n'utiliser que les voxels appartenant au cerveau. Donc on pratique une édition du cerveau sur l'IRM, tous les voxels en dehors du cerveau sont mis à zéro. Le niveau de gris du volume IRM est alors codé sur 8 bits (valeurs de 0 à 255). On ne prend en compte que les voxels de valeurs non nulles.

La méthode converge en général. Dans de très rares cas, elle se met à osciller entre deux valeurs. Quand ce cas est détecté, un point intermédiaire est calculé par interpolation. D'autres cas de boucle infinie sont possibles, mais plutôt que d'essayer de tous les détecter, un nombre maximum d'itérations est fixé.

Dans les deux méthodes de recalage, la recherche des extrema est la même. Il s'agit de la recherche d'extrema sur une fonction à plusieurs paramètres. La méthode utilisée est celle de Newton-Raphson [15]. L'autre difficulté intervenant dans ce calcul d'optimisation est le temps de calcul. Pour améliorer celui-ci, on applique une recherche multi-échelle. Dans ces méthodes la recherche commence sur un volume qui ne prend qu'un voxel sur 81, puis arrivé à stabilisation, on prend un voxel sur 27, 9, 3 et enfin tous les voxels pour terminer. Cette recherche multi-échelle permet non seulement d'accélérer le calcul mais aussi de s'affranchir du problème des minima locaux.

2.2.5 Recalage par mesure de l'information mutuelle

Plusieurs auteurs ont proposé d'optimiser plutôt un critère d'information mutuelle plutôt que des mesures statistiques[19] . Ceci donne un critère plus puissant pour recalcr des images

multimodales sans segmentation préalable. Cependant, il reste encore des cas où la métrique fondée sur le rapport de corrélation entre deux images (méthode de Woods par exemple) est plus robuste que l'information mutuelle[18].

Si on considère deux variables aléatoires A et B avec une distribution de probabilité marginale $P_A(a)$ et $P_B(b)$ et une distribution de probabilité jointe $P_{AB}(a, b)$ elles sont statistiquement indépendantes si $P_{AB}(a, b) = P_A(a) \times P_B(b)$. L'information mutuelle $I(A, B)$ mesure le degré de dépendance de A et de B par la mesure de distance entre la distribution jointe et la distribution associée en cas de complète indépendance, ce qui se traduit par la mesure de Kullback-Leibler[23] :

$$I(A, B) = \sum_{a,b} P_{AB}(a, b) \log \frac{P_{AB}(a, b)}{P_A(a) \times P_B(b)} \quad (2.14)$$

L'information mutuelle assure une très grande indépendance vis-à-vis des données ce qui assure un recalage multimodalité complet et très robuste. Maes et coll.[19] démontrent notamment une très grande résistance pour les images dégradées.

Pour mieux évaluer la robustesse et la précision de cette méthode, il reste à étudier l'influence des méthodes d'interpolation et d'échantillonnage pour le calcul des transformations sur la pertinence des résultats.

2.2.6 Recalage d'images multimodales par maximisation du rapport de corrélation

Dans l'essentiel des méthodes abordées ici, c'est l'approche empirique qui domine. Un essai de théorisation a été fait par A. Roche[18]. Dans un premier temps il introduit un formalisme statistique pour décrire chacune des méthodes existantes. Il classe les méthodes actuelles en quatre grandes catégories : l'information mutuelle, le rapport de corrélation, le coefficient de corrélation et l'opposé du critère de Woods. Après une évaluation sur des recalages multi-modalités (IRM, TEP et scanner) l'auteur montre que les méthodes à base de rapport de corrélation et d'information mutuelle donnent de meilleurs résultats que le coefficient de corrélation et le critère de Woods, qui est encore souvent admis comme étant la meilleure méthode.

2.3 Comparaison et évaluation des techniques de recalage intermodalité d'images cérébrales

Comme nous venons de le voir, il existe un grand nombre de techniques de recalage. Chacune offre divers avantages et inconvénients. Le principal problème est l'évaluation, chacune de ces méthodes ayant été validée avec des techniques différentes. C'est pourquoi J. West propose une évaluation comparative commune de toutes ces méthodes. Le centre médical de l'université de Vanderbilt a fourni des images tridimensionnelles de patients sous trois modalités (scanner, IRM et TEP) sur lesquels ont été placés des marqueurs. Les traces des marqueurs ont été effacées sur les images qui sont proposées sur Internet à tous les collaborateurs de cette expérience. Ceux-ci, après avoir récupéré les images, opèrent le recalage de ces volumes à l'aide de leurs propres méthodes. Ils recalent les scanners sur les IRM et les TEP sur les IRM. Les résultats de ces recalages rétrospectifs sont renvoyés sur le site de Vanderbilt, où la précision de chaque recalage est évaluée. Dans cette évaluation la précision est mesurée sur de multiples volumes d'intérêt. Un volume d'intérêt est défini sur l'IRM et son centre c est déterminé. Puis le recalage initial est utilisé pour obtenir le point équivalent c^0 sur le scanner ou la TEP. En utilisant le recalage rétrospectif, on retrouve un point c'' sur l'IRM, on recueille alors les statistiques sur l'erreur de recalage en mesurant la différence entre le point c et c'' .

2.4 Recalage non-rigide

Dans certains cas comme par exemple le recalage inter-patient ou le recalage sur atlas numérique, le recalage rigide seul ne permet pas de superposer exactement deux images. Il faut alors opérer des déformations qui ne sont pas modélisables par des fonctions linéaires, d'où le nom de recalage non-rigide.

La notion de recalage non-rigide a été introduite par Bajcsy[20]. Sa méthode présente l'inconvénient majeur de ne pas toujours préserver la topologie pour les grandes transformations, donc Christensen[21] proposa une méthode basée sur les fluides visqueux qui résout ce problème. Cette méthode, s'appuyant sur la résolution par éléments finis d'équations non-linéaires, est lourde en terme de temps de calcul. C'est pourquoi Bro-Nielsen[22] propose une optimisation de la résolution des équations en utilisant des filtres linéaires.

2.4.1 Première approche : Bajcsy

Bajcsy et Kovacic[20] proposent une méthode de déformation élastique multirésolution, où chaque cycle de la déformation consiste en la réduction de l'image, l'extraction des caractéristiques et la déformation d'un modèle sur les données. Il a appliqué cette théorie sur des images scanner cérébrales. L'état d'équilibre pour un corps homogène isotrope est décrit par les équations différentielles partielles issues de l'équation de Navier-Stokes [24] et servent d'équations de contraintes pour la déformation élastique :

$$\mu \nabla^2 u_i + (\lambda + \mu) \frac{\partial \theta}{\partial x_i} + F_i = 0 \quad (i = 1, 2, 3)$$

avec θ le coefficient de dilatation cubique :

$$\theta = \frac{\partial u_1}{\partial x_1} + \frac{\partial u_2}{\partial x_2} + \frac{\partial u_3}{\partial x_3}$$

et

- $x = (x_1, x_2, x_3)^T$ sont les coordonnées du point avant déplacement,

- $u = (u_1, u_2, u_3)^T$ est le déplacement voulu,

- $F = (F_1, F_2, F_3)^T$ sont les forces extérieures distribuées sur le corps,

- $(\lambda + \mu)$ sont les contraintes élastiques de Lamé mieux connues grâce au module d'Young :

$$E = \frac{\mu(3\lambda + 2\mu)}{\lambda + \mu}$$

et

$$\sigma = \frac{\lambda}{2(\lambda + \mu)}$$

est le rétrécissement latéral sur l'étirement longitudinal.

Pour les corps réels, σ vaut environ 1/3.

Cette méthode est élégante d'un point de vue mathématique mais nécessite un temps d'exécution élevé.

2.4.2 Approche basée sur les fluides visqueux

Christensen après une comparaison de différentes approches [21], propose l'utilisation d'une approche basée sur les fluides visqueux. On note h la transformation qui opère la mise en correspondance :

$$h : x = (x_1, x_2, x_3) \mapsto h(x) = (x_1, x_2, x_3) + (u_1(x), u_2(x), u_3(x))$$

Le champ de vecteur $u(x) = (u_1(x), u_2(x), u_3(x))$ paramétrise la transformation.

On introduit un champ auxiliaire aléatoire $v(x, t), x \in \Omega, t \in [0, T]$ où Ω est l'ensemble qui définit le champ de vue et t introduit une notion de temps. On a alors :

$$v(x, t) = \frac{du(x, t)}{dt} = \frac{\partial u(x, t)}{\partial t} + (\mathbf{r} \cdot \nabla u(x, t))^T v(x, t)$$

pour $t \in [0, T]$.

L'équation aux dérivées partielles correspondante pour ce problème variationnel est :

$$\alpha \nabla^2 v(x, t) + \beta \mathbf{r} \cdot \nabla v(x, t) = b(x) + u(x, t) \quad (2.15)$$

avec comme conditions aux frontières : $v(x, t) = 0$ pour $x \in \partial\Omega$ et $t \in [0, T]$, $\partial\Omega$ représentant la frontière de l'ensemble Ω . Les coefficients α et β sont les constantes de viscosité et b représente la force du corps déformant le fluide.

L'équation (2.15) est non linéaire sur l'ensemble $\Omega \times [0, T]$ et est résolu par N équations aux dérivées partielles linéaires pour des temps fixés à $t = n\Delta t$, où $n = 0, \dots, N-1$ et $\Delta t = \frac{T}{N}$. On commence la résolution avec $t = 0$ et $u(x, t = 0) = 0$. Ces équations sont résolues par la méthode SOR (successive overrelaxation).

Le principal problème de cette méthode reste la résolution de ces équations qui nécessite une machine massivement parallèle (DECmpp 12000Sx, Maspar). Mais elle s'accommode de déplacements importants et de déformations non linéaires en assurant une transformation homéomorphique.

2.4.3 Méthode des démons de Maxwell

La méthode des démons de Maxwell s'appuie sur l'hypothèse que les déplacements sont faibles. Elle est inspirée de la physique des flux optiques qui s'appuie sur cette équation différentielle :

$$v = \mathbf{i} \frac{\frac{dI}{dt}(p)}{\mathbf{k} \nabla [I(t)](p) \mathbf{k}^2} \nabla [I(t)](p)$$

où v est la vitesse du flux, I est l'image référence, p représente un pixel de l'image.

En faisant l'hypothèse que les déplacements entre l'image I , image référence, et l'image J , image à recaler, sont faibles, on arrive à montrer que le recalage consiste à itérer la résolution de cette équation :

$$u_{n+1}(p) = \frac{I(p) \mathbf{i} \cdot J \pm T_n(p)}{\mathbf{k} \nabla I(p) \mathbf{k}^2} \nabla I(p) \quad (2.16)$$

où $u(p)$ est le déplacement d'un point de l'image, T est la transformation à appliquer sur l'image J qui peut se définir par rapport à u par $T = Id + u$. On initialise le calcul avec $T = Id$. Cette formule (2.16) présente l'inconvénient d'être instable, c'est pourquoi Christensen[21] propose de renormaliser cette équation en :

$$u_{n+1}(p) = \frac{I(p) \mathbf{i} \cdot J \pm T_n(p)}{\mathbf{k} \nabla I(p) \mathbf{k}^2 + \alpha^2 (I(p) \mathbf{i} \cdot J \pm T(p))^2} \nabla I(p)$$

où α est un facteur d'homogénéisation positif.

Cette méthode donne des résultats corrects pour un temps de calcul acceptable. Bien sûr elle nécessite un recalage solide avant son utilisation. Pour l'instant seuls des critères locaux sont utilisés, d'autres critères pourraient être employés mais ceci risque d'augmenter la complexité et le temps des calculs.

2.5 Conclusion

Nous avons bénéficié d'une étude bibliographique très large débutant par énoncer le concept de base du recalage, citer ses différents types, exposer toutes les étapes de ce processus, à savoir la nature des amers à mettre en correspondance, le type de transformations, la fonction de

similarité modélisant l'interaction entre les variables à estimer et les données observées.

Toutes les méthodes décrites dans ce paragraphe (recalage non-rigide) font appel à un formalisme assez complexe et nécessitent l'utilisation de méthodes de résolution mathématique coûteuses. De plus, beaucoup d'entre elles traitent d'importantes déformations, ce qui n'est pas le cas dans notre travail . C'est pourquoi nous nous sommes tournés vers les méthodes qui nécessitent moins de calcul au prix d'une précision moindre mais qui est suffisante pour notre application.

Chapitre 3

Analyse des Méthodes de Recalage

3.1 Introduction

Dans le cas de l'imagerie par résonance magnétique (IRM), les images produites sont parfois difficiles à interpréter car elles peuvent être perturbées lors du processus d'acquisition. Ainsi, dans ce domaine très important, il faut prendre le maximum de précautions. En effet, nous pouvons noter que les experts eux-mêmes peuvent parfois être en désaccord et demander d'autres analyses dans le cas de diagnostic difficile. Partons donc de la nécessité de la complémentarité, il serait utile de faire un recalage, une mise en correspondance des structures anatomiques servant par la suite à la réalisation de leur fusion. Alors le recalage d'images consiste à trouver la transformation qui aligne exactement deux images. Ces images présentent en général des différences qui peuvent rendre le recalage difficile. Des structures anatomiques clairement visibles sur une image peuvent par exemple être altérées ou même inexistantes sur l'autre image. Ces différences sont encore plus flagrantes dans le cas d'un recalage multimodal (eg. IRM-CT) où les images sont très peu similaires les unes des autres.

Le plan de ce chapitre est composé en deux parties :

La première partie sera consacrée à détailler la démarche suivie pour le recalage géométrique. En effet, nous allons tout d'abord expliquer la manière avec laquelle nous pouvons extraire la forme du cerveau utilisée pour guider les deux algorithmes de recalage géométrique. (Centres et axes principaux est Iterative Closest Point 'ICP').

Dans la deuxième partie qui traitera le recalage dense, nous présenterons le type de transfor-

mation ainsi que les critères de similarité pouvant être utilisés, à savoir le critère des moindres carrés et de corrélation . Nous présenterons après la méthode de l'information mutuelle pour décider quel critère de similarité nous allons adopter pour le recalage multimodal.

3.2 Méthode de recalage géométrique

Le recalage géométrique, comme son nom l'indique, s'appuie sur l'extraction de primitives géométriques. Dans notre travail, nous allons nous intéresser aux primitives intrinsèques.

Ce type de recalage s'effectue en deux étapes. La première est une étape de segmentation , visant à extraire de chacune des deux images des structures homologues tels que par exemple l'extraction du contour du cerveau présentant la caractéristique intrinsèque qui va guider notre recalage géométrique.

Dans un deuxième temps, nous allons chercher la transformation effectuant le meilleur alignement de ces contours au sens d'un critère donné basé sur la mesure des distances entre le point c et c^0 . les deux centres des primitives géométriques.

3.2.1 Extraction de la forme du cerveau

Dans l'imagerie médicale on doit permettre de détecter une représentation fidèle de la surface de la tête. L'extraction du contour de cette surface est réalisée grâce à un ensemble d'opérations morphologiques consistant tout d'abord en un seuillage suivi d'une opération de dilatation / érosion, et enfin une détection du contour de la surface obtenue.

Seuillage

Le but du seuillage (appelé aussi binarisation) est de mettre en avant tous les éléments de l'image respectant un critère de sélection défini sur son histogramme. Cette étape élimine une grande partie du bruit de fond non significatif, et permet de faire apparaître la surface du cerveau sous forme binaire dont la frontière représente de façon précise le contour du cerveau., et ceci en choisissant un seuil convenable. En effet, la valeur de seuillage doit être un compromis assurant l'élimination de plus de bruit possible sans pour autant altérer les données significatives.

Il est à souligner qu'une mauvaise binarisation influence directement le recalage puisque c'est de la surface binarisée que nous pouvons extraire le contour à recaler.

Dilatation / Érosion

La morphologie mathématique consiste à comparer l'image à analyser à l'aide d'un ensemble d'éléments structurants que nous déplaçons de façon à ce que leur origine passe par toutes les positions de l'image, pour mettre en évidence certaines de ses caractéristiques.

En suivant ce principe, il est alors possible de rechercher la plus grande, ou la plus petite valeur, dans le domaine de l'image défini momentanément par la présence de l'élément structurant, et l'affecter au pixel de l'image sur lequel le centre de l'élément structurant est positionné. Nous distinguons donc dans ce cas soit l'opération de dilatation, soit l'opération d'érosion.

Dilatation

Elle consiste à parcourir l'image et lorsque nous tombons sur un pixel appartenant au fond, nous regardons ses voisins en utilisant le parcours semi aléatoire. Nous prenons alors celui qui a le haut niveau de gris et nous l'assignons au pixel ayant les mêmes coordonnées dans la surface résultat.

Erosion

Elle consiste à parcourir l'image et lorsque nous tombons sur un pixel n'appartenant pas au fond, nous regardons ses voisins en utilisant le parcours semi aléatoire. Nous prenons alors celui qui a le petit niveau de gris et nous l'assignons au pixel ayant les mêmes coordonnées dans la surface résultat.

La dilatation suivie de l'érosion nous assure de conserver une description exacte de la surface du cerveau.

Détection du contour

La détection du contour peut être réalisée grâce à des approches contour classiques de segmentation d'images. Ces approches de détection de contour consistent à balayer toute l'image avec une fenêtre définissant la zone d'intérêt. A chaque position, un opérateur est appliqué sur

les pixels de la fenêtre afin d'estimer s'il existe une transition significative au niveau de l'attribut choisi.

Plusieurs opérateurs gradient simples basés sur les approximations discrètes des dérivées de premier ordre ont été proposés tels que l'opérateur de Robert, l'opérateur de Prewitt et l'opérateur de Sobel.

L'organigramme (Fi.3-1) illustre toutes les étapes à suivre pour assurer l'opération d'extraction du contour du cerveau servant par la suite au déroulement de l'algorithme (Centres et axes principaux) est de l'algorithme ICP.

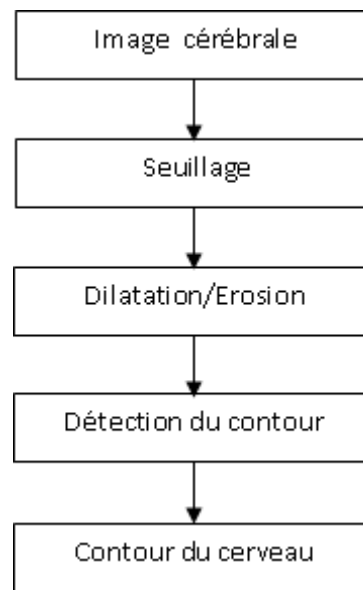


Fig. 3-1 – Organigramme d'extraction de la forme du cerveau

3.2.2 Algorithme du recalage géométrique (Centres et axes principaux)

Le problème de la mise en correspondance géométrique de données consiste à déterminer l'alignement relatif correct des ensembles de données en se basant uniquement sur leurs formes.

Etape 1 :

Tout d'abord, nous devons calculer les centres de gravité de la surface de référence et de la surface mobile.

Soit C_m , le centre de gravité de l'objet m ($m \in \{1, 2\}$), (l'image 1 étant fixe et l'image 2

mobile), de coordonnées (x_{c_m}, y_{c_m}) .

Soit (x_{i_m}, y_{i_m}) , les coordonnées des pixels de l'objet m (sélectionnés par seuillage ou détection de contour).

Alors les coordonnées de C_m sont telles que :

$$\begin{matrix} 2 & 3 \\ 4 & x_{c_m} & 5 \\ & y_{c_m} & \end{matrix} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \begin{matrix} 2 & 3 \\ 4 & x_{i_m} & 5 \\ & y_{i_m} & \end{matrix}$$

Etape 2 :

L'étape suivante consiste à tracer les deux axes perpendiculaire passant par le centre de gravité des deux surface.

L'organigramme (Fig 3-2) présente toutes les étapes nécessaires de l'algorithme (Centres et axes principaux), commençant par l'étape d'extraction du contour du cerveau jusqu'à trouver les paramètres de la transformation.

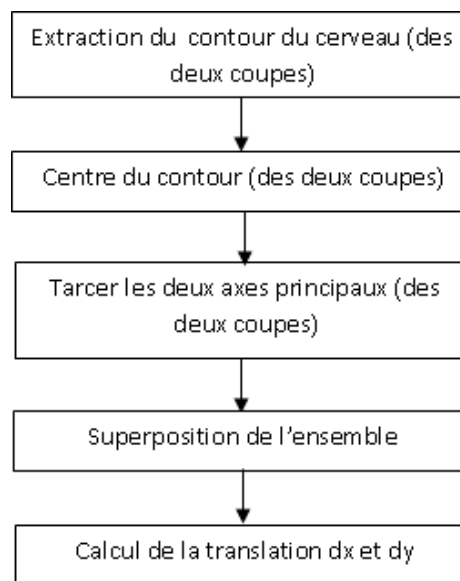


Fig. 3-2 – Déroulement de l'algorithme (Centres et axes principaux)

3.2.3 Algorithme Iterative Closest Point 'ICP'

Une des méthodes les plus performantes est l'algorithme itératif du point le plus proche ICP (Iterative Closest Point), proposé par Besl [28]. Cet algorithme procède d'une façon itérative, comme son nom l'indique. En effet, il optimise itérativement une transformation rigide qui minimise la distance entre deux ensembles de données (points, lignes, triangles, . . .) l'un appartenant à l'image de référence I_{ref} et l'autre à l'image à recaler I_{reca} . A chaque itération, les points correspondants les plus proches entre ces deux ensembles de données sont tout d'abord définis. La distance euclidienne des couples précédemment créés est ensuite minimisée par une transformation rigide.

Une présentation détaillée de l'algorithme ICP sera développée dans l'annexe C.

L'organigramme (Fig 3-3) récapitule toutes les étapes nécessaires pour le déroulement de l'algorithme ICP, commençant par l'étape d'extraction du contour du cerveau jusqu'à trouver la transformation optimale vérifiant l'alignement le plus satisfaisant entre les deux images.

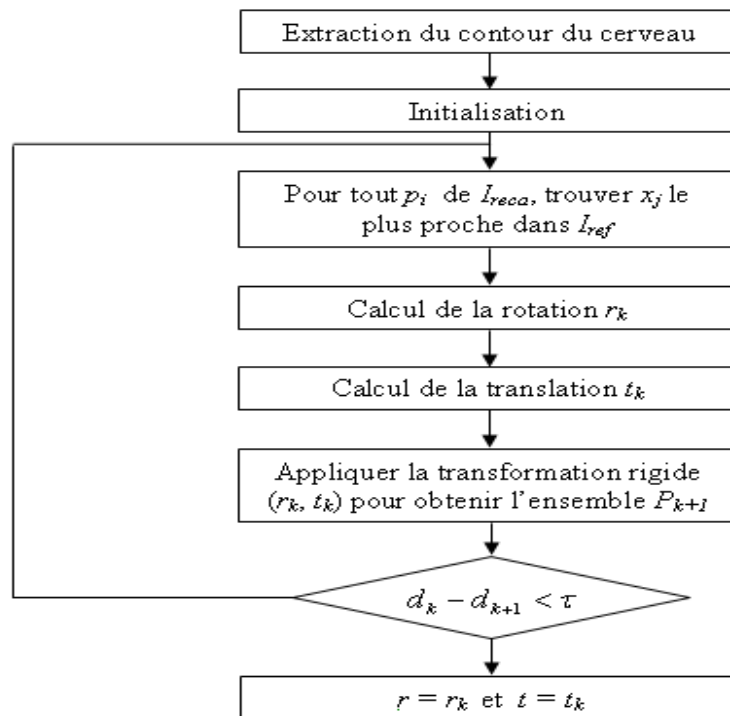


Fig. 3-3 – Déroulement de l'algorithme ICP

3.3 Méthode de recalage dense

Le principe des méthodes du recalage dense est de chercher une transformation maximisant ou minimisant un critère de similarité au niveau pixel entre deux images. Puisque ces méthodes utilisent toute l'information portée par l'image, elles ne demandent donc pas l'extraction de primitives géométriques dans les images, et par la suite, elles évitent l'étape de segmentation. Nous commençons donc directement par la phase de transformation par rapport à l'image de référence. Dans la suite, le type de transformation ainsi que les critères de similarité appliqués sont présentés.

3.3.1 Transformation rigide

La première question qui se pose et à laquelle nous nous intéressons dans ce paragraphe concerne la transformation à rechercher entre les images. De manière générale, il est important pour la robustesse de l'algorithme de toujours rechercher la transformation la plus contrainte possible, de la même manière que la mesure de similarité la plus contrainte est toujours préférable. En effet, une transformation plus contrainte permet d'obtenir un paysage d'énergie à minimiser beaucoup plus convexe, évitant ainsi d'être piégé dans les minima locaux de l'énergie à minimiser. Ainsi, nous avons choisi dans notre processus d'effectuer un recalage dense s'appuyant sur une transformation rigide puisque ce type de transformation est le plus couramment employé dans le cas du recalage monomodal intra-patient car il conserve les distances, les angles et le parallélisme. voir plus de détails sur les Transformations géométriques en annexe A.

Une telle transformation, consiste en l'estimation d'une translation et d'une rotation permettant de transformer les coordonnées (x_1, y_1) d'un point d'une image en un point de coordonnées (x_2, y_2) de la manière suivante :

$$\begin{pmatrix} x_2 \\ y_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \cos \theta & -\sin \theta \\ \sin \theta & \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ y_1 \end{pmatrix}$$

avec $\begin{pmatrix} t_x \\ t_y \end{pmatrix}$ présente le vecteur de translation et θ présente l'angle de rotation.

3.3.2 Critères de similarité

La première difficulté inhérente à toutes les méthodes de recalage dense est le choix d'une mesure de similarité permettant d'expliquer au mieux les relations entre les intensités des images.

Critère des moindres carrés et de corrélation

La minimisation d'un critère de moindres carrés semble être une solution intuitive au problème de recalage de deux images. En effet, si deux images identiques A et B sont correctement alignées l'une avec l'autre, les différences d'intensités $A(x) - B(x^0)$ de chaque paire de pixels x et x^0 seront nulles. Si les deux images ne sont pas correctement alignées, ces différences $A(x) - B(x^0)$ augmenteront. Rechercher le maximum de vraisemblance f en minimisant le critère des moindres carrés $J(T)$ permet donc de recalquer deux images A et B .

$$J(T) = \sum_{x \in A \setminus B} [A(x) - B(T(x))]^2$$

De plus, en développant l'expression des moindres carrés, il est possible de prouver que cette méthode est en réalité équivalente à rechercher le maximum d'une fonction de corrélation entre les images A et B :

$$J(T) = \sum_{x \in A \setminus B} A^2(x) - 2A(x)B(T(x)) + B^2(T(x))$$

Si l'image B contient toujours les mêmes pixels, le terme $B^2(T(x))$ devient constant. Les termes au carré sont donc indépendants de la minimisation de T . Il ne reste alors que $J(T) = \sum_{x \in A \setminus B} -2A(x)B(T(x))$. Cette expression est la généralisation de la fonction de corrélation à n'importe quelle transformation T . Recalquer en minimisant le critère des moindres carrés est donc identique à recalquer en maximisant la fonction de corrélation, définie par :

$$\gamma_{AB}(T) = \sum_{x \in A \setminus B} A(x)B(T(x))$$

Dans le cas particulier d'un décalage sur un axe, $T(x) = x + t$. Dans le cas d'une translation sur deux axes, $T(x) = x + [tx, ty]^T$. Dans le cadre du projet, seule les déformations rigides seront considérées. La transformation T comportera donc un premier terme pour une rotation d'angle

θ et un second terme de translation t_x, t_y :

$$T(x) = \begin{pmatrix} \cos(\theta) & -\sin(\theta) \\ \sin(\theta) & \cos(\theta) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \end{pmatrix}$$

La fonction de corrélation varie en fonction de la surface commune des deux images $A \setminus B$. Plus cette surface est grande, plus la corrélation sera importante, mais si les images se superposent sur une petite surface, la corrélation sera faible. Afin d'éviter ce biais, il existe une normalisation à la fonction de corrélation. Elle consiste à diviser la fonction de corrélation par les valeurs maximales que peuvent prendre les deux images, soient par les fonctions d'autocorrélation :

$$\gamma_N(A, B) = \frac{\int_{x \in A \setminus B} A^0(x) B^0(T(x)) dx}{\int_{x \in A \setminus B} (A^0(x))^2 dx \int_{x \in A \setminus B} (B^0(T(x)))^2 dx}$$

Où A^0 et B^0 sont les intensités centrées sur les moyennes des images A et B , soit $A^0(x) = A(x) - \overline{A(x)}$, et $B^0(x) = B(x) - \overline{B(x)}$.

Il y aura maximum de la fonction de corrélation lorsque les images $A(x)$ et $B(T(x))$ seront les plus semblables. La vraisemblance à rechercher est donc la transformation T recalant au mieux les images $A(x)$ et $B(T(x))$. Pour maximiser la fonction de coût $J(T) = \gamma_{AB}(T)$, il faut théoriquement annuler sa dérivée $\frac{dJ}{dT}$. En pratique, la recherche du maximum peut se faire par des méthodes numériques ne faisant pas appel à la dérivée $\frac{dJ}{dT}$. Par exemple la méthode de Powell [15] utilise cette stratégie. Chaque dimension est optimisée tour à tour jusqu'à ce qu'il y ait convergence.

Contrairement aux méthodes alors courantes se basant sur la mesure des intensités de l'image, l'information mutuelle se base sur la quantité d'information que contiennent les images. Cette méthode s'avère être plus robuste au recalage d'images multimodales. Nous nous intéresserons à la qualité de la mesure de l'information mutuelle en la comparant à une mesure classique de recalage.

Maximisation de l'information mutuelle

Les méthodes vues, soient la minimisation des moindres carrés et la maximisation de la fonction de corrélation, supposent que les images à recaler ont des intensités similaires. En

et, si les intensités d'une même structure anatomique sont inversées dans les deux images (ie. les os dans des images IRM-CT), les différences d'intensité des images ne refléteront plus une mesure de la différence des images. Le minimum du critère des moindres carrés ne correspondra alors plus à la transformation rendant les images A et B les plus semblables. Similairement, si l'une des deux images contient des intensités inversées, la multiplication des intensités de deux images ne sera plus maximale au recalage des structures anatomiques. La valeur de corrélation sera maximale là où les pixels des deux images ont des intensités similaires. En inversant des intensités, les régions les plus claires ne sont plus aux mêmes positions. Les méthodes vues donc adaptées pour un recalage intra-modal, où les intensités des deux images sont supposées similaires. Pour des images multimodales, d'intensités inversées, ces méthodes se montreront inefficaces. Pour le recalage multimodal, les méthodes basées sur l'information mutuelle sont mieux adaptées.

L'information mutuelle est la quantité d'information d'une image contenue dans une seconde image. Ainsi, lorsque l'information mutuelle entre deux images est au maximum, elles sont identiques. Tenter de transformer une image de manière à ce qu'elle ressemble le plus à une seconde image peut donc se faire en maximisant leur information mutuelle. Avant d'expliquer l'information mutuelle, la notion d'entropie et de l'histogramme jointe sera d'abord introduite. Par la suite, la maximisation de l'information mutuelle sera présentée.

Entropie

L'entropie est la quantité d'information contenue dans une série d'événements. Une image A est par exemple constituée d'une série d'événements, des pixels, ayant tous une probabilité p_i d'avoir une intensité i . Plus une image est complexe, plus son entropie $H(A)$ est grande. Shannon propose une définition de l'entropie telle que :

$$H = - \sum_i p_i \log \frac{1}{p_i} = - \sum_i p_i \log p_i$$

La première expression montre bien que plus un élément est rare, plus il a de signification. Si une image est constituée de pixels de plusieurs tons de gris, l'image transporte une information plus importante qu'une image d'un ton unique. La définition de Shannon de l'entropie indique l'information moyenne que l'on peut s'attendre de chaque élément de l'image.

L'histogramme joint

Il s'agit de l'équivalent bi-dimensionnel de l'histogramme classique (Fig 3-4) de distribution des niveaux de gris d'une image. Il est calculé à partir de tous les points des deux images, ou du moins ceux de la partie recouvrante des images, et sert de base à la définition de critères statistiques.

D_r et D_f sont les domaines des intensités des images, typiquement 256 niveaux de gris.

La transformation spatiale est notée $T : R^d \rightarrow R^d$.

d : désigne la dimension des images (2D ou 3D).

$H_T(i, j)$: représente le nombre de points (pixels).

Nous notons n_{ij} la valeur de $H_T(i, j)$.

$n_i = \sum_j n_{ij}$ et $n_j = \sum_i n_{ij}$. et $n = \sum_i \sum_j n_{ij}$ la taille.

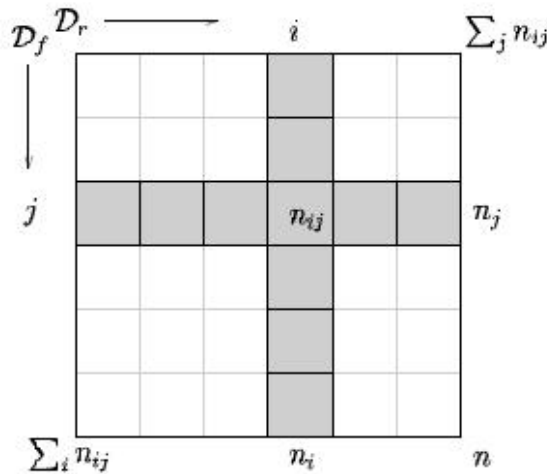


Fig. 3-4 – Notations pour un histogramme joint.

Information mutuelle

L'information mutuelle $MI(A, B)$ de deux images A, B , possède trois définitions équivalentes. Chacune d'elles permet d'expliquer différemment l'information mutuelle.

La première utilise la différence de l'entropie d'une image A et de l'entropie de la même image A sachant une autre image B :

$$\begin{aligned}
 MI(A, B) &= H(A) \text{ ; } H(A|B) \\
 &= H(B) \text{ ; } H(B|A)
 \end{aligned}$$

Ici, $H(A)$ mesure l'information contenu dans l'image A , tandis que $H(A|B)$ mesure la quantité d'information contenu dans l'image A lorsque l'image B est connue. L'information mutuelle correspond donc à la quantité d'information que l'image B possède sur l'image A , ou similairement, la quantité d'information que l'image A possède sur l'image B .

La seconde définition évoque la distance de Kullback-Leibler :

$$MI(A, B) = \sum_{a,b} p_{ab} \log \frac{p_{ab}}{p_a p_b}$$

Soit la mesure entre la distribution p_{ab} des images A et B et la distribution $p_a p_b$ où les images A et B sont indépendantes. Cette définition de l'information mutuelle mesure donc la dépendance des images A et B . Il y aura recalage lorsque les images A et B sont le plus semblables.

La troisième définition de l'information mutuelle est une combinaison des entropies de deux images, séparées et jointes :

$$MI(A, B) = H(A) + H(B) \text{ ; } H(A, B) \tag{3.1}$$

Les entropies séparées $H(A)$ et $H(B)$ mesurent la complexité des images A et B . L'entropie jointe $H(A, B)$ mesure la quantité d'information que les images A et B apportent en même temps. Si les images A et B sont proches, une image explique bien la seconde, et l'entropie jointe est minimale. L'entropie jointe est plus précisément l'entropie de l'histogramme joint des images A et B . Cet histogramme répertorie la correspondance des intensités des pixels entre deux images (Fig 3-5). Maximiser l'information mutuelle selon cette troisième définition revient donc à dire que le plus d'information est recherchée dans chaque image, tout en cherchant à faire ressembler les images A et B .

Lors de la réalisation du mémoire, cette dernière définition de l'information mutuelle (3.1)

sera utilisée. Néanmoins, cette fonction est biaisée par la surface commune des images recalées. Tout comme la fonction de corrélation, une normalisation de l'information mutuelle est proposée en utilisant une fraction de deux termes dépendant de la surface commune des deux images :

$$NMI(A, B) = \frac{H(A) + H(B)}{H(A, B)}$$

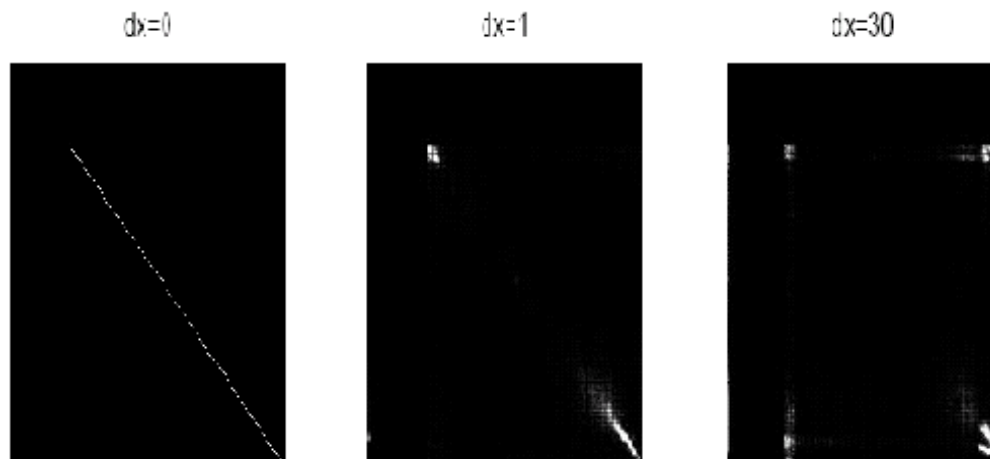


Fig. 3-5 – Histogramme joint de deux images, chaque coordonnée [i,j] indique le nombre de paires de points correspondants dans les deux images.

3.3.3 Méthode d'optimisation

Nous avons choisi d'utiliser une méthode itérative de Powell[15], qui pour chaque itération recherche alternativement pour chaque degré de liberté le maximum sur sa propre dimension. Ainsi, à la première itération, on trouve la meilleure translation en x, puis à partir de cette translation, on recherche la meilleure translation en y, puis à l'aide de ces deux translations mises à jour, on recherche la meilleure rotation. Puis on recommence la boucle en mettant à jour, pour chaque degré de liberté, les valeurs pour la recherche sur le prochain degré de liberté.

La recherche sur un degré de liberté est exécutée par dichotomie (la dichotomie (« couper en deux » en grec) est un processus itératif ou récursif de recherche où, à chaque étape, l'espace de recherche est restreint à l'une des deux parties) : on détermine si la valeur centrale est plus forte que les valeurs centrales de l'intervalle inférieur et de l'intervalle supérieur entourant cette

valeur centrale. Si la valeur centrale est plus forte, on resserre les bornes de recherche autour de ce point central, si non, on resserre les bornes autour du centre de l'intervalle qui avait la valeur centrale la plus forte. Et ainsi de suite, jusqu'à ce que les bornes se soient resserrées autour de la valeur finale pour chaque degré de liberté.

La recherche de l'optimum globale de l'information mutuelle, de la fonction de corrélation, ou même du critère des moindres carrés par la méthode de Powell ne garantit pas une convergence vers la solution souhaitée. Ces fonctions n'étant pas convexe, en optimisant la vraisemblance successivement sur chaque dimension jusqu'à convergence, cette méthode peut aboutir à un maximum local.

3.4 Avantages et inconvénients des méthodes de recalages usuelles

3.4.1 Avantages et inconvénients du recalage géométrique

Les méthodes de recalage géométrique sont peut être les plus aisées à appréhender. Leur fonctionnement est en effet très proche de la manière dont un être humain ferait la mise en correspondance.

Le principal avantage des approches géométriques est la manipulation d'une représentation compacte de l'image, ayant pour conséquence une charge calculatoire beaucoup plus faible que dans le cas des méthodes denses. De plus, ces méthodes ont l'avantage de permettre une certaine robustesse de l'algorithme par rapport par exemple au bruit dans les images, grâce à l'utilisation de primitives portant une information de haut niveau, souvent plus discriminante que l'information d'intensité et basée sur des considérations anatomiques.

Elles sont aussi capables de forcer la superposition exacte des structures anatomiques et de pouvoir injecter de la connaissance a priori lors de la détection manuelle ou semi manuelle des amers. Ces méthodes permettent enfin de s'affranchir des problèmes liés à l'acquisition de l'image (artefacts, mise en correspondance d'intensité).

En contre partie, l'inconvénient majeur de ces approches est lié à l'imprécision relative à l'extraction des primitives. En effet, ce type d'approche nécessite une étape de segmentation dont la précision du recalage dépend, et qui est souvent source d'erreurs. A noter que des erreurs sur peu de primitives peuvent entraîner, suivant le nombre de degrés de liberté, de

grandes erreurs dans la transformation. Plus la transformation sera complexe, plus ces erreurs pourront être grandes.

De plus, la transformation appliquée à l'image est uniquement basée sur des amers géométriques et non pas sur la totalité de l'information contenue dans l'image. Et par conséquent, construire une transformation sur tout le cerveau à partir de quelques points éloignés semble être également un problème difficile. Enfin, le fait que la détection des structures anatomiques est souvent manuelle ou semi-automatique engendre une part de subjectivité et une consommation de temps.

3.4.2 Avantages et inconvénients du recalage dense

A l'inverse des méthodes géométriques, les méthodes denses utilisent une information de bas niveau et ne nécessitent donc pas l'extraction de primitives géométriques dans les images. Ces méthodes ont été développées pour de nombreuses applications de mise en correspondance globale d'images.

L'avantage principal des méthodes denses est d'utiliser toute l'information portée par l'image, et d'estimer le champ de déformation sur l'ensemble de l'image. Ce type d'estimation permet d'éviter l'étape de segmentation, mais également de prendre en compte l'information issue de structures non discernables sur l'image. De plus, ces méthodes sont pour la plupart complètement automatiques.

Néanmoins, ces méthodes souffrent de plusieurs inconvénients. La première difficulté inhérente à toutes les méthodes de recalage dense est le choix d'une mesure de similarité permettant d'expliquer au mieux les relations entre les intensités des images, en particulier dans le cas d'images multimodales. De plus ce type de méthode entraîne le non garanti de la superposition des structures anatomiques.

Enfin, un dernier point négatif concerne le problème d'optimisation correspondant qui est bien plus difficile à résoudre que dans le cas des méthodes géométriques à cause de la présence de nombreux minima locaux d'énergie.

3.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons traité deux types de recalage à savoir le recalage géométrique, le recalage dense.

Nous avons défini dans un premier temps la façon qui permet l'extraction du contour du cerveau servant comme primitive géométrique pour le déroulement de l'algorithme (centres et axes principaux) est l'algorithme ICP. Ces deux méthodes constituent donc le recalage géométrique.

Ensuite, nous avons présenté le recalage dense tout en indiquant le type de la transformation employé ainsi que deux parmi les critères de similarité présents dans la littérature pour le recalage monomodal intra-patient, à savoir le critère des moindres carrés et la corrélation normalisée. Nous avons achevé cette partie par indiquer comment l'information mutuelle peut aider à déterminer la meilleure fonction de similarité conduisant à dégager la transformation optimale pour le recalage multimodal.

Chapitre 4

Mise en Œuvre des Méthodes de Recalage sur des Images IRM et CT

4.1 Introduction

Les applications nécessitant une phase de recalage sont nombreuses dans le domaine du traitement d'images médicales. Notre application se limite pour le moment à un recalage multimodal intra-patient des données anatomiques issues d'un imageur par résonance magnétique et un scanner. Le but primordial est en fait de valider notre approche de recalage, normalement susceptible d'être appliquée à diverses images médicales.

Dans ce chapitre, nous allons nous consacrer plus spécifiquement à une mise en œuvre des méthodes de recalage étudiées au niveau du troisième chapitre. nous allons appliquer l'algorithme du recalage géométrique sur différentes images IRM et CT.

La deuxième partie comportera des simulations pour différents critères de similarité dense afin de pouvoir distinguer le meilleur, parmi ces critères nous nous intéresserons à la qualité de la mesure de l'information mutuelle en la comparant à une mesure classique de recalage.

En fait, ce qui est très important est non pas de dire quel est le meilleur type de recalage, mais plutôt, et plus tard, de préciser la convenance de chacun de ces types de recalage aux diverses modalités à envisager.

4.1.1 Présentation des données de travail

Durant cette partie de mise en œuvre et de test des différentes approches de recalage, nous avons utilisé, des images IRM 2D d'un objet test, ainsi que des images IRM 2D de patients atteints de sclérose en plaques.

4.2 Mise en œuvre du recalage géométrique

Notre objectif dans cette étude est de trouver la transformation optimale recalant deux images IRM en se basant sur le calcul de la distance entre les différents points constituant leurs contours. Le but est d'atteindre une distance minimale permettant une bonne mise en correspondance.

4.2.1 Extraction de la forme du cerveau

La première tâche primordiale à réaliser pour effectuer une mise en correspondance se basant sur les formes géométriques consiste à une phase de segmentation faisant apparaître les différentes primitives géométriques. Pour notre étude, nous avons besoin d'extraire le contour externe du cerveau servant pour le calcul de la distance euclidienne entre ces deux centre c et c^0 .

Chacune des deux figures ci-après montrent les différentes étapes nécessaires pour aboutir à une extraction des structures homologues. Comme a été déjà signalé dans le chapitre précédent, ces étapes consistent à une opération de seuillage suivie d'une opération de dilatation/érosion, et finalement la détection du contour externe du cerveau en appliquant l'opérateur de Prewitt.

Exemple d'objet test(données "aberrantes" simulées) :

Nous avons réalisées une première série d'expériences, qui consiste à recalcr une image IRM 2D avec la même image translatée de $[x = -7 ; y = 8]$ sans rotation(Fig 4-1), les paramètres de recalage (connus dans ce cas) ont été comparés aux paramètres estimés pour juger de la précision du recalage.

La figure (4-1) illustre les étapes pour l'extraction du contour du cerveau et les paramètres de recalage des deux images de test.

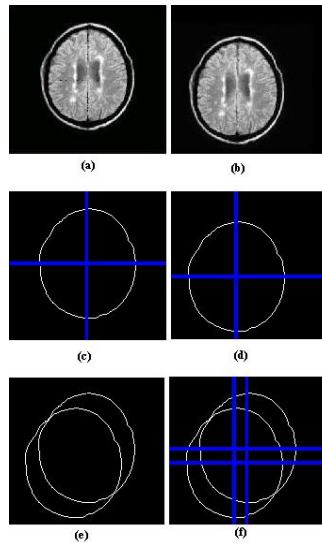


Fig. 4-1 – Extraction des paramètres de recalage.

Commentaire

La figure (4-1(a) et (b)) présente respectivement l'image prise comme une référence et l'image non recalée. Cette dernière est obtenue à partir de l'image (4-1(a)) après application d'une transformation géométrique.

La figure (4-1(c) et (d)) montre le résultat obtenu après la recherche du deux axes croisé perpendiculaire passant par le centre des deux images précédentes.

Enfin, la figure (4-1(e) et (f)) nous confirme que les paramètres de décalage entre ces deux figure peut être calculé.

Nous avons trouvé les mêmes paramètres appliqués au départ.

Méthodes	tx	ty
Recalage géométrique	i 7 pixel	8pixel

Exemple clinique :

Nous présentons un exemple de recalage d'une séquence de coupes IRM d'un patient souffrant de sclérose en plaques, présentant des évolutions de lésion au cours du temps (4-2(a)-(b)).

La figure (4-2) illustre les étapes pour l'extraction du contour du cerveau des deux images IRM 2D (cas clinique).

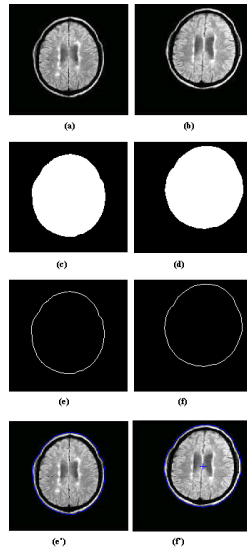


Fig. 4-2 – Extraction de la forme du cerveau des coupes IRM.

Commentaire

La figure(4-2(a) et (b)) représentent respectivement l'image prise comme référence et l'image non recalée.

La figure(4-2(c) et (d)) montre le résultat obtenu après binarisation des images précédentes. Nous remarquons ici que nous avons obtenu un ensemble connexe dont la frontière représente de façon précise le contour du cerveau lequel est détecté dans la figure (4-2(e) et (f)) grâce à l'opérateur de Prewitt.

Enfin, la figure (4-2(e') et (f')) nous confirme que le contour obtenu et l'image originale sont parfaitement confondus. Il est à préciser que la principale source d'erreur dans le recalage géométrique se manifeste dans l'étape de segmentation. En effet, tout décalage d'au moins un pixel influe d'une façon directe sur la précision du résultat.

4.2.2 Extraction des paramètres de recalage

La figure (4-3) illustre les étapes pour l'extraction des paramètres de recalage des images (Fig 4-2(e) et (f)).

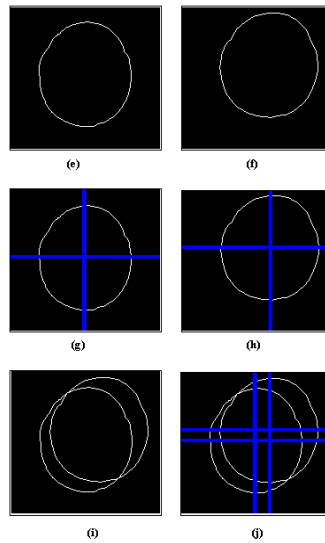


Fig. 4-3 – Extraction des paramètres de recalage des coupes IRM.clinique

Commentaire

La figure (4-3(g)et(h)) montre le résultat obtenu après la recherche du deux axes croisé perpendiculaire passant par le centre des deux images précédentes.

Enfin, la figure (4-3 (i) et (j)) nous confirme que les paramètres de décalage entre ces deux images peuvent être calculés directement.

Méthodes	tx	ty
Recalage géométrique	-7.5514pixel	5.7347pixel

L'image de référence et l'image recalée sont montrées respectivement par la figure (4-4).

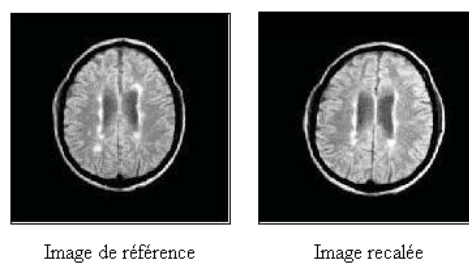


Fig. 4-4 – Résultat de recalage géométrique des coupes clinique

4.2.3 Recalage rigide basé sur l'algorithme ICP

Exploration de l'algorithme ICP pour les coupes (exemple clinique cité ci-dessus).

Comme a été énoncé dans le chapitre précédent, l'algorithme ICP permet de trouver la transformation optimale recalant deux images en essayant de chercher la distance euclidienne minimale entre les différents points appartenant aux contours.

Après simulation, nous avons pu dégager que pour un angle de rotation $\theta = 0$ et un vecteur de translation $\begin{pmatrix} t_x \\ t_y \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 6 \\ 8 \end{pmatrix}$. Ce qui est égale (à un pixel près) aux paramètres de transformation cités ci-dessus.

L'image de référence et l'image recalée sont montrées respectivement par la figure (4-5(a) et (b)). une superposition des deux contours a été présentée avant transformation (Fig 4-5-c) et après transformation (Fig 4-5-d).

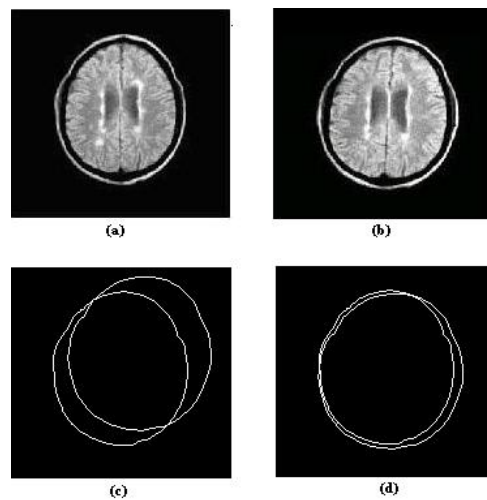


Fig. 4-5 – Recalage basé sur l'algorithme ICP des coupes (exemple clinique).

En effet, en examinant cette dernière figure(4-5(c)et(d)), nous remarquons que la distance entre les contours a diminué par rapport à celle avant transformation. Nous pouvons dire donc que l'alignement est satisfaisant.

4.2.4 Recalage rigide basé sur les points de contrôle

Nous avons étudié un algorithme de recalage basé sur les points de contrôle. C'est une méthode semi-automatique dans laquelle l'opérateur utilise une interface graphique pour sélectionner quelques paires de points de similarité (voir annexe B) entre les deux images (référence et non recalée). Ces points vont guider le recalage comme indiqué dans l'algorithme (Fig 4-6).

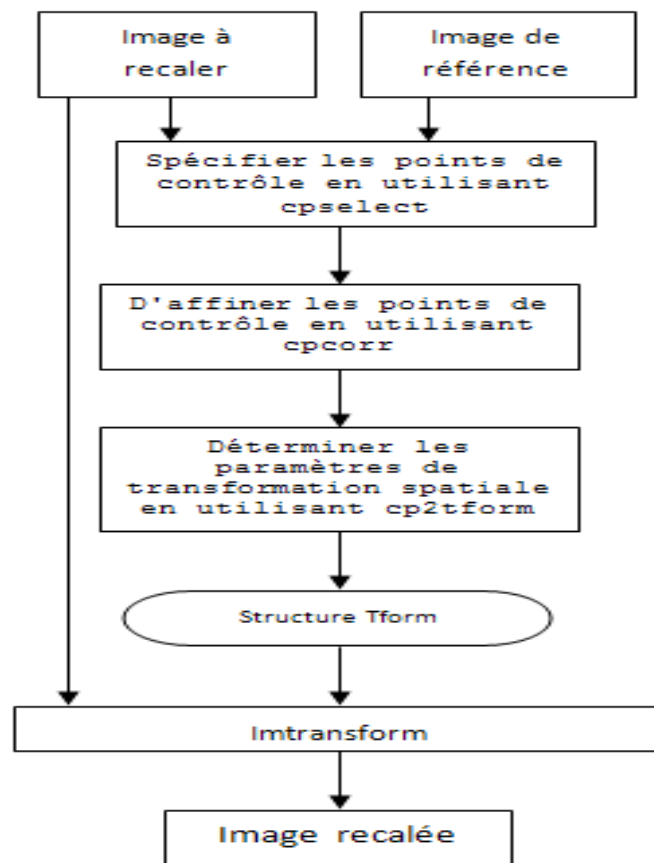


Fig. 4-6 – Déroulement de l'algorithme basé sur les points de contrôle

Remarque 4.1 *l'algorithme (figure 4-6) permet également un recalage souple il suffit alors d'appliquer une transformation non linéaire*

Recalage monomodal basé sur les points de contrôle

Exemple d'objet test (données "aberrantes" simulées) :

Nous avons appliqué une transformation rigide (une rotation = 13° et échelle de 0.7) sur l'image de référence et les résultats de recalage sont présentés par la figure (4-7).

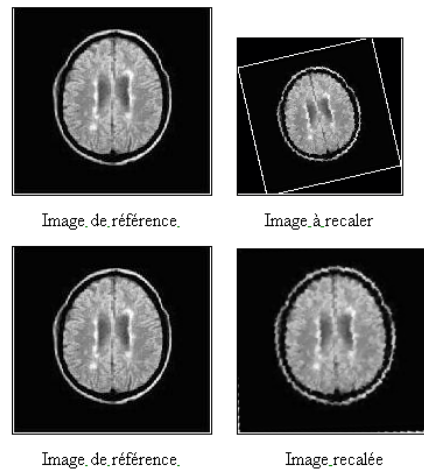


Fig. 4-7 – Résultat de recalage basé sur les points de contrôle des images IRM test.

Nous présentons dans la figure (4-8) interface graphique utilisée pour sélectionner un ensemble de paires de points utilisé pour guider l'algorithme de recalage.

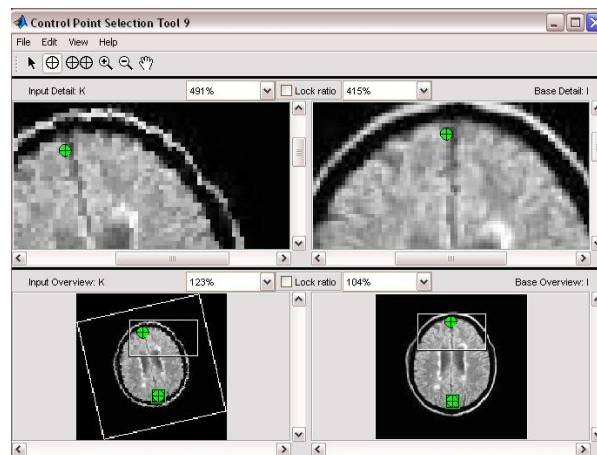


Fig. 4-8 – Interface graphique pour sélectionner les paires de points de contrôle.

Le tableau suivant, contenant les valeurs des paramètres de recalage, confirme bien les résultats obtenus.

Méthodes	scale	theta
Recalage géométrique(basé sur les pointes de contrôle)	0.6982	12.5924

Exemple clinique :

Nous présentons dans la figure (4-9) les résultats de recalage d'une séquence de coupes IRM d'un patient souffrant de sclérose en plaques, présentant des évolutions de lésion au cours du temps.

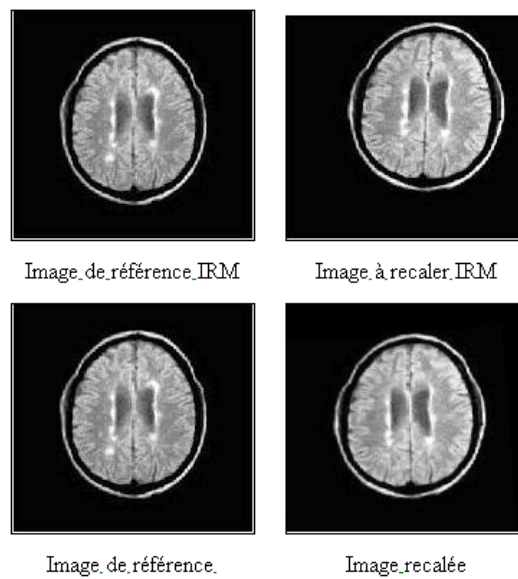


Fig. 4-9 – Recalage basé sur les points de contrôle des images IRM.

Nous présentons dans la figure (4-10) interface graphique utilisée pour sélectionner un ensemble de paires de points utilisé pour guider l'algorithme de recalage.

Le tableau suivant, contenant les valeurs des paramètres de recalage, affirme bien les résultats obtenus.

Méthodes	scale	theta
Recalage géométrique(basé sur les pointes de contrôle)	1.0111	-3.7973

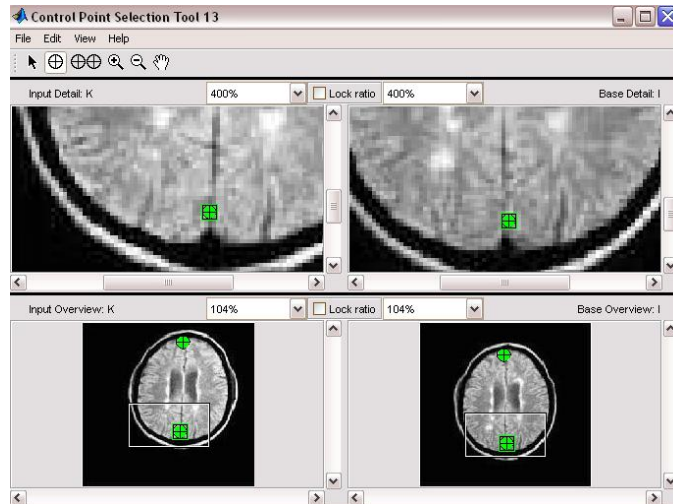


Fig. 4-10 – Présentation des paires des pointes de contrôle pour le recalage des images (4-5(a) et (b)).

Recalage multimodal IRM et CT basé sur les points de contrôle

Nous présentons dans la figure (4-11) les résultats de recalage entre une coupes IRM et CT multipatient.

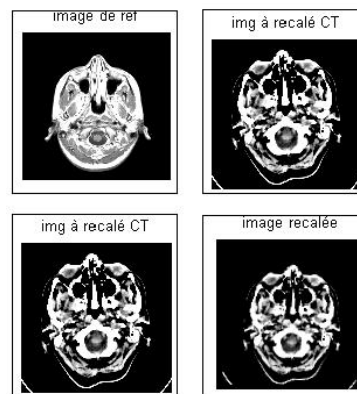


Fig. 4-11 – Résultat de recalge multimodal basé sur les points de contrôle.

Nous présentons dans la figure (4-12) l'interface graphique utilisée pour sélectionner un ensemble de paires de points utilisé pour guider l'algorithme de recalage.

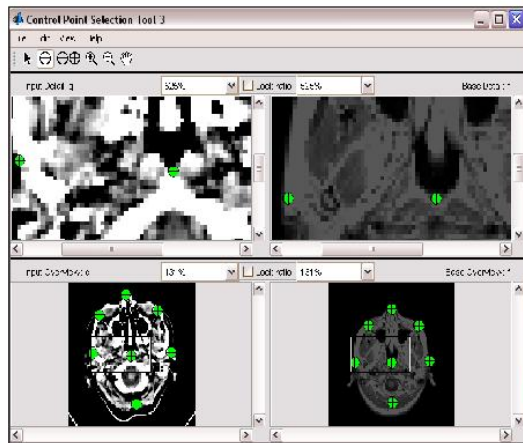


Fig. 4-12 – Présentation des paires des pointes de contrôle pour le recalage des images CT et IRM.

4.3 Mise en œuvre du recalage dense

Nous avons générés des courbes ou des surfaces pour présenter les différentes mesures de recalage étudiées. Ces courbes et surfaces sont de très bons outils pour prévoir le comportement d'un algorithme de recherche de maximum. Les faiblesses des mesures de recalage par corrélation au recalage multimodal seront montrées. Par la suite, l'amélioration apportée par l'information mutuelle.

4.3.1 Recalage monomodal par maximisation de corrélation

Toutefois, en effectuant le même test sur des images ayant des tons de gris identiques, le recalage par corrélation donne de bons résultats. Pour ce test, l'image du crane (Fig 4-13-a) est recalée avec la même image (Fig 4-13-b) translaturée de $[x = -7; y = 8]$ sans rotation. En reportant la valeur de corrélation de chaque translation $[x; y]$ sur une surface, le maximum de corrélation indique bien le bon recalage.

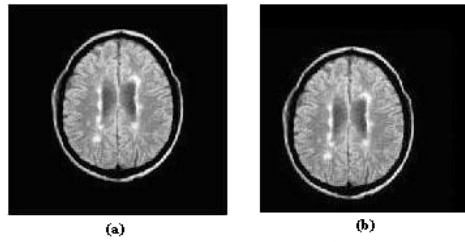


Fig. 4-13 – L'image de référence et l'image non recalée.

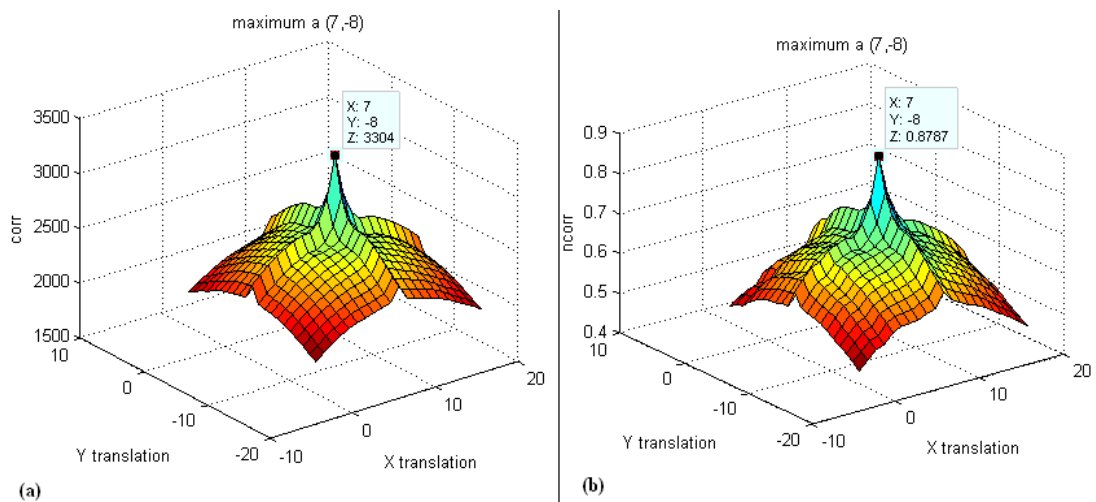


Fig. 4-14 – Mesure de corrélation et corrélation normalisée en fonction de la translation pour les images (fig 4-13 (a) et (b)).

Commentaire

En reportant la valeur de corrélation de chaque translation $[x ; y]$ sur une surface, le maximum de corrélation indique bien le bon recalage (Fig .4-14(a)). On remarque que la progression de la valeur de corrélation pour les différentes translations est très régulière et n'induit pas de maximums locaux.

Corrélation normalisée :

Les essais sur la corrélation normalisée ont montré des résultats semblables à ceux de la corrélation non-normalisée. Toutefois, certaines différences ont pu être remarquées. Pour un même test faisant varier les paramètres de translation sur l'image IRM, la fonction de corrélation

normalisée (Fig.4-14(b)) montre que le pic de corrélation maximale est beaucoup plus élevé que celui utilisant la fonction de corrélation non-normalisée.

4.3.2 Recalage multimodal par maximisation de corrélation

Nous avons tenté de recalibrer des images multimodales, multipatients à l'aide de la corrélation. Un scan CT et IRM d'un crâne (Fig 4-15(a)et(b)) sont utilisés pour ce test. La transformation idéale est trouvée ici empiriquement en traduisant de $[x = 0; y = 4]$.

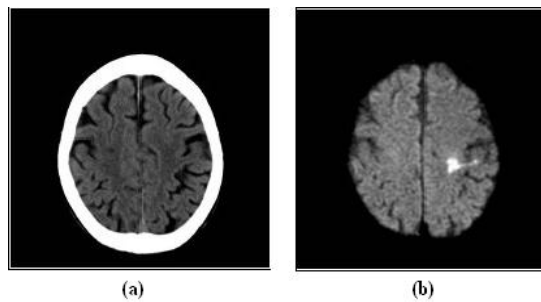


Fig. 4-15 – L'image de référence et l'image non recalée.

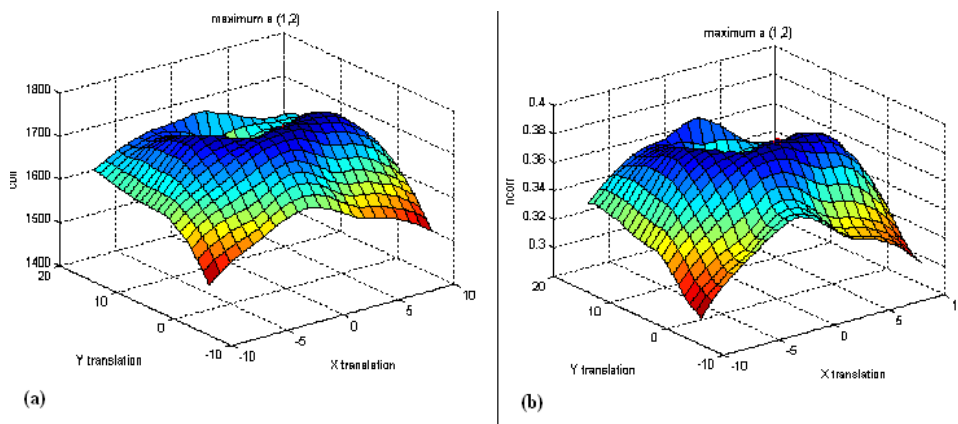


Fig. 4-16 – Mesure de corrélation et corrélation normalisée en fonction de la translation.pour les images(fig 4-15(a) et (b)).

Commentaires

En faisant varier les paramètres de translation et en reportant la mesure de corrélation sur

une surface (Fig 4-16(a)), le maximum de corrélation n'indique pas la transformation idéale. Il indique plutôt un anneau de valeurs maximales autour du recalage idéal, qui est situé au fond de la cuvette. Cet anneau de corrélation maximale correspond aux mesures pour lesquelles la région grise du cerveau sur l'image IRM chevauche la région osseuse blanche du crâne sur l'image CT. Cet essai montre très bien la difficulté reliée au recalage par maximum de corrélation. Ainsi, lorsque les images à recaler n'ont pas les mêmes tons de gris, la corrélation n'est plus fiable.

Corrélation normalisée :

Par contre, la corrélation normalisée ne règle pas le problème du recalage de l'image IRM sur l'image CT. La mesure de corrélation est encore très dépendant de l'intensité des tons de gris alignés.

4.3.3 Recalage monomodal par maximisation de l'information mutuelle

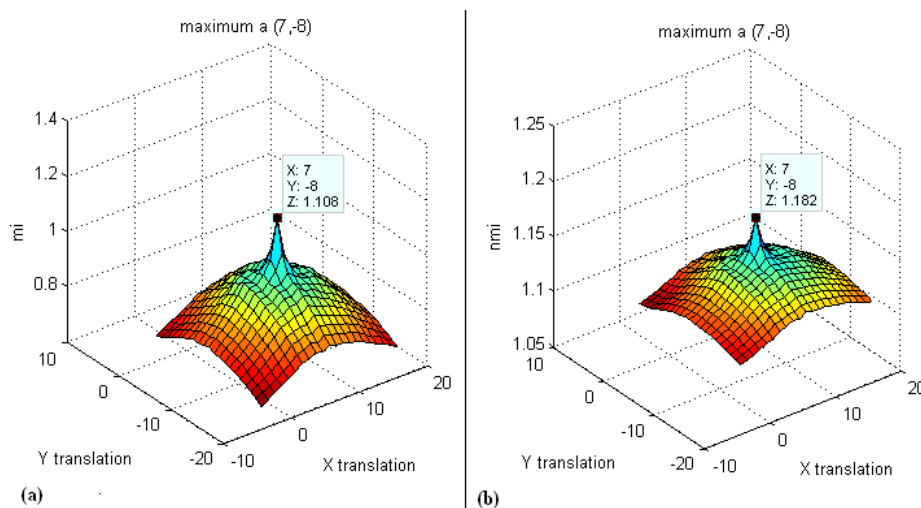


Fig. 4-17 – Mesure de l'information mutuelle et normalisée en fonction de la translation.pour les images(fig 4-13 (a) et (b)).

Commentaire

Le recalage de l'image IRM (cas monomodal) n'ayant pas posé de problème particulier avec la corrélation, la mesure de l'information mutuelle pour cette image s'est montrée d'aussi bonne qualité (voir fig 4-17).

4.3.4 Recalage multimodal par maximisation de l'information mutuelle

Le même test que précédemment faisant varier le paramètre de la translation sur les scans CT et IRM (fig 4-15(a)et(b)) du crâne.

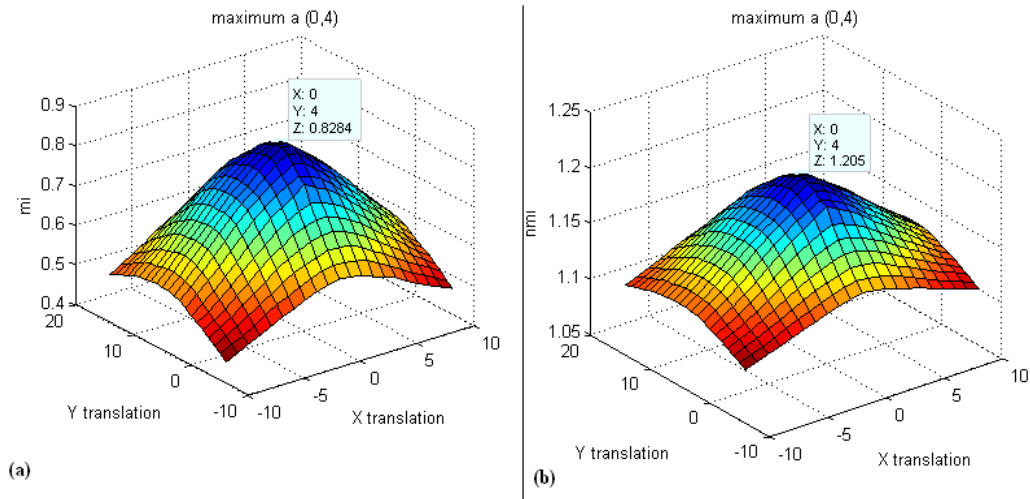


Fig. 4-18 – Mesure de corrélation et corrélation normalisée en fonction de la translation.pour les images(fig 4-15(a) et (b)).

Commentaires

La mesure de l'information mutuelle (Fig 4-18(a)) reste inchangée si on change les tons de gris de la forme qu'on tente de recalcr. Ce résultat est un très bon indice de la qualité supérieure de l'information mutuelle par rapport à la corrélation dans le recalage d'image de tons de gris différents.

Information mutuelle normalisée :

L'utilisation de l'information mutuelle normalisée (Fig 4-18(b))à la place de l'information mutuelle n'a pas montré d'amélioration apparente, le maximum des mesures de recalage indiquent la même transformation, et la largeur des pics maximaux est semblable.

4.3.5 Le paramètre de la rotation

Un second test tente de recalcr l'image du IRM (Fig 4-13(a)) et la même image bruitée tournée de 15°. Le bruit est ici gaussien centré et d'écart type $\sigma = 2$, en faisant varier le

paramètre de rotation, les perturbations dues à l'interpolation de l'image transformée font apparaître des maximums locaux de faibles amplitudes tout le long de la variation de l'angle de rotation. La mesure maximale indique toujours la transformation idéale de $[\theta = 15^\pm]$ (Fig.4-19(a)). En augmentant l'écart type du bruit gaussien à $\sigma = 25$ le maximum de l'information mutuelle continue à indiquer la transformation idéale (Fig.4-20(b)). Cette mesure semble donc être assez robuste au bruit.

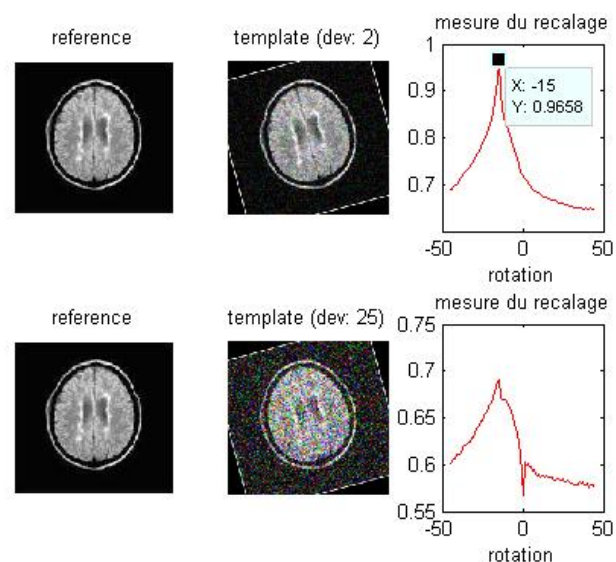


Fig. 4-19 – Mesure de l'information mutuelle en fonction de la rotation pour le recalage de l'image IRM.

Le même test que précédemment faisant varier le paramètre de rotation a été fait sur les scans CT et IRM du crâne. Ainsi, même pour des images ayant des contours moins nets, le maximum de l'information mutuelle indique toujours la transformation idéale de $[\theta=11^\pm]$.(Fig 4-20).

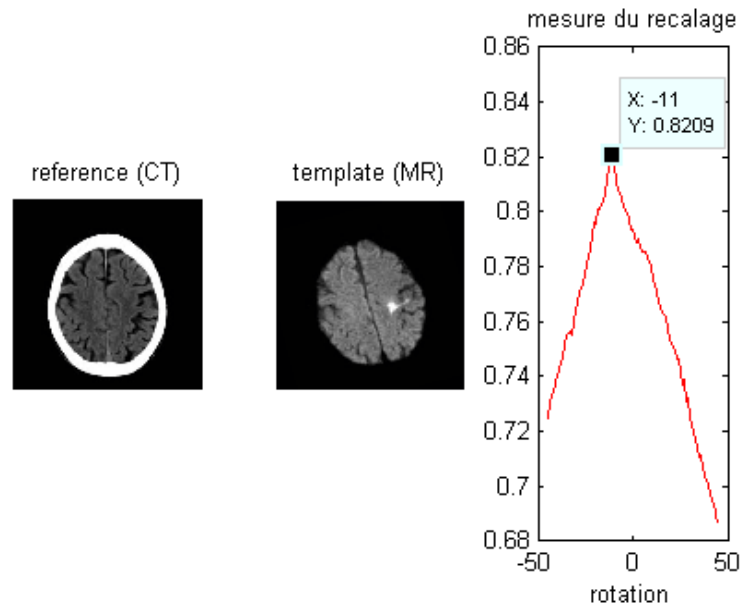


Fig. 4-20 – Mesure de l'information mutuelle en fonction de la rotation

4.3.6 Résultats de recalage par la méthode d'optimisation

Notre méthode d'optimisation pour la recherche du maximum nous a permis de déterminer rapidement un recalage idéal dans la plus part des cas la méthode permet de déterminer le maximum de l'indice utilisé (corrélacion, information mutuelle) pour un recalage à trois degrés de liberté (translation en x, en y et rotation).

Résultat 1 (Fig 4-21) :

Le module des gradients des deux images est affiché afin de mieux apprécier le résultat du recalage.

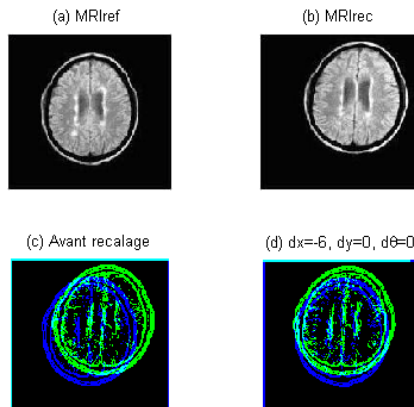


Fig. 4-21 – Résultat de recalage monomodal de la recherche du maximum d’information mutuelle après huit itérations.

Résultat 2 (Fig 4-22) :

Sur les scans CT et IRM (fig 4-15) du crâne, une transformation de $[x = 5; y = 0; \theta = 25^\circ]$ est appliquée au scan IRM. L’optimisateur est initialisé avec des paramètres nuls qui sont relativement éloignés de la solution finale.

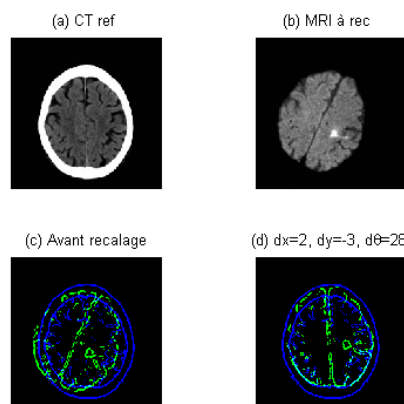


Fig. 4-22 – Résultat de recalage multimodal de la recherche du maximum d’information mutuelle après huit itérations.

4.4 Mesure de similarité pour le recalage d'images médicales volumiques

4.4.1 Description de l'algorithme de recalage 3D

Le recalage non supervisé d'images médicales volumiques reste un problème difficile en raison de l'importante variabilité et des grandes différences d'information pouvant apparaître dans des séquences d'images de même modalité ou dans des couples d'images multimodales. Nous avons développé un algorithme de recalage d'images 3D monomodales et multimodales, reposant sur la maximisation de l'information mutuelle.

Cet algorithme est pratiquement similaire à celui du cas 2D à une différence près : il calcule l'histogramme joint d'un couple d'images 3D. Il en est de même pour le calcul de l'entropie.

Génération des images 3D

L'évaluation de l'algorithme de recalage dans le cas monomodal 3D se fait en utilisant des images IRM (tridimensionnelles) du cerveau. Ces dernières ne se prêtent pas à un traitement 3D direct à cause de leur format : l'image volumique est obtenue à la suite d'une construction matricielle exploitant les coupes 2D fournies par un imageur par résonance magnétique.

A partir de l'image volumique de référence nous créons une image volumique transformée c-à-d ayant subi des opérations de translation et de rotation. Dans un but de simplification les paramètres de transformation sont les mêmes pour toutes les coupes.

L'efficacité de cet algorithme est estimée par son aptitude à donner des paramètres de recalage identiques (à un signe près) aux paramètres de transformation.

L'évaluation de l'algorithme de recalage dans le cas multimodal 3D se fait en utilisant des images de synthèse. L'image de référence que nous avons construite est un cube dans le ton de niveau de gris clair imbriqué dans un cube foncé. L'image à recaler représente la même géométrie avec des niveaux de gris inversés. Cette dernière image a subi une transformation géométrique dont l'intérêt est similaire à celui expliqué ci-dessus.

L'évaluation de l'algorithme de recalage dans le cas monomodal et multimodal avec des images cliniques c'est avéré délicat à cause de l'indisponibilité des sources de données (images 3D intra-patient monomodal ou multimodal ; images 3D inter-patient monomodal ou multimodal).

Visualisation de l'image 3D

La visualisation d'une image 3D est basée sur le principe de détection des surfaces d'un objet et de leur projection sur un plan (l'écran). Chaque surface est caractérisée par ses sommets et sa normale. L'animation du volume sur l'écran est obtenue en multipliant les matrices de transformation aux sommets et aux normales des surfaces détectées ([30]).

La figure (4-23) met en oeuvre la méthode citée ci-dessus pour la visualisation d'une image 3D du cerveau.

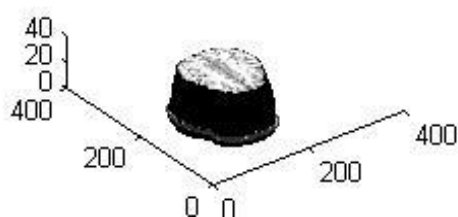


Fig. 4-23 – Visualisation d'une image 3D du cerveau.

La figure (4-24) représente l'image de synthèse que nous avons construite pour l'évaluation de l'algorithme de recalage multimodal.

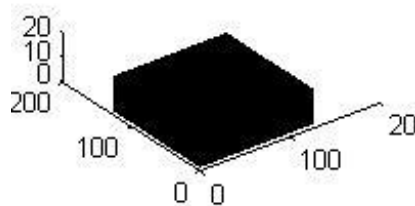


Fig. 4-24 – Visualisation de l' image de synthèse (cube).

Principe de l'estimation des paramètres de recalage

Etant donnée une image initiale de référence, son image déformée ainsi que la matrice de transformation, l'estimation des paramètres de recalage se fait en adoptant la méthode d'optimisation de Powell [15]

L'algorithme de Powell est exploité pour l'optimisation de la fonction de similarité des images à recaler.

4.4.2 Résultats du recalage 3D

Le recalage monomodal et multimodal de ces couples d'images médicales volumiques par maximisation de l'information mutuelle nécessite un calcul de l'histogramme joint de ces derniers et entropie de ces deux volumes

Le tableau suivant présente des résultats pour des images IRM 3D de même modalité :

Méthodes	θ	tx	ty
L'information mutuelle.	0°	3.5514pixel	2.7347pixel

Recalage IRM/IRM 3D

Le tableau suivant présente les mesures des différentes paramètres de recalage multimodal des images d'un objet test (deux cubes de tons inversés).

Méthodes	θ	tx	ty
L'information mutuelle.	0°	2.1504pixel	3.2347pixel

Recalage multimodal 3D

4.4.3 Conclusion

Ce chapitre a été consacré à une exploration des méthodes de recalage d'images qui ont été déjà détaillées dans le chapitre précédent

En premier lieu, nous avons essayé de mettre en œuvre la technique du recalage géométrique. Les résultats trouvés ont démontré une amélioration par rapport aux images avant transfor-

mation, ce qui valide notre première approche et prouve l'importance de telle application en imagerie médicale

En second lieu nous avons commencé par utiliser une méthode intuitive vue en cours qui tend à superposer des régions de tons de gris similaires. Cette méthode utilisant la fonction de corrélation s'est avérée inefficace dans le cadre du recalage multimodal. En mesurant la quantité d'information qu'une image contient sur une autre image, l'introduction de l'information mutuelle a été une contribution majeure au problème du recalage multimodal. Nous avons pu le constater en effectuant des tests concluants sur des scans CT et IRM d'un crâne. Ce projet nous a aussi fait prendre conscience de l'importance de l'optimisation dans le processus de recalage.

L'exploration des méthodes d'optimisation est définitivement une allée qui doit faire l'objet d'un futur projet de recherche. Egalement, la généralisation aux transformations non-rigides permettra d'avoir une connaissance plus approfondie du problème de recalage.

En dernier lieu, nous sommes intéressés au recalage en trois dimensions (3D). Pour y parvenir nous avons commencé par construire les images volumiques à partir d'une série de coupes scanner. Nous avons alors développé un algorithme de recalage 3D qui dérive de la méthode dense basée sur l'information mutuelle. Cet algorithme introduit l'histogramme joint 3D à partir duquel on calcule l'entropie des images 3D. L'évaluation de cet algorithme a été réalisée en utilisant comme volume à recaler un volume calculé à partir du volume clinique en lui appliquant des transformations définies. L'efficacité du recalage est mesurée par l'égalité des paramètres de recalage avec les paramètres de transformation

Conclusion générale

La connaissance neuro-anatomique d'un sujet est une donnée qui, dans le domaine de l'imagerie cérébrale, joue un rôle primordial, tant pour la compréhension des processus fonctionnels et/ou pathologiques mis en jeu, que pour l'élaboration de stratégies de traitement adaptées. La prolifération de nouvelles modalités d'imagerie médicale permettant de produire des informations anatomiques (structurelles) et physiologiques (fonctionnelles) complémentaires sur un même sujet, a créé le besoin de combiner ces images. C'est alors que se sont développés les systèmes d'aide à la prise de décision dans le processus clinique. Ces derniers utilisent la technique de fusion d'information qui ne peut être réalisée qu'à la condition de passer par une étape de mise en correspondance des données appelée recalage.

Dans le cadre de ce mémoire nous nous sommes intéressés au recalage des images cérébrales IRM et CT. Pour cela nous avons commencé par donner quelques informations anatomiques et fonctionnelles sur le cerveau. Ensuite nous avons étudié ces deux modalités d'exploration du cerveau.

Nous avons ensuite étudié le processus de recalage d'image. Divers algorithmes sont proposés dans la littérature et se distinguent les uns des autres par l'information utilisée pour guider le recalage, le type de transformation, le critère de similarité pour comparer les informations extraites des images, et enfin la méthode d'optimisation permettant d'estimer la transformation optimale. De même, nous avons étudié les méthodes permettant l'évaluation du recalage.

Ensuite, nous avons mis en oeuvre des algorithmes de recalage basés sur deux approches : l'approche géométrique qui utilise comme information des amers (surface, contour, lignes, points...) et l'approche dense qui utilise comme information toute l'image.

En ce qui concerne l'approche géométrique la première technique adoptée est celle où l'in-

formation est le contour des images à recalcr. Nous avons ensuite calculé le centre de gravité des images puis tracé les axes principaux passant par ce centre. La mise en correspondance des axes et des contours nous a permis d'extraire les paramètres de recalcr. Les résultats obtenus sont satisfaisants tant pour le recalcr mono modalité que pour le recalcr multi modalité. Cependant si l'une des image est incomplète (ce qui pénalise la détection du contour) cette méthode n'est pas fiable.

La deuxième technique géométrique implémentée est basée sur le choix d'un ensemble de pairs de points de contrôle. Ces points représentent des structures anatomiques identiques dans les deux images. La minimisation de la distance entre ces points est obtenue à la suite de l'application d'une transformation linéaire ou non linéaire sur l'image à recalcr. Ces points étant très représentatifs des images cette opération conduit au recalcr souhaité. Dans le cas d'une grande déformation la transformation peut être non linéaire ce qui classe cet algorithme parmi les méthodes élastiques.

A la suite d'un ensemble de test nous avons constaté que cette méthode est efficace pour le recalcr mono-modalité (IRM-IRM) et multi-modalité (CT-IRM). Sa seule limite étant le mauvais choix des points de contrôle.

Dans le volet des méthodes denses, nous avons commencé par un algorithme de recalcr basé sur la mesure de corrélation entre deux images. La transformation appliquée à l'image flottante est celle qui maximise la corrélation. Nous avons également présenté une variante de cette méthode utilisant la corrélation normalisée. Les résultats obtenus sont satisfaisants pour le recalcr mono-modal mais restent insuffisants pour le recalcr multimodal. Ce qui nous a conduit vers la mesure de l'information mutuelle. Cette dernière est indépendante de l'intensité de l'image et donc de la modalité d'acquisition. Elle nous permet de calculer l'entropie des deux images et l'entropie de leur histogramme joint. La maximisation de l'information mutuelle est le critère de similarité des deux images et conduit à l'extraction des paramètres de recalcr. Les applications sur des images multimodales ont confirmé la supériorité de cette méthode par rapport à la précédente.

Nous nous sommes par la suite intéressé au recalcr en trois dimensions (3D). Pour y parvenir nous avons commencé par construire les images volumiques à partir d'une série de coupe scanner. Nous avons alors développé un algorithme de recalcr 3D qui dérive de la

méthode dense basée sur l'information mutuelle. Cet algorithme introduit l'histogramme joint 3D à partir duquel on calcule l'entropie des images 3D. L'évaluation de cet algorithme a été réalisée en utilisant comme volume à recalculer un volume calculé à partir du volume clinique en lui appliquant des transformations définies. L'efficacité du recalage est mesurée par l'égalité des paramètres de recalage avec les paramètres de transformation. Les applications sur des paires d'images cliniques en 3D n'étaient pas possibles à cause des sources de données limitées. L'évaluation de ce même algorithme dans le cas multimodal est abstenue sur des images 3D de synthèse. Les résultats obtenus sont satisfaisants. Nous avons également étudié dans le cadre de cette approche 3D, les techniques de visualisations et d'animation de l'image 3D, techniques qui sont basées sur la projection en perspective, la détection des surfaces et des sommets d'un objet, ainsi que la multiplication des sommets et normales aux surfaces avec les matrices de transformations homogènes.

Dans ce projet de magister nous n'avons implémenté que les méthodes de recalage 2D qui nous ont paru satisfaisantes à notre application à savoir des images à recalculer présentant de faibles déformations. Nous espérons voir les algorithmes proposés intégrés dans le plateau hospitalier de manière à apporter l'aide au diagnostic (et au traitement) estompé. Le recalage 3D permet une meilleure prise de décision aux médecins car il manipule des volumes comme dans le cas réel. Nous avons ouvert la voie avec l'algorithme proposé à de futurs développements. Que nous espérons très fructueuses. Nous espérons également qu'à l'avenir des bases de données 3D soient accessibles pour tester efficacement les algorithmes proposés.

Bibliographie

- [1] K. Abe, M. Aoki, J. Kawagoe, T. Yoshida, A. Hattori, K. Kogure, and Y. Itoyama. *Ischémie delayed neuronal death. a mitochondrial hypothesis*. Stroke, 26(8) :1478-1489, 1995.
- [2] N.M. Alpert, J.F. Bradshaw, D. Kennedy, and J.A. Correia. *The principal axes transformation - a method for image registration*. The Journal of Nuclear Medicine, 31(10) :1717-1722, Oct 1990.
- [3] N. Ayache. '*L'analyse automatique des images médicales. Etat de l'art et perspectives*'. Technical Report 3364, INRIA, Février 1998.
- [4] D.C. Barbert, W.B. Tindale, E. Hunt, A. Mayes, and H.J. Sagar. *Automatic registration of SPECT images as an alternative to immobilization in neuroactivation studies*. Physics in Medicine and Biology, 40 :449-463, 1995.
- [5] C.A. Pelizzari, G.T.Y. Chen, D.R. Spelbring, Weichselbaum, and C. Chen. *Accurate three-dimensional registration of CT, PET, and/or MR images of the brain*. Journal of Computer Assistée, Tomography, 13(1) :20-26, 1989.
- [6] D.L. Collins, P. Neelin, T.M. Peters, and A.C. Evans. *Automatic 3d intersubject registration of mr volumetric data in standardized talairach space*. Journal of Computer Assistée Tomography, 18(2) :192-205, 1994.
- [7] P.A. Freeborough, R.P. Woods, and N. C. Fox. *Accurate registration of serial 3D MR brain images and its application to visualizing change in neurodegenerative disorders*. Journal of Computer Assisted Tomography, 20(6) :1012-1022, 1996.
- [8] J.C. Gee, M. Reivich, and R. Bajcsy. *Elastically deforming 3d atlas to match anatomical brain images*. Journal of Computer Assistée Tomography, 17(2) :225-236, 1993.

- [9] P.T. Fox, J.S. Perlmutter, and M.E. Raichle. *A stereotactic method of anatomical localization for positron émission tomography*. J Comput Assist Tomogr, 9(1) :141-153, 1985
- [10] D. Hill, C. Studholme, and D. Hawkes. *Voxel similarity measures for automated image registration*. In R.A. Robb, editor, Third Conf. Visualization in Biomedical Computing VBC'94, October 1994.
- [11] B. Horowitz and A. Pentland. *Recovery of non-rigid motion and structure*. In IEEE Conf. on Computer Vision and Pattern Recognition, pages 325-330, Jun 1991.
- [12] J. Talairach and P. Tournoux. *Co-planar stereotaxic atlas of the human brain*. Masson, 1988.
- [18] D.L. Collins, P. Neelin, T.M.
- [13] L. V erard, P. Allain, J-M. Trav ere, J-C. Baron, and D. Bloyet. *Fully automatic identification of AC and PC landmarks on brain MRI using sc ene analysis*. IEEE Transaction on M edical Imaging, 16(5) :610-616, 1997.
- [14] A.P. Dhawan, L.K. Arata, A.V. Levy, and J. Mantil. *It erative principal axes registration method for analysis of MR-PET brain images*. IEEE Transactions on Biomedical Engineering, 42(11) :1079-1087, Nov 1995.
- [15] W.H. Press, S.A. Teukolsky, W.T. Vetterling, and B.P. Flannery. *Numerical recipes in C the art of scientific Computing*. Press Syndicate of the University of Cambridge, 1992.
- [16] R.P. Woods, J.C. Mazziotta, and S.R. Cherry. *MRI-PET registration with automated algorithm*. Journal of Computed Assisted Tomography, 17(4) :536-546, 1993.
- [17] W.M. Wells, P. Viola, H. Atsumi, S. Nakajima, and R. Kikinis. *Multi-modal volume registration by maximization of mutual information*. M edical Image Analysis, 1(1) :35-51, 1996.
- [18] A. Roche, G. Malandain, X. Penn e, and N. Ayache. *Multimodal image registration by maximization of the correlation ratio*. Technical Report 3378, INRIA, Aug 1998.
- [19] F. Maes, A. Collignon, D. Vandermeulen, G. Marchai, and P. Suetens. *Multimodality image registration by maximization of mutual information*. IEEE Transaction on M edical Imaging, 16(2) :187-198, 1997.

- [20] R. Bajcsy and S.Kovacic. *Multiresolution elastic matching*. Computer Vision, Graphics, and Image Processing, 46 :121, 1989.
- [21] G.E. Christensen, S.C. Joshi, and M. I. Miller. *Volumetric transformation of brain anatomy*. IEEE Transaction on Médical Imaging, 16(6) :864-877, Dec 1997.
- [22] M. Bro-Nielsen M. Bro-Nielsen and C. Gramkow. *Fast fluid registration of medical images*. In Proceedings VBC'96, 1996.
- [23] I. Vajda. *Theory of Statistical Inference and Information*. Kluwer, The Netherlands, 1989.
- [24] I. S. Sokolnikoꝛ. *Mathematical Theory of Elasticity*. McGraw-Hill, New-York, 1956.
- [25] G.L.Brown. *A survey of image registration techniques*. ACM Computing Surveys, 24(4) :325-376, 1992.
- [26] Vincent Noblet. *Recalage non rigide d'images cérébrales 3D avec contrainte de conservation de la topologie*, thèse d'état, Paris, 2006.
- [27] En ligne : http://lecerveau.mcgill.ca/flash/capsules/outil_bleu13.htm#ctscan, depuis Mars 2007.
- [28] Besl P.J., McKay N.D, *A method for registration of 3-D shapes*, IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence, vol.14, n°2, Feb.1992, p.239–256.
- [29] Y. Ge, J.M. Fitzpatrick, J.R. Votaw, S. Gadamssety, R.J. Macinas, R.M. Kessler, and R.A. Margolin. *Rétrospective registration of PET and MR brain images : an algorithm and its stereotactic validation*. Journal of Computer Assistée Tomography, 18(5) :800-810, 1999.
- [30] S. Hadjal et A. Feroui, *Visualisation des images scanner en 3 dimensions*, Mémoire de PFE en EBM, Université de Tlemcen, 2007.

Annexe A

Transformations géométriques

L'espace de recherche est défini par la nature de la fonction de correspondance recherchée entre les images. Il s'agit généralement d'une transformation purement spatiale, mais il peut être intéressant d'inclure dans cet espace une transformation entre les intensités. Les transformations peuvent être globales, c'est-à-dire appliquées sur toute l'image, ou locales, l'image est alors découpée en régions possédant leur propre transformation. Dans ce dernier cas, pour des raisons de continuité, s'ajoute la gestion des frontières entre les différentes parties afin de combiner les transformations locales. La présentation suivante est faite dans l'ordre croissant du nombre de degrés de liberté, c'est-à-dire la dimension de l'espace de recherche ou encore le nombre de paramètres à trouver.

Contrainte : uniquement des translations. L'exemple typique concerne la recherche d'une série de translations locales, pour une décomposition de l'image donnée, afin de déterminer ensuite une transformation globale par optimisation (blocks matching). 2 paramètres en 2D et 3 en 3D.

Euclidienne (ou orthogonale) : combinaison de translations et de rotations. Préserve les angles, les surfaces et les longueurs. 3 paramètres en 2D et 6 en 3D.

Similitude (rigide) : combinaison de translations, rotations et d'un facteur d'échelle. Dans de nombreux articles, les transformations Euclidiennes et les similitudes sont dénommées rigides puisqu'elles ne changent pas les relations géométriques entre les points (un triangle reste un triangle). Elles conservent également les angles et les rapports de longueurs. 4 paramètres en 2D et 7 en 3D.

A Φ ne : ici, le facteur d'échelle n'est plus forcément isotrope, puisqu'il y a un facteur par

dimension de l'image, et les transformations de type "torsions" (shear ou skew) sont incluses. Préserve le parallélisme, les rapports de surface, les rapports des longueurs sur une droite, les coordonnées barycentriques. 6 paramètres en 2D et 9 en 3D.

Projective : généralement utilisées pour des images acquises avec une caméra (satellite, vidéo, images portales). Cette classe de transformations permet de prendre en compte les effets de perspectives dus à l'éloignement de l'objet visé. Il en existe deux familles : projections parallèles et perspectives, avec un centre de visé. Le modèle le plus utilisé est le modèle sténopé, Les transformations projectives préservent les lignes droites mais pas le parallélisme. Il y a 8 paramètres en 2D et 12 en 3D, mais le nombre de paramètres dépend de la connaissance a priori des paramètres des appareils d'acquisition.

Non linéaire : la catégorie de transformation la plus générale est la classe des transformations qui changent les droites en courbes. Le nombre de paramètres est variable et généralement important. Deux approches émergent :

Polynômiale : la fonction de transformation est décrite par un polynôme, dont le degré est fixé a priori et détermine la précision ainsi que la difficulté de résolution de la méthode. Par exemple, à partir d'un ensemble de points de contrôle appariés, on obtient un système d'équations à optimiser pour la distance choisie (par exemple celle des moindres carrés). Ainsi, en 2D, les coordonnées image (u,v) d'un point (x,y) sont données par :

$$u = \sum_{i=0}^n \sum_{j=0}^i a_{ij} x^i y^j$$

$$v = \sum_{i=0}^n \sum_{j=0}^i b_{ij} x^i y^j$$

Lorsque le degré n est égal à 1 on retrouve une transformation affine. Pour n > 4, le polynôme a tendance à se comporter de manière oscillatoire [Bro92]. Si l'on considère un ensemble de transformations locales, une stratégie d'interpolation par morceau (splines ou autres) doit être appliquée pour faire le lien entre les transformations locale

Élastique : dans ce cas la transformation est modélisée par la distorsion d'un matériel élastique. Afin de limiter les déplacements, des paramètres de contrôle (énergie de la déformation par exemple) sont mis en place. C'est une approche locale, assez proche de la précédente.

Fort heureusement, nos anciennes matrices se transforment tout aussi facilement en matrice de 4x4.

Matrice homogène de changement d'échelle

$$\begin{array}{c}
 \text{O} \\
 \text{E}x \\
 \text{E}y \\
 \text{E}z \\
 \text{A}
 \end{array}
 \begin{array}{cccc}
 0 & 0 & 0 & 1 \\
 0 & E_x & 0 & 0 \\
 0 & 0 & E_y & 0 \\
 0 & 0 & 0 & E_z \\
 0 & 0 & 0 & 1
 \end{array}$$

Matrice homogène de rotation

$$\begin{array}{c}
 \text{O} \\
 \text{A}
 \end{array}
 \begin{array}{cccc}
 1 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & \cos(\alpha) & \sin(\alpha) & 0 \\
 0 & \sin(\alpha) & \cos(\alpha) & 0 \\
 0 & 0 & 0 & 1
 \end{array}$$

Matrice de Rotation
selon X

$$\begin{array}{c}
 \text{O} \\
 \text{A}
 \end{array}
 \begin{array}{cccc}
 \cos(\alpha) & 0 & \sin(\alpha) & 0 \\
 0 & 1 & 0 & 0 \\
 \sin(\alpha) & 0 & \cos(\alpha) & 0 \\
 0 & 0 & 0 & 1
 \end{array}$$

Matrice de Rotation
selon Y

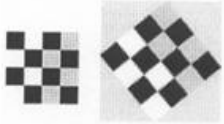





$$\begin{array}{c}
 \text{O} \\
 \text{A}
 \end{array}
 \begin{array}{cccc}
 \cos(\alpha) & \sin(\alpha) & 0 & 0 \\
 \sin(\alpha) & \cos(\alpha) & 0 & 0 \\
 0 & 0 & 1 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & 1
 \end{array}$$

Matrice de Rotation
selon Z

Annexe B

La fonction `cp2tform` peut accepter des paramètres pour six types de transformations. La table suivante liste ces transformations par ordre croissant de complexité.

Les quatre premières transformations ('linear conformal', 'affine', 'projective' et 'polynomial') sont des transformations globales. Dans ces transformations une seule expression mathématique est appliquée à toute l'image. Les deux dernières transformations ('piecewise linear' et 'lmw')(moyenne locale pondérée) sont des transformations locales. Dans ces transformations différentes expressions mathématiques sont appliquées à différentes régions de l'image.

Types de transformation	Description	Nombre minimum des points de contrôle	Exemple
Linear conformal	Cette transformation est utilisée quand les formes de l'image d'entrée ne changent pas et que la distorsion de l'image est due à une certaine combinaison de translation, rotation et changement d'échelle. Les lignes droites restent droites et les lignes parallèles restent parallèles.	2 paires	
affine	Cette transformation est utilisée quand les formes de l'image d'entrée sont exposées à des cisaillements. Les lignes droites restent droites et les lignes parallèles restent parallèles mais les rectangles deviennent des parallélogrammes.	3 paires	
projective	Cette transformation est utilisée quand la scène semble inclinée. Les lignes droites restent droites mais les lignes parallèles convergent vers les points de fuite (qui pourraient ne pas faire partie de l'image).	4 paires	
polynomial	Cette transformation est utilisée quand les objets de l'image sont courbés. Plus de degrés du polynôme est élevé plus l'approximation de la courbe est meilleure mais il peut apparaître des courbes supplémentaires.	6 paires (ordre 2) 10 paires (ordre 3) 16 paires (ordre 4)	
Piecewise linear	Cette transformation est utilisée lorsque les déformations de différentes parties de l'image ne sont pas de la même nature.	4 paires	
lmw	Cette transformation (moyenne locale pondérée) est utilisée quand les distorsions varient localement et que la fonction 'piecewise linear' n'est pas suffisante.	6 paires (12 paires recommandées)	

Annexe C

Présentation de l'algorithme ICP

Comme nous avons dit, l'algorithme ICP consiste à minimiser la distance euclidienne entre les points de deux ensembles. Il peut être défini comme suit :

Étant donné deux ensembles P et X , il faut trouver la transformation rigide, définie par une rotation ' r ' et une translation ' t ', qui minimise la fonction suivante :

$$e(r, t) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \| \mathbf{k}(rp_i + t) - y_i \|^2 = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \| \mathbf{k}(rp_i + t) - c(p_i) \|^2$$

' c ' : la fonction associant chaque point p_i avec son correspondant dans X ,

N : c'est le nombre de point dans l'ensemble de données.

Cependant, le problème qui se pose, c'est que la fonction ' c ' est inconnue. C'est pour cette raison plusieurs méthodes ont été développées afin de trouver cette fonction. Parmi lesquelles la méthode présentée par Besl qui se base sur le calcul de la distance euclidienne entre les deux ensembles de points pour trouver les points les plus proches

$$c(p_i) = x / \min_{x \in X} d(p_i, x)$$

Dans ce travail, nous allons considérer les deux ensembles de données (P et X) comme étant des ensembles de points présentant l'entrée de l'algorithme :

- $P = \{p_i\}$ pour $i = 1 \dots N_p$, avec N_p : nombre de points dans la surface mobile *Ireca*.

- $X = \{x_i\}$ pour $i = 1 \dots N_x$, avec N_x : nombre de points dans la surface de référence *Iref*.

Avec $N_p = N_x$.

La sortie de l'algorithme, c'est-à-dire le résultat, est la transformation optimale (r, t) qui

recale P sur X .

A l'étape d'initialisation ($k = 0$), nous avons :

-l'ensemble $P_0 = P$

-la rotation $r_0 = I(\text{identit})$

-la translation $t_0 = (0, 0)$

A l'itération k nous avons :

Etape 1

Tout d'abord, nous devons calculer les points de la surface de référence I_{ref} les plus proches de la surface mobile I_{reca} , en utilisant la distance euclidienne :

$$d(\mathbf{l}_p, \mathbf{l}_x) = \|\mathbf{l}_p - \mathbf{l}_x\| = \sqrt{(i_p - i_x)^2 + (j_p - j_x)^2}$$

Avec :

$$\mathbf{l}_p = (j_p \ i \ j_x)$$

et

$$\mathbf{l}_x = (i_x \ i \ j_x)$$

Un point y pour lequel le minimum de la distance euclidienne est atteint est appelé le plus proche voisin d'un point .

On note alors Y ensemble des points dans X les plus proches de P :

$$Y = PPV(P, X) = \{y \in X, \exists \mathbf{l}_p \in P, d(\mathbf{l}_p, \mathbf{l}_y) = d(\mathbf{l}_p, X) = \min_{x \in X} \|\mathbf{l}_p - \mathbf{l}_x\|\}$$

Etape 2

L'étape suivante consiste à calculer le recalage, c'est-à-dire la rotation et la translation de la transformation. Pour cela, pour chaque couple $(p_i, 0, y_i, k)$, nous devons définir l'erreur donnée par l'expression suivante :

$$e(r_k, t_k) = \frac{1}{N_p} \sum_{i=1}^N \|(r_k \cdot p_{i,0} + t_k) - y_{i,k}\|^2$$

Donc l'obtention de la meilleure transformation consiste à minimiser cette erreur. Pour simplifier le problème, nous allons enlever l'indice d'itération et nous allons utiliser la somme des carrés des erreurs au lieu de leur moyenne. Nous considérons donc l'équation suivante :

$$e(r, t) = \sum_{i=1}^N \|k(r.p_i + t) - y_i\|^2 \quad (1)$$

Si nous développons cette équation, nous obtenons

$$e(r, t) = \sum_{i=1}^N \|k.r.p_i - y_i\|^2 + 2t \sum_{i=1}^N (r.p_i - y_i) + \sum_{i=1}^N \|kt\|^2$$

Comme nous pouvons le remarquer, le deuxième terme de cette équation dépend de r et t , il doit donc être éliminé. Une solution consiste alors à remplacer les points p_i et y_i par leurs centres de masses μ_p et μ_y :

$$\mu_p = \frac{1}{Np} \sum_{i=1}^N p_i \Rightarrow p_i^0 = p_i - \mu_p$$

$$\mu_y = \frac{1}{Ny} \sum_{i=1}^N y_i \Rightarrow y_i^0 = y_i - \mu_y$$

L'équation (1) peut ainsi être écrite de la manière suivante :

$$e(r, t) = \sum_{i=1}^N \|(r.p_i^0 + r.\mu_p + t) - (y_i^0 + \mu_y)\|^2$$

D'où

$$e(r, t) = \sum_{i=1}^N \|(r.p_i^0 + t^0) - y_i^0\|^2 \text{ avec } t^0 = r.\mu_p + \mu_y + t \quad (2)$$

Si nous développons maintenant l'équation (2), nous obtenons :

$$e(r, t) = \sum_{i=1}^N \|r.p_i^0 - y_i^0\|^2 + \sum_{i=1}^N \|t^0\|^2 \quad (3)$$

Pour minimiser e , le deuxième terme de l'équation (3) peut être égal à zéro. Ceci mène au bon vecteur de translation t :

$$t^0 = t + r \cdot \mu_p \quad \mu_y = 0 \Rightarrow t = \mu_y \quad r \cdot \mu_p$$

L'erreur e devient maintenant en fonction de la rotation r seulement (4), et si nous arrivons à la diminuer, nous pouvons obtenir la meilleure rotation.

$$e(r) = \sum_{i=1}^N \left(r \cdot p_i \quad y_i \right)^2 \quad (4)$$

Etape 3

Une fois r_k et t_k sont calculées, nous pouvons appliquer la transformation rigide (r_k, t_k) pour obtenir l'ensemble $P_{k+1} = \mathbf{f}P_{i,k+1}\mathbf{g}$ défini par :

$$p_{i,k+1} = r_k \cdot p_{i,0} + t_k$$

Etape 4

Toutes ces opérations 1, 2 et 3 seront répétées jusqu'à ce que nous atteignons le nombre maximal d'itération ou bien lorsque la convergence soit satisfaisante. Nous obtenons de ce fait $r = r_k$ et $t = t_k$.

La figure (-25) montre un exemple d'exécution de l'algorithme ICP. En effet, en comparant les trois schémas, nous pouvons remarquer clairement que l'algorithme ICP permet d'améliorer l'alignement des deux formes présentées en passant d'une itération à une autre.

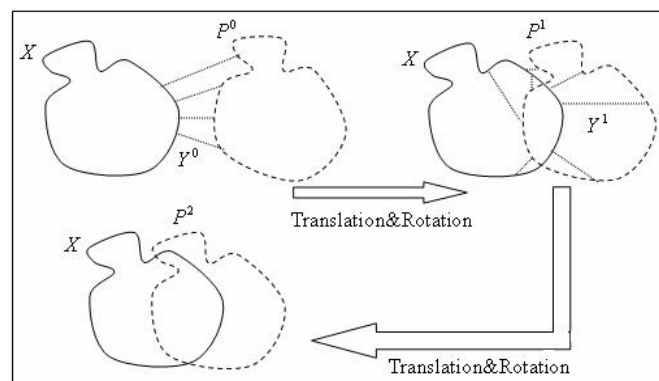


Fig. -25 – Exemple d'exécution de l'algorithme ICP

Théorème de convergence

Nous montrons dans ce paragraphe que l'itération d'arrêt doit obéir au théorème de convergence pour aboutir à un recalage géométrique acceptable. Pour chaque itération k , la distance d_k entre les deux ensembles de points P_k et Y_k est définie par

$$d_k = \frac{1}{Np} \sum_{i=1}^{Np} \|p_{i,k} - y_{i,k}\|^2$$

Alors que l'erreur e_k entre ces deux ensembles est donnée par :

$$e_k = \frac{1}{Np} \sum_{i=1}^{Np} \|r_k \cdot p_{i,0} + t_k - y_{i,k}\|^2 = \frac{1}{Np} \sum_{i=1}^{Np} \|p_{i,k+1} - y_{i,k}\|^2$$

Par définition, nous avons toujours l'inégalité $e_k \leq d_k$.

A l'itération $k + 1$, une nouvelle recherche de points les plus proches de P_{k+1} est faite et un ensemble Y_{k+1} est obtenu en suivant la même démarche. Il est clair que nous avons l'inégalité (25) tout simplement parce que $y_{i,k+1}$ est le point le plus proche de $P_{i,k+1}$ par définition.

$$\|p_{i,k+1} - y_{i,k+1}\|^2 \leq \|p_{i,k+1} - y_{i,k}\|^2 \quad \text{pour } i = 1 \dots Np$$

Et par conséquent, nous arrivons à démontrer que $d_{k+1} \leq e_k$. Finalement, puisque l'erreur ne peut pas être négative selon son équation, nous pouvons conclure que :

$$0 \leq e_{k+1} \leq d_{k+1} \leq e_k \leq d_k \quad \text{pour tout } k$$

Ceci prouve bien que l'erreur n'augmente pas en passant d'une itération à une autre.

Donc pour s'assurer du bon résultat, il faut vérifier la condition suivante :

$$d_k \leq d_{k+1} \leq \tau$$