Université Lumière Lyon 2

Année 2000 N°

THÈSE

pour obtenir le grade de

Docteur

en

Informatique

présentée et soutenue publiquement par

David SARRUT

le 25 Janvier 2000

Recalage multimodal et plate-forme d'imagerie médicale à accès distant

préparée au sein du laboratoire ERIC
sous la direction de
Serge Miguet

COMPOSITION DU JURY

Mme.	Jocelyne Troccaz	Rapporteur	(Directeur de Recherche CNRS)
M.	Christian Roux	Rapporteur	(Professeur)
Mme.	Isabelle Magnin	Examinateur	(Directeur de Recherche INSERM)
M.	Ehoud Ahronovitz	Examinateur	(Maître de conférences)
M.	Bernard Tourancheau	Examinateur	(Professeur)
M.	Serge Miguet	Directeur de thèse	(Professeur)

Remerciements — Remerciements

Les quelques 426206 caractères qui composent ce document[1] n'ont pu être agencés dans cet ordre que par la bonne volonté d'un nombre presque aussi considérable de personnes. Qu'elles trouvent toutes ici l'expression de ma plus sincère gratitude ainsi qu'une bonne pelleté de remerciements chaleureux.

Je pense tout d'abord au grand chef, Serge, qui peut revendiquer à lui tout seul un bon de nombre de ces 426206 caractères (en particulier le 's' des terminaisons des pluriels). Ses conseils salvateurs et remarques pertinentes n'ont d'égal que sa gentillesse ... vous en connaissez, vous, un chef qui répond à vos mail à 2 heures du matin ? Bref, merci encore et encore merci.

Merci également aux rapporteurs, Mme Troccaz et M Roux, ces téméraires qui ont eu la gentillesse d'accepter de lire cette thèse. Leurs remarques constructives ne sont pas tombées dans l'oreille d'un sourd. Entre autre, cela m'a ainsi permis de "délispifier" ma prose avec un rapport de $\frac{\#\text{ de parenthèses après correction}=878}{\#\text{ de parenthèses avant}=1274} = 0.69$ (les nombres sont justes vous pouvez vérifier).

Se bouscule maintenant au portillon de ma gratitude le petit monde du laboratoire. Entre l'ambiance studieuse des apéros du vendredi soir et la ferveur — on peut même parler de fièvre – scientifique lors des pots impromptus ou des grillades, il m'est arrivé de me croire dans le Sud ! ... tant que je ne regardais pas le ciel. Ah ! le café du matin, à l'aube où blanchit la campagne, en compagnie d'Olivier (encore merci d'avoir tout relu !), les prises de tête en tout genre avec Gérald ou André, les pastis-parties avec Serge et Ricco...

Finalement, l'essentiel réside sans aucun doute dans les justes et nécessaires retours à la réalité, concédés sous la pression exacerbée de ma petite famille. Cette indispensable relativité vis-à-vis du travail de thèse me fut rappelé maintes fois par maman ("couvre-toi bien, il fait froid dans le Nord !"), papa ("tu as fais la vidange de la voiture ?"), Julie ("m'en fout de ta thèse, t'as pas des nouveaux CD plutôt ?") ou encore — on garde la meilleure pour la fin — Célia ("t'as fait la vaisselle ?", "tu m'amènes au ciné ?", "on va à Madagascar ?")...

Il parait enfin, que ce document est la première thèse d'informatique soutenue à l'Université Lumière Lyon 2. Par contre, si quelqu'un s'amuse à traiter ma thèse de premier bug de l'an 2000, ça risque de chauffer !

(heu ... sauf s'il est grand et costaud.)

Merci !

1. je viens de les compter deux fois, mais je ne suis pas encore absolument sur du nombre exact étant donné que le premier total était de 426205 et le deuxième de 426207. J'ai donc pris la liberté de faire une moyenne. Remarquons également que les caractères de cette note comptent dans le résultat...

Résumé

Ces recherches s'insèrent dans le projet *Santé et Calculs Haute-Performance* de la région Rhône-Alpes qui vise à apporter des techniques informatiques performantes dans les environnements hospitaliers. Dans ce cadre là, nous avons étudié le recalage d'image et développé une plate-forme permettant un accès distant à des ressources de calcul.

Problématique centrale en traitement et analyse d'images médicales, le recalage multimodal consiste à mettre en correspondance un couple d'images de façon à pouvoir fusionner les informations de chacune d'elles. Les travaux présentés dans ce document étudient différents aspects de cette tâche. Tout d'abord, de nombreuses mesures de similarité sont présentées dans une classification synthétique. L'accent est mis sur les hypothèses sous-jacentes à la nature des liens entre les distributions d'intensités. Une série d'expérimentations illustre les différences entre les mesures, et les présente dans un autre cadre que le recalage, celui d'une recherche dans un ensemble d'images. Ensuite, nous proposons plusieurs procédures d'interpolation en les comparant aux méthodes usuelles du point de vue de la précision, de la rapidité et de la robustesse vis-à-vis de la stratégie d'optimisation du critère de similarité. Comme les étapes les plus coûteuses en temps de calcul sont les évaluations du critère à travers les transformations d'images (ici rigides uniquement), nous proposons ensuite un algorithme original permettant d'accélérer substantiellement le processus global.

Par la suite, ces techniques de recalage sont appliquées dans le cadre du positionnement de patient en radiothérapie conformationnelle. Nous développons une nouvelle approche permettant une évaluation précise du placement du patient grâce à une recherche par le contenu dans une série d'images pré-calculées. Les résultats obtenus sont encourageants puisque des déplacements importants, typiquement comportant des rotations hors-plan, sont correctement estimés.

Dans la deuxième partie de cette thèse, nous étudions un système permettant d'activer à distance et à partir d'un poste de travail banalisé, des calculs parallèles de traitements d'images médicales. Le prototype développé est nommé ARAMIS (*A Remote Access Medical Imaging System*) et permet de réutiliser un ensemble de librairies de traitements d'images préalablement développées. Parmi les outils intégrables dans ARAMIS, nous présentons un algorithme original permettant de calculer en temps linéaire la relation d'adjacence dans une surface triangulée générée par l'algorithme des Marching-Cubes.

Mots clés : recalage multimodal, mesures de similarité, transformation d'images, radiothérapie conformationnelle, positionnement, plate-forme à accès distant, relation d'adjacence,

Abstract

The work presented in this thesis takes place in a project named *Health and High-Performance Computing* (HPC), supported by *région Rhône-Alpes*, whose goal is to bring HPC in hospital environment. In this context, we have studied image registration techniques and developed a remote access medical imaging platform.

Multimodality image registration is an important problematic in the field of medical images analysis. The goal is to find a spatial transformation that relates two images, in order to combine both types of information held by each image. First, several similarity measures are presented and classified according to the assumptions made to estimate the link between the intensity distributions. A set of tests shows the differences between the measures, and we present an experiment which aim at using such measures for performing a content-based search in a set of images. Then, we study some interpolation procedures in term of accuracy, robustness and speed. We remark that, in a registration procedure, most of the time (up to 90%) is spent in the computation of the joint histograms. An original algorithm is then proposed, which allows to speedup the whole process, with a slight loss of accuracy in the final result. Such registration techniques are then applied in order to recover patient position in the field of conformal radiotherapy. Our new approach involves a content-based search in a set of pre-computing images, by the use of intensity-based similarity measures. The results are interesting as we are able, without any segmentation stage, to precisely estimate large patient displacements, involving out-of-plane rotations.

In the second part of the thesis, we present a platform called ARAMIS (*A Remote Access Medical Imaging System*) which aims at activating remote medical imaging parallel treatments. The proposed set of mechanisms allows practitioners to access through a simple Web browser, to powerful parallel systems. Remote 3D image treatments are activated on user's requests and the client's computer is only used to display the remotely computed 2D images. Finally, we describe an optimal algorithm for constructing the surface adjacency relation in a list of polygons, extracted from 3D medical images with the Marching-Cubes algorithm. A proof of the linear complexity of the method is given.

Keywords: multimodal registration, similarity measure, interpolation, pose determination, remote access platform, adjacency relation, conformal radiotherapy

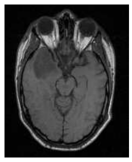
Table des matières

Table des figures

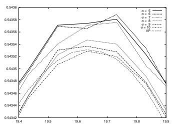
Liste des tableaux

Introduction

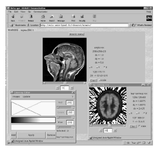
Il était une fois ...



... **des images médicales.** Parmi la palette d'outils du médecin moderne, l'imagerie numérique dispose d'une place de choix. En effet, de nombreuses modalités d'acquisition sont maintenant disponibles et offrent un vaste panel d'informations anatomiques, fonctionnelles ou dynamiques. En proposant de visualiser ce qui n'est normalement pas visible (organes, activités fonctionnelles, mouvements cardiaques), les images médicales, tant sur le plan du diagnostic (détection d'une tumeur) que sur celui de la thérapeutique (contrôle du positionnement d'un patient lors d'une séance d'irradiation), deviennent incontournables. Ces images sont les données de base à partir desquelles nous avons travaillé.



... **des algorithmes de traitement et d'analyse d'images.** Analyser une image médicale tridimensionnelle est un procédé long et délicat pour un opérateur humain. D'un point de vue informatique, le traitement et l'analyse des images a cependant donné lieu à un certain nombre d'applications automatiques ou semi-automatiques dont le but est d'aider le médecin : délimitation de zones d'intérêt, visualisation de structures 3D, évaluation quantitative des dimensions des organes, localisation d'anomalies, suivi de l'évolution de pathologies *etc.* La majeure partie de ce document est consacrée à l'étude de l'un de ces traitements, le *recalage* d'images, dont le but est de mettre en correspondance un couple d'images, de manière à utiliser simultanément les deux types d'informations que ces images contiennent.



... **des moyens d'accès.** Les traitements informatiques manipulant de grandes quantités de données, telles les images médicales, demandent des moyens matériels importants et coûteux. Comme il est (encore ?) inenvisageable de proposer à chaque médecin un ordinateur assez puissant, capable d'effectuer tous les traitements d'analyse d'images dont il a besoin, un *accès* à des centres de calcul *distants* doit lui être proposé. C'est ce domaine de recherche qui est au centre de la deuxième partie de ce document.

Les recherches présentées dans ce document s'insèrent dans un projet financé par la région Rhône-Alpes et nommé *Santé et Calcul Haute-Performance*, visant à apporter des techniques informatiques performantes dans les environnements hospitaliers. De plus, notre travail s'inscrit dans le cadre des activités de recherche autour des techniques informatiques pour l'imagerie médicale, qui ont tout d'abord débutées au LIP[2] et qui sont actuellement poursuivies au laboratoire ERIC[3], au sein de

2. Laboratoire de l'Informatique du Parallélisme de Lyon
3. Équipe de Recherche en Ingénierie des Connaissances

l'équipe *Images* dirigée par S. Miguet. Parmi les développements précédents, nous nous inscrivons également à la suite de ceux effectués dans le cadre d'une collaboration avec des médecins du centre de lutte contre le cancer Léon Bérard, et initiés par F. Feschet et S. Miguet. Il s'agit de la poursuite des travaux concernant le positionnement automatique du patient en radiothérapie conformationnelle.

La première partie de cette thèse porte ainsi sur le recalage d'images. Il s'agit d'une problématique centrale en analyse d'images et qui n'apparaît pas uniquement dans le domaine médical, puisqu'au-delà même de l'application directe de ces algorithmes, se pose la notion de *similarité* entre images. Si l'on demande à un être humain de statuer sur la ressemblance entre deux images, il y a de fortes chances qu'il demande auparavant à partir de *quels critères de similarité* il doit baser sa réponse. Le même principe s'applique dans le domaine de l'imagerie numérique : il n'existe pas de critère de similarité à portée universelle. Une bonne partie de la recherche dans ce domaine est basée sur l'extraction de primitives — points, courbes, surfaces — essayant au mieux de caractériser l'information commune des images. D'origine plus récente, une autre voie consiste à étudier de manière globale les liens statistiques entre les intensités des images, sans étape de segmentation. C'est dans cette démarche-ci que se sont situés nos travaux.

Le parti pris de ne pas recourir à une étape de segmentation n'est pas une contrainte liée à un défi quelconque. Le but est en effet d'essayer d'étudier des approches alternatives dans les cas où les images ne sont pas d'assez bonne qualité pour être, sinon correctement, du moins rapidement segmentées. Ce problème se pose en particulier avec les images utilisées pour contrôler le positionnement du patient lors d'une séance d'irradiation, grâce l'imagerie *portale* en cancérologie. À plus long terme, la complémentarité des deux approches, avec et sans segmentation, devrait permettre d'améliorer différents traitements.

Organisation de la thèse

Nous avons choisi de présenter les travaux sous la forme de chapitres relativement courts, centrés sur une problématique particulière. Ces chapitres sont organisés en deux parties, la première consacrée au recalage d'image et la seconde à une proposition de plate-forme d'imagerie médicale.

1 - État de l'art : il s'agit d'une étude bibliographique de différentes méthodes de recalage d'images. Après une rapide description des *applications* de la problématique du recalage, nous essayons de situer nos travaux dans le contexte scientifique actuel, en mettant l'accent sur notre parti pris, à savoir l'absence d'étape de segmentation.

Les chapitres suivants déclinent ensuite trois aspects du recalage d'images par méthodes *iconiques*, c'est-à-dire sans segmentation :

2 - Mesures de similarité : après avoir défini la nature des *liens* entre les images que nous voulons évaluer, une classification de différentes mesures est présentée. Une série d'expériences dans laquelle nous essayons d'illustrer la capacité de ces mesures à évaluer une similarité entre *couples* d'images, et non plus uniquement entre différentes positions de deux images, termine le chapitre.

3 - Procédures d'interpolation : parmi les différentes étapes d'un recalage, l'interpolation est celle qui intervient le plus souvent. En étudiant le comportement des procédures d'interpolation usuelles, d'autres méthodes originales sont proposées et comparées.

4 - Procédés de transformation d'images : en termes de temps de calcul, l'étape la plus coûteuse dans une procédure de recalage d'images est le calcul de la mesure de similarité,au travers ou non d'un histogramme joint. Nous proposons dans ce chapitre un algorithme original, permettant au prix d'une perte de précision contrôlée, d'accélérer substantiellement la totalité du processus.

Ensuite, le dernier chapitre de la première partie décrit une application des travaux précédents :

5 - Positionnement de patient : en radiothérapie conformationnelle, diverses modalités d'acquisition d'images sont utilisées afin de fournir un ensemble d'images utilisées pour contrôler la position du patient par rapport à l'appareil d'irradiation. La plupart des méthodes permettant d'effectuer ce placement de manière automatique et précise, fait usage d'étape(s) de segmentation, dont la qualité conditionne la précision du résultat. Nous proposons dans ce chapitre l'étude d'une autre voie, utilisant des procédures de recalage iconique par mesure de similarité, afin de simuler une recherche par le contenu dans un ensemble d'images pré-calculées. Une série d'expériences illustre la précision de cette approche, même pour des déplacements du patient importants, incluant des rotations hors-plan.

Toujours dans le cadre du projet *Santé et Calcul Haute-Performance* mais extérieur à la problématique du recalage, la deuxième partie du document est consacrée à la description d'une plate-forme d'imagerie médicale. Ensuite, nous étudions plus précisément un outil de ce système, à travers une approche par extraction de surface grâce à l'algorithme des Marching-Cubes.

6 - ARAMIS : il s'agit du nom du prototype qui a été développé au cours de cette thèse (*A Remote Access Medical Imaging System*). Le chapitre présente rapidement le domaine de recherche de ce travail — les techniques dites de *Metacomputing* — et décrit les protocoles utilisés dans le système. Cette plate-forme permet, à partir d'un poste de travail banalisé, d'activer des calculs parallèles de traitement et d'analyse d'images médicales sur des serveurs de calcul distants. Les outils intégrés au sein du serveur proviennent d'une partie des développements réalisés durant les activités de recherche sous la direction de S. Miguet.

7 - Calcul de relation d'adjacence : le dernier chapitre décrit un algorithme permettant de calculer la relation d'adjacence d'une surface triangulée extraite par l'algorithme des Marching-Cubes. Nous prouvons la linéarité de cette approche et présentons également des résultats expérimentaux.

Ces chapitres sont suivis de la bibliographie (page 166) et de trois annexes. La première présente les matrices des transformations utilisées, transformations affines et modèle sténopé, et la seconde propose un résumé de quelques modalités d'acquisition d'images médicales. Finalement en annexe C, un index des auteurs cités conclu le document.

Contribution

Chaque chapitre correspond, en partie tout du moins, à un travail ayant fait l'objet d'une publication, excepté pour l'étude bibliographique et pour le chapitre consacré au positionnement de patient. La rédaction d'un article sur ce dernier travail est en cours.

Première partie

Recalage d'images
&
application au positionnement de patient

1
Recalage d'images

Sommaire

1.1 Domaines d'application

Le recalage d'images, en anglais *registration*, fait référence à la procédure ayant pour but de trouver une transformation spatiale reliant deux ou plusieurs images. Au final, le but est de situer les images dans un même repère géométrique. C'est un domaine de recherche aux multiples applications et impliquant un vaste nombre de techniques d'imagerie numérique. Cette multiplicité provient essentiellement de la notion assez générale de *lien* entre images : les méthodes de recalage interviennent en fait à chaque fois qu'une correspondance spatiale entre images est requise.

Le champ d'application le plus important au regard du nombre de publications est celui de *l'imagerie médicale*, mais cette problématique est également liée à celle de la *mise en correspondance* d'objets (typiquement image/modèle), puisqu'il est généralement question de trouver des caractéristiques communes aux deux images, invariantes par rapport au type de transformation recherchée, afin d'estimer la transformation qui les sépare. Enfin, le recalage peut être placé dans le domaine plus général de la recherche de *similarités entre images*, c'est à dire d'opérateurs qui permettent, sous certaines conditions généralement assez restrictives, de définir une distance entre images.

Suivant ce découpage, nous proposons une rapide classification des différents domaines d'applications.

1.1.1 Imagerie médicale

Actuellement, un grand nombre de *modalités d'acquisition* produisent des images contenant des informations de natures et d'ordres très divers. Un résumé sur ces différentes techniques d'acquisition d'images médicales est proposé en annexe (voir page 173), mais pour plus de détails, le lecteur peut se reporter sur l'état de l'art très complet de Acharya *et al.* [AWSH95]. 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 recalage *multimodalité* pour un même patient [Hil93]. Le recalage *monomodalité* est par exemple utilisé pour suivre l'évolution d'une pathologie [CKRP97]. 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 [Dav96b]. 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 [WCM92].

Chirurgie assistée : ce domaine de recherche très actif actuellement utilise des méthodes de recalage d'images à différents niveaux [GLPW+94, HWHN96]. 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 *portales*, voir annexe B), comparées, à l'aide d'un recalage, à une image volumique précédemment acquise [LS95]. Une description plus complète de cette problématique se trouve au chapitre 5.

1.1.2 Mise en correspondance

La mise en correspondance est également désignée par *appariement* (*matching*) ; il s'agit là d'un domaine très vaste, dont nous ne citerons que les applications les plus emblématiques (voir [Zha93] pour un état de l'art).

Stéréo-vision : à l'aide d'images acquises avec un même appareil, mais à partir de points de vues différents (imagerie satellite ou spatiale), l'appariement stéréoscopique consiste à reconstruire la structure 3D de la scène observée [CV98]. L'étape de recalage vise généralement à déterminer des points homologues dans chaque image, le correspondant de chaque point étant recherché dans un voisinage limité.

Reconnaissance d'objets : étant donné un modèle d'un objet, l'objectif est ici de déterminer s'il est présent ou non dans une scène réelle, et si c'est le cas, d'estimer sa position et son orientation [TB95]. Cette approche peut être effectuée à partir d'une ou plusieurs image(s) vidéo, dans des conditions d'éclairage particulières [VW97].

Suivi de cible : dans une séquence d'images, on cherche à connaître les positions successives d'un (ou plusieurs) objet(s). Parmi les difficultés, citons le problème d'occlusion partielle de l'objet suivi, qui rend caduques de nombreuses approches. Ce domaine d'application peut être rapproché de l'analyse d'images médicales temporelles, comme par exemple le suivi des mouvements cardiaques ou de l'évolution d'un colorant fluorescent dans des images rétiniennes [ROC+99a].

1.1.3 Similarité

Cette catégorie traite des problèmes liés à la recherche par le contenu dans des bases de données d'images.

Image-mining : c'est par ce terme très général qu'est désignée la recherche d'information automatique, ou *fouille*, dans des bases de données d'images, [OO98]. Cette notion englobe également *l'apprentissage* à partir d'images. La difficulté vient ici de l'absence de critère générique pour comparer les images, et donc de la nécessité de combiner différents caractères descriptifs.

Indexation par le contenu ou CBIR pour *Content-Based Image Retrieval* : c'est une branche du domaine précédent. On cherche ici à utiliser les *caractéristiques propres* d'une image et non pas des *méta-informations* (descriptions externes à l'image, fournies par un opérateur et provenant d'une indexation préalable). La formulation de requêtes pose également des difficultés ; généralement l'objectif est de proposer à l'utilisateur un ensemble d'images *similaires* à une image de référence qu'il choisit. Les correspondances se font souvent à partir de critères de texture, de couleur ou différentiels [MBM99].

Nous citons maintenant deux cas particuliers d'applications, dont la quantité de publications disponibles en fait des catégories à part entière :

Reconnaissance de visages : le but est ici de déterminer si un visage est ou n'est pas présent dans une banque de visages (avec des conditions de luminosité différentes), ou bien d'en retrouver l'orientation [MMM99].

Biologie moléculaire : la reconnaissance de *motifs* 3D se correspondant entre protéines permet d'obtenir des informations sur les propriétés communes de molécules. Pour cela, l'appariement de succession d'atomes est effectué à l'aide de procédures de recalage [Pen96].

Une très abondante bibliographie existe sur toutes les formes de recalage, montrant ainsi qu'il s'agit d'un élément central en analyse d'images. L'ensemble de ces applications repose sur un ensemble de méthodes communes, dont les grandes lignes sont décrites dans la classification des techniques présentée dans la section suivante.

1.2 Classification des techniques de recalage

Les procédures de recalage sont généralement décomposées à l'aide de quatre critères : l'espace de recherche, l'espace des caractéristiques, une mesure de similarité et une stratégie de recherche. Soit I_1 et I_2 les images à recaler, le processus général peut être résumé formellement de la manière suivante :

$$\tilde{T} = \arg\max_{T} \mathcal{S}\Big(f_1(I_1), f_2(T(I_2))\Big) \tag{1.1}$$

Avec :

- $\tilde{T}$ la transformation recherchée,
- f_1 et f_2 les fonctions extrayant des caractéristiques des images,
- $\mathcal{S}$ une fonction de similarité, définie sur l'espace des caractéristiques extraites par f_1 et f_2
- et "$\arg\max_T$" la procédure d'optimisation de la mesure de similarité, recherchant le maximum dans l'espace de recherche défini par les paramètres de T.

Même si ces catégories ne forment pas à proprement parler des étapes distinctes de *toutes* les méthodes de recalage, il est généralement admis qu'il est possible de s'y ramener dans la plupart des cas. La base de cette classification a été proposée par Brown dans un article fondamental [Bro92], et a par la suite été étendue par plusieurs états de l'art, généralement spécifiques à un domaine d'activité, voir la fin du chapitre. Nous présentons cette classification sous un point de vue légèrement différent, adapté à notre approche.

1.2.1 Espace de recherche

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 : par exemple, Thévenaz *et al.* dans [TRU98] ajoute un opérateur de contraste dans l'espace de recherche. 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*, voir [ORS+99]). 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.

Affine : 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, voir plus de détails en annexe A.2. Les transformations projectives préservent les lignes droites mais pas le parallélisme [1]. 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 :

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

Lorsque le degré n est égal à 1 on retrouve une transformation affine. Pour $n > 4$, le polynôme à 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 locales, voir [VHS+97].

1. Sauf si l'on considère le support (ou *écran de projection*) non plus planaire mais sphérique.

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, voir [Dav97, BNG96, BN96b, VD99, Dav96a].

De manière générale les transformations *affines* (au sens large) et les *projections* sont considérées comme *globales*, alors que les méthodes *locales* font appel à des transformations *non-linéaires*. Dans tous les cas, l'espace de recherche est défini par l'ensemble de toutes les transformations possibles.

Lors de nos travaux, nous avons été amenés à travailler sur les classes des transformations rigides (chapitre 2), affines (chapitre 4) et perspectives (chapitre 5). Les matrices des transformations sont développées dans l'annexe A, page 169. Par la suite nous n'évoquerons plus les autres types de transformations.

1.2.2 Espace des caractéristiques

Il s'agit d'un ensemble d'*éléments* à déterminer à partir des images, et utilisé pour caractériser celles-ci. Ils doivent donc être représentatifs des caractères *communs* des images. On distingue habituellement les caractéristiques *extrinsèques* à l'image, basées sur des marqueurs *ad hoc*, introduits a priori dans l'espace image, des caractéristiques *intrinsèques*, calculées à partir de l'image elle-même. Dans le premier cas surtout utilisé en imagerie médicale, des objets artificiels réagissant de manière identifiable à l'appareil d'acquisition, sont utilisés afin de faire office de marqueurs. Nous ne détaillerons que la deuxième approche car la première est généralement invasive pour le patient et implique de savoir à l'avance que les images vont être utilisées pour un recalage.

Nous ne présentons pas ici la classification habituelle ([Bro92, EMPV93, Mai96]), mais une autre vision plus adaptée à notre approche, mettant l'accent sur l'utilisation ou pas d'une étape de segmentation. La notion d'étape de segmentation doit être prise dans un sens large, c'est à dire d'un *traitement préalable à la stratégie d'optimisation*.

1.2.2.1 Avec segmentation

Le but est de déterminer des caractéristiques communes aux deux images, soit appariées (points homologues), soit se correspondant statistiquement.

Extraction de marqueurs : l'étape de segmentation conduit à un ensemble de primitives géométriques. Il s'agit classiquement de points [ZK99, LAJ98, SDZ95, Hil94, DKFH97], de courbes (définies comme suites de points) [LPE+94], de segments [MH97], ou de facettes [SP95].

Structures : beaucoup d'études portent sur des *surfaces* ou *volumes*. Les premières peuvent être décrites en termes de facettes [SP95], de manière implicite [VD99] ou par un ensemble de points répartis sur la surface [BS97, SHK95]. De plus, d'autres caractéristiques peuvent être calculées à partir de surfaces ou volumes, c'est le cas des méthodes visant à aligner les *axes principaux* [ABKC90, RTL+93]. Enfin, considérer plutôt les volumes (par exemple à partir d'une surface en utilisant une fonction de densité uniforme) a généralement conduit à de meilleurs résultats, en terme de précision et de robustesse vis-à-vis de la méthode d'optimisation, voir [ABKC90, MR93, MFVR95].

Association d'éléments : il est bien sur possible de ne pas considérer qu'un seul type de primitives, mais plusieurs en même temps. Ainsi, Meyer *et al.* [MLB+95] utilisent simultanément points, lignes et plans homologues. De même, la nature des primitives peut être différente pour chaque image. Ainsi, Simon [SHK95] utilise un modèle surfacique pour l'une (image de référence ou modèle) et un ensemble de points pour l'autre.

Il s'agit dans ces trois premières catégories de segmentations *binaires*.

Primitives non uniquement géométriques : des techniques plus évoluées associent d'autres attributs, souvent de nature différentielle, aux coordonnées des primitives. Deux exemples classiques sont les noyaux (ou *cores*) et les lignes de crête (ou *crest lines*). Les premiers, voir [FPC+94, LPE+94], sont des descriptions multi-échelles d'objets, calculés à partir de l'espérance des points à appartenir à la partie centrale (*medialness*) d'une structure. En plus de la position de la structure, la composante échelle d'un *core* donne une description de sa forme. L'autre approche utilise les *lignes de crête*. De telles lignes sont basées sur des critères différentiels utilisant jusqu'à la dérivée troisième et définies par la suite de points dont la courbure maximale est un extremum local dans la direction principale. L'algorithme des *Marching-Lines* décrit par Thirion *et al.* dans [TG92] puis dans [TG93] est adapté de celui des *Marching-Cubes* (voir description chapitre 7, section 7.1.2) et propose une technique d'extraction efficace. Dans le même ordre d'idée, les *points extrêmes* sont définis à partir d'intersections entre lignes de crête, et peuvent également servir de marqueurs [Thi93]. Enfin, une approche multi-échelles (toujours en utilisant les *Marching-Lines*) permet l'extraction de *point de coin* (ou *corner points*) [FT94]. Sont associés à ces éléments, des caractéristiques d'ordre différentiel telle la direction de courbure principale, qui permettent d'accélérer le processus et de limiter le nombre de primitives à extraire [PA96].

Partition de l'image : une approche *régions* permet ici de créer une partition de l'image en zones répondant à une même caractéristique. Dans [EMV95], différents opérateurs différentiels (là encore définis à partir de constructions multi-échelles, ou *scale-space*) sont appliqués sur les images. La différence avec les méthodes précédentes est que la totalité de l'image segmentée et non pas les seules structures optimales est gardée. L'image alors obtenue peut servir de base à un calcul statistique, similaire aux approches iconiques (voir section 1.3). Dans le même esprit, des approches par surface *floue* (à chaque point est associée une probabilité d'appartenir à un contour) et par *morphologie mathématique* ont été étudiées dans [MEV96] et [MEV97]. Plus de détails sur ces approches peuvent être trouvés dans [Mai96].

1.2.2.2 Sans segmentation

Dans le cadre d'une approche sans segmentation, les informations contenues dans l'image sont considérées comme un tout, il n'y a pas d'extraction d'éléments caractéristiques. La difficulté du problème est alors déplacée de l'extraction de caractéristiques vers le choix de la mesure de similarité.

Méthodes "brutes" : une combinaison de différences d'intensité pixels à pixels est effectuée. La différence choisie peut être de plusieurs natures : normes L_1 ou L_2 [TRU98], changement de signe stochastique, pondérée, normalisée ou plus évoluée, [WCM92, WMC93].

Histogramme joint : il s'agit de l'équivalent bi-dimensionnel de l'histogramme classique 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. Cet objet est définit plus formellement dans le chapitre 2 et l'algorithme de calcul usuel ainsi qu'une méthode plus rapide sont décrits au chapitre 4.

Bien qu'en toute rigueur, les images sont quand même comparées à travers un élément représentatif (l'histogramme joint), c'est la prise en compte de la globalité de l'information qui forme la base de cette catégorie. La distinction entre les deux classes est en fait de nature historique car pratiquement toutes les méthodes *brutes* peuvent être calculées à partir de l'histogramme joint. À l'inverse, un certain nombre de mesures peut être évalué sans calcul *explicite* de cet histogramme. Dans la suite nous avons choisi de nous intéresser uniquement aux méthodes sans segmentation, dites *iconiques*. Nous motivons ce choix et détaillons ces méthodes section 1.3.

Remarque : le découpage présenté ici entre méthode *avec* et *sans* segmentation ne doit pas, bien entendu, être considéré comme une frontière, car la combinaison de plusieurs approches permet généralement de coller au mieux à une application particulière. Une étape préalable de restauration d'image, par exemple correction des distorsions d'intensité dues à la non homogénéité de champ magnétique dans les images IRM, peut ainsi être utilisée avant une méthode dite *sans segmentation*. De même, ces dernières approches peuvent être appliquées à l'image résultant d'une segmentation, sur des intensités ne représentant cette fois, non pas une propriété *physique*, mais *structurelle*, correspondant au critère de la segmentation (comme le font par exemple van den Elsen *et al.* dans [EMV93]).

1.2.3 Mesure de similarité

La mesure évoquée ici est le centre même du processus de recalage puisqu'il s'agit du critère principal à optimiser. Nous distinguons ici deux natures de mesure : celles fondées sur une notion de *distance* à minimiser, les autres sur la mesure d'une *liaison* à maximiser.

Distance : les approches par extractions de primitives utilisent généralement une distance spatiale pour mesurer l'écart entre les structures extraites. Dans le cas de primitives géométriques simples, la norme L_2 est généralement utilisée. Le lecteur peut se rapporter à [Pen96, PA96] pour l'extension de la notion de distance pour d'autres ensembles de primitives, et à [Pen98] pour la moyenne de telles primitives. De plus, lorsque d'autres informations de nature non géométrique sont utilisées, des distance *ad hoc* sont définies.

Liaison : à partir d'une hypothèse de corrélation entre les intensités des images, une mesure statistique est choisie (généralement calculée à partir de l'histogramme joint). Une étude plus précise de ce cas est présentée au chapitre 2.

Dans tous les cas, le maximum du critère de similarité dans l'espace de recherche doit correspondre aux paramètres de la transformation recherchée.

1.2.4 Stratégie de recherche

Cette dernière partie concerne la stratégie utilisée pour trouver l'optimum du critère de similarité basé sur les caractéristiques étudiées dans l'espace de recherche.

La nature de la mesure de similarité dicte généralement les grandes lignes de la stratégie à adopter.

Recherche exhaustive : dans la plupart des cas, même limitée à un domaine de transformations acceptables, une recherche exhaustive n'est pas envisageable du fait de la taille considérable de l'espace de recherche.

Méthode directe : lorsque le critère repose, par exemple, sur deux ensembles, généralement de faible taille, de points homologues, il est possible d'effectuer un calcul direct des paramètres sur le système d'équations considéré (minimisation quadratique par moindre carré par exemple).

Recherche dans des espaces quasi-convexes : lorsque le critère possède d'assez bonnes propriétés ou s'en rapproche en pratique, la recherche peut s'effectuer par des algorithmes d'optimisation génériques. Par exemple, l'algorithme de *Powell-Brent* est beaucoup utilisé, notamment suite à son implémentation dans [PFTV92] (voir section 1.3.3). Dans le même ouvrage on trouve également la méthode du Simplexe. Enfin, dans le cas où la dérivée du critère est connue ou estimable de manière assez précise, il existe d'autres méthodes plus rapides : descente en gradient, algorithme de *Newton-Raphson* (utilisé dans [GLPW+94]) ou de *Levenberg-Marquardt* (utilisé dans [TRU98]). Enfin, lorsqu'un ordre intrinsèque existe dans les données à la base du critère, des méthodes de programmation dynamique peuvent être utilisées [Bro92].

Recherche stochastique : pour rendre la stratégie de recherche plus robuste, plusieurs méthodes stochastiques sont communément mises en pratique. Par exemple, la technique du *recuit simulé* permet des écarts aléatoires autorisant une diminution du critère pendant de la recherche. L'amplitude de ces écarts est conditionnée par une *température*, décroissant au fur et à mesure que l'on s'approche d'un point optimal. Les *algorithmes génétiques* procèdent en considérant les paramètres sous forme d'une population de *chromosomes*. Le long du processus, des étapes de croisements et de mutations interviennent de manière probabiliste relativement à la valeur du critère et permettent de converger vers un individu ou une population homogène dont les paramètres correspondent à l'optimum, voir [Rou99, JR95].

La plupart du temps, les algorithmes ne garantissent une convergence que vers un optimum *local*, potentiellement éloigné de la solution recherchée. Le point de départ, c'est-à-dire l'initialisation préalable des volumes, a généralement une grande importance.

1.2.5 Traitements annexes

Les quatre caractéristiques précédentes ne rendent pas totalement compte de la diversité des approches, mais offre un tableau assez général. Un ensemble de traitements adjacents, avant, après ou pendant la procédure, s'ajoutent naturellement à ceux décrits.

Pré-traitements

- *sur la géométrie :* ré-échantillonnage préalable des images afin d'obtenir des voxels cubiques et/ou de même taille (voir par exemple [Stu97], [Col97] ou [WMC93]),
- *sur les intensités :* diminution du nombre d'intensités des images (passage de 16 à 8 bits par points, voir [Stu97]), ou normalisation des histogrammes ([Nik99]),

– *sur les images :* outre d'éventuelles étapes de segmentation préalables [WMC93], divers traitements sont utilisés, tels la restauration des images par application de filtres réducteurs de bruit, la réduction des inhomogénéités pour les IRMs [GJM99, SSHH98], la suppression ou la non prise en compte des parties non porteuses d'informations comme les bords ou le fond de l'image.
– *point de départ :* la procédure est souvent initialisée en alignant les centres des volumes, ou bien en appliquant une autre méthode moins précise mais plus rapide, comme par exemple l'alignement des axes principaux [ABKC90, NHA98].

Per-traitements La majorité des procédures fait appel à des techniques hiérarchiques de *multirésolution*, afin à la fois d'accélérer et de rendre robustes les traitements, voir par exemple [TRU95]. Les techniques usuelles de construction de pyramides (Gaussiennes ou autres, voir [JR94]) peuvent être utilisées, mais dans la majorité des approches un simple sous-échantillonnage est appliqué, généralement un voxel sur d^n, avec n décroissant et d la dimension de l'image, voir [WMC93, PMV98, CMD+95]. Cependant, Thévenaz *et al.* justifient dans [TU96] l'emploi d'un modèle de pyramide plus précis qu'un simple échantillonnage ou même qu'une interpolation linéaire : pour que la stratégie de multirésolution soit efficace, il faut que le niveau le plus grossier de la pyramide soit le plus représentatif possible du niveau le plus fin, afin de guider précisément la recherche. De plus, comme l'essentiel du temps de calcul est concentré dans le (ou les) dernier(s) niveau(x), cela n'a que peu d'impact sur le temps d'exécution total. Enfin, le problème du passage d'un niveau de résolution à un autre (à quel moment estime-t-on devoir changer de niveau, avec quels paramètres débute-t-on le suivant ?) est également étudié dans [TRU98].

Post-traitements Outre les techniques de présentation du résultat d'un recalage ou de fusion de données qui sortent de notre domaine d'études, la *validation* apparaît comme un problème crucial et délicat. Cette notion couvre à la fois la comparaison (*calcul d'une erreur*) entre deux transformations et l'étude plus générale de la qualité d'une méthode de recalage (*variation des erreurs*).

La difficulté de la tâche réside dans le fait que les paramètres exacts de la transformation recherchée ne sont pas souvent disponibles (transformation *standard* ou de *référence* en français, et *gold standard* ou *ground truth* en anglais). De plus, les erreurs peuvent provenir d'un grand nombre de paramètres tout au long de la procédure : échec ou imprécision de l'étape de segmentation, problème des extrema locaux lors de la procédure de recherche, validité des hypothèses de base de la mesure de similarité, validité du type de transformation considéré, méthode d'interpolation choisie *etc.* En outre, il faut également considérer la qualité des images : bruit, problème d'inhomogénéité du champ magnétique dans les IRMs, différence de précision entre les deux modalités, contraste, dynamique des intensités *etc.*

Lorsqu'une transformation de référence est disponible, par un fantôme artificiel comme dans [SOB+95], par un recalage manuel effectué par des médecins ou encore par simulation, il ne suffit pas de comparer les matrices de transformation pour obtenir une évaluation de l'erreur convenable [Mun94]. Ainsi, une erreur est généralement défini comme la distance spatiale entre des points homologues. Généralement, ceux-ci sont, soit répartis de manière aléatoire, soit choisis parmi un ensemble de points d'intérêt. La racine carrée de l'erreur quadratique moyenne entre ces points (RMS, ou *Root Mean Square*) est la mesure la plus couramment utilisée [WFW+97]. Nous l'utilisons et la décrivons plus formellement au chapitre 2, section 2.3.1.1.

L'étude de la *variation de l'erreur* d'une méthode est appréhendée par des critères statistiques tels que la validation croisée [TSD96] ou en introduisant un modèle d'erreur [PT95a, PT95b]. Fitzpatrick *et al.* présentent dans [FWM98] une étude spécifique aux approches basées sur des marqueurs fiduciaires, montrant l'imprécision du recalage pour des points proches de ces marqueurs. Enfin, une étude sur la précision dans un système complet de neurochirurgie est décrite dans [Mun94].

Comparaison des méthodes : le projet de l'université Vanderbilt

Afin de fournir aux chercheurs un cadre d'étude des différentes méthodes de recalage, un projet a été initié en 1994-95 par Fitzpatrick *et al.* à l'université Vanderbilt. À partir d'une base de données d'images médicales de multiples modalités et de mesures précises des transformations (rigides) à retrouver, plusieurs groupes de chercheurs ont soumis en test aveugle les résultats de leurs méthodes. Les différentes approches ont ainsi pu être comparées et diffusées à la communauté. La publication de référence du projet est [WFW+97] et plus de détails sont disponibles sur le site Internet :

`http://cswww.vuse.vanderbilt.edu/~image/registration/`

Actuellement, la base de données comporte des images d'une vingtaine de patient, acquises selon 5 modalités différentes, avec ou sans corrections appliquées *a posteriori* sur les images. Nous utilisons cette base pour nos tests tout au long de nos études (aux chapitres 2, 3 et 4).

EPIDAURE

Parmi les projets liés au recalage, nous signalons également le thème de recherche consacré à ce sujet dans le projet EPIDAURE (*Epidaure, Projet Images, Diagnostic AUtomatique et RobotiquE*), de l'INRIA, sous la direction de N. Ayache [Aya98]. Plusieurs approches ont été développées dans cette thématique, et de futurs résultats concernant les mesures de similarité (voir chapitre suivant) devraient bientôt être publiés, à travers les travaux de A. Roche avec qui nous avons été en contact. Le site de Internet décrivant plus précisément le projet et les personnes impliquées est :

`http://www-sop.inria.fr/epidaure`

Synthèse bibliographique Dans la perspectives d'éviter au lecteur de se perdre dans la quantité de références disponibles, nous résumons les principales thèses et publications étudiées sous forme de tableaux pages 18 et 19 (le classement est effectué par ordre chronologique de parution).

Date	**Auteur**	***Titre***	**Commentaire**	**Référence**
1992	L.G. Brown	*A Survey of Image Registration Techniques*	Classification complète et générale des techniques de recalages	[Bro92]
1992	P. Gerlot-Chiron	*Registration of Multimodality Medical Images Using a Region Overlap Criterion*	Spécifique à l'imagerie médicale multimodalités	[GCB92]
1993	C.R. Maurer	*A Review of Medical Image Registration*	Spécifique à l'imagerie médicale	[MF93]
1993	P.A. van den Elsen	*Medical Image Matching – A Review with Classification*	Complément de la première référence (spécifique à l'imagerie médicale)	[EMPV93]
1993	Z. Zhang	*Le problème de la mise en correspondance : l'état de l'art*	Stéréo-vision, suivi de cible et reconnaissance d'objet	[Zha93]
1995	S. Lavallée	*Registration for Computer Integrated Surgery: Methodology, State of the Art*	Chirurgie assistée	[Lav95]
1996	Maintz	*A Survey of Medical Image Registration*	Le dernier état de l'art en date, plus de 300 références	[Mai96]
1996	T.D. Zuk	*A Comparison of Manual and Automatic Methods for Registering Scans of the Head*	Comparaison de méthodes manuelles et automatiques	[ZA96]
1997	J. West	*Comparison and Evaluation of Retrospective Intermodality Image Registration Techniques*	Comparaison de différentes techniques (voir section 1.2.5)	[WFW+97]
1998	N. Ayache	*L'Analyse Automatique des Images Médicales – État de l'Art et Perspectives*	Vue plus générale des problématiques de l'imagerie médicale, grand nombre de références (voir section 1.2.5)	[Aya98]

Tab. 1.1 – *Différents états de l'art sur le recalage d'images*

Date	Auteur	*Titre*	Commentaire	Référence
1992	L. Brunie	*Fusion d'images médicales multimodales*	Basées sur des contours, minimisation à l'aide d'une modèlisation physique originale	[Bru92]
1992	G. Malandain	*Filtrage, Topologie et Mise en Correspondance d'Images Médicales Multidimensionnelles*	Modèle physique également, recalage monomodal	[Mal92]
1993	D.L.G. Hill	*Combination of 3D Medical Images from Multiple Modalities*	Parmi les premières études sur le recalage par fonction de similarité (sur histogrammes joints)	[Hil93]
1995	P. Viola	*Alignment by Maximization of Mutual Information*	Premières études utilisant l'Information Mutuelle	[Vio95]
1996	J.B.A. Maintz	*Retrospective Registration of Tomographic Brain Images*	État de l'art, différentes méthodes originales (morphologie mathématique, corrélation à partir des gradients)	[Mai96]
1996	M. Bro-Nielsen	*Medical Image Registration and Surgery Simulation*	Recalage *fluide*, étude de mesures issues de l'analyse de texture	[BN96b]
1996	X. Pennec	*L'incertitude dans les problèmes de reconnaissance et de recalage. Application en imagerie médicale et biologie moléculaire*	Étude plus théorique sur la validité des procédures et la géométrie ; application à la biologie moléculaire	[Pen96]
1997	C. Studholme	*Measures of 3D Medical Image Alignment*	Mesures de similarité iconiques, nombreuses études de cas	[Stu97]
1997	A. Colin	*Étude de méthodes de recalage et de fusion d'images 3D du cerveau. Application au suivi d'une pathologie cérébrale*	Spécifique à l'imagerie cérébrale, fusion de données	[Col97]
1998	R.N. Rohling	*3D Freehand Ultrasound: Reconstruction and Spatial Compounding*	Centrée sur la modalité Ultrason	[Roh98]

Tab. 1.2 – *Thèses sur le recalage*

Après avoir décrit le contexte (domaine d'application et classification des méthodes), nous présentons dans la section suivante la classe de méthodes à laquelle nous nous sommes plus précisément intéressés : les approches sans segmentation.

1.3 Les méthodes iconiques

1.3.1 Canevas général

Au cours des sections précédentes nous avons déjà évoqué les méthodes iconiques. Le canevas général de telles méthodes [CMD+95, MCV+97, WVA+96] est le suivant. Tout d'abord une mesure de similarité calculée à partir des intensités de tous les points des images et relative à une transformation est choisie. Ensuite, étant donné une classe de transformation, une procédure d'optimisation est appliquée afin de maximiser cette mesure de similarité dans l'espace de transformation considéré. Généralement une image, dite de *référence*, est fixe et les transformations sont appliquées à l'autre, désignée par image *flottante*. Nous considérons les notations suivantes :

– $I_r : \prod_{i=1}^{d} [\![1..n_i]\!] \to \mathcal{D}_r$ est l'image de *référence*,
– $I_f : \prod_{i=1}^{d} [\![1..m_i]\!] \to \mathcal{D}_f$ est l'image *flottante*,
  d désigne la dimension des images (2D ou 3D), n_i et m_i représentent le nombre d'échantillons suivant le $i^{\text{ème}}$ axe. $\mathcal{D}_r$ et $\mathcal{D}_f$ sont les domaines des intensités des images, typiquement 256 niveaux de gris.
– la transformation spatiale est notée $T : \mathbb{R}^d \to \mathbb{R}^d$
– la mesure de similarité est notée $\mathcal{S}$

Durant l'évaluation de $\mathcal{S}$ pour la transformation T courante, la procédure de transformation d'images discrètes implique le choix d'un procédé d'interpolation.

1.3.2 Motivations

Le choix de cette classe de méthodes s'est fait sur les arguments suivants. Tout d'abord, les méthodes iconiques ne font pas l'hypothèse que des structures identiques sont présentes dans les deux images, alors que c'est une nécessité pour les méthodes avec segmentation. C'est une propriété que nous utilisons lors de l'étude sur le positionnement de patient (chapitre 5). D'autre part, avec une étape de segmentation, la qualité du recalage repose également sur la méthode d'*identification* des structures extraites (est-elle robuste ? quelle est sa précision ?). Ainsi, la précision du recalage est limitée par la précision de l'étape de segmentation. Par exemple, les approches différentielles (*crest lines*, *cores*) ne sont reconnues valides que pour des recalages entre images de *même modalité* et de *bonne qualité*. Or, dans les problématiques auxquelles nous sommes confrontés, les images ne sont pas de même modalité et sont de mauvaise qualité (voir chapitre 5). Enfin, il nous paraît intéressant de considérer une notion de similarité entre images en vue des applications concernant les requêtes par le contenu (chapitre 2).

Limites Deux partis pris bornent cette étude. Tout d'abord, nous nous intéressons uniquement à la classe des transformations *rigides*. D'une part parce que dans le projet dans lesquels nous avons été impliqués cette hypothèse est utilisée par les médecins, et d'autre part afin de rester compatible avec des temps de calcul acceptables dans une optique clinique.

Ensuite, seule la stratégie de minimisation de Powell-Brent a été utilisée. Ce choix s'est imposé en raison des bonnes performances de la méthode en terme de précision, mais également en temps de calcul par rapport aux approches stochastiques. Il s'agit surtout d'une approche générale : la dérivée du critère n'est pas requise et de nombreux auteurs l'utilisent. La méthode du Simplexe a plusieurs fois montré une claire infériorité [PFTV92], et la méthode décrite dans [Yur94] a bien été implémentée mais sans résultats probants.

Paramètres Bien qu'apparemment entièrement automatique, un ensemble conséquent de paramètres influe sur le comportement de la méthode et doit être fixé au préalable pour mener à bien un recalage par méthode iconique. Parmi ceux-ci, trois paramètres ont été étudiés en détail et sont présentés sous forme de chapitres indépendants, il s'agit du choix de la mesure de similarité (chapitre 2), de la méthode d'interpolation (chapitre 3) et de la procédure de transformation d'images (chapitre 4). Quand aux paramètres de la méthode de minimisation, ils sont présentés dans la section suivante.

1.3.3 La méthode de Powell-Brent

Il s'agit d'une recherche multi-dimensionnelle (algorithme de Powell), procédant par itérations unidimensionnelles (algorithme de Brent).

Si l'on considère que l'optimisation est une *minimisation* de la valeur du critère (mesure de dissimilarité), la première méthode consiste à considérer une série successive de minimisations selon des *directions conjuguées*. Quant à la minimisation unidimensionnelle utilisée, elle procède de la manière suivante. Elle fait tout d'abord l'hypothèse que la fonction est pratiquement convexe, et qu'elle peut être approchée par un simple polynôme. Ainsi, en utilisant trois points courants ordonnés de telle manière que le second point présente une valeur du critère inférieure aux deux autres, un polynôme est calculé et le prochain point évalué correspond à son minimum. À chaque itération, le résultat est ainsi affiné jusqu'à ce que la distance entre les points soit inférieure à une valeur, dite de *tolérance* et notée *tol*. Cette distance fournit la précision de la transformation finale de la procédure d'optimisation qui n'estime jamais $\mathcal{S}$ pour des transformations consécutives plus proche que *tol*. Idéalement, la procédure d'optimisation stoppe à une distance inférieure à *tol* de la "vraie" transformation[2]. Enfin, le critère d'arrêt final est un seuil minimal d'amélioration du critère entre chaque itération. Ainsi, de part la généralité de son approche (pas d'utilisation des dérivées du critère), cette méthode n'est efficace que dans les cas où la fonction à optimiser possède relativement peu de minima locaux. Il n'y a pas de garantie de convergence vers le minimum global.

Pour utiliser cette méthode, une base canonique de l'espace de recherche doit être fournie, afin de relativiser les paramètres : un déplacement de $1\,mm$ n'a pas la même influence qu'une rotation de 1 *radian*. Dans le cas des transformations rigides, trois types de paramètres sont utilisés :

- les *translations* : le vecteur de base est fixé à $1\,mm$
- les *rotations* : dans [WMC93], Woods *et al.* utilisent un rapport égal à $55.84\,mm$ par *radian* entre rotation et translation. En suivant ce principe, nous avons adopté la méthode suivante : étant donné la taille des images, nous calculons (en millimètre) le *déplacement moyen* des points lors d'une rotation de 1 radian et utilisons la valeur obtenue pour fixer le vecteur de base.

2. *Vraie*, dans le sens où elle correspond au minimum global du critère choisi

– le *changement d'échelle* est également fixé de la même manière.

Plusieurs auteurs — [ROC+99a, TU98] — ont également mis en avant l'influence de l'ordre dans lequel sont évalués les paramètres de la transformation.

1.4 Conclusion

Loin de prétendre couvrir l'ensemble des techniques utilisées, nous avons essayé de rendre compte de l'aspect central de la problématique du recalage en analyse d'image. Nous avons présenté deux classifications synthétiques, *applications* et *méthodes*, afin de situer le contexte de recherche dans lequel nous nous plaçons (méthodes *iconiques*). Il ressort de cette étude qu'il existe un ensemble de méthodes efficaces, particulièrement dans le cas monomodal. Les critères différentiels, calculés à partir d'espaces multi-échelles, sont couramment utilisés mais demandent des images de bonne qualité. Dans le cas multimodal ou lorsque les images sont particulièrement difficiles à segmenter, les approches iconiques semblent ouvrir une nouvelle voie de recherche. En particulier, elles offrent une autre approche sur la notion de similarité entre images : deux images ne sont plus comparées à travers des caractéristiques calculées *indépendamment* dans chaque image, mais à travers une comparaison *commune* et *globale* de leur *liaison*.

Ce dernier point est développé dans le chapitre suivant consacré aux mesures de similarité. Ensuite, deux chapitres sont consacrés à des études plus précise de certains aspects du recalage (interpolations, transformations). Enfin, le dernier chapitre de cette partie présente une application de ces méthodes : le positionnement de patient en radiothérapie conformationnelle.

2

Mesures de similarité

Sommaire

2.1 Principes de base

La notion de *similarité* entre images représente un important enjeu en traitement d'images, mais c'est une notion délicate à définir. Son fondement réside dans les hypothèses faites *a priori* sur le lien qui relie les images et la signification de cette relation dépend de la nature des images ou de l'application visée. En effet, il n'existe probablement pas de critère absolu de similarité : la problématique revient à étudier les fondements et les limites des différentes mesures possibles.

Ce chapitre est organisé de la manière suivante : nous posons tout d'abord dans cette section le cadre d'étude dans lequel nous nous plaçons. La section 2.2 présente ensuite un certain nombre de mesures de similarité classiques ou originales, classées en fonction de diverses propriétés. La dernière section est consacrée à un ensemble d'expérimentations.

2.1.1 Notion de similarité entre images

Nous essayons tout d'abord d'expliciter un certain nombre de termes fréquemment employés lorsque la notion de similarité est évoquée, tels que *dépendance*, *corrélation* ou *variation*, afin d'arriver à une définition de la classe de mesures de similarité que nous étudions.

Dans le cadre du recalage d'images par méthodes iconiques, la similarité est évaluée à travers la mesure d'un *lien entre les intensités* des images. L'hypothèse sur laquelle la validité de l'approche repose est la suivante : ce lien est maximal lorsque les images sont recalées et décroît en même temps que la qualité du recalage. Cette liaison est évaluée par l'intermédiaire de la notion de *dépendance*. Les distributions d'intensité sont ainsi dites dépendantes lorsqu'une *variation* dans une distribution entraîne une variation dans l'autre[1]. Le terme de *corrélation* est quant à lui généralement employé lorsque la relation est réciproque. S'il n'existe pas de lien, les distributions d'intensité sont *indépendantes* et si la connaissance d'une distribution permet de prédire parfaitement la seconde, le lien est total et la dépendance est *fonctionnelle*. Là encore, notons que cette relation n'est pas forcement réciproque.

Évoquée lors de la définition de la dépendance, la notion de *variation*, ou de *diversité*, joue un rôle clé dans l'évaluation de la dépendance. Cette dernière est souvent considérée comme une *réduction de diversité* d'une distribution apportée par la connaissance de l'autre. Différentes définitions de cette variation conduisent alors à différentes mesures. Ainsi, nous utiliserons dans ce chapitre le vocable de *mesure de similarité* dans le sens suivant : *il s'agit d'un nombre qui mesure un certain type de dépendance entre les distributions d'intensité qui caractérisent les images.*

La première justification de l'hypothèse de lien entre les intensités des images est la suivante. En recalage multimodal d'images d'un même patient, un même "matériel physique" dans un volume délimité, est considéré comme étant mesuré de deux manières différentes, par deux appareils d'acquisition différents. À une position spatiale, c'est-à-dire à un volume atomique donné, sont ainsi associées deux valeurs d'intensité, une dans chaque image. Les deux intensités proviennent de la même source et ont donc potentiellement une grande quantité d'information en commun. Bien entendu, cette relation ne saurait être parfaite, mais elle est évaluée de manière relative : différentes positions des images sont comparées et celle conduisant au lien le plus important entre les intensités est retenue.

1. Notons que *dépendance* ne signifie pas *causalité*, généralement il est délicat voire impossible de mesurer l'origine d'une dépendance.

2.1.2 Les histogrammes joints

L'objet de base sur lequel repose l'évaluation des liens est *l'histogramme joint*. Historiquement, la première utilisation dans le cadre du recalage d'images médicales semble due à Hill *et al.* [HSH92, Hil93], sous le nom de *feature space*. Notons qu'il s'agit pratiquement du même nom que celui utilisé par Brown dans sa classification des méthodes de recalages d'images [Bro92], mais pour désigner l'espace caractérisant les structures extraites des images et à partir desquelles le recalage est effectué. Par la suite Collignon, Maes, Viola, Wells *et al.* [CMD+95, MCV+97, VW97, WVA+96] ont utilisé explicitement l'histogramme joint.

Cet histogramme est en fait une généralisation des matrices de cooccurrence utilisées depuis de nombreuses années en analyse de textures [CP98]. Calculé pour une transformation T donnée, l'histogramme est noté et défini par :

$$H_T : \mathcal{D}_r \times \mathcal{D}_f \to \mathbb{R}^+ \tag{2.1}$$

À la fin de la procédure de calcul, $H_T(i,j)$ représente le nombre de points, pixels ou voxels, tels que $I_f(\boldsymbol{x}) = j$ et $I_r(T(\boldsymbol{x})) = i$. Le calcul est effectué de manière itérative et à l'aide d'une procédure d'interpolation (voir plus de détails chapitres 3 et 4). Nous notons n_{ij} la valeur de $H_T(i,j)$, $n_i = \sum_j n_{ij}$ et $n_j = \sum_i n_{ij}$ les effectifs marginaux, et $n = \sum_i \sum_j n_{ij}$ la taille totale (voir figure 2.1).

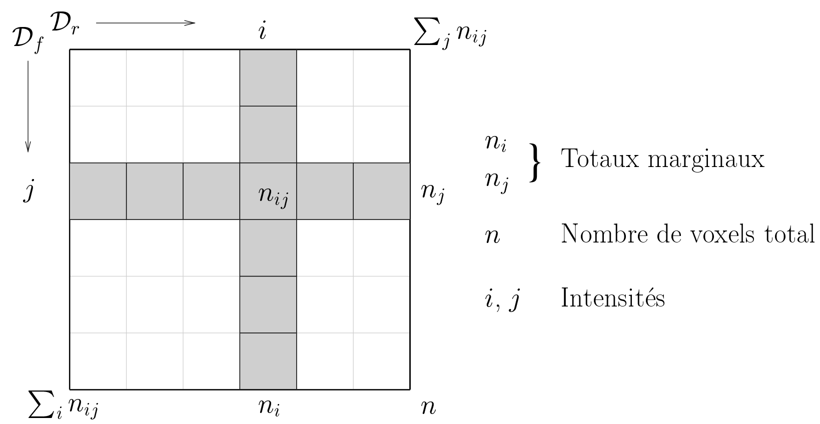


Fig. 2.1 – *Notations pour un histogramme joint*

2.1.3 Les images en tant que Variables Aléatoires

Les images sont considérées à travers l'histogramme joint comme deux *variables aléatoires* (VA). Une VA est définie comme le résultat d'une expérience (ou *processus*) aléatoire, composée d'un ensemble d'épreuves (ou *événements élémentaires*) produisant un ensemble de résultats à valeur dans un *domaine* donné. Dans notre cas, une image représente une VA et les voxels ou pixels correspondent aux événements élémentaires dont le domaine est l'ensemble $\mathcal{D}_r$ ou $\mathcal{D}_f$ des intensités. Lors de l'évaluation d'un H_T, les deux expériences (les images) se déroulent en même temps et les événements concurrents (ou simultanés) sont $I_f(\boldsymbol{x}) = j$ et $I_r(T(\boldsymbol{x})) = i$. L'histogramme joint est alors l'équivalent d'un *tableau de contingence* statistique classique.

Les domaines d'intensité des images sont par nature discrets, mais peuvent être considérés de différentes manières, à savoir : *qualitatif* ou *quantitatif*. Le premier caractère fait référence à des modalités *catégorielles* ou *nominales* c'est-à-dire non mesurable (quantifiable). Les intensités sont dans ce cas des *labels* indépendants et non ordonnés. D'un autre côté, les variables *numériques* peuvent être discrètes ou continues, c'est-à-dire distribuées sur $\mathbb{R}^d$ de manière absolument continue par rapport à la mesure de Lebesgue. Dans ce cas la notion de *densité de probabilité* est substituée à celle de *distribution de probabilité*, car pour une distribution absolument continue, la probabilité de tout événement est nulle. Les images en tant que VA sont notées I pour l'image de référence et J pour l'image flottante.

De même que pour l'histogramme unidimensionnel des niveaux de gris d'une image, les quantités n_i,n_j et n_{ij} sont ensuite normalisées afin d'obtenir des *distributions*, élémentaires et marginales. Les probabilités associées devraient être notées $P_I(I_r(T(\boldsymbol{x})) = i)$, $P_J(I_f(\boldsymbol{x}) = j)$ et $P_{I,J}(I_r(T(\boldsymbol{x})) = i \wedge I_f(\boldsymbol{x}) = j)$ mais pour simplifier les notations nous les désignerons par p_i, p_j et p_{ij}. L'estimation de ces distributions peut se faire de différentes façons :

- la plupart des auteurs utilisent une estimation *fréquentielle* : $p_{ij} = \frac{n_{ij}}{n}$. Il s'agit d'un estimateur non biaisé : la loi des grands nombres permet d'affirmer que lorsque n tend vers l'infini, les fréquences tendent vers la véritable probabilité.
- l'approche *Bayesienne* consiste à utiliser une distribution *a priori* à travers une fonction Beta :

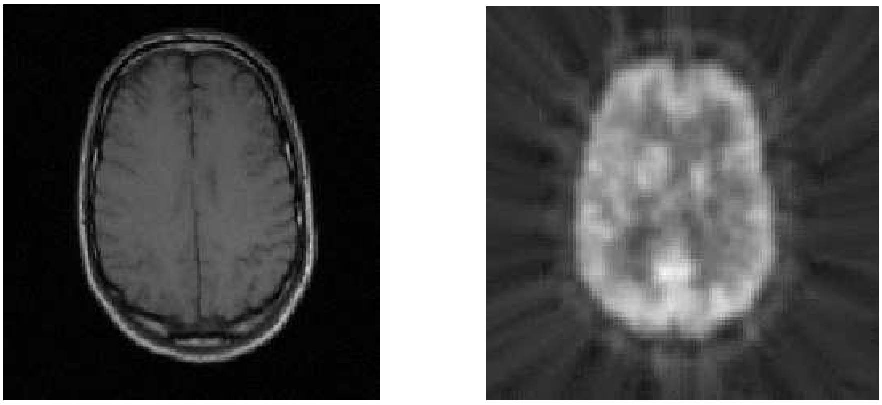
$$B_{ij}^{\lambda} = \frac{n_{ij} + \lambda}{n + K.\lambda} \tag{2.2}$$

  avec $K = |\mathcal{D}_r| \times |\mathcal{D}_f|$. L'estimation des probabilités est alors *tirée* vers la distribution a priori, réglée par le paramètre λ.
- enfin, certains auteurs [VW97, WVA+96, TU98, HFGE97] utilisent des *fenêtres de Parzen*, appliquées à l'aide de filtres de convolution sur l'histogramme, pour essayer d'obtenir une estimation plus robuste des densités de probabilités. Les VA sont dans ce cas considérées comme absolument continues et de densités continues. Cette méthode permet également d'obtenir une estimation de la dérivée du critère.

2.1.4 Exemple

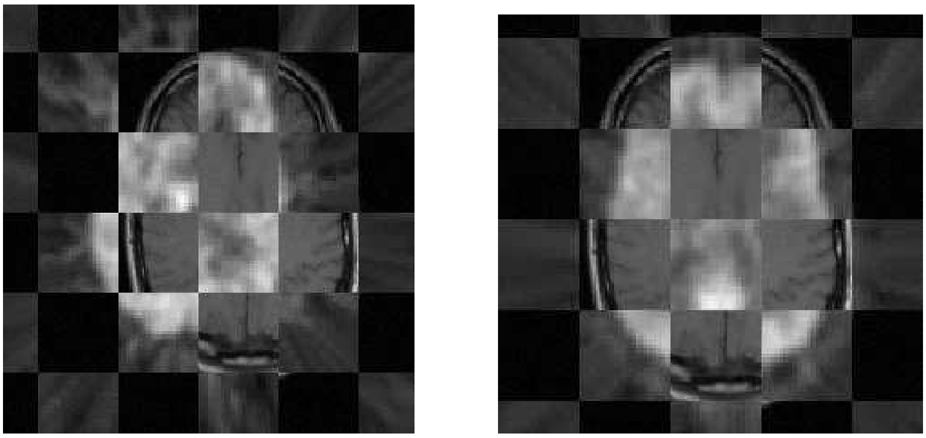
Nous concluons par un exemple. Les figures 2.2 représentent deux coupes de deux volumes (une IRM et une image TEP) à recaler. Les figures 2.3 illustrent deux étapes, initiale et finale, de recalage en présentant une version *en damier* des deux images, c'est-à-dire représentant en alternance une partie de chaque image dans le même repère. Les images non recalées sont à gauche, et celles recalées sont à droite. Enfin, la figure 2.4 présente deux histogrammes joints calculés pour un même couple d'images : les intensités sont d'autant plus blanches que les probabilités sont élevées.

On s'aperçoit ainsi que les valeurs de l'histogramme dans le cas où les images sont recalées offrent un aspect moins "dispersé" que dans l'autre cas. Le lien entre les intensités se rapproche ainsi d'une liaison fonctionnelle, dans laquelle une seule case par ligne et par colonne est blanche. L'observation d'un seul de ces histogrammes ne permet pas de déduire la qualité du recalage, c'est la comparaison avec le second histogramme qui permet d'affirmer que les images sont mieux recalées dans la seconde position que dans l'autre.



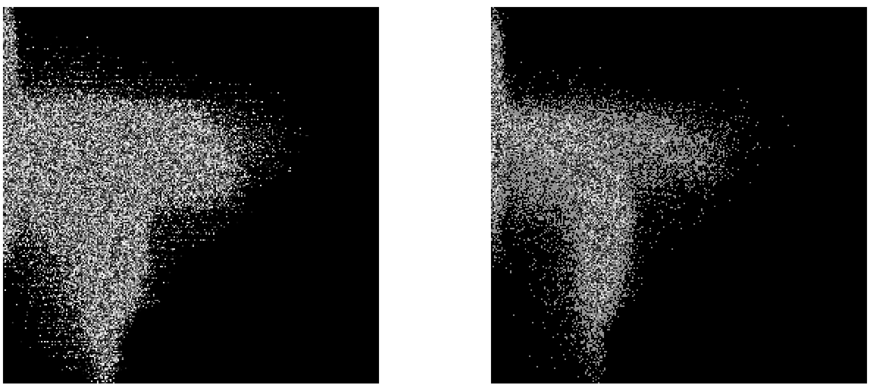
(a) Coupe d'un volume IRM (b) Coupe d'un volume TEP

FIG. 2.2 – *Coupes de volume 3D*



(a) Images non recalées (b) Images recalées

FIG. 2.3 – *Exemples d'étapes de recalage*



(a) H_T (images non recalées) (b) H_T (images recalées)

FIG. 2.4 – *Exemples d'histogrammes joints*

2.2 Classification des mesures

Au cours de nos travaux, nous avons étudié et implémenté plus d'une vingtaine de mesures de similarité. Ces mesures proviennent de différentes communautés de recherche : imagerie médicale bien sûr, mais également analyse de texture, théorie du signal, théorie de l'information, théorie de l'apprentissage, statistiques ... Nous n'avons absolument pas la prétention de présenter une liste exhaustive des mesures de similarité existantes, mais essayons de recenser un certain nombre de mesures potentiellement *utiles* au recalage d'images et aux applications utilisant la similarité entre images (recherche par le contenu, positionnement de patient).

Proposer une classification pertinente de cette liste de mesures est un exercice difficile. En effet, provenant de différents domaines et étant appliquées à des problèmes très divers, leurs *notations* sont rarement unifiées, leurs *interprétations* sont différentes d'un domaine à l'autre, et il n'est pas rare que *plusieurs noms* désignent la *même mesure* suivant les publications. Dans ce contexte, nous proposons une classification originale en deux grandes parties, suivie d'un résumé synthétique de différentes mesures et de leurs propriétés. La première partie, section 2.2.1, présente les mesures utilisant dans leur calcul à la fois les *valeurs* d'intensités des images et les *probabilités* des distributions (*VA numériques*). La deuxième partie, section 2.2.2, traite des mesures faisant uniquement intervenir les probabilités (*VA catégorielles*).

Remarque : un ensemble de mesures spécifiques aux VA *ordinales* existent également. Une approche statistique de ces mesures est proposée par OLSZAK dans [OR95, Ols95], et l'application de ces mesures à la mise en correspondance d'images a été étudiée par BHAT dans [BN96a]. Cependant, les tests que nous avons effectués avec ces mesures n'ayant pas donné de résultats significatifs dans le cas multimodal, nous ne faisons pas figurer cette approche ici.

Au sein de chaque partie, les mesures sont présentées (autant que faire se peut) des plus restrictives aux plus génériques (hypothèses sur les liaisons de moins en moins restrictives) et dans une formulation *discrète*. Enfin, nous indiquons également si un calcul *direct*, c'est-à-dire sans passer par la construction explicite de H_T, est possible[2] et si la mesure est *symétrique* : les images jouent le même rôle dans le calcul de la mesure.

2. cette approche est uniquement valide si les probabilités sont estimées par les fréquences.

2.2.1 Mesures utilisant les valeurs d'intensités et les probabilités

Notations Quelques notations préalables doivent être introduites (moyennes, écarts types, moments, variances) :

Moyennes :	Écarts types :
$m_I = \sum_i ip_i$	$\sigma_I^2 = \sum_i (i - m_I)^2 p_i = (\sum_i i^2 p_i) - m_I^2$
$m_J = \sum_j jp_j$	$\sigma_J^2 = \sum_j (j - m_J)^2 p_j = (\sum_j j^2 p_j) - m_J^2$
Moments initiaux d'ordre k et s :	$\alpha_{k,s}(I,J) = \sum_i \sum_j i^k j^s p_{ij}$
Moments centrés d'ordre k et s :	$\mu_{k,s} = \sum_i \sum_j (i - m_I)^k (j - m_J)^s p_{ij}$
avec $\mu_{1,0} = m_I \quad \mu_{0,1} = m_J$	$\mu_{2,0} = \sigma_I^2 \quad \mu_{0,2} = \sigma_J^2$
Covariance :	$Cov(I,J) = \mu_{1,1}$
Variances :	$Var(I) = \sigma_I^2 \quad Var(J) = \sigma_J^2$

De plus, dans cette section nous notons l la relation de liaison entre les intensités :

$$\mathcal{D}_r \; l \; \mathcal{D}_f$$

Il s'agit d'une relation faisant correspondre les intensités d'une image avec celles de l'autre. S'il en existait une et si elle était connue le problème serait résolu. En pratique, des hypothèses seront effectuées sur la nature de cette relation (affine, fonctionnelle) et les mesures consisteront à évaluer la validité de ces hypothèses.

2.2.1.1 Différences entre intensités

Les deux premières mesures consistent à sommer les différences d'intensités voxel par voxel. La différence se calcule alors par la norme L_1 ou L_2 :

$$L_1(I,J) = \sum_i \sum_j p_{ij} |i - j| \tag{2.3}$$

$$L_2(I,J) = \sum_i \sum_j p_{ij} (i - j)^2 \tag{2.4}$$

Ces mesures peuvent être (et sont généralement) calculées sans passer par le calcul de H_T. L_2 est par exemple utilisée par [TRU98] et souvent nommée *Sum of Square Difference* (SSD). Plusieurs auteurs [CM87, AKN89, SBZ95, CKW92, KC98] utilisent une approche par le domaine fréquentiel. En analyse de texture, le critère quadratique L_2 est également désigné sous le terme *d'inertie* (*inertia* dans [BN97]) ou de *contraste* [CP98]. Comme il s'agit d'un critère de dissimilarité, c'est en fait l'opposé qui servira de mesure.

Dans [BN97], Bro-Nielsen utilise un indice appartenant à la famille, utilisée en analyse de texture, des GLCM c'est-à-dire *Grey Level Cooccurrence Matrices*, indice d'autant plus élevé que les niveaux de gris sont différents ; il est nommé *IDM* pour *Inverse Difference Moment*, ici N_i et N_j représentent le nombre d'intensités de chaque image :

$$IDM(I,J) = \sum_i \sum_j p_{ij} \frac{1}{1 + (i - N_i + j - N_j)^2} \tag{2.5}$$

Pour toutes ces mesures, l'hypothèse de liaison entre les intensités est l'identité, c'est-à-dire $\forall i,\ l(i) = i$. C'est une hypothèse restrictive, réduisant l'utilisation de ces mesures presque exclusivement au cas monomodal et pour des images de bonne qualité.

2.2.1.2 Mesures d'analyse de texture

Les mesures suivantes font partie de l'ensemble des quatorze indices de caractérisation de texture appliqués sur des matrices de cooccurrence proposés par Haralick [CP98]. Elles ont été étudiées pour le recalage d'images par Bro-Nielsen [BN97, BN96b] ; les mesures L_2 et IDM font également partie de cette liste. Il s'agit du *moment diagonal* (MD), Cluster Shade et Cluster Prominence.

$$MD(I,J) = \sum_i \sum_j |i-j|\,(i+j-\sigma_I-\sigma_J)p_{ij} \tag{2.6}$$

$$Cshade(I,J) = \sum_i \sum_j (i+j-\sigma_I-\sigma_J)^3 p_{ij} \tag{2.7}$$

$$Cpro(I,J) = \sum_i \sum_j (i+j-\sigma_I-\sigma_J)^4 p_{ij} \tag{2.8}$$

Les liens entre les intensités mesurés par ces critères sont illustrés par les figures 2.5. Les intensités sont représentées sur les axes horizontaux et l'axe vertical représente le poids accordé à la mesure pour le couple d'intensités correspondant.

Les résultats reportés dans les publications précédemment citées font état de manière générale de recalages de faible qualité, excepté pour certains couples d'images particuliers, notamment pour le couple d'images CT-histologie.

2.2.1.3 Coefficient de corrélation

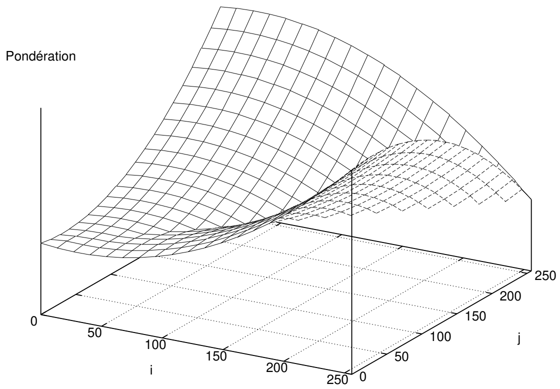
Extrêmement utilisé en analyse d'image, par exemple en stéréo-vision [CV98], le *coefficient de corrélation linéaire* mesure une liaison linéaire (affine plus précisément) entre les intensités, c'est-à-dire $\forall i,\ l(i) = \alpha i + \beta$ (avec $\alpha,\beta \in \mathbb{R}$). Il est défini par :

$$\rho(I,J) = \sum_i \sum_j \frac{(i-m_I)(j-m_J)}{\sqrt{\sigma_I}\sqrt{\sigma_J}} p_{ij} \tag{2.9}$$

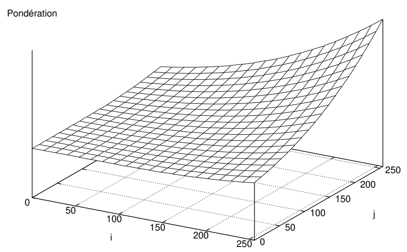
$$\text{soit } \rho^2(I,J) = \frac{Cov(I,J)^2}{Var(I)Var(J)} \tag{2.10}$$

Ce coefficient peut également être interprété, voir l'équation 2.10, comme la variation de la distribution par rapport à la droite de régression des moindres carrés. Ainsi, ρ^2 est compris entre 0 et 1 et peut également être calculé itérativement. De même que les mesures précédentes, il s'agit d'un critère symétrique, les images jouent le même rôle, et à maximiser.

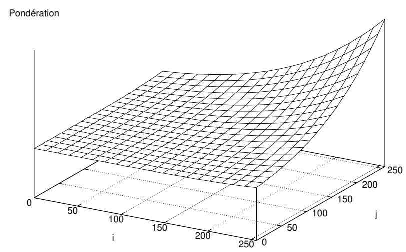
Les mesures présentées jusqu'à présent sont généralement considérées comme limitées au recalage monomodal. L'avantage de L_2 est de permettre une estimation des dérivées du critère [TRU98] mais l'hypothèse du lien entre les intensités (l'identité) est très restrictive. D'un autre côté, ρ^2 est beaucoup plus robuste en présence de bruit et lui est généralement préféré.



(a) Moment Diagonal



(b) Cluster Shade



(c) Cluster Prominence

FIG. 2.5 – *Liaison des intensités*

2.2.1.4 Déviation standard normalisée ou critère de Woods

Les travaux de WOODS *et al.* d'abord sur le recalage monomodal [WCM92] puis multimodal [WMC93], ont conduit à l'élaboration d'une mesure de similarité très usitée, à l'origine créée pour le recalage IRM-TEP. Étant donnée une intensité dans une image, c'est-à-dire l'ensemble des voxels ayant cette valeur, le principe fondamental de cette mesure est de considérer la variation de l'ensemble des intensités correspondant dans l'autre image. L'hypothèse faite est alors de considérer que cette variation est minimale lorsque les images sont recalées. En introduisant tout d'abord les définitions et les notations des moyennes et des variances *conditionnelles* ...

$$m_{J|i} = \frac{1}{p_i} \sum_j j\, p_{ij} \qquad \sigma^2_{J|i} = \tfrac{1}{p_i} \textstyle\sum_j (j - m_{J|i})^2 p_{ij}$$
$$m_{I|j} = \frac{1}{p_j} \sum_i i\, p_{ij} \qquad \sigma^2_{I|j} = \tfrac{1}{p_j} \textstyle\sum_i (i - m_{I|j})^2 p_{ij}$$
$$Var(J|I = i) = \sigma^2_{J|i} \qquad Var(I|J = j) = \sigma^2_{I|j}$$

... le critère s'écrit :

$$Woods(I|J) = \sum_j \frac{\sigma_{I|j}}{m_{I|j}} p_j \tag{2.11}$$

Ce critère mesure la moyenne de la *déviation standard normalisée*, rapport entre l'écart type et la moyenne. Remarquons que WOODS *et al.* appliquent cette mesure à des images préalablement traitées, afin d'enlever par une étape de segmentation interactive les voxels des images IRM n'appartenant pas au cerveau. Le but de cette étape est d'essayer *a priori* de se rapprocher de l'hypothèse de liaison.

Il ne s'agit pas d'une mesure symétrique, un choix doit être fait afin de déterminer *a priori* l'image qui potentiellement décrit le mieux l'autre. Les auteurs utilisent uniquement cette mesure avec l'image IRM comme image "prédicteur" de l'image TEP (ici J).

2.2.1.5 Rapport de corrélation

La dernière mesure de cette section est le *rapport de corrélation*. Bien connu des statisticiens, elle a été proposée dans le cadre du recalage multimodalités par ROCHE *et al.* dans [RMPA98b] (voir également [RMPA98a] pour un rapport de recherche plus détaillé).

Le *rapport de corrélation* est défini comme suit :

$$\eta^2(I|J) = 1 - \frac{1}{\sigma_I^2} \sum_j p_j \sigma_{I|j}^2 \tag{2.12}$$

Ce critère mesure l'intensité d'une *liaison fonctionnelle* entre les intensités, c'est-à-dire qu'aucune hypothèse restrictive sur l n'est requise. De plus, la variance peut être décomposée en la somme de deux termes positifs : la variance des moyennes conditionnelles et la moyenne des variances conditionnelles. En notant $E[X]$ l'espérance (ou la moyenne) d'une distribution X, nous avons alors :

$$\begin{aligned}
Var(I) &= Var(E[I|j]) + E[Var(I|j)] \\
&= \sigma_I^2 = \sum_j p_j (m_{I|j} - m_I)^2 + \sum_j p_j \sigma_{I|j}^2 \\
Var(J) &= Var(E[J|i]) + E[Var(J|i)] \\
&= \sigma_J^2 = \sum_i p_i (m_{J|i} - m_J)^2 + \sum_i p_i \sigma_{J|i}^2
\end{aligned}$$

Ainsi, η^2 peut être défini de la manière suivante :

$$\eta^2(I|J) = \frac{Var(E[I|j])}{Var(I)} \tag{2.13}$$

$$\text{ou} \quad \eta^2(I|J) = 1 - \frac{E[Var(I|j)]}{Var(I)} \tag{2.14}$$

Remarque : comme mentionné dans [RMPA98a], en décomposant le calcul des variances en le carré de la moyenne plus la somme des carrés des valeurs, on obtient les formules suivantes pour le calcul *direct* des variances, sans calcul explicite de H_T :

$$\sigma_{J|i}^2 = (\frac{1}{p_i} \sum_j j^2 p_{ij}) - m_I^2$$

$$\sigma_{I|j}^2 = (\frac{1}{p_j} \sum_i i^2 p_{ij}) - m_J^2$$

Du point vue de l'équation 2.13, le rapport de corrélation est nul si la *variance des moyennes* conditionnelles est nulle, les intensités de I conditionnellement à celles de J sont toutes identiques. Il est égal à 1, son maximum, lorsque la *moyenne des variances* conditionnelles est nulle. Dans ce dernier cas, à chaque intensité j de l'image flottante correspond une et une seule intensité i, mais pas obligatoirement l'inverse : ce n'est pas un critère symétrique, une image doit être choisie comme étant un *modèle* de l'autre (en termes de prédiction). Voir les expérimentations section 2.3.

D'autres interprétations de η^2 peuvent être formulées. Ainsi, représenter les distributions des VA non plus dans un espace à 2 dimensions, comme pour H_T, mais dans un espace à autant de dimensions que de points dans les images (dans $\mathbb{R}^n$), permet une interprétation géométrique. Les distributions I et J définissent alors deux vecteurs de cet espace, et les différents indices, moyennes, écarts types, ρ et η, peuvent s'interpréter de manière géométrique. Roche *et al.* montrent également dans [RMPA98a] une interprétation géométrique de la mesure proposée par Woods. Nous reviendrons sur cette mesure section 2.2.2.5 pour la présenter dans un autre cadre et faire également le lien avec l'information mutuelle.

2.2.1.6 Statistiques robustes

Les mesures qui viennent d'être présentées utilisent moyennes et variances pour leur calcul. Or, en présence de données *aberrantes* (ou *outliers*), les estimations peuvent être erronées et conduire à un critère imprécis : typiquement un seul point suffisamment éloigné suffit à perturber une moyenne. Les *estimateurs robustes* permettent de tolérer dans le calcul une certaine proportion de données non conformes. Cette approche est l'objet du travail de Nikou *et al.* présenté dans [Nik99, NHA98] et [NHAN98].

Par exemple considérons l'estimation de la moyenne. Celle-ci correspond à la valeur qui minimise la somme des différences quadratiques avec les valeurs observées. En remplaçant la fonction de différence par une fonction adéquate, on obtient un estimateur robuste de la moyenne. Ainsi, en remplaçant les moyennes et variances par leurs équivalents *robustes*, des versions *robustes* du critère L_2 et de celui de $Woods$ sont proposées. Un paramètre associé à l'estimateur permet de régler le point de rejet de données aberrantes. Différentes façons d'estimer la valeur de ce paramètre sont proposées dans [Nik99].

Les mesures ainsi obtenues se comportent dans l'ensemble des tests proposés de manière plus précises que leur homologue non robuste, et permettent surtout de recaler des couples d'images comportant de fortes distorsions faisant échouer les méthodes classiques. Notons tout de même que le calcul nécessite une procédure de minimisation, ce qui conduit à un calcul du critère plus long qu'avec les méthodes habituelles, environ 40% de temps supplémentaire [NHA98].

Remarque : des versions robustes des critères ρ^2 et surtout η^2 pour le recalage multimodal ne sont pas proposées. Cette idée a cependant été envisagée par Roche [Roc99b] et semble potentiellement conduire à des améliorations intéressantes pour le recalage multimodal avec une version robuste du rapport de corrélation. Il pourrait s'agir d'une voie de départ pour de futurs travaux.

2.2.2 Mesures utilisant seulement les probabilités

Dans cette section, nous considérons maintenant les mesures n'impliquant pas dans leur calcul les valeurs des intensités mais seulement leur distribution de probabilités. Les VA sont donc considérées comme *catégorielles* : chaque valeur d'intensité ne représente qu'un label et il n'y a pas de structure d'ordre. Ainsi n'importe qu'elle permutation des valeurs d'intensités ne change pas la mesure. C'est une approche qui utilise *moins* d'information que la précédente, mais plus générique car aucune hypothèse n'est faite *a priori*. Des liens avec certaines mesures de la section précédente seront présentés à la fin de cette partie.

2.2.2.1 Dispersion des histogrammes

Dans les premières études des séquences d'histogramme joints [HSH92, Hil93, CVSM95], les auteurs ont remarqué que les valeurs dans H_T ont tendance à se *disperser* en fonction de l'erreur de recalage. Ils ont alors imaginé de proposer une fonction de similarité basée sur une mesure de cette dispersion. Un moyen de la mesurer est de calculer la variance, ou plus généralement les *moments d'espace* d'ordre supérieur :

$$M^{\kappa}(I,J) = \sum_i \sum_j (p_{ij} - \frac{1}{n})^{\kappa} \tag{2.15}$$

C'est une mesure à ne pas confondre avec les *moments initiaux* utilisant les valeurs des intensités et présentés dans la section précédente, page 29. Bro-Nielsen [BN97] utilise la variance ($\kappa = 2$) et Hill *et al.* [HSH92] le moment d'ordre 3 ($\kappa = 3$). De même, le critère de l'*homogénéité* en analyse de texture, également appelé *énergie* dans [BN97], est en fait équivalent au moment d'ordre 2.

Parmi les mesures de diversité d'une distribution I, la plus connue est l'*entropie* de Shannon [Sha48]. Proposée pour le recalage par Collignon *et al.* dans [CVSM95], sa définition est [3] :

$$H(I) = -\sum_i p_i \log p_i \tag{2.16}$$

Cette notion peut être interprétée comme une *mesure de l'incertitude* ou l'inverse de l'*information* contenue dans la distribution. L'entropie est nulle lorsqu'un événement de la distribution est certain ($\exists i$ tel que $p_i = 1$) et est maximale lorsque tous les événements ont la même probabilité (si $\forall i\ p_i = \frac{1}{n}$ alors $H(I) = \log(n)$).

Ces mesures ont été proposées suite à l'observation de la dispersion de H_T suivant l'erreur de recalage, mais ne repose pas sur une base théorique de liaison entre les intensités. Elles ne donnent généralement pas de bons résultats.

2.2.2.2 Distance à l'indépendance

Issues des statistiques descriptives classiques, le χ^2 de Pearson est souvent appliqué pour tester une hypothèse (rejet ou acceptation), mais est également utilisé en analyse de texture, c'est un *coefficient d'association*. Il est définit comme suit :

$$\chi^2(I,J) = \sum_i \sum_j \frac{(p_{ij} - p_i p_j)^2}{p_i p_j} \tag{2.17}$$

3. le logarithme à base 2 a été utilisé pour tous les tests mais la base du logarithme peut être quelconque.

L'équation 2.17 est en fait une version normalisée du χ^2, indépendante du nombre d'éléments n, parfois nommée ϕ^2 de Pearson. D'autres normalisations par rapport à la taille du tableau de contingence existent, le t de Tschuprow et le v de Cramer, mais elles sont en pratique inutiles dans le cadre d'un recalage classique puisque l'on compare une séquence d'histogrammes joints de même taille (ou pratiquement, s'il s'avère qu'une certaine transformation entraîne qu'une valeur d'intensité ne fait plus partie de la partie commune aux images).

Ce critère mesure en fait *l'écart à la situation d'indépendance*. Celle-ci désigne la situation où $p_{ij} = p_i p_j \ \forall i,j$, c'est-à-dire quand les probabilités observées sont égales aux produits des marges. Cet écart est alors simplement évalué par la moyenne quadratique des différences entre p_{ij} et $p_i p_j$. Il s'agit d'une mesure symétrique et à maximiser. Nous n'avons pas trouvé de publication utilisant cette mesure bien qu'elle semble donner des résultats intéressants pour certains types de modalités, voir section 2.3.

2.2.2.3 Divergences

Dans les domaines de la théorie de l'information et théorie du signal, différents moyens de mesurer l'écart entre deux distributions de probabilités ont été développés. En poursuivant l'idée sous-jacente à l'élaboration du critère χ^2, à savoir mesurer l'écart entre la situation d'indépendance et celle observée, il est possible d'appliquer les mesures venant de la théorie du signal à notre problématique. Nous restreignons notre étude à la famille des *f–divergences*, déjà mentionnée par Maes *et al.* dans [MCV+97]. D'autres types de divergences ainsi qu'une comparaison détaillée de ces mesures peuvent être trouvés dans [Bas96, Bas89] (c'est de ces mêmes références qu'est extraite une partie des mesures présentées dans cette section).

Une *f–divergence* mesure l'espérance de la diversité du rapport de vraisemblance entre deux distributions. La forme générale des *f–divergences* entre deux distributions P et Q est :

$$\boldsymbol{D}_{g,f}(P,Q) = g\left(E_Q\left[f\left(\frac{\mathrm{d}p(x)}{\mathrm{d}q(x)}\right)\right]\right) = g\left(\int f\left(\frac{p(x)}{q(x)}\right) q(x)\,\mathrm{d}x\right) \tag{2.18}$$

Dans cette équation E_Q est l'espérance par rapport à la variable Q, $\frac{\mathrm{d}p(x)}{\mathrm{d}q(x)}$ est la dérivée de Radon-Nikodym (dérivée relative à une densité), g est une fonction croissante sur $\mathbb{R}$, f est continue convexe sur $[0, +\infty[$ et $g(f(1)) = 0$, afin que $\boldsymbol{D}_{g,h}(P,P) = 0$. Mesurant la diversité d'un rapport, la notion de divergence est ainsi très liée à celle d'*entropie* : une divergence n'est finalement qu'une *entropie relative*.

Cette notion est maintenant utilisée pour mesurer l'écart à l'indépendance de la distribution jointe (I,J) de nos images, c'est-à-dire entre $\{p_{ij}\}$ et $\{p_i p_j\}$. Dans un souci de lisibilité, nous adoptons les notations suivantes : p désigne p_{ij}, q désigne $p_i p_j$ et $\int$ est utilisé à la place de $\sum_i \sum_j$. Ainsi, en choisissant différentes fonctions de diversités f, des entropies, et différentes fonctions g, nous obtenons, entre autres, les cas particuliers suivants :

$$\begin{aligned}
\text{Distance de Kolmogorov :} \quad & V(P,Q) && = \frac{1}{2}\int |p-q| && (2.19)\\
\text{Information de Kullback :} \quad & K(P,Q) && = \int p \log \frac{p}{q} && (2.20)\\
\text{Divergence de Kullback :} \quad & K'(P,Q) && = \int (q-p)(\log q - \log p) && (2.21)\\
\chi^2\text{–divergence :} \quad & R(P,Q) && = \frac{1}{2}\int \frac{(p-q)^2}{q} && (2.22)\\
\text{Distance de Hellinger :} \quad & \mathcal{H}^2(P,Q) && = \frac{1}{2}\int (\sqrt{q}-\sqrt{p})^2 && (2.23)\\
\text{Distance de Bhattacharyaa :} \quad & \mathcal{B}(P,Q) && = -2\log \int \sqrt{pq} && (2.24)\\
\text{Distance de Toussaints :} \quad & T(P,Q) && = \int p - \frac{2pq}{p+q} && (2.25)\\
\text{(ou moyenne harmonique)} \quad & && && \\
K\text{–divergence de Lin :} \quad & K_{div}(P,Q) && = \int p \log \frac{2p}{p+q} && (2.26)\\
L\text{–divergence de Lin :} \quad & L_{div}(P,Q) && = \left(p\log p + q \log q - (p+q)\log \frac{p+q}{2}\right) && (2.27)
\end{aligned}$$

Dans notre cas uniquement, divergence entre la distribution jointe et le produit des distributions marginales, l'*information de Kullback* est équivalente à la *divergence de Kullback*, nous ne considérons donc que K dans la suite. Notons également que cette divergence est parfois désignée par *distance de Kullback-Leibler*.

De part la multiplicité de ces mesures, nous proposons deux façons d'appréhender leurs différences. Tout d'abord en décrivant l'aspect de la fonction convexe f associée. Ainsi, le tableau suivant donne les formules de ces fonctions et la figure 2.6 les affiche.

Mesure	$f(x)$	Mesure	$f(x)$
V	$\frac{1}{2}\lvert x-1\rvert$	T	$x\frac{x-1}{x+1}$
R	$\frac{1}{2}(x-1)^2$	K_{div}	$x\log x - x\log\left(\frac{1+x}{2}\right)$
$\mathcal{H}^2$	$\frac{1}{2}(\sqrt{x}-1)^2$	K	$x \log x$
L_{div}	$x\log x - (1+x)\log\left(\frac{1+x}{2}\right)$		

La présentation en deux colonnes à pour but de distinguer les deux classes de mesures, celles ayant une valeur nulle à l'origine et les autres, illustrées par la figure suivante :

Ces divergences sont en fait des cas particuliers de divergences plus générales. Nous les indiquons de manière à les situer par rapport à d'autres divergences de la

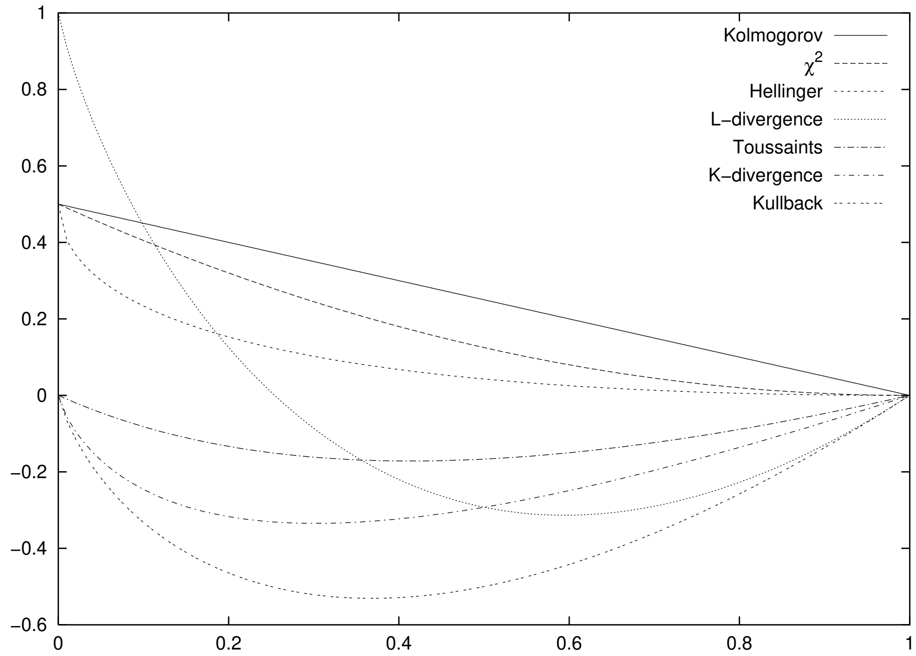


FIG. 2.6 – *Différentes fonctions f*

littérature, mais nous ne les étudierons pas plus en détail. Ainsi, se distinguent :

$$\boldsymbol{I}_\alpha\text{−divergence de Csiszár} \quad \boldsymbol{R}_\alpha(P,Q) = \frac{1}{\alpha(\alpha-1)}\int p^\alpha q^{1-\alpha} - 1 \tag{2.28}$$

$$\chi^\alpha\text{−divergence de Vajda} \quad \boldsymbol{W}_\alpha(P,Q) = \int |p-q|^\alpha q^{1-\alpha} \quad (\alpha \geq 1) \tag{2.29}$$

$$\text{Information de Rényi d'ordre } \alpha \quad \tilde{\boldsymbol{R}}_\alpha(P,Q) = \frac{1}{\alpha(\alpha-1)}\log\int p^\alpha q^{1-\alpha} \tag{2.30}$$

$$\text{Distance de Chernoff d'ordre } \alpha \quad \boldsymbol{C}_\alpha(P,Q) = -\log\int p^\alpha q^{1-\alpha} \quad (0 < \alpha < 1) \tag{2.31}$$

$$\text{Distance de Matusita d'ordre } \alpha \quad \boldsymbol{M}_\alpha(P,Q) = \left(\int |p^\alpha - q^\alpha|^{1-\alpha}\right)^\alpha \quad (\alpha \leq 1) \tag{2.32}$$

Les liens entre les mesures sont alors résumés dans le tableau 2.1 (les tirets '-' indiquent des mesures non définies).

Divergence / α	$\alpha = 0$	$\alpha = \frac{1}{2}$	$\alpha = 1$	$\alpha = 2$
$\boldsymbol{R}_\alpha(P,Q)$	$K(Q,P)$	$4\mathcal{H}^2(P,Q)$	$K(P,Q)$	$R(P,Q)$
$\boldsymbol{W}_\alpha(P,Q)$	–	–	$2V(P,Q)$	$2R(P,Q)$
$\tilde{\boldsymbol{R}}_\alpha(P,Q)$	$K(Q,P)$	$4\mathcal{B}(P,Q)$	$K(P,Q)$	$\frac{1}{2}\log(1-R(P,Q))$
$\boldsymbol{C}_\alpha(P,Q)$	–	$\mathcal{B}(P,Q)$	–	–
$\boldsymbol{M}_\alpha(P,Q)$	–	$\sqrt{2}\mathcal{H}(P,Q)$	$2V(P,Q)$	–

TAB. 2.1 – *Liens entre les f–divergences*

Nous retrouvons parmi ces mesures l'*information mutuelle* et le χ^2. En effet, la divergence de Kullback K, dans le cas particulier de comparaison entre distribution observée et produit des marges, est l'information mutuelle proposée pour le recalage multimodal par [CMD+95, MCV+97] et [VW97, WVA+96]. Pour éviter les ambiguïtés avec la notion plus générale d'information de Kullback, nous la notons $\mathcal{I}$. Cette mesure est actuellement considérée comme, sinon le plus précis, du moins le plus général des critères de similarité appliqués pour le recalage d'images. La mesure R n'est autre que le critère du χ^2 présenté section précédente. La différence entre les deux mesures (K et χ^2) n'est finalement due qu'au type d'entropie utilisé comme mesure de diversité pour mesurer l'écart à l'indépendance.

2.2.2.4 Information mutuelle

Nous venons de considérer dans la section précédente les critères mesurant un *écart à l'indépendance*, mais, l'information mutuelle admet une autre interprétation. Cette autre approche nous permet de proposer d'autres mesures, puis, section suivante, de retrouver des mesures statistiques classiques et enfin de faire le lien avec le rapport de corrélation précédemment présenté.

De la même manière que les moyennes et variances conditionnelles, la définition de l'*entropie conditionnelle* est :

$$\begin{aligned} H(I|J) &= -\sum_i \sum_j p_{ij} \frac{p_{ij}}{p_j} \\ H(J|I) &= -\sum_i \sum_j p_{ij} \frac{p_{ij}}{p_i} \end{aligned}$$

Ainsi, la décomposition de $\mathcal{I}$ en termes d'entropies conditionnelles est la suivante :

$$\begin{aligned} \mathcal{I}(I,J) &= K(P_{(I,J)},P_{(I\times J)}) \\ &= H(I) - H(I|J) \\ &= H(J) - H(J|I) \\ &= H(I) + H(J) - H(I,J) \end{aligned} \tag{2.33}$$

Ce faisant, l'interprétation de la mesure diffère de la précédente, qui était une évaluation de l'écart à l'indépendance. En effet, de par l'équation 2.33, il s'agit d'évaluer la *diminution d'incertitude* d'une variable apportée par la connaissance d'une autre $H(I|J)$, relativement à la quantité d'information initiale $H(I)$. On trouve également le terme de *gain d'information* pour désigner $\mathcal{I}$. Notons de plus que ce critère est symétrique à cause de l'entropie utilisée.

Si nous considérons maintenant une classe plus générale d'entropies, nous pouvons généraliser la notion d'information mutuelle [Bas96]. Ainsi, l'entropie généralisée décrite dans [Weh96] est :

$$H^\beta(X) = \sum_i p_i \frac{2^{\beta-1}}{2^{\beta-1}-1}(1-p_i^{\beta-1}) \tag{2.34}$$

Remarque : on trouve également dans [Bas96] la définition de l'entropie généralisée dite de *Havrda-Charvát* :

$$H^\alpha(X) = \frac{1}{\alpha-1}(1-\sum_i p_i^\alpha) \tag{2.35}$$

La limite lorsque β ou α tend vers 1 est identique et conduit à l'entropie de Shannon, équation 2.16. Ces deux définitions sont en fait équivalentes à un facteur près :

$$\begin{aligned} H^{\beta}(X) &= \sum_i p_i \frac{2^{\beta-1}}{2^{\beta-1}-1}(1-p_i^{\beta-1}) \\ &= \frac{2^{\beta-1}}{2^{\beta-1}-1}\sum_i p_i(1-p_i^{\beta-1}) \\ &= \frac{2^{\beta-1}}{2^{\beta-1}-1}(1-\sum_i p_i^{\beta}) \\ &= k.H^{\alpha}(X) \end{aligned} \tag{2.36}$$

Pour $\beta = 2$, l'entropie est appelée *indice de Gini* et en la substituant à l'entropie utilisée équation 2.33, cela conduit à la définition de l'information mutuelle suivante :

$$\mathcal{I}^2(I|J) = H^2(I) - H^2(I|J) \tag{2.37}$$

$$= 2\left(\sum_i\sum_j \frac{p_{ij}^2}{p_j} - \sum_i p_i^2\right) \tag{2.38}$$

Cette mesure ne donne pas des rôles symétriques aux images.

2.2.2.5 Réduction proportionelle de l'erreur de prédiction

Pour parvenir à proposer une mesure semblable sur le plan de l'interprétation au rapport de corrélation, mais adaptée à des variables catégorielles, il nous faut introduire brièvement le concept de coefficient dit de *Réduction proportionelle de l'erreur de prédiction* (PRE ou *Proportional Reduction in Error*). L'origine de cette notion provient de la nécessité en statistique de mesurer la capacité de prédiction d'une variable sur l'autre. Étant donnée une mesure de *diversité*, c'est-à-dire de *variation* ou encore d'*incertitude*, notée $V(I)$, un coefficient PRE mesure l'erreur de prédiction et est défini comme le taux de réduction de la diversité d'une variable due à la connaissance de l'autre :

$$PRE_V(I|J) = \frac{V(I) - E[V(I|J)]}{V(I)} \tag{2.39}$$

L'équivalent symétrique est le suivant :

$$PRE_V(I,J) = \frac{V(I) + V(J) - E[V(I|J)] - E[V(J|I)]}{V(I) + V(J)} \tag{2.40}$$

Ainsi, en utilisant l'entropie généralisée comme mesure de diversité (équation 2.34), nous obtenons alors les coefficients suivants :

$$u(I|J) = \frac{H(I) - H(I|J)}{H(I)} = \frac{\mathcal{I}(I,J)}{H(I)} = 1 - \frac{H(I|J)}{H(I)} \tag{2.41}$$

$$k(I,J) = \frac{\mathcal{I}(I,J)}{H(I) + H(J)} = 1 - \frac{H(I,J)}{H(I) + H(J)} \tag{2.42}$$

$$r(I,J) = \sqrt{1 - \left(\frac{\mathcal{I}(I,J)}{H(I,J)}\right)^2} \tag{2.43}$$

$$\tau(I|J) = \frac{\mathcal{I}^2(I,J)}{H^2(I)} \tag{2.44}$$

$$\overline{\tau}(I,J) = \frac{\mathcal{I}^2(I,J) + \mathcal{I}^2(I,J)}{H^2(I) + H^2(J)} \tag{2.45}$$

Basé sur l'entropie de Shannon (équation 2.16) le premier critère est connu sous le nom de u de Theil. Il peut être également exprimé en termes d'information mutuelle relative à l'entropie d'une image. Deux versions symétriques utilisant la même entropie sont décrites équations 2.42 et 2.43. Le critère k est semblable à la mesure utilisée par STUDHOLME dans [SHH98]. Quant au *coefficient de Rajski*, noté r, il est relié au précédent par $r = 1/(\frac{2}{k} - 1)$, mais présente l'avantage d'être une mesure de distance entre les distributions satisfaisant l'inégalité triangulaire [Weh96]. Les deux autres mesures, basées sur l'entropie quadratique (ou indice de Gini), sont le τ de Goodman et Kruskal, ainsi que sa version symétrique notée $\overline{\tau}$.

Sur le même principe, en considérant cette fois des *variables numériques* et la variance classique comme notion d'incertitude, nous retrouvons le rapport de corrélation définit précédemment (équation 2.12) :

$$\eta^2(I|J) = \frac{Var(I) - Var(E[I|j])}{Var(I)} \tag{2.46}$$

Conclusion Nous avons ainsi présenté *trois* façons de construire une mesure de similarité, conduisant à différents critères et provenant de domaines divers, statistiques descriptives, théorie de l'information : *(i)* mesure de l'écart à l'indépendance, *(ii)* diminution de diversité et *(iii)* réduction proportionelle de l'erreur de prédiction. En utilisant plusieurs interprétations du concept de diversité (entropies, variance), nous obtenons le tableau récapitulatif suivant :

	Information Mutuelle		PRE	
V	écart indép.	réduc. diversité	non-symétrique	symétrique
$H^\beta : \beta \to 1$	$\mathcal{I}$		u	k ou r
$H^\beta : \beta = 2$	χ^2	$\mathcal{I}^2$	τ	$\overline{\tau}$
Variance			η^2	

TAB. 2.2 – *Lien entre différentes mesures*

De nombreuses autres entropies ou divergences existent et peuvent potentiellement être utilisées comme critère de similarité. Nous n'avons présenté ici que les mesures qui nous paraissent avoir une interprétation intéressante et utilisable dans le cadre de la recherche de similarité entre images.

2.2.3 Synthèse

La tableau synthétique suivant résume les mesures étudiées et présente quelques unes de leurs propriétés.

Mesures	VA	Sym.	Min/Max	Norm.	Interprétation
L_1	num.	sym	min	non	$l(i) = i$
L_2	num.	sym	min	non	$l(i) = i$
IDM	num.	sym	max	non	$l(i) = i$
MD	num.	sym	min	non	voir figure 2.5
$Cshade$	num.	sym	max	non	voir figure 2.5
$Cpro$	num.	sym	max	non	voir figure 2.5
ρ^2	num.	sym	max	norm	$l(i) = \alpha i + \beta$
η^2	num.	non	max	norm	$l(i) = j$
M^κ	cat.	sym	min	non	diversité de H_T
H	cat.	sym	min	non	diversité de H_T
$\chi^2 = R$	cat.	sym	max	norm	écart indep.
V	cat.	sym	max	non	écart indep.
$\mathcal{H}^2$	cat.	sym	max	non	écart indep.
$\mathcal{B}$	cat.	sym	max	non	écart indep.
T	cat.	sym	max	non	écart indep.
K_{div}	cat.	sym	max	non	écart indep.
L_{div}	cat.	sym	max	non	écart indep.
$\mathcal{I}$	cat.	sym	max	non	dimin. diversité
$\mathcal{I}^2$	cat.	non	max	norm	dimin. diversité
u	cat.	non	max	norm	PRE
k	cat.	sym	max	norm	PRE
r	cat.	sym	max	norm	PRE
τ	cat.	non	max	norm	PRE
$\overline{\tau}$	cat.	sym	max	norm	PRE

TAB. 2.3 – *Synthèse des mesures*

Les mesures sont présentées dans le même ordre que les sections précédentes. La première colonne (*VA*) fait référence au type de VA considéré, *num.* pour numérique et *cat.* pour catégorielle. La seconde indique si la mesure est ou non symétrique et la suivante s'il faut maximiser ou minimiser le critère (mesure-t-on la similarité ou la différence ?). L'avant dernière colonne indique les mesures normalisées, c'est-à-dire à valeur dans [0 : 1] et la dernière colonne présente ce que mesure le critère considéré. Bien entendu, certaines mesures font l'objet de plusieurs interprétations possibles, typiquement, l'information mutuelle représente à la fois un écart à l'indépendance et une diminution de diversité.

Enfin, notons qu'est développée dans [RMAP99] une approche très intéressante, proposant un cadre d'étude basé sur l'estimation par maximum de vraisemblance, permettant à partir de différentes hypothèses de modélisation du système d'acquisition de retrouver les principales mesures de similarité ρ^2, η^2 et l'information mutuelle.

Nous espérons que cette caractérisation permettra de considérer plus clairement les différences entre les mesures. La section suivante présente une série d'expérimentations.

2.3 Expérimentations

Cette section est consacrée à deux types d'expérimentations dont le but est d'illustrer les différences entre les mesures. Dans un premier temps, les mesures sont comparées en termes de précision et robustesse, c'est-à-dire d'adéquation au recalage multimodal. Par la suite, une autre approche est envisagée, celle consistant à considérer ces mesures comme des critères de comparaisons entre *couples* d'images.

2.3.1 Comparaison expérimentale de mesures de similarité

2.3.1.1 Matériels et méthodes

Images Dans cette partie comme dans les tests qui suivront (chapitres 3 et 4) nous utilisons les images de la base de données de l'université Vanderbilt (voir section 1.2.5). Toutes les images sont composées d'une série de coupes et sont donc considérées comme tridimensionnelles. Parmi les images à notre disposition, différentes modalités ont été utilisées (voir annexe B pour une description succincte), nous les désignerons par les initiales suivantes :

$IRM - T_1$	Image acquise par Résonance Magnétique nucléaire. Deux paramètres permettent de régler les contrastes des IRMs, le temps de répétition des séquences d'impulsions et le temps d'écho, voir [Gér98]. Lorsque ces deux temps sont courts, l'image est dite en T_1 : temps de relaxation spin-réseau. Les muscles sont visibles dans cette modalité.
$IRM - T_2$	Ici, les deux types de temps sont plus longs, l'image est dite en T_2 : temps de relaxation spin-spin. Ce type d'acquisition permet par exemple de distinguer davantage la substance grise du cerveau.
$IRM - DP$	Lorsque le premier type de paramètre est long et le second court, l'acquisition est dite en *Densité de Protons.*
TEP	Tomographie par Émission de Positons, représentant une information fonctionnelle
CT	Tomographie X ou CT pour *Computerized Tomography*

Il ne s'agit ici que de volumes centrés sur le *cerveau* des patients ; les planches de figures pages 43 à 47 présentent un volume de chaque modalité. Notons qu'une lésion cérébrale est visible à travers différentes plages d'intensités suivant les modalités.

Évaluation de l'erreur Pour évaluer quantitativement les différences entre les résultats produit par les différentes mesures, nous employons le critère RMS, régulièrement utilisé dans la littérature. L'erreur se calcule par comparaison avec une *transformation de référence*, préalablement déterminées à l'aide de marqueurs ensuite effacés, voir [WFW+97]. Soit T_r cette transformation de référence, T la transformation à évaluer et $\boldsymbol{H}$ un ensemble de points, qui peuvent être par exemple centrés autour d'une région d'intérêt, ou bien un échantillonnage du volume des images, ou encore, dans notre cas, les extrémités du volume de référence. L'erreur ε est alors :

$$\varepsilon_T = \sqrt{\frac{1}{|\boldsymbol{H}|} \sum_{\boldsymbol{x} \in \boldsymbol{H}} \Big(T(\boldsymbol{x}) - T_r(\boldsymbol{x}) \Big)^2} \qquad (2.47)$$

Il s'agit de la racine carrée de la moyenne quadratique des distances entre points homologues, désignée par *root mean square* en anglais (RMS).

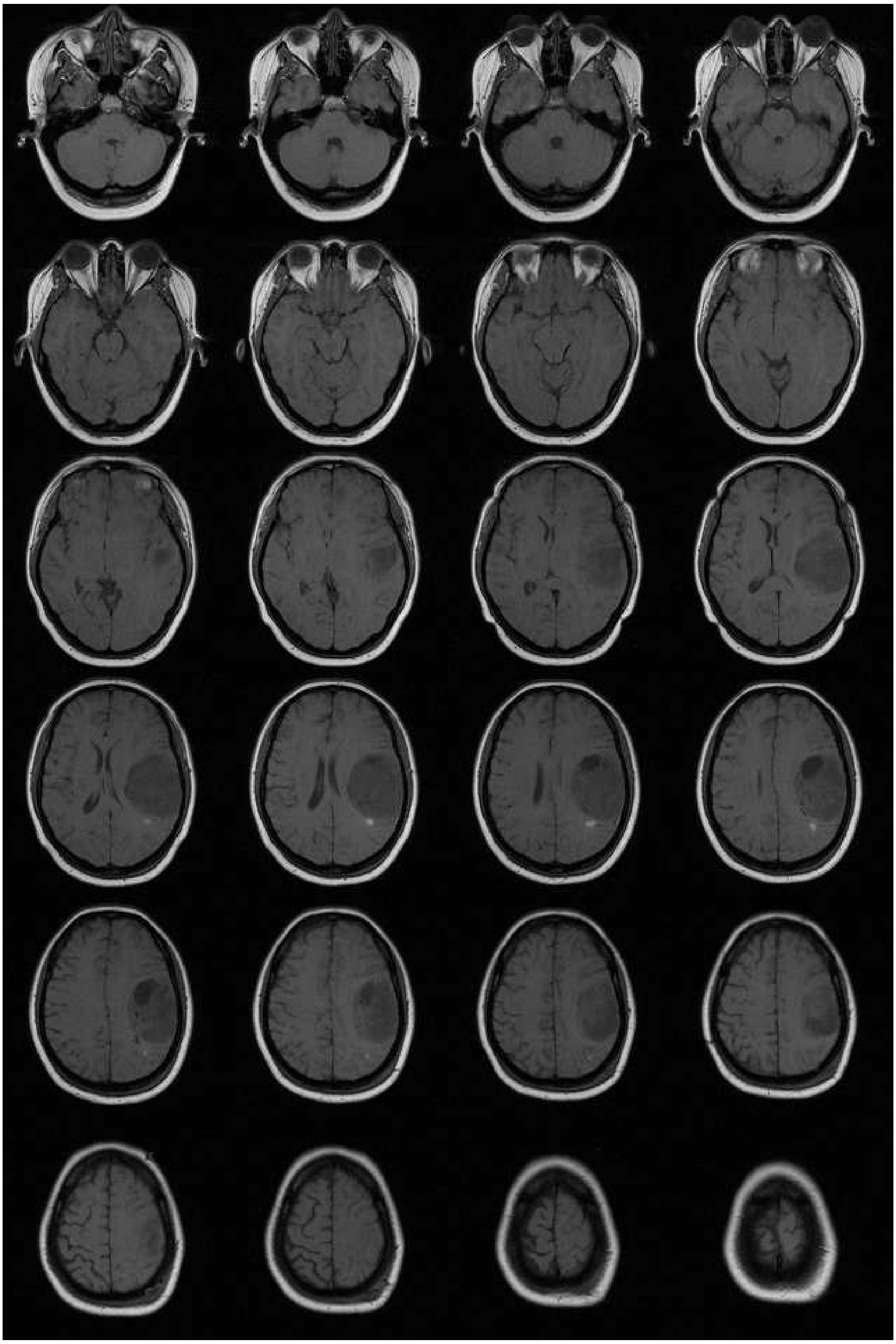


FIG. 2.7 – *Coupes* $IRM - T_1$

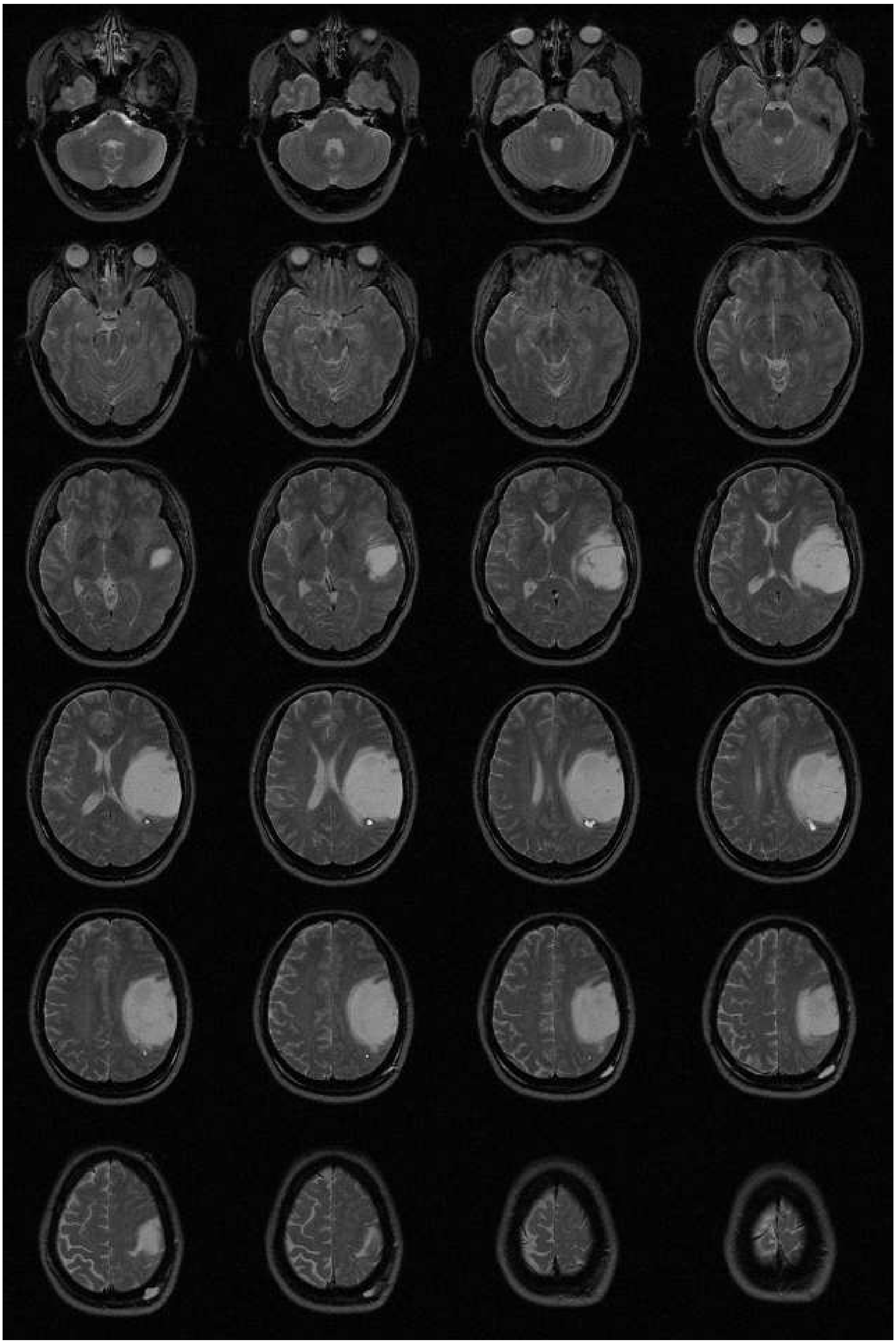


FIG. 2.8 – *Coupes* $IRM - T_2$

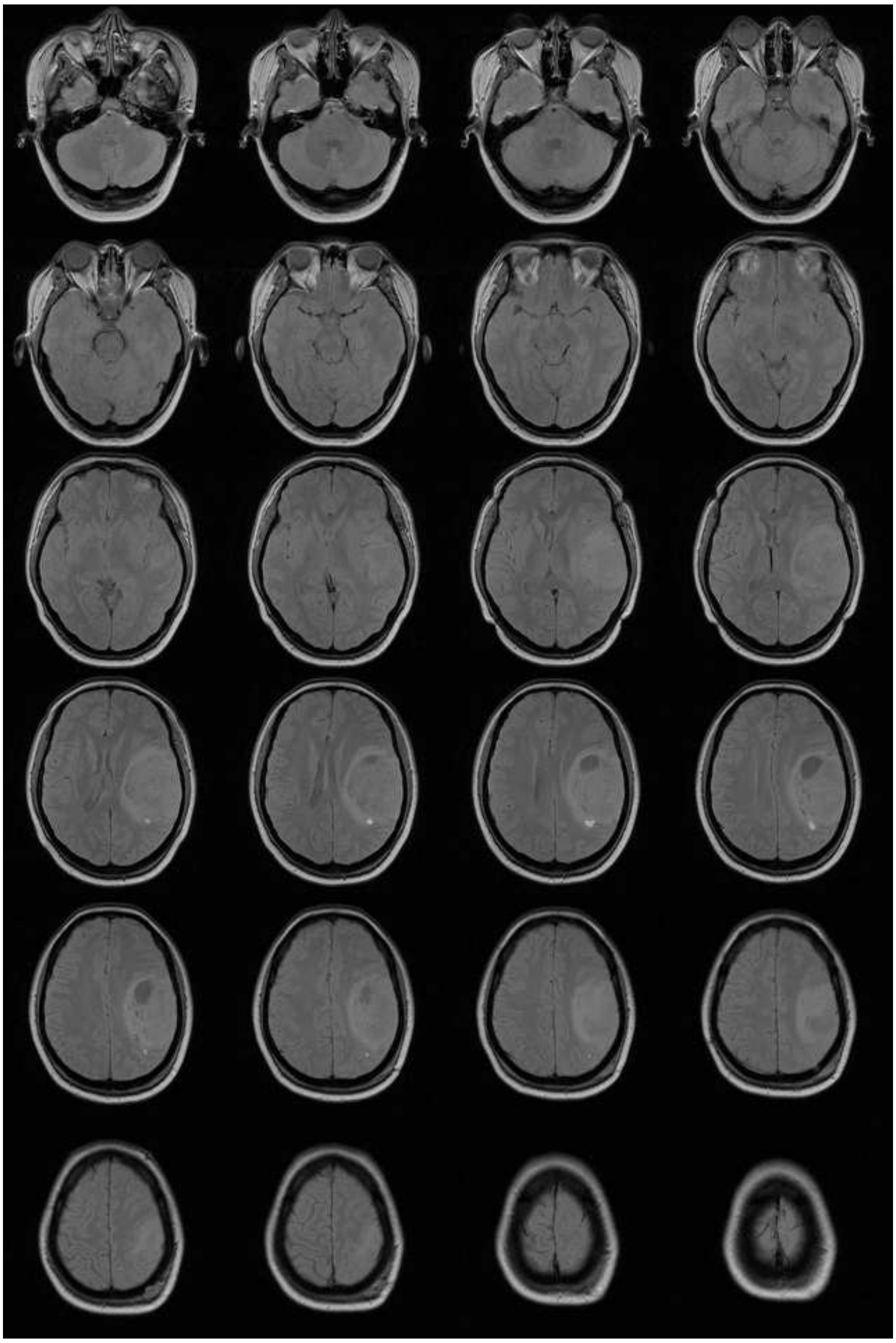


Fig. 2.9 – *Coupes* $IRM - DP$

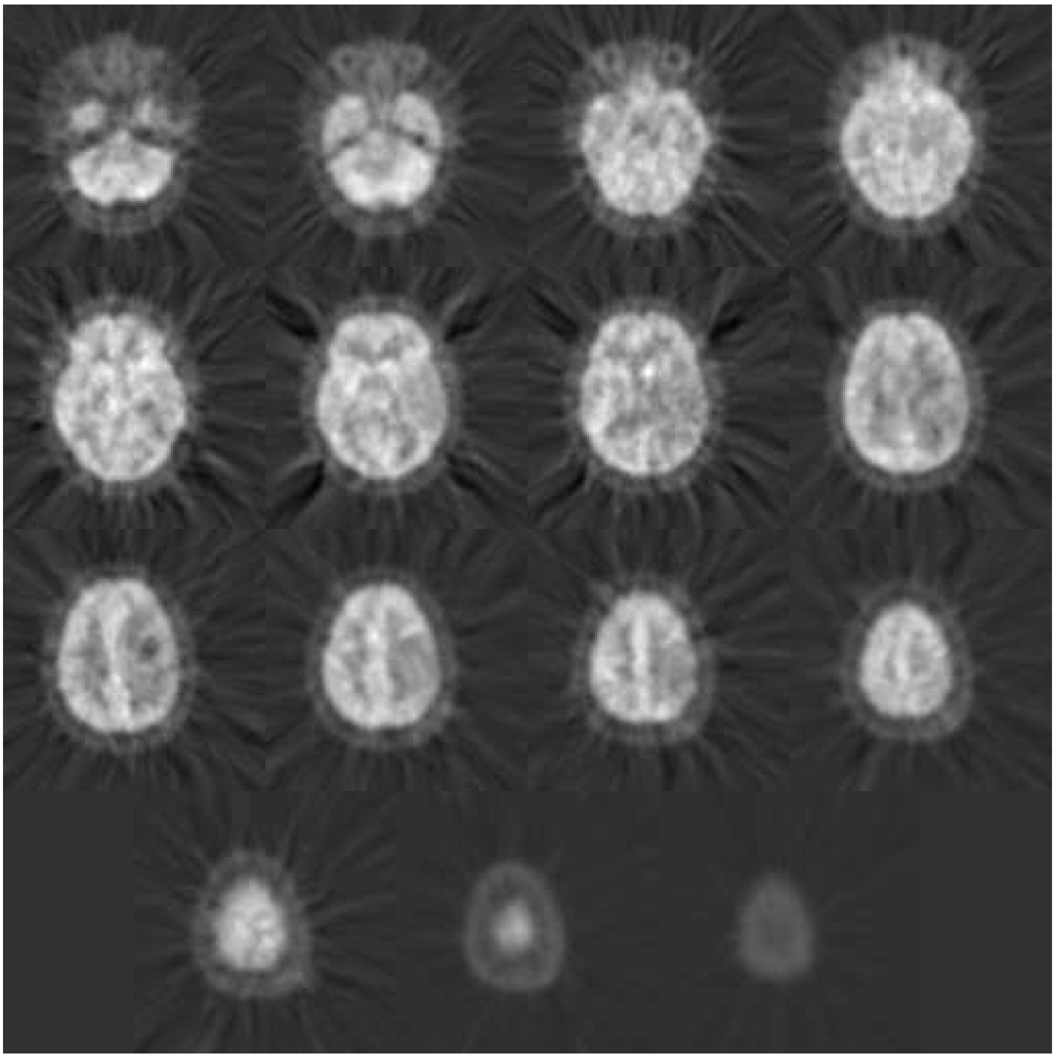


FIG. 2.10 – *Coupes TEP*

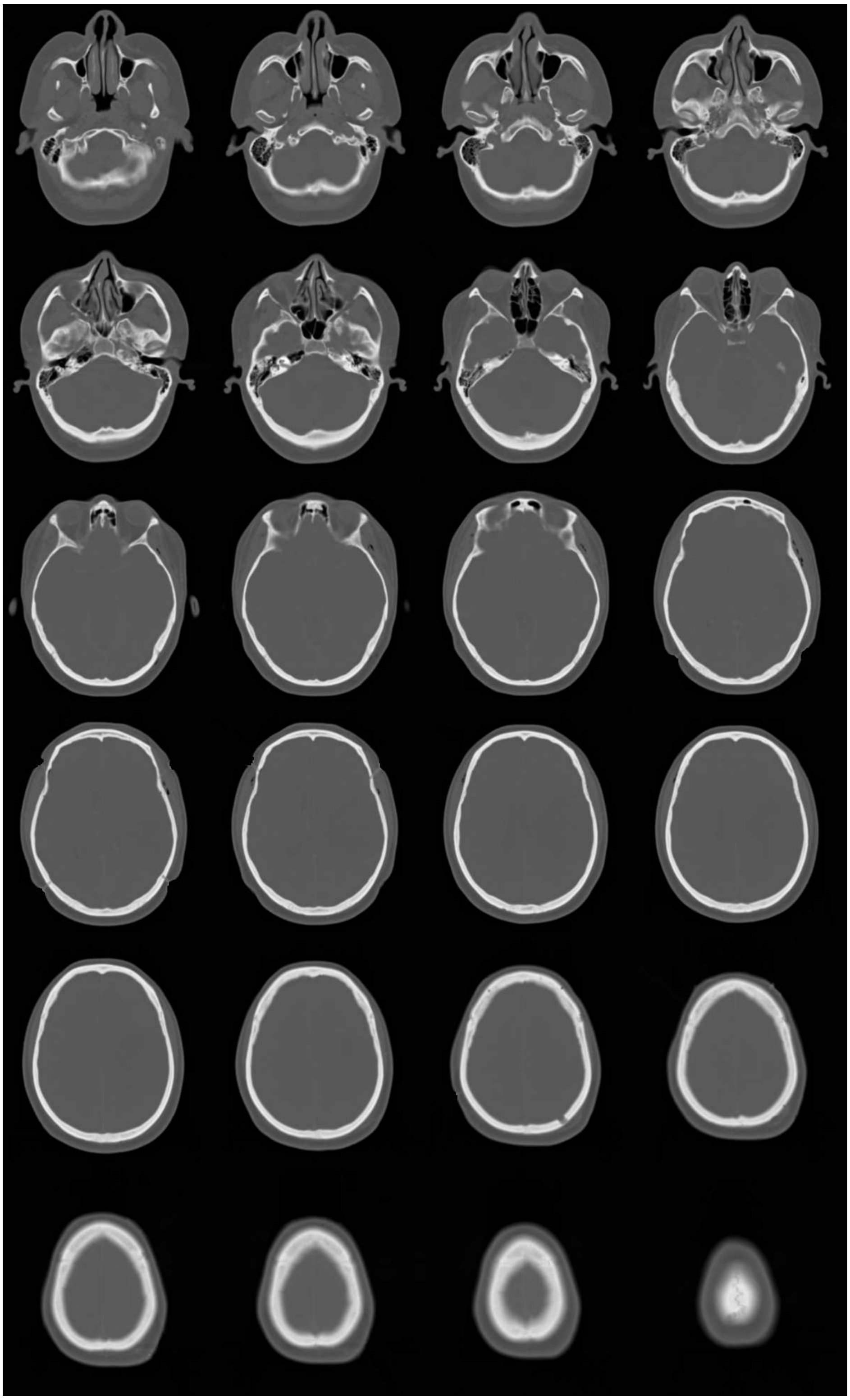


FIG. 2.11 – *Coupes CT*

Mesures Un certain nombre de mesures parmi celles présentées dans ce chapitre a été sélectionné. Pour effectuer ce choix, ont été éliminées les mesures a priori non adaptée au recalage multimodal (de par les études précédentes ou leur hypothèse de liaison). Ainsi, sont évalués, les mesures catégorielles présentées à partir de la section 2.2.2.2, ainsi que le rapport de corrélation. Les mesures non symétrique sont évaluées en considérant les deux cas : $f|r$, prédiction de I_f sachant I_r, et $r|f$, prédiction de I_f sachant I_r :

Mesures	**Notations**	**Symétrie**
Distance de Bhattacharyaa	$\mathcal{B}$	Symétrique
Distance de Hellinger	$\mathcal{H}^2$	Symétrique
Critère du χ^2	χ^2	Symétrique
Distance de Kolmogorov	V	Symétrique
Divergence L de Lin	L_{div}	Symétrique
Divergence K de Lin	K_{div}	Symétrique
Coefficient de Rajski	r	Symétrique
Information Mutuelle normalisée	k	Symétrique
Distance de Toussaints	T	Symétrique
Information Mutuelle	$\mathcal{I}$	Symétrique
u de Theil	u	$(f\|r)$ et $(r\|f)$
τ de Goodman et Kruskal	τ	$(f\|r)$ et $(r\|f)$
Version symétrique de la mesure précédente	$\overline{\tau}$	Symétrique
Information Mutuelle quadratique	$\mathcal{I}^2$	$(f\|r)$ et $(r\|f)$
Rapport de corrélation	η^2	$(f\|r)$ et $(r\|f)$

TAB. 2.4 – *Résumé des mesures comparées*

Méthodes L'adéquation d'une mesure à un couple de modalité dépend de plusieurs critères de comparaison. Nous essayons ici, par différentes séries d'expérimentations, d'en illustrer trois :

- la *précision* du résultat final. Elle est évaluée à travers l'erreur quadratique moyenne.
- la *régularité* et la taille du *bassin d'attraction* de la mesure dans l'espace de recherche. Cela conditionne la réussite de la procédure d'optimisation à partir de points de départ éloignés de la solution. Pour évaluer ce critère, les recalages sont répétés à partir de points de départ générés aléatoirement dans l'espace de transformation.
- la *robustesse* de la mesure vis-à-vis d'un sous-échantillonnage des données.

Pour essayer d'isoler l'influence de la mesure de similarité indépendamment des autres paramètres des procédures de recalages (interpolation, critère d'arrêt, valeur de tolérance), nous avons décider de les fixer au préalable. Bien entendu, cela ne garantit en aucune manière que les différences obtenues proviennent uniquement du choix des mesures. Cependant, toutes choses égales par ailleurs, cela permet d'avoir une première évaluation des performances.

2.3.1.2 Résultats des premiers tests

La première série d'expériences consiste en recalages à partir de positions de départ choisies de manière aléatoire. Les figures suivantes présentent pour chaque recalage l'erreur RMS obtenue par rapport à la transformation de référence, suivant la mesure de similarité utilisée. Cette erreur est exprimée en millimètre, mais comme elle est calculée à partir d'un ensemble de points particulier, il ne faut la considérer que de manière relative. La moyenne de l'erreur obtenue sur l'ensemble des recalages est indiquées par un symbole plein (•). Enfin, lorsque certains recalages sont considérés comme ayant *échoués* (erreur finale supérieure à un seuil), un nombre indique le pourcentage de résultats utilisés pour le calcul de la moyenne (s'il n'est pas indiqué, c'est qu'il est égal à 100%). Nous ne reportons ici qu'un ensemble de résultats nous ayant paru représentatifs, le tableau suivant résume les différents couples d'images utilisés :

I_r	I_f	Figure	Page
T_1	TEP	2.12	49
DP	TEP	2.13	50
T_1	CT	2.14	50
T_2	CT	2.15	51

TAB. 2.5 – *Résumé des tests effectués et liste des figures correspondantes*

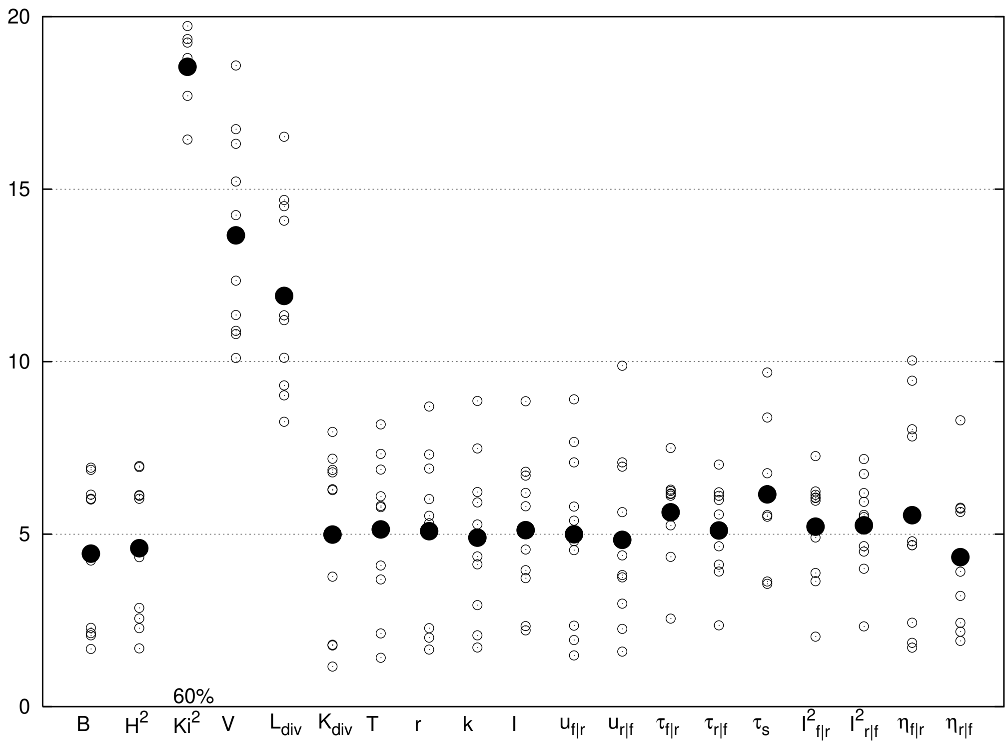


FIG. 2.12 – *Couple (T_1-TEP)*

Commentaires De manière globale, la première constatation est que les mesures réagissent différemment suivant la nature des couples d'images. En ce qui concerne les recalages anatomo-fonctionnel (T_1-TEP et DP-TEP), trois mesures sont à écarter de par leur performance très médiocre : χ^2, V et L_{div}. Les autres mesures conduisent quant à elles à des résultats comparables. En adéquation avec les remarques faites par ROCHE [RMPA98b], le rapport de corrélation présente un léger avantage en terme de précision par rapport aux mesures basées sur des divergences. Seule la distance de Bhattacharyaa conduit à une précision similaire avec le premier couple d'images. Une remarque plus originale peut être formulée concernant les mesures ne

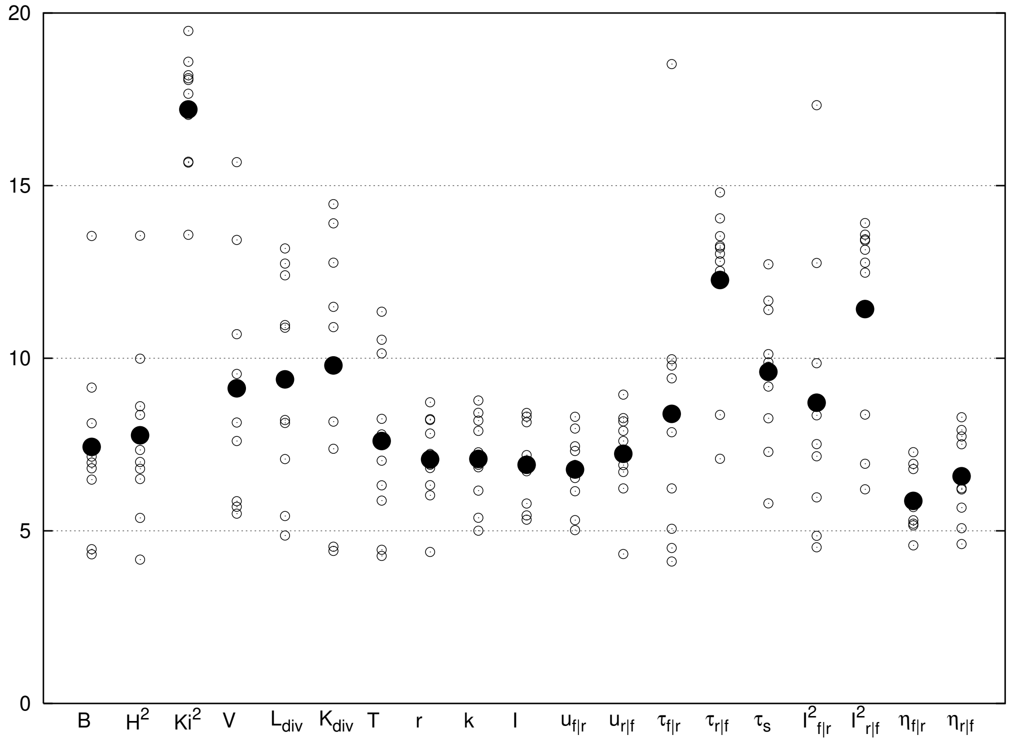


FIG. 2.13 – *Couple (DP-TEP)*

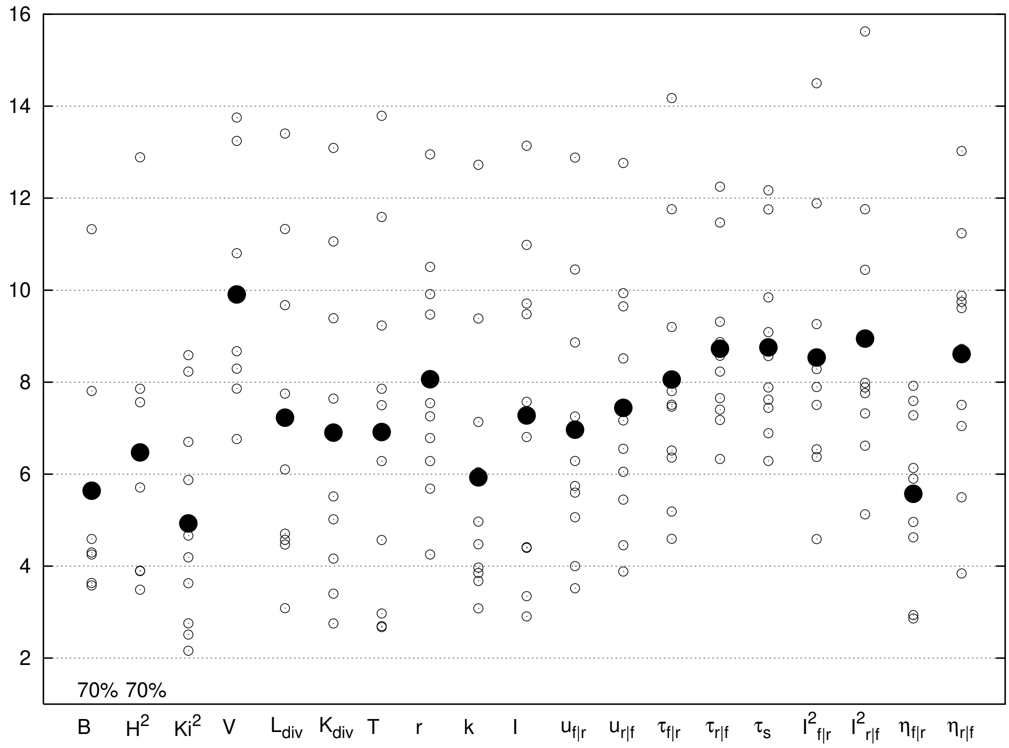


FIG. 2.14 – *Couple (T_1-CT)*

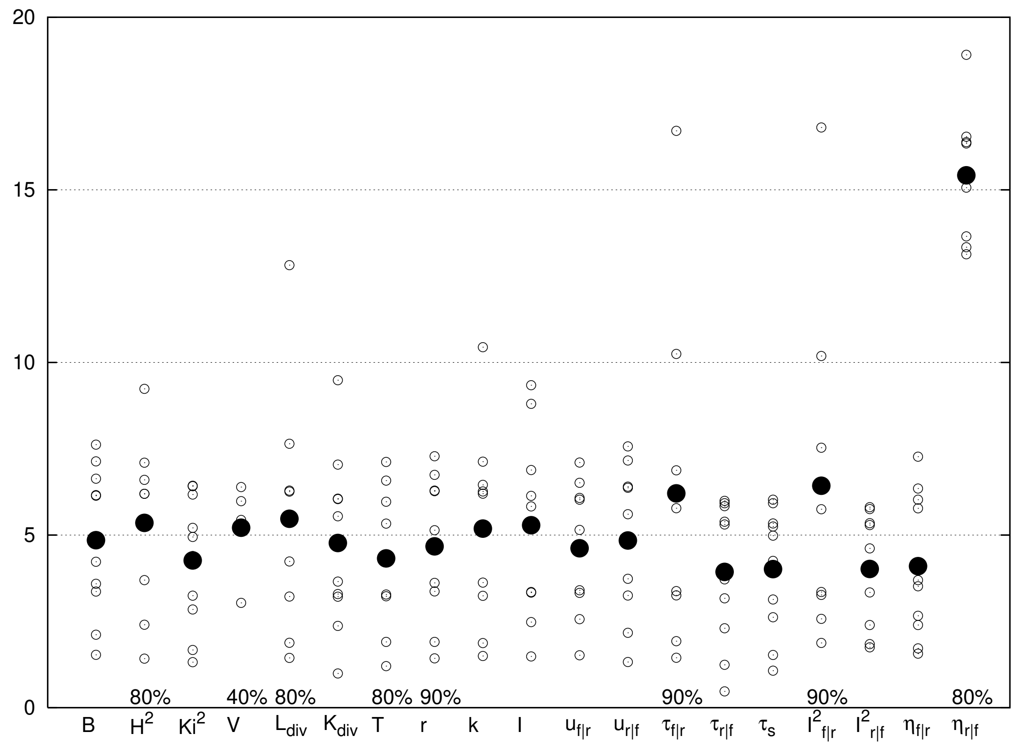


FIG. 2.15 – *Couple (T_2-CT)*

donnant pas le même rôle aux images (u, τ, I^2 et η^2). Nous constatons en effet que leur comportement relatif sont similaires : pour le couple (T_1-TEP) la précision est meilleure, *quelle que soit la mesure*, lorsque l'image flottante (TEP) joue le rôle du prédicteur ($r|f$), et c'est l'inverse pour le couple (DP-TEP).

Pour les deux autres couples (T_1-CT et T_2-CT), le résultat le plus marquant est peut être les bonnes performances du critère du χ^2, alors que cette mesure ne semble pas du tout adaptée dans le cas de recalage anatomo-fonctionnel. Étonnamment, nous n'avons pas trouvé d'articles faisant mention de l'utilisation de ce critère pour le recalage. D'un autre côté, concernant les mesures non symétriques, les différences sont plus sensibles. En particulier, le rapport de corrélation est totalement inefficace lorsque le scanner X sert à prédire l'IRM.

De manière globale, l'information mutuelle basée sur l'entropie de Shannon et ses dérivés (u de Theil, k), ainsi que la divergence basée sur la moyenne harmonique (T de Toussaints) sont les mesures les plus générales, dans le sens où elles conduisent à des résultats corrects (mais pas forcement les meilleurs) quelle que soit la modalité utilisée. Enfin, le rapport de corrélation, à condition de choisir au préalable le bon sens d'application, c'est-à-dire l'image qui doit servir de prédicteur, semble également une mesure adéquate dans de nombreux cas.

2.3.1.3 Résultats de la seconde série de tests

Cette fois-ci, la *robustesse* des mesures est illustrée. Les mêmes couples que lors des tests précédents sont utilisés, mais avec un sous-échantillonnage de l'image flottante I_f : un voxel sur quatre est utilisé. Cette série de tests doit être considérée comme le niveau supérieur d'une procédure de recalage par multirésolution. Les erreurs sont reportées de la même manière que sur les figures des pages précédentes.

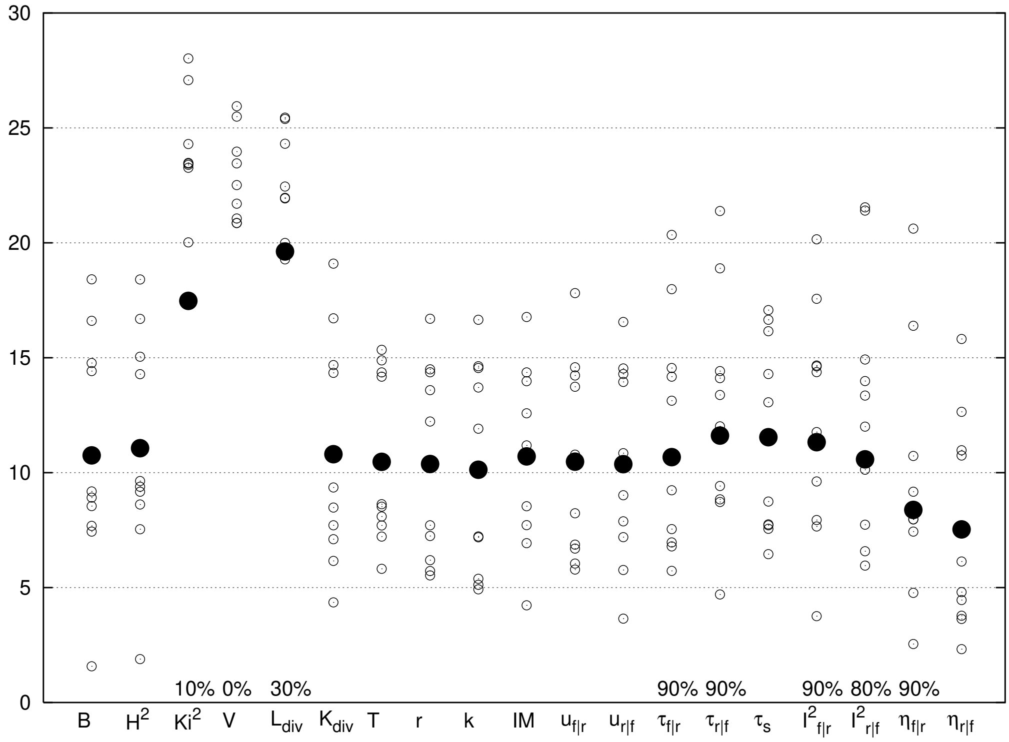


FIG. 2.16 – *Couple (T_1-TEP)*

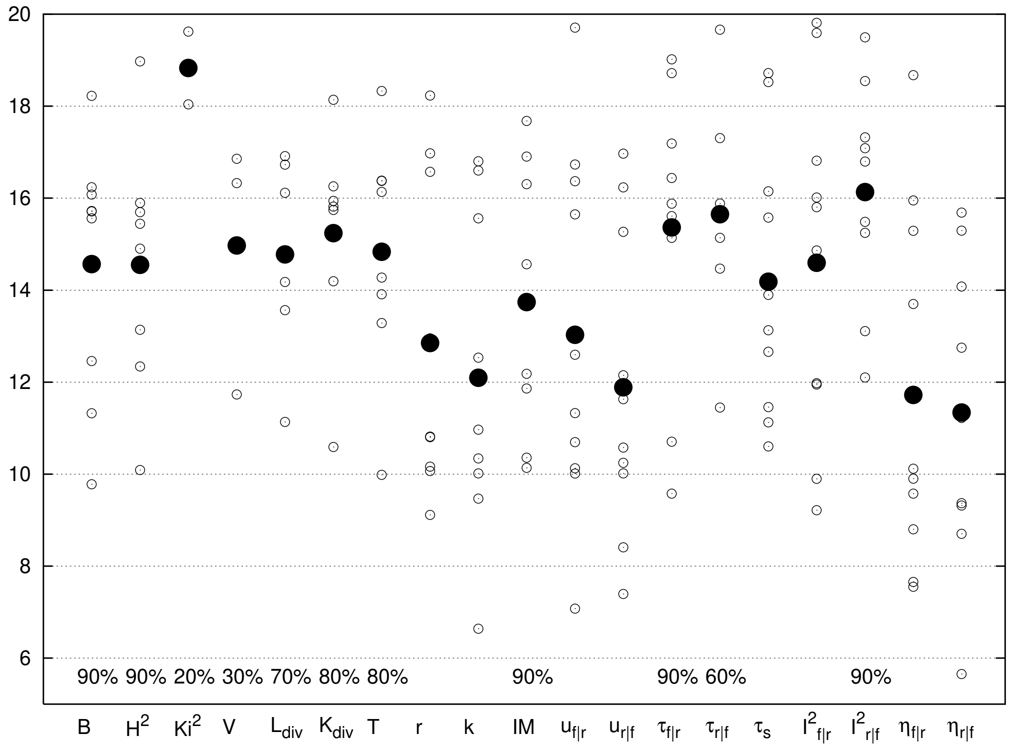


FIG. 2.17 – *Couple (DP-TEP)*

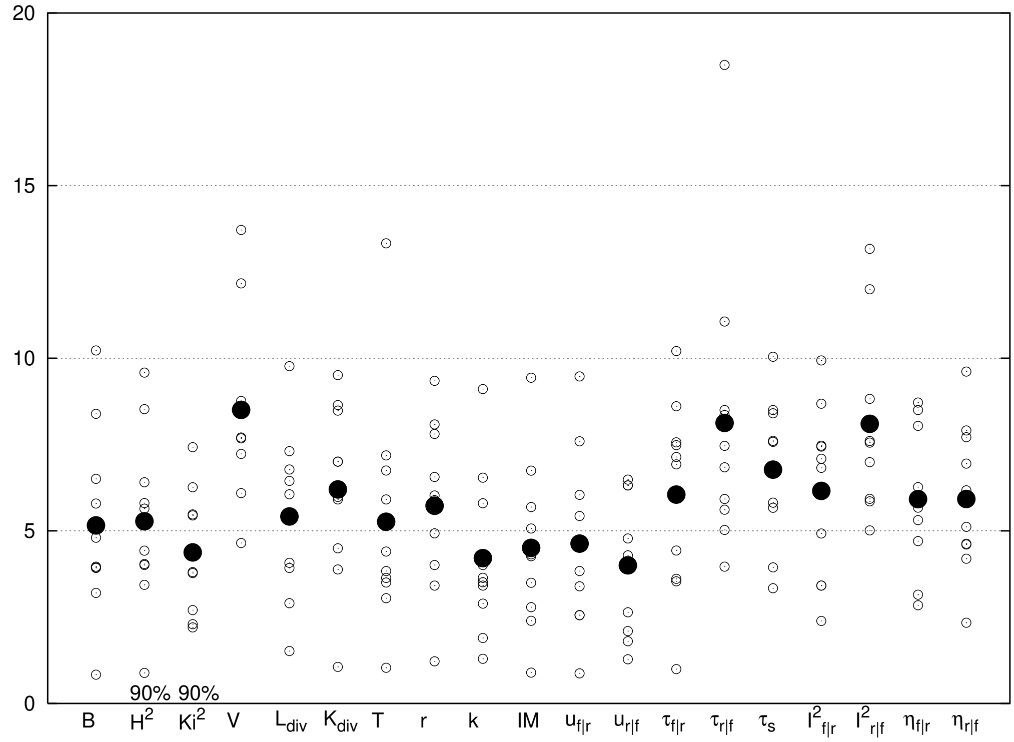


FIG. 2.18 – *Couple (T_1-CT)*

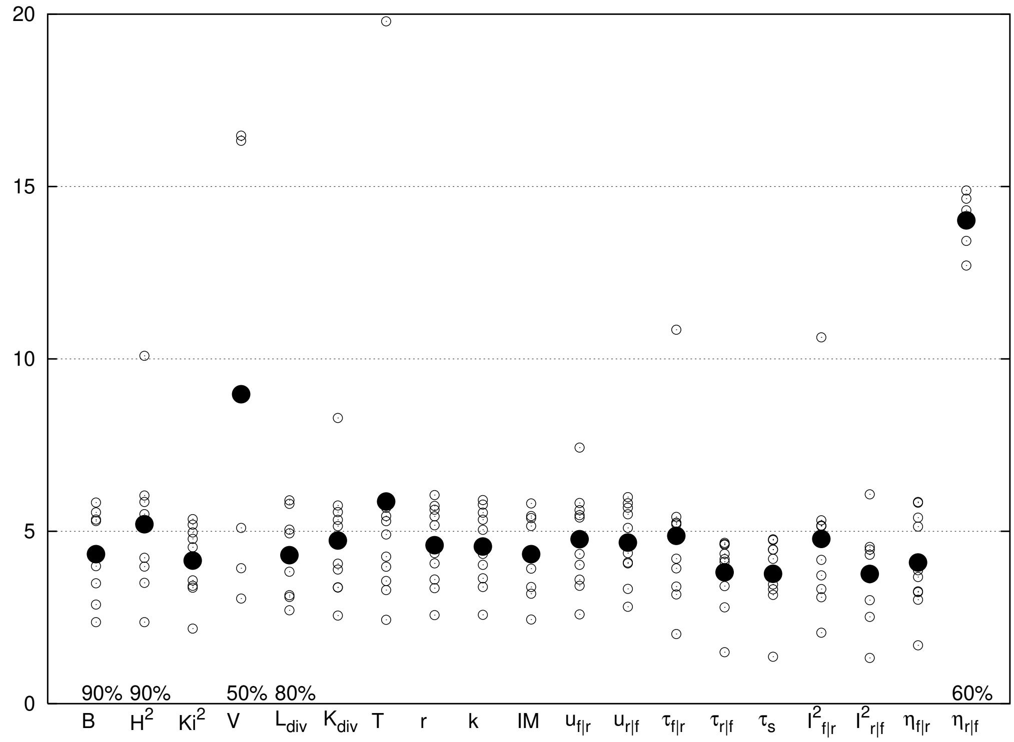


FIG. 2.19 – *Couple (T_2-CT)*

Commentaires De manière générale, le pourcentage de réussite des méthodes est bien plus bas que dans la série de tests précédente. Cette fois encore, la nature des modalités utilisées est déterminante. Lors de recalages impliquant des images TEP, le rapport de corrélation est clairement la mesure la plus robuste. Seule, l'information mutuelle normalisée, le u de Theil (non symétrique) et k (symétrique), permettent d'approcher une précision comparable pour le couple (DP-TEP). Par contre, lors de recalages avec des images CT, η^2 montre des performances plus faibles. Le critère χ^2 qui conduisait à la meilleure précision lors des précédentes expériences, semble moins robuste à un sous-échantillonnage que les mesures basées sur l'information mutuelle. De nouveau le u de Theil présente de bons résultats.

Enfin, il est intéressant de constater que le couple de modalités (T_2-CT) est le seul à conduire les mesures basées sur les entropies quadratiques (τ, $\mathcal{I}^2$) à de meilleurs résultats que celle basée sur l'entropie de Shannon. Cela est constant quelle que soit la série de tests.

2.3.2 Requête par le contenu

Les mesures de similarités basées sur les histogrammes joints sont actuellement exclusivement utilisées afin de comparer différentes *positions relatives* des images lors de procédures de recalages. Nous essayons dans cette partie de proposer un protocole de tests dont le but est d'évaluer les mesures dans un autre cadre : ces mesures peuvent-elles être employées pour comparer différents *couples* d'images ? L'objectif de cette étude préliminaire est d'évaluer l'emploi des mesures de le cadre de *requêtes par le contenu* dans une base de données d'images médicales. Deux applications motivent cette démarche :

- *À long terme.* La recherche d'images par le contenu (en anglais *Content-Based Image Retrieval*) est un domaine de recherche en pleine expansion du fait de la grande quantité d'images numériques, fixes et vidéos, créées chaque jours [Jol98]. Cette recherche peut être décomposées en deux étapes, l'*indexation* en amont et la *recherche* proprement dite en aval. L'étape d'indexation consiste à extraire des images différentes caractéristiques (de texture, de couleur, de forme) à travers lesquelles les images sont ensuite comparées. Dans le cas de bases de données d'images médicales, nous souhaitons expérimenter l'emploi des mesures de similarité *sans segmentation.*
- *À court terme.* Le projet concernant le positionnement de patient, voir chapitre 5, nous conduit à utiliser les mesures de similarité pour rechercher, par le contenu et sans segmentation, une image parmi en ensemble de candidats. Si les mesures nous permettent de déterminer le couple d'images les plus similaires, nous pourrons alors utiliser cette technique pour effectuer *à l'avance* la génération d'images candidats.

2.3.2.1 Matériels et méthodes

Les images utilisées proviennent de la même base de données que lors des précédents tests. Nous allons cette fois utiliser, non seulement plusieurs *modalités*, mais également des images de plusieurs *patients* différents. Chaque image est notée $I_{p,m}$, avec $p \in [0..18]$ le numéro d'identification de patient et $m \in [T_1,T_2,DP,CT,TEP]$ la modalité.

Une image *de référence* est choisie au hasard, notée I_{p_r,m_r} et des recalages sont successivement effectués entre I_{p_r,m_r} et *toutes* les autres images. Ensuite, lorsque la procédure d'optimisation est terminée et la transformation entre chaque couples (I_{p_r,m_r},$I_{p,m}$) estimée, nous retenons uniquement la valeur *finale* de la mesure de similarité. Cette valeur pour le couple d'images (I_{p_r,m_r},$I_{p,m}$) est notée $\mathcal{S}_{p,m}$. Bien entendu, le recalage entre l'image de référence et elle-même ne présente pas d'intérêt puisqu'il conduit à une mise en correspondance parfaite ($\mathcal{S}_{p_r,m_r}$ est égal à 1 si le critère de similarité est normalisé, tels η^2, u ou k).

Deux questions peuvent ainsi se poser : les mesures $\mathcal{S}_{p,m_r}$, c'est-à-dire résultant de recalages impliquant la même modalité que celle de l'image de référence, vont-elles présenter une valeur plus importante ? Et, est-ce que les valeurs des mesures $\mathcal{S}_{p_r,m}$, impliquant deux modalités du même patient, seront plus élevées que les autres ? En d'autres termes, les mesures de similarité permettent-elles de discriminer des patients ou des modalités, ou bien sont-elles cantonnées à l'évaluation de positions relatives d'images ?

2.3.2.2 Résultats

À partir de ce protocole, l'ensemble des recalages a été effectué plusieurs fois, en utilisant différentes mesures. Notons que la même procédure d'interpolation est utilisée pour tous les recalages du fait de l'influence de cette étape sur la valeur finale de la mesure de similarité (voir chapitre suivant pour plus de détails). Les figures suivantes, de 2.20 à 2.22, résument les expériences effectuées. Dans chaque figure, les valeurs finales $\mathcal{S}_{p,m}$ portées par l'axe vertical sont représentées en fonction des différentes modalités (axe horizontal). Pour une modalité, chaque recalage est représenté par un symbole ; il y a environ une quinzaine de patients par modalité, excepté la modalité TEP pour laquelle seules les acquisitions de 7 patients différents sont disponibles. Les symboles correspondant au patient de référence, recalage impliquant p_r quelque soit la modalité, est entouré d'un cercle. La première figure 2.20 présente ainsi les résultats obtenus en utilisant l'information mutuelle comme mesure de similarité.

Dans ce premier cas, nous constatons tout d'abord que les couples impliquant le même patient (symboles cerclés, $\mathcal{S}_{p_r,m}$) présente de manière générale une valeur de similarité supérieure aux autres, au sein d'une *même* modalité. De plus, il apparaît que la mesure ne permet pas de différencier la modalité : la colonne $n°2$ correspondant à la modalité de référence m_r ne présente pas de valeurs supérieures autres colonnes.

Dans le second exemple, figure 2.21, nous avons utilisé une mesure *normalisée*, le u de Theil, afin de relativiser la mesure en fonction de la quantité d'information (entropie) de l'image de flottante. Nous observons ainsi que cette fois, les valeurs $\mathcal{S}_{p_r,m}$ se détachent plus des autres. Cependant, c'est avec le rapport de corrélation que les meilleurs résultats sont obtenus, voir figure 2.22. Dans ce cas là, les quatre plus hautes valeurs $\mathcal{S}_{p,m}$ correspondent à quatre couples d'images impliquant deux images du même patient. Ce n'est pas le cas pour la modalité TEP puisque d'autres recalages avec des patients différents présentent une valeur supérieure. Néanmoins il nous parait remarquable, compte tenu du type de modalité très bruitée qu'est la tomographie par émission de positons, que seuls *deux* couples présentent des valeurs supérieures. Notons, qu'en conformité avec les expériences précédentes, $\eta^2_{r|f}$ est utilisé pour les couples IRM-TEP et $\eta^2_{f|r}$ pour IRM-CT.

S'il parait naturel de concevoir que les couples d'images du même patient sont plus similaire que les couples d'images de patients différents, il nous semble intéressant de constater que les mesures de similarité iconiques permettent de retrouver cet état de fait, sans segmentation ni aucun pré-traitements sur les images. De plus, même un

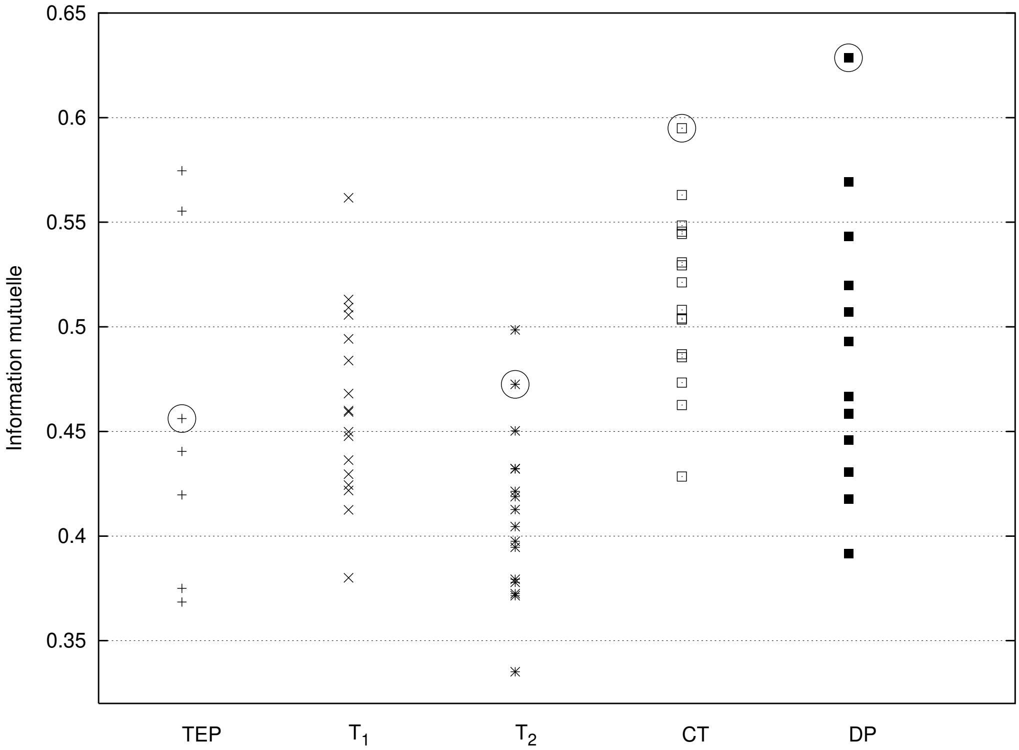


FIG. 2.20 – *Résultats des recalages (information mutuelle)*

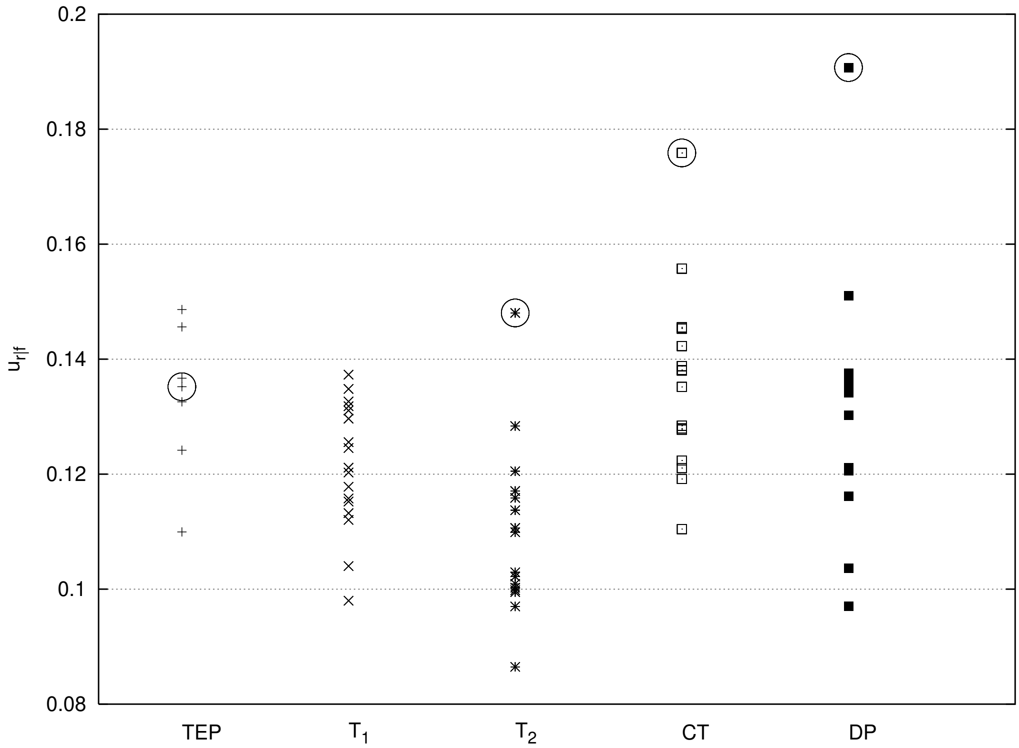


FIG. 2.21 – *Résultats des recalages (u de Theil, $f|r$)*

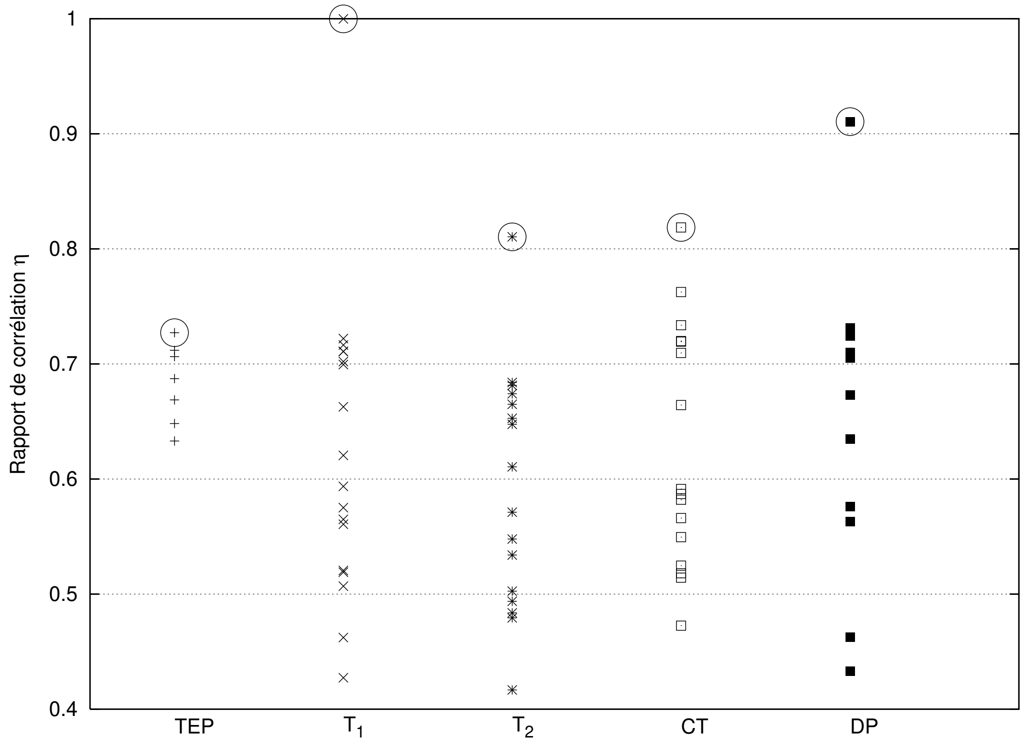


FIG. 2.22 – *Résultats des recalages (rapport de corrélation η^2)*

opérateur humain a des difficultés à dire si deux images, 3D de surcroît, proviennent du même patient (voir figure 2.23).

Cette petite expérience n'a pas d'autre prétention que d'essayer de mettre en avant la capacité des mesures de similarité à comparer des couples d'images. Bien entendu, si le problème de retrouver un patient parmi un ensemble d'images se posait (par exemple, étant donnée une IRM et un ensemble d'images TEP, quelle est l'image TEP correspondant au patient de l'image T_1 ?), une étude plus poussée devrait être conduite pour contrôler plus précisément l'influence de la taille des images, de celle des pixels *etc*

Au chapitre consacré au problème du positionnement de patient (chapitre 5), nous utiliserons cette capacité des mesures à distinguer les couples d'images les plus ressemblant.

2.4 Conclusion

Nous avons présenté dans ce chapitre un certain nombre de mesures de similarité utilisables pour le recalage d'images mono ou multimodales. Elles sont classées selon deux grandes catégories, celles utilisant les distributions et les valeurs d'intensités, et celles n'utilisant que les distributions. Au sein des classes, chaque mesure est présentée en mettant l'accent sur la nature du lien entre les intensités qu'elle évalue. Un tableau synthétique final résume également quelques propriétés. Une partie de ce chapitre a été publiée dans [SM99c].

De manière générale, plusieurs remarques peuvent être formulées. Tout d'abord, en ce qui concerne le recalage multimodal, aucune mesure ne donne de meilleur résultat quelle que soit la modalité. Néanmoins deux types de mesures se détachent, le rapport de corrélation et les divergences basées sur l'entropie de Shannon. Comme

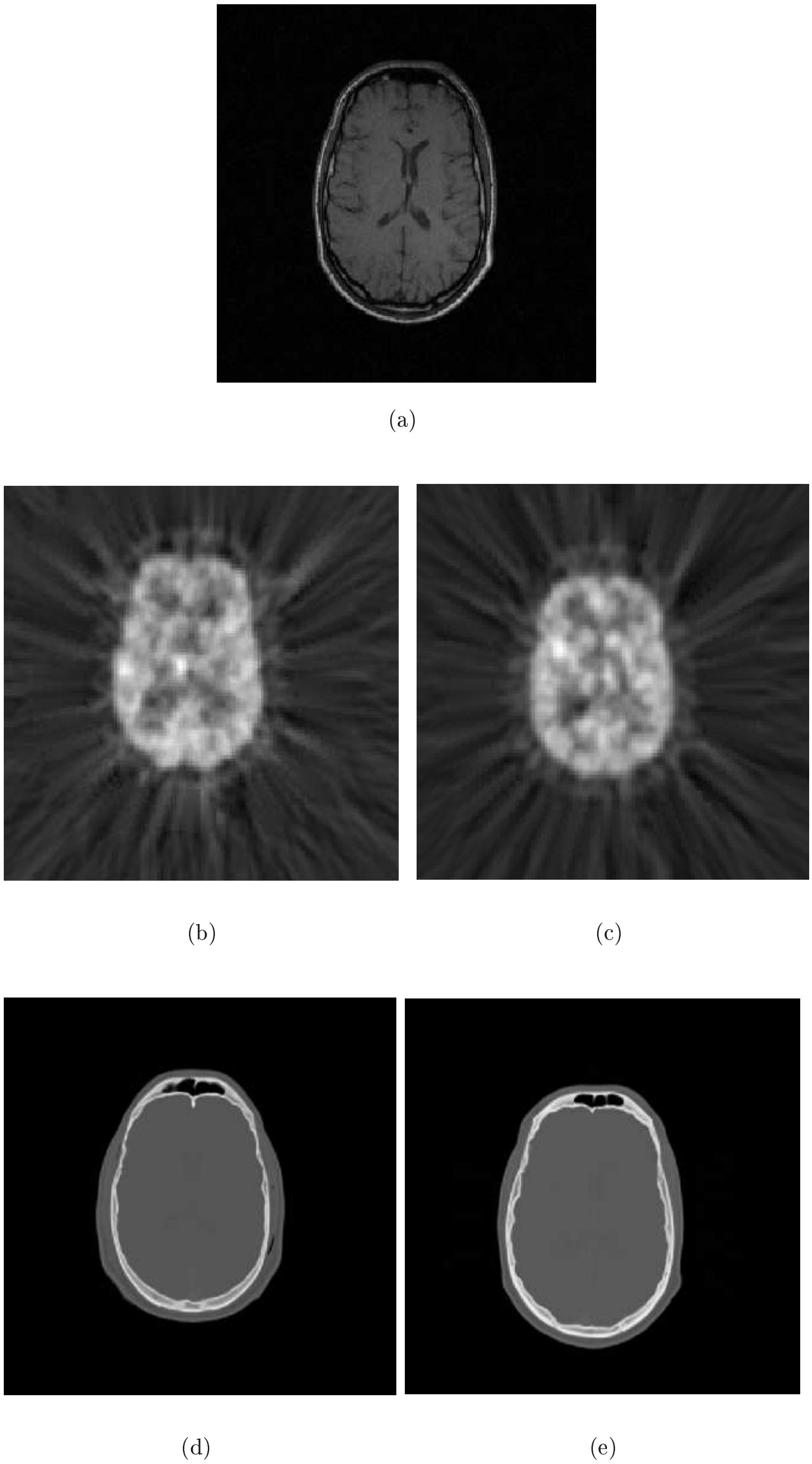


FIG. 2.23 – *Quelle image TEP (deuxième ligne) et quel scanner X (troisième ligne) proviennent du même patient que l'IRM (première ligne) ? . . . La mesure de similarité permet de déterminer qu'il s'agit des images 2.23(b) et 2.23(e).*

déjà noté par plusieurs auteurs, certains couples d'images semblent plus adaptés à une mesure que d'autres. Typiquement, de meilleurs résultats sont obtenus avec le rapport de corrélation pour les recalages *IRM-TEP*, et avec les divergences pour les recalages *IRM-CT*. L'étude de l'adéquation modalité/mesure est actuellement poursuivie par ROCHE. D'un autre côté, nos expérimentations ont mis en évidence pour les mesures non symétriques l'influence de l'image utilisée pour *prévoir* l'autre. Par exemple, le rapport de corrélation est plus efficace, concernant les couples *IRM-TEP*, lorsque la mesure est utilisée dans le sens *IRM sachant TEP*. En revanche, concernant le couple *IRM-CT*, les intensités de l'*IRM* permettent bien mieux de prévoir celles du *CT* que l'inverse, *IRM sachant CT* donne de très mauvais résultats. Enfin, un protocole expérimental nous a permis d'évaluer les mesures dans leur capacité à comparer différents *couples* d'images.

Finalement, afin d'illustrer une dernière fois le concept d'*association*, opposé à celui d'indépendance, je demande au lecteur de me permettre la citation délicate que voici. La phrase initiale est de M.H. DOOLITTLE en 1887, est citée par GOODMAN & KRUSKAL en 1959, puis notée par AGRESTI en 1990 dans [Agr90], et finalement traduite par CONFAIS *et al.* en 1996, dans [CGG96] :

> *Étant donné le nombre de cas où respectivement les choses sont à la fois comme-ci et comme-ça, sont comme-ci mais non pas comme-ça, sont comme-ça et non comme-ci, et ne sont ni comme-ci ni comme-ça, il convient d'éliminer le lien quantitatif général inhérent à la simple chosité des choses, et de déterminer le lien quantitatif spécifique résiduel entre les caractères comme-ci et comme-ça des choses.*

M.H. DOOLITTLE, 1887 — traduction [CGG96]

La traduction pouvant être sujette à polémique, nous reproduisons également la version originale afin de clarifier la situation.

> *Having given the number of instances respectively in which things are both thus and so, in which they are thus but not so, in which they are so but not thus, and in which they are neither thus nor so, it is requiered to eliminate the general quantitative relativity inhering in the mere thingness of the things, and to determine the special quantitative relativity substing between the thusness and the soness of the things.*

M.H. DOOLITTLE, 1887

3
Interpolations

Sommaire

3.1 Introduction

Plusieurs étapes du processus de recalage peuvent nécessiter une stratégie d'interpolation, par exemple en amont du recalage, les volumes sont quelques fois rééchantillonnés dans le but d'obtenir des voxels cubiques et/ou de même taille dans les deux images (voir section 1.2.5). Cependant, ce chapitre s'intéresse uniquement à l'étape d'interpolation lors du calcul de l'histogramme joint. Le but de cette partie est de mettre l'accent sur l'importance de cette étape, d'étudier différentes méthodes et d'essayer d'en spécifier les propriétés afin de pouvoir proposer des stratégies originales.

Notons d'ores et déjà, tout comme les mesures de similarité, qu'aucune méthode n'est *a priori* parfaite et ne convient dans toutes les circonstances : l'objectif est d'étudier les caractéristiques des différentes approches de façon à permettre un choix adéquat en fonction de la nature du problème (compromis habituel entre précision et rapidité).

Ce chapitre est découpé comme suit. Après un aperçu succinct des techniques génériques d'interpolation d'images, les méthodes usuelles sont présentées. La section 3.2.1 présente ensuite quelques propriétés, puis se focalise sur le problème de la non-égalité des positions spatiales. La section 3.3 propose d'autres méthodes d'interpolation et le chapitre se termine par des tests expérimentaux.

3.1.1 Techniques génériques

Étant donné un signal discret $I(\boldsymbol{k})$, $k \in \mathbb{Z}^d$ (une image), l'interpolation consiste à construire un modèle continu $\tilde{I}(\boldsymbol{x})$ de manière à disposer d'une valeur du signal pour tous les points de l'espace $\mathbb{R}^d$. Shannon et Nyquist ont montré qu'un signal continu peut être parfaitement reconstruit à partir de valeurs discrètes s'il répond à deux conditions : être limité en fréquence [1] (valeur maximale dans l'espace de Fourier) et être échantillonné (régulièrement) à deux fois cette fréquence limite. Par exemple, les IRM 3D, reconstruites dans l'espace de Fourier, sont généralement considérées comme rentrant dans ce cadre. La reconstruction est alors effectuée par convolution avec la fonction *sinus cardinal* :

$$\begin{aligned} \tilde{I}(\boldsymbol{x}) &= (I * \mathrm{sinc})(\boldsymbol{k}) \qquad (3.1) \\ \text{avec} \quad \mathrm{sinc}(x) &= \frac{\sin \pi x}{\pi x} \end{aligned}$$

Cependant, une telle évaluation implique une somme sur *tous* les voxels de l'image, et conduit à des temps de calcul impraticables. La technique usuelle est alors de tronquer la fonction sinc, mais de manière adéquate afin d'éviter les erreurs de troncature dues à sa nature oscillatoire, typiquement par multiplication avec une fonction de Hamming pour limiter ces oscillations. Dans le domaine du recalage d'images, cette technique est décrite et utilisée par Hajnal *et al.* dans [HSS+95] ou par Hill *et al.* dans [HHS+94]. Notons également la méthode proposée par Thacker *et al.* dans [TJMV98] (normalisation de la fonction de Hamming), permettant de diminuer encore l'erreur de troncature.

Une approche alternative classique, plus efficace et surtout permettant de régler un certain compromis temps/précision, est l'interpolation par B-splines. Le couple d'articles de Unser *et al.* [UAE93a, UAE93b], ainsi que [Uns99] pour un aperçu

1. *Frequency bandlimit.*

général, servent de références en la matière. Le signal interpolé est alors donné par la relation suivante :

$$I(\boldsymbol{x})^{(n)} = \sum_{k \in \mathbb{Z}} c(\boldsymbol{k}) \beta^{(n)}(\boldsymbol{x} - \boldsymbol{k}) \tag{3.2}$$

Dans cette équation (n) est le degré du spline, ou l'*ordre* de l'interpolation, et les $c(\boldsymbol{k})$ sont des coefficients donnés par les points discrets $I(\boldsymbol{k})$ du signal en fonction de $\beta^{(n)}$. Ils peuvent être calculés par filtres récursifs, voir [UAE93b]. La fonction $\beta^{(n)}$ est définie comme une succession de $(n+1)$ convolution de $\beta^{(0)}$, avec $\beta^{(0)}(\boldsymbol{x}) = 1$ si $-1/2 \leq \boldsymbol{x} \leq 1/2$ et égal à 0 sinon. Lorsque n tend vers l'infini, l'équation 3.2 converge vers l'interpolation par sinus cardinal. L'interpolation par plus proche voisin correspond à $n = 0$ et l'interpolation linéaire à $n = 1$. Uniquement dans ces deux cas ainsi que pour $n \to \infty$, les poids sont égaux aux intensités $c(\boldsymbol{k}) = I(\boldsymbol{k})$.

Cette approche utilisant un ensemble de poids $c(\boldsymbol{k})$ est une généralisation des méthodes habituelles [BTU99], consistant à effectuer une convolution de l'image par un noyau spécifique, c'est à dire en considérant $c(\boldsymbol{k}) = I(\boldsymbol{k})$. Ainsi MEIJERING *et al.* dans [MZV99] proposent une généralisation de cette dernière approche. Les noyaux sont ici des polynômes par morceaux d'ordre n, et en imposant certaines contraintes, les fréquences minimales ne doivent pas être supprimées, ni les maximales amplifiées, un ensemble de noyaux d'ordre croissant est exhibé.

Après avoir succinctement évoqué le contexte général de l'interpolation d'images, la section suivante s'attache à préciser les spécificités de l'interpolation dans le cadre de la mise en correspondance d'images, c'est-à-dire lors de la construction de *séquences* d'histogrammes joints.

3.1.2 Construction d'histogrammes joints

3.1.2.1 Notations

Les fréquences empiriques du tableau de contingence $H_T(i,j)$ (voir section 2.1.3) sont les proportions du nombre de voxels $\boldsymbol{x}$ tels que $I_f(\boldsymbol{x}) = j$ et $I_r(T(\boldsymbol{x})) = i$, par rapport au nombre de points communs aux images. Pour une transformation T donnée, le calcul de l'histogramme joint s'effectue de la manière suivante. T est appliquée à chaque point $\boldsymbol{x}$ de I_f, et chaque transformé $T(\boldsymbol{x})$ est projeté dans I_r, c'est-à-dire dans le même repère. Comme les images sont de nature discrètes, les voxels transformés de I_f ne coïncident généralement pas avec ceux de I_r et une étape d'interpolation est requise.

Nous notons Υ la procédure itérative qui considère successivement chaque voxel $\boldsymbol{x} \in I_f$ afin de mettre à jour H_T. Nous la désignons ici par le terme *interpolation* mais il s'agit en fait d'une procédure de *mise à jour de l'histogramme joint*, reposant éventuellement sur un modèle d'interpolation classique. Ainsi, une procédure Υ produit un ensemble de couples intensité-poids (i_k,ω_k), avec $\forall k$, $i_k \in \mathcal{D}_r$ et $\omega_k \in \mathbb{R}$. Pour chaque $I_f(\boldsymbol{x}) = j$, l'histogramme joint est alors mis à jour $\forall k$ en ajoutant ω_k à $H_T(i_k,j)$. L'ensemble des intensités mises à jour est noté V et l'ensemble des poids Ω.

3.1.2.2 Interpolations classiques

Les trois méthodes les plus couramment utilisées dans le cadre du recalage ont été proposées par COLLIGNON *et al.* dans [CVSM95] puis [MCV+97]. Étant donné un point $\boldsymbol{x} \in I_f$, tel que $I_f(\boldsymbol{x}) = j$, et son transformé par T, noté $\boldsymbol{x'} = T(\boldsymbol{x}) \in I_r$, les 2^d voxels appartenant à l'image de référence les plus proches de $\boldsymbol{x'}$ sont dénommés les *voisins* et notés $\boldsymbol{n}_k$ ($k \in [\![1{,}8]\!]$ pour des images 3D). Les volumes normalisés, ou les surfaces si les images sont 2D, délimités par $\boldsymbol{x'}$ et les voisins sont notés μ_k (voir schéma 3.1). Les trois méthodes sont les suivantes :

PPV interpolation par *plus proche voisin* : soit i l'intensité dans I_r du voisin $\boldsymbol{n_k}$ le plus proche de $\boldsymbol{x'}$. On ajoute 1 à $H_T(i{,}j)$.

LIN interpolation *linéaire* : soit $i = \sum_k \mu_k I_r(\boldsymbol{n}_k)$. On ajoute 1 à $H_T(\lceil i\rfloor{,}j)$, avec $\lceil a\rfloor \equiv \lfloor a + \frac{1}{2}\rfloor$ la valeur entière de a la plus proche.

VP interpolation par *volume partiel* : $\forall k$ on ajoute μ_k à $H_T(I_r(\boldsymbol{n}_k){,}j)$.

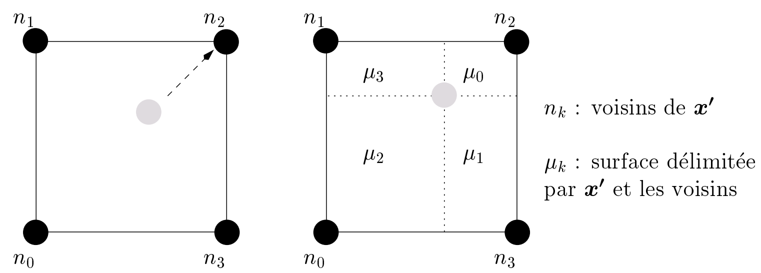


FIG. 3.1 – *Interpolations classiques : Υ_{PPV} (à gauche), Υ_{LIN} et Υ_{VP} (à droite)*

Soit, avec les notations précédentes :

Interpolations →	Υ_{PPV}	Υ_{LIN}	Υ_{VP}
$\lvert V\rvert = \lceil\Omega\rvert$	1	1	2^d
$V = \{i_k\}$	$\{i = I_r(\boldsymbol{n_{ppv}})\}$	$\{i = \lceil\sum_k \mu_k I_r(\boldsymbol{n}_k)\rfloor\}$	$\{i_k = I_r(\boldsymbol{n}_k)\}$
$\Omega = \{\omega_k\}$	$\{1\}$	$\{1\}$	$\{\mu_k\}$

Les deux premières procédures présentées (Υ_{PPV} et Υ_{LIN}) ne sont que des cas particuliers des ré-échantillonnages classiques. Un modèle d'interpolation est fixé, de degré 0 dans le premier cas et 1 dans le second, puis H_T est mis à jour suivant l'intensité arrondie de $\boldsymbol{x'}$ dans I_r, calculée par le modèle choisi. Comme il est admis que les dégradations du signal sont moindres pour des interpolations de degré élevé, il apparaît possible sur le même principe de proposer d'autres procédures Υ basées sur des splines de degré supérieur. Cependant, le nombre d'opérations impliqué dans le calcul d'une intensité augmente fortement suivant le degré du spline : en 3D, 8 voisins pour $n = 1$, puis 27 et 64 voisins pour $n = 2$ et $n = 3$. Même si des techniques pour accélérer le processus existent (voir section 3.1.1), les temps de calcul restent encore importants. Ainsi, dans le but de rester compatible avec des temps d'exploitation clinique, nous considérerons dans la suite uniquement des modèles ne faisant intervenir que les voisins immédiats du point projeté.

3.2 Étude de procédures d'interpolation

L'importance de la méthode d'interpolation Υ est notée par de nombreux auteurs [CVSM95, MCV+97, RMPA98b, NHA98, PMV99]. Cette étape influe en effet sur la totalité du processus de recalage : à la fois sur la *précision* du résultat final, le maximum du critère dans l'espace des transformations choisi est différent suivant Υ, sur la *probabilité* de trouver le maximum (la structure même de l'espace de recherche est modifiée), et sur le *temps de calcul* du processus total.

3.2.1 Quelques propriétés

Étant donné un point $\boldsymbol{x}$ projeté dans l'image de référence, nous appelons position *sous-pixélique* ses coordonnées dans $[0:1]^d$ relativement à son voisin $\boldsymbol{n}_0$, défini dans la section précédente.

Continuité L'interpolation fait partie du processus d'optimisation visant à maximiser (ou minimiser) la valeur du critère $\mathcal{S}$, calculé pour une transformation donnée à partir de H_T. Nous nous intéressons donc aux effets de l'interpolation sur une *séquence* d'histogrammes. Ainsi, afin de faciliter la procédure d'optimisation, il est intéressant que $\mathcal{S}$ soit une fonction *continue* dans l'espace des paramètres de T. À condition que $\mathcal{S}$ soit continue sur H_T, la procédure d'interpolation Υ doit entraîner une continuité des valeurs de H_T suivant T. Cette propriété peut être contraignante, mais il est possible d'en exprimer une version plus faible et requérant que Υ conduise à de *légères* modifications de $\mathcal{S}$ pour de *faibles* modifications de T (*pseudo-continuité*).

En toute rigueur Υ_{LIN} ne possède pas cette propriété de continuité vis-à-vis de T car l'intensité interpolée linéairement dans I_r est ensuite arrondie afin de correspondre à un niveau d'intensité entier. Néanmoins, contrairement à Υ_{PPV}, cette procédure est pratiquement continue. Enfin, la procédure Υ_{VP} est parfaitement continue. La figure 3.2 illustre ce fait en considérant pour des images 2D quatre pixels voisins n_k aux extrémités du plan X-Y. Leurs intensités sont fixées à $I_{n_0} = 0$, $I_{n_1} = 1$, $I_{n_2} = 4$ et $I_{n_3} = 8$. Sur les deux premières figures, l'axe Z représente l'intensité i obtenue pour les coordonnées sous-pixéliques, par plus proche voisin pour Υ_{PPV} et interpolation linéaire pour Υ_{LIN}. L'axe vertical de la troisième figure représente le poids μ_0 avec lequel $H_T(I_r(n_0),j)$ est incrémenté ; notons qu'il ne dépend pas des intensités des voisins.

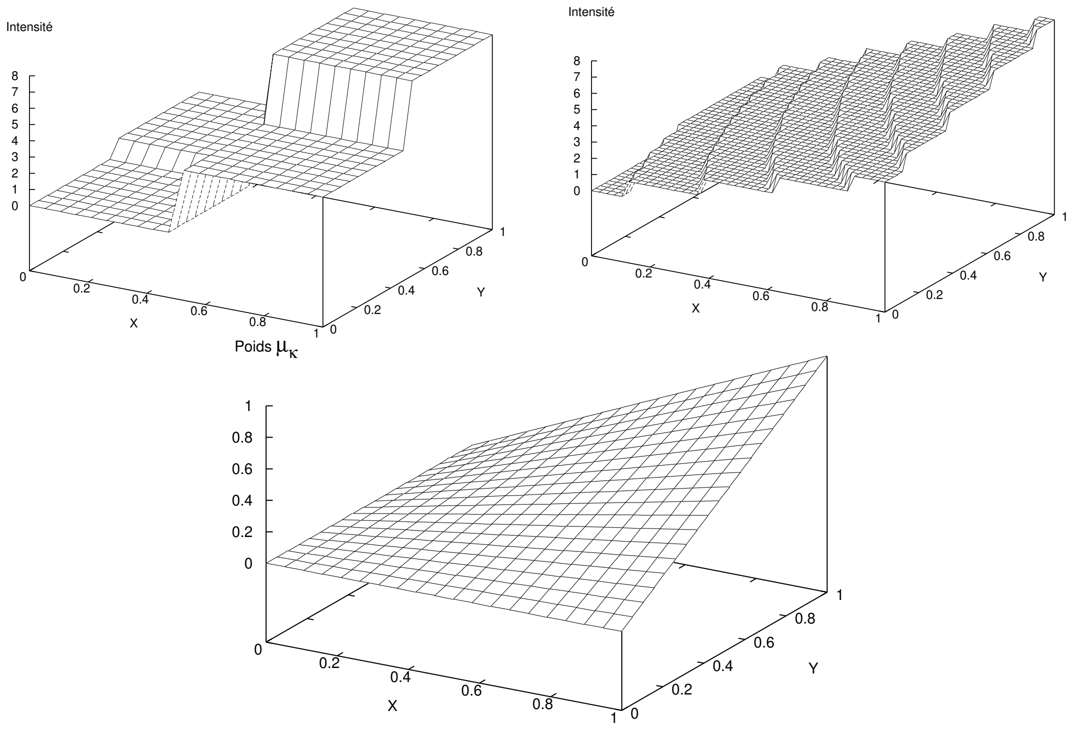


FIG. 3.2 – *En haut Υ_{PPV} et Υ_{LIN}. En bas Υ_{VP} (voir le texte)*

Non création de nouvelles intensités Plusieurs auteurs ont également noté que l'intensité i obtenue par interpolation linéaire (Υ_{LIN}) peut ne pas être présente dans l'ensemble $\mathcal{D}_r$, le domaine des intensités de l'image de référence. Cela peut conduire à fausser la mesure $\mathcal{S}$, notamment lorsque les intensités de I_r sont par exemple regroupées en différentes classes distinctes ou artificielle, telle le *fond* de l'image mis à zéro dans de nombreuses modalités d'acquisition.

La figure 3.3 illustre ce propos. Elle présente la valeur de la mesure de similarité (ici l'information mutuelle) en fonction d'une translation (de -12 à $-6\,mm$), pour un recalage entre une image I_f et cette même image bruitée pour accentuer le phénomène et dont le nombre d'intensités a été réduit par simple regroupement des valeurs en classes adjacentes. Ainsi, au lieu d'être croissant monotone, le critère est irrégulier et présente de nombreux maxima locaux.

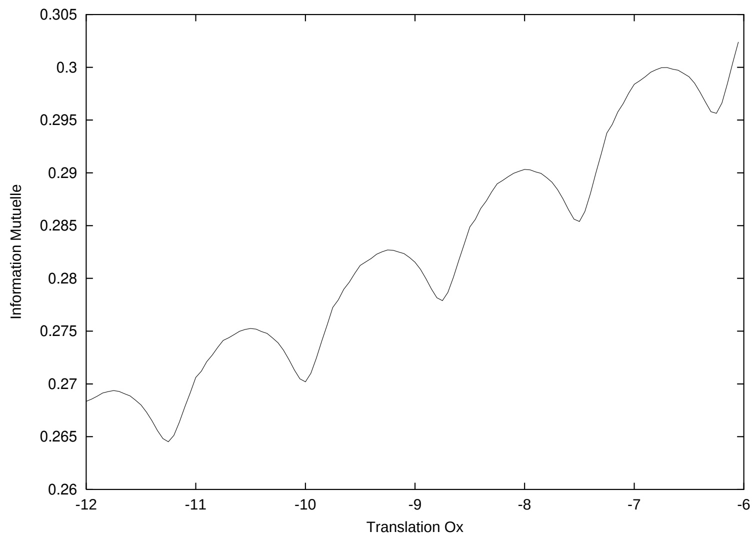


FIG. 3.3 – *Artefacts dus à l'interpolation linéaire*

Comme indiqué dans le chapitre 2, lorsque le critère utilisé est le rapport de corrélation (η^2) (voir section 2.2.1.5) et lorsque la méthode d'interpolation est linéaire, il est possible de calculer la mesure de similarité directement. Il n'est ainsi plus nécessaire de construire explicitement l'histogramme joint, ni d'arrondir la valeur i de l'intensité interpolée : c'est en effet le critère lui même et non H_T qui est mis à jour itérativement. Ce calcul direct n'est par contre pas possible pour les mesures basées sur des variables aléatoires catégorielles (voir section 2.2.2). Notons enfin que, si les dérivées du critère sont requises, H_T doit être rendu continu (estimations par densités de Parzen par exemple, voir section 2.1.3), et l'approche directe n'est alors plus valide.

Complexité du calcul Nous avons observé que le calcul de H_T représente plus de 90% du temps total d'une procédure de recalage. En pratique, la rapidité de l'interpolation influe donc *directement* sur le temps de calcul final : à nombre d'itérations égal, une interpolation x fois plus rapide qu'une autre entraîne un temps de calcul global pratiquement x fois plus rapide (si les images comportent suffisamment de points).

Égalité des positions spatiales Cette dernière propriété considère que les positions sous-pixélique des voxels projetés doivent conduire à des modifications de H_T

identiques. La section suivante explicite cette notion et montre que cette propriété n'est pas respectée pour Υ_{VP}.

3.2.2 Non-égalité des positions spatiales

3.2.2.1 Observations préalables

De nombreux auteurs [MCV$^+$97, RMPA98b, PMV99] ont remarqué l'apparition d'artefacts[2] lors de l'utilisation des méthodes d'interpolations habituelles. Ainsi, considérons le test suivant, effectué entre une IRM I_r et une version bruitée par un bruit Gaussien pour accentuer le phénomène de cette même image.

La figure 3.4 représente la valeur du critère $\mathcal{I}$ (information mutuelle) en fonction d'une translation selon l'axe des X, et obtenue avec Υ_{VP}. Le maximum est bien situé au point correspondant à une translation nulle (première figure), mais les positions intermédiaires sous-pixéliques ne présentent pas l'aspect monotone désiré. La deuxième figure se focalise sur les zones problématiques.

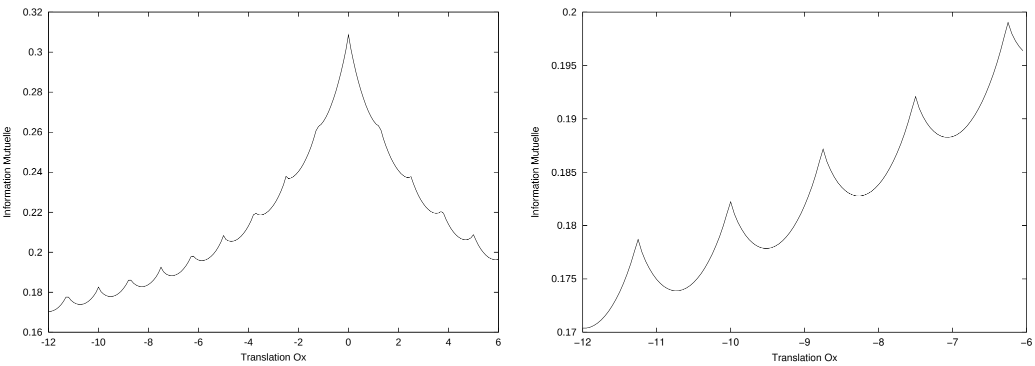


FIG. 3.4 – *Illustration d'artefact dû à l'utilisation conjointe de l'information mutuelle et Υ_{VP} (la figure de droite représente un détail de la première)*

La cause de ce phénomène est simple et bien connue. L'information mutuelle représente en effet la somme des entropies marginales des deux images moins l'entropie jointe (voir équation 2.33, page 38). Or, lors de l'évaluation du critère pour des positions intermédiaires, l'entropie jointe $H(I_r,I_f)$ est artificiellement augmentée par rapport aux positions correspondant aux coordonnées entières et l'augmentation de l'entropie marginale $H(I_r)$ de l'image de référence ne suffit pas à le compenser. Les positions de coordonnées entières sont alors favorisées : dans l'exemple, pour une translation de -5 pixels, l'information mutuelle est supérieure à celle correspondant à une translation de -4.5 pixels.

Dans notre cas d'école, ce phénomène est accentué par le fait que *tous* les pixels correspondent aux mêmes positions sous-pixéliques *simultanément*. Une rotation aurait pour effet de *disperser* les pixels selon ces positions, réduisant l'influence constatée. Il n'en reste pas moins que les positions sous-pixéliques ne sont pas équivalentes et faussent potentiellement le résultat.

Considérons ainsi l'exemple suivant : un pixel $\boldsymbol{x}$ est projeté dans l'image de référence, et décrit une rotation autour d'un pixel $\boldsymbol{c}$ de I_r. Bien évidemment, la distance de $\boldsymbol{x}$ à $\boldsymbol{c}$ ne change pas suivant la rotation. Néanmoins, avec l'interpolation par Volume Partiel Υ_{VP}, le poids μ_c n'est pas constant quelle que soit la position de $\boldsymbol{x}$.

2. Dans le sens de *signaux indésirables*.

La figure 3.5 montre l'évolution de cette valeur suivant l'angle de $\boldsymbol{x}$ par rapport à $\boldsymbol{c}$, pour différentes distances entre $\boldsymbol{x}$ et $\boldsymbol{c}$.

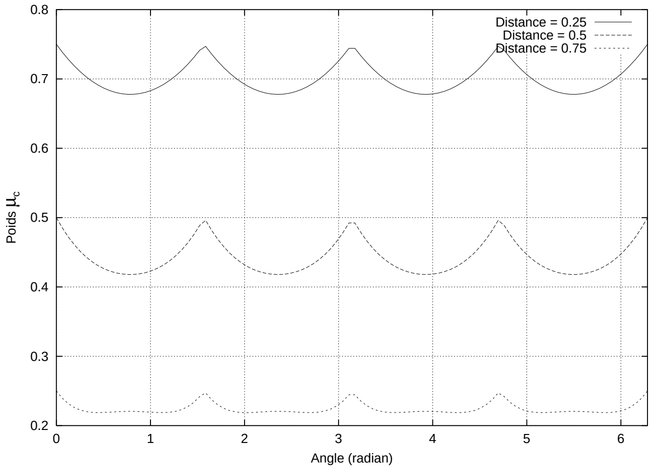


FIG. 3.5 – *Non-égalité des positions spatiales sous-pixéliques*

3.2.2.2 Évaluation de la non-égalité des positions sous-pixéliques

En considérant l'ensemble Ω des 8 poids μ_k comme une distribution, nous proposons d'évaluer la non-égalité des positions sous-pixéliques à travers l'entropie de cet ensemble :

$$H(\Omega_\Upsilon) = -\sum_k \mu_k \log \mu_k \tag{3.3}$$

La figure 3.6 suivante représente cette quantité en fonction des positions sous-pixéliques $(x,y) \in [0:1]^2$, pour la procédure Υ_{VP}.

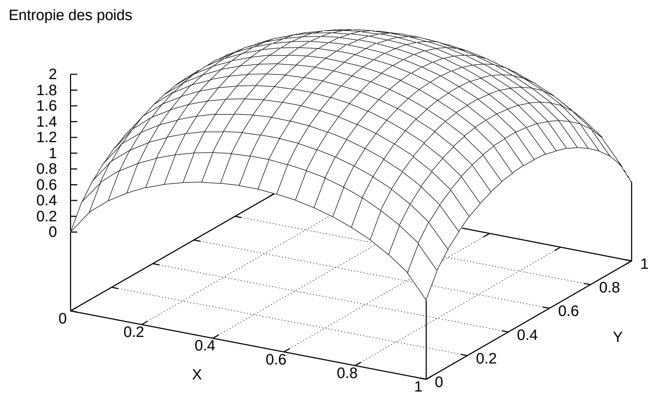


FIG. 3.6 – *Entropie de Ω suivant les positions sous-pixéliques des points*

Dans ce cadre là, les procédures Υ_{PPV} et Υ_{LIN} considèrent par contre toutes les positions sous-pixéliques de manière équivalente, il n'y a qu'un seul poids $\mu_0 = 1$, conduisant à $H(\Omega) = 0$.

Dans la suite, cette mesure sert de base à la construction d'autres interpolations.

3.3 Autres procédures d'interpolation

Durant cette étude, nous avons été tentés de proposer d'autres méthodes d'interpolation qui essaient de pallier à certains défauts précédemment mis en avant. Nous en présentons ici quelques unes et indiquons pour chacune ses caractéristiques vis à vis des propriétés énoncées.

3.3.1 Altérer par l'entropie

Dans le but de réduire les oscillations accompagnant la procédure de volume partiel (figure 3.6), nous avons cherché à modifier le calcul des poids μ_k de façon à ce qu'ils conduisent à de plus faibles variations. Comme nous considérons que ces oscillations sont liées à l'entropie de Ω, nous avons essayé dans un premier temps de modifier les poids μ_k en fonction de $H(\Omega)$: $\omega_k^\alpha = \mu_k - \alpha H(\Omega)$. Comme cela conduit à des poids négatifs (la dérivée de μ_k est négative à l'origine), nous utilisons plutôt :

$$\omega_k = \mu_k - \alpha H(\Omega) + \alpha \tag{3.4}$$

La figure 3.7 illustre ce choix en représentant différentes valeurs dans le cas *uni-dimensionnel*. Sur cette figure est tout d'abord représentée la valeur de $\mu_0(\boldsymbol{x})$ utilisée classiquement par Υ_{VP}, en fonction de $\boldsymbol{x}$. L'entropie correspondante $H(\Omega) = H(\{\boldsymbol{x},1-\boldsymbol{x}\})$ est ensuite superposée à cette courbe et $\omega_0^\alpha(\boldsymbol{x})$ montre comment est modifiée la valeur de μ_0 initiale.

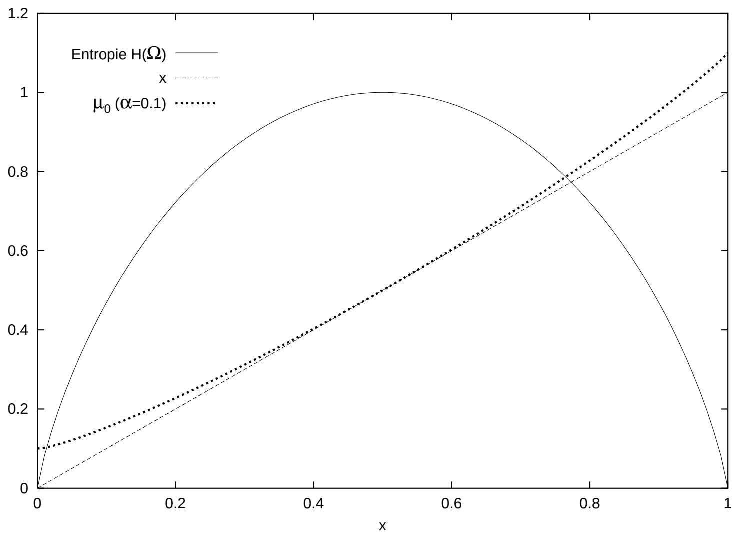


FIG. 3.7 – *Illustration de la pondération de* μ_0

Cette approche corrige en partie le phénomène lié à la non-égalité des positions spatiales, comme le montre la figure 3.8, mais possède cependant plusieurs inconvénients majeurs. Tout d'abord, elle ne présente plus la propriété de continuité évoquée précédemment. Ensuite, le paramètre α est délicat à régler : trop faible il ne corrige rien, et trop élevé il introduit d'autres oscillations. Ainsi, même si lors d'expérimentations dans des conditions plus réalistes cette méthode montre parfois une précision supérieure à celle de Υ_{VP}, nous l'avons par la suite abandonnée.

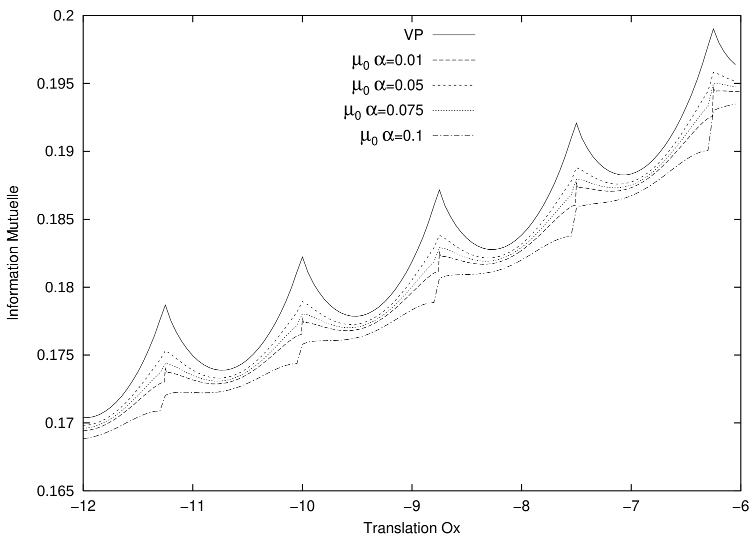


FIG. 3.8 – *Correction des artefacts liés à* Υ_{VP}

3.3.2 Principe du maximum d'entropie

En considérant le principe du *maximum d'entropie* sur la distribution des Ω, nous obtenons une nouvelle procédure notée Υ_{ME}. Cette procédure consiste à se ramener au cas où $H(\Omega)$ est maximal, c'est-à-dire lorsque μ_k est constant quelque soit k : le point $\boldsymbol{x}$ considéré est au centre de ces voisins n_k. Dans ce cas, tous les voisins n_k de $\boldsymbol{x}$ sont mis à jour par la même quantité $(1/2^d)$. Cette approche peut également être considérée comme une extension de l'interpolation par plus proche voisin, puisque cela revient à mettre à jour les k plus proches voisins de $\boldsymbol{x}$. Bien entendu, cette interpolation ne possède pas la propriété de continuité. Néanmoins, pratiquement aussi rapide que Υ_{PPV}, elle est plus robuste au sous-échantillonnage et présente souvent moins de discontinuités. Nous montrerons ces avantages par une série d'expérimentations section 3.4.

3.3.3 Différence d'Intensité Partielle

Tout d'abord, afin de simplifier les notations, en considérant $\boldsymbol{n}_k$ le $k^{\text{ème}}$ voisin de $\boldsymbol{x}' = T(\boldsymbol{x})$, nous notons $i_k = I_r(\boldsymbol{n}_k)$ son intensité dans l'image de référence. De manière similaire à la procédure Υ_{VP}, cette nouvelle procédure notée Υ_{DIP} (pour Différence d'Intensité Partielle) consiste à mettre à jour le même ensemble d'intensités $\{i_k, \forall k\}$, mais de manière différente. Ainsi, les poids Ω associés tiennent maintenant compte, non seulement des distances entre $\boldsymbol{x}'$ et $\boldsymbol{n}_k$, mais également des *valeurs d'intensités* I_k. De la même manière que pour Υ_{VP}, nous considérons les quantités μ_k, les volumes délimités par $\boldsymbol{x}'$). Ensuite, comme pour Υ_{LIN} nous calculons la valeur interpolée de l'intensité dans I_r à la position de $\boldsymbol{x}$, c'est-à-dire $i = \sum_k \mu_k I_r(\boldsymbol{n}_k)$. Soit $d_{i,j} = |i - j|$ une distance entre deux intensités i et j, nous définissons les poids ω_k de la manière suivante :

$$\omega_k = \frac{1/d_{i_k,j}}{\displaystyle\sum_{\boldsymbol{n}_l} 1/d_{i_l,j}} \tag{3.5}$$

Le poids ω_k représente ainsi la différence d'intensité normalisée entre le point $\boldsymbol{n}_k$ et i, l'intensité interpolée.

Dans le but d'illustrer les effets d'une telle approche, nous reprenons l'exemple vu section 3.2.1. Les figures 3.2 page 65 représentent l'intensité interpolée linéairement et l'évolution du poids μ_0 pour la procédure Υ_{VP}. Dans la même configuration, le figure 3.9 suivante représente le poids ω_0 pour la procédure Υ_{DIP}. Dans ce cas, la valeur du poids dépend des intensités des voisins n_k. On peut ainsi observer une crête située aux points dont les intensités sont les plus similaires à I_0, dans l'exemple, $I_0 = 4$. À titre de comparaison, la figure 3.10 représente l'intensité linéairement interpolée, coupée par le plan correspondant à l'intensité $I_0 = 4$.

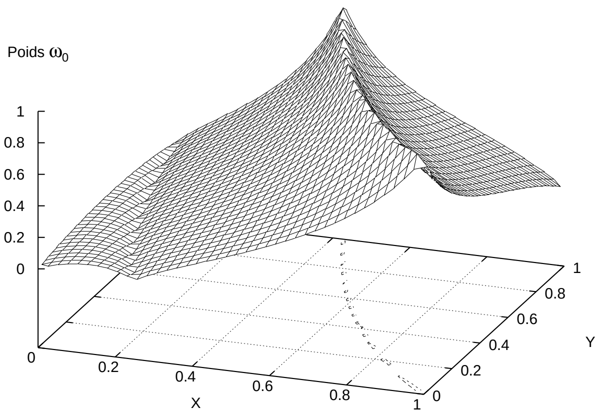


FIG. 3.9 – ω_0 *en fonction de la position de* $\boldsymbol{x}$, *(configuration décrite page 65)*

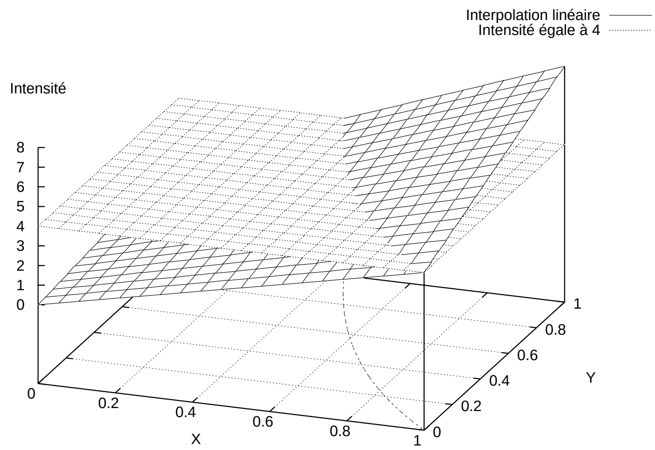


FIG. 3.10 – *Intersection entre l'intensité interpolée linéairement et le plan* $Z = 4$

La section suivante résume les propriétés de ces interpolations et présente des tests expérimentaux.

3.4 Expérimentations

Nous l'avons déjà dit, la complexité de la procédure d'interpolation influe de manière directe sur le temps de calcul global. Il est possible de mesurer cette complexité suivant le nombre d'opérations arithmétiques élémentaires qu'elle nécessite (additions, multiplications, divisions). Cependant, afin de fournir une valeur de comparaison plus expressive, nous indiquerons dans la suite cette complexité relativement à celle de Υ_{PPV}, fixée à 1.

Interpolations :	Υ_{PPV}	Υ_{ME}	Υ_{VP}	Υ_{TRI}	Υ_{DIP}
Temps :	1 (référence)	1.07	1.67	1.89	3.35

TAB. 3.1 – *Rapports entre les temps de calcul des interpolations*

Deux séries de tests sont présentées. La première série se focalise sur la comparaison entre l'interpolation par plus proche voisin et celle par maximum d'entropie, plus rapides et intrinsèquement moins précises que les autres, et la seconde étudie les trois autres Υ_{VP}, Υ_{LIN} et Υ_{DIP}.

3.4.1 Interpolations rapides

Les interpolations Υ_{PPV} et Υ_{ME} reposent sur une approximation des positions sous-pixéliques des points, et ne peuvent ainsi prétendre à une précision comparable aux autres procédures. Néanmoins, cette caractéristique les rend d'une certaine manière plus robustes, en particulier lors d'un sous échantillonnage. C'est ce dernier aspect que nous nous proposons d'illustrer ici (nous faisons également figurer les autres interpolations à titre de comparaison).

Matériels et méthodes Nous utilisons à nouveau la base de données d'images médicale de l'université Vanderbilt. Le protocole de test est le suivant : pour chaque procédure d'interpolation (Υ_{LIN}, Υ_{VP}, Υ_{DIP}, Υ_{PPV} et Υ_{ME}), plusieurs séries de 10 recalages complets ont été effectuées à partir de points de départ différents, choisis aléatoirement, et relativement éloignés de la transformation de référence.

Afin de concentrer notre attention sur les différences dues seulement au changement de procédure d'interpolation, nous fixons a priori les autres paramètres : mesure de similarité, paramètres de la stratégie de recherche (*tol*, voir section 1.3.3). De plus, deux niveaux de sous-échantillonnage, notés SE_1 et SE_2, sont utilisés : l'image flottante a d'abord été sous-échantillonnée par 1 voxel sur 2 dans les dimensions X et Y, puis par 1 voxel sur 3. Du fait du moins grand nombre de coupes selon l'axe Oz, cet axe n'est pas sous-échantillonné davantage. De la même manière qu'au chapitre précédent, l'*erreur* RMS de chaque transformation résultant est calculée par rapport à la transformation de référence.

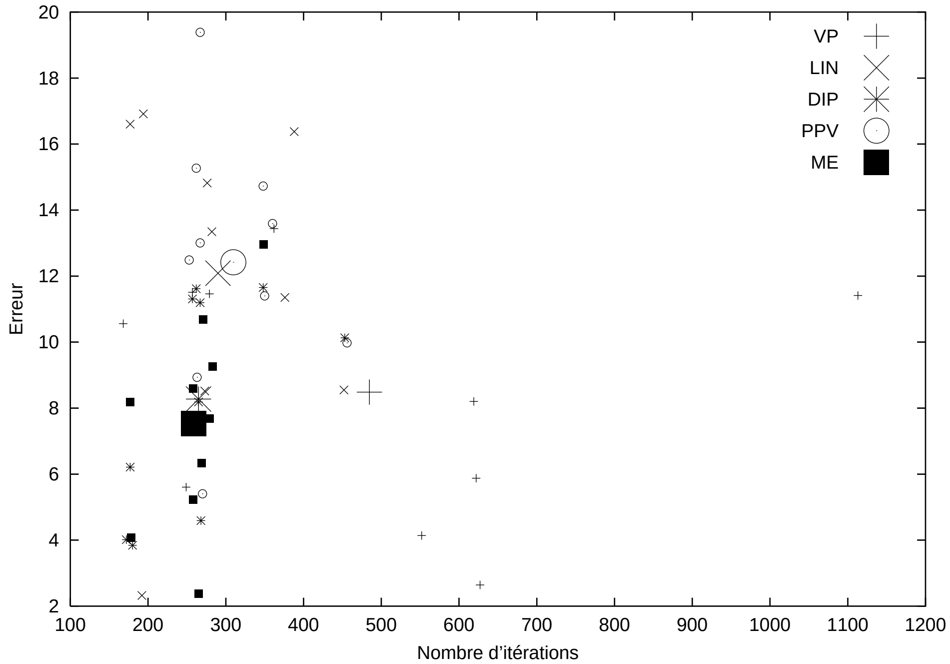
Les figures des pages 74 à 77 présentent les résultats de ces 400 recalages. Chaque figure affiche par un symbole correspondant à la procédure d'interpolation ($+$, $\times$, $*$,$\circ$ et $\blacksquare$) les erreurs RMS en fonction du nombre d'itérations qu'a nécessité la procédure pour converger. Les symboles de plus grande taille représentent la moyenne des résultats, erreur et nombre d'itérations. Nous sommes bien conscients que cette moyenne n'est pas totalement significative puisqu'il suffit qu'un recalage ne converge pas pour fausser complètement cette valeur. Néanmoins, nous l'avons calculée en éliminant les recalages ayant divergés (erreur supérieure à un seuil) et l'indiquons de manière a permettre une évaluation globale et rapide des résultats.

Les résultats sont regroupées en 4 séries de 2 figures, dont la première correspond au sous-échantillonnage SE_1 la seconde au sous-échantillonnage SE_2. Le tableau 3.4.1 résume la correspondance entre figures et tests.

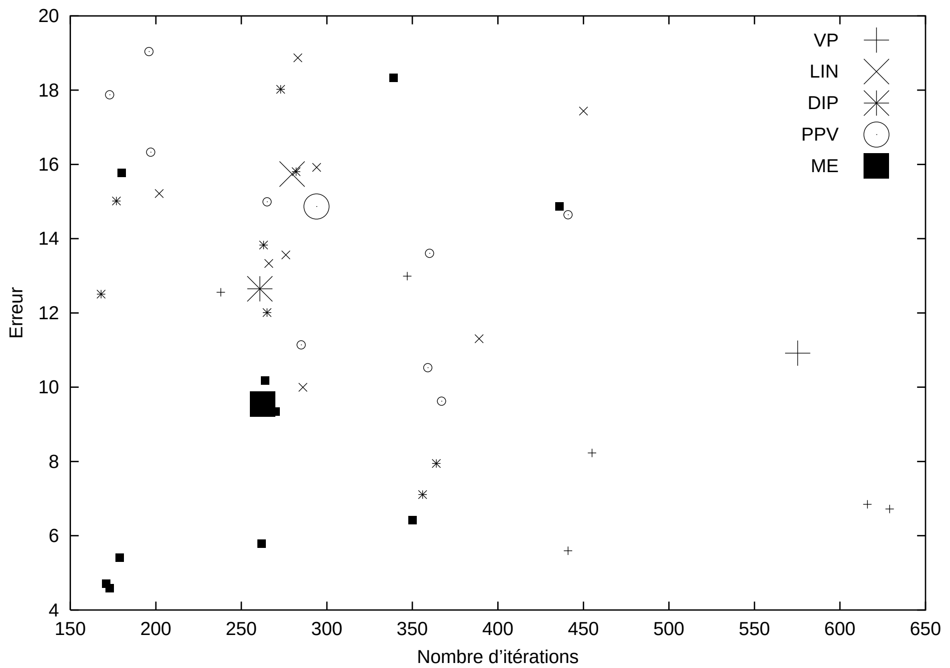
I_r	I_f	Echant.	$\mathcal{S}$	Figure	Page
IRM T_1	TEP	SE_1	$\mathcal{I}$	3.11(a)	74
IRM T_1	TEP	SE_2	$\mathcal{I}$	3.11(b)	74
IRM DP	TEP	SE_1	$\mathcal{I}$	3.12(a)	75
IRM DP	TEP	SE_2	$\mathcal{I}$	3.12(b)	75
IRM T_2	TEP	SE_1	η^2	3.13(a)	76
IRM T_2	TEP	SE_2	η^2	3.13(b)	76
IRM T_1	CT	SE_1	$\mathcal{I}$	3.14(a)	77
IRM T_1	CT	SE_2	$\mathcal{I}$	3.14(b)	77

TAB. 3.2 – *Résumé des tests effectués et liste des figures correspondantes*

Commentaires Les résultats obtenus montrent que Υ_{ME} (symbole $\blacksquare$) présente, *dans le cas d'un sous-échantillonnage*, une précision comparable aux procédures Υ_{VP} et Υ_{DIP}, et supérieure aux deux autres. Plusieurs remarques peuvent être formulées. Tout d'abord, en comparant avec la procédure Υ_{VP} (symbole $+$), nous observons un comportement en termes de précision quasiment similaire, Υ_{ME} est légèrement plus précis que Υ_{VP} dans les quatre premières séries et légèrement moins dans les quatre dernières. Cependant, non seulement le temps de calcul de Υ_{ME} est inférieur à celui de Υ_{VP} d'un facteur 0.64, voir tableau 3.1, mais cette procédure requiert en général bien moins d'itérations avant de converger (à paramètres de la stratégie de recherche identiques). De plus, par comparaison avec la procédure Υ_{PPV} (symbole $\circ$) qui est pratiquement équivalente en temps de calcul, Υ_{ME} est plus performante sur tous les plans.

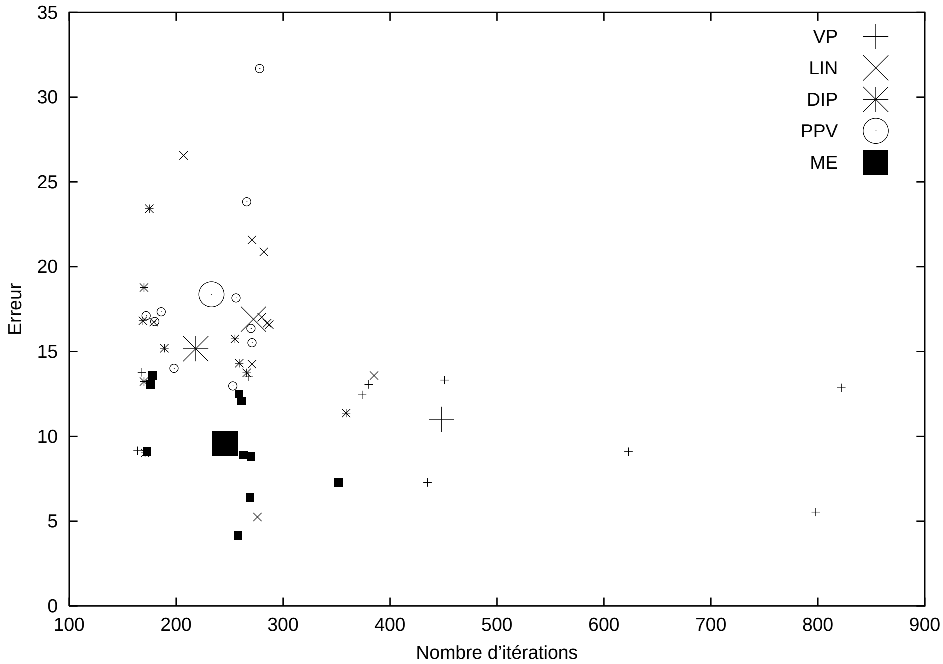


(a) Erreurs en fonction du nombre d'itérations pour SE_1

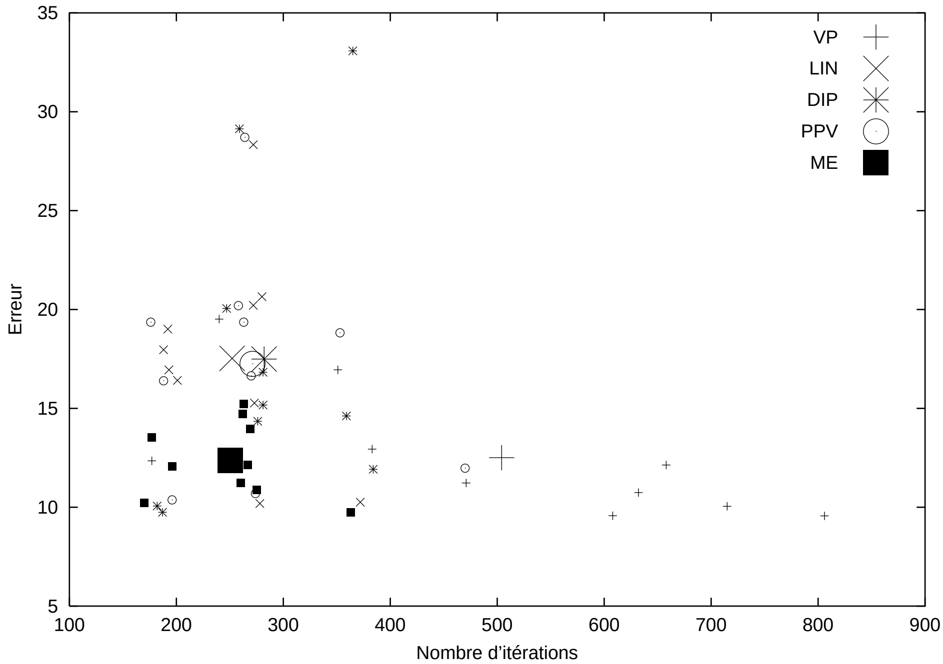


(b) Erreurs en fonction du nombre d'itérations pour SE_2

FIG. 3.11 – *Recalages TEP sur T_1, par information mutuelle*

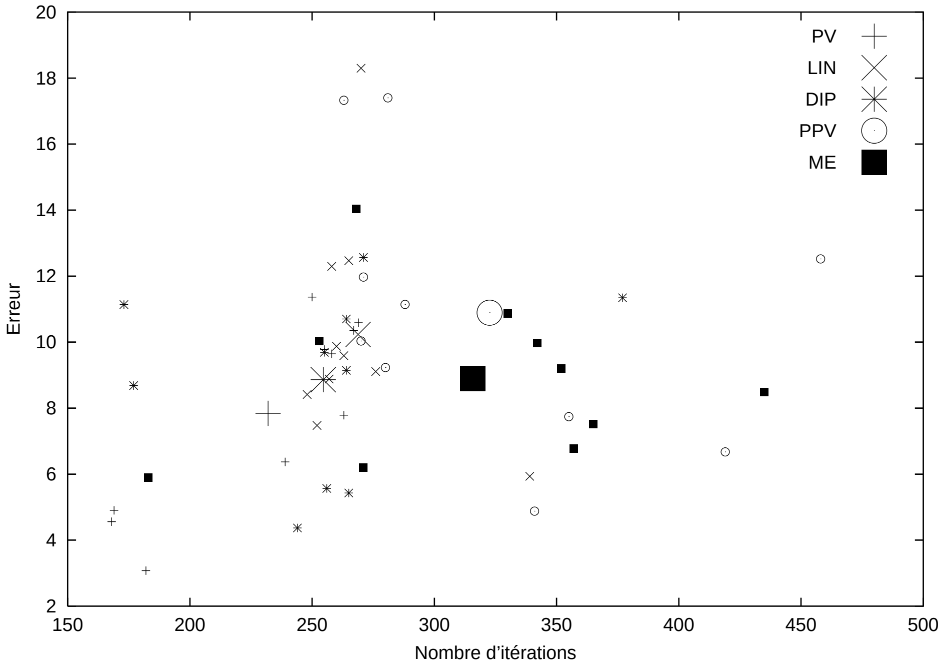


(a) Erreurs en fonction du nombre d'itérations pour SE_1

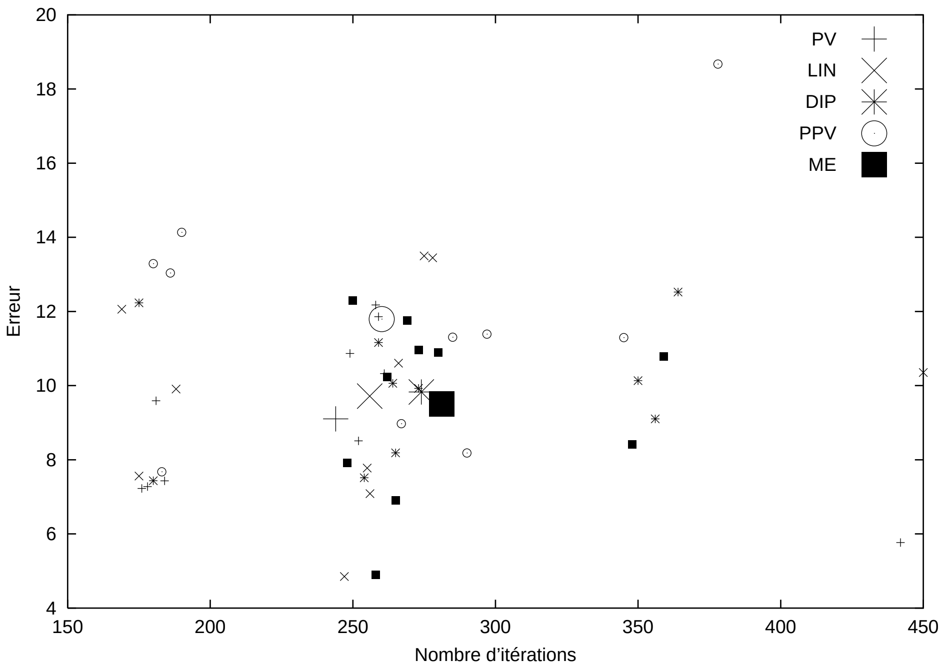


(b) Erreurs en fonction du nombre d'itérations pour SE_2

FIG. 3.12 – *Recalages TEP sur DP, par information mutuelle*

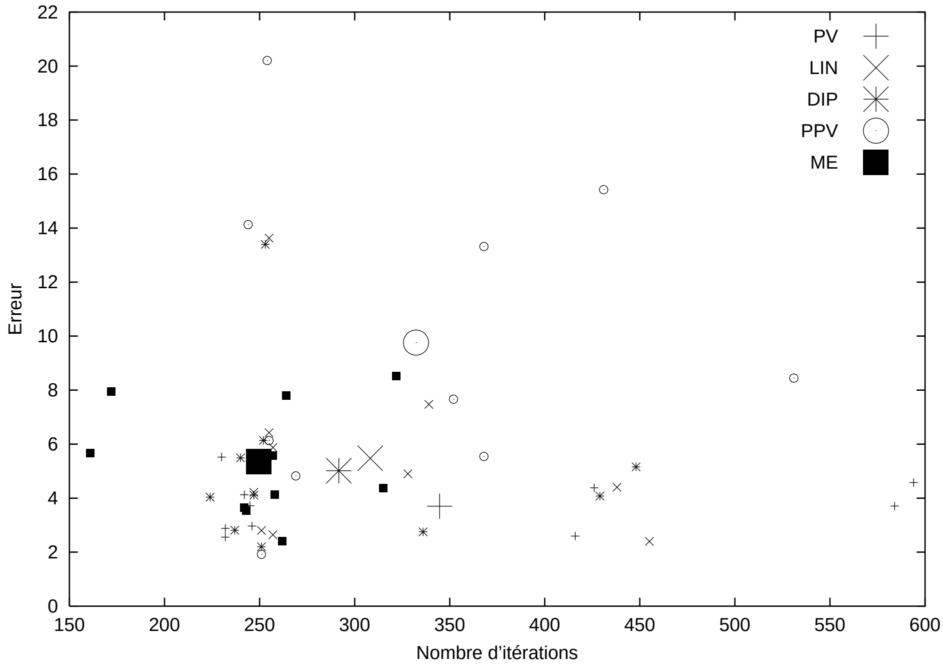


(a) Erreurs en fonction du nombre d'itérations pour SE_1

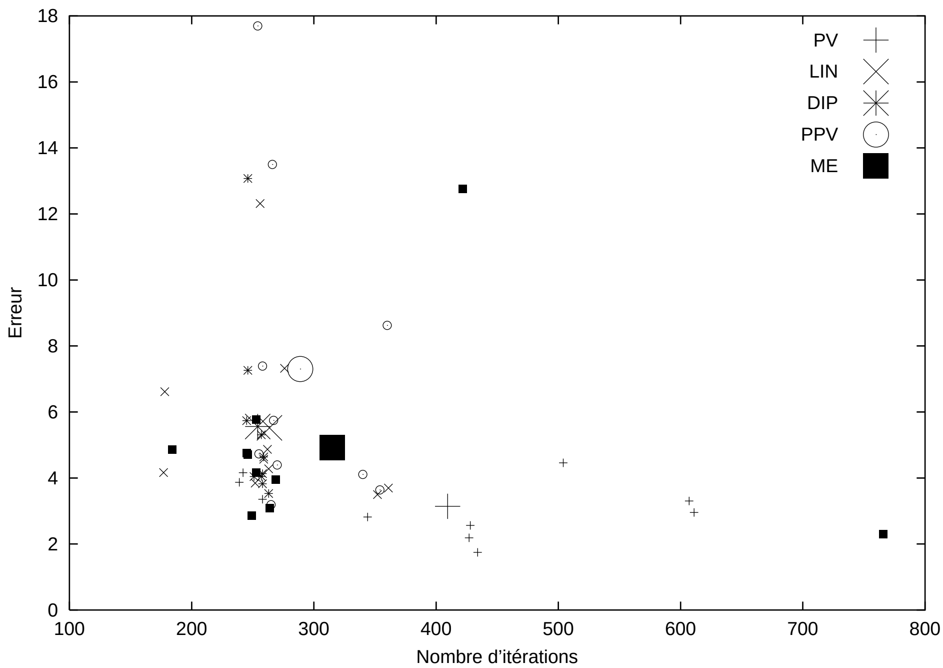


(b) Erreurs en fonction du nombre d'itérations pour SE_2

Fig. 3.13 – *Recalages TEP sur T_2, par Rapport de Corrélation*



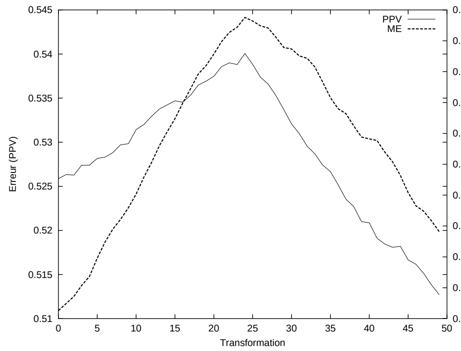
(a) Erreurs en fonction du nombre d'itérations pour SE_1



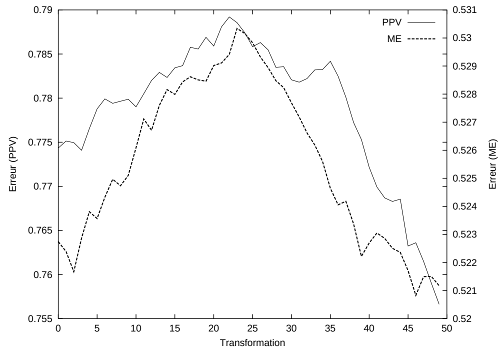
(b) Erreurs en fonction du nombre d'itérations pour SE_2

FIG. 3.14 – *Recalages CT sur T_1, par information mutuelle*

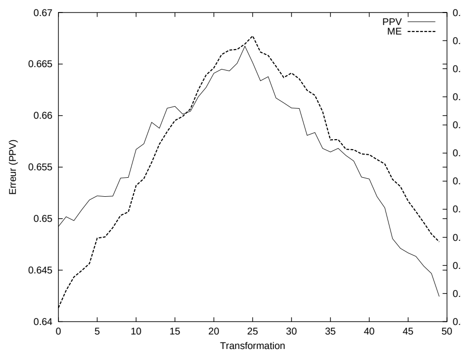
La figure 3.15 illustre les différences de robustesse vis-à-vis de différents sous-échantillonnage entre ces deux dernières interpolations. Chaque figure représente la valeur du critère en fonction d'un transformation passant par le maximum global de la mesure de similarité (à chaque étape, tous les paramètres de translations et de rotations sont incrémentés). Le critère étant évalué de manière *relative* suivant les itérations de la stratégie d'optimisation, nous reportons ces valeurs pour les deux interpolations également de manière *relative*, chacune suivant un axe différent, à gauche pour Υ_{PPV} et à droite pour Υ_{ME}. Les quatre figures correspondent à quatre échantillonnages notés de SE_1 à SE_4prenant en compte de moins en moins d'information : SE_4 utilise 1/18 voxels, soit environ 5% de l'image flottante.



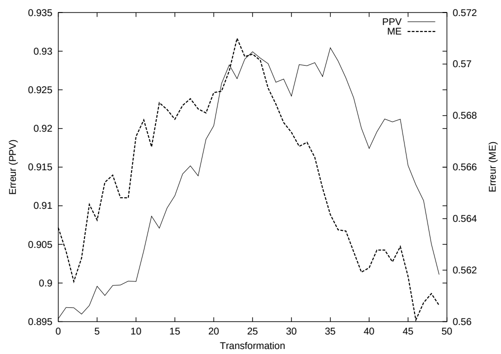
(a) Sous échantillonnage SE_1



(b) Sous échantillonnage SE_2



(c) Sous échantillonnage SE_3



(d) Sous échantillonnage SE_4

FIG. 3.15 – *Comparaison entre Υ_{ME} et Υ_{PPV}*

La procédure Υ_{ME} peut ainsi prétendre remplacer les autres dans les cas où les images sont sous-échantillonnées et/ou lorsque la rapidité est privilégiée sur la précision. Par contre, lorsque toute l'image flottante est utilisée, par exemple lors de la *dernière* étape dans une procédure multirésolution, d'autres procédures peuvent être utilisées. C'est l'objet de la série de tests suivante.

3.4.2 Interpolations précises

Le protocole de test est, dans les grandes lignes, semblable au précédent. Les différences sont que cette fois les images ne sont pas sous-échantillonnées et le point de départ dans l'espace des transformations est moins loin de la solution attendue. L'objectif est de comparer la précision finale suivant les interpolations pouvant prétendre à une précision sous-pixélique, c'est-à-dire Υ_{VP}, Υ_{LIN} et Υ_{DIP}. Les deux premières séries (figures 3.16 et 3.17) sont effectuées sur des couples (T_1-TEP) et (DP-TEP). La suivante, figure 3.18, reprend le même couple que la première figure mais utilise η^2 comme critère. Enfin la dernière figure 3.19 implique le couple (T_2-CT).

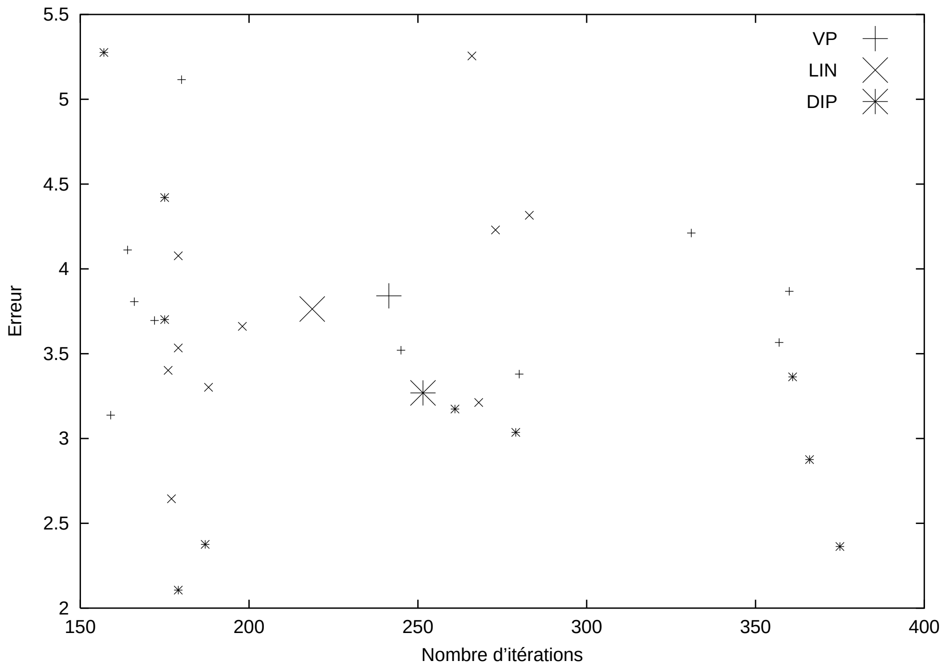


FIG. 3.16 – *Erreur en fonction du nombre d'itérations, (T_1,TEP)*

Commentaires Les résultats sont moins tranchés que dans le cas précédent, aucune des trois interpolations n'offre des performances largement supérieures aux autres. Dans le premier cas cependant, Υ_{DIP} est plus précise que les deux autres et de manière générale la procédure Υ_{LIN} l'est moins. Nous remarquons une fois de plus que lorsque le critère η^2 est utilisé, les différences entre les interpolations s'atténuent, tant au niveau de la précision qu'à celui du nombre d'itérations.

Nous avons par la suite essayé d'étudier les différences de comportement entre les trois mesures dans un cas de figure où nous maîtrisons mieux les paramètres. Ainsi, nous avons effectué une série de recalage entre une image et sa version bruitée : nous connaissons ainsi exactement la transformation optimale, à savoir l'identité. Mais cette fois, nous observons les différentes étapes dans la procédure d'optimisation du critère. À chaque étape de l'algorithme de Brent (voir section 1.3.3), nous relevons

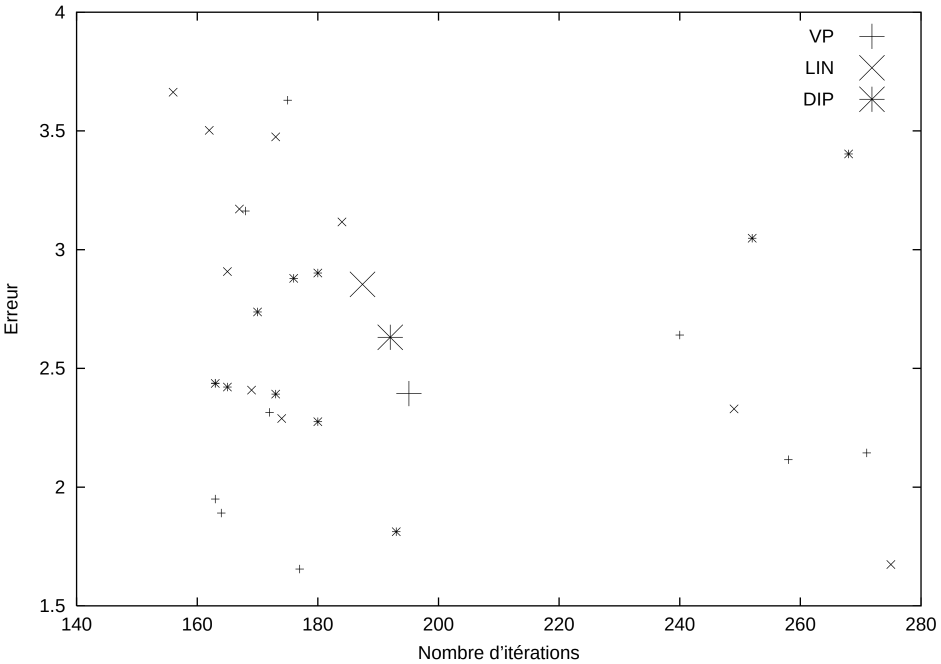


FIG. 3.17 – *Erreur en fonction du nombre d'itérations, (DP,TEP)*

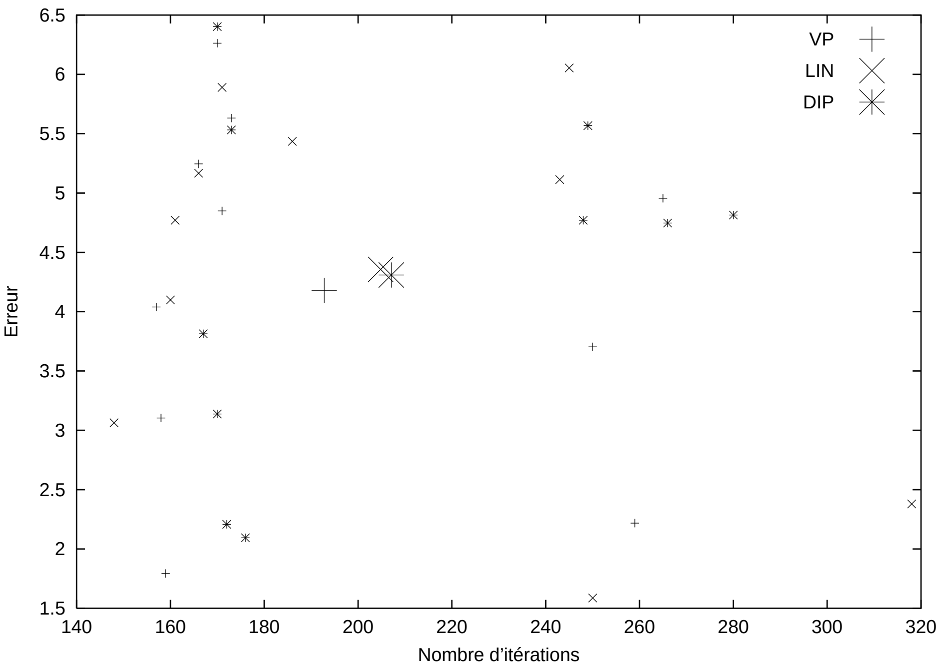


FIG. 3.18 – *Erreur en fonction du nombre d'itérations, (T_1,TEP), avec η^2*

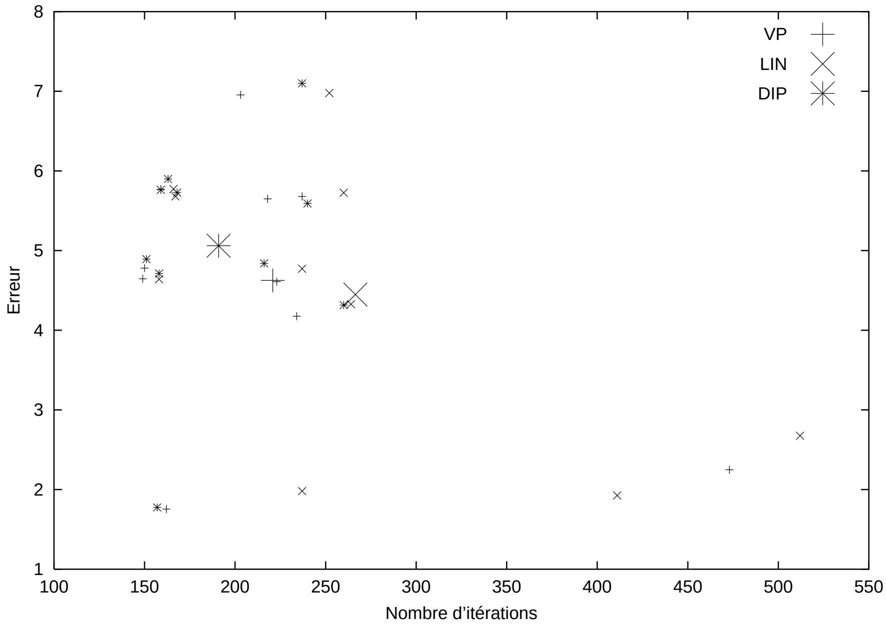


FIG. 3.19 – *Erreur en fonction du nombre d'itérations, (T_2,CT)*

les paramètres de la transformation courante et calculons l'*erreur* (RMS) vis-à-vis de l'identité.

Cela nous permet ainsi d'avoir un indice objectif de comparaison, car utiliser la valeur du critère de similarité est relatif à la procédure d'interpolation : une valeur supérieure à une autre peut ne pas correspondre à une meilleure transformation. Les figures 3.20 et 3.21 montrent cette évolution pour deux cas. Dans le premier, le point de départ est assez éloigné de la transformation identité et dans le second il est plus proche.

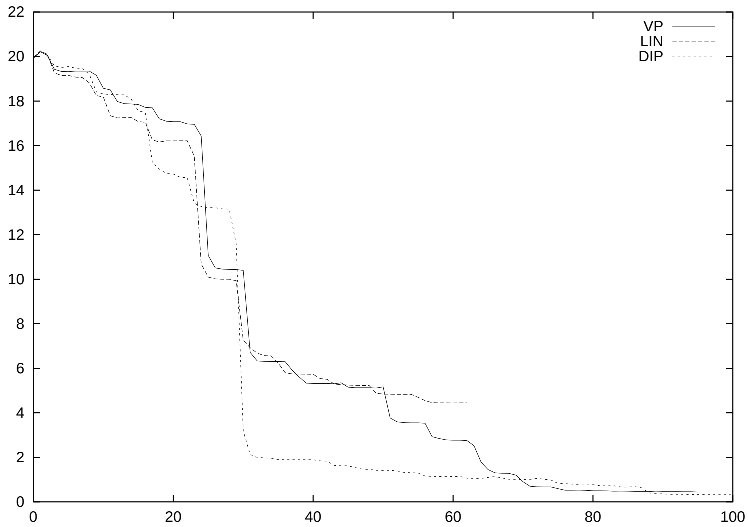


FIG. 3.20 – *Erreur durant la procédure d'optimisation du critère (point de départ très éloigné)*

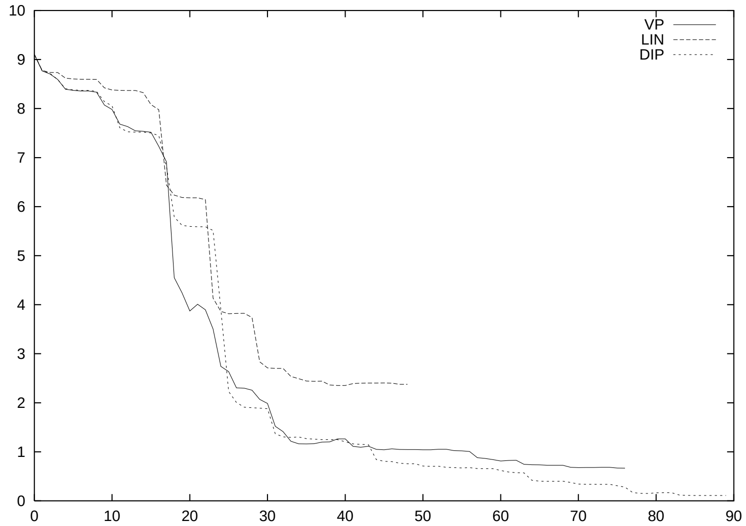


FIG. 3.21 – *Erreur durant la procédure d'optimisation du critère (point de départ moins éloigné)*

Dans les deux cas, la procédure Υ_{LIN} échoue et reste dans un optimum local. Par contre le comportement de Υ_{DIP} est intéressant, puisqu'il converge plus vite que Υ_{VP}, surtout dans le premier cas, et finit dans les deux cas par des transformations plus proches de celle attendue.

3.5 Conclusion

Ce chapitre est consacré au problème de l'interpolation lors des procédures de recalage, c'est-à-dire durant des *séquences* d'évaluation du critère. Nous avons essayé d'attirer l'attention sur l'importance de cette étape en termes de précision, de temps de calcul et de convergence. Différentes approches ont été proposées — une partie de ce chapitre a été publiée dans [SF99] — et comparées à travers un ensemble d'expériences. Deux points de vue différents ont été abordés. Tout d'abord, nous avons mis en évidence les performances de la méthode d'interpolation Υ_{ME}, permettant rapidement d'obtenir un résultat correct, particulièrement dans le cadre d'un sous-échantillonnage des données. Dans un second temps, il s'est avéré que le gain de précision de la procédure Υ_{DIP} n'est pas toujours significatif. Tout au plus permet-elle de converger plus rapidement lorsque les images sont de mauvaise qualité, par exemple lors de bruit important.

Dans l'avenir, différentes voies pourraient être étudiées. Ainsi, il nous parait intéressant d'essayer de comparer l'adéquation d'un type d'interpolation avec un type de mesure de similarité. D'autre part, l'utilisation d'interpolation d'ordres supérieurs (des splines) pourrait également permettre des gains de précision. Plusieurs études, voir par exemple [TU98], utilisent notamment ces approches pour permettre une estimation des dérivées du critère et appliquer ainsi une stratégie de minimisation plus évoluée. Cependant, d'une part l'estimation des dérivées semble n'être suffisamment robuste que dans le cas d'images de bonne qualité et d'autre part, les temps de calcul deviennent rapidement prohibitifs et rendent ces méthodes difficilement utilisables dans un contexte clinique. Le chapitre suivant est consacré à la réduction du temps de calcul à travers le procédé de transformation d'images.

4

Transformations géométriques d'images

Sommaire

4.1 Transformations d'images

4.1.1 Considération temporelle

Un recalage classique implique environ entre 200 et 600 évaluations de la fonction de similarité, ce chiffre variant suivant la nature des images et des différents paramètres de la procédure de minimisation. Comme nous l'avons déjà souligné section 3.2.1, la majeure partie du temps de calcul (plus de 90% !) est passée dans la construction de l'histogramme joint. Le recalage d'images 3D comportant plusieurs millions de voxels reste un processus relativement lent, même avec des méthodes de multirésolution. Il est toujours délicat de parler quantitativement de temps de calcul en informatique, la rapidité des processeurs doublant en moyenne chaque deux ans, l'obsolescence guette rapidement. Cependant, il faut noter que les progrès des techniques d'acquisition d'images médicales suivent également une évolution remarquable : les volumes de données voient leur taille régulièrement gonfler. Si plusieurs minutes ou dizaines de minutes peuvent *actuellement* être nécessaires sur une station Ultra Sparc 1 pour une mise en correspondance de volumes de données conséquents (256^3), il nous faut envisager que ce temps de calcul sera équivalent dans quelques années, mais avec des volumes deux fois plus importants.

Ainsi, après une brève présentation des méthodes habituellement utilisées, nous proposons section 4.2 un algorithme de transformation affine des images permettant de calculer l'histogramme joint et donc la mesure de similarité jusqu'à 3.5 ou même 10 fois plus rapide que la méthode classique suivant la nature de la procédure d'interpolation Υ. Ce gain de vitesse se fait au dépend d'une légère mais paramétrable perte de précision. Ensuite, nous dérivons de cette méthode une modélisation du temps de calcul (section 4.3) qui nous permet de prévoir le comportement de l'algorithme suivant le degré de précision requis et ainsi de choisir *automatiquement* les autres paramètres de la méthode. Enfin, des résultats expérimentaux, présentés section 4.4, illustrent l'adéquation du modèle.

4.1.2 Procédés de transformation usuels

Pour calculer H_T avec une procédure d'interpolation Υ quelconque, l'image flottante I_f doit être transformée par T et ré-échantillonnée suivant la grille discrète définie par l'image de référence I_r. Nous considérons ici les transformations *globales* sur toute l'image et *affines*. Cette classe de transformations inclue les translations, rotations et changements d'échelle isotropes ou non.

Les transformations sont effectuées avec la technique dite de *forward mapping*, voir par exemple [FvFH90, CV98], c'est à dire projection des voxels de l'image flottante dans l'espace de l'image de référence. La projection inverse, *backward mapping* figure 4.1, consiste à parcourir la grille de référence (ici I_r) en projetant chaque point par transformation inverse dans l'image flottante [SM99d].

Il s'agit d'approches duales si les images ont approximativement la même résolution : dans le premier cas I_f est projetée et I_r est interpolée, et dans le second cas c'est l'inverse. Dans notre optique de recalage d'images, il est généralement considéré que l'image de référence doit être celle de meilleure résolution. En fait, cette préférence provient uniquement du mode de transformation généralement utilisé, le *forward mapping* : c'est l'image *interpolée* lors de la transformation qui gagne à être de meilleure résolution. L'approche duale (*backward mapping* et choix de I_f comme image de meilleure résolution) serait similaire. Enfin, pour des images ayant approximativement la même résolution, la technique la plus rapide est celle dont l'image

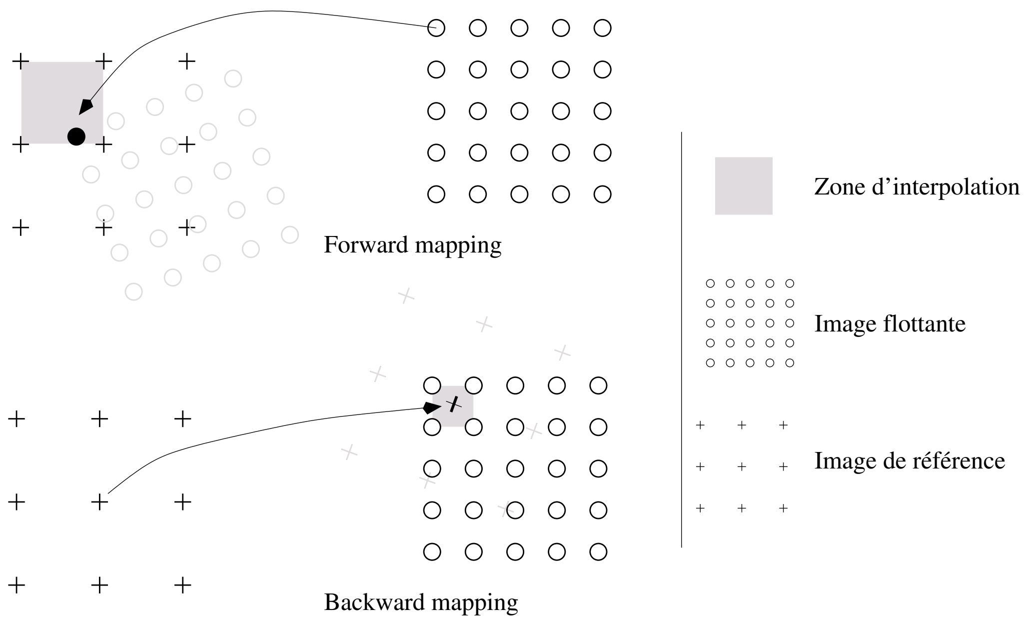


FIG. 4.1 – Forward mapping *(en haut) et* backward mapping *(en bas)*

interpolée contient le plus de voxels. Dans la suite nous ne considérerons donc que la technique du *forward mapping*.

4.1.3 Amélioration

Parmi les techniques permettant d'accélérer le processus de transformation, généralement dans le cadre de la synthèse d'image, nous pouvons citer la technique de transformation en trois passes [OM96, UTY95a, UTY95b]. Pour des images 2D, la matrice de rotation est décomposée en trois matrices :

$$\begin{pmatrix} \cos(\theta) & -\sin(\theta) \\ \sin(\theta) & \cos(\theta) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & -\tan(\frac{\theta}{2}) \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ \sin(\theta) & 1 \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} 1 & -\tan(\frac{\theta}{2}) \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \tag{4.1}$$

Ces matrices ont l'avantage de pouvoir être implémentées par de simples convolutions unidimensionnelles successives. Elles consistent à décaler chaque ligne puis les colonnes, puis les lignes à nouveau par une quantité $\Delta_x = -y \tan(\frac{\theta}{2})$ (respectivement $\Delta_y = x \sin(\theta)$). Cela permet d'accélérer notablement le processus. Ainsi, dans notre implémentation, un facteur supérieur à 3 est obtenu lorsque les images ne sont pas anti-aliasées ce qui équivaut à l'interpolation par plus proche voisin, et proche de 2 sinon, c'est-à-dire l'équivalent d'une interpolation linéaire.

Cependant, cette approche possède deux défauts pour notre problème de calcul de H_T. Tout d'abord elle ne permet d'appliquer que les interpolations telles Υ_{PPV}, Υ_{LIN} (voir chapitre précédent). En particulier aucune procédure avec distribution telle que Υ_{VP}, Υ_{ME} ou Υ_{DIP} ne peut être utilisée. Le deuxième désavantage de cette méthode est qu'elle n'a pas d'équivalent pour des images 3D. Des décompositions en matrices ayant les mêmes propriétés peuvent être exhibées, mais comportent à notre connaissance un trop grand nombre de matrices (7) pour être efficaces.

Enfin, à notre connaissance une seule technique a été développée pour accélérer le processus de transformation dans le calcul de H_T ; elle est décrite dans [Pok96].

Cependant, la technique employée, une extension de l'algorithme de Bresenham en 3D n'est pas précisément décrite : quelle interpolation est utilisée ? Quelles sont les "multiplications d'entiers" ? Quelle est la structure de pointeurs utilisée ? et nous ne sommes pas en mesure de la comparer avec notre approche.

4.2 Principe de la nouvelle méthode

4.2.1 Algorithme classique

Le processus usuel pour calculer l'histogramme joint et la mesure de similarité peut être décomposé en plusieurs étapes :

Algorithme 1 Algorithme classique de calcul de H_T

1: **pour tout** voxel $\boldsymbol{x} \in I_f$ **faire**
2: calculer $\boldsymbol{x'} = T(\boldsymbol{x})$
3: calculer les coordonnées arrondies $\boldsymbol{x}^* = \lfloor \boldsymbol{x'} \rfloor$ et les poids $\Omega = \{\omega_k\}$ requis pour la procédure d'interpolation Υ
4: déterminer l'adresse mémoire des voisins $V = \{n_k\}$ de $\boldsymbol{x'}$ dans l'image de référence
5: mettre à jour H_T en fonction de Υ, suivant V et Ω
6: **fin pour**

Notons tout d'abord que le calcul de $\boldsymbol{x'}$ ligne $n°2$ peut être effectué de manière efficace, en traitant chaque coordonnée successivement et de manière incrémentale. En effet, l'application d'une transformation affine décrite par une matrice R à un point $\boldsymbol{x} = (x,y,z)$, peut s'écrire (ici en coordonnées homogènes) :

$$R\boldsymbol{x} = \begin{pmatrix} a & b & c & d \\ e & f & g & h \\ i & j & k & l \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x' = ax + by + cz + d \\ y' = ex + fy + gz + h \\ z' = ix + jy + kz + l \\ 1 \end{pmatrix} \tag{4.2}$$

Ainsi, pour y et z constants, on a (x'_n désigne la coordonnée x' à l'étape n) :

$$\begin{cases} x'_{n+1} = x'_n + a \quad \text{et} \quad x'_0 = by + cz + d \\ y'_{n+1} = y'_n + e \quad \text{et} \quad y'_0 = fy + gz + h \\ z'_{n+1} = z'_n + i \quad \text{et} \quad z'_0 = jy + kz + l \end{cases} \tag{4.3}$$

Cela permet de déduire les coordonnées de $\boldsymbol{x'}$ en fonction de l'itération précédente avec uniquement trois additions. La mise à jour des décalages a, e et i pour chaque changement de coordonnée y ou z est négligeable.

La méthode décrite dans la section suivante permet d'accélérer les trois premières étapes, lignes $n°2$ à $n°4$, de l'algorithme.

4.2.2 Principe général et notations

L'algorithme incrémental requiert, pour chaque voxel de l'image flottante, plusieurs opérations arithmétiques élémentaires : additions, multiplications, calculs d'arrondis. Le principe général de notre méthode consiste à découper l'image flottante en blocs de tailles identiques et à n'effectuer ces opérations arithmétiques qu'une seule fois par bloc. Les calculs sur les autres voxels du bloc peuvent en effet être approximés par de bien plus simples opérations, précédemment calculées et stockées une seule fois pour toute l'image.

Nous décomposons ainsi l'image flottante I_f en ensembles Φ_m de blocs 3D $[\![p \times q \times r]\!]$, ayant chacun $\varphi = pqr$ voxels. Sans perte de généralité, nous faisons l'hypothèse que la taille de I_f est un multiple de φ. Si ce n'est pas le cas, il est possible de s'y ramener en ajoutant une bordure de voxels de valeur nulle. Soit $\boldsymbol{x}_m^k \in T(\Phi_m)$ le $k^{\text{ème}}$ élément du bloc numéro m transformé par T. Dans chaque bloc transformé $\Phi'_m = T(\Phi_m)$, nous notons par $\boldsymbol{v}_m = \boldsymbol{x}_m^0$ un élément de référence, par exemple le voxel dont les coordonnées ont les valeurs les plus faibles (voir figure 4.2 pour ces notations).

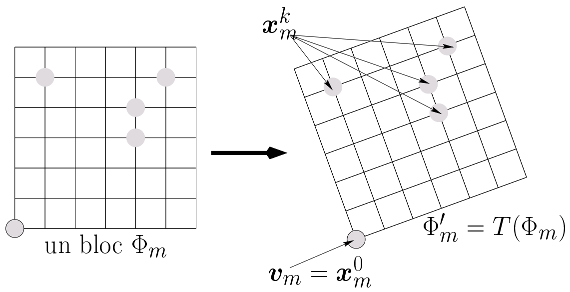


FIG. 4.2 – *Ensemble Φ_m de voxels : notations*

4.2.3 Positions relatives d'un ensemble de voxels

Ainsi, nous pouvons maintenant faire la remarque suivante. Comme nous considérons uniquement des transformations affines, la position spatiale de chaque élément $\boldsymbol{x}_m^k$ peut être déduite de la position du point de référence $\boldsymbol{v}_m$ par une simple translation indépendante de m : le vecteur $(\boldsymbol{v}_m, \boldsymbol{x}_m^k)$ est constant quelque soit m.

Nous notons alors par $\bar{\boldsymbol{v}}_m = \lfloor \boldsymbol{v}_m \rfloor$ le point appartenant à la grille de $\mathbb{Z}^3$ définie par l'image de référence, tel que chacune de ses coordonnées soit celle de $\boldsymbol{v}_m$ arrondie à la plus grande valeur entière inférieure ou égale. On note également $\bar{\boldsymbol{x}}_m^k$ le point obtenu en appliquant la même opération à un point quelconque $\boldsymbol{x}_m^k$.

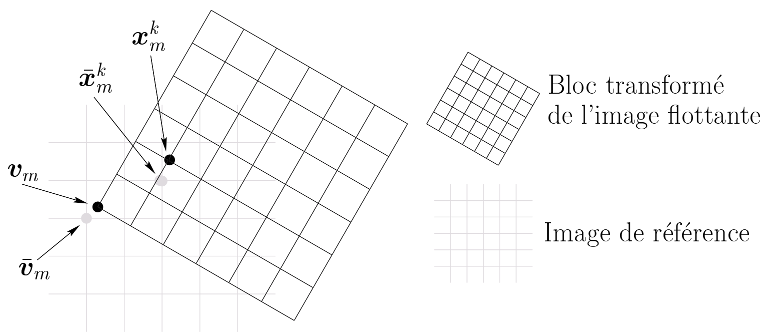


FIG. 4.3 – *Point dans l'image de référence : notations*

Or, même si le vecteur $(\boldsymbol{v}_m, \boldsymbol{x}_m^k)$ est indépendant de m, le décalage lié au vecteur $(\bar{\boldsymbol{v}}_m, \bar{\boldsymbol{x}}_m^k)$ dépend de la position de $\boldsymbol{v}_m$ relativement à $\bar{\boldsymbol{v}}_m$. La détermination exacte de cette distance impliquerait des calculs aussi coûteux que l'algorithme original. La solution est alors de pré-calculer ce décalage d'adresse mémoire pour un ensemble de valeurs discrètes, et d'utiliser ces valeurs comme approximations des vrais décalages.

4.2.4 Discrétisation

De cette manière, si nous discrétisons les positions spatiales de $\boldsymbol{v}_m$ relativement à $\bar{\boldsymbol{v}}_m$ (il s'agit de l'espace *sous-pixélique* tel que nous l'avons défini précédemment, section 3.2.1, page 65), nous pouvons calculer et sauvegarder les translations pour chaque position de $\boldsymbol{v}_m$ et chaque $\boldsymbol{x}_m^k$. De plus, les poids ω_k, quelle que soit la procédure d'interpolation, correspondants à chaque position sont également déterminés et enregistrés. Enfin, pour des raisons d'efficacité, les translations ainsi fixées sont converties en décalages d'adresses mémoire (nombre d'octets nécessaire pour passer de $\bar{\boldsymbol{v}}_m$ à $\bar{\boldsymbol{x}}_m^k$).

Le niveau de discrétisation qui correspond à la précision de la méthode est déterminé à travers le paramètre $\sigma = \sigma_x \times \sigma_y \times \sigma_z$, avec σ_x représentant le nombre d'intervalles divisant l'axe Ox. Une telle décomposition conduit à pré-calculer σ tables différentes notées $A_i\ i \in [0 : \sigma]$, avec pour chaque table, φ poids et décalages mémoire.

La figure 4.4 illustre notre propos en présentant, pour des images 2D, un bloc transformé et projeté $\Phi'_m = T(\Phi_m)$, une position de référence $\boldsymbol{v}_m$ et le correspondant discret $\bar{\boldsymbol{v}}_m$, ainsi que l'espace *sous-pixélique* discrétisé pour chacune de ces positions de référence. La figure 4.5 résume quant à elle les informations sur les décalages mémoire déterminés.

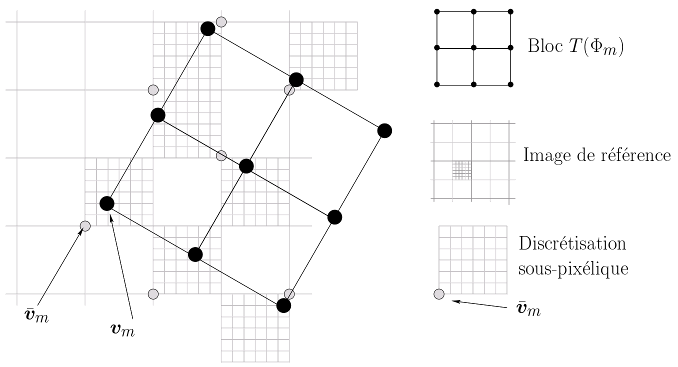


FIG. 4.4 – *Bloc Φ_m transformé et projeté.*

4.2.5 Algorithme final

Cette approche nous permet ainsi d'éviter le calcul des informations spatiales de chaque voxel lignes $n°2$ à $n°4$ de l'algorithme 1, excepté pour le voxel de référence $\boldsymbol{v}_m$ de chaque bloc Φ_m. Ensuite, grâce aux tables pré-calculées, l'adresse mémoire d'un voxel $\boldsymbol{x}_m^k \in T(\Phi_m)$ est inférée à partir de l'adresse de $\bar{\boldsymbol{v}}_m$.

De plus, afin d'éviter le calcul des poids Ω plusieurs fois (pour chaque $\bar{\boldsymbol{v}}_m$), nous construisons une autre table B, indicée pour chaque position discrète et contenant les poids correspondants. Cette table est calculée une seule fois par procédure de recalage, une fois que le paramètre σ est fixé, son coût est donc négligeable. De cette manière les tables A_i contiennent à la fois les décalages mémoire et les indices des poids stockés dans la table B.

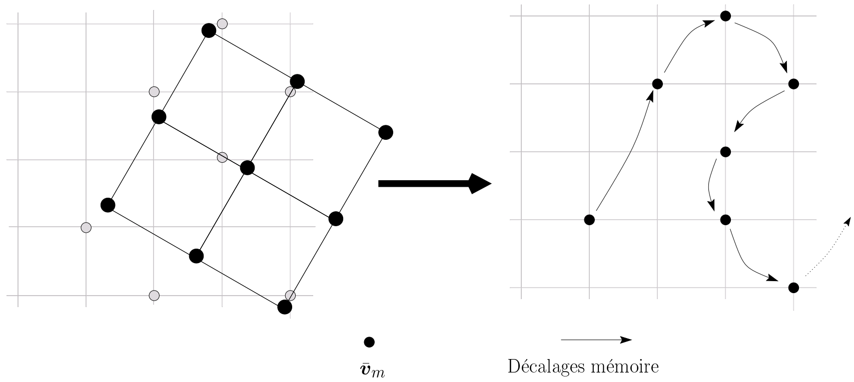


FIG. 4.5 – *Décalages d'adresses mémoire.*

Finalement, l'algorithme original est modifié comme indiqué tableau 2. Dans le but de clarifier les notations, nous enlevons l'indice m lors du calcul de A, car la table est indépendante de m.

Algorithme 2 Nouvel algorithme de calcul de H_T

Requiert : la table B des poids doit être calculée

*{************* Calcul des tables A_i *************}*

1: **pour tout** $\boldsymbol{v}_i$ (positions discrètes de $\boldsymbol{v}$ par rapport à $\bar{\boldsymbol{v}}$) **faire**
2:    **pour tout** voxel $\boldsymbol{x}_j \in T(\Phi)$ **faire**
3:       déterminer et stocker dans $A^{(1)}_{i,j}$ la translation (c'est-à-dire le décalage mémoire) entre $\bar{\boldsymbol{v}}$ et $\bar{\boldsymbol{x}}_j$
4:       stocker également dans $A^{(2)}_{i,j}$ l'indice dans B des poids correspondants
5:    **fin pour**
6: **fin pour**

*{************* Calcul de H_T *************}*

7: **pour tout** ensemble Φ_m de l'image flottante **faire**
8:    calculer $\boldsymbol{v}_m$ de la même manière que la ligne $n°2$ de l'algorithme 1
9:    calculer $\bar{\boldsymbol{v}}_m$ et la plus proche position $\boldsymbol{v}_i$ pré-calculée
10:    **pour tout** $\boldsymbol{x}^j_m \in T(\Phi_m)$ **faire**
11:       progresser dans I_r suivant le décalage mémoire donné dans $A^{(1)}_{i,j}$
12:       mettre à jour l'histogramme, suivant Υ, avec les ω_k pré-calculés dans B dont l'indice est donné dans $A^{(2)}_{i,j}$
13:    **fin pour**
14: **fin pour**

Cet algorithme est conçu dans le but de réduire les calculs effectués sur chaque voxel lignes $n°10$ à $n°12$, même si les autres étapes sont plus coûteuses que dans le premier algorithme. La section suivante présente un modèle qui détermine *automatiquement* la valeur optimale du paramètre φ (la taille des blocs) en fonction du degré de précision σ choisi par l'utilisateur, pour parvenir à une accélération substantielle par rapport à la méthode d'origine.

4.3 Modèle d'exécution de l'algorithme

Le degré de discrétisation σ conditionne la précision de la méthode. En pratique, ce degré est spécifié en indiquant σ_x, σ_y et σ_z, afin d'obtenir un degré de liberté supplémentaire. Cela se justifie pleinement car les volumes de données sont fréquemment anisotropes, la taille des voxels selon l'axe Oz est traditionnellement bien plus élevée que celles pour les autres axes, et ainsi la discrétisation sous-pixéliquepeut être adaptée en fonction du ratio. Dans la suite, sans perte de généralité mais par souci de clarté, nous manipulerons uniquement le paramètre σ, produit des trois paramètres de discrétisation selon chacun des axes, comme un *unique* paramètre de précision global.

Nous l'avons déjà mentionné, l'algorithme 2 permet d'effectuer moins d'opérations arithmétiques pour chaque voxel à l'intérieur d'un bloc. Cependant, il ajoute des procédures qui n'étaient pas présentes dans le premier algorithme. La taille des blocs $\varphi = |\Phi_m|$ devient alors critique : si φ est "grand", la construction des tables A_i va être coûteuse. À l'inverse, pour de "faibles" valeurs de φ, les étapes des lignes $n°8$ et $n°9$ vont se dérouler trop souvent et ralentir la procédure. Nous devons donc trouver le compromis idéal entre ces deux situations. Pour cela, nous exprimons l'accélération de manière théorique et, pour une précision donnée, dérivons le critère afin d'obtenir le paramètre recherché. Ces expressions sont ensuite vérifiées expérimentalement dans la section 4.4.

4.3.1 Taille optimale des blocs

Soit n le nombre de voxels de la partie commune aux deux images $n = |I_r \cap T(I_f)|$, on suppose $n \neq 0$. Soit a le temps requis par la méthode classique pour calculer la contribution d'un voxel à H_T. De manière évidente, le temps total T_1 du processus est :

$$T_1(n) = a\,n \tag{4.4}$$

Quant à notre méthode, elle peut être divisée en trois parties :

1. le *calcul des tables A_i* (lignes $n°1$ à $n°6$). Soit t_b le temps de calcul de cette étape. Ce temps dépend de la taille φ des blocs ainsi que de la précision σ requise. Nous avons (avec b une constante) :

$$t_b(\sigma,\varphi) = b\,\sigma\,\varphi \tag{4.5}$$

2. le *calcul des coordonnées* de $\boldsymbol{v}$ et la détermination de la plus proche position $\boldsymbol{v}_i$ pré-calculée, lignes $n°8$ et $n°9$. Le temps de calcul est alors défini par (avec c une constante) :

$$t_c(n,\varphi) = \frac{cn}{\varphi} \tag{4.6}$$

3. enfin, la *mise à jour* de H_T pour chaque voxel, lignes $n°10$ à $n°12$. Le temps d'exécution de cette étape (avec d une constante) est noté par :

$$t_d(n) = d\,n \tag{4.7}$$

Par conséquent, le *temps global* T_2 de la procédure devient :

$$\begin{aligned} T_2(n,\sigma,\varphi) &= t_b(\sigma,\varphi) + t_c(n,\varphi) + t_d(n) \\ &= b\sigma\varphi + \frac{cn}{\varphi} + dn \end{aligned} \tag{4.8}$$

Maintenant, nous définissons l'accélération s comme le rapport des temps entre les deux algorithmes, soit :

$$s(n,\sigma,\varphi) = \frac{T_1(n)}{T_2(n,\sigma,\varphi)} = \frac{an}{b\sigma\varphi + \dfrac{cn}{\varphi} + dn} \tag{4.9}$$

Étant donnée une précision σ, il devient possible de trouver le maximum de $s(n,\sigma,\varphi)$ suivant φ en recherchant la valeur positive pour laquelle la dérivée partielle s'annule. Nous obtenons alors :

$$\frac{\partial s(n,\sigma,\varphi)}{\partial \varphi} = \frac{an(cn - b\varphi^2\sigma)}{(dn\varphi + cn + d\varphi^2\sigma)^2} \tag{4.10}$$

Soit :

$$\varphi_{opt} = \sqrt{\frac{cn}{b\sigma}} \tag{4.11}$$

L'accélération optimale s_{opt} de notre méthode peut alors être écrite de la manière suivante :

$$s_{opt}(n,\sigma) = \frac{an}{dn + \sqrt{b\sigma cn}} \tag{4.12}$$

Cette accélération est ainsi uniquement paramétrée par la précision choisie par l'utilisateur, le paramètre φ étant automatiquement fixé à φ_{opt} grâce à l'équation 4.11. Elle dépend également du nombre de voxels des images.

4.3.2 Comportement et limite

Théoriquement, l'accélération maximale obtenue pour une infinité de voxel, est :

$$\lim_{n\to\infty} s_{opt}(n,\sigma) = \frac{a}{d} \tag{4.13}$$

Dans le but d'étudier les variations de $s_{opt}(n,\sigma)$ en fonction du nombre de voxels n et de la précision σ, nous effectuons des évaluations expérimentales des constantes a,b,c et d, introduites dans les équations 4.4 à 4.7. Nos tests ont été effectués sur une station Sun Ultra Sparc I à 170 Mhz. Chaque portion de code correspondant aux trois étapes de l'algorithme décrites section 4.3.1 a été exécutée plusieurs millions de fois, dans des conditions réelles de recalage d'images, dans le but de garantir une mesure robuste. Ce calcul parait spécifique à la machine utilisée, mais en fait, les *rapports* de temps entre les constantes a,b,c et d ne dépendent pas de la capacité de calcul de la machine, mais du nombre d'opérations élémentaires effectuées. Ce nombre est indépendant des machines, et les rapports sont similaires quelle que soit la machine utilisée, pour peu qu'elle ait une architecture matérielle semblable ; une machine *multiscalaire* ou une architecture parallèle conduirait bien entendu à d'autres évaluations. La constance des rapports a été vérifiée de manière expérimentale, l'exécution de l'algorithme sur différentes plates-formes (PC) ayant conduit à des résultats similaires.

En outre, les constantes a et d sont dépendantes de la procédure Υ de mise à jour de l'histogramme joint. En effet, notre méthode permet d'accélérer uniquement l'étape de calcul des coordonnées et des poids. Les étapes de mise à jour de 8 intensités de H_T pour Υ_{VP} ou le calcul de la valeur interpolée pour Υ_{LIN} ne sont pas accélérés.

Ainsi, cette méthode est d'autant plus efficace que le calcul des coordonnées et des poids est important par rapport au processus de mise à jour total. Nous obtenons ainsi, pour les procédures Υ classiques, les ratios $\frac{a}{d}$, indiqués par le tableau 4.1. Les valeurs de ce tableau représentent l'accélération limite de notre algorithme, nous ne pourrons jamais espérer mieux.

Procédures Υ	Υ_{PPV}	Υ_{VP}	Υ_{LIN}
$\frac{a}{d}$	23	3.6	3

TAB. 4.1 – *Limite de l'accélération suivant la procédure d'interpolation.*

Maintenant, il nous faut étudier le comportement de s_{opt} (équation 4.12) afin de comparer l'accélération pour un nombre réaliste de voxels par rapport à l'accélération limite.

La figure 4.6 représente l'accélération optimale $s_{opt}(n,\sigma)$ en fonction de la précision σ_x, ici $\sigma = \sigma_x^3$, pour trois valeurs différentes de n : 10, 5 et 1 millions de voxels. Cela correspond à des images de moyenne $(256 \times 256 \times 152)$ à petite taille $(128 \times 128 \times 62)$. Pour une nombre de voxels n fixé, l'accélération décroît lentement, en $O(\frac{1}{\sqrt{\sigma}})$, en fonction de σ. Néanmoins, s_{opt} reste proche de la valeur optimale $\frac{a}{d}$ pour les valeurs de σ requises en pratique (voir plus loin section 4.5).

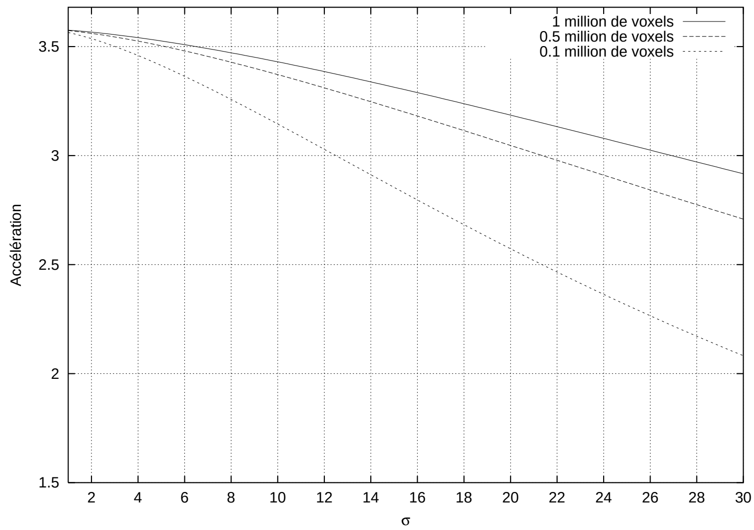


FIG. 4.6 – *$s_{opt}(n,\sigma)$ en fonction de σ_x, pour trois valeurs de n (10, 5 et 1 millions de voxels)*

De manière symétrique, pour une précision σ donnée, l'accélération $s_{opt}(n,\sigma)$ croît asymptotiquement vers sa limite $\frac{a}{d}$ à mesure que n augmente. La figure 4.7 représente également $s_{opt}(n,\sigma)$ en fonction cette fois de n, pour des valeurs de σ fixées à 2^3, 5^3 et 10^3. Dans les deux figures 4.6 et 4.7, nous supposons $\sigma_x = \sigma_y = \sigma_z$ et utilisons le ratio $\frac{a}{d}$ de la procédure Υ_{VP}. Les autres distributions présentent des comportements similaires.

La section suivante propose un ensemble de tests expérimentaux dont le but est de vérifier en pratique le modèle que nous venons de décrire.

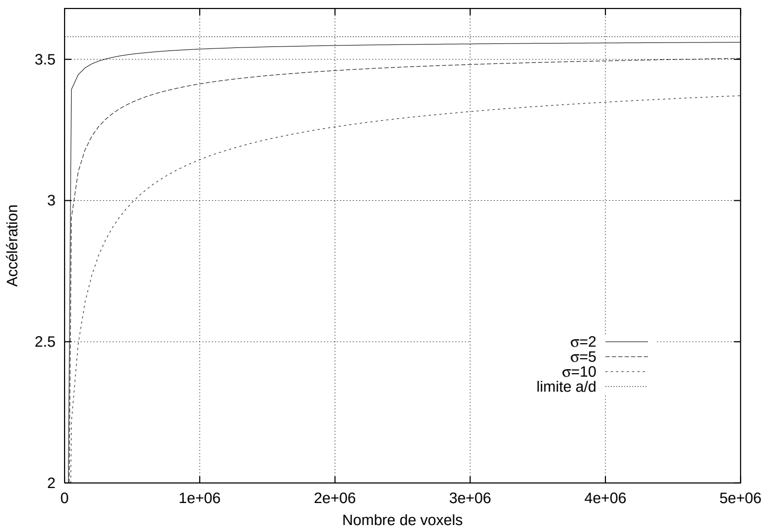


FIG. 4.7 – *$s_{opt}(n,\sigma)$ en fonction de n, pour trois valeurs de σ_x (2, 5 et 10)*

4.4 Expérimentations

4.4.1 Matériels et méthodes

Nous considérons ici trois images médicales 3D de différentes modalités : une IRM ($256 \times 256 \times 160$), un scanner X noté CT ($256 \times 256 \times 113$) et une image TEP ($256 \times 256 \times 115$). La taille optimale φ_{opt} des ensembles Φ_m est fixée de manière automatique par l'équation 4.11. Dans tous les tests, les images étant choisies pour être de taille et ratio comparables, nous avons fixé la précision à $\sigma = 10 \times 10 \times 10$. Le nombre de voxels n est exprimé en million de voxels, et $\frac{T_1}{T_2}$ est l'accélération effective *mesurée*. Le tableau suivant présente quelques résultats acquis lors de procédures de recalages *complètes*.

Couple d'images	Υ	n	φ_{opt}	$s_{opt}(n,\sigma)$	$\frac{T_1}{T_2}$
IRM/CT	Υ_{VP}	4.6	63	3.2	**3.1**
IRM/CT	Υ_{PPV}	4.6	105	11.9	**10**
IRM/CT	Υ_{LIN}	4.6	63	2.9	**2.8**
IRM/TEP	Υ_{VP}	5.5	75	3.3	**3.3**
IRM/IRM	Υ_{VP}	10	105	3.4	**3.4**

TAB. 4.2 – *Résultats expérimentaux (voir le texte)*

Ces tests nous permettent de conclure que le modèle de temps proposé section 4.3 (ici en cinquième colonne) est très proche du comportement réel de l'algorithme (sixième colonne). Une remarque cependant : la procédure par plus proche voisin conduit à une accélération très importante — de l'ordre de 10 fois la vitesse initiale ! — mais reste loin de l'accélération optimale théorique proche de 23, contrairement à Υ_{VP} ou Υ_{LIN}. En effet, il faut, avec cette procédure, un nombre de voxels beaucoup plus important pour approcher la limite. Il n'en reste pas moins que l'accélération est substantielle pour des valeurs de n courantes.

4.4.2 Précision de la méthode

Les accélérations décrites tout au long de cette partie reposent sur une perte de précision lors du calcul des coordonnées et des poids ω_k. Afin d'illustrer les effets du paramètre de précision σ, nous présentons les figures 4.8 et 4.9 , affichant la mesure de similarité $\mathcal{S}$ (ici le rapport de corrélation) autour du maximum trouvé par la procédure de recalage, en fonction d'un paramètre de translation le long de l'axe Ox. Chaque courbe correspond à une valeur de σ différente, de $\sigma = 0$, équivalent de la procédure Υ_{PPV}, à $\sigma = 10$, c'est-à-dire une précision de l'ordre d'un dixième de voxel dans chaque dimension. Le couple d'image utilisé pour cet ensemble de tests est IRM/CT.

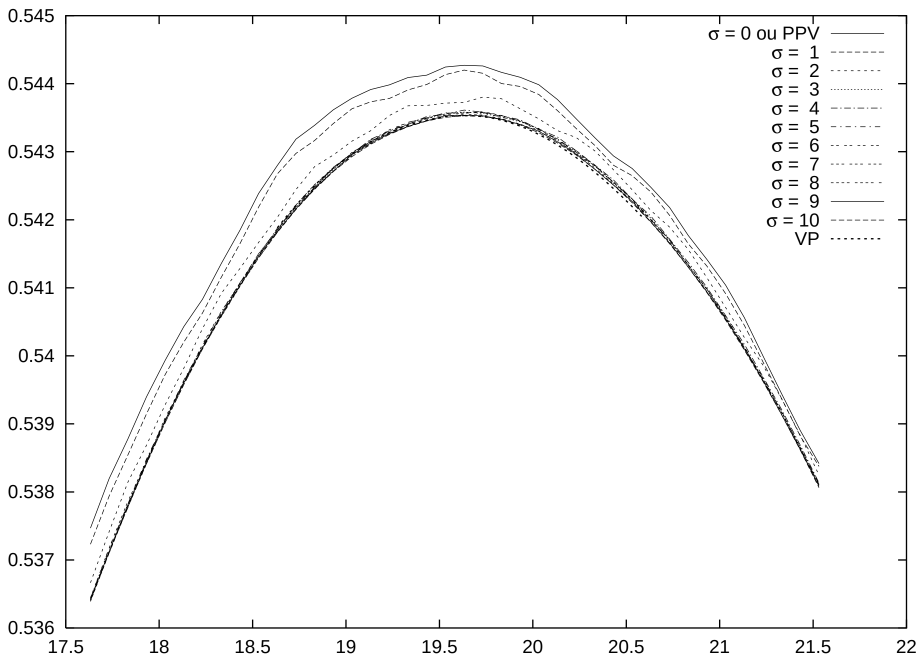


FIG. 4.8 – *Une courbe pour chaque $\sigma \in [0:10]$, ainsi qu'une pour la référence Υ_{VP}. Il s'agit d'une vue d'ensemble, voir figure suivante pour plus de détails.*

Comme prévu, l'algorithme devient de plus en plus précis à mesure que σ augmente. De plus, nous pouvons remarquer que la valeur maximale du critère est très proche de la référence, même pour des valeurs faibles de σ.

4.4.3 Remarque sur l'accélération

Durant les tests, nous avons remarqué des accélérations *supérieures* aux prévisions pour des petites valeurs de σ_x (entre 1 et 4 environ, en supposant $\sigma_x = \sigma_y = \sigma_z$). Après réflexion et vérification, nous avons constaté que ce phénomène est dû à la discrétisation de l'espace sous-pixélique. En effet, avant de mettre à jour une intensité de H_T avec un poids ω_k, nous vérifions que ce poids est différent de zéro. Cela permet ainsi d'éviter un accès mémoire inutile. Or, pour une transformation T non particulière (rotation non nulle), les positions sous-pixéliques des voxels sont équiprobables, de même donc que toutes les positions discrètes $\boldsymbol{v}_i$. Ainsi, avec l'algorithme 1 la probabilité d'avoir un poids égal à zéro, c'est-à-dire une coordonnée entière, est pratiquement nulle. En revanche, la discrétisation que nous introduisons dans notre méthode entraîne une probabilité non nulle de déclencher le test. Nous avons calculé

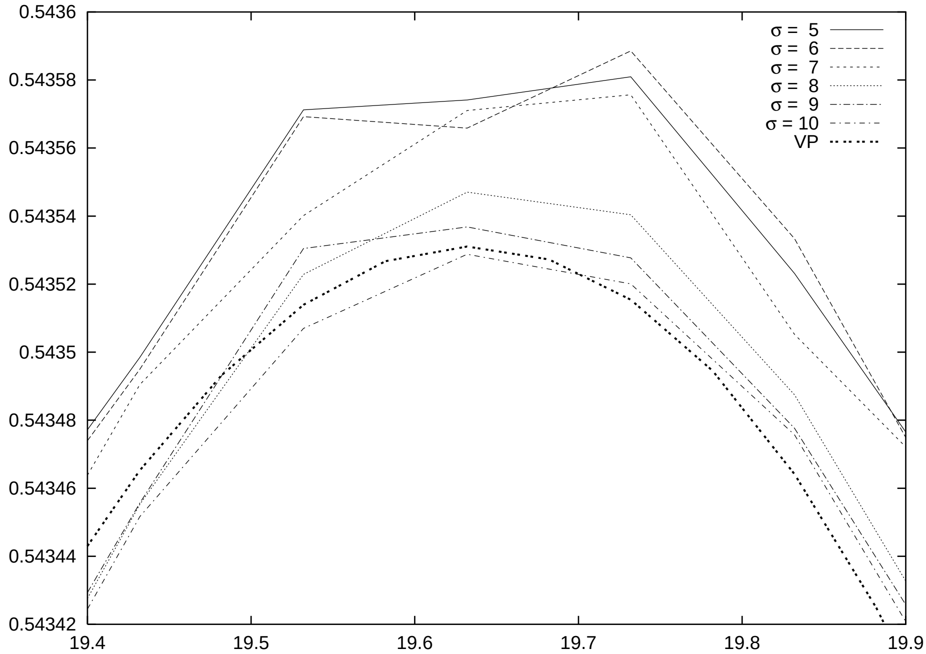


FIG. 4.9 – *Zoom de la figure 4.8 (l'axe Ox représente une distance d'un demi-voxel)*

cette probabilité de la manière suivante : les positions discrètes $\boldsymbol{v}_i$ conduisent en 3D à 8 poids non nul, excepté les positions *frontières*, c'est-à-dire les 8 coins (7 poids sont nuls), les 12 arêtes (6 poids sont nuls) et les 6 faces (4 poids sont nuls). Cela conduit donc à une proportion $\frac{24(\sigma-2)^2+72(\sigma-2)+56}{8\sigma^3}$ (voir figure 4.10).

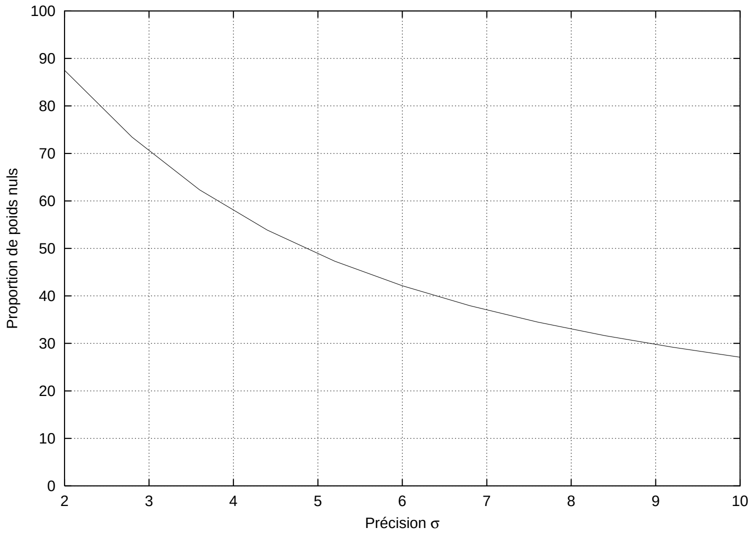


FIG. 4.10 – *Proportion (en pourcentage) du nombre de poids égal à zéro, en fonction de σ*

Ainsi pour de faibles valeurs, $\sigma < 5$, la majeure partie des mises à jour de H_T sont évitées grâce au test. Compte tenu du grand nombre de mises à jour pour une procédure telle que Υ_{VP}, 8 fois plus que de voxels, une accélération supplémentaire est perceptible, et peut atteindre 20% environ.

4.5 Discussion et conclusion

Précision de la méthode Comme indiqué dans les sections précédentes (voir section 3.2), le nombre d'évaluations du critère $\mathcal{S}$ est lié à la précision de l'histogramme joint. Si, avec notre nouvel algorithme, nous diminuons cette précision en choisissant un σ faible, le nombre d'évaluations de $\mathcal{S}$ nécessaire pour que le processus converge risque d'être augmenté. À l'inverse, si σ est augmenté, chaque itération sera plus coûteuse. Ainsi, le paramètre σ nous permet de construire une *famille* de procédures d'interpolation Υ, allant de Υ_{PPV} à Υ_{VP}. Il peut ainsi être intéressant de mettre en regard σ avec la valeur du paramètre de tolérance *tol* de la procédure de minimisation du critère (voir section 1.3.3). Expérimentalement, nous avons observé qu'une valeur $\sigma = 10 \times 10 \times 10$ à moduler suivant le ratio des images est un bon compromis entre précision (environ un dixième de voxel) et rapidité.

Taille mémoire Nous n'avons pas évoqué dans les parties précédentes le volume mémoire supplémentaire requis par notre méthode pour stocker les poids et les adresses pré-calculés. Ainsi, en considérant les hypothèses suivantes :

- taille de Ω : 8, comme pour Υ_{VP} ou Υ_{LIN}
- taille d'une valeur ω_k (un réel double précision) : 4 octets
- taille d'un indice (un entier) : 4 octets
- taille d'une adresse mémoire : 4 octets

La taille τ_A du tableau A des décalages mémoire et des indices des poids est $\tau_A = \sigma \times \varphi \times 8$ octets, et celle, notée τ_B, du tableau des poids est $\tau_B = \sigma \times 8 \times 4$ octets. Par exemple, pour $\sigma = 10^3$ et en considérant un million de voxels ($n = 10^6$), la taille des blocs est d'environ $\varphi_{opt} = |\Phi_m| = 7 \times 3 \times 3 = 63$ voxels. Cela conduit à $\tau_B = 10^3 \times 8 \times 4 = 32$ Ko et $\tau_A = 10^3 \times 63 \times (4 + 4) = 504$ Ko. Ce surcroît de mémoire est extrêmement faible en regard des capacités mémoires actuelles et peut être considéré comme négligeable. Cependant, il faut noter que ce volume augmente rapidement pour des valeurs plus importantes de σ ; l'augmentation liée à la taille des images et donc du paramètre φ_{opt} est quant à elle faible.

Remarque Les analyses et résultats présentés ici ne concernent que les procédures d'interpolation classiques Υ_{PPV}, Υ_{LIN} et Υ_{VP}. Cependant, il est évident que l'algorithme peut être utilisé avec n'importe quelle procédure, pourvu qu'elle suive le schéma présenté par l'algorithme 1 page 86. De plus, la nouvelle méthode peut facilement être adapté pour une interpolation prenant en compte un plus grand nombre de voisins, par exemple pour des splines de degré supérieur à 1, voir section 3.1.1. Il suffit pour cela de stocker un plus grand nombre de poids dans la table B, et d'augmenter également le nombre de décalages mémoires de la table A.

Accélération Les limites de notre méthode sont parfaitement connues : la complexité totale du calcul de l'histogramme joint n'est pas améliorée, elle reste linéaire suivant le nombre de voxels de l'image flottante. Néanmoins, nous parvenons à accélérer la procédure d'un facteur supérieur à 3 avec les procédures requérant la mise à jour de plusieurs voisins (Υ_{VP}) ou le calcul d'une intensité interpolée (Υ_{LIN}). Quant à l'interpolation par plus proche voisin, elle est accélérée d'un facteur supérieur à 10. Les accélérations sont bornées suivant chaque méthode d'interpolation, mais même si ces bornes sont atteintes pour une infinité de voxels, des améliorations conséquentes sont effectives à partir d'un million de voxels.

La majeure partie de ce travail a été publiée dans [SM99b].

5

Positionnement de patients

Sommaire

5.1 Description de la problématique

Ce chapitre présente un travail effectué à la suite de ceux de F. Feschet [Fes99, FSM99], en collaboration avec des médecins du centre de lutte contre le cancer Léon Bérard. Il s'agit d'une application des techniques de recalage d'images par mesure de similarité développées dans les chapitres précédents. Nous proposons une méthode originale pour déterminer le positionnement d'un patient grâce à une recherche par le contenu dans un ensemble d'images.

Le problème du positionnement de patient se pose ici dans le cadre du traitement du cancer par radiothérapie conformationnelle. Le principe de cette thérapie consiste à localiser et détruire les cellules tumorales par irradiation à l'aide de rayons X à hautes énergies. Dans ce but, le médecin détermine un planning d'irradiation nommé RTP pour *Radiotherapy Treatment Planning*, décrivant les différentes séances d'irradiation auxquelles va être soumis le patient. Le RTP est défini à partir d'un examen scanner volumique du patient noté CT pour *Computerized Tomography* dans la suite du chapitre (voir figure 5.1) et à l'aide de logiciels d'imagerie médicale spécifiques permettant la détection et la segmentation des tumeurs de manière semi-automatique, ou encore la détermination des faisceaux et de leur angle d'incidence. Ainsi, ce plan est *relatif* à la position du patient lors de l'acquisition de l'image 3D.

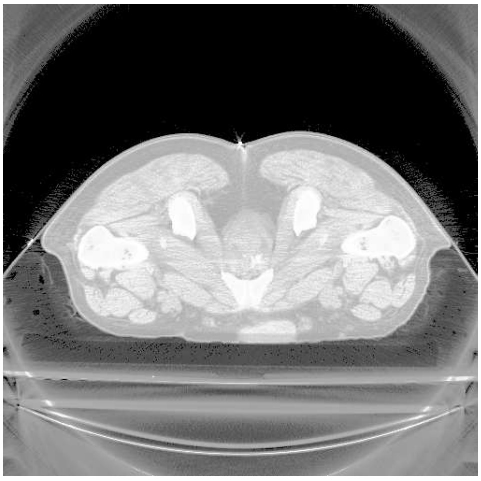
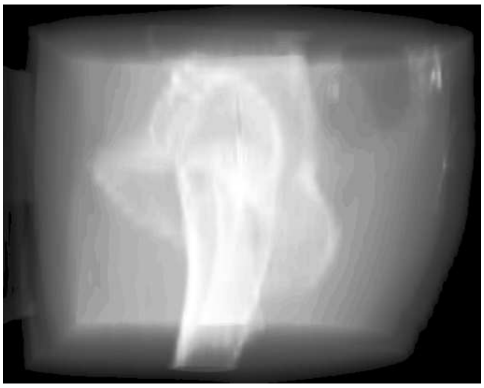


Fig. 5.1 – *Coupe d'un examen scanner.*

Ensuite, durant chaque séance d'irradiation, le patient doit être replacé dans la *position de référence* déterminée par le RTP, c'est-à-dire de la même manière que lors de l'acquisition du CT. Dans le but d'estimer et de corriger ce déplacement, un faible nombre d'images de contrôle, ou images *portales* voir annexe B.1.3, est acquis juste avant l'irradiation. Dans notre cas, il s'agit d'une technique d'acquisition par rayons X, l'imagerie Mega-Volt. Dans la suite, ces images sont désignées par MVI pour *Mega Voltage Images*, voir figure 5.2(b). Ce sont des images 2D, car l'acquisition est une *projection*, et de très faible contraste. Ces images sont alors comparées à des images *modèles*, notées DRR pour *Digitally Reconstructed Radiographs*, voir figure 5.2(a), calculées par un algorithme de rendu volumique spécifique appliqué sur l'examen scanner initial. Lors de ce rendu, le point de visée utilisé est le même que celui de la MVI correspondante.

La comparaison est alors souvent effectuée de manière manuelle par le praticien, ce qui conduit potentiellement à certaines imprécisions. L'objectif du projet est donc d'étudier et de proposer des méthodes rapides, précises et automatiques pour



(a) Image reconstruite par projection du volume (DRR)

(b) Imagerie Mega-Volt (MVI)

FIG. 5.2 – *Deux types d'images utilisées en radiothérapie*

déterminer le déplacement du patient.

Remarque : dans la suite, le terme *pré-irradiation* fait référence aux processus réalisés dans la période de temps comprise entre l'acquisition du volume CT et la séance de traitement (contrainte temporelle faible). Les processus *per-irradiation* sont quant à eux effectués pendant le traitement du patient, impliquant d'importantes contraintes de temps (une quinzaine de minutes au maximum).

5.2 Travaux préalables

5.2.1 Approches classiques

La plupart des méthodes usuelles pour déterminer le déplacement de patient sont basées sur des procédures de segmentation (voir par exemple [Vas98]). Le processus global peut être résumé de la manière suivante.

Tout d'abord, un ensemble de caractéristiques est extrait (*pré-irradiation*) du volume scanner, afin d'effectuer une reconstruction 3D d'un modèle géométrique. Ensuite, lors de la partie *per-irradiation* du processus, les images portales sont segmentées en structures représentatives. Les caractéristiques 3D initialement extraites sont alors projetées en 2D et mises en correspondance avec ces structures observées dans les images portales. Cette étape consiste alors à optimiser un critère basé sur la différence entre les deux types d'éléments et conduit au déplacement recherché (voir par exemple [YFPC99]).

Les méthodes se différencient alors par la *nature* des objets extraits dans les différentes étapes de segmentation (par exemple, FRITSCH *et al.* [FPC+94] utilisent des *cores*, déjà évoqués dans le premier chapitre). Cependant, les *techniques* utilisées pour cette segmentation sont encore souvent manuelles ou semi-automatiques. Parmi différentes *méthodes de minimisation*, citons celle originale de BRUNIE [Bru92] ou LAVALLÉE *et al.* dans [LS95]. Les auteurs exploitent ainsi une modélisation mécanique à travers la minimisation de l'énergie nécessaire pour rendre tangent à la surface modèle préalablement extraite, un ensemble de lignes de projection. Enfin, le *critère de distance* choisi est également variable, par exemple, BERGER *et al.* se basent sur la superficie de modèles déformables [BD97].

Cependant, ces méthodes souffrent de plusieurs difficultés et sources potentielles d'erreurs. Ainsi le résultat est lié à la précision de chaque étape de segmentation. Même si un nombre important de méthodes efficaces existent pour la segmentation de volume scanner car les images sont de bonne qualité et le temps de calcul de la procédure n'est pas critique, il en va autrement des images portales. Celles-ci présentent en effet un rapport signal/bruit très faible et la technique d'acquisition employée conduit à des images de contraste extrêmement bas, en particulier pour les intensités des tissus mous. Ainsi, seule une partie de l'information contenue dans les images est utilisée.

Nous nous proposons d'essayer d'éviter les étapes de segmentation par l'utilisation des recalages par mesures de similarité.

5.2.2 Une approche sans segmentation

Une autre approche consiste à ne pas segmenter les images. La mise en correspondance des images de référence et portales est alors effectuée par des méthodes iconiques. Un travail a été mené sur ce sujet au sein de notre laboratoire [Fes99, FSM99] et peut être résumé en trois points :

1. une image DRR est générée pour chaque image portale (deux dans notre cas). Une description de l'algorithme de rendu de volumique et de la formule d'accumulation spécifique utilisée peut être trouvée dans [Fes99].
2. la seconde étape (*per-irradiation*) consiste à recaler à l'aide de méthodes iconiques chaque couple d'images. Des transformations *rigides* 2D sont alors obtenues.
3. Finalement, la troisième étape est une optimisation purement géométrique, donc très rapide, effectuée à partir des transformations 2D précédemment obtenues et d'un ensemble prédéterminé de points. Le but de cette procédure est d'obtenir la transformation qui minimise la différence entre les points de références transformés avec les résultats des recalages 2D et les points observés. Une description formelle de cette étape est décrite section 5.3.4.4, équation 5.7.

Les limitations de cette approche préliminaire sont très claires. Tout d'abord, cette méthode permet uniquement de retrouver des transformations 3D *rigides*. La tumeur doit ainsi être fixe relativement aux organes qui l'entoure et qui sont visibles sur les images, typiquement pour le cancer de la prostate, même si cela n'est pas totalement vrai, la tumeur est considérée comme rigide par rapport aux os du bassin. De plus la précision du résultat dépend en grande partie de la qualité du recalage 2D. Or, les deux projections à comparer, celle du volume dans la position de référence et celle du volume déplacé ne se déduisent pas l'une de l'autre par une transformation *rigide*. En particulier, les rotations *hors-plan*, c'est-à-dire le long d'axes perpendiculaires à l'axe de visée, induisent d'importantes déformations 2D. De ce fait, la transformation 2D à laquelle conduit l'étape de recalage peut être complètement faussée.

En pratique cependant, plusieurs arguments viennent défendre cette approche. En particulier la distance caméra-patient est grande comparée aux déplacements de la région d'intérêt, ce qui entraîne des transformations relativement faibles entre les projections. Par exemple dans notre cas, un point du volume déplacé de $1\,cm$, conduit à une translation sur la projection d'environ 20 pixels. Ainsi, en utilisant deux images portales acquises à partir de deux points de vues orthogonaux, nous avons pu atteindre une précision proche de $1\,mm$ (voir plus de détails dans les rapports précédemment cités). Néanmoins, lorsque le déplacement est complexe, par exemple impliquant des rotations de forte amplitude ou des translations trop importantes, la méthode n'est pas assez robuste et échoue. L'origine de ces échecs provient de l'inexistence d'une transformation rigide entre l'image MVI observée et la DRR de référence, le résultat de la procédure de recalage n'a ainsi pratiquement aucun sens [1], conduisant la procédure de minimisation vers une estimation du déplacement incorrecte.

Nous proposons dans la section suivante un moyen de parvenir tout de même à des estimations précises des déplacements, même complexes, grâce à une recherche dans un ensemble d'images.

5.3 Principe

5.3.1 Notations

Les lettres capitales en traits épais telles que $\boldsymbol{V}$, $\boldsymbol{D}$ ou $\boldsymbol{H}$ désignent des ensembles de points (des images) de $\mathbb{R}^3$ ou $\mathbb{R}^2$. Les points de ces ensembles sont désignés en minuscule ($\boldsymbol{x}$). Les transformations spatiales élémentaires sont désignées par t pour les translations, r pour rotations, p pour projections et s pour changements d'échelle (lettres minuscules). Les majuscules (T, R) désignent les combinaisons de transformations élémentaires.

Une translation de vecteur $[x,y,z]^T$ est notée t_{τ_x,τ_y,τ_z} ou t_{τ_x,τ_y} en 2D. Les rotations 3D sont décrites par les angles d'Euler, c'est-à-dire par rotations successives autour des axes Ox, Oy et Oz : $R_{\theta,\phi,\psi} = r_\theta\, r_\phi\, r_\psi$. En 2D, les rotations sont notées par r_θ. Un changement d'échelle d'un facteur κ est noté par s_κ. Les paramètres des matrices de projections sont supposés parfaitement connus, résultat d'un processus préalable d'étalonnage. Ainsi, le déplacement rigide du patient est formalisé par :

$$T(patient) = R_{\theta,\phi,\psi}(patient) + t_{\tau_x,\tau_y,\tau_z} \tag{5.1}$$

L'ensemble des paramètres de la transformation 3D est noté par $\Omega = \{\tau_x,\tau_y,\tau_z,\theta,\phi,\psi\}$. Enfin, nous désignons par $\boldsymbol{V}$ le volume scanner CT et les images portales par $\boldsymbol{I}_i$. Chaque $\boldsymbol{I}_i$ est acquise à partir d'un point de vue dont la matrice de projection correspondante est notée p_i. Pour simplifier, nous omettons dans les équations l'étape de normalisation des coordonnées, c'est-à-dire le passage de $\mathbb{R}^2$ vers $\mathbb{Z}^2$. Le modèle de projection utilisé est le modèle *sténopé*, il correspond à une projection selon un centre de visée déterminé, la caméra est ainsi représentée par un point de l'espace. Les matrices correspondantes sont présentées en annexe A, page 169.

5.3.2 Optimisation 3D à l'aide d'une mesure de similarité

Les images portales sont acquises sur un patient et impliquent des phénomènes *physiques* alors que les DRRs sont *calculées* sur un volume CT à partir d'un algorithme de lancé de rayons (nous avons utilisé celui développé par Miguet *et al.* dans [LM92]). Une fonction spécifique d'accumulation le long d'un rayon est utilisée dans le but de produire des images similaires (d'une manière *structurelle*) aux images portales. De ce fait, les intensités des deux types d'images sont liées et peuvent être prises en compte par les mesures de similarité.

1. même si les rotations dans le plan sont relativement correctement estimées, les translations restent imprécises

Il parait alors possible d'effectuer une procédure d'optimisation de cette mesure pour trouver la transformation $\tilde{T}$ qui recale les couples de projections. Cette étape recherche alors les paramètres de $\tilde{T}$ qui conduisent à la valeur maximale de la mesure de similarité appliquée entre les images portales et les projections du volume scanner. Étant donné un critère de similarité $\mathcal{S}$, l'optimisation s'écrit (ici utilisant plusieurs images portales $\boldsymbol{I}_i$) :

$$\tilde{T} = \arg\max_{T} \sum_{i} \mathcal{S}\Big(p_i(T^{-1}(\boldsymbol{V})), \boldsymbol{I}_i\Big) \tag{5.2}$$

Comme l'indique l'équation 5.2, c'est en fait l'inverse du déplacement du patient qui est recherché. De plus, il ne s'agit pas d'une procédure de recalage classique puisque, alors que la transformation est 3D, l'évaluation de la similarité entre les images est 2D.

Temps de calcul trop élevé Cependant, cette méthode requiert, en plus de l'évaluation du critère de similarité, le calcul d'une DRR pour chaque itération de la procédure d'optimisation. Comme T est rigide, l'espace des transformations défini par l'ensemble Ω des paramètres possède 6 dimensions (3 translations et 3 rotations, voir équation 5.1). De nombreuses évaluations du critère sont donc nécessaires à la procédure pour converger. Comme une simple génération d'image par rendu volumique peut prendre plusieurs minutes, cette approche reste encore incompatible avec les contraintes de temps d'un environnement clinique, tout du moins pour des stations de travail banalisées. Par contre, des techniques d'imagerie parallèle pourraient être utilisées dans ce sens [FMP98, MP96, LM92] (voir chapitre 6).

5.3.3 Calcul préalable d'un ensemble de DRRs

Afin de surmonter les problèmes de temps des étapes *per-irradiation*, une solution est de générer (*pré-irradiation*) un ensemble de DRRs. Une version bornée et discrétisée de l'espace de recherche Ω est alors créée, conduisant à un ensemble fini de transformations à appliquer à $\boldsymbol{V}$. Ce faisant, une évaluation du critère ne consiste plus qu'en le calcul de la mesure de similarité $\mathcal{S}$ entre l'image portale et la DRR générée la plus proche de la transformation T courante. Comme cette évaluation est effectuée entre deux images 2D seulement, cette étape est rapide (le calcul de l'histogramme joint est linéaire suivant le nombre de pixels des images).

Malheureusement, la taille de l'espace de recherche est telle qu'elle rend impraticable cette approche : même avec un niveau grossier de discrétisation beaucoup trop d'images doivent être calculées et stockées. Par exemple, en considérant uniquement des valeurs entières d'angles entre $-5°$et $5°$et des translations entières entre -5 et $5\,mm$, il y a 11^6 images à générer.

Nous pensons néanmoins qu'il est possible d'atteindre un niveau de précision important avec une approche équivalente, en utilisant à la fois un ensemble d'images pré-calculées et les transformations 2D résultant d'une étape de recalage.

5.3.4 Transformation 3D *vs* transformation*s* 2D

Cette section présente comment nous réduisons au prix d'une perte de précision *limitée* l'ensemble des images générées.

5.3.4.1 Exemple

Considérons une projection 2D d'un objet 3D, effectuée avec un point de visée le long de l'axe des Oz (voir figure 5.3). L'objet subit maintenant une translation 3D le long de l'axe des Ox et sa projection est illustrée figure 5.3(c). L'image qui en résulte semble similaire à celle obtenue par la suite de transformations successives suivantes : rotation 3D autour de l'axe Oy de l'objet initial, puis projection suivie d'une translation selon l'axe Ox (il s'agit cette fois d'une translation 2D) et d'un changement d'échelle, voir figure 5.3(d) and 5.3(e). Ceci n'est en fait pas une équivalence à cause du type de projection utilisée, le modèle sténopé, produisant un effet de perspective déformant la projection.

Nous allons cependant utiliser cette approximation, elle sera justifiée plus précisément section 5.4, car elle permet de réduire drastiquement le nombre d'images DRRs générées.

5.3.4.2 Plan de génération des DRRs

Sans perte de généralité, nous considérons une image portale $\boldsymbol{I}$ acquise à partir d'un point de vue situé le long de l'axe Oz, avec la matrice de projection p. L'espace de recherche défini par Ω est réduit à seulement deux dimensions en ne considérant que les paramètres ϕ et ψ (rotations[2] autour de Oy et Ox). Suivant une précision choisie, un ensemble discret $\{\phi_m, \psi_n\}$ de paramètres est alors créé. Il est utilisé pour générer l'ensemble Γ des DRRs pré-calculées. Chaque image de Γ est notée $\boldsymbol{D}_{m,n} = p(T_{n,m}(\boldsymbol{V}))$, et correspond au rendu volumique du volume $\boldsymbol{V}$ ayant subi la transformation $T_{m,n}(\boldsymbol{V}) = r_{\phi_m} r_{\psi_n}(\boldsymbol{V})$.

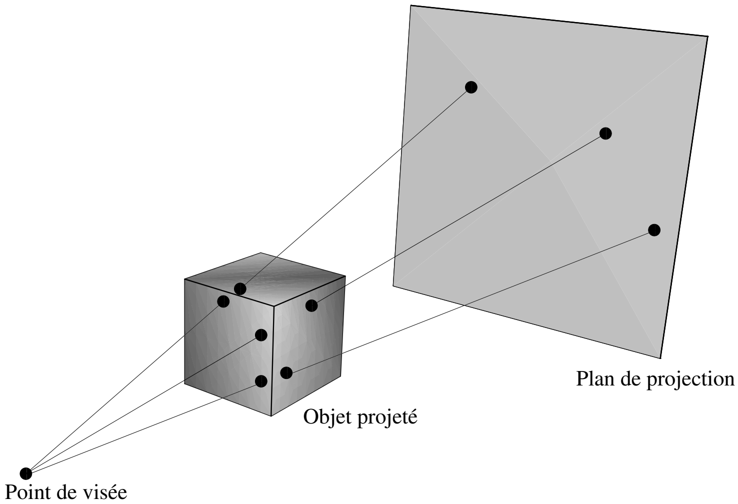
Remarques : en pratique, le déplacement du volume est simulé en changeant les paramètres du centre et de l'angle de visée dans la matrice de projection, évitant ainsi un ré-échantillonnage coûteux. Notons enfin, que Nikou [Nik99], dans le cadre du recalage d'images, utilise également une discrétisation de l'espace de recherche, mais dans le but de permettre l'application d'un algorithme d'optimisation stochastique.

5.3.4.3 Recherche de l'image la plus adéquate

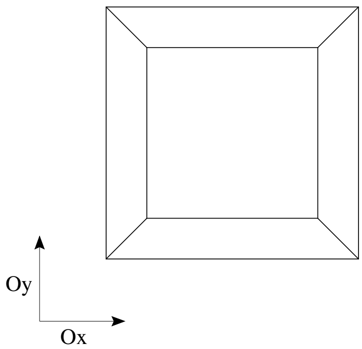
Ensuite, une recherche par le contenu est effectuée sur cet ensemble Γ afin d'extraire l'image *la plus similaire* à l'image portale. Cette image est définie comme étant celle pour laquelle la valeur de la mesure de similarité est maximale lorsque les images sont recalées.

Dans notre première approche et afin de valider nos hypothèses de départ, la recherche par le contenu est exhaustive : un recalage iconique avec l'image portale $\boldsymbol{I}$ est effectué pour chaque image $\boldsymbol{D}_{m,n} \in \Gamma$. Afin d'effectuer moins de recalages, il serait possible de proposer une stratégie de recherche plus fine, par exemple guidée par un algorithme de minimisation classique ou stochastique. Néanmoins, une telle recherche ne pourrait conduire qu'à un résultat d'une précision inférieure ou égale à celle obtenue par recherche exhaustive. C'est pourquoi nous préférons dans un premier temps, explorer l'ensemble des images afin d'avoir l'assurance d'utiliser par la suite la meilleure image à notre disposition.

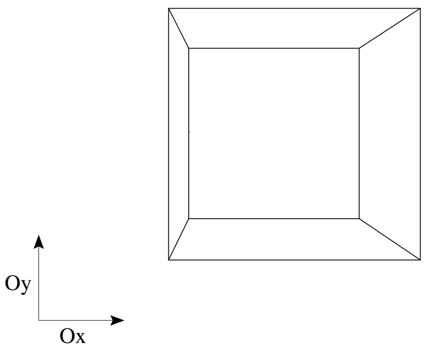
2. rotations *hors-plan*, ou *out-of-plane rotations* en anglais



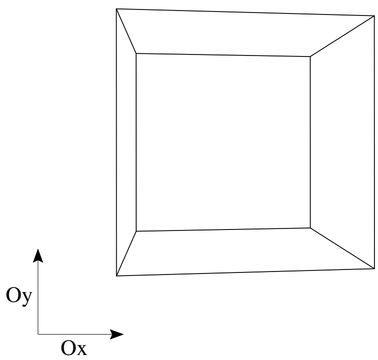
(a) Protocole de la simulation



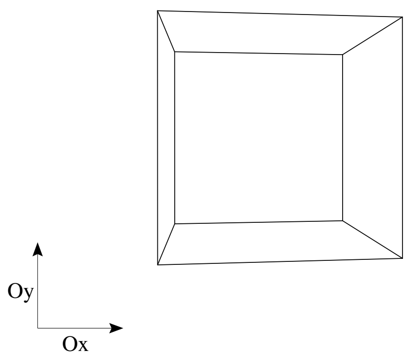
(b) Vue de face d'un cube



(c) Translation Ox (3D), puis projection



(d) Rotation 3D autour de l'axe Oy ...



(e) ... suivie d'un changement d'échelle et d'une translation 2D

FIG. 5.3 – *Comparaison entre le déplacement 3D d'un cube et une série de transformations 3D/2D*

La transformation 2D obtenue lors du recalage entre $\boldsymbol{I}$ et $\boldsymbol{D}_{m,n}$ est notée $\tilde{R}_{m,n}$:

$$\tilde{R}_{m,n} = \arg\max_{R} \mathcal{S}\Big(R(\boldsymbol{D}_{m,n})\,,\boldsymbol{I}\Big) \tag{5.3}$$

Le choix de l'image *la plus proche* de $\boldsymbol{I}$ parmi l'ensemble des DRRs, notée $\tilde{\boldsymbol{D}}$, est définit par :

$$\tilde{\boldsymbol{D}} = \arg\max_{\boldsymbol{D}_{m,n}} \mathcal{S}\Big(\tilde{R}_{m,n}(\boldsymbol{D}_{m,n}),I\Big) \tag{5.4}$$

Par la suite, nous allons exploiter le *second* résultat de cette étape. En effet, étant donnée la mesure de la similarité de l'image $\tilde{\boldsymbol{D}}$ avec $\boldsymbol{I}$, nous allons utiliser la transformation 2D notée $\tilde{R}$ résultant du *meilleur* recalage :

$$\tilde{R} = \arg\max_{\tilde{R}_{m,n}} \mathcal{S}\Big(\tilde{R}_{m,n}(\tilde{\boldsymbol{D}}),\boldsymbol{I}\Big) \tag{5.5}$$

Afin de simplifier les notations, les différentes étapes ont été décrites uniquement pour une seule image portale $\boldsymbol{I}$. Cependant, plusieurs images sont généralement disponibles, correspondant à différentes prises de vues (nous notons p_i les matrices de projections correspondantes). Les étapes de générations d'images candidats et de recalages doivent ainsi être effectuées pour chaque image portale. Le résultat de l'équation 5.5 pour la $i^{\text{ème}}$ prise de vue est noté $\tilde{R}_i$.

5.3.4.4 Minimisation

Finalement, la dernière étape de la méthode consiste en une optimisation géométrique à l'aide d'un ensemble prédéterminé de points $\boldsymbol{H} \subset \mathbb{R}^3$. Cet ensemble peut être un échantillon d'une région d'intérêt correspondant à la tumeur visée et délimitée par le médecin, ou bien un ensemble de points quelconque également répartis dans le volume $\boldsymbol{V}$. La transformation finale T est donc celle qui conduit à l'ensemble de points projetés le plus proche possible de ceux observés :

$$T = \arg\min_{T} \sum_{i} \sum_{\boldsymbol{x}\in\boldsymbol{H}} \Big(\tilde{R}_i(p_i(T_{n,m}(\boldsymbol{x}))) - p_i(T(\boldsymbol{x})\Big)^2 \tag{5.6}$$

A titre de comparaison, dans l'approche précédente développée et décrite dans [Fes99, FSM99] (voir section 5.2.2), l'*unique* procédure de recalage par prise de vue conduisait à une transformation 2D notée $R_i = \tilde{R}_{0,0}$ et la procédure de minimisation était :

$$T = \arg\min_{T} \sum_{i} \sum_{\boldsymbol{x}\in\boldsymbol{H}} \Big(R_i(p(\boldsymbol{x}))) - p_i(T(\boldsymbol{x})\Big)^2 \tag{5.7}$$

Toutes les procédures d'optimisation de ce chapitre sont effectuées par l'algorithme de Powell-Brent décrit section 1.3.3. La section suivante est consacrée à l'étude, à l'aide d'une simulation numérique, de l'amélioration apportée par cette méthode.

5.4 Justification géométrique

5.4.1 Matériels et méthodes

Dans le but d'illustrer les avantages de cette nouvelle approche en terme de précision, nous présentons la série de tests suivants. Le principe est de simuler numériquement sur des données purement géométriques les étapes précédemment décrites.

Cette simulation nous permet ainsi de connaître précisément les déplacements à retrouver et d'évaluer quantitativement l'erreur commise par les approximations et hypothèses effectuées.

Les images DRRs et portales sont ainsi remplacées par un ensemble de points projetés avec différents paramètres. Soit $\boldsymbol{H} \subset \mathbb{R}^3$ cet ensemble et T_r la transformation de référence, c'est-à-dire la déplacement du patient à retrouver. On note p la matrice de projection correspondante à celle utilisée pour le modèle géométrique de l'appareil d'acquisition des MVIs. L'image portale est alors remplacée par $p(T_r(\boldsymbol{H}))$ et les images (DRR) issues d'une transformation T du volume deviennent : $p(T(\boldsymbol{H}))$.

Comme nous traitons un ensemble de points *sans intensité*, les procédures de recalage utilisées par notre méthode (équation 5.3) sont remplacées par des optimisations quadratiques classiques, c'est-à-dire dont le critère de similarité $\mathcal{S}$ est la somme des distances entre chaque point *homologue* (un même ensemble de points $\boldsymbol{H}$ utilisé pour les deux projections). Formellement, une minimisation — et non une maximisation car le critère n'est pas une similarité mais une distance — pour une transformation T donnée, est de la forme :

$$R_T = \arg\min_R \sum_{\boldsymbol{x} \in \boldsymbol{H}} \Big(R(p(T(\boldsymbol{x}))) - p(T_r(\boldsymbol{x})) \Big)^2 \tag{5.8}$$

Évaluation de l'erreur Soit T_1 l'estimation du déplacement du patient trouvée par l'approche précédente avec un seul recalage (voir équation 5.7) et soit T_2 celle résultant de notre nouvelle méthode (équation 5.6). Comme il s'agit d'une simulation dont nous maîtrisons tous les paramètres, il est possible de calculer une erreur entre la transformation de référence T_r et celle trouvée par l'une ou l'autre méthode, T_1 ou T_2. Soit $\boldsymbol{K} \subset \mathbb{R}^3$ un ensemble de points non nécessairement égal à $\boldsymbol{H}$, nous employons l'erreur ε_i (avec $i \in \{1,2\}$) entre les points de $\boldsymbol{K}$ transformés par T_i et par T_r (racine carrée de la moyenne quadratique des distances, ou erreur RMS, voir chapitre 2, section 2.3.1.1) :

$$\varepsilon_i \quad = \quad \sqrt{\frac{1}{|\boldsymbol{K}|} \sum_{\boldsymbol{x} \in \boldsymbol{K}} \Big(T_i(\boldsymbol{x}) - T_r(\boldsymbol{x}) \Big)^2} \tag{5.9}$$

Cette erreur doit être considérée de manière *relative*, dans le but de comparer les différentes méthodes. Elle ne fournit pas une valeur *absolue* de l'écart vis à vis de la transformation de référence car elle dépend de $\boldsymbol{K}$. Néanmoins, les tests suivants ont été effectués avec les paramètres *réels* des matrices de projection (distance patient-caméra, focale) correspondant à la situation clinique étudiée.

5.4.2 Influence des translations

Nous considérons tout d'abord l'évolution de l'erreur suivant une translation croissante du patient le long de l'axe Ox (nous considérons toujours une ligne de visée parallèle à Oz). Dans la figure 5.4, la première courbe représente l'erreur ε_1 correspondant à la première méthode en fonction de cette translation. La première constatation est que cette erreur croit logiquement avec l'amplitude du déplacement (changement de point de visée et effet de perspective).

Les deux autres courbes montrent l'erreur ε_2, de la nouvelle méthode utilisant un ensemble $T_{n,m}$ de transformations discrètes pré-calculées égal à $[-4;+4]$ degrés pour les deux types de rotations, avec un pas de discrétisation de 1° pour la seconde courbe et de 0.5° pour la troisième. Dans les deux cas, l'erreur est très faible comparée à ε_1

et oscille en fonction de l'ensemble discret des rotations. Bien entendu, l'erreur est moindre pour un pas de discrétisation plus fin. De plus, ce test montre également que la précision ne dépend pas *uniquement* de l'ensemble des rotations pré-calculées, parce que l'erreur croit quand même en fonction de la translation. Cependant cette augmentation est largement plus faible qu'en ne considérant une seule image DRR : les rotations corrigent l'essentiel de l'erreur commise en effectuant un recalage *rigide* entre des projections à effets de perspectives.

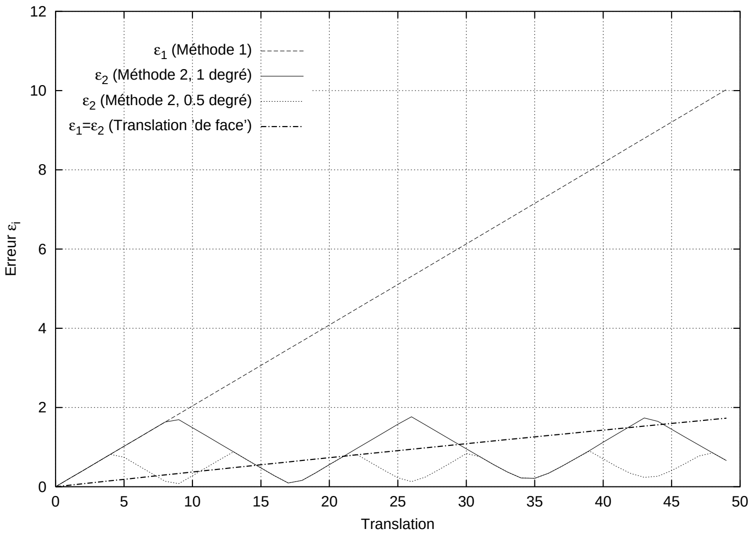


FIG. 5.4 – *Erreur des déplacements estimés par différentes méthodes en fonction de translations de* $\boldsymbol{H}$

Enfin, l'erreur due à la translation le long de l'axe Oz (face à la caméra) est représentée par la quatrième et dernière courbe de la même figure. Cette erreur n'est pas corrigée par la nouvelle méthode et donc $\varepsilon_1 = \varepsilon_2$. Néanmoins, son influence est faible comparée aux autres paramètres (distance patient-caméra élevée par rapport à la taille de l'objet). Les translations le long de l'axe Oy conduisent évidemment à des résultats identiques qui ne sont pas reportés ici.

5.4.3 Influence des rotations

De la même manière que les tests précédents, la figure 5.5 présente les erreurs ε_1 et ε_2 en fonction de rotations autour de l'axe Ox, de $0°$ à $30°$. Dans ce cas, la précision dépend uniquement de la finesse de discrétisation de l'ensemble des rotations pré-calculées. De plus, pour une rotation face à la caméra, *i.e.* autour de l'axe Oz, les deux méthodes sont équivalentes puisque cette rotation peut être *exactement* retrouvée par la procédure de recalage : il n'y a pas de déformations perspectives. Cela n'est valide que si cette rotation est la *dernière* effectuée parmi les trois rotations de l'équation 5.1.

5.4.4 Influence d'un déplacement composé

Notre dernier test consiste à représenter l'erreur de chaque méthode en fonction d'une transformation de référence *complexe* : nous débutons par l'ensemble de paramètres

$$\Omega_0 = \{\tau_x = 0, \tau_y = 0, \tau_z = 0, \theta = 0, \phi = 0, \psi = 0\}$$

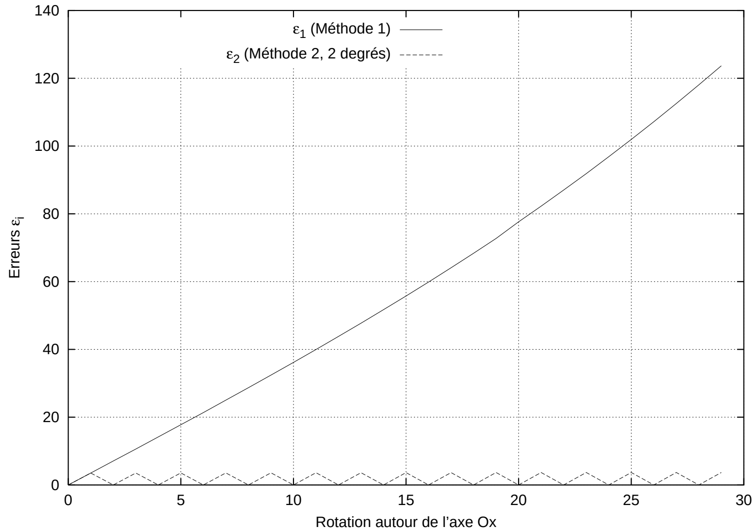


FIG. 5.5 – *Erreur des déplacements estimés par différentes méthodes en fonction de rotations de* $\boldsymbol{H}$

et augmentons l'amplitude du déplacement par itération régulière de chaque paramètre jusqu'à

$$\Omega_{30} = \{\tau_x = 30, \tau_y = 30, \tau_z = 30, \theta = 6°, \phi = 6°, \psi = 6°\}$$

Pour ce test, la précision des rotations pré-calculées est de 1°.

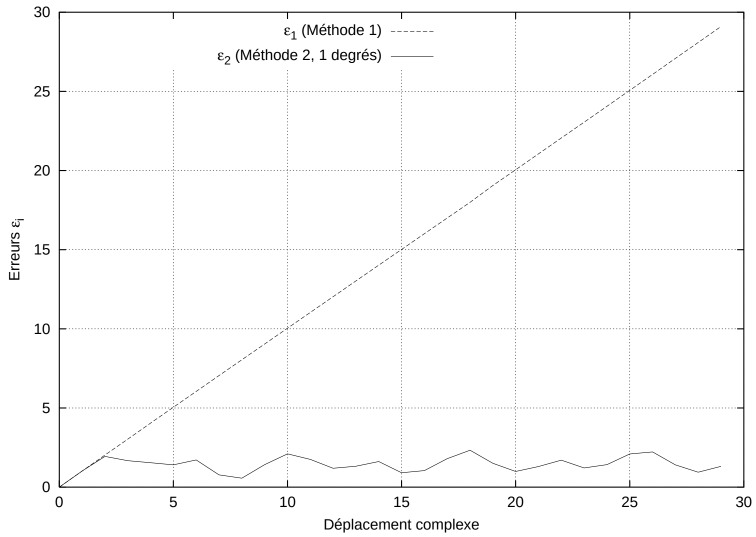


FIG. 5.6 – *Erreur des déplacements estimés par différentes méthodes en fonction de transformations composées*

Encore une fois, ces expériences confirment l'avantage de prendre en considération les deux rotations le long d'axes perpendiculaires à l'axe de visée, r_ϕ et r_ψ, car c'est de là que provient l'essentiel de l'erreur d'approximation de projection 3D par une transformation rigide 2D. Cependant, ces tests confirment uniquement la partie *géométrique* de notre approche, il reste maintenant à tester la validité de l'hypothèse selon laquelle une mesure de similarité peut être utilisée pour sélectionner la meilleure image.

5.5 Évaluations expérimentales

Les bonnes perspectives de précision que nous laisse entrevoir la section précédente dépendent de deux conditions. La première concerne la capacité à extraire l'image $\tilde{\boldsymbol{D}}$ de l'ensemble Γ qui est la plus similaire à l'image portale $\boldsymbol{I}$. La deuxième condition est liée à la première, il faut que le recalage entre $\tilde{\boldsymbol{D}}$ et $\boldsymbol{I}$ conduise à la transformation $2D$ la plus correcte possible. Le point clé de cette méthode réside donc dans le recalage par mesure de similarité et dans la capacité de cette mesure à comparer différents *couples* d'images. Les sections qui suivent présentent donc différentes séries d'expérimentations sur diverses images.

5.5.1 Matériels et méthodes

Images

Nous disposons d'un volume scanner centré sur le bassin d'un patient (voir figure 5.1 page 98), ayant servi il y a quelques années au traitement d'un cancer de la prostate. Comme nous ne disposons pas d'informations sur les déplacements du patient ayant généré les images MVI à notre disposition, nous avons décidé de les *simuler* afin de pouvoir contrôler les déplacements à retrouver. Les pseudo-MVI sont ainsi crées par rendus volumiques puis dégradées de manière importante correspondant à l'ajout d'un bruit Gaussien de forte amplitude. Ce système nous permet également de générer des prises de vues orthogonales, désignées par *vue de face*, image notée $\boldsymbol{I}_1$, et *vue de profil*, image notée $\boldsymbol{I}_2$, comme c'est le cas en situation clinique. La figure 5.7 présente les versions normale puis bruitée des rendus volumiques de chaque vue.

Déplacements simulés du patient

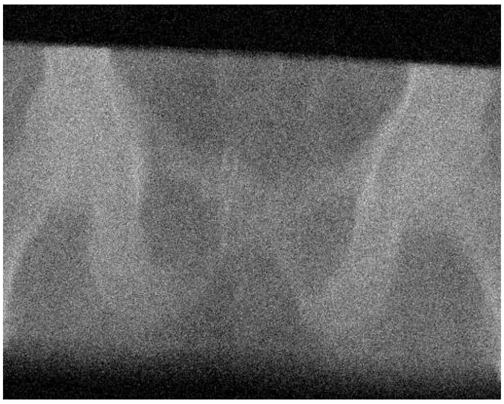
L'amplitude maximale des erreurs de placement du patient est de l'ordre du centimètre et de quelques degrés [Vas98]. Plus précisément, une étude décrite par Mock *et al.* dans [MDW+99], montre que dans 95% des cas, des marges de sécurité de $1\,cm$ sont suffisantes. Environ 85% des déplacements observés impliquent des translations inférieures à $6\,mm$; quant aux rotations, difficiles à estimer, les valeurs maximales sont autour de 3°. Des transformations correspondant à cet ordre de grandeur ont donc été appliquées au volume afin de générer les *pseudo*-MVI. Il s'agit de transformations délicates à retrouver car elles impliquent des combinaisons de rotations hors-plan, engendrant plusieurs types de déformations. Ce type de rotation est rarement pris en compte lors des études de cas proposées dans la littérature alors qu'il correspond à une situation réelle. Nous avons montré ces images (pseudo-MVI et DRR de référence) à un radiothérapeute professionnel qui s'est déclaré incapable de retrouver correctement le déplacement du patient.

Génération des DRR candidats

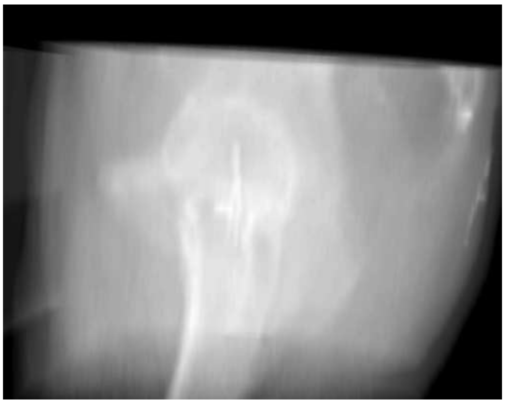
Suivant notre démarche, décrite section 5.3.4.2, deux ensembles Γ_1 (vue de *face*) et Γ_2 (vue de *profil*) ont été générés. Les ensembles discrets des paramètres des rotations pré-calculées $T^1_{n,m} = r_{\phi_m} r_{\psi_n}$ et $T^2_{n,m} = r_{\theta_m} r_{\phi_n}$ ont été choisis de la manière suivante :

$$\{\phi_m\} = \{\psi_n\} = [-7°; +7°] \text{ pour } \Gamma_1$$
$$\text{et } \{\theta_m\} = \{\phi_n\} = [-7°; +7°] \text{ pour } \Gamma_2$$

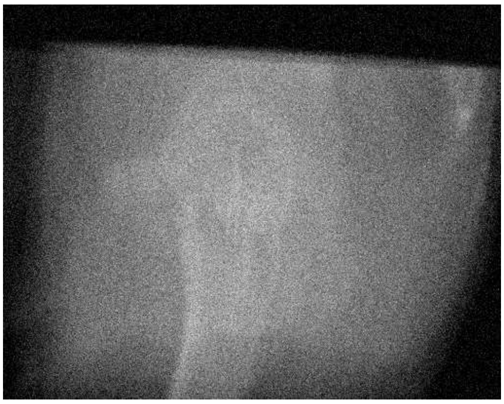
(a) Rendu volumique normal (vue de face)



(b) Rendu volumique bruité (vue de face)



(c) Rendu volumique normal (vue de profil)



(d) Rendu volumique bruité (vue de profil)

FIG. 5.7 – pseudo-*MVI utilisées lors des tests*

Le pas d'échantillonnage est de 1°, ce qui correspond à 225 images par ensemble, notées $\boldsymbol{D}^1_{m,n}$ et $\boldsymbol{D}^2_{m,n}$. Notons, que les pseudo-MVI ne correspondent à *aucune* image des ensembles Γ, même avant qu'elles ne soient dégradées, car les rotations se combinent aux translations et conduisent à des déformations qui ne sont pas présentes dans ces ensembles. Les figures 5.8 et 5.9 montrent un échantillon de ces deux ensembles.

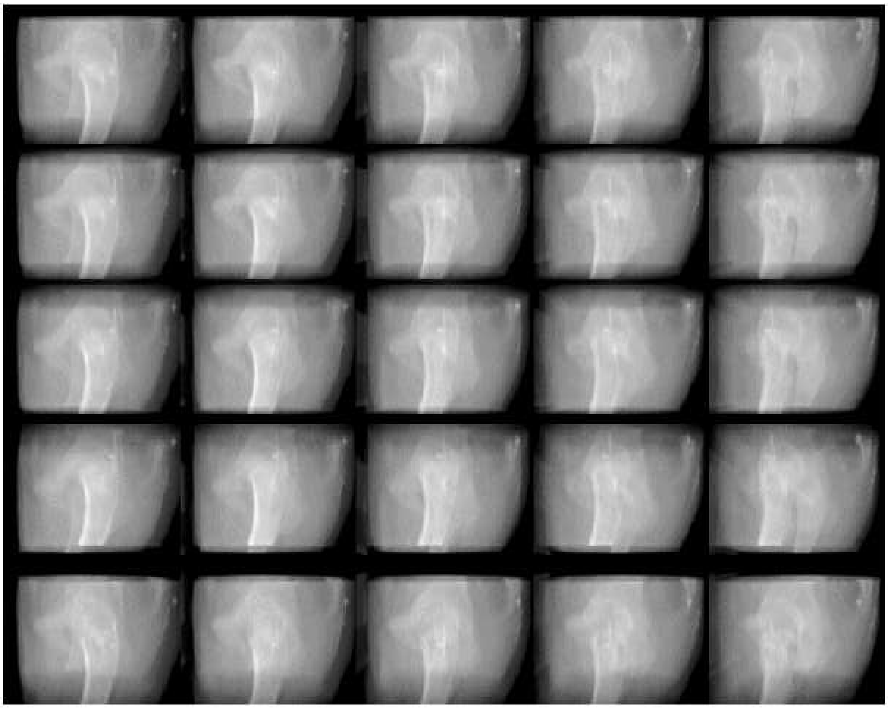


FIG. 5.8 – *Échantillon de l'ensemble* Γ_1 *(vue de profil)*

Paramètres des recalages

L'ensemble des recalages 2D entre les images portales simulées et chaque DRR est ensuite effectué. Il est important de choisir, non seulement la même *mesure de similarité* $\mathcal{S}$ pour chaque mise en correspondance, mais également la même *procédure d'interpolation*. En premier lieu parce que $\mathcal{S}$ va servir de critère de comparaison entre *couples* d'images, de la même manière que lors des tests expérimentaux de requêtes par le contenu présentés section 2.3.2. D'autre part, nous avons vu au chapitre 3 l'importance que revêt l'interpolation dans le résultat et les modifications du critère qu'elle implique. Nous avons choisi dans un premier temps l'information mutuelle normalisée (u de Theil) et l'interpolation par volume partiel. Le choix de la mesure de similarité est ici uniquement basé sur des critères expérimentaux, mais fera l'objet de futures études.

Quant aux autres paramètres des procédures de recalages, essentiellement critère d'arrêt et valeur de tolérance de la procédure d'optimisation, ils ont été fixés au préalable et sont également identiques pour tous les recalages.

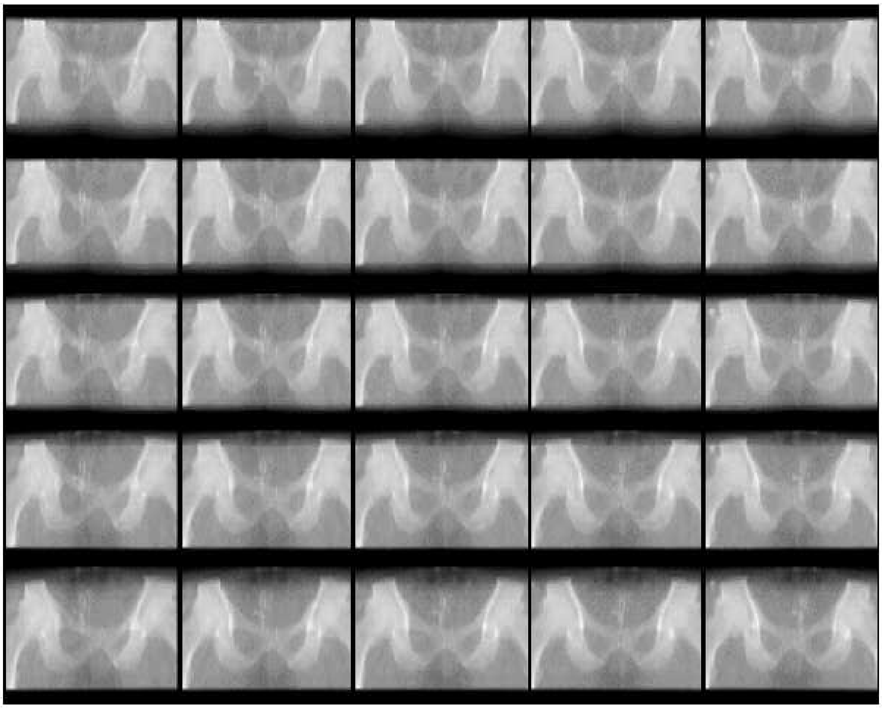


FIG. 5.9 – *Échantillon de l'ensemble* Γ_2 *(vue de face)*

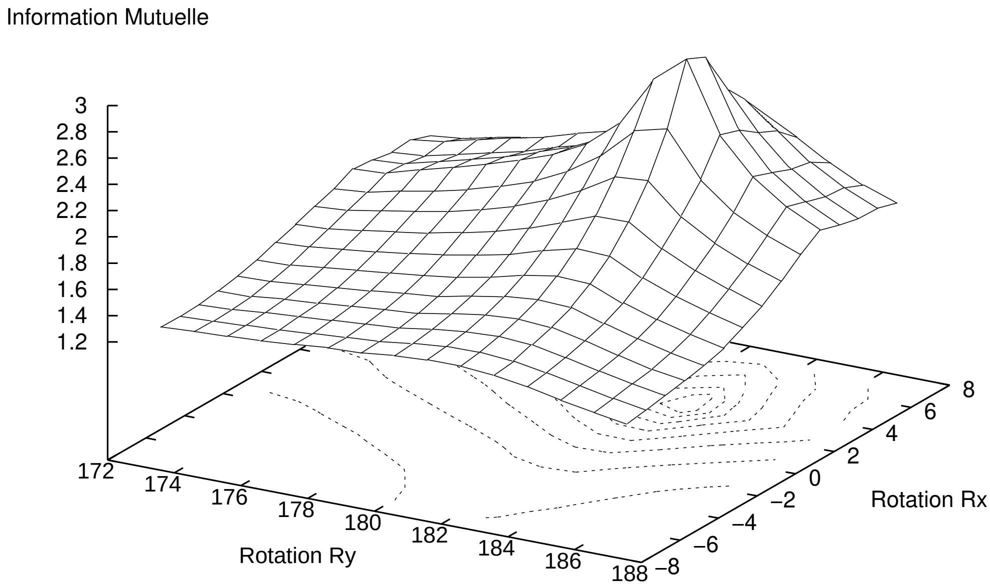
5.5.2 Résultats

Nous présentons successivement les deux étapes de la méthode : résultats des séries de *recalages* et résultats des *minimisations*.

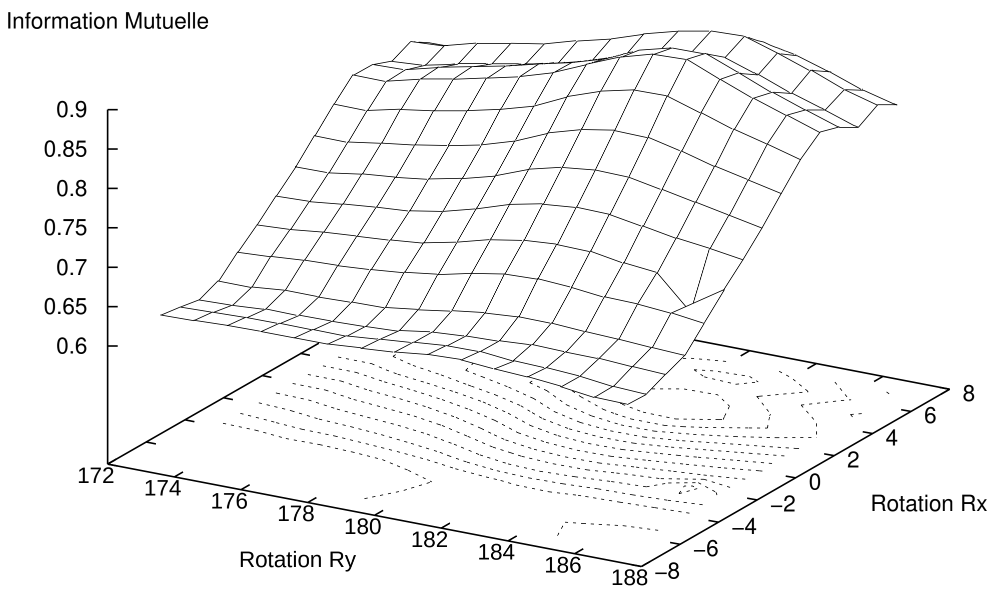
5.5.2.1 Étapes de recalages

Soit $\mathcal{S}^i_{n,m} = \mathcal{S}(\tilde{R}^i_{m,n}(\boldsymbol{D}^i_{m,n}), \boldsymbol{I}_i)$ la valeur de la mesure de similarité lors de la convergence du recalage entre $\boldsymbol{D}^i_{m,n}$ et $\boldsymbol{I}_i$, avec i égal à 1 (vue de face) ou 2 (vue de profil). Afin de juger des effets de la dégradation appliquée aux images, nous présentons les valeurs $\mathcal{S}^i_{n,m}$ sur l'axe vertical en fonction des rotations sur les axes horizontaux, pour les deux types d'images, avec et sans bruit, ainsi que pour les deux points de vue (profil figure 5.10 et face 5.11). Le déplacement dont les résultats sont présentés sous cette forme correspond à des translations de 6 mm selon chaque axe, et à 3° selon les trois rotations. Seuls les résultats de ce déplacement sont présentés dans cette section car les autres, étudiés section suivante, conduisent à des figures similaires.

Plusieurs enseignements peuvent être tirés de ces figures. Nous constatons tout d'abord que la valeur de la mesure de similarité $\mathcal{S}$ varie régulièrement en fonction des rotations et qu'il y a un point optimal bien défini. Ensuite, les dégradations des images entraînent une certaine uniformisation des valeurs $\mathcal{S}_{n,m}$ qui est bien entendu plus faible. L'échelle des valeurs du critère est d'environ de 1.2 à 3 lorsque les images ne sont pas bruitées, et de 0.6 à 0.9 lorsqu'elles le sont. Cependant, l'essentiel de cette étape est préservé, les maxima correspondent aux mêmes paramètres de rotations que

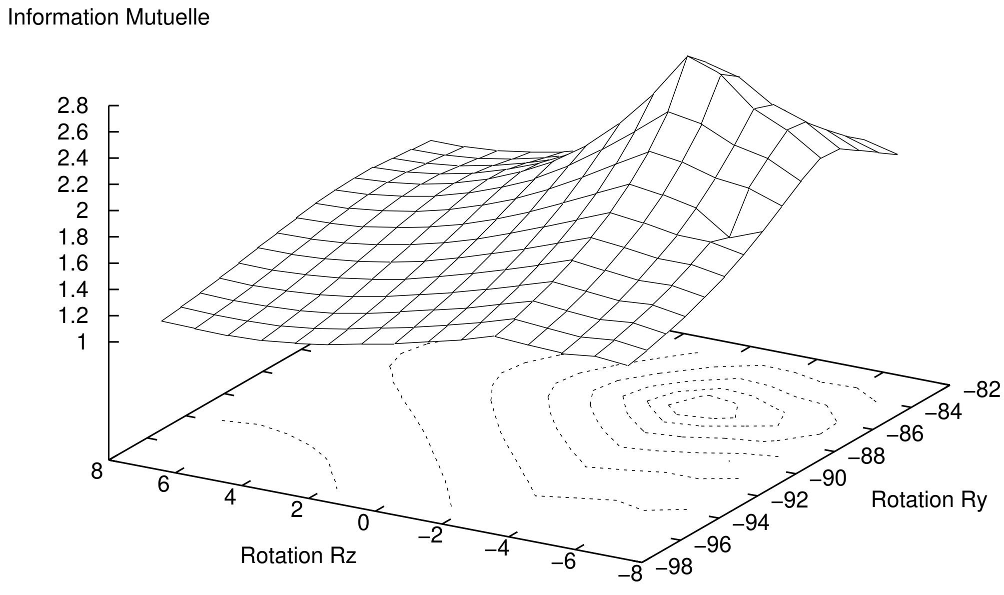


(a) Image non-bruitée

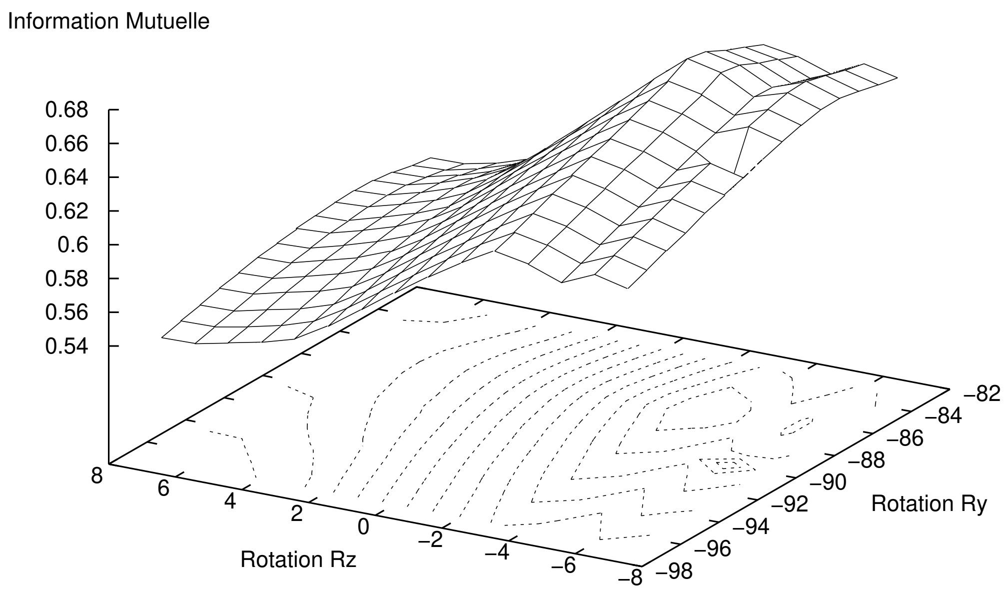


(b) Image bruitée

FIG. 5.10 – *Résultats des recalages en fonction de ϕ_m et ψ_n, vue de profil*



(a) Image non-bruitée



(b) Image bruitée

FIG. 5.11 – *Résultats des recalages en fonction de θ_m et ϕ_n, vue de face*

ceux obtenus avec les images non-bruitées.

Nous remarquons également que l'influence des deux types de rotations sur la valeur du critère de similarité n'est pas identique : par exemple, celui-ci diminue plus fortement pour les rotations autour de l'axe Oz que pour celles autour de l'axe Oy. Cela est cependant sans incidence sur la suite de la méthode, puisque seul le recalage correspondant à la valeur maximale sera utilisé.

Remarque : comme il ne s'agit pas ici de véritables images MVI, on peut se demander si le même phénomène de régularité est similaire en situation réelle. Pour le vérifier, des tests de mêmes natures ont été effectués avec de véritables MVI. Nous avons ainsi utilisé un objet artificiel spécifique, représentant (vaguement, avouons-le) un bassin. Cet objet, composé de tubes et de plaques de plexiglas, a été construit par les médecins du centre Léon Bérard sur la demande de M. Feschet. Un scanner X et plusieurs images MVI ont été acquises à partir de ce fantôme, voir figure 5.12 (page 115).

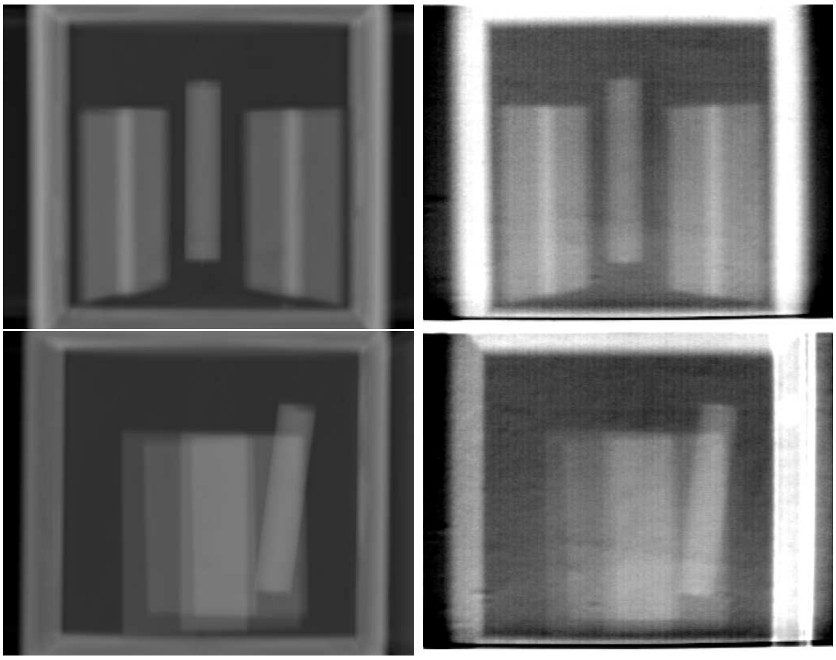


FIG. 5.12 – *DRR et MVI de l'objet artificiel*

Par contre, nous ne connaissons que de manière imprécise les déplacements de l'objet artificiel correspondant aux acquisitions MVI, c'est pourquoi les étapes suivantes de la méthode n'ont pas été réalisées sur cet ensemble d'images. Nous mentionnons la série de tests suivante pour illustrer le fait que les recalages conduisent bien à une variation régulière du critère de similarité autour d'un unique maximum, voir figure 5.13 page 116.

De la même manière qu'avec les images précédentes, l'influence sur le critère des rotations autour de l'axe Ox est plus importante que pour les rotations autour de Oy.

Conclusion de la première étape

Il apparaît donc que la recherche basée sur le contenu parmi l'ensemble des images candidats est pertinente, malgré les déformations des images : le critère de similarité

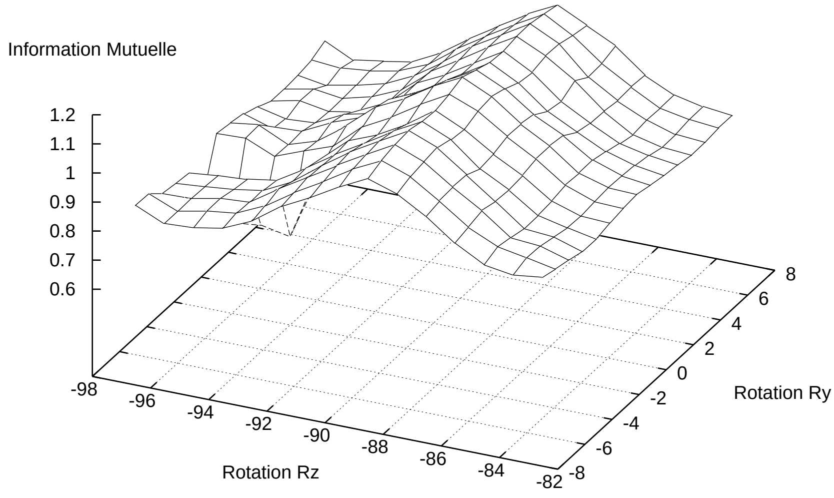


FIG. 5.13 – *Résultat des recalages en fonction de ϕ_m et ψ_n*

permet de distinguer des ensembles Γ_i les images les plus similaires aux images portales. Dans la section suivante, nous montrons que les images ainsi déterminées et notées $\tilde{\boldsymbol{D}}$, permettent à l'étape de minimisation de retrouver une estimation très correcte du déplacement du patient.

5.5.2.2 Étape de minimisation

À la suite de la première étape, l'étape de minimisation définie équation 5.6 est appliquée dans le but de trouver l'estimation finale du déplacement. Cette étape utilise uniquement les résultats des recalages conduisant aux valeurs maximales de $\mathcal{S}^i_{n,m}$, *i.e.* les maxima des figures précédentes, vues de face et de profil. Afin d'évaluer la précision de la méthode, l'erreur RMS est calculée entre l'estimation du déplacement et la transformation de référence. De plus, l'ensemble de la procédure (recalages, minimisation, calcul de l'erreur) a été effectuée pour plusieurs déplacements de référence. Le tableau 5.1 résume ces résultats, les translations sont indiquées en millimètres et les rotations en degrés.

La première constatation est que le déplacement de référence est retrouvé de manière très précise, la plupart du temps avec moins de 1 mm ou de 1° d'erreur. Notons que *tous* les déplacements testés comportent des rotations hors-plan et des translations simultanées de l'ordre du centimètre ce qui, d'après [MDW+99], est supérieur à la grande majorité des déplacements réellement observés. De plus, les estimations pour des images fortement bruitées ne sont que légèrement affectées par cette dégradation. Les procédures de recalage sont en effet robustes et produisent dans les deux cas des transformations 2D équivalentes ou très proches. Cependant, lorsqu'une différence non négligeable de résultats, par exemple pour la dernière ligne du tableau, est observable, c'est que la mesure de similarité n'a pas conduit à la sélection de la meilleure image dans l'ensemble Γ. Enfin, pour des déplacements plus importants, la précision du déplacement obtenu, bien qu'acceptable, décroit.

La précision indiquée ici n'est qu'une première évaluation de la méthode propo-

Images	τ_x	τ_y	τ_z	R_x	R_y	R_z	Erreur ε
Référence	-6	-6	-6	-3	-3	-3	0
Non bruitées	-6.02	-5.88	-5.30	-2.73	-3.05	-2.80	0.676
Bruitées	-6.00	-6.10	-5.29	-2.76	-3.06	-2.81	0.685
Référence	-4	6	6	-3	4	5	0
Non bruitées	-4.53	5.52	5.20	-3.06	3.77	5.13	0.842
Bruitées	-4.48	4.66	5.19	-2.94	3.85	5.16	1.518
Référence	16	11	-6	-4	-3	-4	0
Non bruitées	15.24	11.09	-3.92	-3.96	-2.83	-4.00	0.874
Bruitées	15.21	10.17	-4.06	-4.09	-2.80	-4.03	1.220
Référence	-10	-10	-6	-4	-5	-6	0
Non bruitées	-9.16	-10.96	-6.10	-3.89	-4.72	-6.38	1.547
Bruitées	-9.08	-10.88	-7.82	-4.26	-4.88	-6.01	1.336
Référence	6	-14	-12	-3	-2	-2	0
Non bruitées	7.96	-13.77	-11.90	-2.54	-1.84	-1.90	1.954
Bruitées	8.37	-15.35	-13.86	-3.52	-2.75	-2.27	3.104

TAB. 5.1 – *Déplacements estimés et erreurs par rapport au déplacement de référence*

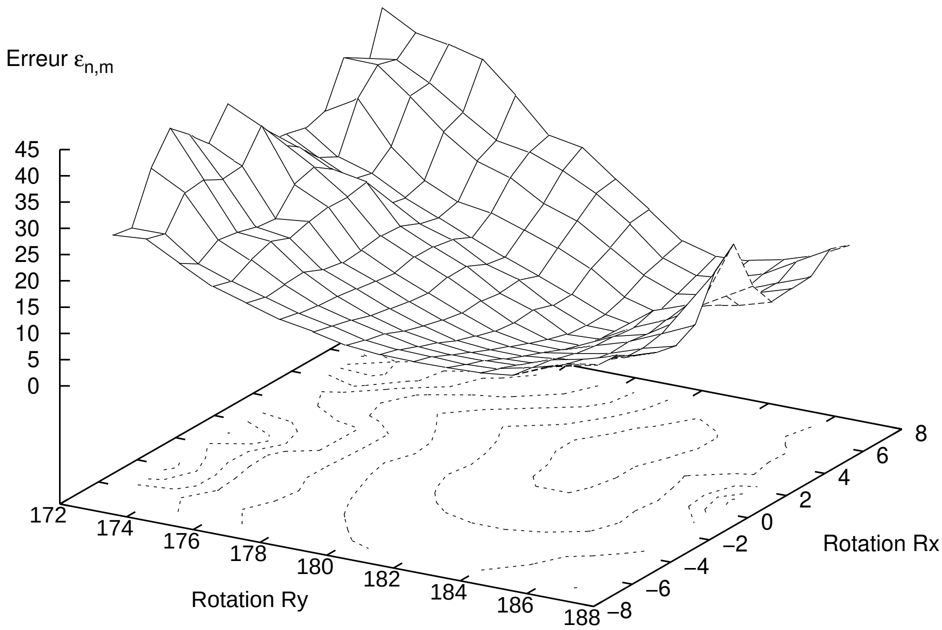
sée. En effet, en diminuant le pas de discrétisation des paramètres de rotations lors de la génération des images candidates (égal à 1° dans nos tests), il est probable qu'une précision supérieure pourrait être atteinte (voir les simulations numériques section 5.4). Bien entendu, cela augmenterait par contre la taille des ensembles Γ et donc le nombre de recalages a effectuer.

Notons enfin que deux vues (face et profil) ont été utilisées pour l'ensemble de la procédure. Bien que l'apport d'une seconde acquisition est toujours positive sur la précision de l'estimation, dans plusieurs cas, *une seule vue* conduit à un déplacement acceptable. Il serait peut être intéressant à plus long terme d'étudier cette voie, car elle permettrait ainsi de réduire le volume de la dose d'irradiation reçue par le patient.

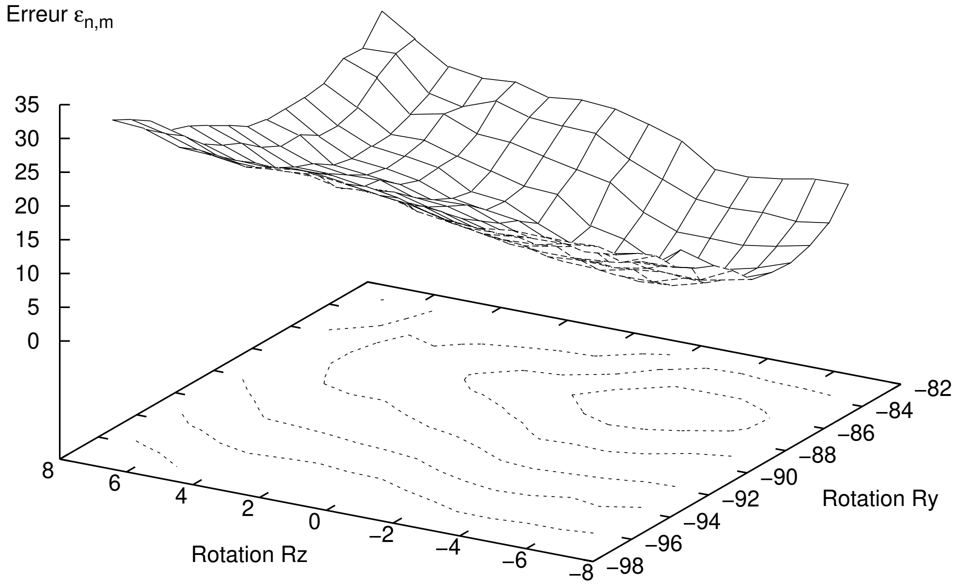
5.5.2.3 Corrélation entre la précision et le critère de similarité

Nous avons formulé l'hypothèse selon laquelle l'image de l'ensemble Γ la plus *adéquate* est celle conduisant à la valeur maximale de la mesure de similarité, l'image $\tilde{\boldsymbol{D}}$. Pour l'illustrer, nous avons effectué l'étape de minimisation pour *toutes* les transformations résultant de l'*ensemble* des recalages et non pas uniquement pour le recalage avec $\tilde{\boldsymbol{D}}$. Ainsi, à chaque recalage correspond une estimation $\tilde{R}_{m,n}$ du déplacement du patient. Comme le déplacement exact est parfaitement connu, nous calculons pour chacune de ces estimations l'erreur quadratique moyenne, notée $\varepsilon_{m,n}$. La figure 5.14 présente deux exemples de ces expériences (les autres tests présentent des comportement similaires), en affichant l'erreur $\varepsilon_{m,n}$ en fonction de l'ensemble de rotations, de la même manière que les figures précédentes présentaient le critère $\mathcal{S}_{n,m}$.

Nous observons alors que le recalage avec $\tilde{\boldsymbol{D}}$ conduit bien à l'estimation la plus intéressante de l'ensemble, c'est à dire celle dont l'erreur est minimale. De plus, l'aspect de la courbe des erreurs présente de fortes corrélations avec celle des mesures $\mathcal{S}_{n,m}$, en particulier autour des valeurs extrêmes : quand la valeur de la mesure de similarité est élevée, l'erreur est faible. Cela permet ainsi d'envisager l'utilisation d'une procédure de recherche dans l'ensemble Γ non nécessairement *exhaustive*. En effet, même si cette procédure de recherche échoue et ne conduit pas au maximum de $\mathcal{S}_{n,m}$ mais à une valeur *proche*, l'estimation du déplacement que donnera la procédure de minimisation sera quand même *proche* de la transformation voulue. Cela signifie



(a) Image non-bruitée (vue de profil, voir figure 5.10(a))



(b) Image bruitée (vue de face, voir figure 5.11(b))

FIG. 5.14 – *Erreurs $\varepsilon_{m,n}$ en fonction de ϕ_m et ψ_n*

donc que la recherche de l'image $\tilde{\boldsymbol{D}}$ dans l'ensemble Γ supporte une certaine marge d'erreur et peut être accélérée.

5.5.3 Considération temporelle

Dans l'état actuel, cette approche ne rentre pas dans les temps de calcul imposés lors des séances d'irradiation, c'est-à-dire une dizaine de minutes maximum. Cependant, la majorité du temps de calcul réside dans les nombreuses procédures de recalages car l'étape de minimisation est purement géométrique et pratiquement instantanée. Ainsi, en reprenant les mêmes paramètres que lors des tests précédents, 2×225 recalages ont été effectués. En moyenne, un recalage prend environ moins de 30 secondes (tests effectués sous Linux avec un PC 300 Mhz), ce qui conduit à un temps global d'environ 3.75 heures. Néanmoins, plusieurs voies différentes permettent une diminution très importante de ce temps de calcul apparemment élevé.

Tout d'abord, au sein de chaque recalage, différents moyens permettent d'accélérer le processus. Ainsi, comme mentionné au chapitre 4, il est possible d'utiliser la paramétrisation des rotations en trois passes. De plus, cette technique peut être couplée à l'utilisation de la procédure du plus proche voisin à la place de celle par volume partiel, au détriment d'une légère perte de précision. Nous avons utilisé cette approche et obtenu un temps de calcul moyen inférieur à 10 secondes pour une procédure de recalage *complète* (images 2D de taille 512×405, recalages d'environ 200 itérations). De plus, la complexité d'un recalage étant linéaire suivant le nombre de pixels de l'image flottante, il suffit de sous-échantillonner cette dernière pour obtenir un gain supplémentaire de temps. Ne pas utiliser toute l'information de l'image conduit potentiellement à une certaine perte de précision. Cependant, dans les tests que nous avons effectués, avec un seul pixel sur quatre utilisé, la précision obtenue, bien qu'inférieure aux précisions précédentes, leur est tout de même comparable. Il parait donc naturel de sous-échantillonner les images lors des premiers recalages, pour ensuite préciser les paramètres 2D des transformations avec des recalages à pleine résolution, mais uniquement à partir d'images de Γ ayant conduit aux valeurs maximum de la mesure de similarité.

D'autre part, nous effectuons jusqu'à présent une recherche *exhaustive* des ensembles Γ_i, conduisant à autant de recalages que d'images pré-calculées. Comme déjà mentionné, il parait probable, de part la régularité du critère de similarité, qu'une technique de minimisation permettrait d'éviter un bon nombre de recalages. De manière très simple, il suffirait par exemple d'effectuer un recalage sur deux selon chaque paramètre de rotation (discrétisation des rotations de $2°$ au lieu d'un seul), puis d'affiner ensuite le résultat en réalisant quelques autres recalages autour du point maximal trouvé. Cette simple optimisation permettrait de diminuer d'au moins un facteur 4 le nombre de recalages mais sans garantie toutefois sur la maximum trouvé. L'utilisation de véritables techniques d'optimisation, telle que celle de Powell-Brent, fera l'objet de nos prochaines expériences.

Cumulées, les deux techniques qui viennent d'être décrites permettent d'envisager des temps de calcul de l'ordre d'un quart d'heure, environ 100 recalages de 10 secondes, ce qui est compatible avec les contraintes cliniques. Notons enfin, que cette estimation est calculée à partir de temps obtenus sur une station de travail banalisée (un PC), sans aucun matériel spécifique. L'utilisation de techniques parallèles d'imagerie (voir chapitre suivant) permettrait de réduire encore ces temps, permettant également d'augmenter la précision de la méthode.

5.6 Conclusion

L'évaluation de la position 3D d'un objet à partir uniquement de la connaissance de vues projectives est une problématique de traitement et d'analyse d'images qui possède de nombreuses applications : images satellites ou spatiales, de vidéos ou photographies de scènes. Dans ce chapitre, nous avons abordé ce domaine du point de vue du positionnement de patient en radiothérapie conformationnelle pour le traitement du cancer. Dans cette application, le positionnement est critique et doit être le plus précis possible puisqu'il conditionne la thérapeutique du patient.

Une approche originale utilisant les méthodes de recalages iconiques par mesure de similarité a été présentée. Elle repose sur la génération d'un ensemble d'images correspondant à certaines positions particulières du patient. Ces positions sont choisies de manière à couvrir en partie les déformations les plus importantes qu'il est possible d'observer sur les images de contrôle (les rotations hors-plan, les translations importantes). Nous montrons également lors d'une simulation numérique que les translations importantes conduisent à des déformations proches de ces rotations hors-plan. Ensuite, le point clé réside dans la détermination de l'image *la plus semblable* à celle observée parmi l'ensemble des images candidates, grâce à l'utilisation de la valeur *finale* après recalage du critère de similarité. Une simple minimisation géométrique entre points homologues termine le processus.

Une spécificité importante de cette approche est qu'elle ne nécessite aucune étape de segmentation, ni du volume scanner, ni, ce qui est plus important, des images portales. De plus, nous montrons qu'elle est potentiellement précise et permet de retrouver des déplacements importants, même composés de rotations complexes. Elle semble également robuste à des dégradations importantes des images de contrôle. Enfin, le nombre d'images pré-calculées détermine la précision désirée et offre un certain degré de contrôle sur le résultat.

Nous voulons mettre l'accent ici sur le fait que ce chapitre a pour objectif de présenter une première évaluation de la faisabilité de la méthode en termes de *précision*. Comme de nombreuses techniques nous paraissent aptes à faire passer le problème du *temps de calcul* au second plan, notre prochaine étape sera d'effectuer une série conséquente de tests avec de véritables images MVI d'un fantôme dont les déplacements seront mesurés précisément. Une collaboration avec des médecins radiothérapeutes a déjà débuté sur ce sujet et le projet devrait se mettre en place au début de l'année prochaine. Au niveau de la méthode elle-même, la prochaine étape sera de concevoir une technique d'optimisation permettant de diminuer le nombre de recalages nécessaire pour trouver l'image adéquate. À plus long terme, comme notre méthode ne repose sur aucune particularité des images grâce aux recalages par mesure de similarité, elle pourrait être adaptée pour d'autre type de modalité que les images MVIs.

Deuxième partie

Santé et calculs haute-performance

6

ARAMIS : une plate-forme d'imagerie médicale à accès distant

Sommaire

6.1 Contexte

6.1.1 Motivations

Dans le cadre d'un projet financé par la région Rhône-Alpes et nommé *Santé et Calculs Haute-Performance*, nous avons été amenés à étudier la conception d'une plate-forme d'imagerie médicale à accès distant. Cette étude a débuté à la suite du constat suivant.

Dans un environnement hospitalier, les bases de données d'images médicales sont généralement distribuées entre différents services (cardiologie, radiologie), et sont *potentiellement* accessibles de partout à travers un réseau local. Ces images souvent 3D représentent un volume de données considérable et doivent être accédées, visualisées et traitées par les médecins à l'aide d'outils informatiques spécifiques de haute-performance.

Dans ce domaine et depuis plusieurs années maintenant, la communauté de recherche en imagerie parallèle a développé un grand nombre d'algorithmes et de méthodes d'optimisation pour le traitement et l'analyse d'images. Ces techniques sont généralement dédiées aux architectures MIMD (*Multiple Instructions Multiple Data*), pour des types de parallélisme allant de grain moyen à gros grain, sur des configurations matérielles gérant d'une centaine de processeurs à quelques machines seulement. Néanmoins, l'efficacité de ces outils se fait souvent au détriment de leur accessibilité. De plus, comme les machines parallèles sont très coûteuses, peu d'entre elles peuvent être présentes sur un même site hospitalier.

Nous avons donc essayé d'étudier comment il est possible de permettre dans un environnement hospitalier l'accès *à distance* et *à partir de postes de travail banalisés*, à un ensemble de ressources matérielles et logicielles pour le traitement d'images médicales haute-performance.

Dans ce contexte là, nous nous sommes intéressés aux techniques dites de *Metacomputing* qui permettent à une même application d'accéder et d'utiliser une grande variété de ressources distantes (section 6.1.2). Nous présentons ensuite dans la section 6.2 les ressources à notre disposition et les objectifs initiaux du projet. Enfin, la section 6.3 décrit plus précisément le cœur d'ARAMIS, le prototype existant.

6.1.2 Applications distribuées

Cette section a pour but de positionner notre approche par rapport aux technologies existantes. Les techniques usuelles sont décrites et nos choix et contraintes sont indiqués par un alinéa en caractères italiques.

6.1.2.1 Description du domaine

De manière générale, la notion de *Metacomputing* fait référence aux techniques concernant l'utilisation de plusieurs *ressources* au sein d'une même application. Le parallélisme traditionnel peut être vu comme un sous-ensemble de ce domaine où les ressources sont uniquement composées de processeurs et de leur mémoire correspondante. Plus précisément, on distingue la notion d'*accès* aux ressources et celle de *collaboration*.

Lorsqu'une application cherche à *accéder* à des ressources distantes, le spectre couvert par cette notion de *ressources* est très large. D'un point de vue *matériel*, les ressources sont non seulement des ordinateurs (processeurs, mémoires, disque de stockage, périphériques), mais également des instruments divers : appareils d'acquisition d'images médicales, capteurs spécifiques. D'un point de vue *logiciel*, les ressources peuvent être des *bases de données*, mais aussi des *applications* ou des librairies de calcul spécifiques. En ce qui concerne ce dernier point, une part importante des techniques de Metacomputing vise à proposer l'accès et l'intégration d'*anciennes applications*. La difficulté est alors de définir des protocoles de communication entre langages, systèmes d'exploitation et processeurs différents. Généralement cela ce fait à travers des schémas de conception de haut-niveau, typiquement l'encapsulation d'objets.

> *Dans notre cas, nous cherchons à accéder à deux types de ressources : des machines (serveur de calcul, base de données) et des librairies de calcul déjà développées.*

D'un autre côté, la *collaboration* en vue d'une tâche s'effectue entre *opérateurs* (par exemple des praticiens travaillant de manière simultanée sur une même image d'un patient afin de confronter leur point de vue) ou entre *entités logicielles* (noeuds, processus, processus légers [1], objets).

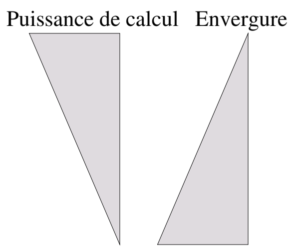
> *Les aspects collaboratifs auxquels nous avons affaire concernent uniquement la gestion de plusieurs clients accédant aux ressources, nous ne décrirons pas le parallélisme des librairies de calcul utilisées.*

Les *apports* de ces techniques sont multiples. En plus des gains de temps inhérents aux calculs parallèles, l'accès simultané par de multiples utilisateurs à des ressources partagées permet des gains d'investissement conséquents. De plus, savoir réutiliser tout ou partie d'un parc d'applications spécifiques lorsqu'une évolution des matériels s'impose, est également un facteur réducteur de coût. Enfin, dissocier l'*interface* des traitements, la première est locale et les seconds distants, permet de faire évoluer les techniques matérielles ou logicielles sans avoir à bouleverser complètement les habitudes des utilisateurs finaux.

6.1.2.2 Caractéristiques

La première notion permettant de caractériser une application distribuée est le *protocole de communication* employé. Celui-ci dépend dès sa conception du contexte de l'application. Ainsi, la classe de réseaux et donc le type de parallélisme à laquelle s'adresse l'application, détermine son envergure. Nous distinguons ici plusieurs niveaux :

- véritable machine parallèle (SIMD, MIMD)
- pile de PCs (dédiés) ou grappes de stations
- réseaux local, intranet
- Internet



Le schéma décrit une perte de puissance de calcul au fur et à mesure de l'augmentation de l'envergure du réseau (perte de temps due aux communications distantes), cela s'entend évidemment à nombre de processeurs équivalent. Le premier niveau est celui qui conduit généralement aux meilleures performances en termes de calcul brut. Cependant, cette approche a pris du recul ces dernières années en raison de l'absence manifeste de pérennité des machines parallèles, pour une bonne part due à

1. *threads*

leur prix de revient très élevé. Ce recul a donné lieu au développement des *piles de PCs* et autres *grappes de stations* (voir section 6.2.4). D'une envergure plus large, l'ensemble des machines appartenant à un site défini forme un réseau de type *intranet*. Enfin, le dernier niveau est le plus large et comprend potentiellement *toutes* les machines ayant accès au réseau Internet. Plusieurs projets se placent dans cette voie (voir section 6.1.2.3), et cherchent à exploiter la puissance de calcul potentielle de milliers de machines la plupart du temps sous-utilisées.

> *Notre application utilise deux types de réseaux : les traitements sont effectués sur des machines parallèles (ou grappes de stations) et les accès entre clients et librairies de calcul se font à travers un réseau local (intranet).*

Si, sur de véritables machines parallèles, c'est au niveau des *instructions* même que la concurrence a lieu, des objets de plus haut-niveau sont généralement utilisés pour les autres classes de réseaux. L'entité la plus fine est le *processus léger* (ou *thread*). Il s'agit d'un flot d'instructions à l'intérieur d'un *processus* (Unix), possédant une pile d'exécution propre mais pour lequel peu de ressources sont associées. Plusieurs dizaines de processus légers peuvent s'exécuter au sein d'un même processus. Quant aux différents modèles de communication, il est possible de les séparer en deux classes : les modèles par passages de messages (*message passing*, tels PVM ou MPI) et les modèles orientés-objets, agissant par réification des appels de méthodes, c'est-à-dire en les transformant en objets encapsulant les détails de communications.

> *Le premier protocole (passage de messages) est présent dans pratiquement toutes les librairies que nous manipulons, voir section 6.2.1. Quant au protocole d'accès à ces outils décrit section 6.3, il utilise la seconde approche.*

Bien entendu, les contraintes de conception varient sensiblement suivant les niveaux. En particulier, un point important concerne l'*hétérogénéité des plates-formes* (on considère généralement que le terme *plate-forme* désigne un couple processeur-système d'exploitation). Dans ce cas, différentes problématiques viennent s'ajouter, entre autres en termes d'équilibrage des charges ou de protocoles de communication. Au niveau le plus fin, une autre contrainte réside dans l'éventuelle *hétérogénéité des langages* utilisés. Cet aspect concerne généralement les applications liées à la réutilisation de codes existants.

> *Les machines clients doivent être des postes de travail banalisés, il s'agit donc par définition d'un ensemble de machines hétérogènes. De plus, différents langages sont utilisés pour les outils de traitements d'images et l'application cliente.*

6.1.2.3 Étude de l'existant

Un certain nombre de projets de grande envergure ont été étudiés pour nous permettre de proposer une approche adaptée à notre problématique. Parmi ceux-ci, nous citons ainsi un projet *typique* du Metacomputing (Globus), puis déclinons ceux relatifs aux spécificités de notre approche : accès à un ensemble de *librairies de calcul* (Netsolve), problématique *image* (CEV), et enfin projets *médicaux* en milieu hospitalier.

Dans le système Globus (voir par exemple [FK98, CFKK98]), le but des auteurs est de concevoir une boite à outils fournissant un ensemble de fonctionnalités et d'interfaces de base pour construire des applications distribuées de grande envergure. Cette boite à outils est composée d'une collection de modules définissant une interface utilisée par les composants de plus haut niveau. La partie *librairie de communication* au sein de Globus est nommée Nexus, [FTT97]. Les auteurs veulent montrer qu'un unique ensemble de mécanismes relativement bas-niveau peut servir de base à la construction d'applications efficaces sur de multiples plates-formes.

Plus spécifique, le projet Netsolve initié par Casanova, Dongarra *et al.* [BCD96, CD97] est un environnement permettant d'utiliser un ensemble de ressources de calcul pour résoudre des problèmes scientifiques. Dans cette approche plus orientée *client/serveur* que la précédente, l'utilisateur soumet une tâche par l'intermédiaire de différentes interfaces (Matlab, Shell, programmes en C ou Fortran) et charge est donnée au système de résoudre le problème de la manière la plus efficace possible. Cela signifie : déterminer la taille et le type du problème, trouver les librairies de calcul correspondantes et finalement les machines les plus adaptées (les moins chargées, les plus proches). Le calcul est alors exécuté selon le plan défini par l'étape précédente et le résultat transmis à l'utilisateur. Du côté des serveurs, le système agit comme un dépôt de stockage de librairies de calcul, et comme un gestionnaire de machines susceptibles de proposer du temps de calcul. L'esprit de ce projet est similaire au nôtre (accès à des librairies distantes), mais la différence essentielle avec nos objectifs concerne la nature des données et donc des traitements.

> *Ainsi, en ce qui nous concerne, l'accès se fait vers des librairies de traitement d'images et les machines de calcul sont limitées à une machine parallèle locale (nous n'avons pas à déterminer le serveur de calcul). Enfin et surtout, les volumes de données que nous traitons (images 3D) sont beaucoup plus lourds.*

En particulier, ces volumes peuvent difficilement être transmis efficacement sur le réseau à un nombre d'utilisateurs importants. Dans le projet CEV pour *Collaborative Environment for Visualization* [BRF98], les auteurs étudient les aspects spécifiques aux données *images* dans un environnement collaboratif. En séparant les composants 2D et 3D des processus de visualisation, ils permettent aux utilisateurs de visualiser le résultat de traitements lourds effectués sur une machine distante.

> *C'est une approche similaire à la nôtre (voir section 6.2.5) qui a été développée à peu près à la même époque (notre première publication date également de 1998).*

Au sein d'un environnement hospitalier, les applications distribuées se retrouvent potentiellement à de nombreux niveaux. Ainsi, Graves *et al.* décrivent dans [GTDK97] un système de neurochirurgie à distance. De plus large envergure, Thompson *et al.* présentent dans [TJG$^+$97] un système distribué pour l'accès à des informations relatives à la santé de patients : des images, mais également des informations textuelles. Enfin, en utilisant le système Globus précédemment évoqué, Laszewski *et al.* décrivent dans [vLSI$^+$99] une architecture logicielle utilisant des réseaux haut débit et des super-calculateurs pour permettre entre autres la visualisation et l'analyse d'images de MicroTomographie 3D (images acquises par rayonnement synchrotron, permettant des résolutions de l'ordre du micro-mètre).

6.2 Principes généraux

Dans cette section nous décrivons plus précisément l'ensemble des ressources que nous considérons ainsi que les tâches que doit couvrir l'application. À partir de cette liste, les principes généraux du système sont présentés.

6.2.1 Ressources

Nous avons à notre disposition un ensemble de librairies parallèles de traitements d'images. Ces outils ont été développés depuis quelques années déjà, durant les activités de recherches de Serge MIGUET et représentent les travaux de nombreux auteurs. Ces outils sont destinés à des architectures MIMD, pour un parallélisme de type grain moyen. Une bonne partie de ces algorithmes repose sur l'utilisation d'une librairie de communication parallèle nommée PPCM (*Parallel Portable Communication Module*) développée au LIP (*Laboratoire d'Informatique du Parallélisme*), voir [CBF+92]. Cette librairie permet de conserver l'efficacité d'un code C optimisé, tout en apportant une certaine portabilité. Ainsi l'environnement PPCM permet de compiler un *même* code pour un *ensemble* de plates-formes cibles (soit logicielles comme PVM ou MPI, soit matérielles comme les machines CrayT3E, Intel Paragon) et pour différents types *d'architectures* parallèles (réseaux de processeurs en anneau, en grille, en étoile, *etc*).

L'éventail des traitements couverts par ces développements concerne des tâches extrêmement consommatrices de temps et de ressources, non seulement en termes de capacité brute de calcul, mais également en capacité mémoire. Outre le gain de temps dû à la multiplication des processeurs, c'est en effet un des grands apports des techniques parallèles que la capacité à traiter d'importants volumes de données. Ainsi, parmi ces outils et techniques d'imagerie médicale parallèles, nous pouvons citer :

S. Miguet *et al.* librairie de gestion d'images 3D nommée *Voxcube* [Mig92] et utilisée tout au long de nos développements ; plusieurs algorithmes d'équilibrage de charges [MP96, MR91, MP95].

J.J. Li *et al.* rendu volumique parallèle [LM92]. Nous avons déjà cité cet algorithme utilisé afin de produire des images DRR pour le positionnement de patient (chapitre 5).

H.P. Charles *et al.* un algorithme parallèle avec équilibrage de charge de visualisation du type Z-buffer, [CLM95]. Cette technique est utilisée pour produire les images de rendus surfaciques de la page 148.

F. Feschet *et al.* structure de données pour un équilibrage des charges dynamique, nommée *Parlist*, [FMP98], (voir section 6.3.2).

S. Contassot *et al.* techniques parallèles de déformation d'images, [CV98].

J.M. Nicod *et al.* extraction parallèle de surface par l'algorithme des Marching Cubes [MN95, Nic97]. Cette technique sera décrite dans le chapitre 7, car elle est à la base de l'algorithme proposé dans ce même chapitre.

Dans son Habilitation à Diriger des Recherches [Mig95], S. MIGUET proposait l'intégration de cet ensemble de technologies pour l'imagerie médicale au sein d'une même plate-forme. La section suivante présente le cahier des charges que nous nous sommes fixé et la première ébauche de ce projet.

6.2.2 Objectifs

Le premier objectif consiste à proposer un *accès distant*, à partir de machines banalisées, aux traitements effectués par les outils précédemment décrits. En outre, un certain nombre de contraintes doivent être prises en compte dans cette plate-forme. Ainsi, il est primordial d'essayer de définir des protocoles de communication permettant de *réutiliser* au maximum l'ensemble des codes déjà développés, il ne doit pas être question de réécrire ces bibliothèques. Cependant, les aspects haute-performance des développements doivent être maintenus. La *maintenance et l'intégration d'outils* à la plate-forme doit être simple et nécessiter le moins de code supplémentaire possible. Enfin, l'*intégration* potentielle d'une telle plate-forme au sein d'un hôpital doit être envisagée, en particulier *minimiser le trafic réseau* est primordial.

Ainsi, le système doit permettre d'une part d'intégrer des librairies d'outils parallèles de traitement d'images et d'autre part de concevoir des applications clientes présentant une interface graphique conviviale à l'exécution distante de ces traitements.

6.2.3 Principes

Dans cette section, nous présentons et motivons les choix qui ont servi de base au développement d'ARAMIS. Cet acronyme signifie *A Remote Access Medical Imaging System* et désigne le prototype que nous avons commencé à implémenter depuis 1997. Basiquement, il s'agit d'une approche *clients/serveurs* dont la partie client est écrite en langage Java et communique avec un serveur de calcul ayant accès aux librairies de traitement d'images ainsi qu'au serveur de base de données d'images médicales.

Java Créé par la compagnie *Sun Microsystem* dans les années 1995 (début du projet vers 1991), le langage Java comporte plusieurs caractéristiques intéressantes pour notre problématique. Java est en fait un *système de programmation*, relativement novateur bien que regroupant un ensemble d'idées anciennes. Le système Java est composé d'un *langage haut-niveau* totalement orienté objet, d'un *compilateur* générant un *code bas-niveau*, proche d'un code machine classique et nommé *byte-code*, mais s'exécutant dans une application particulière nommée machine virtuelle Java (JVM pour *Java Virtual Machine*). Les JVM étant distribuées gratuitement pour la plupart des plates-formes existantes, un *byte-code* Java bénéficie d'une grande portabilité.

Ainsi, l'insertion de JVM au sein des navigateurs Internet classiques, a permis la création d'un nouveau type d'application, les *applets*. Il s'agit d'application Java, dont le code compilé pour la JVM est inséré dans une page HTML classique, à la manière d'une image. Lors du chargement de la page HTML, cette application est ainsi téléchargée à travers le réseau depuis le poste serveur et s'exécute ensuite *sur la machine client*, quelle que soit sa plate-forme, grâce à la JVM du navigateur. Une description plus détaillée de ce principe peut être trouvée dans [NP97], ou sur le site :

`http://java.sun.com`

Ce choix du langage Java pour la partie client de notre plate-forme d'imagerie présente plusieurs avantages. Comme l'application s'exécute dans un navigateur Internet, aucune installation n'est à effectuer sur les postes utilisateurs, le code est unique pour toutes les plates-formes et la maintenance du logiciel est automatique puisqu'il est chargé depuis le serveur à chaque exécution. Néanmoins, quelques inconvénients sont à prendre en considération. Ainsi, le concept d'applet pose potentiellement un problème de sécurité (n'oublions pas qu'il s'agit d'une application exécutée *automatiquement* et *sur le poste client* lors de la connexion à la page HTML). Cela a conduit les concepteurs à introduire différents mécanismes de sécurité, limitant par exemple l'accès à partir de l'applet à toutes autres machines que celle qui l'a servie, ainsi qu'à l'ensemble des fichiers du client autres que ceux situés dans un répertoire particulier (*sandbox*). D'autre part, le langage Java est actuellement réputé pour une certaine lenteur d'exécution. La figure 6.1 présente la partie client d'ARAMIS, toutes les fenêtres présentées font parties de l'applet.

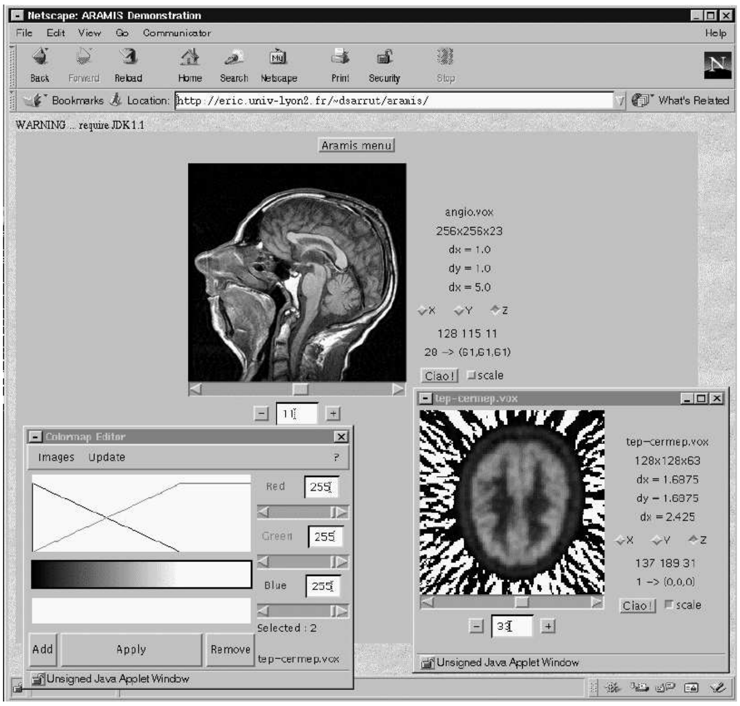


FIG. 6.1 – *L'applet ARAMIS dans un navigateur*

Serveurs Du côté des serveurs, nous distinguons trois niveaux de services :

- un *serveur Internet* classique permet de gérer et délivrer les applets Java à la demande. Il a pour charge de démarrer des sessions de travail sur la machine suivante.
- un *serveur de calcul* composé d'une (ou plusieurs) machine parallèle sur laquelle résident les librairies, permet de lancer un traitement sur une requête de l'utilisateur transmise par l'applet Java. Il s'agit de la ressource de calcul principale.
- un *serveur de base de données d'images* permettant la gestion et l'accès aux images médicales. Ce serveur englobe les mécanismes de sécurité et de recherche dans les données.

Il s'agit d'un découpage *logique*, qui ne correspond pas nécessairement à exactement trois machines *physiques*. Ainsi, le serveur de base de données peut être distribué et gérer plusieurs sites distants. De même, le serveur Web peut être regroupé sur la machine parallèle.

Trafic réseau Dans le but d'éviter de surcharger le réseau, les volumes de données importants (typiquement les images 3D) restent sur les serveurs de base de données et de calcul. Les clients reçoivent *uniquement* des images 2D, résultantes de traitements lourds, effectués par la machine parallèle. Pratiquement aucune ressource n'est ainsi demandée sur les machines clients, ni en puissance de calcul, ni en mémoire, voir section 6.2.5.

6.2.4 Intégration dans un domaine hospitalier

Ce projet de plate-forme d'imagerie médicale est au départ destiné à une intégration au sein d'un hôpital. Dans ce cadre là, afin de réutiliser au maximum les ressources existantes, nous proposons le schéma suivant.

Le serveur de calcul accède fréquemment et régulièrement aux images fournies par le serveur de données. Cela impose que les deux sites soit proches et/ou liés par un réseau haute-performance. Nous définissons ainsi deux niveaux de réseaux, le premier (haut-débit) se situe entre le serveur de calcul et celui de données, il supporte le transport d'importants volumes de données. Le second, entre les clients et le serveur de calcul, peut quant à lui être un réseau local classique (Ethernet) car il ne transporte que trois types de messages : des applets, des images 2D du serveur vers le client, et des requêtes de calcul dans l'autre sens.

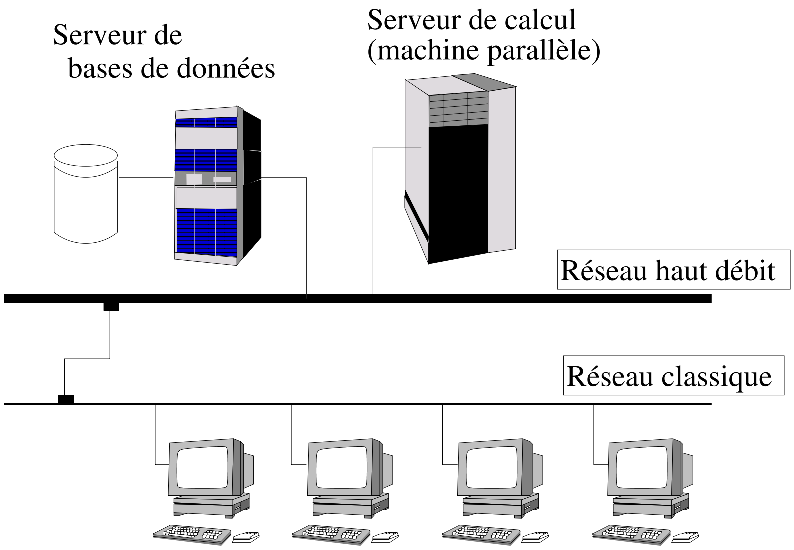


FIG. 6.2 – *Configuration clients/serveurs avec deux niveaux de réseaux*

Dans une optique de réduction de coût de développement, des solutions existent pour les deux parties potentiellement coûteuses de notre schéma, le réseau haute-performance et la machine parallèle. Ainsi, les récentes recherches sur les réseaux haut débit (ATM, Myrinet, IPv6, Fast Ethernet) les ont rendus accessibles à un moindre coût. Typiquement, la redéfinition uniquement logicielle des protocoles de communication bas-niveaux a permis à PRYLI *et al.* [PT97] d'atteindre des vitesse de l'ordre du GigaBit par seconde sur un simple réseau Myrinet. Très liés aux progrès réseaux, la communauté de recherche en parallélisme a récemment axé ses développements sur des machines parallèles composées d'une *pile de PCs*, c'est-à-dire de l'intégration au sein d'une même architecture de composants usuels et bon marché.

6.2.5 Flux de données

Nous avons déjà évoqué le fait que les gros volumes de données ne sont jamais transférés sur le poste client. Par exemple, l'outil le plus simple est celui permettant d'afficher une coupe d'un volume 3D selon un des 3 axes. Dans ce cas, l'image est chargée depuis le serveur de base de données vers le serveur de calcul et ce sont uniquement des coupes 2D qui sont envoyées au client sur demande. Un tel procédé est assez rapide sur un réseau local pour permettre un affichage interactif des coupes (voir figure 6.3).

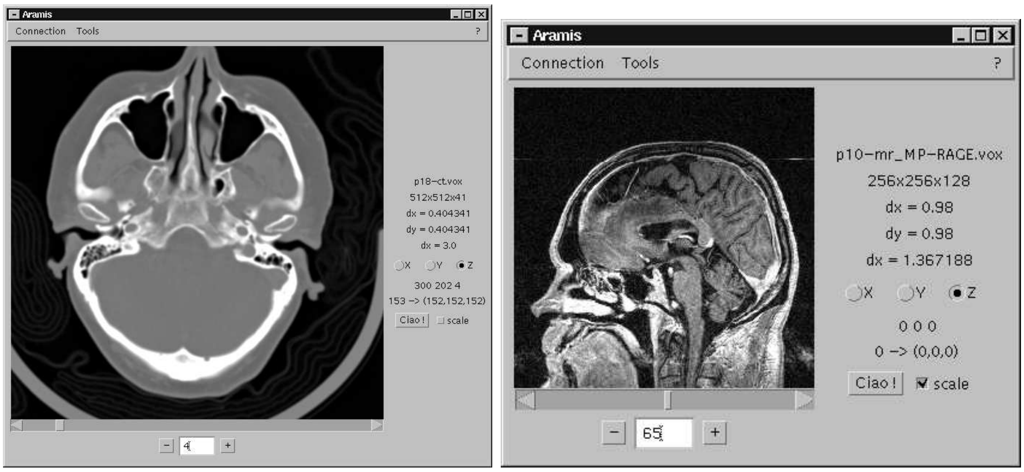


FIG. 6.3 – *Visualiseurs de volumes*

Cependant, toutes les tâches ne rentrent pas dans ce cadre là. Nous considérons ainsi trois types de tâches :

Premier niveau : les tâches faiblement consommatrices de ressources (typiquement s'appliquant à des images 2D) sont effectuées à travers l'applet Java par la machine locale. Par exemple, la figure 6.4 montre le panneau éditeur de couleur, permettant de créer et d'appliquer interactivement des changements d'intensités et de facteur de transparence.

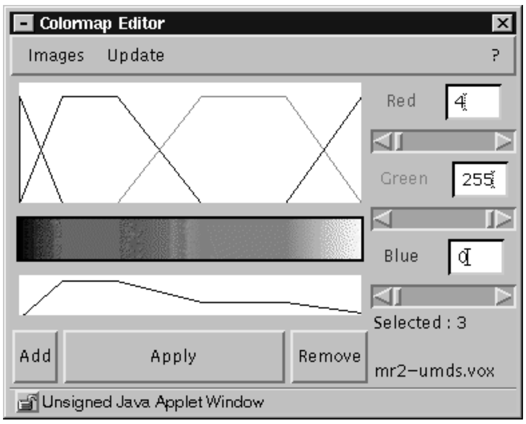


FIG. 6.4 – *Éditeur de couleur (exécution* locale*)*

Deuxième niveau : les tâches lourdes, extrêmement consommatrices de ressources (temps CPU *et* mémoire) sont effectuées de manière distante, par le serveur de calcul. Typiquement, cela concerne les processus qui utilisent au moins plusieurs minutes ou dizaines de minutes de calcul sur une station de travail banalisée. Grâce à ce système ces tâches sont accomplies dans des temps de calcul de l'ordre de quelques secondes seulement, sans que le médecin ait à changer son environnement de travail. Un exemple typique est la technique de rendu volumique incluant des effets de transparence [LM92] (voir figure 6.6). Nous classons en fait dans cette partie les processus dont le surcoût de temps engendré par le transfert des images sur le réseau est négligeable par rapport au temps d'exécution de l'algorithme.

Troisième niveau : d'un autre côté, certains processus interactifs, tels que la visualisation de surfaces composées de millions de polygones, ne pourraient s'effectuer qu'à un taux de rafraîchissement faible compte tenu du temps supplémentaire engendré par le trafic réseau (cela surchargerait également le réseau). Notre approche ne permet pas de gérer ce type de tâches, le système est destiné à ramener les tâches les plus lourdes vers des temps de calcul raisonnables, de l'ordre de quelques secondes. Il n'est actuellement pas envisageable de fournir sans investissements très lourds, un serveur de calcul assez puissant pour délivrer des images en temps réel à plusieurs utilisateurs simultanés.

Ainsi, dans le but de rendre néanmoins ce dernier type de tâches accessible pour des machines de faibles capacités, nous utilisons plutôt une méthode en deux passes. La première étape consiste a fournir à l'utilisateur un modèle simplifié de la surface à visualiser : un cube ou quelques facettes seulement, voir figure 6.5. Le choix du point de vue de l'objet est alors effectué *localement* à l'aide de cette interface et le rendu en pleine résolution est ensuite activé de manière distante une fois la position choisie.

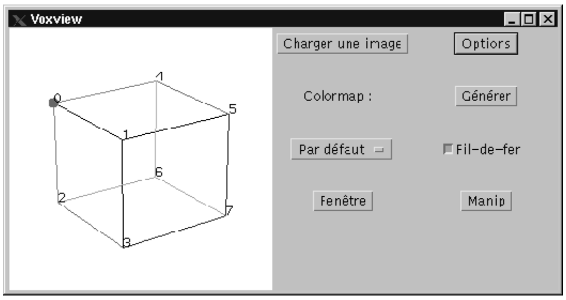


FIG. 6.5 – *Interface simplifiée (car l'exécution est* locale*) pour une technique de rendu volumique*

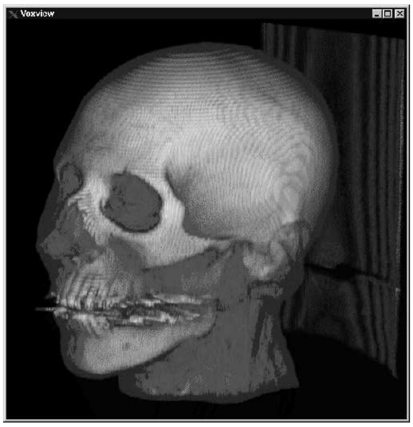


FIG. 6.6 – *Résultat d'un rendu volumique, activé localement et exécuté de manière distante*

6.3 Coeur du système

Cette section décrit l'ensemble des mécanismes de communication entre l'application cliente en Java et les librairies parallèles distantes. Nous désirons fournir un système permettant à un praticien, utilisateur final, de disposer d'une application conviviale permettant d'activer des traitements distants. Notre système se positionne ainsi entre *deux types de concepteurs* : ceux écrivant des outils parallèles haute-performance et ceux concevant des applications clientes, écrites en Java (programmation haut-niveau). Ainsi, du côté serveur, le protocole de communication doit permettre l'intégration d'outils de manière conviviale, idéalement en décrivant simplement les fonctionnalités des librairies. À l'autre bout de la chaîne, notre but est de fournir une API (*Application Programming Interface*), c'est-à-dire une interface de programmation haut-niveau, masquant les aspects distants de l'utilisation des outils afin de permettre la création d'applications d'imagerie médicale haute-performance.

6.3.1 Partie client

L'API finale fournit ainsi trois classes d'objets. Sans entrer dans les détails, le premier type d'objet désigne les *serveurs* ; ces objets servent uniquement pour la phase d'initialisation d'une session de travail. Ensuite, la deuxième classe d'objets concerne les *données distantes*. Il s'agit ici des images médicales dont le chargement sur le serveur de calcul est automatiquement géré. Enfin, la dernière classe d'objets représente les *outils distants*, correspondant aux librairies de traitement d'images situées sur le serveur. À l'aide de simples appels de méthodes, le calcul distant est alors effectué de manière totalement transparente. La création d'applications finales s'apparente alors à l'association de briques de base, les objets, et à la conception d'interface visuelle aux outils.

6.3.2 Partie cachée

Pour initier une session de travail, une phase de connexion est d'abord nécessaire. Ainsi, sur le serveur délivrant l'applet Java, un processus (dit *daemon*) se charge d'accueillir les clients et de démarrer sur leur demande une session de travail sur la machine parallèle. Une fois la connexion établie, le nouveau processus est prêt à recevoir des ordres de l'application Java connectée. La figure 6.7 décrit le schéma d'activation d'une commande distante à partir d'un simple appel de méthode. Il s'agit du principe connu sous le nom de souche-squelette ou *stub-skeleton* en anglais.

Lors d'un appel de la méthode, celui-ci est *réifié*, c'est-à-dire qu'il est intercepté et transformé en objet (partie *stub*). Cet objet *"appel de méthode"* doit alors effectuer plusieurs opérations pour créer une requête distante : récupération des arguments, détermination du serveur et de l'identificateur de la requête distante. Celle-ci est ensuite envoyée à travers le réseau et l'objet se met en attente. Du côté du serveur, la requête reçue est analysée par un autre objet (partie *skeleton*) afin de déclencher la bonne procédure avec les bons paramètres, en particulier l'adresse de l'image sur laquelle s'effectue le traitement. Le traitement s'effectue en parallèle et le résultat du calcul poursuit finalement le chemin inverse.

Points spécifiques Plusieurs points font l'objet d'attentions spécifiques. En particulier l'*attente* mentionnée du côté client peut être *asynchrone* dans le sens où elle s'effectue dans un *processus léger* particulier, évitant ainsi à l'application locale de rester bloquée en attente de l'accomplissement du calcul. Le second point concerne la

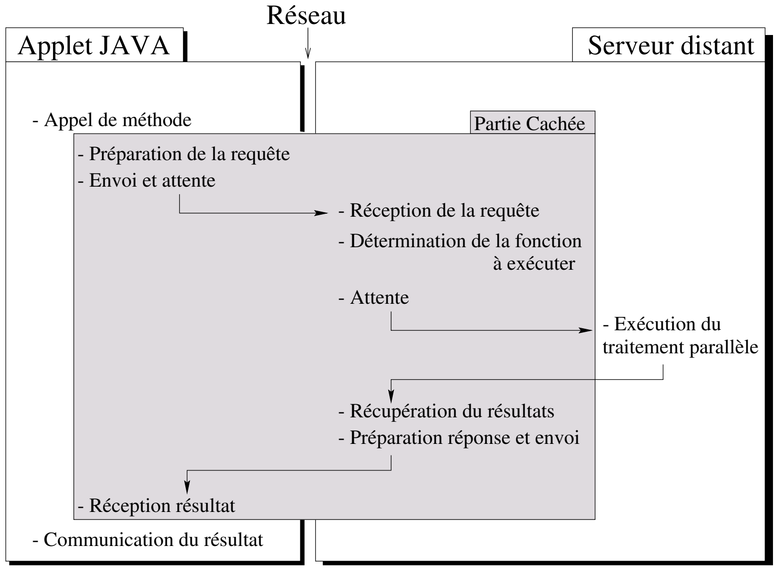


FIG. 6.7 – *Décomposition d'une requête*

gestion de multiples utilisateurs au sein de la machine parallèle. La stratégie adoptée consiste à *réserver* un certain nombre de processeurs de la machine parallèle (ou *noeuds*) par utilisateur. La détermination de ce nombre est actuellement effectuée sur choix de l'utilisateur. Bien entendu, la prochaine étape consiste à allouer ces processeurs de manière dynamique, en fonction du nombre d'utilisateurs connectés.

Une particularité des traitements parallèles réside dans la gestion des données. Bien souvent en imagerie, l'image est découpée suivant une méthode spécifique, typiquement afin de répartir de la manière la plus équitable possible les temps de calcul sur chaque processeur (voir par exemple l'algorithme *élastique* développé par MIGUET dans [MP96, MR91] pour des partitionements rectilinéaires). Ainsi, à la suite d'un traitement parallèle, les données images sont réparties sur chaque processeur. Si le traitement suivant est déclenché, une étape de répartition des données doit avoir lieu. Nous prévoyons dans une évolution future du système d'effectuer cette étape de manière optimale, c'est-à-dire en minimisant les transferts des données grâce à l'algorithme *ParList* décrit dans [FMP98].

Pourquoi ces choix ? D'autres techniques auraient pu se substituer à notre protocole de communication. C'est le cas par exemple de l'utilisation du système RMI (*Remote Method Invocation*) du langage Java même. Celui-ci est néanmoins limité au langage Java (nos librairies de calcul ainsi que le serveur de calcul sont écris en langage C) et l'utilisation de librairies telles que JNI (*Java Native Interface*) aurait alourdi le code et nécessité une adaptation *ad-hoc* à chaque librairie. De plus cette approche, encore à ses débuts, a plusieurs fois fait preuve d'une certaine inefficacité [TTK98]. D'un autre côté, la technologie Corba [GGM97] parait être la solution future de tels développements. Néanmoins, tous les navigateurs n'intègrent pas encore un ORB[2] adéquat.

2. *Object Request Broker*, cœur des spécifications du système Corba permettant d'établir les relations client-serveurs entre différents objets

6.3.3 Ajout de librairies

Le processus serveur, un par client, gère un ensemble d'outils correspondant à autant de points d'entrée dans les librairies de calcul. Lors de l'ajout d'une librairie dans le système, ces points d'entrée sont actuellement extraits de manière interactive. Selon une syntaxe prédéfinie, le concepteur d'une librairie crée alors un simple fichier de liaison décrivant les signatures des méthodes qu'il veut rendre accessibles de manière distante. Cette étape est actuellement manuelle mais pourrait faire l'objet d'un traitement automatique ou semi-automatique à travers un langage de définition d'interface simplifié, un IDL ou *Interface Definition Language*).

Ainsi, le processus distribuant les *requêtes* permet de gérer les outils de manière *semi-dynamique*. Dans une première approche [Sar98], les outils étaient totalement dynamiques dans le sens où ils étaient activés sur demande : il n'était ainsi pas nécessaire de redémarrer ou de compiler le serveur à chaque ajout d'outils. Cependant, nous avons constaté que ce n'était pas une approche efficace, en particulier les temps de chargement des processus sont relativement importants et la gestion de la mémoire devient délicate. De ce fait, dans notre dernière implémentation, les outils ne sont plus dynamiques. Cependant, leur intégration au serveur ne demande *aucune modification* de celui-ci, car au moment de la compilation, le serveur intègre lui-même une liste d'outils définie à travers les *fichiers de liaison*. Ce système permet de gérer la liste des outils de manière totalement indépendante du serveur, sans modification de code à chaque ajout de librairie.

6.4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons décrit un système qui a été développé durant cette thèse suite à un projet nommé *Santé et Calculs haute-performance* et à la volonté de réutiliser les développements antérieurs effectués au sein du laboratoire. Ce système est composé d'une applet Java permettant à un utilisateur sur une machine de faible ressource, de déclencher à travers une interface conviviale des traitements d'images distants effectués sur une machine parallèle. Du côté serveur, un mécanisme permet d'intégrer de nouvelles librairies de calcul. Différentes parties de ce travail ont été publiées dans [Sar98] et [SM99a].

C'est un projet relativement important (plusieurs milliers de lignes de codes ont été écrites) et encore inachevé, mais qui a donné lieu à un prototype opérationnel. Les prochaines étapes consisteront à intégrer l'ensemble des outils à notre disposition, car tous ne le sont pas encore, et à développer la partie concernant l'accès aux bases de données images.

7
Approche surface

Sommaire

7.1 Extraction de surface triangulée

7.1.1 Contexte

La première partie de ce document a mis l'accent sur une approche volumique, sans segmentation des données. Bien entendu, un système de traitements d'images médicales ne consiste pas uniquement en ce type d'approches, notamment de nombreux traitements s'opèrent sur des surfaces extraites des volumes de données. Plus précisément, nous avons travaillé sur les approches surfaciques obtenues à l'aide de l'algorithme des Marching-Cubes. L'étude de ces surfaces a fait l'objet d'une attention particulière dans notre équipe. Historiquement, les travaux ont été initiés par J.M. Nicod [Nic97], puis nous les avons poursuivis avec lui à travers ceux présentés dans ce chapitre [MNS97]. Par la suite, nous avons collaboré avec D. Coeurjolly afin d'utiliser les travaux présentés dans les sections suivantes comme base pour un algorithme de décimation de surface [CST99].

La section suivante résume la technique des Marching-Cubes, puis nous présentons section 7.2 un algorithme original permettant de calculer en temps linéaire (complexité optimale) la relation d'adjacence entre les éléments de la surface triangulée. Enfin, nous terminons le chapitre en présentant succinctement la technique de décimation de surface faisant suite à ces travaux.

7.1.2 L'algorithme des Marching Cubes

L'algorithme original a été proposé par Lorensen *et al.* en 1987 dans [LC87]. Il s'agit d'une technique de reconstruction de surface à partir d'un volume discret 3D, la surface produite étant représentée sous forme de facettes triangulaires. Elle est générée à partir d'une valeur d'intensité *seuil*, séparant les voxels ayant une valeur supérieure au seuil des voxels ayant une valeur inférieure. On parle de reconstruction d'*iso-densité*.

7.1.2.1 Notations

Nous donnons quelques définitions (voir illustrations[1] figure 7.1) :

- une **coupe** k est l'ensemble des voxels (échantillons de l'image 3D, voir nomenclature annexe B.2) de même altitude, c'est-à-dire ayant la même valeur selon l'axe Oz dans l'image 3D.
- une **cellule** (i,j,k) est la réunion de 8 voxels placés aux sommets d'un cube, de coordonnées $(i+\varepsilon_1,j+\varepsilon_2,k+\varepsilon_3)$ avec $\varepsilon_1,\varepsilon_2,\varepsilon_3 \in [0;1]$. On la représente par un graphe qui associe un sommet à chaque voxel et dont les arcs relient deux voxels différents de plus ou moins un suivant une coordonnée seulement.
- une **couche** k est constituée de deux coupes consécutives k et $k+1$, c'est également l'ensemble des cellules de même altitude k.

7.1.2.2 Principe

L'algorithme traite toutes les cellules de la matrice image, en générant une partie de l'iso-surface (une ou plusieurs facettes) si celle-ci intersecte la cellule. En considérant une arête d'une cellule, un sommet d'une facette de l'iso-surface est généré

1. Merci au grand Jean-Marc pour cette figure ...

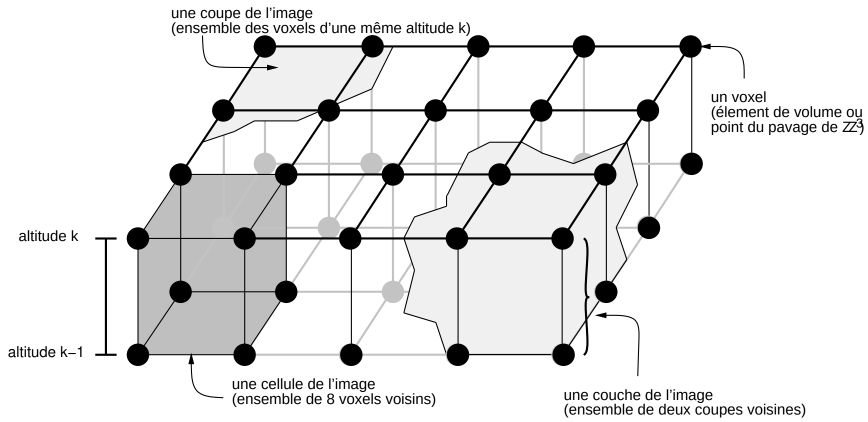


FIG. 7.1 – *Définition d'une* cellule*, d'une* coupe *et d'une* couche *d'une image 3D*

sur cette arête si et seulement si les valeurs associées aux deux voxels extrémités de l'arête sont de part et d'autre du seuil choisi. Les sommets générés sont ensuite reliés pour former une ou plusieurs facettes. Si les sommets d'une cellule ont *tous* une valeur inférieure au seuil (voxels *extérieurs* à la surface) ou supérieure (voxels *intérieurs*), il n'y a pas d'intersection avec l'iso-surface et aucune facette n'est générée.

Comme chaque voxel ne peut avoir que deux positions par rapport au seuil (inférieur ou supérieur), il y a 256 configurations différentes. En assignant un bit à chaque sommet, 1 s'il est de valeur supérieure au seuil et 0 sinon, il est possible de coder ces configurations avec un *index* de 8 bits. De plus, les auteurs ont montré que 14 configurations standards décrivent les 256 autres, ces dernières étant déduites des précédentes par symétries, rotations et/ou complément (intérieur-extérieur). La figure 7.2 donne les 14 configurations de base, les points noirs $\bullet$ représentent les voxels de la cellule ayant une valeur supérieure au seuil.

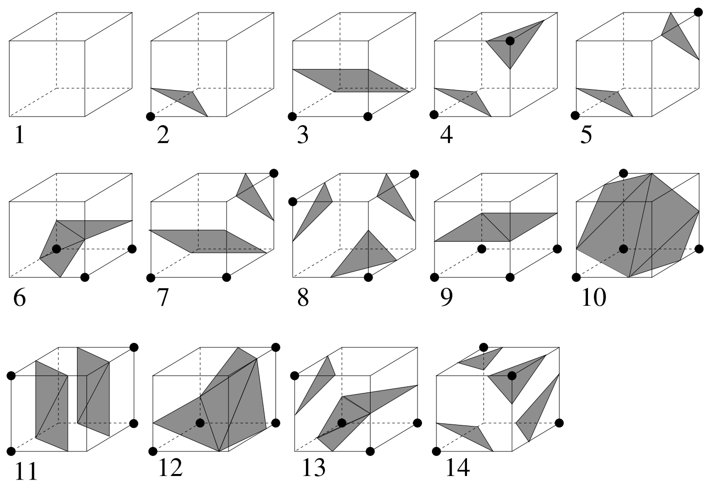


FIG. 7.2 – *Triangulations des 14 configurations standard*

De manière à générer une iso-surface précise, la position d'un sommet est calculée par interpolation linéaire des valeurs des extrémités de l'arête à laquelle il appartient. De plus, lorsque le but est de visualiser la surface par une technique de rendu classique avec ombrage, il est indispensable de connaître la normale à la surface en chaque sommet de la triangulation. On peut ainsi interpoler linéairement sur l'arête le gradient centré en les voxels pour avoir une approximation de la normale en chaque sommet de la triangulation.

L'algorithme des Marching Cubes est une méthode efficace, conduisant à des surfaces précises, mais qui utilise un important volume mémoire. Dans sa thèse, NICOD [Nic97] propose une étude de la complexité de la surface extraite afin de réaliser une version parallèle avec équilibrage de charges.

7.1.2.3 Remarque

Dans la description originale de l'algorithme, il subsiste des anomalies topologiques dans la surface générée. Ainsi, certains auteurs ont remarqué que lorsque l'iso-surface coupe les quatre côtés d'une des faces d'une cellule, il existe une ambiguïté lors de l'appariement des sommets (fig. 7.3).

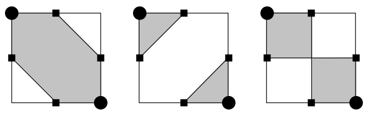


FIG. 7.3 – *Trois possibilités d'appariement différentes (face du dessus du cas n°10 de la figure 7.2)*

Des solutions *ad-hoc* visant à diriger l'algorithme vers l'une ou l'autre des configurations ont été proposées, mais d'autres méthodes plus simples fournissent des surfaces topologiquement correctes à partir de configurations de départ spécifiques. Ainsi, LACHAUD [Lac96] propose trois tables différentes, conduisant à des surfaces topologiquement correctes adaptées à une connexité choisie. C'est cette version améliorée à partir de laquelle nous avons travaillé.

7.1.3 Objectifs

Une surface extraite d'une image volumique est généralement le point de départ à de nombreux traitements (simple affichage, calcul de volume, recalage). Cependant, une information primordiale est absente : une procédure de recherche est nécessaire pour connaître les triangles voisins de chaque élément de surface. Nous montrons dans la section suivante qu'une telle procédure peut conduire à des temps de calcul impraticables si elle est effectuée de manière naïve et proposons une technique pour y remédier.

7.2 Détermination de la relation d'adjacence

7.2.1 Données de départ

La surface générée par les Marching-Cubes à partir de laquelle nous travaillons est décrite par une structure de données non redondante [MN95, ZN94]. Celle-ci est constituée de deux listes (à droite figure 7.4), une liste de sommets et une liste de facettes. Chaque sommet est représenté par ses trois coordonnées de position et les trois coordonnées de sa normale. Une facette est représentée par un triplet d'entiers correspondant aux trois indices de sommets dans la première liste. Les triangles sont ainsi ordonnés par cellules et par couches.

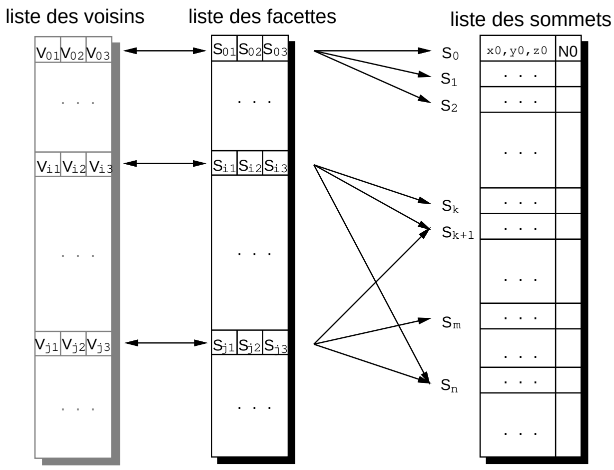


FIG. 7.4 – *Structure de données de la surface extraite*

Notre objectif est de construire la relation d'adjacence de la surface $\mathcal{R}$ définie comme suit : deux facettes distinctes f et f' sont en relation par $\mathcal{R}$ si et seulement si elles ont une arête en commun. Comme nous utilisons une version légèrement modifiée de l'algorithme original des Marching-Cubes, dans laquelle il est prouvé [Lac96] que la surface générée est simple, orientée et fermée, une arête est partagée par *exactement* deux facettes. Une facette donnée possède donc *exactement* trois voisins. La relation d'adjacence est donc stockée en ajoutant à chaque facette les indices de ses trois voisins (tableau à gauche en gris figure 7.4).

Dans la section suivante, nous introduisons deux algorithmes différents ne requérant aucune mémoire supplémentaire que celle nécessaire au stockage de la relation elle-même. En effet, il aurait été possible d'utiliser la structure de donnée 3D initiale ou une liste supplémentaire de sommets pour stocker les facettes partagées par un même sommet, mais l'important besoin en mémoire de ces solutions les rend impraticables avec nos images médicales volumineuses.

7.2.2 Algorithmes naïf

Le premier algorithme que nous présentons est une approche naïve. Sa complexité la rend pratiquement inutilisable pour des surfaces comportant un grand nombre de facettes. Nous expliquons ensuite notre algorithme de complexité optimale, dont la preuve est présentée au paragraphe 7.3.1.

Notations

- soit f une facette de la surface,
- soit $\mathcal{C}(f) = (i,j,k)$ les coordonnées entières de la cellule contenant f lors de sa génération par les Marching-Cubes,
- soit $\mathcal{I}(f)$ l'indice de f dans la liste,
- soit λ le nombre maximum de facettes que peut générer une cellule. Dans la version du Marching-Cubes que nous utilisons, $\lambda = 6$.
- soit n le côté moyen de la matrice 3D de données initiales. Nous supposons ainsi disposer d'un volume de $O(n^3)$ voxels.
- soit m la longueur de la liste de facettes.

Algorithme naïf Le principe de cet algorithme est de trouver les voisins de chaque facette f en cherchant à partir de la position courante dans le reste de la liste, les trois autres facettes ayant une arête en commun avec f. Le nombre d'opérations effectuées sur chaque triangle est alors lié à la distance maximale d dans la liste entre deux facettes adjacentes. Une borne supérieure évidente de d est $\mathcal{O}(m)$ conduisant à une complexité en $\mathcal{O}(m^2)$ pour l'algorithme. De la même manière, une borne inférieure de d est $\Omega(1)$, conduisant à une complexité en $\Omega(m)$. Bien que nous puissions exhiber des familles de surfaces pour lesquelles ces bornes supérieure et inférieure sont atteintes, ces bornes peuvent être affinées pour des données issues d'images médicales réelles. Nous nous proposons donc de donner des bornes plus réalistes sur d.

Soient les hypothèses suivantes sur les images 3D :

H1: le nombre d'éléments de surfaces est une fonction quadratique de n, c'est-à-dire $m = \mathcal{O}(n^2)$.

H2: le nombre m_k d'éléments de surfaces générés dans chaque couche k est borné par une fonction linéaire de n, *i.e.* $m_k = \mathcal{O}(n)$.

Ces hypothèses excluent les familles de surfaces générées mathématiquement, telles que les fractales qui peuvent produire $\mathcal{O}(n^3)$ facettes, ou les objets fil-de-fer conduisant à $\mathcal{O}(n)$ facettes seulement.

Théorème 1

L'algorithme naïf a une complexité $\mathcal{O}(m^{\frac{3}{2}})$ avec des images vérifiant les hypothèses H1 *et* H2.

Preuve :

- *de* H1*, nous pouvons déduire que :* $m = \mathcal{O}(n^2) \Rightarrow \exists \alpha \in \mathbb{R}^{+*} \mid \alpha n^2 \leq m$, *donc*

$$n \leq \sqrt{\frac{m}{\alpha}} \tag{7.1}$$

- *nous déduisons également de* H2 *que :*

$$m_k = \mathcal{O}(n) \Rightarrow \exists \beta > 0 \mid m_k \leq \beta n, \tag{7.2}$$

- *soit f une facette générée sur la couche k. Le nombre de facettes que nous devons parcourir pour trouver le voisin de f est borné par le nombre de facettes susceptible d'apparaître sur les deux couches k et $k+1$:*

$$d \leq m_k + m_{k+1}$$

nous avons ainsi à partir des équations (7.1) et (7.2) :

$$d \leq 2\beta\sqrt{\frac{m}{\alpha}},$$

donc $d = \mathcal{O}(m^{\frac{1}{2}})$.

La complexité de l'algorithme naïf est finalement de $\mathcal{O}(d \times m) = \mathcal{O}(m^{\frac{3}{2}})$. □

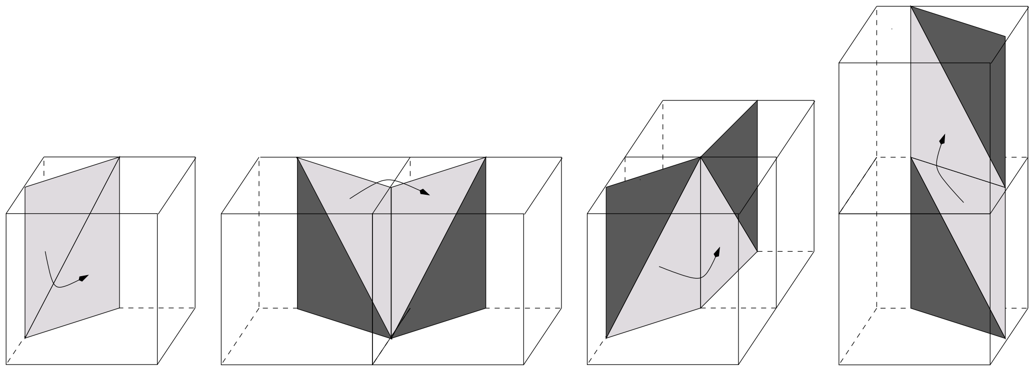
Néanmoins, cette complexité reste élevée et rend difficile une exploitation de cette méthode sur des surfaces provenant d'images médicales. Nous avons donc accéléré ce traitement en proposant une autre façon de construire la relation d'adjacence.

7.2.3 Un algorithme linéaire

L'idée fondamentale est d'éviter le parcours entier de la liste de facettes à partir de la position courante. Nous proposons de commencer le parcours à partir de différentes positions définies par les recherches précédentes.

Soit f une facette appartenant à la cellule $\mathcal{C}(f) = (i,j,k)$. Les voisins f' de f encore inconnus peuvent se trouver dans seulement quatre cellules différentes, qui sont $\mathcal{C}_I = \mathcal{C}(f)$ elle-même, ou les trois cellules 6–voisines de $\mathcal{C}(f)$ qui n'ont pas encore été parcourues, *i.e.* $\mathcal{C}_X = (i+1,j,k)$, $\mathcal{C}_Y = (i,j+1,k)$ et $\mathcal{C}_Z = (i,j,k+1)$. L'indice correspondant I, X, Y or Z est appelé la *direction* du voisin f' et est noté $\mathcal{D}$ dans la suite. Cette direction peut être déterminée à partir des coordonnées de l'arête commune à f et f'.

La figure 7.5 illustre ces quatre cas. Un cinquième cas noté $\mathcal{D} = \emptyset$ sera utilisé dans la section 7.3.1 pour traduire la situation où le voisin recherché a déjà été trouvé par l'algorithme, celui-ci étant placé avant f dans la liste.



(a) $\mathcal{D} = I$ (b) $\mathcal{D} = X$ (c) $\mathcal{D} = Y$ (d) $\mathcal{D} = Z$

FIG. 7.5 – *Les 4 configurations correspondantes aux 4 valeurs de $\mathcal{D}$ (les facettes adjacentes sont en gris léger et indiquées par une flèche)*

Lorsque $\mathcal{D} = I$ ou $\mathcal{D} = X$, nous savons que le voisin f' est proche de f dans la liste et peut être cherché de manière exhaustive, en temps constant. Nous utilisons une optimisation uniquement lorsque $\mathcal{D} = Y$ ou $\mathcal{D} = Z$.

Même si nous ne connaissons pas $\mathcal{I}(f')$, nous connaissons la position $\mathcal{I}(u')$ de la dernière facette qui a été trouvée (à partir d'une facette u) dans la direction $\mathcal{D}$. L'idée principale de notre algorithme consiste à commencer la recherche de f' dans un voisinage de u'. L'algorithme repose alors sur le résultat suivant :

Théorème 2

Soit f la facette courante dans la liste dont nous savons qu'elle possède un voisin f' dans la direction $\mathcal{D}$ ($\mathcal{D} = Y$ ou $\mathcal{D} = Z$). Soit u la dernière facette ayant eu un voisin dans la même direction $\mathcal{D}$. Nous avons la propriété suivante :

$$\mathcal{I}(f') > \mathcal{I}(u') - \lambda$$

Preuve :

Les cellules (i,j,k) sont implicitement ordonnées par le sens de parcours de *l'image par le Marching-Cubes. Suivant cet ordre, le nombre de cellules séparant $\mathcal{C}(u)$ et $\mathcal{C}(t)$ est égal au nombre de cellules entre $\mathcal{C}(u')$ et $\mathcal{C}(f')$.*

- *si u et f ont été générés dans la même cellule (i.e. $\mathcal{C}(u) = \mathcal{C}(f)$), alors u' et f' ont également été générés dans le même cellule (i.e. $\mathcal{C}(u') = \mathcal{C}(f')$). Nous ne savons pas si u' a été générée avant, mais comme il y a au plus λ facettes par cellule, il suffit de commencer la recherche de f' à partir de l'index $\mathcal{I}(u') - \lambda + 1$ dans la liste.*
- *sinon (i.e. $\mathcal{C}(u) \neq \mathcal{C}(f)$), le fait que u est avant f dans la liste implique que $\mathcal{C}(u)$ a été parcouru avant $\mathcal{C}(f)$. Nous en déduisons alors que $\mathcal{C}(u')$ et $\mathcal{C}(f')$ ont également été parcourus dans cet ordre. Cela nous permet de conclure que $\mathcal{I}(f') > \mathcal{I}(u')$.*

De manière évidente, nous concluons de ces deux cas que le résultat annoncé est vérifié.

□

La seule structure de donnée nécessaire pour contrôler cet algorithme est réduite à trois adresses dans la liste des facettes : l'index courant $\mathcal{I}(f)$ et les dernières valeurs $\mathcal{I}_Y$ et $\mathcal{I}_Z$ de $\mathcal{I}(u')$, correspondant respectivement à $\mathcal{D} = Y$ et $\mathcal{D} = Z$.

La figure 7.7 représente une partie de la liste de facettes générées à partir de l'exemple de la figure 7.6. Dans cette situation, la facette f possède un de ses voisins, nommé f', dans la direction $\mathcal{D} = Y$. Avant de stocker la relation entre f et f', comme (u,u') était le dernier couple de facettes dans la direction $\mathcal{D} = Y$, $\mathcal{I}_Y$ était égal à $\mathcal{I}(u')$. Donc f' peut être recherchée à partir de la position de u' au lieu de celle de f comme dans l'algorithme naïf. Après avoir établi la relation entre f et f', la nouvelle valeur de $\mathcal{I}_Y$ est $\mathcal{I}(f')$.

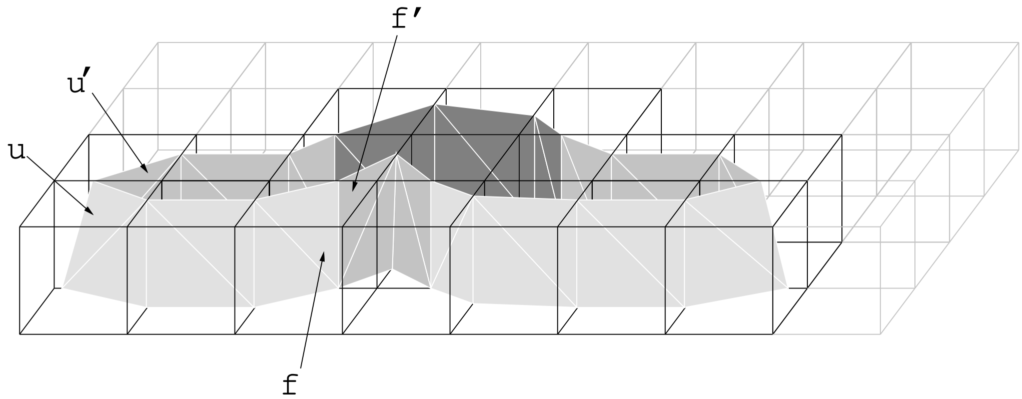


FIG. 7.6 – *Exemple d'une surface générée dans une couche (les couleurs des facettes correspondent à leur coordonnée sur l'axe Oy)*

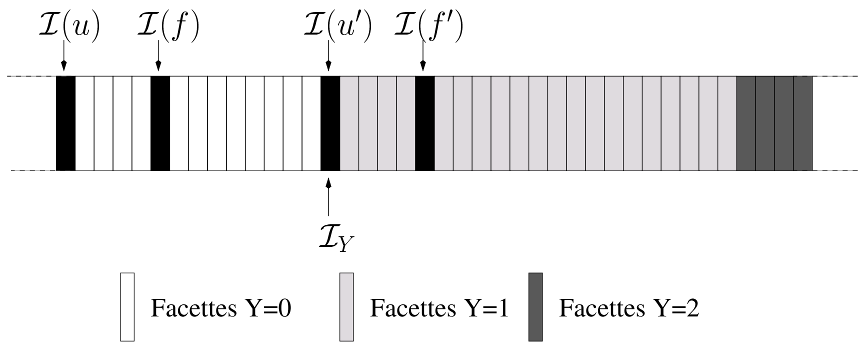


FIG. 7.7 – *Partie de la liste de triangles générée à partir de l'exemple précédent*

7.3 Complexité et tests expérimentaux

7.3.1 Analyse de la complexité

Dans cette section nous présentons une preuve de la linéarité de l'algorithme. Celui-ci parcourt entièrement la liste de facettes et cherche les voisins de la facette courante. Bien que certaines de ces recherches soient coûteuses et puissent être aussi longues que dans l'algorithme naïf, nous verrons qu'elles se produisent assez peu souvent pour être *amorties* par les nombreuses autres recherches en temps constant. Nous sommes dans un cas typique d'une preuve utilisant l'*analyse amortie*. Nous utilisons la méthode du potentiel de SLEATOR, avec les notations de [CLR90].

Soit D_i la structure de données à la $i^{\text{ème}}$ étape de l'algorithme. La méthode associe à la structure de données globale, une fonction potentiel Φ qui fait correspondre à chaque structure de données D_i un nombre réel $\Phi(D_i)$. Soit c_i le coût réel de la $i^{\text{ème}}$ étape. Par définition, la coût amorti $\hat{c}_i$ de la $i^{\text{ème}}$ opération est :

$$\hat{c}_i = c_i + \Phi(D_i) - \Phi(D_{i-1}) \tag{7.3}$$

La principale propriété utilisée par l'analyse amortie est que le total des coûts amortis après n étapes est égal au total des coûts réels de ces n étapes plus l'augmentation de potentiel :

$$\sum_{i=1}^{n} \hat{c}_i = \sum_{i=1}^{n} c_i + \Phi(D_n) - \Phi(D_0) \tag{7.4}$$

Il suffit alors de vérifier que le potentiel final est supérieur ou égal au potentiel initial pour garantir que le total des coûts amortis est une borne supérieure du total des coûts réels.

La $i^{\text{ème}}$ étape de l'algorithme consiste en la recherche d'un voisin f' d'une facette f. Le coût réel de ces recherches dépend de la direction $\mathcal{D}$ de f' :

$\mathcal{D} = \emptyset$: il s'agit de la direction que nous utilisons lorsque f' a déjà été traitée parce que positionnée avant f dans la liste. Aucune recherche n'est nécessaire, nous avons donc $c_i = 1$.

$\mathcal{D} = I$: f et f' sont dans la même cellule, donc distantes dans la liste d'au plus $\lambda - 1$ facettes. Nous avons ainsi $c_i < \lambda$.

$\mathcal{D} = X$: f est dans la cellule suivante de f', donc f et f' sont distantes dans la liste d'au plus $2\lambda - 1$ facettes. Nous avons $c_i < 2\lambda$.

$\mathcal{D} = Y$: la recherche débute à l'index $\mathcal{I}_Y$. Soit d_Y le nombre de facettes parcourues avant que f' soit atteinte. Nous avons : $c_i = d_Y$.

$\mathcal{D} = Z$: la recherche débute à l'index $\mathcal{I}_Z$. Soit d_Z le nombre de facettes parcourues avant que f' soit atteinte. Nous avons $c_i = d_Z$.

Nous pouvons maintenant énoncer le résultat principal :

Théorème 3

L'algorithme précédemment décrit a une complexité linéaire *suivant le nombre de facettes de la liste*

Preuve :

La fonction de potentiel Φ que nous utilisons est :

$$\Phi(D_i) = i - \mathcal{I}_Y - \mathcal{I}_Z \tag{7.5}$$

Il est facile de vérifier que ce potentiel est nul au début de l'algorithme et positif à la fin. En effet, il y a m facettes ayant chacune 3 arêtes : la dernière valeur de i est donc $3m$, et $\mathcal{I}_Y$ et $\mathcal{I}_Z$ sont plus petits que m.
Calculons maintenant l'augmentation de potentiel associée aux 5 valeurs possibles de $\mathcal{D}$:

$\mathcal{D} = \emptyset$, $\mathcal{D} = I$ ou $\mathcal{D} = X$: *dans ces trois cas, $\mathcal{I}_Y$ et $\mathcal{I}_Z$ ne sont pas modifiés, donc $\Phi(D_i) - \Phi(D_{i-1}) = 1$,*

$\mathcal{D} = Y$: *la nouvelle valeur de $\mathcal{I}_Y$ correspond à la position de f'. Celle-ci a été augmentée de d_Y, donc $\Phi(D_i) - \Phi(D_{i-1}) = 1 - d_Y$,*

$\mathcal{D} = Z$: *la nouvelle valeur de $\mathcal{I}_Z$ correspond à la position de f'. Celle-ci a été augmentée de d_Z, donc $\Phi(D_i) - \Phi(D_{i-1}) = 1 - d_Z$,*

En ajoutant ces augmentations de potentiel aux coûts réels, nous pouvons vérifier que le coût amorti de chacune de ces 5 opérations est $\mathcal{O}(1)$. Nous pouvons donc en déduire, d'après l'équation 7.4, que les $3m$ opérations sont effectuées avec une complexité $\mathcal{O}(m)$.

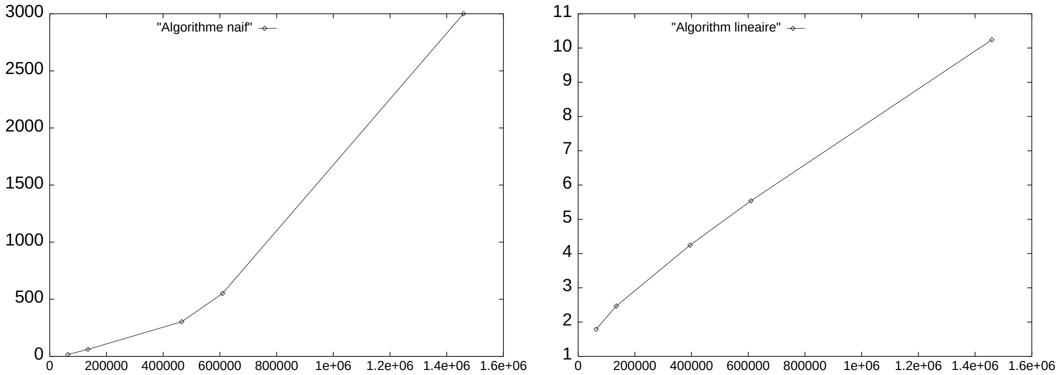
□

Dans la mesure où tout algorithme cherchant à résoudre ce problème doit parcourir au moins une fois toutes les facettes, notre approche est *optimale*.

7.3.2 Expérimentations et résultats

Dans ce paragraphe, nous montrons quelques expérimentations des mises en œuvre des deux approches pour construire la relation d'adjacence. Nous avons ainsi testé les deux algorithmes sur plusieurs surfaces extraites d'images médicale 3D par l'algorithme des Marching-Cubes. Les temps de calcul, pour les deux figures 7.8, sont obtenus avec les mêmes données. Nous pouvons ainsi observer expérimentalement la linéarité de notre algorithme. Pour une surface avec $1{,}5 \times 10^6$ facettes, le temps d'exécution décroît de 3000 à 10 secondes.

Les figures 7.9 et 7.10 montrent de façon graphique les bénéfices de nos améliorations : nous représentons les coûts cumulés des recherches effectuées pour trouver un voisin en fonction du déplacement d. Il s'agit de la probabilité (axe Oy) pour



(a) Algorithme naïf (b) Algorithme linéaire

FIG. 7.8 – *Comparaison des temps de calcul des deux algorithmes*

une recherche de parcourir un certain nombre (axe Ox) de facettes avant de trouver le voisin. Nous avons volontairement tronqué les histogrammes à des recherches de moins de 250 facettes d'écarts, car même s'il existe des recherches plus longues, elles sont anecdotiques.

La surface de ces histogrammes est fonction du coût total de l'algorithme. Nous observons 3 pics dans le premier histogramme 7.9, correspondant aux trois directions de recherche $\mathcal{D} = I$ (et $\mathcal{D} = X$), $\mathcal{D} = Y$ ou $\mathcal{D} = Z$. Ces pics disparaissent complètement dans la figure 7.10, montrant que la plupart des recherches sont locales : 85% des recherches visitent moins de 10 facettes.

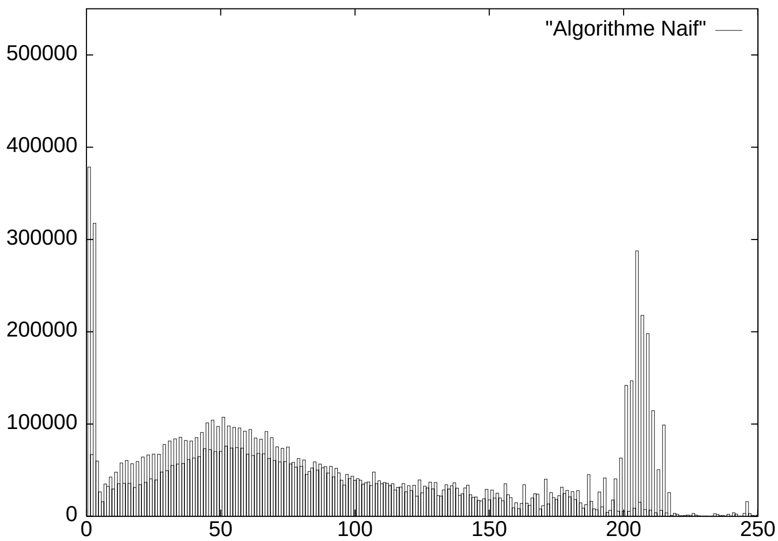


FIG. 7.9 – *Distribution du coût cumulé pour chaque déplacement dans la liste, algorithme naïf*

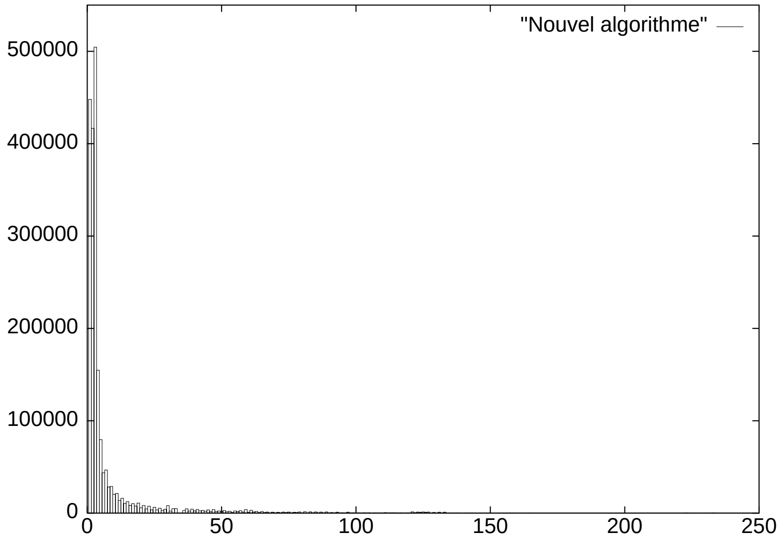


FIG. 7.10 – *Distribution du coût cumulé pour chaque déplacement dans la liste, nouvel algorithme*

7.3.3 Introduction à la décimation

Il s'agit d'un travail effectué lors du stage de D. COEURJOLLY co-encadré par L. TOUGNE et moi-même. Nous nous bornons à mentionner ce travail comme *application* à l'algorithme qui vient d'être décrit.

L'algorithme des Marching-Cubes est intrinsèquement très précis puisqu'il produit des surfaces dont les plus petits éléments sont de taille inférieure à celle d'un voxel. Les surfaces générées comportent alors généralement un très grand nombre de facettes : sur l'exemple présenté figure 7.11, la surface extraite comporte plus d'un million de triangles. Ainsi, lors d'un rendu surfacique avec des techniques classiques de lancé de rayons (*Z-buffer*), une telle quantité de détails ralentit considérablement l'affichage.

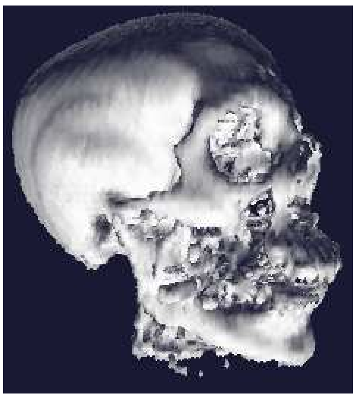


FIG. 7.11 – *Surface extraite par l'algorithme des Marching-Cubes sur une image de tomographie X*

Ainsi, afin de réduire le nombre de primitives géométriques définissant une surface, nous avons mis en œuvre un algorithme original de *décimation de surface*. Cette méthode se base sur l'approche développée par SCHROEDER *et al.* dans [SZL92] et lui apporte plusieurs améliorations. Le principe de base consiste à enlever successivement un certain nombre de facettes. Pour savoir quelles facettes supprimer, nous calculons pour chacune un *coût* correspondant à une évaluation de la courbure locale (combinaison avec les angles formés par la facette courante et les différentes facettes voisines). L'objectif est de conserver les endroits de forte courbure et de remplacer les surfaces pratiquement planes composées de nombreux triangles par une seule facette. Une fois cette fonction de coût calculée, un histogramme cumulé de ces valeurs nous permet de fixer un seuil sur la fonction de coût correspondant au pourcentage voulu de décimation. Le reste de l'algorithme consiste à supprimer les facettes dont le coût est supérieur au seuil et à trianguler le trou ainsi formé. Une attention particulière est donnée à une utilisation économe des ressources mémoires, en accord avec l'algorithme précédent. La figure 7.12 montre ainsi la même surface que sur la figure 7.11, mais avec 40% de facettes en moins.

FIG. 7.12 – *Surface décimée, 50% des facettes ont été supprimées*

7.4 Conclusion

Ce chapitre a été consacré aux travaux réalisés dans le cadre d'une *approche surface* de l'imagerie médicale. À la suite de l'algorithme des Marching-Cubes, nous proposons un algorithme permettant de construire la relation d'adjacence de la surface triangulée. Une preuve par analyse amortie de la linéarité de l'algorithme est exhibée et nous présentons quelques résultats expérimentaux. Cette technique sert de base à un algorithme de décimation et se positionne en amont d'un bon nombre de traitements sur surface triangulée. Une partie de ce chapitre a été publiée dans [MNS97], et l'algorithme de décimation dans [CST99].

Conclusion générale

Trois domaines d'étude ont été abordés dans cette thèse : le recalage d'images, le positionnement de patient et les travaux du projet *Santé et Calculs haute-performance*. Pour chaque partie, nous présentons un résumé de notre contribution et quelques perspectives.

Recalages d'images

Résumé Les travaux présentés dans la première partie du document sont consacrés au problème du recalage d'images par les méthodes dites *iconiques*, c'est-à-dire sans segmentation et basées sur l'évaluation des liens entre les distributions d'intensités des images. Cette technique a tout d'abord été abordée à travers l'étude de différentes mesures de similarité (chapitre 2). Nous avons ainsi présenté une classification synthétique de nombreux critères de similarité en essayant de mettre l'accent sur les hypothèses sous-jacentes des liens entre les distributions d'intensités des image. Il s'agit d'une classification originale, aucun état de l'art n'existant à notre connaissance sur ce sujet. Deux séries d'expérimentations concluent le chapitre, illustrant d'une part les différences de comportement entre plusieurs mesures et d'autre part leur utilisation potentielle en dehors du champ d'application du recalage d'images dans l'optique d'une recherche par le contenu appliquée au positionnement de patient (une partie de ce chapitre est publiée dans [SM99c]).

Ensuite, au chapitre 3, différentes méthodes d'interpolation, dont certaines originales [SF99], ont été présentées et comparées dans le but de mettre en avant l'importance de cette étape (compromis précision/rapidité). Par la suite, au chapitre 4, ayant constaté que la majorité du temps de calcul lors d'une procédure de recalage est passée durant les étapes de transformation d'image, nous avons proposé un algorithme permettant d'accélérer l'ensemble du processus au prix d'une perte de précision contrôlée. Une étude des performances de cette méthode conduit à régler de manière automatique certains paramètres et fournit un modèle permettant de prévoir le comportement de l'algorithme. Ce travail a été publié dans [SM99b].

Perspectives Différentes voies peuvent être envisagées en ce qui concerne l'amélioration des techniques de recalages iconiques. En particulier, nous n'avons pas exploré d'autres méthodes d'optimisation que celle de Powell-Brent, bien qu'il soit sûrement possible d'accélérer et/ou de rendre plus robuste le processus par l'utilisation de procédures plus évoluées. Quant à la précision qu'il est possible d'obtenir, outre la conjugaison de la mesure et de la procédure d'interpolation, il semble que la prochaine étape soit d'étudier l'adéquation modalité/mesure.

De manière plus générale, l'actuel emploi des mesures de similarité dans le domaine du recalage d'images médicales ne doit pas faire oublier le caractère original de la démarche en tant qu'outil potentiellement adaptable à d'autre types d'images. Même si cette approche semble a priori limitée par des hypothèses fortes mais explicites sur le lien entre les distributions d'intensités des images, elle nous parait originale par rapport aux approches classiques basées sur des informations de nature *différentielle*. Ainsi, bien que le calcul de la similarité puisse être perçu comme une segmentation en régions homogènes de même intensité, il n'en est rien puisqu'il s'agit en fait de l'extraction d'une caractéristique *commune* à deux images : l'histogramme joint. Cette caractéristique représente une réduction de l'information de *deux images* au même titre qu'une segmentation représente une réduction de l'information *d'une seule* image. La mesure de similarité est également un critère *global*, tenant compte de la totalité de l'information contenue dans les images, mais est *relative* à une position. De plus, nous avons exhibé deux cas (chapitre 2 et chapitre 5) où le critère peut être utilisé de manière relative par rapport à *différents couples* d'images. De futurs travaux pourraient consister à associer les méthodes avec et sans segmentation dans le but de profiter des avantages des deux approches.

Positionnement de patient

Résumé Le traitement des cancers par radiothérapie conformationnelle nécessite la connaissance exacte de la position du patient afin d'irradier le plus précisément possible les cellules tumorales. Pour cela, un examen scanner est tout d'abord généré et sert de position de référence. Ensuite, lors de chaque séance d'irradiation, un couple d'images portales est acquis et fournit une certaine information sur la position actuelle du patient. La majorité des méthodes de positionnement utilisées aujourd'hui reposent sur l'extraction de structures particulières dans les images. Or, les images portales sont de très mauvaise qualité et rendent délicate une telle étape.

Nous avons décrit au chapitre 5 une méthode entièrement automatique et sans étape de segmentation, permettant à partir de l'examen volumique de référence et des images portales d'estimer le déplacement du patient. Notre approche consiste tout d'abord à générer, préalablement aux séances d'irradiation, un ensemble d'images candidates projetées selon différentes orientations. Ensuite, une recherche par le contenu permet de déterminer parmi cet ensemble d'images, celle qui est la plus semblable à l'image portale. Cette recherche est effectuée à l'aide des méthodes de recalages iconiques et retient l'image dont le recalage conduit à la mesure de similarité la plus haute. Cette étape conduit de plus à une estimation de la transformation 2D observée entre les différentes projections. Enfin, la dernière étape utilise ces paramètres pour estimer le déplacement 3D par une simple optimisation géométrique.

Cette méthode donne de bons résultats sur les expérimentations effectuées puisque les déplacements simulés sont retrouvés avec une précision de l'ordre du millimètre en translation et de 1 degré en rotation. En particulier les déplacements comportant des rotations hors-plan, traditionnellement délicats à estimer, sont correctement retrouvés.

Perspectives L'approche préliminaire qui a été développée nous laisse espérer différentes perspectives. Ainsi, la prochaine étape consiste en une évaluation clinique des travaux par l'intermédiaire d'une collaboration suivie avec des médecins du centre de lutte contre le cancer Léon Bérard. Un protocole de tests devrait être mis en place et conduire à une série d'expérimentations au courant de l'année prochaine. Plusieurs aspects de la méthode proposée vont faire l'objet de travaux plus poussés. En ce qui concerne la précision et la robustesse de la méthode, deux étapes sont critiques : les résultats (transformation 2D) du recalage pris en considération et la méthode de minimisation permettant de combiner les transformations 2D pour trouver le déplacement 3D. Du point de vue de la rapidité de la méthode, nous pensons que de nombreuses solutions existent puisque la seule étape coûteuse consiste en la série de recalages. Or, nous l'avons vu, différents moyens permettent de réduire le temps de calcul d'une étape de recalage : choix de l'interpolation, sous-échantillonnage, algorithme de transformation spécifique. De plus, nous pensons que le nombre de recalages à effectuer peut être drastiquement limité en employant une technique de recherche autre que celle utilisée pour montrer la faisabilité de l'approche, *i.e.* un parcours exhaustif. Cette optimisation est en effet facilitée par la régularité observée de la mesure de similarité dans l'espace des images pré-calculées.

Santé et calculs haute-performance

Résumé La troisième partie de ce document est consacrée aux travaux plus spécifiquement liés au projet *Santé et Calculs Haute-Performance*. Nous avons ainsi présenté au chapitre 6 le prototype de plate-forme d'imagerie médicale à accès distant nommé ARAMIS (A Remote Access Medical Imaging System). Cette plate-forme est constituée d'une applet Java s'exécutant au sein d'un navigateur Web et est ainsi disponible à partir de pratiquement n'importe quel poste de travail banalisé. De l'autre côté, un serveur de calcul composé d'une machine parallèle ou d'un réseau de stations, gère un ensemble d'outils parallèles d'imagerie médicale. Ces applications proviennent des travaux effectués au cours des activités de recherche de S. Miguet, et ont été développées par de nombreux auteurs. La spécificité du serveur d'imagerie est de ne jamais transférer les importants volumes de données vers les postes clients. Tous les traitements 3D, grands consommateurs de puissance de calcul mais aussi de ressources mémoire, sont ainsi effectués de manière distante sur le serveur. Ne sont alors transférés au client, que les résultats de tels traitements, typiquement des images 2D. À travers un protocole de communication spécifique basé sur les principes classiques d'encapsulation des appels de méthodes, les accès distants de l'applet vers le serveur de calcul peuvent être rendus transparents à l'utilisateur. Notre système permet ainsi d'une part l'intégration d'outils d'imagerie médicale haute-performance (dédiés à une architecture parallèle), et d'autre part la construction d'applications utilisateur (avec interface graphique conviviale), grâce à un ensemble d'objets masquant les accès distants. Plus de détails peuvent être trouvés dans les publications [Sar98] et [SM99a].

Parmi les outils d'imagerie médicale à notre disposition, les approches surfaciques basées sur l'algorithme des Marching-Cubes ont fait l'objet de plusieurs travaux au sein du laboratoire. Nous nous sommes ainsi intéressés plus particulièrement à la surface triangulée résultant de l'algorithme et avons constaté qu'un grand nombre de traitements utilisant cette surface nécessite la connaissance de la relation d'adjacence entre les triangles (relation de voisinage). Or, nous montrons au chapitre 7 que le temps de calcul nécessité par cette étape peut être prohibitif si la méthode utilisée est basique. Nous proposons alors un nouvel algorithme, ne requérant aucun besoin en mémoire supplémentaire (autre que celui nécessaire pour stocker la relation). Cette technique est basée sur la mémorisation de certaines recherches de voisins, caractérisées par la position des facettes lors de leurs générations par les Marching-Cubes au sein d'une cellule (groupement de huit voxels). Nous prouvons ensuite que la complexité de cette approche est linéaire suivant le nombre de facettes (complexité optimale) par une technique d'analyse amortie. Une série d'expérimentation a permis de vérifier ce comportement (voir la publication [MNS97]). Enfin, cet algorithme a servit de base à une technique de décimation de surface triangulée (décrite dans [CST99]), permettant de réduire rapidement et de manière importante le nombre d'éléments composant cette surface.

Perspectives Les images à partir desquelles les médecins travaillent sont de plus en plus sous forme numérique. Elles font maintenant partie des traitements routiniers en milieu hospitalier et permettent ainsi des diagnostics et des thérapeutiques jusque là impossible. Cependant, les moyens matériels et logiciels permettant d'exploiter au mieux ces données sont encore d'un coût relativement élevé. En particulier, l'évolution des capacités des machines liée à celle des besoins (toujours plus de données de meilleure résolution donc plus volumineuses) rend délicat le renouvellement régulier du matériel informatique. Dans cet esprit, le système ARAMIS développé est une première approche visant à permettre l'accès, à partir de machines non puissantes, à des traitements haute-performance. Le prototype développé est encore incomplet, les outils à notre disposition ne sont pas tous intégrés, mais il est fonctionnel et à été conçu de manière modulable. A l'avenir, outre une amélioration des protocoles de communication développés, l'effort devrait être mis sur la facilité d'intégration des bibliothèques de traitements d'images. Ainsi, grâce à des systèmes de génération automatique de code, il devrait être possible à un concepteur d'ajouter son propre outil d'une manière conviviale. De même, l'interface utilisateur est encore "rustique" et mériterait une étude plus importante.

Le mot de la fin

L'ensemble des travaux qui a été présenté dans cette thèse puise sa motivation dans le rêve de prendre part d'une certaine manière à l'amélioration des techniques de santé. Nous espérons que cette étude servira au moins à stimuler la recherche dans ce domaine.

Bibliographie

[ABKC90] N.M. Alpert, J.F. Bradshaw, D. Kennedy, et J.A. Correia. « The Principal Axes Transformation – A Method for Image Registration ». *Journal of Nuclear Medicine*, 31:1717–1722, 1990.

[Agr90] A. Agresti. *Categorical Data Analysis*. WILEY, 1990.

[AKN89] A. Apicella, J.S. Kippenhan, et J. H. Nagel. « Fast Multi-Modality Image Matching ». Dans *Medical Imaging III: Image Processing*, volume 1092 de *SPIE Proceedings*, pages 252–263, 1989.

[AWSH95] R. Acharya, R. Wasserman, J. Stevens, et C. Hinojosa. « Biomedical Imaging Modalities: A Tutorial ». *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 19(1):3–25, janvier 1995.

[Aya98] N. Ayache. « L'Analyse Automatique des Images Médicales – État de l'Art et Perspectives ». Rapport Technique 3364, INRIA, février 1998.

[Bas89] M. Basseville. « Distance Measures for Signal Processing and Pattern Recognition ». *Signal Processing*, 18(4):349–369, décembre 1989.

[Bas96] M. Basseville. « Information: Entropies, Divergences et Moyennes ». Rapport Technique 1020, IRISA – 35042 Rennes Cedex France, mai 1996.

[BCD96] S. Browne, H. Casanova, et J. Dongarra. « Providing Access to High Performance Computing Technologies ». Dans J. Wasniewski, J. Dongarra, K. Madsen, et D. Olesen, éditeurs, *Applied Parallel Computing: Industrial Computation and Optimization: Third International Workshop, PARA'96*, volume 1184 de *Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science*, pages 123–133, 1996.

[BD97] M. Berger et G. Danuser. « Deformable Multi Template Matching with Application to Portal Images ». Dans *Proceedings Computer Vision and Pattern Recognition '97*. IEEE Computer Society Press, 1997.

[BN96a] D. Bhat et S. Nayar. « Ordinal Measures for Visual Correspondence ». Dans *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, juin 1996.

[BN96b] M. Bro-Nielsen. « *Medical Image Registration and Surgery Simulation* ». PhD thesis, Technical University of Denmark, août 1996.

[BN97] M. Bro-Nielsen. « Rigid Registration of CT, MR and Cryosection Images using a GLCM Framework ». *Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science*, 1205:171–180, 1997.

[BNG96] M. Bro-Nielsen et C. Gramkow. « Fast Fluid Registration of Medical Images ». *Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science*, 1131:267–276, 1996.

[BRF98] M. Boyles, R. Raje, et S. Fang. « CEV: Collaborative Environment for Visualization Using Java-RMI ». Dans *ACM 1998 Workshop on Java for High-Performance Network Computing*, février 1998.

[Bro92] L.G. Brown. « A Survey of Image Registration Techniques ». *ACM Computing Surveys*, 24(4):325–376, décembre 1992.

[Bru92] L. Brunie. « *Fusion d'images médicales multimodales* ». PhD thesis, Université Joseph Fourier – Grenoble I, décembre 1992.

[BS97] G. Barequet et M. Sharir. « Partial Surface and Volume Matching in 3D ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 19(9):929–947, septembre 1997.

[BTU99] T. Blu, P. Thévenaz, et M. Unser. « Generalized Interpolation: Higher Quality at no Additional Cost ». Dans *IEEE International Conference on Image Processing*, octobre 1999.

[CBF+92] H.P. Charles, O. Baby, A. Fouilloux, S. Miguet, L. Perroton, Y. Robert, et S. Ubéda. « PPCM: A portable Parallel Communication Module ». Rapport Technique 92-04, LIP-IMAG, ENS-Lyon, 1992.

[CD97] H. Casanova et J. Dongarra. « NetSolve: A Network-Enabled Server for Solving Computational Science Problems ». *The International Journal of Supercomputer Applications and High Performance Computing*, 11(3):212–223, 1997.

[CFKK98] K. Czajkowski, I. Foster, N. Karonis, et C. Kesselman. « A Resource Management Architecture for Metacomputing Systems ». *Lecture Notes in Computer Science*, 1459:62–81, 1998.

[CGG96] J. Confais, Y. Grelet, et M. Le Guen. « *SAS© : Tests d'indépendance et mesures d'association dans un tableau de contingence* ». INSEE, 1996.

[CKRP97] M. Chen, T. Kanade, H. Rowley, et D. Pomerleau. « Anomaly Detection through Registration ». Rapport Technique CMU-RI-TR-97-41, Robotics Institute, Carnegie Mellon University, Pittsburgh, PA, novembre 1997.

[CKW92] A.D. Calway, H. Knutsson, et R. Wilson. « A multiresolution frequency domain algorithm for fast image registration ». Dans *3th International Conference on Visual Search*, pages 1–2, avril 1992.

[CLM95] H.P. Charles, L. Lefevre, et S. Miguet. « An optimized and load-balanced portable parallel ZBuffer ». Dans *SPIE Symposium on Electronic Imaging: Science and Technology*, 1995.

[CLR90] T. Cormen, C. Leiserson, et R. Rivest. *Introduction to Algorithms*. MIT Press, 1990.

[CM87] E. De Castro et C. Morandi. « Registration of Translated and Rotated Images Using Finite Fourier Transforms ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 9(5):700–703, septembre 1987.

[CMD+95] A. Collignon, F. Maes, D. Delaere, D. Vandermeulen, P. Suetens, et G. Marchal. « Automated Multi-modality Image Registration based on Information Theory ». *Information Processing in Medical Imaging*, pages 263–274, 1995.

[Col97] A. Colin. « *Étude de méthodes de recalage et de fusion d'images 3D du cerveau. Application au suivi d'une pathologie cérébrale* ». PhD thesis, Université Blaise Pascal, Clermont-Ferrand, octobre 1997.

[CP98] J.P. Cocquerez et S. Philipp, éditeurs. *Analyse d'Images : Filtrage et Segmentation*. Masson, 1998.

[CST99] D. Coeurjolly, D. Sarrut, et L. Tougne. « Décimation en Imagerie Médicale 3D ». Dans *Courbes Surfaces et Algorithmes*, Grenoble, France, septembre 1999. Journées du Groupe de Travail "Modélisation Géométrique".

[CV98] S. Contassot-Vivier. « *Calculs Parallèles pour le Traitement des Images Satellites* ». PhD thesis, Ecole Normale Supérieure de Lyon, février 1998.

[CVSM95] A. Collignon, D. Vandermeulen, P. Suetens, et G. Marchal. « 3D Multi-Modality Medical Image Registration Using Feature Space Clustering ». *Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science*, 905:195–204, 1995.

[Dav96a] C. Davatzikos. « Nonlinear Registration of Brain Images Using Deformable Models ». Dans *IEEE Workshop on Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis*, pages 94–103, San Francisco, juin 1996.

[Dav96b] C. Davatzikos. « Spatial Normalization of 3D Brain Images Using Deformable Models ». *Journal of Computer Assisted Tomography*, 20(4):656–665, février 1996.

[Dav97] C. Davatzikos. « Spatial Transformation and Registration of Brain Images Using Elastically Deformable Models ». *Computer Vision and Image Understanding: CVIU 98*, 66(2), 1997.

[DKFH97] M.H. Davis, A. Khotanzad, D.P. Flaming, et S.E. Harms. « A Physics-Based Coordinate Transformation for 3D Image Matching ». *IEEE Transaction On Medical Imaging*, 16(3):317–328, juin 1997.

[EMPV93] P.A. Van Den Elsen, J.B.A. Maintz, E.J.D. Pol, et M.A. Viergever. « Medical Image Matching – A Review with Classification ». *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, pages 26–39, mars 1993.

[EMV93] P.A. Van Den Elsen, J.B.A. Maintz, et M.A. Viergever. « Automated CT and MR Brain Image Matching using Correlation of Geometrical 'ridgeness' Features ». Dans M.A. Viergever, éditeur, *VIP'93 - International Conference on Volume Image Processing*, pages 31–34, Utrecht, 1993. SCVR.

[EMV95] P.A. Van Den Elsen, J.B.A. Maintz, et M.A. Viergever. « Automated CT and MR Brain Image Matching using Correlation of Geometrical Features ». *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 14(2):384–396, juin 1995.

[Fes99] F. Feschet. « *Techniques d'Imagerie pour l'aide au Positionnement en Dosimétrie Conformationnelle* ». PhD thesis, INSA de Lyon, février 1999.

[FK98] I. Foster et C. Kesselman. « The Globus Project: A Status Report ». Dans *IPPS/SPDP '98 Heterogeneous Computing Workshop*, pages 4–18, 1998.

[FMP98] F. Feschet, S. Miguet, et L. Perroton. « ParList: a Parallel Data Structure for Dynamic Load Balancing ». *Journal of Parallel and Distributed Computing*, 51:114–135, 1998.

[FPC+94] D.S. Fritsch, S.M. Pizer, E.L. Chaney, A. Liu, S. Raghavan, et T. Shah. « Cores for Image Registration ». Dans *Medical Imaging '94: Image Processing*, volume 2167, pages 128–142. SPIE, 1994.

[FSM99] F. Feschet, D. Sarrut, et S. Miguet. « Automated Position Control in Conformal Radiotherapy ». Rapport Technique, Laboratoire ERIC, février 1999.

[FT94] M. FIDRICH et J.P. THIRION. « Multiscale Extraction and Representation of Features from Medical Images ». Rapport Technique 2365, INRIA, octobre 1994.

[FTT97] I. FOSTER, G.K. THIRUVATHUKAL, et S. TUECKE. « Technologies for Ubiquitous Supercomputing: a Java interface to the Nexus communication system ». Dans G.C. FOX, éditeur, *Java for Computational Science and Engineering — Simulation and Modeling: Workshop — Syracuse, KS*, volume 9:6, pages 465–476. John Wiley and Sons, décembre 1997.

[FvFH90] J. FOLEY, A. VAN DAM, S. FEINER, et J. HUGHES. *Computer graphics – Principles and Practice–*. Addison-Wesley, 2nd édition, 1990.

[FWM98] J.M. FITZPATRICK, J. WEST, et C.R. MAURER. « Predicting Error in Rigid-Body, Point-Based Registration ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(5):694–702, octobre 1998.

[GCB92] P. GERLOT-CHIRON et Y. BIZAIS. « Registration of Multimodality Medical Images Using a Region Overlap Criterion ». *Computer Vision, Graphics, and Image Processing. Graphical Models and Image Processing*, 54(5):396–406, septembre 1992.

[Gér98] T. GÉRAUD. « *Segmentation des Structures Internes du Cerveau en Imagerie par Résonance Magnétique Tridimensionnelle* ». PhD thesis, Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications, juin 1998.

[GGM97] J. M. GEIB, C. GRANSART, et P. MERLE. *CORBA: Des concepts à la pratique*. Masson Editeur, 1997.

[GJM99] M. GARZA-JINICH et V. MEDINA. « Automatic Correction of Bias Field in Magnetic Resonance Images ». Dans *10th International Conference on Image Analysis and Processing*, pages 752–756, Venice, Italy, septembre 1999. IEEE Computer Society.

[GLPW+94] W.E.L. GRIMSON, T. LOZANO-PÉREZ, W.M. WELLS, G.J. ETTINGER, S.J. WHITE, et R. KIKINIS. « An Automatic Registration Method for Frameless Stereotaxy, Image Guided Surgery, and Enhanced Reality Visualization ». Dans *Proceedings of the Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 430–436, Los Alamitos, CA, USA, juin 1994. IEEE Computer Society Press.

[GTDK97] S. GRAVES, J. TULLIO, J.H. DOWNS, et N. KASSELL. « Telepresence in Neurosurgery: The Integrated Remote Neurosurgical System ». Dans *Medicine Meets Virtual Reality 5*, 1997.

[HFGE97] P. HASTREITER, J. FREUND, G. GREINER, et T. ERTL. « Fast Mutual Information Based Registration and Fusion of Registered Tomographic Image Data ». Dans B. ARNOLDS, H. MÜLLER, D. SAUPE, et Th. TOLXDORFF, éditeurs, *5. Workshop: Digitale Bildverarbeitung in der Medizin*, pages 146–151. GI, Deutsche Gesellschaft fuer medizinische Informatik (GMDS), 1997.

[HHS+94] D.L.G. HILL, D.J. HAWKES, C. STUDHOLME, P.E. SUMMERS, et M.G. TAYLOR. « Accurate Registration and Transformation of Temporal Image Sequences ». Dans *Society of Magnetic Resonance (2nd annual meeting)*, page 820, San Fransisco, août 1994.

[Hil93] D.L.G. HILL. « *Combinaison of 3D Medical Images from Multiple Modalities* ». PhD thesis, University of London, Image Processing Group, Radiological Sciences, UMDS, Guy's Campus, St Thomas's Street, London SE1 9RT U.K., décembre 1993.

[Hil94] D.L.G. Hill. « Accurate Frameless Registration of MR and CT Images of the Head: Application in Surgery and Radiotherapy Planning ». *Radiology*, 191:447–454, 1994.

[HSH92] D.L.G. Hill, C. Studholme, et D.J. Hawkes. « Voxel Similarity Measures for Automated Image Registration ». *Visualisation in Biomedical Computing, Proc. Soc. Photo-Opt Instrum Eng.*, pages 205–216, 1992.

[HSS+95] J.V. Hajnal, N. Saeed, E.J. Soar, A. Oatridge, I.R. Young, et G.M. Bydder. « A Registration and Interpolation Procedure for Subvoxel Matching of Serially Acquired MR Images ». *Journal of Computer Assisted Tomography*, 19(2):289–296, mars 1995.

[HWHN96] N. Hata, W.M. Wells, M. Halle, et S. Nakajima. « Image Guided Microscopic Surgery System Using Mutual-Information Based Registration ». *Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science*, 1131:317–326, 1996.

[Jol98] J.M. Jolion. « Indexation d'images : nouvelle problématique ou vieux débat ? ». Rapport Technique 9805, Laboratoire Reconnaissance de Formes et de Vision, Insa de Lyon, France, 1998.

[JR94] J.M. Jolion et A. Rosenfeld. *A Pyramid Framework for Early Vision*. KLUWER Pub. Comp., 1994.

[JR95] J. J. Jacq et C. Roux. « Registration of non-Segmented Images using a Genetic Algorithm ». Dans Nicholas Ayache, éditeur, *Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine*, Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science, avril 1995. ISBN 3-540-59120-6.

[Kau91] A. Kaufman. « *Volume Visualization* », Chapitre 1 : Introduction to Volume Visualization, pages 1–18. IEEE Computer Society Press, 1991.

[KC98] S. Kruger et A.D. Calway. « Image Registration Using Multiresolution Frequency Domain Correlation ». Dans *British Machine Vision Conference*, pages 316–325. British Machine Vision Association, septembre 1998.

[Lac96] J.O. Lachaud. « Topologically Defined Isosurfaces ». Dans S. Miguet, A. Montanvert, et S. Ubéda, éditeurs, *Discrete Geometry for Computer Imagery*, volume 1176 de *Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science*, pages 245–256, novembre 1996.

[LAJ98] H. Lester, S.R. Arridge, et K.M. Jansons. « Local Deformation Metrics and nonlinear Registration using a Fluid Model with variable Viscosity ». Dans *Medical Image Understanding and Analysis*, juillet 1998.

[Lav95] S. Lavallée. « Registration for Computer Integrated Surgery: Methodology, State of the Art ». *Computer Integrated Surgery*, pages 77–97, 1995. MIT Press.

[LC87] W.E. Lorensen et H. E. Cline. « Marching cubes : a High Resolution 3D Surface Construction Algorithm ». *Computer Graphics*, 21(4):163–169, juillet 1987.

[LM92] J. J. Li et S. Miguet. « Parallel volume rendering of medical images ». Dans Q. Stout, éditeur, *EWPC'92: From Theory to sound Practice*, pages 332–343, Barcelone, 1992.

[LPE+94] A. Liu, S.M. Pizer, D. Eberly, B. Morse, J. Rosenman, E.L. Chaney, E. Bullitt, et V Carrasco. « Volume Registration using the 3D Core ». Dans *Visualization in Biomedical Computing 94*, volume 2659, pages 217–226. SPIE, 1994.

[LS95] S. Lavallée et R. Szeliski. « Recovering the Position and Orientation of Free-Form Objects from Image Contours Using 3D Distance Maps ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(4):378–390, avril 1995.

[Mai96] J.B.A. Maintz. « *Retrospective Registration of Tomographic Brain Images* ». PhD thesis, Utrecht University, décembre 1996.

[Mal92] G. Malandain. « *Filtrage, Topologie et Mise en Correspondance d'Images Médicales Multidimensionnelles* ». PhD thesis, Ecole Centrale Paris, septembre 1992.

[MBM99] B. Moghaddam, H. Biermann, et D. Margaritis. « Region-of-Interest and Spatial Layout for Content-based Image Retrieval ». Dans *European Workshop on Content-Based Multimedia Indexing*, pages 243–248, Toulouse, France, octobre 1999. IHMPT–IRIT.

[MCV+97] F. Maes, A. Collignon, D. Vandermeulen, G. Marchal, et P. Suetens. « Multimodality Image Registration by Maximization of Mutual Information ». *IEEE Transaction On Medical Imaging*, 16(2):187–198, avril 1997.

[MDW+99] U. Mock, K. Dieckmann, U. Wolf, T.H. Knocke, et R. Pötter. « Portal Imaging based Definition of the Planning Target Volume during Pelvic Irradiation for Gynecologicql Malignancies ». *International Journal Radiation Oncology Biol. Phys.*, 45(1):227–232, 1999. Elsevier Science.

[MEV96] J.B.A. Maintz, P.A. Van Den Elsen, et M.A. Viergever. « Registration of SPECT and MR brain images using a fuzzy surface ». Dans M.H. Loew et K.M. Hanson, éditeurs, *Medical Imaging '96 – Image processing*, volume 2710, pages 821–829, Bellingham, WA, USA, 1996. SPIE.

[MEV97] J.B.A. Maintz, P.A. Van Den Elsen, et M.A. Viergever. « Registration of 3D Medical Images using Simple Morphological Tools ». *Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science*, 1230:204–217, 1997.

[MF93] C.R. Maurer et J.M. Fitzpatrick. « A Review of Medical Image Registration ». Dans R.J. Maciunas, éditeur, *Interactive Image-Guided Neurosurgery*, pages 17–44. American Association of Neurological Surgeons, 1993.

[MFVR95] G. Malandain, S. Fernández-Vidal, et J.M. Rocchisani. « Physically Based Rigid Registration of 3D Free-Form Objects: Application to Medical Imaging ». Rapport Technique 2453, INRIA, janvier 1995.

[MH97] S. Moss et E. R. Hancock. « Image Registration with Shape Mixtures ». *Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science*, 1311:172–179, 1997.

[Mig92] S. Miguet. « Voxcube: a 3D Imaging Package ». Rapport Technique 92-05, Ecole Normale Supérieure de Lyon, 1992.

[Mig95] S. Miguet. « Un Environnement Parallèle pour l'Imagerie 3D ». Mémoire d'habilitation à diriger des recherches, Laboratoire de l'Informatique du Parallélisme, École Normale Supérieure de Lyon, décembre 1995.

[MLB+95] C.R. Meyer, G.S. Leichtman, J.A. Brunberg, R.L. Wahl, et L.E. Quint. « Simultaneous Usage of Homologous Points, Lines, and Planes for Optimal, 3D, Linear Registration of Multimodality Imaging Data ». *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 14(1):1–11, mars 1995.

[MMM99] S. Marchand-Maillet et B. Mérialdo. « Stochastic Models for Face Image Analysis ». Dans *European Workshop on Content-Based Multimedia Indexing*, pages 249–254, Toulouse, France, octobre 1999. IHMPT–IRIT.

[MN95] S. Miguet et J.M. Nicod. « An optimal parallel iso-surface extraction algorithm ». Dans *Fourth International Workshop on Parallel Image Analysis (IWPIA'95)*, pages 65–78. LIP-ENS Lyon (France), décembre 1995.

[MNS97] S. Miguet, J.M. Nicod, et D. Sarrut. « A Linear Algorithm for constructing the Polygon Adjacency Relation in a Iso-Surface of 3D Images ». Dans Ehoud Ahronovitz et Christophe Fiorio, éditeurs, *International Conference on Discrete Geometry for Computer Imagery 1997*, volume 1347 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 125–136, Montpellier, France, décembre 1997. Springer-Verlag.

[MP95] S. Miguet et J.M. Pierson. « Dynamic Load Balancing in a Parallel Particle Simulation ». Dans *HPCS'95*, pages 420–431, juillet 1995.

[MP96] S. Miguet et J.M. Pierson. « Heuristic for 1D Rectilinear Partitionning ». Dans *European School on Parallel Programming Environnements*, Alpes d'Huez - France, avril 1996.

[MR91] S. Miguet et Y. Robert. « Elastic Load Balancing For Image Processing Algorithms ». Dans H.P. Zima, éditeur, *Parallel Computation*, pages 438–451. 1st international ACPC Conference, 1991.

[MR93] G. Malandain et J.M. Rocchisani. « Matching of 3D Medical Images with a Potential Based Method ». Rapport Technique 1890, INRIA, mars 1993.

[Mun94] P. Munger. « Accuracy Considerations in MR Image-Guided Neurosurgery ». Master's thesis, McGill University, Montréal, novembre 1994.

[MZV99] E.H.W. Meijering, K.J. Zuiderveld, et M.A. Viergever. « Image Reconstruction by Convolution with Symmetrical Picewise n-order Polynomial Kernels ». *IEEE Transaction on Image Processing*, 8(2):192–201, février 1999.

[NHA98] C. Nikou, F. Heitz, et J.P. Armspach. « Robust registration of dissimilar single and multimodal images ». *Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science*, 1407, 1998.

[NHAN98] C. Nikou, F. Heitz, J.P. Armspach, et I.J. Namer. « Single and Multimodal Subvoxel Registration of Dissimilar Medical Images using Robust Similarity Measures ». Dans K.M. Hanson, éditeur, *Medical Imaging 1998: Image Processing*, volume 3338 de *SPIE Proceedings*, pages 167–178, Los Alamos National Lab., NM, USA, février 1998.

[Nic97] J.M. Nicod. « *Extraction de Surfaces en Imagerie Médicale : Approches Parallèles* ». PhD thesis, Ecole Normale Supérieure de Lyon, 1997.

[Nik99] C. Nikou. « *Contribution au recalage d'images médicales mulimodales : approches par fonctions de similarité robustes et modèles déformables sous contraintes statistiques* ». PhD thesis, Université Louis Pasteur-Strasbourg I, mai 1999.

[NP97] P. Niemeyer et J. Peck. *Exploring Java*. O'Reilly & Associates, Inc., 981 Chestnut Street, Newton, MA 02164, USA, second édition, 1997.

[Ols95] M. Olszak. « *Modélisation des Relations de Causalité entre Variables Qualitatives* ». PhD thesis, University of Genève, 1995.

[OM96] C. B. OWEN et F. MAKEDON. « High Quality Alias Free Image Rotation ». Rapport Technique PCS-TR96-301, Dartmouth College, Computer Science, Hanover, NH, November, 1996.

[OO98] C. ORDONEZ et E. OMIECINSKI. « Image Mining: A New Approach for Data Mining ». Technical Report GIT-CC-98-12, Georgia Institute of Technology. College of Computing, 1998.

[OR95] M. OLSZAK et G. RITSCHARD. « The Behaviour of Nominal and Ordinal Partial Association Measures ». *The Statistician*, 44(2):195–212, 1995.

[ORS+99] S. OURSELIN, A. ROCHE, G. SUBSOL, X. PENNEC, et C. SATTONNET. « Automatic Alignment of Histological Sections for 3D Reconstruction and Analysis ». Rapport Technique 3595, INRIA, 1999.

[PA96] X. PENNEC et N. AYACHE. « Randomness and Geometric Features in Computer Vision ». Rapport Technique 2820, INRIA, mars 1996.

[Pen96] X. PENNEC. « *L'incertitude dans les problèmes de reconnaissance et de recalage. Application en imagerie médicale et biologie moléculaire* ». PhD thesis, École Polytechnique, 1996.

[Pen98] X. PENNEC. « Computing the Man of Geometric Features, Application to the Mean Rotation ». Rapport Technique 3371, INRIA, mars 1998.

[PFTV92] W.H. PRESS, B.P. FLANNERY, S.A. TEUKOLSKY, et W.T. VETTERLING. *Numerical Recipes in C: The Art of Scientific Computing*. Cambridge University Press, second édition, 1992.

[PMV98] J.P.W. PLUIM, J.B.A. MAINTZ, et M.A. VIERGEVER. « A multiscale approach to mutual information matching ». Dans K.M. HANSON, éditeur, *Medical Imaging: Image Processing*, volume 3338 de *SPIE*, pages 1334–1344. SPIE Press, Bellingham, WA, 1998.

[PMV99] J.P.W. PLUIM, J.B.A. MAINTZ, et M.A. VIERGEVER. « Mutual Information Matching and Interpolation Artefacts ». Dans K.M. HANSON, éditeur, *Medical Imaging: Image Processing*, volume 3661 de *SPIE*. SPIE Press, Bellingham, WA, 1999.

[Pok96] P. POKRANDT. « Fast Non-Supervised Matching: A Probabilistic Approach ». *Computer Assisted Radiology*, pages 306–310, 1996.

[PT95a] X. PENNEC et J.P. THIRION. « Validation of 3-D Registration Methods based on Points and Frames ». Dans *the 5th International Conference on Computer Vision*, Cambridge, MA, USA, juin 1995.

[PT95b] X. PENNEC et J.P. THIRION. « Validation of 3-D Registration Methods based on Points and Frames ». Rapport Technique 2470, INRIA, janvier 1995.

[PT97] L. PRYLLI et B. TOURANCHEAU. « Protocol design for high performance networking: a Myrinet experience ». Rapport Technique 97-22, Laboratoire de l'Informatique du Parallélisme, École Normale Supérieure de Lyon, Jul 1997.

[RMAP99] A. ROCHE, G. MALANDAIN, N. AYACHE, et S. PRIMA. « Towards a Better Comprehension of Similarity Measures used in Medical Image Registration ». Dans *MICCAI'99*, volume 1679 de *Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science*, pages 555–566, Cambridge (UK), octobre 1999.

[RMPA98a] A. ROCHE, G. MALANDAIN, X. PENNEC, et N. AYACHE. « Multimodal Image Registration by Maximization of the Correlation Ratio ». Rapport Technique 3378, INRIA, août 1998.

[RMPA98b] A. Roche, G. Malandain, X. Pennec, et N. Ayache. « The Correlation Ratio as a New Similarity Measure for Multimodal Image Registration ». Dans *MICCAI'98*, pages 1115–1124, Cambridge Massachusetts (USA), octobre 1998.

[ROC+99a] N. Ritter, R. Owens, J. Cooper, R.H. Eikelboom, et P.P. van Saarloos. « Registration of Stereo and Temporal Images of the Retina ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(5):404–418, mai 1999.

[Roc99b] A. Roche. « Communication Personnelle », 1999.

[Roh98] R.N. Rohling. « *3D Freehand Ultrasound: Reconstruction and Spatial Compounding* ». PhD thesis, University of Cambridge, septembre 1998.

[Rou99] J.M. Rouet. « Robust 3D Elastic Multimodality Image Registration though Genetic Algorithms ». Rapport Technique, École Nationale Supérieure des Télécommunications de Bretagne, mai 1999.

[RTL+93] H. Rusinek, W. Tsui, A.V. Levy, M.E. Noz, et M.J. de Leon. « Principal Axes and Surface Fitting Methods for 3D Image Registration ». *Journal of Nuclear Medicine*, 34:2019–2024, 1993.

[Sar98] D. Sarrut. « ARAMIS: an "on line" Parallel Platform for Medical Imaging ». Dans H.R. Arabnia, éditeur, *International Conference on Parallel and Distributed Processing Technique and Applications*, pages 509–516, Las Vegas, USA, juillet 1998. CSREA Press.

[SBZ95] H. Shekarforoush, M. Berthod, et J. Zerubia. « Subpixel Image Registration by Estimating the Polyphase Decomposition of the Cross Power Spectrum ». Rapport Technique 2707, INRIA, novembre 1995.

[SDZ95] T. Schormann, A. Dabringhaus, et K. Zilles. « Statistics od Deformations in Histology and Application to Improved Alignment with MRI ». *IEEE Transaction On Medical Imaging*, 14(1):25–35, mars 1995.

[SF99] D. Sarrut et F. Feschet. « The Partial Intensity Difference Interpolation ». Dans H. R. Arabnia, éditeur, *International Conference on Imaging Science, Systems and Technology*, Las Vegas, USA, juillet 1999. CSREA Press.

[Sha48] C.E. Shannon. « A Mathematical Theory of Communication ». *The Bell System Technical Journal*, 27:379–423, 623–656, 1948.

[SHH98] C. Studholme, D.J. Hawkes, et D.L.G. Hill. « A Normalized Entropy Measure for Multi-modality Image Alignment ». Dans Kenneth M. Hanson, éditeur, *Medical Imaging 1998: Image Processing*, volume 3338 de *SPIE Proceedings*, pages 132–143, 1998.

[SHK95] D. Simon, M. Herbert, et T. Kanade. « Techniques for fast and accurate Intrasurgical Registration ». *Journal of Image Guided Surgery*, 1(1):17–29, 1995.

[SM99a] D. Sarrut et S. Miguet. « ARAMIS: A Remote Access Medical Imaging System ». Dans *3rd International Symposium on Computing in Object-Oriented Parallel Environments*, Lecture Notes in Computer Science, San Fransisco, USA, décembre 1999. Springer-Verlag. A paraître.

[SM99b] D. Sarrut et S. Miguet. « Fast 3D Images Transformations for Registration Procedures ». Dans *10th International Conference on Image Analysis and Processing*, pages 446–452, Venice, Italy, septembre 1999. IEEE Computer Society.

[SM99c] D. SARRUT et S. MIGUET. « Similarity Measures for Image Registration ». Dans *European Workshop on Content-Based Multimedia Indexing*, pages 263–270, Toulouse, France, octobre 1999. IHMPT–IRIT.

[SM99d] A. SHARAF et F. MARVASTI. « Motion Compensation using Spatial Transformations with Forward Mapping ». *Signal Processing: Image Communication (Elsevier)*, 14:209–227, 1999.

[SOB+95] D. SIMON, R.V. O'TOOLE, M. BLACKWELL, F. MORGAN, A.M. DIGIOIA, et T. KANADE. « Accuracy Validation In Image-Guided Orthopaedic Surgery ». Dans *Proceedings of the Second International Symposium on Medical Robotics and Computer Assisted Surgery*, pages 185–192, 1995.

[SP95] M. SYN et R. PRAGER. « Bayesian Registration of Models Using FEM Eigenmodes ». Dans *Cambridge University*, 1995.

[SSHH98] C. STUDHOLME, P.E. SUMMERS, D.L.G. HILL, et D.J. HAWKES. « An Information Theory Approach to the Alignment of Images Containing Measurement Inhomogeneity: Application to MR Surface Coil Angiography of the Brain ». juillet 1998. http://www-ipg.umds.ac.uk/miua/.

[Stu97] C. STUDHOLME. « *Measures of 3D Medical Image Alignment* ». PhD thesis, University of London, août 1997.

[SZL92] W.J. SCHROEDER, J.A. ZARGE, et W.E. LORENSEN. « Decimation of triangle meshes ». *Computer Graphics*, 26(2):65–70, juillet 1992.

[TB95] J.P. TAREL et N. BOUJEMAA. « Une approche foue du recalage 3D : généricité et robustesse ». Rapport Technique 2716, INRIA, novembre 1995.

[TG92] J.P. THIRION et A. GOURDON. « The 3D Marching Lines Algorithm and its Application to Crest Lines Extraction ». Rapport Technique 1672, INRIA, avril 1992.

[TG93] J.P. THIRION et A. GOURDON. « The Marching Lines Algorithm : new results and proofs (I+II) ». Rapport Technique 1881, INRIA, avril 1993.

[Thi93] J.P. THIRION. « New Feature Points based on Geometric Invariants for 3D Image Registration ». Rapport Technique 1901, INRIA, mai 1993.

[TJG+97] M. THOMPSON, W. JOHNSTON, J. GOUJUN, J. LEE, B. TIERNEY, et J.F. TERDIMAN. « Distributed Health Care Imaging Information Systems ». Dans *PACS Design and Evaluation: Engineering and Clinical Issues*, volume 3035. SPIE Medical Imaging, 1997.

[TJMV98] N.A. THACKER, A. JACKSON, D. MORIARTY, et B. VOKURKA. « Renormalised Sinc Interpolation ». Dans *Medical Image Understanding and Analysis*, juillet 1998. http://www-ipg.umds.ac.uk/miua/.

[TRU95] P. THÉVENAZ, U. E. RUTTIMANN, et M. UNSER. « Iterative Multi-Scale Registration without Landmarks ». Dans *International Conference on Image Processing*, volume 3, pages 228–231, Washington DC, USA, octobre 1995.

[TRU98] P. THÉVENAZ, U. E. RUTTIMANN, et M. UNSER. « A Pyramid Approach to Subpixel Registration based on Intensity ». *IEEE Transaction On Image Processing*, 7(1):27–41, janvier 1998.

[TSD96] J.P. THIRION, G. SUBSOL, et D. DEAN. « Cross Validation of Three Inter-Patients Matching Methods ». *Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science*, 1131:327–336, 1996.

[TTK98] G.K. THIRUVATHUKAL, L.S. THOMAS, et A.T. KORCZYNSKI. « Reflective Remote Method Invocation ». Dans *ACM 1998 Workshop on Java for High-Performance Network Computing*, février 1998.

[TU96] P. THÉVENAZ et M. UNSER. « A Pyramid Approach to sub-pixel Image Fusion based on Mutual Information ». Dans *IEEE Int. Conf. on Image Processing*, volume I, pages 265–268, Lausanne, Switzerland, septembre 1996.

[TU98] P. THÉVENAZ et M. UNSER. « An Efficient Mutual Information Optimizer for Multiresolution Image Registration ». Dans *IEEE Int. Conf. on Image Processing*, volume 1, pages 833–837, Chicago, IL, USA, octobre 1998.

[UAE93a] M. UNSER, A. ALDROUBI, et M. EDEN. « B-Spline Signal Processing: Part I - Theory ». *IEEE Transactions on Signal Processing*, 41(2):821–833, février 1993.

[UAE93b] M. UNSER, A. ALDROUBI, et M. EDEN. « B-Spline Signal Processing: Part II - Efficient Design and Applications ». *IEEE Transactions on Signal Processing*, 41(2):834–848, février 1993.

[Uns99] M. UNSER. « Splines: A perfect fit for signal/image processing ». *IEEE Signal Processing Magazine*, 1999. in press.

[UTY95a] M. UNSER, P. THÉVENAZ, et L. YAROSLAVSKY. « Convolution-Based Interpolation for Fast, High-Quality Rotation of Images ». *IEEE Transaction on Image Processing*, 4(10):1371–1381, oct 1995.

[UTY95b] M. UNSER, P. THÉVENAZ, et L. YAROSLAVSKY. « Convolution-Based Interpolation for Fast, High-Quality Rotation of Images ». *IEEE Transactions on Image Processing*, 4(10):1371–1381, octobre 1995.

[Vas98] P. VASSAL. « *Fusion d'images multi-modales pour la radiothérapie conformationnelle : application au positionnement du patient* ». PhD thesis, Université Joseph-Fourier – Grenoble I, juin 1998.

[VD99] M. VAILLANT et C. DAVATZIKOS. « Hierarchical Matching of Cortical Features for Deformable Brain Image Registration ». Dans *Information Processing in Medical Imaging*, Budapest, 1999.

[VHS+97] J.B.C. VEMURI, S. HUANG, S. SAHNI, C. M. LEONARD, C. MOHR, T. LUCAS, R. GILMORE, et J. FTZSIMMONS. « A Robust and Efficient Algorithm for Image Registration ». *Springer Verlag, Lecture Notes in Computer Science*, 1230:465–470, 1997.

[Vio95] P.A. VIOLA. « *Alignement by Maximization of Mutual Information* ». PhD thesis, Massachusetts Institute of Technology Artificial Intelligence Laboratory, juin 1995.

[vLSI+99] G. von LASZEWSKI, M.H. SU, J. A. INSLEY, I. FOSTER, J. BRESNAHAN, C. KESSELMAN, M. THIEBAUX, M. L. RIVERS, S. WANG, B. TIEMAN, et I. MCNULTY. « Real-Time Analysis, Visualization, and Steering of Microtomography Experiments at Photon Sources ». Dans *Ninth SIAM Conference on Parallel Processing for Scientific Computing*, avril 1999.

[VW97] P.A. VIOLA et W.M. WELLS. « Alignement by Maximization of Mutual Information ». *International Journal of Computer Vision*, 24(2):137–154, 1997.

[WCM92] R.P. WOODS, S.R. CHERRY, et J.C. MAZZIOTA. « Rapid Automated Algorithm for Aligning and Reslicing PET Images ». *Journal of Computer Assisted Tomography*, 16(4):620–633, juillet 1992.

[Weh96] L. Wehenkel. « On Uncertainty Measures used for Decision Tree Induction ». Dans Junta de Andalicia, éditeur, *Information Processing and Management of Uncertainty in Knowledge-Based Systems, IPMU'96*, volume 1, pages 413–418, juillet 1996.

[WFW+97] J. West, J.M. Fitzpatrick, M.Y. Wang, B.M. Dawant, C.R. Maurer, R.M. Kessler, R.J. Maciunas, C. Barillot, D. Lemoine, A. Collignon, F. Maes, P. Suetens, D. Vandermeulen, P.A. Van Den Elsen, S. Napel, T. Sumanaweera, B. Harkness, P.F. Hemler, D.L.G. Hill, D.J. Hawkes, C. Studholme, J.B.A. Maintz, M.A. Viergever, G. Malandain, X. Pennec, M.E. Noz, G.Q. Maguire, M. Pollack, C.A. Pelizzari, R.A. Robb, D. Hanson, et R.P. Woods. « Comparison and Evaluation of Retrospective Intermodality Image Registration Techniques ». *Journal of Computer Assisted Tomography*, 21(4):554–566, 1997.

[WMC93] R.P. Woods, J.C. Mazziota, et S.R. Cherry. « MRI-PET Registration with Automated Algorithm ». *Journal of Computer Assisted Tomography*, 17(4):536–546, juillet 1993.

[WVA+96] W.M. Wells, P.A. Viola, H. Atsumi, S. Nakajima, et R. Kikinis. « Multi-Modal Volume Registration by Maximization of Mutual Information ». *Medical Image Analysis*, 1(1):35–51, 1996.

[YFPC99] P. Yushkevich, D.S. Fritsch, S.M. Pizer, et E.L. Chaney. « Towards Automatic, Model-Driven Determination of 3D Patient Setup Errorsormal Radiotherapy ». Rapport Technique TR99-007, Department of Computer Science, University of North Carolina - Chapel Hill, février 1999.

[Yur94] D. Yuret. « From Genetic Algorithms to Efficient Optimization ». Rapport Technique, Massachusetts Institute of Technology Artificial Intelligence Laboratory, mai 1994.

[ZA96] T.D. Zuk et M.S. Atkins. « A Comparison of Manual and Automatic Methods for Registering Scans of the Head ». *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 15(5):732–744, octobre 1996.

[Zha93] Z. Zhang. « Le problème de la mise en correspondance : l'état de l'art ». Rapport Technique, INRIA, décembre 1993.

[ZK99] F. Zana et J.C. Klein. « A Multimodal Registration Algorithm of Eye Fundus Images Using Vessels Detection and Hough Transform ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(5):419–42, mai 1999.

[ZN94] M. Zheng et H.T. Nguyen. « An Efficient Parallel Implementation of the Marching-cubes Algorithm ». Dans L. Decker, W. Smit, et J.C. Zuidervaart, éditeurs, *Massively Parallel Processing Applications and Development*, pages 903–910, 1994.

Troisième partie

Annexes

A

Transformations affines et modèle sténopé

A.1 Matrices des transformations affines

Afin de présenter les transformations sous forme matricielle, nous utilisons la représentation en coordonnées homogènes. Une transformation affine 3D, notée T, est une composition des transformations élémentaires suivantes :

$$\text{Translation :}\quad t_{\tau_x,\tau_x,\tau_x} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & \tau_x \\ 0 & 1 & 0 & \tau_y \\ 0 & 0 & 1 & \tau_z \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \tag{A.1}$$

La matrice de rotation est classiquement représentée par les angles d'Euler, c'est-à-dire par rotations successives autour des trois axes principaux :

$$\text{Rotation axe } Ox :\quad r_\theta = \begin{pmatrix} \cos(\theta) & -\sin(\theta) & 0 & 0 \\ \sin(\theta) & \cos(\theta) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \tag{A.2}$$

$$\text{Rotation axe } Oy :\quad r_\phi = \begin{pmatrix} \cos(\phi) & 0 & \sin(\phi) & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ -\sin(\phi) & 0 & \cos(\phi) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \tag{A.3}$$

$$\text{Rotation axe } Oz :\quad r_\psi = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \cos(\psi) & -\sin(\psi) & 0 \\ 0 & \sin(\psi) & cos(\psi) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \tag{A.4}$$

Finalement, la matrice de rotation est donnée par :

$$R_{\theta,\phi,\psi} = r_\theta\ r_\phi\ r_\psi \tag{A.5}$$

Un changement d'échelle est donné par :

$$\text{Changement d'échelle :}\quad s_{\kappa_x,\kappa_y,\kappa_z} = \begin{pmatrix} \kappa_x & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \kappa_y & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \kappa_z & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \tag{A.6}$$

Finalement, la transformation affine T est :

$$T(\boldsymbol{x}) = s_{\kappa_x,\kappa_y,\kappa_z}\left(R_{\theta,\phi,\psi}(\boldsymbol{x})\right) + t_{\tau_x,\tau_x,\tau_x} \tag{A.7}$$

A.2 Modèle sténopé

Le modèle *sténopé* (ou *pinhole* en anglais) est une projection perspective. La figure A.1 présente une illustration du modèle.

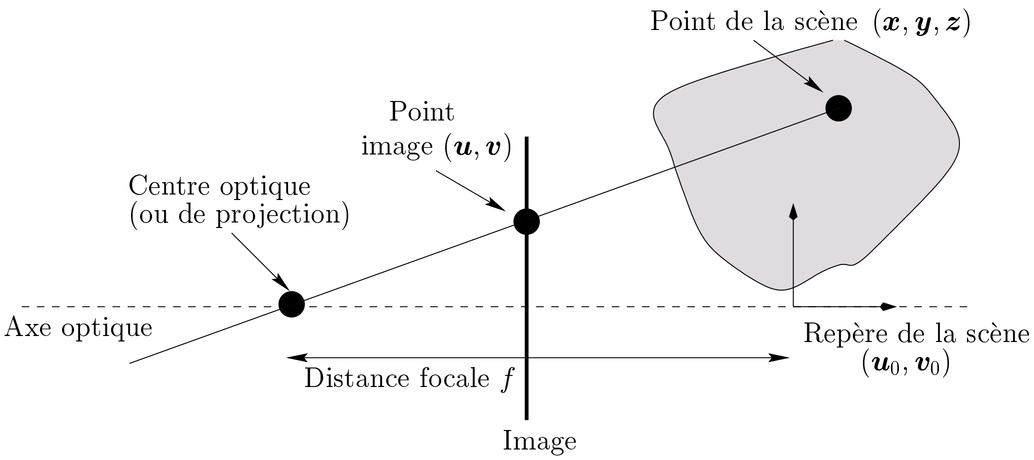


FIG. A.1 – *Modèle sténopé (ici en 2D)*

La matrice de projection est la suivante :

$$\text{Perspective (de focale } f\text{) :}\quad p_f = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1/f & 0 \end{pmatrix} \tag{A.8}$$

Cette matrice est suivie d'une matrice de transformation du repère de la scène vers le repère image. κ_x, κ_y et κ_z sont les facteurs d'échelles correspondant à la taille des voxels (correspondance voxels/millimètre) et $(\boldsymbol{u}_0, \boldsymbol{v}_0)$ sont les coordonnées en pixels de l'intersection de l'axe optique avec le plan rétinien. Soit :

$$\text{Changement de repère :}\quad \mathcal{C}_{\kappa_x,\kappa_y,u_0,v_0} = \begin{pmatrix} \kappa_x & 0 & 0 & u_0 \\ 0 & \kappa_y & 0 & v_0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \tag{A.9}$$

Enfin, les coordonées finales du point image ($\boldsymbol{u}$,$\boldsymbol{v}$) d'un point ($\boldsymbol{x}$,$\boldsymbol{y}$,$\boldsymbol{z}$) sont données par la relation (matrice de normalisation) :

$$\boldsymbol{u} = \frac{\kappa_x f \boldsymbol{x} + u_0}{\boldsymbol{z}} \tag{A.10}$$

$$\boldsymbol{v} = \frac{\kappa_y f \boldsymbol{y} + v_0}{\boldsymbol{z}} \tag{A.11}$$

B

Modalités d'acquisition d'images médicales

Depuis quelques temps déjà, des processus mécaniques et mathématiques ont pris le relais des seuls simples yeux humains. De nombreuses techniques permettent maintenant d'acquérir des représentations fidèles des organes ainsi que des informations pertinentes sur leur fonctionnement. Ces différentes techniques ou modalités d'acquisition donnent lieu à autant de systèmes d'acquisition desquels dérivent les objets que nous manipulons.

B.1 Modalités d'acquisition

Les images médicales fournissent essentiellement deux types d'information, d'ordre anatomique (*e.g.* limites des organes, discrimination de tissus, etc) et d'ordre fonctionnel (*e.g.* activités neuronales). Les différentes modalités peuvent être caractérisées par leur résolution spatiale et temporelle, leur coût, leur facilité d'utilisation et l'aspect traumatique ou non pour le patient. Nous présentons ici quelques modalités, classées par ordre chronologique de leurs premières utilisations et dont l'utilisation est orientée pour l'étude du cortex cérébral, excepté pour l'imagerie portale section B.1.3.

B.1.1 Imagerie fonctionnelle

L'Électro-EncéphaloGraphie (EEG – 1924) mesure les potentiels électriques à la surface du crâne, pour suivre les variations des influx nerveux de nature électrochimique transmis par les neurones. C'est une méthode simple, peu coûteuse, avec une résolution temporelle élevée, mais qui ne permet pas de déterminer de façon univoque les courants électriques qui engendrent ces potentiels.

La Magnéto-EncéphaloGraphie (MEG – 1968) reste fondé sur le même principe mais mesure les champs magnétiques produits par les influx nerveux. Il en résulte des mesures plus sûres, même si la localisation des influx est difficile et sujette à caution.

La Tomographie par Émission de Positons (1975 – TEP) a un champ d'investigation plus large. Cette technique cartographie une substance radioactive injectée dans le corps du patient, en localisant les émissions de positons[1] de l'élément injecté. Malgré le besoin de lourdes et onéreuses infrastructures (cyclotron), et la faible résolution temporelle (plusieurs minutes) les images TEP ont une résolution spatiale correcte (4 mm) et restituent parfaitement l'origine physiologique du signal. Il n'existe que trois appareils[2] en France, dont un au CERMEP, le Centre d'Exploration et de Recherche Médicale par Émission de Positons, à Lyon.

L'Imagerie par Résonance Magnétique Nucléaire fonctionnelle (IRMf – 1974-1976) exploite les propriétés magnétiques de certains noyaux atomiques. Il est maintenant possible grâce à cette technique de réaliser des images en des temps suffisamment brefs (μs) et de manière extrêmement précise (μm) pour suivre certains aspects du métabolisme. Le prix élevé de cette modalité d'acquisition explique qu'il n'y ait qu'une trentaine d'appareils dans le monde.

B.1.2 Imagerie anatomique

L'Imagerie par Résonance Magnétique Nucléaire anatomique (IRM – 1974 -76) exploite les mêmes propriétés que l'IRMf, mais sur des noyaux d'hydrogène. Elle est considérée aujourd'hui comme la principale modalité d'acquisition d'images anatomiques. Malgré son coût important, ses excellentes propriétés en termes de résolution (inférieure au millimètre) et le fait qu'elle ne soit pas traumatisante pour le patient contribuent à sa généralisation.

Le scanner X (CT – 1972) mesure l'aptitude des tissus à absorber les rayons X (noté *CT* pour *Computerized Tomograpy*). Elle est également appelée *tomodensitométrie*.

L'imagerie ultrasonore (ou échographie ultrasonore) mesure les différences de vitesse de propagation des ondes sonores dans les tissus du corps humain. Cette technique donne également des informations d'ordre dynamiques, comme les battements cardiaques.

B.1.3 Imagerie portale

L'imagerie portale désigne un ensemble de systèmes d'imagerie de contrôle visant à acquérir une image du champ d'irradiation cous la forme d'une projection 2D avant ou pendant une séance d'irradiation. L'objectif est de disposer d'une image permettant de la comparer avec le traitement souhaité. À partir des années 80 sont apparues des images numérisées qui tendent à remplacer progressivement les classiques films radiologiques. Ainsi un équipement informatique permettant de convertir le signal reçu en signal numérique est associé à *l'unité de détection*. Celle-ci peut être de plusieurs types : système à matrice de chambre d'ionisation, écran fluorescent combiné avec un miroir (ou des fibres optiques) et une caméra CCD.

Dans notre cas nous utilisons le système du centre de lutte contre le cancer Léon Bérard, un SRI 100 Philips. Cet appareillage est en cours de remplacement par un IVIEW de ELEKTA et va permettre à court terme — début février 2000 — de réduire la dose de rayonnement reçue par le patient lors de l'acquisition de l'image portale. En effet, cette irradiation supplémentaire non négligeable est estimée à environ 5 à 7% de la dose d'irradiation totale. Le nouveau système devrait permettre de la réduire entre 2 et 4%.

1. ou positron, anti-particule de l'électron
2. un quatrième est en projet à Toulouse

B.2 Nomenclature des données

Les systèmes d'acquisition sont les techniques mises en œuvre pour la reconstruction d'images 3D à partir des différentes modalités d'acquisition. Une image médicale 3D est formée par un ensemble de coupes 2D. Ce paragraphe est l'occasion pour nous de donner quelques définitions des objets que nous manipulons. La nomenclature utilisée est celle de A. Kaufman [Kau91] :

- une **image 2D** est définie comme une fonction continue de $\mathbb{R}^2$ dans $\mathbb{R}$, échantillonnée à pas régulier (d_x,d_y), respectivement en x et en y. Cet échantillonnage conduit à une application discrète d'un pavé de $\mathbb{Z}^2$ (le *support*) vers un domaine donné. Il s'agit souvent d'une application de $\mathbb{Z}^2 \mapsto [0;255]$, pour une image en 256 niveaux de gris.
- un **pixel** (i,j) désigne un élément de surface du support de dimension $d_x \times d_y$, c'est à dire un point discret (immatériel) de $\mathbb{Z}^2$ ou un pavé de $\mathbb{R}^2$ de dimension $d_x \times d_y$.
- si l'on empile les coupes, on forme une matrice 3D de points discrets. On obtient ainsi une **image 3D**, c'est à dire une application d'un support $\mathbb{Z}^3$ dans un domaine donné, soit $\mathbb{Z}^3 \mapsto [0;255]$ dans nos exemples d'images en 256 niveaux de gris.
- l'équivalent 3D du pixel est le **voxel**, il s'agit d'un élément de volume de dimension $d_x \times d_y \times d_z$ correspondant à un point immatériel de coordonnées (i,j,k) dans $\mathbb{Z}^3$.

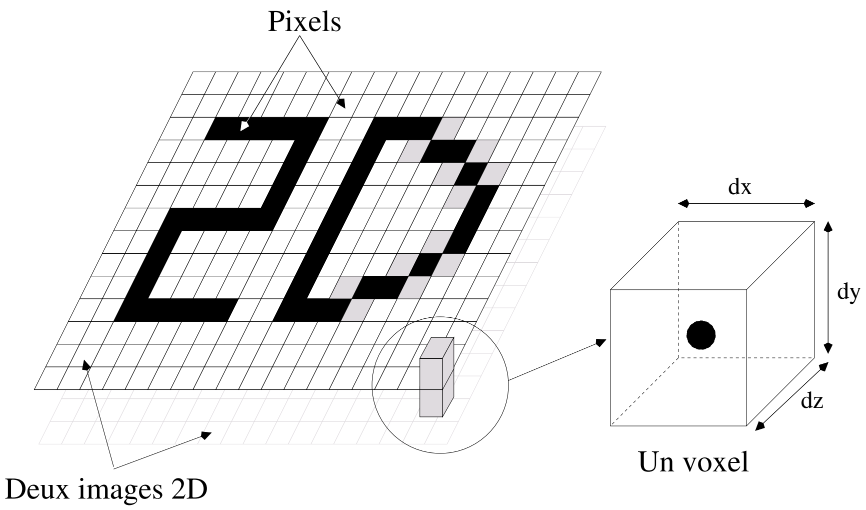


Fig. B.1 – *Définition des pixels et des voxels*

Notons que le pas d'échantillonnage selon les axes x et y peut être différents de celui en z. On parle alors *d'anisotropie* ou bien *d'isotropie* dans le cas où les pas d'échantillonnage en i,j,k sont identiques. Dans le cas d'images anisotropiques, les voxels d'une image 3D ne sont pas des cubes mais des parallélépipèdes.

C
Index des auteurs cités

Recalage multimodal et plate-forme d'imagerie médicale à accès distant

David Sarrut

Résumé

Ces recherches s'insèrent dans le projet *Santé et Calculs Haute-Performance* de la région Rhône-Alpes qui vise à apporter des techniques informatiques performantes dans les environnements hospitaliers. Dans ce cadre là, nous avons étudié le recalage d'image et développé une plate-forme permettant un accès distant à des ressources de calcul.

Problématique centrale en traitement et analyse d'images médicales, le recalage multimodal consiste à mettre en correspondance un couple d'images de façon à pouvoir fusionner les informations de chacune d'elles. Les travaux présentés dans ce document étudient différents aspects de cette tâche. Tout d'abord, de nombreuses mesures de similarité sont présentées dans une classification synthétique. L'accent est mis sur les hypothèses sous-jacentes à la nature des liens entre les distributions d'intensités. Une série d'expérimentations illustre les différences entre les mesures, et les présente dans un autre cadre que le recalage, celui d'une recherche dans un ensemble d'images. Ensuite, nous proposons plusieurs procédures d'interpolation en les comparant aux méthodes usuelles du point de vue de la précision, de la rapidité et de la robustesse vis-à-vis de la stratégie d'optimisation du critère de similarité. Comme les étapes les plus coûteuses en temps de calcul sont les évaluations du critère à travers les transformations d'images (ici rigides uniquement), nous proposons ensuite un algorithme original permettant d'accélérer substantiellement le processus global.

Par la suite, ces techniques de recalage sont appliquées dans le cadre du positionnement de patient en radiothérapie conformationnelle. Nous développons une nouvelle approche permettant une évaluation précise du placement du patient grâce à une recherche par le contenu dans une série d'images pré-calculées. Les résultats obtenus sont encourageants puisque des déplacements importants, typiquement comportant des rotations hors-plan, sont correctement estimés.

Dans la deuxième partie de cette thèse, nous étudions un système permettant d'activer à distance et à partir d'un poste de travail banalisé, des calculs parallèles de traitements d'images médicales. Le prototype développé est nommé ARAMIS (*A Remote Access Medical Imaging System*) et permet de réutiliser un ensemble de librairies de traitements d'images préalablement développées. Parmi les outils intégrables dans ARAMIS, nous présentons un algorithme original permettant de calculer en temps linéaire la relation d'adjacence dans une surface triangulée générée par l'algorithme des Marching-Cubes.

Mots-clés

recalage multimodal, mesures de similarité, transformation d'images, radiothérapie conformationnelle, positionnement, plate-forme à accès distant, relation d'adjacence